



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

Departamento de Genética

Tesis doctoral

"CARACTERIZACIÓN DE CERDOS CRIOLLOS DEL
NORDESTE ARGENTINO"

MARIA ANTONIA SUSANA REVIDATTI

CÓRDOBA, ESPAÑA

2009

Dedicatoria

A papá y mamá:

Fernando Augusto Revidatti

y

Vilma Esther Mariño Fages de Revidatti

A mis hijos:

José Luis,

Fernando Augusto

y

María del Rosario

AGRADECIMIENTOS

Vaya toda mi gratitud a las Instituciones que apoyaron, avalaron y sostuvieron este trabajo:

La Universidad de Córdoba (España) (UCO)

La Universidad Nacional del Nordeste (Argentina) (UNNE)

La red XII-H: Red iberoamericana sobre la conservación de la biodiversidad de animales domésticos locales para el desarrollo rural sostenible, del Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED)

La red “Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos locales” (CONBIAND).

La Consejería de Innovación, Ciencia y Empresa de la Junta de Andalucía y la Asociación Universitaria Iberoamericana de Postgrado, (AUIP) como patrocinadores del Programa de Becas de Movilidad Académica.

A mis Directores, Dr. Juan Vicente Delgado Bermejo, Dra. María Amparo Martínez Martínez, Dra. María Esperanza Camacho Vallejo, sin cuya participación, ésta tesis no podría haberse realizado. A ellos agradezco la constante presencia y apoyo.

A Juan Vicente, el artífice de la complicada logística que me trajo a España y a este doctorado. Sin ese brillante sostén nada hubiera sucedido.

A Amparo, por su paciente asistencia en el esclarecimiento de temas críticos de mi investigación, le hago aquí presente mi reconocimiento por ello.

Nunca olvidaré la cálida hospitalidad que me han brindado junto a sus familias, que hicieron de mis estadías en Córdoba un verdadero placer.

Entre mis colegas en Córdoba, deseo resaltar la desinteresada cooperación del Dr. José Luis Vega Plá, el Dr. José Manuel León Jurado y el Dr. Vincenzo Landi.

En mi país debo mencionar muy especialmente al Dr. Sebastián Sánchez, por haber estado allí, incondicionalmente, en toda situación de duda acerca de cuestiones también muy complejas para mí, que sólo él con su conocimiento y sugerencias pudo ayudarme a superar.

Al Dr. Orlando Macció, quien aportó su continua prédica a favor de la finalización de este trabajo, así como la insustituible gestión de recursos requeridos.

A la Dra. Adriana Capellari y el Dr. Fernando Revidatti quienes se ocuparon con total dedicación durante mis ausencias, de las cátedras a mi cargo, por cuanto les estaré siempre agradecida.

A mis jóvenes colegas, Noelia Prieto, Sebastián de la Rosa, Francisco Aguirre, Felipe Solari Irigoyen, y Daniel García, por entonces mis ayudantes de Cátedra, quienes sumaron

esfuerzos incontables para la realización del duro trabajo de campo requerido para el muestreo que luego utilicé con gran provecho, por lo que les doy infinitas gracias.

A quienes me ayudaron en cuestiones logísticas y administrativas Raquel, María Miró, Mayra Gomez Carpio, María del Carmen Estévez Gutierrez , y Magalí Ayala, que debo resaltar aquí con gratitud.

A mis hijos tengo que agradecerles el apoyo y aliento constantes pero principalmente su actitud, compromiso y seriedad en sus respectivos roles que facilitaron mis ausencias de casa.

A mi hijo José Luis, quien con su sensatez, madurez y generosidad, inusuales para su juventud, llevó adelante todo el funcionamiento de la casa y especialmente el cuidado de sus pequeños hermanos durante mis estadías en España, y a Fernando y María del Rosario, que me ayudaron tareas propias de la escritura, diagramación, confección de cuadros, tablas etc. de la tesis, les agradezco su paciencia y su tiempo.

A mi querida hermana Mercedes quien estuvo siempre presente con su afecto y aliento en mis largas y por momentos duras estadías lejos de mi hogar, nunca olvidaré tal presencia.

INDICE

RESUMEN	1
INTRODUCCIÓN.....	3
OBJETIVOS.....	7
REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA GENERAL	9
ORÍGENES Y DOMESTICACIÓN DEL CERDO	9
DIVISIÓN DE LOS CERDOS EN DIFERENTES TRONCOS.....	11
EL PORCINO ESPAÑOL.....	13
CERDOS EN IBEROAMÉRICA	17
SECTOR PRIMARIO EN LA REPÚBLICA ARGENTINA.....	25
CONSERVACIÓN DE RECURSOS ZOOGENÉTICOS	34
BIBLIOGRAFÍA CITADA.....	62
CAPÍTULO I: ESTUDIO MORFOESTRUCTURAL Y FANERÓPTICO	81
RESUMEN	81
ABSTRACT.....	83
INTRODUCCIÓN.....	85
MATERIALES Y METODOS	91
RESULTADOS	99
DISCUSIÓN.....	125
CONCLUSIONES	135
BIBLIOGRAFÍA CITADA.....	137
CAPÍTULO II: CARACTERIZACIÓN PRODUCTIVA <i>POSTMORTEM</i>	143
RESUMEN	143
ABSTRACT.....	145
INTRODUCCIÓN.....	147
MATERIALES Y MÉTODOS	153
RESULTADOS	155
DISCUSIÓN.....	161
CONCLUSIONES	167
BIBLIOGRAFÍA CITADA.....	169
CAPÍTULO III: CARACTERIZACIÓN GENÉTICA.....	173
RESUMEN	173
ABSTRACT.....	175

INTRODUCCIÓN.....	177
MATERIALES Y MÉTODOS	195
RESULTADOS	203
DISCUSIÓN.....	223
CONCLUSIÓN.....	231
BIBLIOGRAFÍA CITADA.....	233
CONCLUSIONES GENERALES	243
FOTOS.....	247

ÍNDICE FIGURAS

Figura 1: Mapa de distribución de las existencias porcinas en la Argentina.1:Bs As, 2: Córdoba,3: Santa Fe.	26
Figura 2: Región Nordeste Argentina (NEA).....	29
Figura 3: Regiones Subtropical Húmeda y Seca en el NEA.....	30
Figura 4: Mapa de las Ecoregiones Argentinas	30
Figura 5: Representación gráfica del análisis discriminante canónico en las variables morfométricas según las provincias. Azul : Corrientes; Rojo: Chaco; Verde: Misiones; Rosado: Formosa.....	112
Figura 6: Representación gráfica del análisis discriminante canónico en los índices zoométricos según las provincias. Azul : Corrientes; Rojo: Chaco; Verde: Misiones; Rosado: Formosa	116
Figura 7: Representación gráfica del árbol de distancias individuales D_{SA} entre individuos de la Zona Seca y la Zona Húmeda del NEA, construido por el método UPGMA.....	210
Figura 8: Representación del análisis Factorial de Correspondencias de HU y SE.....	211
Figura 9: Neighbor- Joining construido en base a la distancia D_A (Nei, 1983).....	217
Figura 10: Representación gráfica del Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples de las 16 poblaciones.....	218
Figura 11: Porcentaje de asignación de los individuos de las poblaciones estudiadas a los 16 clusters asumiendo K de 2 a 16.....	220

INDICE DE FOTOS

Foto 1 Cerdo cimarrón (Corrientes).....	247
Foto 2 Cerda “Churra” (Formosa)	247
Foto 3 Cerdos Caracoleros (Corrientes).....	247
Foto 4 Hembra Criolla de General Paz - Corrientes	248
Foto 5 : Cerdo Criollo Basail - Chaco	248
Foto 6 :Cerda criolla - Chaco Seco	248
Foto 7 Captura de cerdos Criollos a lazo.....	249
Foto 8 Mano de obra familiar	249
Foto 9 Cerdas criollas con cría en pastoreo libre	249
Foto 10: Meloncito (Capparis salicifolia)	250
Foto 11 Guayaba(Psidium Guayava radii).....	250
Foto 12 Chaucha de algarrobo (Prosopis alba)	250
Foto 13 Tuna (Opuntia ficus indica)	250
Foto 14: Mojarra (Astyanax fasciatus)	250
Foto 15 Cocos (Copernicia australis).....	250
Foto 16 Instalaciones precarias	251
Foto 17 Alimentos procurados de la naturaleza.....	251
Foto 18 Corrales de encierro nocturno con materiales de la zona.....	251
Foto 19 Mapa satelital.Puntos de Muestreo	252
Foto 20 Mapa satelital Región NEA con puntos de muestreo.	252
Foto 21 Mapa satelital con puntos de muestreo -Corrientes	253
Foto 22 Mapa satelital con puntos de muestreo- Formosa	253
Foto 23 Mapa satelital con puntos de muestreo – Chaco Seco.	254
Foto 24 Mapa satelital con puntos de muestreo-Chaco Húmedo	254
Foto 25 Mapa satelital con puntos de muestreo - Misiones.....	255
Foto 26 Ambiente típico Zona Húmeda del NEA	255
Foto 27 Ambiente típico Zona Seca del NEA.....	255
Foto 28 Medida del Diámetro Dorsoesternal (DE)	256
Foto 29 Medición del Perímetro torácico y alzada a la grupa	256
Foto 30 Ejemplar mamellado.....	256
Foto 31 Pesada con balanza romana	257
Foto 32 Medición del Largo de la Cabeza	257
Foto 33 Medición del Perímetro de la Caña	257
Foto 34 Ejemplar típico de Formosa	258
Foto 35 Ejemplar típico de Corrientes	258
Foto 36 Ejemplar típico de Misiones	258
Foto 37 Ejemplar típico de Chaco	258
Foto 38 Faena a campo.....	258
Foto 39 Secado de la carne	259
Foto 40 Pesada de piezas nobles	259

INDICE TABLAS

Tabla 1: Relación de granjas que intervinieron en el presente estudio en el NEA Subtropical Húmedo	91
Tabla 2: Relación de fincas que intervinieron en el presente estudio en el NEA Subtropical Seco.....	91
Tabla 3: Estadísticos descriptivos de las variables morfométricas en la muestra total de cerdos Criollos del NEA.....	100
Tabla 4: Estadísticos descriptivos de los índices zoométricos en la muestra total de cerdo Criollos del NEA.	100
Tabla 5 Resultados del ANOVA para cada una de las variables morfométricas. Efectos.....	102
Tabla 6 Resultados del Análisis de la Varianza de los Índices zoométricos. Efectos principales de zona, provincia y sexo.	103
Tabla 7 Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variables morfométricas por Zona en cerdos Criollos del NEA.....	104
Tabla 8: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para los índices zoométricos por Zona en cerdos Criollos del NEA.	105
Tabla 9: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variables morfométricas por Provincia en cerdos Criollos del NEA.....	106
Tabla 10: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para los índices zoométricos por Provincia en cerdos Criollos del NEA.....	107
Tabla 11: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para variables zoométricas por Sexo en cerdos Criollos del NEA.	108
Tabla 12: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para los índices zoométricos por Sexo en cerdos Criollos del NEA.....	108
Tabla 13: Matriz de Clasificación de las poblaciones de las dos Zonas climáticas en estudio	109
Tabla 14: Coeficientes Estandarizados de las Función Discriminante Canónica.....	109
Tabla 15: Distancia D^2 de Mahalanobis entre las Provincias incluidas en el estudio	110
Tabla 16: Valores de F de las distancias D^2 de Mahalanobis entre las cuatro provincias basadas en las variables morfológicas de los cerdos locales.....	111
Tabla 17: Matriz de Clasificación de las Poblaciones de las cuatro Provincias en estudio	111
Tabla 18: Autovalores de las funciones discriminantes y correlaciones canónicas.....	111
Tabla 19: Lambda de Wilks, Chi cuadrado y p-value de las funciones discriminantes.....	111
Tabla 20: Coeficientes Estandarizados de las Variables Canónicas.....	112
Tabla 21: Matriz de Clasificación de las poblaciones de las dos Zonas climáticas en estudio	113
Tabla 22: Coeficientes Estandarizados de las Funciones Discriminantes Canónicas.....	113
Tabla 23: Valores absolutos de la distancia de Mahalanobis entre las provincias.....	114
Tabla 24: Valores de F de la distancia de Mahalanobis y Significancia.....	115
Tabla 25: Matriz de Clasificación de las poblaciones de las cuatro provincias en estudio	115
Tabla 26 Autovalores de las funciones discriminantes y correlaciones canónicas.....	115
Tabla 27: Lambda de Wilks, Chi cuadrado y p-value de las funciones discriminantes.....	115
Tabla 28: Coeficientes Estandarizados de las Variables Canónicas.....	115
Tabla 29 Distribución de frecuencias de variables cualitativas en cerdos criollos del NEA.....	117
Tabla 30 Distribución de frecuencias de los perfiles fronto-nasales según zonas.....	118
Tabla 31: Distribución de frecuencias del tipo de orejas según zonas.....	119
Tabla 32: Distribución de frecuencias de los colores de las capas según zonas.....	119
Tabla 33: Distribución de frecuencias de la pigmentación de las pezuñas según zonas.....	119
Tabla 34: Distribución de frecuencias de la pigmentación de las mucosas según zonas.....	119
Tabla 35: Distribución de frecuencias de la presencia de pelos según zonas.....	120
Tabla 36: Distribución de frecuencias de la presencia de mamellas según zonas.....	120

Tabla 37: Distribución de frecuencias del número mamas según zonas	120
Tabla 38: Distribución de frecuencias absolutas y relativas para la variable perfil fronto-nasales en las cuatro provincias	121
Tabla 39: Distribución de frecuencias absolutas y relativas para la variable tipo de oreja en cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA.....	122
Tabla 40: Distribución de frecuencias absolutas y relativas para la variable color de capa en cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA.....	122
Tabla 41: Distribución de frecuencias de las pigmentaciones de las pezuñas en cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA.....	122
Tabla 42: Distribución de frecuencias de la pigmentación de las mucosas de cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA.....	123
Tabla 43: Distribución de frecuencias de presencia de pelos de cerdos Criolos de las cuatro provincias del NEA	123
Tabla 44: Distribución de frecuencias de la presencia o ausencia de mamellas en cerdos Criollos en las cuatro provincias del NEA.....	123
Tabla 45: Distribución de frecuencias del número de mamas de cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA	124
Tabla 46: Estadísticos descriptivos de variables cuantitativas postmortem en la muestra total de cerdos del NEA.....	155
Tabla 47: Resultados del ANOVA para cada una de las variables postmortem. Efectos principales de zona, provincia y sexo.....	156
Tabla 48: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variable postmortem por Zona en cerdos Criollos del NEA.....	158
Tabla 49: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variable postmortem por Provincia en cerdos Criollos del NEA	158
Tabla 50: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variables posmortem por Sexo en cerdos Criollos del NEA	159
Tabla 51: Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado porcino utilizados	198
Tabla 52: Condiciones de la amplificación	199
Tabla 53: Microsatélites tipificados, NA, (He), (Ho), PIC p-value en la población total (PT) de Cerdos Criollos del NEA.....	205
Tabla 54: Microsatélites tipificados, NA, He y Ho, PIC por marcador y p-values de la prueba de HWE y F_{is} en las población de la (SE) y (HU).	208
Tabla 55: Valores de (G_{ST}), Θ (F_{st}), F (Fit) y f (Fis) por marcador para las poblaciones de la Zona Seca y Zona Húmeda del NEA	209
Tabla 56: Matriz de distancias genéticas D_s (Nei, 1983)	213
Tabla 57: Matriz de distancias genéticas D_A (Nei, 1983).....	214
Tabla 58 Matriz de distancias genéticas de Reynolds (1983)	215
Tabla 59: Agrupación de individuos de las 16 poblaciones porcinas por clusters en K16	221

RESUMEN

La caracterización de los recursos genéticos en animales domésticos constituye el primer paso hacia su conservación y protección. Por otra parte la ausencia de una definición de identidad en poblaciones locales no estandarizadas, como es el caso de los Criollos en América, los hace susceptibles a su desplazamiento por razas exóticas especializadas, lo que trae como consecuencia la pérdida de un acervo genético único. La población de cerdos Criollos en el Nordeste Argentino, que se supone se originó en los animales introducidos por los españoles durante la colonización, probablemente recibió desde entonces numerosos aportes de otras razas exóticas consideradas rústicas y de posible adaptación a ambientes extremos, como la Duroc, pasando por razas blancas como la Landrace o Large White, conocidas por su alta productividad en ambientes muy controlados, hasta híbridos comerciales concebidos para determinados sistemas productivos generalmente de integración vertical. Ninguna de estas razas, sin embargo, ha soportado las condiciones medioambientales y sistemas productivos en los que son criados los cerdos Criollos. El objetivo de este trabajo ha sido la caracterización morfológica, productiva y genética del Cerdo Criollo existente en dos zonas ecológicamente diferentes de la Región Nordeste Argentino, específicamente las zonas Subtropical Húmeda y Subtropical Seca. En el diseño experimental se marcaron tres fases de estudio independientes. En primer lugar, en la etapa *antemortem*, se realizó la caracterización morfológica y faneróptica, donde intervinieron la totalidad de los animales muestreados ($n = 127$), en que se estudiaron 17 variables cuantitativas, 7 índices zoométricos y 10 variables cualitativas. En segundo lugar, la etapa *postmortem*, que define el comportamiento de una muestra de 30 individuos luego del sacrificio, donde se estudiaron 11 variables de la canal. Finalmente la caracterización genética de 93 individuos se realizó empleando 24 microsatélites de los recomendados por la FAO/ISAG (International Society of Animal Genetics) para estudios de biodiversidad porcina, determinándose la estructura de la población criolla de ambas zonas ecológicas estudiadas, y estableciéndose relaciones genéticas de las mismas con otras razas Criollas, las variedades principales del cerdo Ibérico y las principales razas exóticas de cerdos utilizadas comercialmente.

Palabras claves: Conservación, porcinos, locales, morfometría, estructura genética

ABSTRACT

The characterization of domestic animal genetic resources constitutes the first step to their conservation. The lack of defined identities by local populations such as the Creole in América, make them capable of being displaced by exotic breeds, carrying together the loss of genetic diversity. It is supposed the Northeastern Argentinean Creole Pigs 'population was originated from the first introductions of domestic species during the Spanish colonization and probably received subsequent introductions of different breeds as well as the natural selection driving the adaptation process to different environments. The objective of this work was the morphological, productive and genetic characterization of the Creole pigs from two different ecological areas in Argentinean North East Region (NEA), Wet Subtropical and Dry Subtropical Zones. Three phases of independent study were planned in the experimental design. Initially, *antemortem* morphological and phenoptical characterization was carried out, when the whole sampled animals get involved (n = 127) by studying 17 continuous variables 8 zoometric indexes and 10 qualitative traits. The second step was the study of the *postmortem* performance of 30 individuals after slaughtering by analyzing 11 carcass variables. Finally, genetic variability, population structure, and genetic relationships among NEA Creole pigs (n = 93) from the two ecological areas, another Creole breeds, varieties of Iberian Trunk pigs and main exotic breeds of pigs used commercially, was determined by using a set of 24 polymorphic genetic markers (microsatellites), recommended by FAO/ISAG for studies on swine genetic diversity.

Key word: Conservation, pigs, native, morphometric, genetic, structure.

INTRODUCCIÓN

En las regiones en desarrollo de países latinoamericanos las iniciativas orientadas a promover la sustentabilidad agropecuaria son recientes y los enfoques de las políticas de promoción y desarrollo sustentable deberían estar basados en una agricultura que promueva la biodiversidad y provoque el mínimo impacto ambiental posible.

Numerosas familias de países subdesarrollados o en desarrollo dependen directamente de la biodiversidad del ecosistema para satisfacer parte o la totalidad de sus necesidades diarias, constituyendo los recursos genéticos animales (RGA) un componente vital de esa biodiversidad.

Los sistemas de producción tradicionales, especialmente los situados en regiones con restricciones ambientales y socioeconómicas importantes, requieren que los RGA sean flexibles, resistentes y diversos, en función de las deficiencias que necesitan ser satisfechas. En ellos, los pequeños productores y sus familias crían diversas especies agropecuarias como bovinos, caprinos, ovinos, cerdos y aves, en rebaños generalmente dotados de resistencia a adversidades sanitarias o ambientales, y a la escasez de alimentos a las que están expuestos.

El documento de la FAO (2007) “La Situación de los Recursos Zoogenéticos Mundiales para la Alimentación y la Agricultura” expresa que “se requieren esfuerzos intensos para entender, priorizar y proteger los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura. Se tienen que establecer modelos sostenibles de utilización de estos recursos. Los pequeños productores tradicionales, a menudo pobres y en ambientes marginales, han estado resguardando mucha de nuestra diversidad genética animal. Es importante no ignorar el papel que desempeñan los pastores, ni desatender sus necesidades. Son necesarios acuerdos que aseguren la distribución equitativa de utilidades y el amplio acceso a los recursos genéticos. Es crucial acordar el establecimiento de un tratado internacional para la gestión de estos recursos”.

La caracterización de los recursos genéticos en animales domésticos constituye el primer paso hacia su conservación y protección. Por otra parte, la ausencia de una definición de identidad en poblaciones locales no estandarizadas, como es el caso de los Criollos en América, los hace susceptibles a su desplazamiento por razas exóticas especializadas que trae como consecuencia la pérdida de un acervo genético único.

La información sobre dichas poblaciones animales, y en especial los cerdos locales, es escasa, siendo preciso prestarles una especial atención, para así poder evitar su desaparición. Es por ello que los trabajos de caracterización de cerdos locales en el

Nordeste Argentino (NEA) constituyen un gran desafío desde un punto de vista científico y estratégico, como así también una valiosa oportunidad de conocer la realidad de los criadores y el entorno social de dichos animales, que confirma la urgencia de trabajos de investigación que profundicen el conocimiento de estos recursos genéticos, su importancia sociocultural, económica y como patrimonio genético para la región

La inclusión del cerdo Criollo del NEA en el proceso comercial de producción es una opción para su conservación genética, pero requiere de una previa y adecuada caracterización, ya que difícilmente se puede considerar valioso un recurso no definido correctamente.

La población de cerdos Criollos en el Nordeste Argentino se supone que es originaria en los animales introducidos por los españoles durante la colonización. Desde entonces ha recibido aportes de razas exóticas consideradas rústicas y de posible adaptación a ambientes extremos, como la Duroc, así como de otras razas conocidas por su alta productividad en ambientes muy controlados como las denominadas razas blancas (Landrace, Large White), hasta híbridos comerciales concebidos para determinados sistemas productivos, generalmente de integración vertical. Ninguna de estas razas, sin embargo, ha soportado las condiciones medioambientales y sistemas productivos en los que son criados los cerdos Criollos.

Al mismo tiempo, el área iberoamericana constituye una región del planeta en la que los vínculos históricos, culturales y sociales son considerablemente fuertes, por lo que esas relaciones que ligan estrechamente a la Península Ibérica con América Latina alcanzan hasta la filogénesis de las razas de animales domésticos de uno y otro lado del Atlántico, así como a los sistemas de crianza aplicados en ambas orillas, especialmente en lo que se refiere a las razas autóctonas y criollas y sus sistemas tradicionales de explotación. Esto hace suponer que existiría una relación filogenética entre los cerdos Criollos de ésta región de Argentina con el tronco porcino Ibérico; y como este podría garantizar ciertas cualidades genéticas de origen, de confirmarse dicha relación, dichos atributos podrían ponerse al servicio de los criadores para la obtención de animales de alto valor; así como de los tecnólogos de los alimentos para la obtención de productos derivados de alta calidad, ya que el cerdo Ibérico es reconocido por la calidad de sus productos transformados.

A pesar de todo lo expuesto, no existían programas de investigación sobre las cualidades del cerdo Criollo del NEA, lo cual motivó la ejecución de un plan denominado "Caracterización y recuperación del cerdo caracolero correntino como alternativa para el desarrollo sustentable de la Provincia de Corrientes", Proyecto de investigación con incidencia en desarrollo acreditado en el Programa Propio de la Universidad de Córdoba, España, de Cooperación al Desarrollo, Modalidad II, (convocatoria 2003-2004). Dicho plan

se ejecutó en el marco de las actividades de la Red CYTED XII-H (Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo). Los resultados del mismo estimularon las iniciativas sobre las que se basa el presente trabajo.

OBJETIVOS

Los objetivos generales son:

- Caracterizar el cerdo Criollo de la región Nordeste Argentina (NEA), con vistas a su definición, descripción, y puesta en valor;
- Diferenciar posibles variedades o adaptaciones ecológicas en el seno de la población de cerdo Criollo, de la Región Nordeste Argentina (NEA);

Los objetivos específicos son:

- Caracterizar morfológicamente la población de cerdos Criollos del Nordeste Argentino (NEA) y su diversidad interna a través de medidas zoométricas cuantitativas, índices corporales y atributos cualitativos con capacidad discriminante en la especie;
- Conocer las características productivas *postmortem* relativas a rendimientos de la canal y de despiece de los cerdos Criollos muestreados en diferentes áreas de la Región Nordeste Argentina;
- Estudiar la variabilidad genética y la estructura de la población de cerdos Criollos del NEA y establecer las relaciones genéticas del mismo con las variedades principales del cerdo Ibérico y otras razas porcinas, utilizando marcadores microsatélites del ADN.

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA GENERAL

ORÍGENES Y DOMESTICACIÓN DEL CERDO

Los cerdos salvajes y domésticos, pertenecen al orden Artiodactyla, (dos dedos funcionales en cada miembro); Suborden: *Suinae* (junto con los pecaríes); Familia, *Suidae*, que incluye las especies más diversas de los no rumiantes con dedos pares. Entre ellos se encuentra a la Subfamilia *Suinae* donde se incluyen el género, *Sus* y la especie *Sus scrofa* (Rotschild y Ruvinsky, 1998).

La mayoría de los autores (Dieguez, 1992a,b y 1993; Rotschild y Ruvinsky, 1998; Capote, 2002; Laguna, 1998 a y b) coinciden en que los cerdos domésticos descienden de distintas poblaciones de jabalí salvaje con distinta distribución geográfica y se agrupan dentro del género *Sus* entre los que cabe destacar:

- *Sus striatosus vitatus*: de tamaño pequeño, ascendiente de los cerdos domésticos de la parte oriental y meridional de Asia, de frontal abovedado y cara corta, daría lugar a todas las razas asiáticas;
- *Sus scrofa ferus*: provenientes del jabalí europeo, forma primitiva a partir de la cual se originan las razas porcinas antiguas del norte y centro de Europa, cuyo foco de domesticación fue la región del Mar Báltico, y sus razas descendientes se caracterizaron por sus extremidades altas, tronco largo y aplanado coincidiendo este tipo con el denominado céltico;
- *Sus scrofa mediterraneus*: que representa la variación primitiva celoide. Este cerdo era más compacto y de extremidades más cortas, dando lugar posteriormente a las razas circunmediterráneas, siendo su representante más destacado el cerdo Ibérico.

Para muchos autores esta es una forma de transición entre las dos anteriores a partir de la que han derivado las poblaciones porcinas de los países mediterráneos tanto del período prehistórico como de las épocas posteriores.

Se acepta que la domesticación se realizó de manera lenta y progresiva y que los primeros cerdos eran pequeños y se reunían en hatos poco numerosos. Si bien no existe un consenso unánime al respecto, se estima que la domesticación del cerdo actual se inició en Europa entre el 7.000 y el 3.000 a.C., a pesar que investigadores chinos reivindican el origen chino del cerdo doméstico actual, que se habría iniciado en la región sur del país en el año 10.000 a.C.

Según Epstein (1984) y Larson y col. (2005), la domesticación del cerdo se produjo hace cerca de 9.000 años en el Cercano Oriente, mientras que Capote (2002) afirma que ocurrió en el año 5000 a.C., en China, y estaba asociada al funcionamiento de establecimientos permanentes, por lo que no se desplazaba a largas distancias, sino que fue transferido paulatinamente entre asentamientos permanentes próximos.

Estudios más recientes, a nivel molecular y arqueológico, evidencian una segunda e independiente época de domesticación en el extremo Oriente (China e India) (Giuffra y col., 2000; Jing y Flad, 2002 citados por Larson y col., 2005).

Otros autores (Troy y cols., 2001, Rowley-Conwy, 2003 citados por Larson y col., 2005) sugirieron que, como en el caso de bovinos y ovinos, los suinos derivan de un pool genético del Cercano Oriente, importado por agricultores del Neolítico a Europa. Estudios anteriores identificaron tres clusters divergentes de secuencias mitocondriales de *Sus scrofa*, siendo una en el Asia y dos en Europa.

Según los estudios de Larson y col., (2005) el linaje basal de *Sus scrofa* tuvo origen en el Sudeste Asiático y desde allí se dispersó hacia la India, subsecuentemente hacia el Este de Asia y finalmente ocurrió la dispersión progresiva hacia Eurasia, pasando de allí a Europa Occidental.

La completa ausencia de cualquier tipo de influencia de linajes de suinos salvajes de la región de Turquía, Armenia o Irán en las razas Europeas lleva a pensar que, aunque domesticados en el Cercano Oriente y traídos a Europa por los agricultores, como era supuesto, no dejaron ninguna descendencia entre las razas modernas de nuestros días.

Las investigaciones en genética molecular revelaron múltiples centros de domesticación de suinos por toda Eurasia (Larson y col., 2005). Los posibles argumentos para la preferencia dada a estos animales para su domesticación fueron la importante fuente proteica que representó para varias civilizaciones, así como las características organolépticas de la carne (Rothschild y Ruvinsky, 1998), lo cual está comprobado por la cocina china, que gira en torno al cerdo y la grasa de su carne.

Entre las diversas modificaciones que produjo la domesticación en los individuos, Bokonyi (1974) hace alusión a la reducción del esqueleto. Sin embargo, no existen referencias al respecto, observándose, no obstante, un aumento o mantenimiento del tamaño corporal, en especial de los cerdos criados en Europa. Se piensa que este hecho se debió, esencialmente, al tipo de dieta a la que los animales estaban sujetos, más rica en energía en Europa y con menos energía y más fibra en Asia, dando origen a cerdos de menores dimensiones.

Otro aspecto a destacar en la domesticación fue el diferente desarrollo de las partes que componen el cuerpo de los animales, dada la mayor disponibilidad de nutrientes desde la temprana edad. Otra diferencia importante se refiere al temperamento y reacción de los diferentes animales.

Según Darwin (1868), citado por Rothschild y Ruvinsky (1998), los chinos comenzaron a domesticar y confinar más temprano sus cerdos, en estabulación o próximos entre sí, debido a que eran poblaciones mucho más numerosas, con necesidad de mayor disponibilidad de recursos y de tierras para la agricultura. Debido a esta mayor proximidad al hombre y consecuente selección, las razas del tronco asiático se volvieron más linfáticas comparadas con las del continente europeo. Con esas especificidades comportamentales y de los sistemas productivos asiáticos, los cerdos pasaron a hojar menos tiempo, disipando menos energía con esta actividad, llevando a que depositaran más fácilmente la grasa y aumentaran la eficiencia de conversión alimenticia (Rothschild y Ruvinsky, 1998).

Otro aspecto a tener en cuenta es el diferente desarrollo corporal entre cerdos salvajes y cerdos domésticos cuyas diferencias fenotípicas podrían explicarse en parte por las teorías del crecimiento de Hammond (1962), citado por Rothschild y Ruvinsky (1998), quien concluye que el hecho de que los nutrientes sean primariamente utilizados para el desarrollo de la cabeza, cerebro y médula espinal, y solo posteriormente a otras partes del cerdo, pasando para un segundo plano la deposición de carne y grasa, ayudaría a explicar dichas diferencias.

Los cerdos se adaptaron a su entorno local y se diversificaron en un amplio rango de tipos regionales afectados por el clima, por los recursos naturales, por los métodos de ganadería aplicados y por el grado de cruzamientos con subespecies salvajes. Gradualmente se fueron seleccionando por sus características físicas, como el color, o por otras características particulares como la resistencia, fertilidad, habilidad materna, capacidad de producir grasa, u otras características consideradas importantes localmente. Antes de que existiera esta selección, la diversificación se debía más a la deriva genética que a la propia selección mediante el control humano (Porter 1993).

DIVISIÓN DE LOS CERDOS EN DIFERENTES TRONCOS

Según Lima (1919), los cerdos actuales pueden considerarse descendientes de tres grandes grupos:

- Tronco asiático

Los cerdos de éste tronco, son braquicefálicos, de frente larga y chata, con huesos nasales cortos que forman con los huesos frontales un ángulo casi recto. El cuello es corto y tiende a confundirse con las papadas prominentes y grasas. Son de pequeñas estatura, la pigmentación es variable (va del negro al ceniciento claro pudiendo existir despigmentación); las cerdas, poco abundantes, son generalmente blancas.

Estos animales rústicos, muy precoces, dotados de extraordinario apetito y eficiencia digestiva, engordan rápidamente. Su fecundidad es notable, pudiendo parir 17, y hasta inclusive 24 lechones. La carne es blanquecina, un poco blanda y bastante grasa. El tocino, espeso, blando y oleoso, se sala con dificultad.

Originarios de Asia, pueblan actualmente China, Sian, Japón y la Polinesia e introducidos en Inglaterra en el Siglo XVIII, sirvieron de base a los notables mestizos ingleses (Póvoas Janeiro, 1944). Este grupo de animales es de gran importancia en Asia, pero principalmente China, donde el consumo de carne de cerdo alcanza el 80 % del total de carne consumida. Sin embargo, los animales de este tronco sólo representan el 30 % de los explotados en China y en pequeñas explotaciones, dado que en grandes unidades productivas es generalizado el uso de razas exóticas con hembras F1 Large White x Landrace en cruzamientos terminales con verracos Duroc o Hampshire (Rotschild y Ruvinsky, 1998).

Los animales de este tronco son descritos como altamente prolíficos, con gran precocidad sexual, una aceptable calidad de carne, buena adaptabilidad a la crianza extensiva y una considerable longevidad productiva. En contraparte, tiene tasas de crecimiento más lentas y con menor porcentaje de carne, y a eso se debe su reducido uso, lo que puede llegar a colocarlas, de alguna forma, en riesgo (Rotschild y Ruvinsky, 1998; Li y col., 2004).

- Tronco Céltico (o Celta)

La denominación “Tronco Céltico” es propuesta y empleada por Sanson (1880) para referirse a la antigüedad de las razas de este tipo, siendo las únicas que existían en los países celtas que formaban parte de la antigua Galia e Islas Británicas, antes de la introducción en esos países de razas del tronco asiático (Alves, 2003). Los individuos englobados en ese grupo son braquicefálicos, con el dorso convexo, altos, longilíneos y de costados achatados (Martínez, 2001).

En el tronco Celta se encuadran las razas Bísara (Portugal) y Celta (España). Estas se caracterizan por poseer sus sistemas óseo y muscular desarrollados, sobretodo en el tercio anterior, con cabeza fuerte, grande y musculosa; miembros largos, piel despigmentada y cerdas gruesas, abundantes y de color variable (blancas, negras, amarillentas o coloradas). La carne de éstos animales es de gran calidad para la elaboración de embutidos y para cerdos parrilleros.

Son animales rústicos, ágiles, con buena aptitud para la marcha, debido a su fuerte aparato locomotor, lo que les permite recorrer grandes distancias en pastoreo y son poco exigentes en alimento. Sus cualidades son la rusticidad, la fertilidad, la prolificidad y la calidad cárnica, siendo su baja proporción de carne por lechón, compensada por el número de lechones por parto y por la calidad de sus canales.

Los representantes del tronco céltico se encuentran, además de en Portugal y España, en distintos países de Europa como: Francia, Bélgica, Dinamarca, Rusia, Suecia, Noruega, Alemania, Austria, Hungría y Suiza (Carril, 2001).

- Tronco Mediterráneo

Los individuos de este grupo, tienen caracteres morfológicos intermedios entre los cerdos bísaros y asiáticos, según Lima (1919), son dolicocefalos, con frente estrecha y ligeramente cóncava. La piel es siempre pigmentada y cubierta de cerdas poco abundantes, negras, rubias o, pocas veces, blancas.

Se tratan de animales rústicos, vigorosos y buenos caminantes, se prestan de manera óptima para ser explotados en regímenes pastoriles, y las cerdas son menos fecundas, pariendo 8 a 10 lechones. Tienen buena producción de grasa y poca carne, ambos de sabor agradable.

Los animales pertenecientes al tronco mediterráneo se encuentran diseminados por el Sur de Europa, sobretodo en la cuenca Mediterránea, encontrándose en el Sur de España y de Portugal, en las islas Mediterráneas, en el sur de Francia, Italia, Grecia, Malta, Austria, Hungría y Bulgaria.

EL PORCINO ESPAÑOL

En el pasado, en España había una rica diversidad de razas porcinas, particularmente dentro de los tipos Céltico y Mediterráneo. Estas razas locales se criaban en grandes piaras bajo condiciones extensivas, o en piaras familiares mantenidas en grupos de no más de ocho a diez, para el sustento familiar.

Según Delgado y col., (2000) España está poblada por razas porcinas clasificadas en tres tipos étnicos diferentes:

- el tipo Céltico: localizados en el noroeste de la Península Ibérica, (procedente del *Sus scrofa*), arribó con las civilizaciones que invadieron esta área desde el centro y norte de Europa. Estos recursos porcinos están especializados en la producción de carne pero no presentan la capacidad para la infiltración grasa en la fibra muscular. Los celtas orientaban

su producción para la comercialización de carne fresca y productos de chacinería (Coelho, 2003);

- el tipo Mediterráneo (procedente del *Sus mediterraneus*) el cual llegó a España con las civilizaciones que invadieron la Península Ibérica desde la Cuenca Mediterránea, poblando el sureste de la Península y de las Islas Baleares. La mayoría de las razas actualmente incluidas dentro de este tipo presentan tendencia a la infiltración grasa en la fibra muscular. Los cerdos ibéricos destinaban sus carnes y tocinos para productos curados y de larga duración (Coelho, 2003);

- El tipo africano, encontrado solamente en las Islas Canarias, se originó en el noreste de África, donde las creencias religiosas tuvieron como resultado la extinción de la mayoría de las razas porcinas locales, siendo el Cerdo Negro Canario, uno de los pocos representantes de los cerdos bereberes que existen en la actualidad.

En España la demarcación por zonas de los tipos Céltico e Ibérico seguía una línea divisoria que iba desde la desembocadura del río Miño hasta Valencia dividiendo en dos partes la parte española de la Península Ibérica. Al norte de la línea divisoria, en Galicia, Asturias, León, ambas Castillas, País Vasco, Navarra, Aragón, Cataluña y norte de Valencia predominaba el tipo Céltico, un cerdo alto de extremidades, longilíneo y de costillares aplanados. Al comienzo del siglo 20, seis razas porcinas fueron clasificadas dentro del tipo Celta Español: el Celta Gallego y el Chato Vitoriano: las más importantes, contaban con miles de hembras criando; el Asturiano, quizás un intermedio entre las ramas Céltica y Mediterránea, y hoy asumido oficialmente como Gochu Asturcelta; la Vich o raza Catalana; la raza Lermesa de Burgos y raza Baztanés de Navarra (Delgado y col., 2000).

Al sur de la línea divisoria, en Extremadura, Andalucía, Murcia, sur de Castilla-La Mancha y de Valencia predominaba el tipo Ibérico (del tipo Mediterráneo), de perfil cóncavo, lomo arqueado, más recogido de formas y más cerca de la tierra (Aparicio Sánchez, 1960). Este tronco demostró una especial diversidad genética mostrando distintas variedades y adaptaciones ecológicas, tales como el Retinto Extremeño y el Negro Lampiño. Variedades más antiguas incluyen el Mamellado y el Dorado Gaditano, mientras otras variedades modernas tal como el Villalón, Retinto Portugués, Torbiscal, Entrepelado y Silvela son mencionadas (Delgado, y col., 2001).

Razas diferentes dentro del tipo Mediterráneo incluyen al Cerdo Negro Mallorquín, al Vasco y también razas modernas como el Manchado de Jabugo y el Chato Murciano, derivadas del tipo Ibérico por cruzamientos con razas foráneas al comienzo del siglo 20, en el primer caso reconocida hoy como variedad del cerdo Ibérico.

El Negro Canario es el único representante de cerdos Africanos de las Islas Canarias y el Negro Mallorquín, cuyo origen pudo estar en la absorción de las poblaciones autóctonas de las islas Baleares derivadas del *Sus mediterraneus* por parte de cerdos negros de la variedad Negro Entrepelado importados (Paz, 1995). Tenía una fuente muy importante de alimentación en los higos y los higos chumbos (Buxadé Carbo, 1984). Actualmente esta raza se encuentra perfectamente implantada adquiriendo fama a través de un producto de la industria chacinera balear: la “Sobrasada de Mallorca”, manteniendo sus censos estables.

El Cerdo Murciano primitivo (Paz, 1995), basado en una población originaria de la variedad entrepelada con influencia de la raza Berkshire, formaron el actual Chato Murciano. Se informa también del aporte de genética de razas foráneas como la Yorkshire, Tamworth, Craonés y Adernery (Lobera, 1998, Díaz Montilla, 1965). Se consideraba la existencia de dos variedades dentro de esta raza: la negra o gabana y la pintada (Lobera, 1998).

En las Islas Canarias se encuentra el cerdo Negro Canario que, aunque con origen africano (Delgado y col., 1998), la actual población podría haber tenido influencia de la variedad Negro Entrepelado (Paz, 1995). A estos animales se los denominaba “cochino negro” o “turre negro” (Buxadé Carbo, 1984).

Variedades del cerdo Ibérico:

El tronco ibérico, durante muchos años fue la explotación ganadera más importante de España y se basó, fundamentalmente, en el aprovechamiento de los productos que les ofrecía su medio ambiente, ocupando las zonas características del ecosistema de dehesa, representada por especies arbóreas del género *Quercus* (encinas, alcornoques y quejigos). En el siglo XVI existían leyes muy severas que trataban de fomentar la cabaña del cerdo ibérico y el aprovechamiento de las bellotas, como el fuero de Montánchez y el fuero de Trujillo, en los cuales se castigaba el robo de bellotas. Durante el reinado de Carlos V se promulgaron las ordenanzas de Montánchez, en las cuales se recogían todos los aspectos de la dehesa en relación con el cerdo Ibérico.

Hace aproximadamente un siglo, el cerdo Ibérico constituía una población cerrada que habitaba la dehesa y se reproducía entre sí. Los ganaderos criaron sus ganados y los reprodujeron con miras concretas al aprovechamiento de hierbas, pastos, rastrojos, montanera, etc. para dar una canal y un jamón adecuados al mercado.

La etimología de la palabra “dehesa” viene del vocablo “defensa” que quiere decir defendida, vedada, puesto que esta defensa era fundamental contra la trashumancia. La dehesa es un ecosistema característico, en el cual, coexisten encinas, alcornoques y pastizales (gramíneas y leguminosas).

Como las áreas ecológicas dentro de la dehesa eran diferentes, con el tiempo se fueron seleccionando poblaciones regionales de cerdos que resultaron con diferentes capas: negros, colorados, retintos o rubios, todos dentro de la gama propia del Ibérico. Se encontraban los más grasos y sin cerdas como el Pelón del Guadiana, y otros más magros y con pelo como el Negro Entrepelado, existiendo también los Retintos Andaluces o Extremeños. Se llegaba incluso a denominaciones muy localistas como el Retinto de Olivenza, Negro de la Puebla o de Campanario, e incluso algunos conocidos por el nombre de la ganadería. Posteriormente algunas poblaciones se cruzaron con razas extranjeras para otros fines como aumentar el peso, acortar la fase de crecimiento, corrección de las formas, disminuir la producción de grasa y aumentar la prolificidad. Entre los cerdos que han intervenido más frecuentemente están el cerdo Alentejano portugués, el Tamworth, el Large Black y el Duroc-Jersey.

Actualmente con mayores posibilidades de intercambios entre ganaderos, algunas de las diferencias primitivas se han diluido. No obstante dentro del tronco Ibérico hay un importante número de variedades, algunas de ellas más o menos ancestrales, otras son el fruto de cruzamientos entre las variedades anteriores, otras resultan de la influencia recibida desde razas foráneas y otras son adaptaciones ecológicas fuertemente ligadas a ciertos ecosistemas. También algunas ganaderías han practicado la endocría en sus explotaciones hasta conseguir líneas y estirpes.

Según la Asociación Española de Criadores de Ganado Porcino Selecto Ibérico Puro y Tronco Ibérico, (AECERIBER), las variedades del cerdo Ibérico se diferencian entre sí por su apariencia externa y son clasificadas en función de la coloración de su capa y la presencia o ausencia de pelo en:

1. Variedades Negras:

1.1. Negro Lampiño (de La Serena y del Guadiana)

1..2. Negro Entrepelado

2. Variedades Coloradas

2.1. Retinto

2.1.1. Lampiño

2.1.2. Entrepelado

2.2. Rubio

2.2.1. Dorado

2.2.2. Cano

2.3. Torbiscal

2.4. Manchado de Jabugo.

La Asociación adopta la denominación de Agrupación Racial del Cerdo Ibérico terminología que implica la existencia de diferentes variedades.

Las variedades Lampiñas son más propias de valles y las Entrepeladas de las sierras. De los Rubios y del Manchado de Jabugo quedan muy pocos ejemplares, reducidos a explotaciones familiares o protegidos en centros oficiales como la Diputación de Huelva.

Oficialmente no había un reconocimiento de las variedades en la descripción del prototipo racial publicada por el Ministerio de Agricultura al establecer el Registro Oficial de Ejemplares Selectos del Cerdo Ibérico (BOE, 04/01/79). Lo mismo sucede en 1987 con la aprobación del Libro Genealógico de la Raza Porcina Ibérica (Laguna, 1998).

Mediante estudios de caracterización morfológica, Delgado y col. (1998) diferencian ocho variedades: Negro Lampiño, Negro Entrepelado, Retinto, Silvela, Torbiscal, Mamellado, Manchado de Jabugo y Dorado Gaditano.

En el programa DAD-IS de la FAO se contemplan seis variedades dentro del cerdo Ibérico: Negro Lampiño, Negro Entrepelado, Retinto, Torbiscal, Mamellado, y Dorado Gaditano. El Manchado de Jabugo se considera en la lista pero no dentro de los Ibéricos. Actualmente la variedad Dorado Gaditano ya se puede considerar extinta, la variedad Manchado de Jabugo, con un censo total inferior al centenar de ejemplares y con una tendencia a la disminución de efectivos, se considera que está en peligro de extinción. Las variedades Negro Entrepelado, Negro Lampiño y Torbiscal, con censos entre 100 y 1.000 ejemplares mantienen una tendencia al alza en los últimos años, aunque el Negro Lampiño, debido a su característica de fuerte engrasamiento ha pasado por una situación próxima al peligro de extinción. Sin embargo las variedades Mamellado y Retinto Portugués, con censos similares a los anteriores, se encuentran estancadas en cuanto a sus censos y por lo tanto en grave peligro. Finalmente, la variedad Retinto, con un total de hembras inscritas en el Libro Genealógico de la raza cercano a 10.000 ejemplares se muestra como la única variedad lejos de la situación de riesgo.

CERDOS EN IBEROAMÉRICA

En América la evolución histórica de los recursos zoogenéticos utilizados por el hombre tuvo características similares que pueden agruparse en tres etapas. La primera, desde los años de la conquista entre 1493 y mediados del siglo XIX, de aproximadamente 350 años, caracterizada por la introducción, multiplicación y difusión de ejemplares de las diferentes especies (ovinos, caprinos, cerdos, bovinos, equinos, aves de corral).

Desde su introducción durante la conquista española y con posteriores aportes por la inclusión de otras razas exóticas, éstos ejemplares se aparearon libremente, modelándose en función de la selección natural, adaptación a los diferentes ambientes y, mediante la selección empírica dirigida y prácticas culturales ejercidas por las sociedades que los criaron, arribaron a la formación de los denominados genéricamente “Criollos”, término que deriva de la palabra crío o criar con que los conquistadores se referían a sus hijos nacidos de mujeres indígenas, aunque más tarde la palabra se fue aplicando a los hijos de los colonos (Morner, 1967).

La segunda etapa, que se extiende desde mediados del siglo XIX a mediados del siglo XX, de más de 100 años, donde estos animales sufren un proceso de desvalorización, con la introducción de otras razas exóticas “mejoradas”, para su mestización y absorción, con la consecuente disminución del número de animales de esta agrupación.

La tercera etapa iniciada hacia mediados del siglo XX hasta la actualidad, en que, aunque continúa la introducción de razas exóticas, en los últimos años se ha comenzado la revalorización, planes de conservación y utilización productiva de los “Criollos”, con un mayor énfasis en la especie bovina, seguida de la caprina y con incipientes tareas en porcinos y ovinos (Martínez, 2008).

Vías de introducción del cerdo en América

A partir del descubrimiento de América (1492 de la Edad Moderna) comienza la introducción al nuevo continente de los actuales animales domésticos, ya que América carecía de estos. Por aquel entonces, sólo los camélidos sudamericanos, guanacos (*Lama guanacoe*), llamas (*Lama glama*) vicuñas (*Vicugna vicugna*) y alpacas (*Lama pacos*); y pavos (*Meleagris gallopavo*) eran explotados por los aborígenes. El resto de las especies domésticas utilizadas por el hombre, arribaron a las Antillas, y de ahí pasaron a Panamá y México. Con posterioridad, se poblaron Santo Domingo y otras islas vecinas. Su difusión por México, Centro América y Venezuela no tardó en producirse, descendiendo desde Panamá hasta Perú, y de allí a Paraguay, Tucumán (Argentina) y Chile. Desde Paraguay llegaron a Uruguay y Brasil (Carrazzoni, 1993).

Rodero y col., (1992) en su trabajo “El ganado andaluz primitivo y sus implicaciones en el Descubrimiento de América”, refieren que, lo que fuera llamado Proceso de Conquista del Nuevo Mundo puede ser separado en tres fases diferentes: la exploración, la conquista y la colonización. Dicho proceso produjo numerosos cambios entre los que se cuentan difusión de fauna y flora europea en América, difusión de fauna y flora americana por el Viejo Continente, el descubrimiento de ricas minas de oro y la explotación industrial de algunos

monocultivos tropicales destinados a Europa; todo lo cual significó una gran transformación en la economía mundial del momento.

Según esos autores los animales domésticos jugaron diferentes roles en cada una de estas fases. En la fase de exploración no fue necesaria la utilización de animales de granja, mientras que en la fase de la conquista caballos y cerdos eran indispensables, y durante la colonización hubo una predominancia de vacas, ovejas y cabras.

A través del tiempo, los productos españoles, como los animales domésticos siguieron dos rutas principales, una directamente de los puertos del Sur de España hacia sus destinos finales, haciendo una parada en las Islas Canarias, y una segunda, similar, pero incluyendo una parada en las Antillas. Sevilla y otros puertos (Cádiz, Sanlúcar, Puerto de Santa María, etc.) monopolizaron legalmente la navegación y el comercio de Castilla con América.

El origen de casi todas las exploraciones atlánticas durante el siglo XV fueron las áreas costeras del Centro y sur de Portugal, y la bahía de Cadiz en Castilla; los exploradores eran principalmente pescadores, marineros y comerciantes de los pueblos costeros.

Después del descubrimiento, ya en el siglo XVI, el comercio de Castilla con América estuvo centrado en Sevilla. Solamente cuando el comercio estuvo absolutamente desarrollado, los puertos del norte entraron en juego, lo cual lleva a los autores a suponer que la mayoría de los animales exportados pertenecían a las mismas áreas que los exploradores, y por esa razón ellos eran cercanos a los mencionados puertos andaluces pertenecientes a la ganadería sevillana; sin embargo se admite que animales pertenecientes a otras áreas de Castilla eran también exportados, ocupando áreas de descanso esperando el momento del viaje.

En 1404 Castilla ocupaba las Islas Canarias y éstas fueron una necesaria parada en el camino a América. Generalmente, las naves desde Andalucía eran aprovisionadas en Tenerife o en La Gomera, tomando como punto de partida la Isla El Hierro a las Antillas. De acuerdo con Morales Padrón (1974) desde las Islas Canarias, embarcaban como reserva hasta la otra costa del Atlántico caña de azúcar, cerdos, bananas, legumbres, vegetales, naranjas, melones, azafrán, higos, damascos, aceitunas, caballos, cabras, perros y ovejas.

El Tratado de las Indias requería que el embarque de productos se realizara solamente en las islas, por esta razón el comercio andaluz estaba interesado en el desarrollo de los negocios en las Canarias, con la visión de evadir el control y la vigilancia del Tratado, por ello muchos productos andaluces fueron exportados ilegalmente por empresas comerciales mixtas (andaluza-canaria) desde Canarias (Lobo, 1991, citado por Rodero y col. 1992). Por lo tanto para este autor, exceptuando a los cerdos y cabras, la mayoría de lo llevado a

América al mismo tiempo provenía de Andalucía, aún cuando figuraba que provenía de las Canarias.

Las Antillas fueron punto de introducción de los animales domésticos de Andalucía, donde se reprodujeron e incrementaron durante el primer tiempo en América. Los exploradores en tránsito por el continente se suministraban de estos animales en estas islas. También se asegura que Colón en su segundo viaje a América llevó animales domésticos desde Cádiz.

Para otros autores (de Alba, 1987), a Colón en este viaje, se le proveyeron vacas, ovejas, cabras, aves y palomas en la Isla de La Gomera (Canaria). Esta ganadería era introducida en la isla de La Española (recientemente descubierta), para luego ser distribuida en Dominica, Guadalupe, las Islas Vírgenes y Puerto Rico, descubiertas posteriormente. Morales Padrón (1990) también sostiene que durante el segundo viaje de Colón, debieron hacer una parada en La Gomera donde estuvieron 2 días, aprovisionándose de vacas, cabras, ovejas, leña, agua, gallinas y 8 cerdos, prefiriendo siempre, llevar los animales desde las Canarias y evitar las malas condiciones que caracterizaban la navegación Cádiz-Canarias-Golfo de las Yeguas. Otros autores citados por Rodero y col., (1992) opinan que ésta segunda expedición de Colón estuvo formada por trabajadores y campesinos, y el primer grupo de animales domésticos europeos: caballos, yeguas, ovejas, corderos, vacas, y toros provenientes de España.

Los cerdos, debido a su prolificidad, fueron fácilmente criados y pronto alcanzaron una alta producción. En las expediciones de Belalcázar hacia Perú y de Gonzalo Pizarro hacia Bolivia o hacia el Norte de Amazonia los cerdos negros y rojos fueron incluidos desde Extremadura y Andalucía. En el Catálogo de la Exposición Nacional de Ganadería celebrada en Madrid en 1913, los dos tipos de Cerdos Ibéricos eran aún diferenciados. Esos animales solo difieren en su color, pero en aquel momento se trataba de localizar al tipo negro en Extremadura y al tipo rojo en Andalucía. A estos animales se agregaron un gran número de otros tipos autóctonos de las Islas Canarias pertenecientes a la Raza de Cerdo Canario. Según Crosby (1988) y Rodero y col. (1992) el cerdo ibérico influyó y realizó su aporte más destacable en la aparición de las razas porcinas criollas.

Delgado (2007) reconoce que está sobradamente justificado en las crónicas, que el primer poblamiento de la América hispana se realizó con animales procedentes de la región sur occidental de la Península Ibérica, y afirma que en el segundo viaje de Colón ya fueron animales domésticos en sus carabelas según las citas que se reflejan en los propios cuadernos del almirante. La cantidad de animales llegados en un principio fue reducida, debido al escaso espacio en las naves y la duración del viaje, pero su rápida multiplicación, generó sucesivos cuellos de botellas en la formación de las razas criollas. Por otra parte

otras potencias como Inglaterra impulsaron la importación de sus razas locales y de sus colonias asiáticas y africanas.

Delgado (2007) plantea como hipótesis que las razas criollas se formaron a partir de animales provenientes de los puertos sur occidentales de la península Ibérica, que muchas veces sufrieron mestización en origen, debido a que los pocos animales con destino a América muchas veces eran concentrados en fincas de engorde hasta la partida de la expediciones y, de la misma manera, hubo un aporte de recursos autóctonos prehispánicos de las Islas Canarias. El punto de multiplicación de los recursos ibéricos en América fueron las islas del Caribe, para distribuirse en tres líneas de expansión fundamentales. Una que partiendo del puerto mexicano de Veracruz se distribuye por tres rutas al norte hacia Florida, Nuevo México y California en Estados Unidos de Norteamérica. Otra desde los puertos de Panamá hacia Centroamérica hasta llegar al norte del Virreinato del Perú por la costa del Pacífico y hasta Venezuela. Por último la colonización del Cono sur desde el Río de la Plata por una ruta hacia el actual Uruguay y sur de Brasil y finalmente subiendo las cuencas fluviales del río Paraná y Uruguay para llegar al sur del virreinato del Perú, Bolivia, y algunas regiones del Brasil.

Laguna Sanz (1998a) corrobora que la introducción inicial del ganado porcino español en América se produjo en ocasión del segundo viaje de Colón en 1493 y fue relatado por Fray Bartolomé de las Casas en la "Historia de las Indias". De acuerdo a su relato, ocho fueron los cerdos que dieron inicio a todos los cerdos que poblaron las Antillas y que se multiplicarían infinitamente en poco tiempo. Esto formaba parte de la política de los Reyes Católicos en el fomento de una importante ganadería en el área de las Antillas, que sirviera de abastecimiento a las expediciones de conquista del territorio continental americano y era Cuba un enclave básico de abastecimiento en toda la primera etapa de la misma (Pérez Pineda, 2005).

Encontrando buenas condiciones para su subsistencia, los ejemplares llegados de las Islas Canarias o de España, se reprodujeron sin obstáculos pero, librados a una vida natural, se fueron modificando en mayor o menor medida, de acuerdo con las características del clima y el suelo donde se desarrollaron, dando origen a los "Criollos" . Su difusión se efectuó de acuerdo con los límites impuestos por accidentes geográficos insalvables, adquiriendo características diferenciales a veces muy marcadas, llegando a un cuantioso número que, aunque de valor económico en principio escaso, tuvo la virtud de constituir la base sobre la cual se fundó la actual ganadería de América. Es así que durante el siglo XVI los animales descendientes de especies traídas de España rondaban por todo el Nuevo Mundo,

multiplicándose en estado semi-salvaje, y difundiéndose a medida que su número aumentaba considerablemente durante los siglos XVII y XVIII.

Delgado y col., (2004) reafirman que la colonización del porcino en el nuevo mundo muestra en la actualidad que la mayoría de las razas criollas descritas se ajustan al cerdo del tronco Mediterráneo. Las poblaciones conocidas como “Pelón”, de acuerdo a DAD –IS, se encuentran en muchos de los países centroamericanos (México, Guatemala, El Salvador, Nicaragua, Costa Rica), y son poblaciones que mantienen su estatus original de domésticos y se vinculan a explotaciones familiares, donde manifiestan tendencia al engrasamiento.

Se asegura que los cerdos salvadoreños se introdujeron con los colonizadores españoles, y que con los años algunos se hicieron salvajes dando origen al cerdo montés (Tunco de monte), mientras que otros se mantuvieron explotados hasta llegar a la actualidad en el que se distinguen tres tipos de cerdos, el negro de pelaje abundante (polancho), el cerdo parchado de abundante pelaje (pintas blancas y negras) y el cerdo chino (Henríquez y col., 2004).

Otros cerdos iberoamericanos que pudieron originarse en los antiguos cerdos ibéricos, (españoles y/o portugueses), sin descartar la posible influencia de otras poblaciones europeas, son el cerdo Pelón Mexicano (Castellanos y Gómez, 1984); tres grupos raciales locales descritos en Uruguay, que son Pampa Rocha, Mamellados y Casco de Mula (Castro, 2007); el Criollo de Guadalupe (Canope y Raynaud, 1981), el Casco de Mula, el Sanpedreño y el Zungo colombiano (Sabogal y Owen, 1992), este último asociado a una introducción de 300 cerdos de la raza Extremeña Lampiña o pelada al hoy departamento colombiano de Córdoba realizada por Rodrigo de Bastidas en 1525 (Cabezas, 1976). En Venezuela se mencionan también poblaciones mediterráneas, descritas por Hurtado y González, (2002) como “cerdo Criollo Venezolano”.

Entre las poblaciones caribeñas se destaca el cerdo negro Criollo Cubano (Laguna, 1998a y Velázquez y col., 1998), que muestra similitudes importantes con el cerdo ibérico por su especial capacidad de adaptación a condiciones digenéticas (Barba y col., 1998b). Rico (1999), Santana y col., (1999), Santana (1999 y 2000), Diéguez y col., (1994) y Velásquez y col., (1998), coinciden en el origen ibérico de estos cerdos y Theguenin (1961) no descarta su procedencia de las Islas Canarias, como otros autores citados anteriormente.

Según Sequeiro, (2004) los cerdos, al igual que otras especies domésticas, se introdujeron a Bolivia por países puente como Perú y Argentina, se cree que poblaron las regiones tropicales del Este provenientes de Paraguay y posiblemente desde Perú, se expandieron hacia los valles, altiplano y cordillera del Oeste dando origen al cerdo Criollo.

Sponenberg (1992) afirma que la colonización española ha establecido poblaciones porcinas ferales en los Estados Unidos, en gran parte para constituirse en una “isla – despensa” para futuros visitantes, (Mayer y Brisbin, 1991 y McKnight, 1968 citados por Sponenberg, 1992) y aunque han sido poco estudiados, persisten en unas pocas islas como Mona en el Caribe, y Santa Rosa y San Clemente (California). Una población importante es la encontrada en la isla Ossabaw en la costa de Georgia. Los descendientes no ferales de cerdos españoles son mucho más raros que los ferales, como los criados por la tribu Choctaw (cerdo español de tipo negro) en su actual tierra en Oklahoma, descritos como grasos, y que con frecuencia presentan mamellas y casco de mula (syndactylia). Este autor alude a la posible influencia de los cerdos españoles en razas tales como la Mulefoot hog y Red Waddler, pero estas son en gran medida conjeturas y estas mismas razas son muy raras.

En Brasil, se describen varias razas como descendientes del tronco mediterráneo de procedencia portuguesa. A diferencia de otros países americanos, Brasil ha identificado diversos grupos de cerdos naturalizados, y reconocidos con los nombres usuales de Canastra, Canastrao, Caruncho, Moura, Nilo, Píau, Pirapetinga, Tatu y Pereira. Aunque existen otros grupos y variedades poco conocidas y estudiadas (Mariante y col., 2003; Egito y col. 2004). La raza Canastrao es incluida como descendiente del Cerdo Bísaro Portugués por lo cual se adscribiría al tronco Celta. Rodiney y col. (2004), describen como recurso nativo porcino los porcinos monteiros en el Pantanal de Nhecolandia, que constituyen una variedad para caza.

Introducción de los cerdos en Argentina

En el Territorio Argentino se constata tres vías de introducción de animales domésticos de las distintas especies aprovechadas por el hombre en el viejo continente. La primera por el Río de la Plata en 1557, en ocasión de la primera fundación de Buenos Aires por Pedro de Mendoza. Se cree que en esa oportunidad fueron ingresados equinos y cerdos.

La segunda vía se produce desde el primer centro ganadero de importancia de la época que fue Asunción del Paraguay, a donde llegan los primeros vacunos, llevados por los hermanos Goes a través de la selva de Brasil que se constituyó en la primitiva ganadería alrededor de 1555. En 1573, Juan de Garay al fundar la ciudad de Santa Fe, aporta para la colonia vacunos traídos de Asunción, siendo parte de ese ganado el que es llevado a Buenos Aires, en ocasión de su segunda fundación. La tercera vía de introducción se realiza desde el Alto Perú, por Felipe de Cáceres, con una estimación de alrededor de cuatro mil cabezas bovinas. Estas se esparcieron en los pueblos fundados a lo largo de la travesía

originando pequeñas ganaderías regionales (Müller Defradás, 1956) (Inchausti y Tagle, 1980).

Repitiéndose la situación registrada en el resto del continente, se produce la huida de esos animales por la falta de infraestructura de contención, los cuales en libertad, se multiplicaban con rapidez, y debido al clima y ubicación geográfica de la región del Plata, la ganadería fue el factor de supervivencia, llegando más tarde a ser su base económica.

El ganado porcino, sufrió el mismo proceso que otras especies pecuarias luego de su introducción, en muchas regiones del nuevo mundo se volvió silvestre, multiplicándose libremente ya que el perro cimarrón no impidió su excesivo aumento como lo hizo con otras especies (equinos y vacunos). De acuerdo a las crónicas de Echegoian, que escribió en 1560 desde Santo Domingo, “hay más de 100.000 perros cimarrones que matan el ganado, beben la sangre y dejan la carne para los puercos cimarrones de los que hay muchos” (Marotta y col., 1998).

También el Padre Casas en su libro “Historia de las Indias” asegura que en América, a fines del siglo XVI y principios del XVII, el número de cerdos era elevado, corroborado por el hecho de que en la reunión del Cabildo de Buenos Aires efectuada el 16 de Junio de 1590, se acordó que los vecinos cumplieren con la ordenanza de tener a los cerdos encerrados en un corral.

El abandono con que se criaban estos animales obligó a la Diócesis del Río de La Plata a emitir una disposición en el año 1622 creando el cargo de “perrero” para desempeñarlo en la Iglesia Matriz; ésta persona tenía la tarea de impedir la entrada al templo de cualquier animal, especialmente perros y cerdos. De las crónicas escritas en esa época se puede deducir que la presencia de cerdos en Perú es anterior a la del Plata, y este hecho provoca la creencia de que el ganado porcino arribó al Río de La Plata por dos vías, una directamente de España y la otra por el noroeste de Argentina procedente del Perú (Marotta y col., 1998).

Otros autores sugieren que probablemente los primeros cerdos llegados a Buenos Aires, lo hicieron desde Santa Catarina, Brasil, traídos por Gonzalo de Mendoza (Pinheiro Machado, 1980).

Más allá de la forma que hayan llegado los porcinos, con el tiempo este ganado originaría al cerdo Criollo, que se diferenció en dos tipos: uno representaba a los animales de centros poblados, mansos y relativamente bien nutridos, y el otro a cerdos criados libremente a campo, denominado “chancho cimarrón”, habituado a la vida natural y cuya caza daba origen a verdaderas fiestas campestres. También se solían cazar a lazo para engordarlos previamente a su consumo.

Durante años siguió así el proceso evolutivo de esta especie, sólo apreciada por los españoles, ya que los Criollos la consideraban inferior e indigna de ser cuidada y explotada (Marotta y col., 1998).

Los “chanchos cimarrones” constituyeron motivo de creciente preocupación por sus depredaciones, tal es así que en el Código Rural de Buenos Aires del año 1865 se incluyeron disposiciones en su contra por estimárselos equiparables a fieras.

Hasta la actualidad existe en Argentina un grupo de cerdos domésticos, animales Criollos característicos, que poseen aptitudes productivas deficientes, pero a cambio, gozan de una gran aclimatación a su medio local, con gran resistencia y una mejor adaptación a sistemas de producción extensivos. Normalmente, estos porcinos locales o rústicos, poseen una canal de menor tamaño, y el número de lechones al parto suele ser notablemente inferior que en las razas selectas para la producción.

En la provincia de Buenos Aires, por ejemplo, se hallan propagados principalmente en la costa marítima, desde Punta Indio hasta el sur de Villa Gesell. Aprovechan para su alimentación los pequeños peces que las mareas dejan en la costa marítima, las raíces de los juncos, y fundamentalmente cangrejos. Estos animales son utilizados para la caza mayor en estancias pampeanas que ofrecen una modalidad de turismo aventura, siendo indispensable la utilización del caballo que permite abrirse en abanico para posibilitar la caza de los mismos en los ambientes que habita (<http://www.pampasargentinas.com/los.htm>).

SECTOR PRIMARIO EN LA REPÚBLICA ARGENTINA

La República Argentina se caracteriza por su amplia disponibilidad de superficies y condiciones agro-ecológicas propicias para la crianza de cerdos, respetando el bienestar animal y el cuidado del medio ambiente, siendo la densidad de esta especie ínfima de 0,6 cerdos/km², comparado con América Latina en que se hallan 3 cerdos/km², y sobre todo con Europa de 38 cerdos/km². Posee excelente aptitud en cuanto a suelos, clima y disponibilidad de agua dulce, lo que le permite una gran producción de cereales y oleaginosos, principales insumos de la actividad, (Pappoto, 2005).

El status sanitario del país es bueno ya que califica como país libre de Peste Porcina Clásica, de Fiebre Aftosa, y del Síndrome Respiratorio y Reproductivo Porcino (PRSS), una baja prevalencia del mal de Aujeszky y no ha sido aislado el virus de influenza porcina.

Cuenta con un sistema oficial y objetivo de tipificación de canales porcinos por contenido de tejido magro, a diferencia de las otras carnes producidas en el país.

Los datos más actualizados provistos por SENASA (2008), hablan de la existencia de 3.038.795 de cabezas, en un total de 56.097 establecimientos, con 673.871 cerdas. La zona tradicional de producción, se halla concentrada donde el principal insumo de la actividad, el grano de maíz, encuentra condiciones competitivas para su desarrollo (conocida como “cinturón cerealero”), y abarca principalmente a las provincias de Buenos Aires, Santa Fe y Córdoba, que engloban cerca del 72% del stock porcino (**Figura 1**).

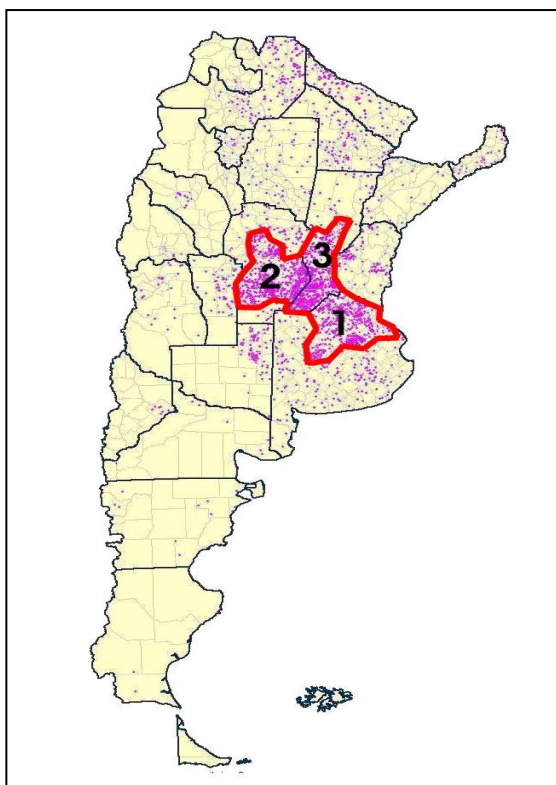


Figura 1: Mapa de distribución de las existencias porcinas en la Argentina. 1: Bs As, 2: Córdoba, 3: Santa Fe.
Referencias: 1 punto = 1000 cerdos
 Cinturón cerealero —

El sector primario encuentra realidades muy distintas y distantes, existiendo un fragmento altamente tecnificado, con una alta inversión en capital, de medianos a grandes productores, que proveen cerca del 60% de los capones comercializados. La producción intensiva en confinamiento logra actualmente un promedio nacional de 3,6 kg/kg de conversión alimenticia, 18 capones terminados por madre/año, el peso de faena es de 105 kg a los 180/190 días y un porcentaje de magro del 47%.

Otro sector de mediana tecnificación caracterizado por sistemas al aire libre, con unas 100 madres por productor.

Otro fragmento de pequeños productores de cerdos de menos de 20 madres (10 promedio), de bajo nivel tecnológico, caracterizado primordialmente por la comercialización de lechones y ventas locales. Por último, un grupo considerado como “tenedores (poseedores) de cerdos” con menos de 6 madres (2 en promedio) para el autoconsumo.

Según el Boletín de Información Porcina elaborado por la Dirección de Animales Menores y de Granja de la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación de la Nación (SAGPyA) (www.sagpya.mecon.gov.ar) la producción de carne de cerdo para 2008 se estimó en 275.752 t. El consumo por habitante por año ronda los 7 a 8 kg (7,89 kg en 2007 y 7,71 en 2008) y el 90 % de la carne producida se consume como chacinados (salazones y embutidos).

La etapa de faena se encuentra concentrada para los capones y hembras sin servicio, existiendo 10 frigoríficos localizados en la Provincia de Santa Fe, en Buenos Aires y Córdoba, que procesan el 86% de los animales. Algunas de estas plantas de faena se complementan con el despostado (despiece) y procesamiento pero existen además alrededor de 665 fábricas y despostaderos que reciben las medias reses y preparan los cortes para industria de chacinados y para venta a carnicerías minoristas y restaurantes.

Las exportaciones argentinas de carne de cerdo son irrelevantes para el sector mientras el mercado interno está insatisfecho en cuanto a la demanda de los chacinadores, habiéndose importado, cerca de 28.200 toneladas en 2007.

Los indicadores presentados fueron compendiados de las siguientes fuentes: Área Porcinos - Dirección de Ganadería – Dirección de Alimentos - S.A.G.P. y A- www.sagpya.mecon.gov.ar, ONCCA: Oficina Nacional de Control Comercial Agropecuario - www.oncca.gov.ar, SENASA: Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria - www.senasa.gov.ar, INTA: Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria- www.inta.gov.ar, AAPP: Asociación Argentina Productores de Porcinos- www.porcinos.org.ar, SRA : Sociedad Rural Argentina - www.ruralarg.org.ar, AACP : Asociación Argentina de cabañeros Porcinos www.aacporcinos.com.ar.

Razas Porcinas en Argentina

La mayor parte de la Producción Porcina Argentina se realiza con un reducido número de razas internacionales puras, inscriptas en la Sociedad Rural Argentina, organismo que lleva la genealogía de todas las especies. En base al número de reproductores inscriptos en el Swine Book Argentino el porcentaje de las razas se distribuye de la siguiente manera:

- Duroc Jersey que participa con el 26 %, siendo una de las razas más difundidas en el país. Introducida en el año 1907, en la actualidad más de 40 cabañas registran animales anualmente. Hacia fines de la década del 70 se incorporaron reproductores importados, provenientes en su mayoría de los Estados Unidos. Por su gran rusticidad y adaptabilidad, se ha extendido a lo largo de toda la Argentina.
- Hampshire, fue introducida en el año 1918 siendo la segunda raza en importancia en la Argentina, y participa con un 25 % del stock. Se adaptó en el país tanto a sistemas extensivos como semi-extensivos (SRA, 2004).
- Landrace, su introducción fue realizada por el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) en el año 1960, y aunque su difusión al inicio fue explosiva, posteriormente bajó su participación al 4 % de las existencias debido a su falta de

adaptación a los sistemas extensivos de crianza. Ha vuelto a tener popularidad cuando se produce en el país un incremento de los sistemas intensivos de producción (SRA, 2004).

- Pietrain, es la de más reciente introducción en el país, participando con el 0,6 %, y es una de las razas empleadas para producir líneas de machos híbridos terminales.
- Yorkshire, raza originaria de Inglaterra, en el país tuvo gran popularidad en la década del 30, pero luego fue disminuyendo. Entre 1978 y 79 se importaron animales representando el 17 % del stock nacional.
- Spotted Poland, norteamericano, participa con un 25 % del total nacional, siendo introducida en el año 1978 (SRA, 2004).

Otras razas menos difundidas son la: Poland China, Montana, Berkshire, Tamworth, Middle White y Chester White, participando con el 2,4 % del total nacional.

También existe genética de alto rendimiento disponible en la actividad, principalmente estimulada por la libre importación tanto de razas puras como de líneas híbridas, provenientes de Chile, Estados Unidos y España, principalmente. Algunas firmas comerciales nacionales, en conjunto con organismos oficiales como el INTA, han desarrollado líneas sintéticas propias aunque con base en razas puras de importación como el Pietrain, Landrace Belga y el Duroc Jersey.

En la década del 60 se importaron reproductores Landrace de Alemania e Inglaterra y Hampshire de los Estados Unidos y con este material genético se desarrollaron planes de cruzamientos, incluyendo a la por entonces popular raza Duroc. Con ello se arribó a la creación de la línea sintética INTA-B, variante local de la raza Landrace, y las selecciones llevadas a cabo en las razas INTA-Duroc e INTA-Yorkshire, así como al diseño y la producción en gran escala de las cachorras híbridas H1-Pampa, H2-Pergamino y H3-Santa Fe y la cachorra H3-21, de máximo potencial genético de producción. Todo ello bajo el Programa de Mejoramiento Genético Porcino (MGP), mediante convenios de vinculación tecnológica INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agrpecuaria) y empresas Privadas (SanCor, CEPA y IMGPE).

Según el Informe Nacional sobre la Situación de los Recursos Zoogenéticos en Argentina de setiembre de 2003 (Mezzadra, 2003), las razas que aún se usan son Landrace, Yorkshire, Duroc Jersey, Hampshire, Spotted Poland, Pietrain. Los registros genealógicos son llevados por la Sociedad Rural Argentina. Existe también una fuente de reserva en jabalíes y cerdos ferales, pero oficialmente no se reconoce la existencia de razas criollas de cerdos. No obstante, en el Domestic Animal Diversity Information Service (DAD-is), no figuran los

cerdos entre los recursos genéticos animales de la Argentina, (<http://dad.fao.org/>, consultado el 12/05/2009).

Cerdos Criollos en el Nordeste Argentino

Según SENASA, en las provincias del Nordeste Argentino (NEA) (Corrientes, Chaco, Formosa y Misiones), (**Figura 2**) situadas por fuera del tradicional cinturón cerealero, el total de porcinos es de 267.216 cabezas, distribuidas en 15.086 establecimientos. En Corrientes, la existencia de porcinos es de 22.952 cabezas; en Chaco, es de 110.847 cabezas, Formosa, es de 98.079 cabezas, y en Misiones es de 35.338 cabezas.



Figura 2: Región Nordeste Argentina (NEA).

Los Indicadores ganaderos referentes a la Producción Porcina expuestos hasta aquí, surgen del Sistema de Gestión Sanitaria (SGS) de la Dirección Nacional de Sanidad Animal (DNSA), siendo necesario aclarar que los mismos se generan a partir de la documentación oficial que respalda los movimientos de ganado autorizados por el Documento de Transito Animal (DTA). Dichos datos oficiales solamente están disponibles para la porcicultura a escala industrial, por lo tanto en relación a la cría porcina de subsistencia, que generalmente se lleva a cabo junto a otras especies (ovinos, caprinos, aves), no existen datos para orientar una investigación que de soporte a esta actividad y

consecuentemente a la población que de ella depende.

La porcicultura de subsistencia tiene injerencia directa en la vida de las poblaciones que la producen y automáticamente se beneficia de ella, pero cuando se trata de esta actividad ya no se torna tan fácil un análisis profundo, por la falta de datos e información, que encubre la importancia de esos sistemas por la ausencia de investigación y por la escasa preocupación de organismos públicos y de fomento a estadísticas como estas.

Muchas familias del Nordeste Argentino (NEA) dependen directamente del medio rural que



Figura 3: Regiones Subtropical Húmeda y Seca en el NEA

presenta particularidades importantes a ser estudiadas, como la identificación del efectivo porcino local todavía existente, ya que es sabido que estos animales son especiales para añadir valor y precursores de desarrollo regional pues reúnen su fácil adaptabilidad a las adversidades del medio utilizando los alimentos ofrecidos por el ecosistema natural, transformándolos en proteína de alta calidad.

En la Región Nordeste Argentina existe un tipo de cerdo de bajos rendimientos productivos, en comparación con las razas importadas o selectas, pero que adquiere relevancia en las zonas donde

se cría, por su gran adaptabilidad y resistencia al medio. Estos animales son conocidos

como poblaciones criollas, que podrían considerarse como recursos genéticos locales propios, aunque las condiciones de manejo y explotación de estas agrupaciones han impedido que se las investigue con profundidad y se caractericen plenamente.

La región del NEA, comprende las Provincias de Corrientes, Chaco, Formosa y Misiones (Figura 2).

Toda la Región NEA es de clima cálido subtropical y comprende el territorio ubicado al norte del paralelo 30° S de latitud. La isoterma

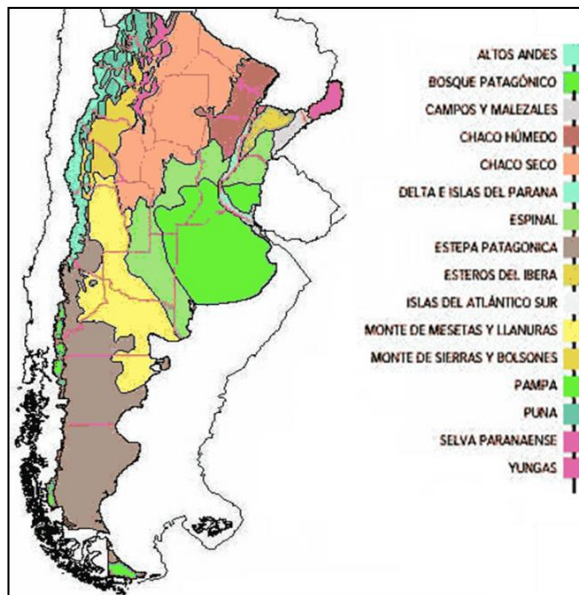


Figura 4: Mapa de las Ecoregiones Argentinas

de 20 °C la separa del resto del país. Las precipitaciones disminuyen de este a oeste, desde

1800 mm en Misiones y la isoyeta de 500 mm anuales pasa por el centro de la región (Carrazoni, 1974), y la divide en Subtropical Húmeda sin estación seca y Subtropical Seca con estación seca (**Figura 3**).

De las dieciocho ecoregiones que diferencia la Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable (SRNYDS) (<http://www.ambiente.gov.ar>) en Argentina (**Figura 4**), se incluyen en el NEA las siguientes: Chaco Seco, Chaco Húmedo, Esteros del Iberá, Campos y Malezales, Espinal y Selva Paranaense. En las cuatro primeras se han hallado cerdos Criollos y asilvestrados.

La Ecoregión Chaco Seco, comprende una vasta planicie que presenta una suave pendiente hacia el este y se extiende sobre la mitad occidental de Formosa y Chaco. Allí nacen y se organizan las cuencas hidrográficas de los ríos Bermejo, Pilcomayo, Juramento y Dulce, que recorren el Chaco Seco. Existen amplios sectores ocupados por salinas. El clima es cálido subtropical. La temperatura media anual varía de norte a sur desde 23°C hasta cerca de 18°C. Las precipitaciones varían entre 500 y 700 mm anuales, son marcadamente estivales, disminuyendo en forma acentuada hacia el sudoeste. En razón de las variaciones climáticas y geomorfológicas se identifican las siguientes subregiones: a) Chaco de Derrames Fluviales; b) Chaco Semiárido; c) Chaco Árido; d) Chaco Subhúmedo y e) Chaco Serrano. El Oeste de las Provincias de Formosa y Chaco, están comprendidas en el Chaco Semiárido. El tipo de vegetación característica es el bosque xerófilo, y según zonas y subregiones, bosques serranos, sabanas y pastizales.

El Chaco Húmedo, es una eco-región con pendiente muy suave hacia el este, en la que predominan ambientes deprimidos. De la Región NEA en estudio ocupa la mitad oriental de la provincia de Formosa y Chaco, y el extremo noroeste de la provincia de Corrientes. El clima es subtropical húmedo. La temperatura media anual disminuye de norte a sur, desde los 23°C en el límite con Paraguay, hasta cerca de 18°C. Las lluvias con valores del orden de 1.300 mm anuales en el borde oriental, disminuyen hacia el oeste, hasta los 750 mm. La red de drenaje corre paralela a los cauces de los ríos Pilcomayo y Bermejo, con desagüe en el Paraguay y el Paraná. En el sector sur, debido a fallas geológicas el drenaje se orienta en sentido norte-sur, siendo encauzado con dificultad hacia el río Salado a través del área conocida como "Bajos Submeridionales". Aquí, el relieve totalmente plano, el alto contenido de arcillas de los suelos y la ausencia de cauces definidos, determinan anegamientos prolongados. Se divide en las siguientes subregiones: a) Chaco de Bosques y Cañadas y b) Bajos Submeridionales.

La ecoregión Esteros del Iberá ocupa el centro norte de la Provincia de Corrientes e incluye la denominada depresión Iberana, es una gran cubeta hidromórfica con pendiente general

hacia el suroeste. Se extienden en abanico hacia el oeste, encauzándose en los Ríos Corrientes y Santa Lucía, y drenando al valle del Paraná Medio. Los diversos componentes del paisaje son reconocidos como lagunas, embalsados de vegetación flotante, esteros y bañados.

La Ecorregión Campos y Malezales entre el sudeste de la provincia de Misiones y el noreste de Corrientes, está limitada por las isoyetas de 1.800 mm al noreste y la de 1.300 mm al sudoeste. Las temperaturas medias oscilan entre los 20° y los 22°C. Hacia el norte se caracteriza por llanuras y humedales, y hacia el sur predomina una sabana tropical con planicies anegables, bañados, esteros y pajonales.

La producción porcina en esas regiones si bien no puede ser descripta como activa en términos de mercado, es bien conocida por jugar un rol importante en la economía de supervivencia de los pequeños agricultores, para lo cual estos animales nativos se han adaptado a los ambientes que estos habitan.

En dichas condiciones se complica el mejoramiento de la productividad de las poblaciones locales por vía de la introducción de otras razas o sistemas comerciales, ya que al hacerlo se pierden los caracteres de resistencia al estrés nutricional y ambiental que hacen al cerdo nativo tan valioso.

Estos cerdos pertenecen a una población que de forma natural ha sobrevivido a distintas condiciones ecológicas y limitaciones nutricionales, representando un material de extraordinario valor científico, cultural, nutricional e industrial. Además, tienen una enorme capacidad de aprovechar los recursos naturales disponibles y diversos subproductos agrícolas, constituyendo una fuente de alimento y de ingresos para productores de pequeñas explotaciones de subsistencia.

Dicha población está representada por cerdos asilvestrados, es decir, animales domésticos que viven como salvajes (Whittemores, 1999); dentro de los cuales se distinguen los criados totalmente libres en el campo, denominados “alzados” o “cimarrones” (**Foto 2**); por otro lado, éstos mismos, pero mantenidos por los agricultores en un modelo de explotación tradicional (de traspatio), relacionados a pequeñas explotaciones familiares, recibiendo diversas denominaciones según el área de explotación, como “Criollos”, “caracoleros” (**Foto 1**) y “churros” (**Foto 3**).

Los primeros existen en forma de grandes piaras, exentos de manejo reproductivo, sanitario y zootécnico por parte del hombre, alimentándose de los recursos que la fauna y flora local les ofrecen (**Fotos 10 a 15 y 17**).

En las zonas de bajos, cañadas y esteros (húmeda) se nutren de pececillos y caracoles, de allí su frecuente denominación en éstos lugares de “cerdos caracoleros”; así como de las

raíces de los camalotes (Plantas acuáticas que comprenden varios géneros: *Pontederia*, *Eichhornia*, *Reussia*, etc.); el fruto de la palma carandai (*Copernicia australis*) y de la parte central del tronco de la misma; del fruto del guayabo (*Psidium guayava Raddi*) y del ñangapirí o pitanga (*Eugenia uniflora L.*).

En las áreas secas (oeste) los cerdos aprovechan los frutos de las siguientes especies vegetales: sacha pera (*Acanthosyris falcata Gris*, arbusto silvestre con fruto gomoso y dulce), sacha sandía (*Capparis salicifolia Gris*, arbusto), tuna (nombre genérico para cetáceas, herbáceas o arborescentes), carandilla (*Trithrinax biflabellata*, palmera menor, tronco delgado, fibroso, hoja en abanico, fruto invernal), algarrobo negro y blanco (*Prosopis nigra* y *Prosopis alba Gris* respectivamente, árboles muy valiosos y de excelente madera), mistol (*Zizyphus mistol Gris*, árbol frutal silvestre), chañar (*Geoffroea decorticans*, árbol silvestre, de fruta comestible y medicinal), meloncillo (*Capparis Tweediana Eich*, arbolito o arbusto xerófilo), chaucha del Itín o Carnada (*Prosopis kuntzei Harms*, árbol de madera dura), chaucha del Tatané (*Pithecellobium scalare Gris*, árbol indígena de buena madera amarilla).

Durante la estación seca (7-8 meses de otoño-invierno) aprovechan plantas que retienen agua pues no pueden llegar a las aguadas naturales porque los atrapa el fango, dichas plantas son: ucle (*Cereus validus* How), tuna arbórea de fruto vinoso y flor rosada) y la raíz y el fruto del tutiá (*Solanum sisymbriifolium* Lam) (maleza muy espinosa de fruto comestible rojo).

Los pequeños agricultores acostumbran cazar estos cerdos, montados a caballo los persiguen a través de los esteros y ayudados de perros entrenados que los sujetan de las orejas, logran inmovilizarlos mediante el lazo (**Foto 7**). Una vez que son llevados hasta las casas, son encerrados en pequeños corrales y mantenidos en régimen de engorde y estabulación permanente (**Foto 16**) hasta el momento de su comercialización, sobre todo a fin de año (fiestas de navidad o año nuevo); o bien para retenerlos e incorporarlos a la explotación familiar.

En el modelo de explotación tradicional las condiciones de cría son las propias de un sistema extensivo: aprovechamiento de pastizales y de los recursos naturales antes mencionados, utilización mínima de granos de maíz (*Zea mays*) y nula de concentrados comerciales balanceados, suplementados con productos hortícolas como papas (*Solanum tuberosum L*), mandioca (*Manihot esculenta Crantz*), batata (*Ipomoea batata* o *Convolvulus batatas*), y el zapallo (*Cucurbita maxima*).

Los predios son pequeños, cuentan con un número reducido de madres con mínimas posibilidades de inversión en infraestructura, alimentación y asesoramiento técnico. Las

piaras se forman de cerdos que han sido cazados y posteriormente amansados, o bien de compras efectuadas a algún vecino, y se encuentran contenidos en instalaciones precarias (sobre todo los reproductores machos), o bien libres, deambulando alrededor de la casa y se los encierra sólo por la noche (**Foto 9 y 18**), siendo común encontrar juntos animales de todas las edades (lotes de cerdos recién destetados, en recría, cachorras, cerdas adultas y verracos). Esta práctica tiene implicancia en el sistema reproductivo, no habiendo épocas de cubriciones claramente definidas. Las pariciones y la cría de lechones son totalmente a campo sin ningún tipo de reparo artificial. El manejo sanitario es prácticamente nulo, y la mano de obra es familiar, no existiendo contratación de mano de obra especializada (**Foto 8**). La carne y grasa son los productos que se obtienen, y los objetivos de producción son el autoconsumo (**Foto 39**), la comercialización de los excedentes y el ahorro, es decir, disponer de un bien que puede ser vendible fácilmente.

Los productores son en su mayoría de clase social baja, la intervención del estado es mínima en los que se refiere a créditos, asistencia técnica, fomento y extensión, así como organización de los productores.

A pesar de la implicancia social de estos animales, hasta hace poco tiempo no existían programas de investigación sobre las cualidades de este cerdo, lo cual motivó la ejecución de un plan denominado "Caracterización y recuperación del cerdo caracolero correntino como alternativa para el desarrollo sustentable de la Provincia de Corrientes", proyecto de investigación con incidencia en desarrollo acreditado en el Programa Propio de la Universidad de Córdoba, España, de Cooperación al Desarrollo, Modalidad II - año 2003-2004, cuyo objetivo fue el estudio de la población porcina considerada como "criolla". Dicho plan se ejecutó en el marco de las actividades de la Red CYTED XII-H (Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo). Estos trabajos (Revidatti y col., 2003, Capellari y col., 2004 Revidatti y col., 2004 a b c d e f g , Delgado y col., 2005, Revidatti, y col., 2005 a b c d, Revidatti y col., 2006) dieron origen a esta tesis. Hasta el momento es la única investigación de estas características dada a conocer en la República Argentina en porcinos criollos.

CONSERVACIÓN DE RECURSOS ZOOGENÉTICOS

La preocupación por la conservación de la variabilidad genética comenzó en el mundo salvaje, tratándose primero la conservación de las especies y posteriormente el mantenimiento de la diversidad genética dentro de cada especie. Esta preocupación dio lugar al desarrollo de zoológicos, de áreas naturales protegidas, y a la aplicación de medidas

conservacionistas como las vedas, las reservas, las especies protegidas, etc. La conservación del mundo salvaje se entiende como la salvaguarda de un patrimonio, no siendo prioritario el concepto de funcionalidad.

Hasta mediados del siglo pasado no se hizo extensiva esta preocupación conservacionista al mundo doméstico, ya que no se tomó conciencia del peligro que se cernía sobre la variabilidad genética de las especies domésticas, a nivel de raza y dentro de cada raza. La ausencia de medidas de protección ha producido en el mundo salvaje la exterminación de las especies, y en el doméstico un proceso progresivo de homogeneización de las mismas, con la pérdida de multitud de razas que pudieron tener una aptitud genética especial para algunos propósitos que por diversos motivos pasan a carecer de importancia.

Estos conceptos son reconocidos por muchos autores entre los que se puede citar a Camacho, (2004), quien afirma que la conservación de los recursos genéticos de los animales de granja, se refiere a todas las actividades humanas, con inclusión de las estrategias, los planes, las políticas y las medidas que se adoptan para garantizar el mantenimiento de la diversidad de dichos recursos, a fin de contribuir a la producción y a la productividad alimentaria y agrícola ahora y en el futuro, alegando además que el último objetivo de la conservación es el bienestar de las personas a lo largo del tiempo y por ello el valor que se les asigna no debe limitarse exclusivamente a su peso económico de mercado, ni a su singularidad genética, sino que se debe incluir el valor social y cultural.

En un sentido más amplio los recursos genéticos animales (RGA) forman parte de la biodiversidad en general, cuyos antecedentes y preocupación por conservar se remontan según Simón, (1984) a los esfuerzos de Vavilov en 1928 por fundar un banco de germoplasma vegetal en Leningrado, después de la I Guerra Mundial y está presente en la conciencia científica desde finales de la década del 50. A partir de la década del 60 se sucedieron esfuerzos por comprender la situación de los RGA, en especial en Europa y Asia. La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) organiza grupos de estudios y discusiones sobre el tema en Roma, Copenhague y Nouzilly entre 1966 y 1973. Ese año fue creado el "Rare Breeds Survival Trust" (RBST) para conservar el ganado nativo británico el cual asegura que desde entonces, ninguna raza de animal de granja británico se ha extinguido (<http://www.rbst.org.uk/>).

En la década de los 80, el interés suscitado en torno a la conservación de las especies de animales domésticos, incluyendo los recursos genéticos y ecosistemas, se pone de manifiesto cuando FAO organiza una Consulta Técnica sobre Recursos Genéticos Animales, Conservación y Manejo, en Roma, cuyo documento final sienta las bases y recomendaciones para el trabajo sobre los recursos genéticos en cada país, dando lugar al

“Boletín de Información sobre Recursos Genéticos Animales”, iniciado en 1983, siendo el fruto de esta cooperación la creación del Banco de Datos de Recursos Genéticos Animales. En 1985 la FAO es indicada como responsable de la Estrategia Mundial para el Manejo de los RGA.

En junio de 1992 en Rio de Janeiro, Brasil se lleva a cabo la “2^{da} Cumbre de las Naciones Unidas (ONU) acerca del ambiente”, donde se reconoce la importancia de los RGA en la Agenda 21 y la Convención para la Diversidad Biológica (CDB) con la finalidad de conservar la biodiversidad; el uso sostenible de sus componentes; la distribución justa de los beneficios para el uso de RGA; y la transferencia de tecnologías apropiadas para el desarrollo y conservación de los RGA. Ese año, con la finalidad de monitorear el manejo global de los RGA la FAO implementa el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (*DAD-IS Domestic Animal Diversity Information System*) que colecta y organiza la información de especies, razas y actividades de conservación.

Los recursos ganaderos son un componente importante de la seguridad alimentaria en la mayor parte de los países en desarrollo, correspondiendo a más de 40 por ciento del producto agrícola y sirviendo como fuente de alimentos, abrigo y protección, energía, combustible, fertilizantes, ahorros y valor cultural, habiéndose estimado por la FAO que la demanda de carne se duplicará entre 2000 y 2030 y que la demanda por leche será más del doble en este período de 30 años (Cardellino, 2003).

Según Mariante (2008) una de las Comisiones más importantes existentes en la FAO es la Comisión sobre Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura. El reconocimiento mundial de la contribución esencial de los recursos genéticos animales a la seguridad alimentaria, al desarrollo rural sostenible y a la gestión de los recursos naturales ha llevado a la primera evaluación mundial sobre la situación de estos recursos.

Los países miembros de FAO han solicitado que ésta desarrolle e implemente una estrategia mundial para la gestión de los recursos zoogenéticos, que sirva de marco para guiar los esfuerzos internacionales para la conservación y el desarrollo de los recursos zoogenéticos, crear conciencia de los muchos roles y valores de estos y proveer una base para establecer políticas y acciones nacionales, regionales y mundiales.

La comunidad internacional adoptó, en septiembre de 2007, el primer Plan de Acción Mundial sobre los Recursos Zoogenéticos, que comprende 23 prioridades estratégicas dirigidas a combatir la erosión de la diversidad genética animal y utilizar de manera sostenible los recursos zoogenéticos. Se aprobó también la Declaración de Interlaken sobre los Recursos Zoogenéticos, mediante la cual confirmaron sus responsabilidades comunes e individuales respecto de la conservación, utilización sostenible y desarrollo de los recursos

zoogenéticos para la alimentación y la agricultura; de la seguridad alimentaria mundial; de la mejora del estado nutricional de las personas; y del desarrollo rural.

Biodiversidad

Para la CBD, “biodiversidad” es el conjunto de ecosistemas, especies y variedades genéticas existentes en un país y, si bien cada país posee la soberanía y la responsabilidad sobre sus propios recursos genéticos, estos deben ser considerados como un bien de la humanidad.

Se entiende por Diversidad de Animales Domésticos la variación de la diversidad genética existente entre las especies, razas e individuos de todas las especies y sus parientes salvajes más cercanos que han sido domesticados para cubrir las necesidades humanas de alimentos y agricultura.

Los Recursos Genéticos Animales son poblaciones genéticamente únicas formadas a través de todo el proceso de domesticación dentro de las cuales, cada especie animal es utilizada para la producción de alimentos y agricultura, junto a sus parientes salvajes más cercanos, incluyéndose también de modo genérico todas las especies y razas que tienen un interés económico, científico y cultural para la humanidad y la agricultura o que lo tendrá en un futuro. Se estima que un 12 % de la población mundial vive en zonas donde la gente depende casi por completo de los productos que se obtienen de rumiantes (bovinos, ovinos y caprinos). Las especies comunes (ovejas, cabras, bovinos, caballos, cerdos, búfalos y aves de corral) proveen directa o indirectamente el 30 al 40 % del valor total mundial de la producción agrícola y de alimentos (FAO, 1998).

De acuerdo con Cardellino, 2003, la Biodiversidad agrícola es el resultado de la interacción entre el ambiente; los recursos genéticos; los sistemas de manejo utilizados por las distintas culturas populares y todos los recursos terrestres y acuáticos utilizados de las más distintas formas. Incluye a las especies utilizadas, ahora o en el futuro, para la producción de alimentos y otros productos agrícolas (fibras, pieles, tracción, fertilizantes, sub-productos, etc.), que en general están divididas en poblaciones diversas (razas, líneas, razas locales, tipos locales, etc.), e incluye también el material genético en crio-conservación.

Teniendo en cuenta los conceptos de Delgado (2004) al igual que ocurre en las poblaciones salvajes, los animales domésticos de las distintas especies se estructuran en poblaciones de mayor o menor categoría que suponen un fenómeno dinámico y no estático. La situación de una población doméstica es cambiante y pasa por distintas fases a lo largo de su existencia, desde su formación hasta su extinción, cuando esta se produce. Según dicho autor, algunos evolucionistas estrictos se han opuesto a toda la filosofía de la conservación

señalando que solo se extingue lo inútil, y lo inútil no merece ninguna preocupación, lo que considera una posición simplista, ya que una población doméstica puede ser inútil en un momento dado e imprescindible en otro, puede ser inútil en unas circunstancias y muy importante en otras, es un patrimonio de los países y de las culturas, y tiene una repercusión colateral sobre el medio ambiente que habita (impacto ambiental), y sobre la cultura que le explota (impacto social), interviniendo decisivamente en el equilibrio ecológico y socio-económico.

Para dicho autor otro aspecto que se debe aclarar es que al igual que en el medio natural la conservación parece circunscribirse al nivel de la especie, en el mundo doméstico se tiende a centralizar la conservación en el nivel de la raza, cuando sería adecuado generalizar al nivel de la biodiversidad, en particular en el ámbito doméstico, y en él, tener en cuenta las distintas formas o distinto nivel que puede adoptar una población doméstica. En el espacio subespecífico se sitúa la raza, pero en el intraracial se pueden encontrar distintos conceptos de población, poco o no claramente definidos, como son la estirpe, la línea, el tipo étnico, el ecotipo, la variedad, que deben ser tenidos en cuenta de la misma manera que a los niveles más altos como la raza y la especie. La erosión genética se sufre a todos los niveles y tan negativa es la pérdida de una raza como la pérdida de su variabilidad interna.

En animales domésticos la diferenciación de subgrupos dentro de una población es un fenómeno producido desde la domesticación de las especies (Kóhler-Rollefson, 1997; Brem, 1998). Según Rodero y Herrera (2000) los principales aspectos genéticos que inciden en esta microevolución serían: la divergencia evolutiva previa de acervos genéticos distintos, las mutaciones, el aislamiento sexual y la selección natural y artificial.

Según Caravaca Rodríguez y col., (2003) la especie es el grupo poblacional más grande de individuos con caracteres comunes, y la define como “un conjunto de animales que se asemejan entre sí, con número de cromosomas constante, cuya descendencia es ilimitadamente fecunda” y pueden dar lugar mediante procesos de escisión a nuevas categorías.

Uno de los factores involucrados en el origen de las razas es la introducción de las especies domesticadas en nuevos hábitat. Otros procesos menos estudiados como los socio-culturales y económicos han modelado e influido en la composición genética de las poblaciones domésticas, acelerando o induciendo algunos factores de importancia evolutiva como la migración, la selección y la deriva genética. El conocimiento de estos procesos permite identificar subpoblaciones, cuyas divergencias, interrelaciones, el flujo de genes entre grupos, su grado de aislamiento y los procesos de deriva presentan analogía con los procesos evolutivos de las especies naturales, sólo que en la diferenciación de

poblaciones domésticas el factor antrópico ha sido decisivo y por otra parte los lapsos involucrados en la diferenciación de razas domésticas son cortos en relación a los de los procesos de especiación natural (Hartl y Clarke, 1989; Laval y col., 2002).

Definición del término raza

La definición del término "raza" es diversa e implica distintos enfoques, Rodero y Herrera, (2000) señalan que, desde el punto de vista de la clasificación taxonómica queda encuadrada, en un orden jerárquico, entre la especie, por arriba, y las subrazas, variedades y estirpes, por abajo, afirmando que los mecanismos que intervienen en la diferenciación de las razas son: el efecto de las mutaciones, el aislamiento reproductivo, la deriva genética, la selección natural y la artificial. Estos autores conciben a la raza como un producto de la evolución y consideran que en la formación de las mismas son fundamentales, la domesticación de las especies, la intervención científico técnica del hombre (selección artificial), y el control total de las razas por parte de este en cuanto a su reconocimiento y gestión.

Estos autores distinguen dos períodos, uno previo a la etnozootecnia (clasificación y organización de las razas), en el cual se diferenciaban poblaciones dentro de las especies por motivos principalmente naturales y con alguna intervención del hombre, y otro posterior en el que se producen los reconocimientos oficiales, técnicos y administrativos.

Existen múltiples definiciones de raza que involucran elementos como la semejanza en caracteres morfológicos y productivos, fruto de la presencia de elevadas frecuencias génicas similares, derivadas del ambiente y condiciones en que se las explota, que identifican a los animales frente al resto de la especie y que son transmitidas por herencia (Caravaca Rodríguez y col., 2003; Rodero y col., 2000; Aparicio Sánchez, 1956; Juliete Clutton-Brock (citado por Sponenberg, 2004). Para Sponenberg, (2004), aquello define el aspecto biológico y las razas son entidades genéticas consistentes y predecibles y su importancia reside en el paquete genético. Sierra (2001) añade que mantienen una "cierta variabilidad y dinámica evolutiva". Díaz Montilla (1965), citando a Marzowsky, agrega que tienen una misma evolución ontogénica y filogénica la cual se realiza en un mismo sentido con una intensidad y hasta un grado determinado. Para Díaz Montilla (1965) la descripción e identificación práctica de una raza lleva consigo la determinación de la frecuencia con que se presentan los rasgos más característicos y la proporción de cada uno de ellos en los diferentes individuos agrupados alrededor de sus caracteres medios con las desviaciones correspondientes. Las razas se describen de acuerdo a sus caracteres medios morfológicos y fisiológicos, lo que permite establecer el estándar tipo o patrón racial.

Otro elemento introducido por otros autores es el reconocimiento oficial y protección por una Asociación de Criadores específica (Cuenca, 1950), con estándares publicados por la organización de registros (Alderson, 1974).

La FAO (Scherf, 2000) define a la raza como un “grupo subespecífico de animales domésticos con características externas definidas e identificables que le permite ser diferenciado por apreciación visual de otros grupos definidos de la misma especie”, con una variante que la define como un “grupo de animales para el cual la separación geográfica y/o cultural de otros fenotípicamente similares, le ha permitido que se acepte para ellos una identidad distinta, en este sentido la raza es a menudo aceptada más como un concepto cultural que técnico”. Las referencias que hace la FAO en sus documentos oficiales que se mencionan este trabajo toman su significado de alguna de éstas dos últimas variantes mencionadas.

Queda claro que el concepto de raza está sustentado en la diversidad biológica de la especie, marcando diferencias mayores o menores dentro de esta, o como expresa Sierra (2001) el concepto y el hecho diferenciador de diversos grupos animales dentro de la misma especie seguirá existiendo, aunque podamos llamar a estos subconjuntos dentro del conjunto especie de la forma que queramos acordar (subespecie, raza, subraza, variedad, etc.).

Los distintos autores reconocen grupos subraciales (Rodero y Herrera, 2000), como las Subrazas (formadas principalmente por el efecto de la selección natural), y las Variedades (formadas principalmente por el efecto de la selección artificial).. Este concepto contrasta con el criterio de Caravaca Rodríguez y col., (2003) para quienes constituyen una variedad aquellos individuos de una misma raza que como consecuencia de la diversidad de las condiciones ambientales presentan algún carácter común pero no hereditario (volumen, peso, alzada, armonía de formas, precocidad, producción, pigmentación) ya que las características ambientales pueden limitar la expresión del desarrollo potencial del genotipo y determinar un fenotipo específico, por lo que la raza tendrá mayor número de variedades cuanto más amplia sea su área geográfica de dispersión y cuanto más variabilidad exista entre los sistemas de explotación de la misma. Cuando las diferencias que dan lugar a la variedad se deben a cuestiones geográficas se denominan “ecotipos”. Para (Rieger y col, 1991) este término correspondería a grupos o razas locales cuyos genotipos se han adaptado a un ambiente restrictivo particular, como resultado de la selección natural y se refiere a la acepción biológica que describe individuos ecológica y fenotípicamente diferenciados.

Las estirpes son poblaciones de una raza, aisladas reproductivamente por algunos ganaderos, con apareamientos consanguíneos, sin introducción de material externo al menos durante cinco generaciones (Rodero, 2000; Caravaca Rodríguez y col., 2003). Para Orozco (1985) la estirpe es la base fundamental de la mejora.

Líneas son subdivisiones de la estirpe, originadas por métodos de cruzamientos reproductivos idóneos, que exigen un aislamiento de un menor número de generaciones que la estirpe (Rodero y Herrera, 2000), y que según Caravaca Rodríguez y col., (2003) poseen identidad genética (homocigosis) respecto de algunos caracteres hereditarios.

Las escuelas de Zooetnología presentes en la literatura española, considera otros grupos subraciales como la "Agrupación Racial" que define a un "grupo de animales domésticos con uniformidad de caracteres visibles, pero de homogeneidad no demostrada científicamente" (Herrera, 2002). Esta terminología es aplicada a aquellas poblaciones que aspiran a diferenciarse como "razas", por ejemplo la denominada Agrupación Racial del Cerdo Ibérico, ha sido también llamada Tronco Ibérico (Barba y Col., 2000)

Paralelamente existen diversas propuestas para agrupar a las razas, que pueden deberse a la asociación a ambientes específicos como las denominadas razas locales, autóctonas, exóticas, etc.; o al grado, de uniformidad fenotípica en que se encuentra como razas tradicionales, o razas estandarizadas; o por la importancia de los factores antrópicos en su formación como: rústicas, especializadas, mejoradas (Masón, 1988; Rodero y Herrera, 2000; Lauvergne, 1982).

La FAO propone una clasificación de razas enfocadas desde su asociación con el medio donde se crían diferenciándose en el Boletín de Información sobre Recursos Genéticos Animales (FAO, 2001) las siguientes:

1. Razas exóticas

Entre las cuales se distinguen

- Razas de reciente introducción: la cual tuvo lugar por única vez y al menos hace unas cinco generaciones, pero no se han vuelto a importar animales;
- Razas importadas continuamente: aquellas cuyo acervo genético local se repone periódicamente con material importado.

2. Razas Locales

Entre las cuales se encontrarían a su vez:

- Razas autóctonas o nativas, procedentes de una región particular, a la que están adaptadas y donde son utilizadas;

- Razas adaptadas localmente: que han estado en un país o región durante un tiempo suficiente para adaptarse genéticamente a uno o más sistemas de producción tradicionales o regionales.

En Europa, Asia y África se identifican un gran número de razas locales autóctonas de animales domésticos (Masón, 1988). Algunas de ellas remontan su historia a miles de años atrás, sin embargo a partir del siglo XVII, merced a la activa participación del hombre como impulsor de la selección artificial, surgen numerosas razas (Brem, 1998).

Las razas locales forman parte de la cultura local y del paisaje, consciente o inconscientemente. En algunos casos se identifican con productos artesanales tradicionales, como el caso del Cerdo Ibérico, que fue rescatado de la extinción para constituir en la actualidad un ejemplo de conservación genética acompañada por una exitosa estrategia de comercialización de sus productos. En Europa en general se encuentran numerosos ejemplos de asociación entre razas locales, sistemas de producción y productos con denominación de origen.

Según Benítez Ortiz y Sánchez (2001) la capacidad de adaptación del cerdo a los diferentes pisos climáticos ha determinado que su explotación se realice en todos los continentes y en casi todos los países del mundo, a excepción de aquellos, en donde, por razones de orden cultural y religiosa su existencia está vedada.

No existiendo estadísticas diferenciadas para la población de cerdos de razas locales, la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO, 2009), estima que la población mundial de cerdos es de 993 millones de cabezas, con un aumento del 21 % entre 1987-2007, siendo la carne de mayor consumo, observando que el uso y consumo de diferentes especies animales varía también en función de preferencias culturales y creencias religiosas. En el año 2007 el 36 % de la carne consumida en el mundo, según la Trade Markets Division, de la FAO (2008), fue la porcina.

El 57,1 % de la población total porcina se encuentra en Asia con 523 millones de cabezas, lo que indica la importancia de estos animales para la alimentación humana en esa región. Le sigue Europa con 210 millones de cabezas (22,9 %), América con 151 millones (16,5%), de las cuales corresponden a América del Norte: 89 millones de cabezas, (9,7%), perteneciendo a E.U.A., 62 millones de cabezas (6,8 %), a Canadá, 12 millones, (1,3 %) y a México 14 millones (1,5 %).

Mientras tanto, en América del Sur existen, 55 millones de cabezas (6,0%), de las cuales en Argentina se hallan 3 millones (0,3%), Brasil con 31 millones (3,4%), Chile con 2 millones (0,2%), Colombia con 2 millones (0,2 %), Ecuador, 3 millones (0,3%), Paraguay, 3 millones (0,3%), Perú, con 3 millones (0,3%), Venezuela con 5 millones (0,5 %), El Caribe con 4

millones (0,4 %), participando Cuba con 2 millones (0,2 %), América Central, con 3 millones (0,3 %). Por su parte África posee 27 millones de cabezas, (2,9 %), Oceanía, 5 millones (0,5 %).

Para Sponenberg (2004) los principales tipos de razas son importantes porque cada una tiene una historia genética diferente con consecuencias para el mantenimiento y conservación de la misma y se refiere a las “locales”, como una población de animales que se encuentra aislada en un área local y se encuentran en una etapa temprana de desarrollo, las condiciones ambientales y los objetivos de la producción local conducen su selección. Su carácter “local” deriva de una combinación de fundadores, aislamiento y selección ambiental. La fundación de éstas ocurre como un evento histórico casual.

Sin embargo el aislamiento que protege a las razas locales está desapareciendo y sus características únicas disminuyendo, ya que los propietarios de las mismas normalmente no gozan de recursos y en general no tienen organizaciones de criadores, por lo que la conservación persiste por la limitada infraestructura, pero ésta se rompe tan pronto como la infraestructura mejora. Para permitir que estas razas sobrevivan deben ser desarrolladas estrategias formales para su aislamiento y organización. El ambiente cultural para el desarrollo y mantenimiento de las razas locales está desapareciendo y ya no puede albergar los recursos genéticos que ha producido. La transición de un recurso periferal a un recurso definido involucra tomar animales de un sistema de raza local verdadero a un sistema estandarizado basado en la productividad. Este cambio sutil en la filosofía conlleva el riesgo de que las razas locales sean más uniformes y estandarizadas dejando atrás muchas de sus variantes raras según se dé la transición. La producción puede reemplazar la adaptación y este cambio en la selección resultar en una gran repercusión genética. Las razas locales son mas variables que las otras, lo que puede llevar a muchos observadores a descartarlas por catalogarlas como triviales y no importantes. Es un hecho que ellas son histórica y biológicamente un importante recurso genético adaptado a condiciones ambientales difíciles (Sponenberg, 2004).

Siguiendo esta línea Delgado (2004) afirma que existe un criterio erróneo fuertemente arraigado en los zootecnistas iberoamericanos que consiste en la clasificación de las razas explotadas en estos países en tres grupos generales: el colectivo Criollo de cada especie, las razas de especies autóctonas y las razas exóticas, estas últimas perfectamente diferenciadas. Mientras las razas exóticas están muy bien estructuradas y organizadas, el colectivo Criollo según dicho autor es considerado “como un residuo”, a veces indeseable, concepto que califica como erróneo, y acompañado por otra incorrección de base que se centra en la creencia de que en las razas locales es imposible llevar a cabo cualquier

proceso de mejora genética basado en una metodología moderna. Esta creencia se basa en dos observaciones, una de ellas que las razas locales se ubican en las áreas más desfavorecidas en unas condiciones y bajo unos sistemas escasamente tecnificados que dificultan la recogida de información y su procesado para el desarrollo de programas de mejora y la segunda que generalmente se considera que la mejora genética moderna solo puede realizarse en los sistemas altamente intensivos de producción, con la finalidad de conseguir razas altamente especializadas.

Sponenberg (2004) distingue asimismo, a los “animales asilvestrados”, que incluye a animales domésticos que han escapado de la domesticación y regresado a un estado salvaje, destacando que el tipo genético salvaje nunca es recobrado por completo, y asegura que estas poblaciones son genéticamente similares a las razas locales. Las poblaciones que poseen rasgos genéticos particulares son interesantes por su adaptación y capacidad de sobrevivencia, pero la conservación de estas poblaciones asilvestradas que puedan ser consideradas como razas es muy difícil.

América Latina cuenta con una población significativa de cerdos locales, provenientes de los cerdos introducidos por Colón, en su segundo viaje al Nuevo Continente en 1493, y de otros que se introdujeron posteriormente a medida que se generalizó la conquista del continente. Al igual que en otros países, la información sobre cerdos locales resulta general y la mayoría de los autores sostienen que estos presentan una gran variabilidad y son de gran rusticidad, de baja productividad pero de buena adaptación a las más variadas formas de alimentación y de manejo. No existen datos oficiales precisos sobre la población de cerdos locales en cada uno de los países, y por haber sido explotados de manera tradicional, sin inversiones mayores de tiempo, recursos y tecnología, los cerdos locales no han sido objeto de muchos estudios que permitan conocer su verdadero potencial genético y su capacidad productiva.

La presencia de cerdos Criollos, originarios de las razas ibéricas, se extiende desde México hasta la Argentina, desde el nivel del mar hasta más de 4.500 metros de altitud, como en la provincia de Chimborazo en Ecuador y en algunas regiones de Bolivia y Perú. Para Benitez Ortiz y Sánchez (2001) no cabe duda que el cerdo que más ha perdurado es el de tipo lampiño, adaptado a territorios que van hasta los 2.000 metros de altitud. Según estos autores, los cerdos Criollos latinoamericanos, descendientes de este grupo, presentan algunas características parecidas y creen que ciertos rebaños se han conservado idénticos a las poblaciones originales, como se ha podido constatar en las provincias de Loja y Manabí en Ecuador, y como lo señala Espinosa (1997) en el caso colombiano.

Benítez Ortiz y Sánchez (2001), citando los trabajos realizados por Alvarado y Gómez (1982) y por Molina (1988-1995), relatan que en Ecuador, las pjaras locales se componen en el 50 por ciento de los casos por 1-4 madres y que contribuyen con el 25 por ciento de la producción nacional de carne y con el 30 por ciento de grasa, lo que indicaría su importancia en la alimentación. También citan a Benítez (1995), quien encontró que en el país existían 2,1 millones de porcinos explotados en el sistema tradicional y que de esta población tan sólo del 3 al 5 por ciento, según la región, eran animales provenientes de las razas ibéricas, mencionando que en la zona central y en el sur del país se encuentran genotipos provenientes de los cerdos ibéricos conocidos como: “runas”, “yungas” o “Criollos”. Más recientemente, Estupiñán y col., (2007 a y b), estudian cerdos naturalizados, localizados en el cantón Valencia, Provincia de los Ríos y en el cantón la Maná perteneciente a la provincia de Cotopaxi, que de la misma manera que los descriptos anteriormente se han mantenido en explotaciones familiares de bajos recursos y sistemas precarios de producción y manejo, y según los autores se han visto desplazados por la introducción de razas mejoradas en la explotación pecuaria.

En Cuba, el aprovechamiento de la población criolla en el medio rural, se realiza normalmente en explotaciones de tipo familiar en forma de “cerdo de sogá” o en cotos porcinos, (Velázquez y col., 1998). Para 2000 se estimaba que alrededor del 50 % de la masa nacional eran Criollos o mestizos de Criollos (Rico y col., 2000). Fueron descriptos en diferentes localizaciones geográficas de la provincia de Granma (Barba Capote, y col., 1998), así como en el Municipio de Bayamo (Velásquez Rodríguez y col., 2002). Según dichos autores el cerdo Criollo, no dependiente de insumos importados, con bajos indicadores reproductivos y productivos, en comparación con las razas exóticas, pero con mayor sostenibilidad en las condiciones tropicales cubanas, se desarrolló en la familia campesina como parte de la cultura y tradición. Los autores resaltan su adaptabilidad y aclimatación al medio donde se desenvuelve, su capacidad recolectora que hace posible que sobreviva con regímenes alimenticios exclusivamente basados en pastoreo. La adaptación a las condiciones medioambientales y climáticas, los recursos nutricionales y la tecnología de traspatio han determinado la aceptación del cerdo Criollo Cubano como único ente racial posible en la cría porcina bajo dichos condicionantes. Lemus y col., (2003) mencionan tres cerdos locales reconocidos en México, el Birich o Cerdo Pelón Mexicano, el Big Hoof pig, también llamado Coscate o Casco de Mula y el Cuino. Este autor ubica en el Estado de Nayarit Cerdos Pelones y Cuinos criados en condiciones agro-pastoriles. Sierra Vázquez y col., (2003) describen al cerdo Pelón Mejicano como una población

semidoméstica localizada en ambas costas, Atlántica y Pacífica de México, pudiéndose encontrarlo en el sur, en el Estado de Yucatán en comunidades remotas.

En el estado de Oaxaca, Altamirano Zarate y col., (2007) identificaron cerdos cuinos, codiciados por la cantidad y calidad de la grasa producida. Esta variedad local fue considerada extinta por la FAO, (Loftus, R. y Scherf, 1992), pero Cuevas y col., (2006) localizaron estos cerdos braquicéfalos en la zona denominada Mixteca. Los cerdos cuinos son considerados descendientes de los cerdos asiáticos (por la grasa en el nacimiento de la orejas y su perfil corporal) y de los Yorkshire de mediados del siglo pasado, y son denominados como cuinos braquicéfalos de la Mixteca. En México, se describen también el Criollo del istmo y el Cerdo Criollo Pelón Mexicano, con dos variedades, grande y chica (Altamirano Zarate y col., 2007). En el Istmo de Tehuantepec, se los denomina trompudos por su hocico prominente, y se considera que estos cerdos han mantenido un nivel bajo de cruzamiento con razas comerciales (Martínez y col, 2006).

Se acepta que el cerdo Pelón es el cerdo Criollo más difundido, aunque no se tiene un censo sobre la importancia numérica y distribución geográfica, extraoficialmente se admite que estos animales están ampliamente distribuidos en todas las regiones costeras y principalmente en el sur mexicano. Son poblaciones criadas en comunidades rurales en explotación de tipo familiar (Flores, 1992, Lemus y col., 1999). En el municipio Rodríguez Clara Veracruz el cerdo Pelón Mexicano, posee un importante rol en la cultura gastronómica de este pueblo (Navarrete y col., 2006). Todos ellos se crían para autoconsumo en sistemas de producción rústica, atada a un árbol como en el caso de los cuinos o bajo condiciones de libre tránsito por las calles, arroyos y terrenos baldíos, como el Criollo del istmo (Altamirano Zarate y col., 2007).

En el Estado de Chiapas, en algunas comunidades de la etnia Tzeltal de Aguacatenango existen unos cerdos autóctonos criados bajo sistemas extensivos de subsistencia, que se crían con técnicas rudimentarias con escasos recursos externos y contribuyen de manera importante a la economía familiar, como en el resto de los casos (Galdámez y col., 2006).

En Brasil a pesar de ser el 8º productor mundial de carne porcina, existen diferentes tipos de producción consideradas extremas en la utilización de tecnologías en la producción. Por un lado existen las granjas de alta tecnología y altos niveles de producción con razas exóticas o especializadas, como sucede en el denominado cinturón cerealero de la Argentina, por otro lado existen sistemas caracterizados por una actividad de subsistencia familiar, como sucede en el resto de los países iberoamericanos donde este tipo de cerdo compuesto por animales naturalizados y sus mestizos son considerados razas locales. Dependiendo de la región de Brasil analizada, la actividad de subsistencia puede

representar hasta un 70% del total. En ellas se han identificado diversos grupos de cerdos naturalizados, y reconocidos con los nombres usuales de Canastra, Canastrao, Caruncho, Moura, Nilo, Píau, Pirapetinga, Tatu y Pereira. Aunque existen otros grupos y variedades poco conocidas y estudiadas (Mariante y col., 2003; Egito y col. 2004), incluyendo un tipo conocido como Cuié y otro conocido localmente como Basse. La producción es destinada, en general, para el consumo doméstico de carne y principalmente para la utilización de la grasa (Castro, y col., 2002).

En la República Oriental del Uruguay se han identificado tres recursos genéticos porcinos locales que hoy se conocen como cerdos Criollos y son animales producto del mestizaje de las primeras razas ibéricas con razas provenientes de Europa y Estados Unidos principalmente (Duroc, Landrace, Landrace Belga y Pietrain) (Castro, 2007). La más importante es la denominada Pampa Rocha, localizada en el Depto de Rocha, próximo a la frontera con Brasil, donde existe el principal ecosistema de humedales de Uruguay (Urioste y col., 2002). Su sistema de producción se caracteriza por utilizar alimentos voluminosos (pasturas) y subproductos de bajo costo de oportunidad (residuos de las industrias frigoríficas, lácteas y alimenticias) como componentes básicos de la dieta; requiere bajas inversiones, especialmente en instalaciones (locales rústicos construidos con materiales locales) y brinda flexibilidad al productor para acelerar o desacelerar el proceso productivo con rapidez (Bassewitz y col., 1992; Rodríguez, 1995; Ruiz, 1995). Los cerdos Pampa Rocha son explotados en predios menores de 50 ha, que utilizan sistemas de producción a campo y mano de obra familiar, teniendo bajo costo de inversión, contando los típicos con entre 5 y 20 hembras cada uno (Vadell y col., 1994). Los otros dos recursos genéticos locales de Uruguay son el cerdo mamellado y el cerdo casco de mula y se menciona también la existencia de cerdos primitivos ferales (Castro y Fernández, 2004). El primero se distribuye en distintos ecosistemas, en predios pequeños, que los mantienen para autoconsumo, elaboración de chacinados artesanales y como un hecho novedoso. En el caso del casco de mula se cree que provienen del Brasil, de departamentos fronterizos o cercanos a ese país, son hallazgos en ciertos departamentos de Uruguay y también destinados al autoconsumo. En Bolivia, Benitez Ortiz y Sanchez (2001) citando a Amurrio (1996), aún cuando no precisa la población de cerdos locales, estima que este genotipo es menor que en el pasado, y que los animales que se encuentran con mayor frecuencia provienen de cruzamientos con razas importadas, sosteniendo que los cerdos introducidos por los españoles, se ubicaron en los bosques y muchos se volvieron salvajes, esparciéndose por el territorio nacional. Según Sequeiro (2004), éstas poblaciones crecientes de cerdos se acomodaron en pequeñas parcelas de productores, con deficiente manejo, atención sanitaria y reproducción

indiscriminada que generaron una raza natural, obra casi exclusiva de la selección natural. Convirtiéndose de ese modo el cerdo Criollo en un animal rústico adaptado a condiciones de climas fríos, de valles y de ambientes tropicales, tornándose un componente de los sistemas de los pequeños productores como proveedor de alimentos y mercancía de intercambio, dándole un gran valor en la economía de subsistencia, lo que lo hizo imprescindible en la vida de la familia rural, mientras que en la economía de mercado el cerdo Criollo se volvió incompetente e ineficiente.

El cerdo Criollo venezolano, que se ubica principalmente en los estados llaneros (Apuré y Guarico), constituye una importante fuente de ingreso en la economía familiar del ámbito rural debido a su rusticidad que lo hace sostenible con bajos insumos, pertenece a una población muy heterogénea que sobrevivió de forma natural a distintas condiciones ecológicas desde su introducción con la llegada de los españoles durante la colonización del nuevo mundo, constituyendo una fuente de alimentos e ingresos para explotaciones de subsistencia y de traspatio. El 80% de ésta población de cerdos se encuentra en explotaciones extensivas caracterizadas por ausencia de registros, planes sanitarios o instalaciones y el destino de los productos es familiar o comercial (Hurtado y González, 2002).

En El Salvador el 80 % de la población porcina nacional y el 96 % de la población en áreas rurales corresponden a los tipos Criollos que como en el resto de los países descritos son explotados a nivel familiar por los campesinos en los sectores de menores recursos, son manejados libremente y conviven con el hombre recibiendo diversas denominaciones según su apariencia (polancho, parcheado y cerdo chino) (Henríquez y col., 2004). Con los años, algunos de estos cerdos se hicieron salvajes, originando el cerdo Tunco de monte.

El ganado porcino introducido al Perú por los conquistadores españoles, se integró al sistema de producción y el consumo de su carne en la población local se reduce a ocasiones especiales, siendo también una fuente de grasa para uso doméstico. Para las familias rurales cuya principal actividad económica es la producción agropecuaria, el cerdo representa una fuente de ahorro que puede ser fácilmente convertida en dinero para enfrentar gastos de emergencia. El relevamiento de las existencias es dificultoso en los animales que permanecen en las explotaciones domésticas y prácticamente imposible en los animales asilvestrados. Sin embargo, se estima que un 63 % de las unidades agropecuarias se dedican a la cría porcina y que un 85 % de éstos animales son Criollos (Gómez Urviola, 2004).

En Colombia, Benítez Ortiz y Sánchez (2001), citando un trabajo realizado por Espinosa (1997), indican que el cerdo local, conocido como "Criollo o zungo", ubicado inicialmente

en el departamento de Córdoba, se difundió luego al resto del país aunque los cerdos locales, como consecuencia de la introducción de razas modernas están desapareciendo en forma acelerada. Sin embargo, no se cuantifica su número y se sostiene que, hasta hace unas décadas, constituían la mayoría de los animales explotados por los campesinos de las regiones apartadas. Anzola Vázquez y col., (2004) describen dos tipos de cerdos Criollos, el “zungo” y el “casco de mula”. El primero de ellos predomina en regiones adversas, de clima ecuatorial, desde el Golfo de Urabá hasta la Península de Guajira (costa atlántica), siendo capaz de sobrevivir y reproducirse en esas condiciones pese al mal manejo, diferenciándose dos tipos, uno mediano y uno pequeño. El cerdo casco de mula se encuentra en estado salvaje aunque ha sido domesticado en los llanos orientales y el pie de monte llanero colombiano. Martínez, (2004), reporta una tercera variedad criolla, el “sampedreño”, (en la zona de Antioquia y Viejo Caldas). Estas razas criollas poseen características de adaptación de suma importancia pero considerada en grave peligro de extinción por la lista mundial de alerta de la diversidad de animales domésticos (Loftus y Scherf, 1993).

Pérdida de diversidad en los animales domésticos

La diversidad de las razas de animales domésticos permite seleccionar poblaciones u obtener nuevas razas que respondan a los cambios del medio ambiente, a los nuevos conocimientos sobre las necesidades de nutrición humana, a las amenazas de enfermedades, a la situación del mercado y a las necesidades sociales, factores todos ellos en gran parte imprevisibles (FAO, 1998). A pesar de la necesidad de mantener la diversidad de los animales domésticos, existen factores que provocan la disminución de la misma.

Según los documentos de la Reunión de Interlaken de setiembre del 2007, sobre la situación de los recursos Zoogenéticos en donde se hace referencia a 169 informes de países, en el Banco de datos mundial se incluyeron 7.616 razas de las cuales 6.536 razas son locales y 1.080 son transfronterizas. De éstas, 523 son regionales y 557 son internacionales. De todas ellas, 1.491 razas se hallan en peligro de extinción. Europa y el Caúcaso con el 28% de sus razas de mamíferos y el 49% de sus razas de aves, junto con América del Norte con el 20% de sus razas de mamíferos y el 79% de sus razas de aves, lideran los peligros de extinción.

Esto se debe a que sus sistemas productivos se basan en ganaderías especializadas en un reducido grupo de razas, y posiblemente a que posean sistemas de control de los tamaños poblacionales más preciso que el resto de las regiones. Visto por especies, el peligro sigue la siguiente escala en porcentajes de razas en peligro: equinos el 23%, conejos el 20%, cerdos el 18% y bovinos el 16%.

Gura (2007) informa que entre 2001 y 2007 se extinguieron 62 razas, resultando en la pérdida de casi una raza por mes, mientras que la media durante el siglo pasado fue de alrededor de una raza al año. Estas cantidades son sólo una parte del panorama de erosión genética, ya que en muchas partes del mundo los inventarios de razas y particularmente los censos sobre el tamaño y la estructura poblacional a nivel de raza, son insuficientes; por ejemplo, para 36% de las razas no se cuenta con datos poblacionales.

La CDB cita como causas de la pérdida de biodiversidad a la aceleración del crecimiento de la población humana, el incremento del consumo de los recursos naturales y su explotación no planificada, aunque la especialización de la producción animal moderna se visualiza como la mayor amenaza para la diversidad zoogenética. La ganadería comercial en el mundo desarrollado se basa en la explotación de muy pocas razas altamente seleccionadas para producir carne, leche o huevos en gran cantidad y bajo condiciones ambientales muy reguladas (FAO, 1998), lo que trae como consecuencia que la ganadería de alto rendimiento presenta una altísima uniformidad genética. En una mayoría de las razas industriales de vacuno y porcino, el “tamaño efectivo de la población”, (parámetro para calcular la diversidad genética), es menor de 100 animales, que es considerado el mínimo necesario para garantizar la conservación de una raza. La industria avícola y porcina aseguran que existe suficiente variabilidad genética dentro de las distintas líneas reproductoras, pero es imposible comprobar esta información ya que dichas líneas son un secreto comercial guardado celosamente por las empresas (Gura, 2007).

Esta situación, además de conducir a la disminución de la variabilidad dentro de esas razas o líneas altamente productivas, provoca el progresivo reemplazo de las razas locales por aquellas exóticas muy especializadas, cuando estas son introducidas en forma indiscriminada principalmente en los países en desarrollo. Esto puede derivar en la desaparición o el riesgo de extinción de un número creciente de razas adaptadas a ambientes locales, o su conservación, pero en pequeño número de animales, impidiendo la conservación de su status genético actual (Simón, 1984).

Según Cabello (2005), una reciente revisión desarrollada en los países de la Unión Europea pone de manifiesto cómo los cruces industriales, donde intervienen las razas Large White y Landrace, constituyen el 66 % de la población total de hembras de cría en ese entorno y una única raza, la Large White, integra el 30 % de los efectivos genéticos porcinos de las razas europeas de engorde.

Gura (2007) afirma que la libertad de elección de los consumidores está quedando en manos de unas pocas empresas que controlan la mejora genética animal a nivel mundial, y que están haciendo una inversión importante en el estudio del genoma del cerdo. El

proceso de concentración en genética porcina es muy dinámico y actualmente el campo de batalla más decisivo parece ser el acceso a los mercados de China y de América Latina. Las solicitudes de grandes compañías internacionales de patentes que no conllevan ingeniería genética constituyen probablemente la punta del iceberg de las estrategias de apropiación genética, lo que llevaría a que los productores de cerdo de todo el mundo se vean obligados a pagar royalties, similares a las exigidas para las variedades de ciertas semillas patentadas por la compañía. Son cuatro las compañías que dominan la genética porcina que a nivel mundial.

Según las conclusiones de la reunión de Interlaken 2007, para reducir la erosión genética es primordial mejorar el conocimiento de las razas y sistemas de producción, planear a largo plazo y crear mayor sensibilidad a nivel político.

Conservación de recursos genéticos Criollos

La necesidad de caracterizar y conservar los recursos genéticos animales se ha convertido en una prioridad a escala nacional e internacional (FAO, Convenio de Diversidad Biológica, Cumbre de Río de Janeiro, AGENDA 21, U.E., etc.) y todos los estamentos coinciden en que la conservación debe estar unida a un desarrollo sostenible de dichos recursos y a una utilización racional y adecuada a su entorno medio-ambiental con fines a un reparto justo de los beneficios. Actualmente la conservación y utilización sostenible de los RGA, es considerada una actividad legítima y de beneficio público (Hodges J., 2002).

En la literatura sobre conservación de recursos genéticos animales (RGA) se destacan diferentes visiones de los países desarrollados respecto al resto del mundo. Autores europeos ponen en primer plano la conservación de los RGA como un elemento cultural, parte de la identidad de las poblaciones humanas, marcando un paralelo con el mantenimiento de su patrimonio histórico (Alderson, 1990; Dietl y Langhammer, 1997; Maijala y col., 1984).

Del mismo modo en Asia y África, con menores recursos, rescatan las razas nativas, locales o indígenas, como unidades culturales reconocidas y claramente definidas. Ya en estas regiones, donde la necesidad de asegurar alimentación es prioritaria, se ha observado una fuerte presión sobre las razas locales reemplazándolas por otras exóticas, con la intención de aumentar rápidamente la productividad de los animales domésticos (Köhler-Rollefson, 2000).

En América los esfuerzos se dirigen en primer término a garantizar la producción de alimentos, en base a poblaciones o razas de animales domésticos introducidas a partir de la

Conquista, a excepción de especies autóctonas como los camélidos (llama, vicuña, alpaca y guanaco) y cuyes. La conciencia sobre las características particulares de las poblaciones locales en América es aún insuficiente pero ha ido creciendo (CYTED, 2000). Al respecto es notable la menor cantidad de especies, razas o poblaciones declaradas en riesgo por los países de América en relación a las que se declaran en el resto del mundo (Scherf, 1997). Además de no contar con razas autóctonas de los principales animales domésticos, este hecho estaría indicando un desconocimiento de los recursos genéticos propios más que un estado de menor riesgo por parte de los mismos (Delgado, 2000).

La conservación de recursos zoogenéticos en América debería orientarse al mantenimiento de la adaptación a condiciones marginales, donde las experiencias con las razas especializadas han sido negativas (CYTED, 2000; Mueller, 1993). Por otra parte la conservación debería estar dirigida no solo a salvar especies en peligro sino también a aquellas que no son usadas eficientemente (Barker, 2001).

La situación más lábil de una raza es sin duda el desconocimiento, por esta razón la caracterización de las razas debe ser un objetivo prioritario de las naciones, ya que este punto constituye la base para la catalogación de los recursos zoogenéticos existentes.

Caracterización de los recursos genéticos animales

De acuerdo a todo lo expuesto, con la estrategia global de conservación de recursos genéticos enunciada por Franklin (1997) y considerada por FAO como parte esencial de su accionar en recursos zoogenéticos, la identificación y comprensión de los recursos genéticos en una región particular es el primer paso hacia su uso apropiado y su manejo, asociado al mantenimiento de la diversidad genética. Esto es ratificado en 2007 en el Plan de acción de Interlaken (FAO), que reconoce que los recursos genéticos son una parte esencial de la base biológica de la seguridad alimentaria mundial y contribuyen a los medios de vida de más de 1.000 millones de personas y que esta base de recursos es fundamental en las cambiantes situaciones socioeconómicas y ambientales.

El área estratégica prioritaria incluye primariamente el establecimiento de inventarios y caracterización de los recursos zoogenéticos, con el seguimiento de las tendencias y los riesgos asociados con los mismos. La creación de un sistema de alerta y respuestas tempranas con base nacional y, a continuación, la elaboración de normas técnicas y protocolos internacionales para la caracterización, el inventario y el seguimiento de las tendencias y los riesgos asociados. De acuerdo a esto, la caracterización de una población o raza de animales domésticos se inscribe como un primer paso dentro de la estrategia global de la conservación y manejo de la diversidad.

Para caracterizar la diversidad animal se trabaja con dos tipos de variabilidad: la fenotípica, que se observa y se puede medir directamente sobre los individuos, y la genética, que se puede evaluar utilizando marcadores genéticos. Para ambos aspectos hay herramientas matemáticas que permiten caracterizar adecuadamente la variabilidad existente dentro y entre poblaciones, y de esta forma pueden cuantificarse las diferencias entre y dentro de las poblaciones animales.

Existen diversas metodologías para medir la diversidad genética, que proporcionan resultados a veces contrapuestos, y se discute sobre el peso que debe tener la diversidad genética entre y dentro de razas o poblaciones cuando hay que definir prioridades de conservación.

No hay consenso acerca de si debe darse más importancia a la diversidad entre razas o a la diversidad dentro de las mismas. Para García y Cañón (2007), desde un punto de vista práctico, favorecer la diversidad dentro de razas es útil en procesos de selección y adaptación, mientras que dar más importancia a la diversidad entre razas sería más razonable cuando lo que se pretende es explotar el resultado de cruzamientos.

Las características propias de los individuos que permiten incluirlos como integrantes de una raza, son de tipo morfológicas, genéticas y productivas.

Caracterización morfológica

La caracterización morfológica se basa en variables cuantitativas y variables de naturaleza cualitativa. Las primeras se expresan de forma continua y permiten conocer el valor de determinadas regiones corporales (fundamentalmente alzadas, longitudes, diámetros, anchuras y perímetros). Las variables de naturaleza cualitativa son las más comunes de identificar y las de más fácil observación, siendo las principales por su capacidad discriminante en el cerdo, el color de la capa, el de las mucosas, el de las pezuñas; el pelo (presencia), cantidad y tipo, el tipo y orientación de las orejas; el tipo de perfil frontonasal, el número de mamas; y algunas particularidades como la presencia de mamellas y pezuñas fusionadas (casco de mula),(Barba, 2004)

Las características morfológicas son valoradas incluso en relación al potencial productivo de los animales, sin embargo muchas razas fueron creadas en base a características tales como color de pelaje, altamente heredables y relativamente poco influenciadas por el ambiente (Pirchner, 1979).

Las características exteriores y los parámetros zoométricos son lo primero a tener en cuenta para la descripción y análisis discriminatorio de las poblaciones a estudiar, así como para el reconocimiento e inclusión de individuos y determinación de sus aptitudes (Sanz y

col., 2004). Las características cuantitativas brindan una descripción más objetiva de la población en estudio, basada en valores numéricos y no en clases como sucede con las cualitativas (Sanz y col., 2004, Carvallo 1996). La caracterización e identificación de grupos raciales se emplea asimismo para conocer las relaciones filogenéticas de conjuntos étnicos de una misma región (Delgado y col., 1998, Forero Vizcaíno, 1999; Delgado, y col., 1998, 1998a, 2000).

En cerdos se ha realizado ésta caracterización según protocolos comunes en diferentes países y regiones entre los que se pueden destacar la caracterización morfológica de las distintas variedades del cerdo Ibérico, para describir y definir las mismas (Mata y col., 1998, Pardo y col., 1998, Delgado y col., 1998, 1998a, 2000, Cabello, 2005). La caracterización fenotípica del cerdo Celta fue realizada por Sánchez y col., (1998, 2000).

En América, los Criollos se encuentran en proceso de definición racial y caracterización, así como la discriminación entre subpoblaciones y la cuantificación de la erosión genética producida por los cruzamientos indiscriminados con razas exóticas, son motivo de estudio (Silva, 2006, Castro y Fernández, 2006, Barba y col, 1998).

Entre los trabajos de caracterización morfológica de poblaciones porcinas locales en América se destacan la efectuada en los Cerdos Criollos Cubanos, (Barba y col., 1998, 2004, Velásquez Rodríguez y col., 2002, Agüero y col., 2008), y la de los Cerdos Nativos Mexicanos (CNM) (Lemus y col., 2003, Pérez y col, 2004, 2005, 2006, Cuevas Sánchez y col., 2006, Martínez y col., 2006, Navarrete y col., 2006, Altamirano Zarate y col., 2007). En Uruguay, existen trabajos tendientes a caracterizar la población de cerdos Criollos Pampa Rocha, Casco de Mula y Mamellado, (Castro y Fernández, 2004; Castro, 2006; Macedo y col., 2008). En Venezuela, se completó la caracterización fenotípica y zoométrica de los cerdos Criollos, (Hurtado y González, 2002; Hurtado, 2004). En Ecuador, Estupiñán y col., (2007 a y b) caracterizaron los cerdos Criollos. En el Nordeste de Brasil, Lima Silva, (2006) caracterizó morfológicamente los cerdos locales de cinco municipios de Curimataú Paraibano.

Caracterización productiva

La caracterización productiva puede orientarse desde el punto de vista individual o bien colectivo. En la producción de carne se estudian las variables referidas a los pesos y crecimientos a determinadas edades o períodos de crecimiento a lo largo de la vida del animal (crecimiento predestete, período de recría y período de cebo) como propone Barba, (2004). Un buen ejemplo de dicha metodología en porcinos es la caracterización productiva y reproductiva de las distintas variedades existentes del tronco Ibérico realizada en varias

etapas (Barba, C. y col., 2000a y 2000b; Barba, C. y col., 2002; Calvo, J. y col., 2000; Poto y col., 2000 a b; Carrapiso y col., 2000, 2002a y 2002b; Suárez, M. y col., 2002 y 2002 b, Sereno, 2002). Se puede mencionar también a Vicente (2006) con los trabajos con porcinos portugueses Malhado de Alcobaça, y la caracterización productiva del cerdo Pampa Rocha de Uruguay (Vadell, 2008).

Otro grupo de variables productivas configurado por las variables *postmortem* son aquellas que se toman en matadero después del sacrificio de los animales. Las principales variables de este grupo serían el peso al sacrificio, el peso a los distintos tipos de la canal, rendimiento a la canal, pesos absolutos y relativos de las diferentes partes de la canal. Desde el punto de vista cualitativo se evalúan parámetros de calidad, como la proporción de los diferentes tipos de fibras musculares, relación ácidos grasos saturados/insaturados en la canal, pH, capacidad de retención de agua, etc. En esos aspectos trabajaron Sánchez y col., (2000) y Carril y col., (2008) para la caracterización etnológica del cerdo celta, Barba y Col., (2001) y Benito y col., (1998), en el tronco Ibérico y Poto, y col., (2000) en el Chato Murciano.

En cerdos Criollos existen antecedentes en el Cubano, (Santana, y col. 2006), el cerdo Criollo del Nordeste Argentino (Revidatti, 2005), el cerdo Criollo de Venezuela (Hurtado, 2005), el cerdo Pampa Rocha de Uruguay (Vadell, 2008), y el Cerdo Pelón Mexicano (Medina, 2002).

Caracterización genética

El estudio de variabilidad entre poblaciones, sean razas o especies, representa una herramienta valiosa para la diferenciación de grupos de animales donde la variabilidad fenotípica, más allá de la genética, puede ser observada y medida directamente.

Van Hintum (1994) discute la eficacia de algunos caracteres fenotípicos (sobre todo los caracteres cuantitativos) como medidas para valorar la diversidad genética y sugiere que las distancias basadas en caracteres cuantitativos son más indicativas de la adaptación a factores medioambientales. Esto se pudo comprobar en un estudio en el que encontraron que distancias genéticas cortas se asocian con distancias fenotípicas cortas, pero distancias genéticas grandes se asocian con un amplio rango de distancias fenotípicas, lo que significa que dos poblaciones distantes genéticamente no necesitan ser fenotípicamente diferentes (Burstin y Charcosset, 1997). En otras palabras, dos razas pueden mostrar las mismas características fenotípicas sin estar muy relacionadas genéticamente, lo que significa que las razas pueden llegar a un fenotipo similar por diferentes rutas genéticas.

La caracterización basada en marcadores genéticos se desarrolló a partir de la segunda mitad del siglo XX junto con el desarrollo de las técnicas de electroforesis en sus diversas formas. Este tipo de caracterización aprovecha los polimorfismos genéticos presentes en las poblaciones, definido como la ocurrencia simultánea dentro o entre poblaciones de múltiples formas fenotípicas de un carácter, atribuible a alelos de un *locus* individual o de homólogos de un cromosoma (Suzuki y col., 1981, cit. en Acquaah, 1992). La electroforesis sobre gel de almidón fue desarrollada por Smithies (1955) para el análisis de proteínas en sueros bovinos. A partir de esa época el desarrollo de las técnicas de análisis de laboratorio así como las del análisis estadístico de sus resultados ha contribuido al conocimiento de la variación presente en las poblaciones de animales domésticos. Los polimorfismos detectables mediante estas técnicas se pueden agrupar en:

- Variantes proteicas: sistemas de grupos sanguíneos; sistemas de histocompatibilidad; proteínas sanguíneas; isoenzimas;
- Variantes de los nucleótidos de ADN: microsatélites, AFLP, RFLP, RAPD, etc.

Los marcadores moleculares se han utilizado para calcular una serie de parámetros relacionados tanto con la diversidad dentro de poblaciones (heterocigosidad, número de alelos, estadístico Fis) como con la diversidad entre poblaciones (distancias genéticas, estadístico Fst).

La caracterización mediante estos marcadores permite conocer la estructura genética de las poblaciones analizadas, la diversidad presente y las interrelaciones entre subpoblaciones (Parker y col., 1998; Berg y Hamrick, 1997; Avise y col., 1994). Cada uno de ellos ofrece información sobre distintos niveles de expresión genética, desde diversas manifestaciones fenotípicas (Sistemas de grupos sanguíneos; Sistemas de histocompatibilidad; Proteínas sanguíneas; Isoenzimas) hasta las secuencias nucleotídicas que codifican la información genética.

Las frecuencias alélicas forman el parámetro básico para definir genéticamente una población y junto a las frecuencias genotípicas permiten determinar la estructura genética y evaluar el grado de ajuste a la Ley de Hardy- Weinberg, el nivel de fijación de ciertos alelos y los niveles de endocría entre otros (Berg y Hamrick, 1997).

Además existen numerosos parámetros genéticos poblacionales utilizados para caracterizar la variabilidad en una población y las divergencias entre poblaciones o grupos intrapoblacionales. Uno de los más usados para definir las divergencias entre poblaciones o grupos es la distancia genética, que puede ser estimada de diversas formas. La más extensamente utilizada en este tipo de estudios es la distancia genética de Nei (Nei, 1972). Otras distancias genéticas empleadas son las de Cavalli Sforza y Edward (1967); Prevosti

(1974); Gregorius (1974) y Hillis (1984) entre otras (Bramardi, 2000). El uso generalizado de la distancia de Nei la ha llevado a ser el parámetro de referencia necesario en estudios de diferenciación de poblaciones.

La conservación de razas minoritarias porcinas se considera prioritaria en la Unión Europea, y por esto se han financiado dos proyectos internacionales en los cuales se integraron investigadores de la Unidad de Veterinaria del Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba. El proyecto RESGEN 012 "European Gene Banking Project for Pig Genetic Resources" (1996-2000) y el BIO4.CT98-0188 "Characterization of Genetic Variation in the European Pig to Facilitate the Maintenance and Exploitation of Biodiversity (1998-2000), en el que intervinieron Francia, Italia, Alemania y España.

Adicionalmente, la FAO creó el grupo de trabajo MoDAD (Global Project for the Measurement of Domestic Animal Genetic Diversity) (Barker y col., 1993) cuyo objetivo fue establecer los principios comunes a utilizar en estudios de relaciones genéticas de las razas de las especies de animales domésticos más importantes, entre las que se encuentra el cerdo. Este grupo desarrolló recomendaciones para que la toma de decisiones acerca de hacia dónde deben dirigirse los esfuerzos de conservación, sea más objetiva.

Otro proyecto coordinado y financiado por la Unión Europea fue el Pig Gene Mapping Project (PiGMAP) (1991-1996), en el que participaron investigadores de 7 países europeos, por el cual se planificó un estudio piloto de diversidad genética que incluye 11 razas porcinas europeas estudiadas con 27 microsatélites siguiendo las recomendaciones de un grupo de trabajo de la FAO (Barker y col., 1998).

Los marcadores microsatélites han probado ser extremadamente útiles para el análisis de la estructura de las poblaciones y sus relaciones, y fueron ampliamente utilizados para la caracterización de varias especies y poblaciones incluyendo cerdos Europeos, (Laval y col., 2000; Martínez y col., 2000; SanCristobal, y col., 2006; Vicente ,2006; Vicente y col., 2008; Martínez, 2001; Martínez y col., 2003; Martínez y col., 2007; Vega Plá y col., 2004); cerdos Chinos, (Li y col., 2000 ; Fan y col., 2002; Zhang y col., 2003; Li y col., 2004; Kim y col., 2005); cerdos coreanos (Yang y col., 2003), así como cerdos latinoamericanos (Canul y col., 2004 y 2005; Pérez Pineda, 2005; Castro y col., 2007; Kelly y col., 2004)

Conservación de recursos genéticos porcinos

Después de pasar por épocas gloriosas de consideración y protección, al inicio de la década de los sesenta, una serie de factores coyunturales sumergieron al porcino Ibérico en una profunda crisis. Hubo una reducción drástica en el autoconsumo, lo que condujo a una disminución de las tradicionales matanzas familiares, como consecuencia de la demanda de

otros productos animales. El incremento en la preocupación por la salud humana debido a numerosas campañas médicas a nivel nacional e internacional, en ocasiones poco fundamentadas, se basaron en la reducción de la grasa en los productos cárnicos, cambiando con ello los parámetros de calidad. Alrededor de 1964 los sistemas de manejo tradicionales comenzaron a ser reemplazados por un nuevo sistema intensivo basado en la cría de razas foráneas selectas importadas de Europa Central y de las Islas Británicas (Rodero y col., 1994). Por los ochenta, la mayoría de las razas españolas mencionadas previamente estaban extinguidas o cerca de la extinción.

La aparición en 1960 en la localidad de Villanueva del Fresno (Badajoz) de una piara de cerdos Ibéricos infectada con el virus de la Peste Porcina Africana (PPA), procedente de Portugal y con origen inicial en las antiguas colonias portuguesas de Angola y Mozambique, resultó en una drástica caída en el censo de animales.

Ciertas ramas comenzaron a extinguirse, concentrándose la mayor producción en solamente 4 variedades (Retinto Extremeño, Entrepelado, Torbiscal y Negro Ibérico) resultando, en las proximidades de la extinción de las demás variedades o en la desaparición como es el caso del Dorado Gaditano.

Según un estudio de la Universidad de Córdoba, hacia mediados del siglo XX, el cerdo Ibérico no tenía ninguna consideración especial aunque siempre fue apreciado. El inicio de la producción intensiva del cerdo blanco y el hecho que la demanda de carne se decantase por carnes tiernas y menos grasas, dio lugar a la “crisis del cerdo ibérico”. Ante esto el sector reaccionó con una reorientación de la demanda otorgando una alta calificación a los productos derivados del sector ibérico. Según Dobao y col., (1985) la permanencia de la explotación del cerdo Ibérico en régimen extensivo tradicional, después de las grandes transformaciones habidas en la producción porcina en general, y el ciclo tan largo que requiere su acabado para obtener los chacinados, sólo puede explicarse por la altísima calidad de estos productos y que son fruto de la estrecha relación que existe entre el cerdo Ibérico y la dehesa mediterránea, su ambiente natural.

Numerosos proyectos de conservación y estudios de caracterización morfogénica, productiva y reproductiva de las variedades existentes del tronco Ibérico se emprendieron a raíz de esta situación. En 1996 se estableció un convenio de colaboración entre la Asociación Española de Criadores de Ganado Porcino Selecto Ibérico Puro y Tronco Ibérico (AECERIBER), el Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación y la Unidad de Veterinaria del Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba de España, para la realización de un estudio experimental de las posibles variedades del cerdo Ibérico, el cual se organizó en tres fases complementarias. La primera fue la caracterización morfológica de las

distintas variedades utilizando esta información para describir y definir las mismas. La segunda, fue la caracterización de las peculiaridades productivas y análisis comparativos entre las variedades. La tercera, la caracterización genética mediante marcadores moleculares por el aporte de información muy precisa y objetiva que se obtiene de la tipificación de marcadores moleculares (microsatélites).

La raza Chato Murciano, única raza local superviviente de los cerdos tradicionalmente producidos en la región de Murcia (España), fue rescatada de la extinción a partir de un censo total de no más de 40 animales reproductores, gracias a un programa de conservación tanto *in situ* como *ex situ* (Poto y col., 1998a, Poto y col., 1998b, Martínez y col., 1998a, Martínez y col., 1998b, Peinado y col., 1998a, Peinado y col., 1998b, Peinado y col., 1998c, Barba y col., 1998).

Asimismo el estado del tipo Céltico fue crítico, perdurando solamente el Celta Gallego, en proceso de recuperación (Sánchez y col., 2000).

También la raza Vasca ha desaparecido en España, pero algunos ejemplares se introducen desde Francia y la Raza Euskal Txerria, se encuentra en un proyecto para la recuperación y conservación para lo que fue creada una granja en Aldudes con capacidad para 30 hembras y 30 machos, de cuya progenie obtenida, una hembra y por lo menos un macho de cada familia son guardados en la granja *in vivo* o *in vitro* como gametas congeladas. La granja provee a los granjeros los machos cuando estos necesitan ser cambiados (Gómez Fernández, 2003).

Asimismo el previamente en peligro Cerdo Negro Mallorquí incrementa su número en respuesta a un programa de conservación desarrollado en las Islas Baleares (Jaume y col., 1999, 2000).

El Negro Canario que estuvo cerca de la extinción hacia fines de los ochenta, respondió muy bien a los programas de conservación durante los 90. Actualmente son suficientemente numerosos como para asegurar su conservación (Robert y col., 1998). Los activos programas para ello favorecen también a las razas Manchado de Jabugo (Barba y col., 1999) en su momento en peligro.

Asimismo, analizando la situación de la raza Cinta Senese, Gandini y col. (1996), concluyen que sobrevive en la provincia de Siena en Toscana con algunas decenas de animales gracias a que dicha población está siendo sometida a un estricto programa de conservación con el objeto de garantizar el mantenimiento de la variedad genética existente.

La raza Bísara es la segunda raza autóctona más representativa de Portugal y está constituida por animales pertenecientes al tronco Céltico (ANCSUB, 2001). Se piensa que la

sobrevivencia de esta población sólo fue posible gracias a una agricultura de subsistencia aún practicada en muchas zonas del norte de Portugal (Alves, 2003; Barreto, 2003).

Existen programas de conservación de porcinos locales fuera del área circunmediterránea, entre los que se destaca el programa de Conservación de los Recursos genéticos Vietnamitas, para prevenir la extinción de razas locales, llevado a cabo bajo la dirección del National Institute of Animal Husbandry (NIAH), y subprogramas especiales creados para la protección y conservación de ciertas razas de animales domésticos. Son conducidos en granjas con participación intensiva de los granjeros. Uno de esos programas se propone la conservación de la raza de cerdos "I" que intenta combinar la conservación de la raza con el mejoramiento de la situación económica del grupo objetivo es decir, los agricultores de escasos recursos manteniendo esta raza porcina (NIAH, 2009).

En América se han dado a conocer este tipo de programas en poblaciones porcinas en Cuba, donde, según Velázquez y col, (2004), desde 1994 se trabaja en la conservación y mejora del cerdo Criollo Cubano, existiendo ya resultados en lo que hace al desarrollo integral del cerdo en la montaña, la investigación histórica en factores raciales, ecológicos y humanos influyentes en la perdurabilidad de esta población, así como la caracterización morfológica y faneróptica, (Barba y col, 1998), la caracterización genética con marcadores moleculares (Perez Pineda, 2005) y la determinación de sus relaciones filogenéticas (Pérez Pineda y col, 2006) con otras razas para su conservación y mejora.

Con el cerdo Criollo Pelón de Yucatán se lleva a cabo un programa de conservación genética a partir del año 2000, según estrategias basadas en estudios poblacionales, caracterización de la población, caracterización morfológica, productiva y genética; conservación genética *in situ*, integración de redes, constitución de asociación de criadores, industrialización de los productos (Díaz y col, 2006) y conservación genética *ex situ*, del cual ya se han publicado algunos resultados (Sierra Vasquez, 2000, 2003, 2004).

Según las conclusiones de Interlaken (2007) el uso de biotecnologías reproductivas debe ser cuidadosamente analizado en términos de sus efectos en la diversidad genética y en los resultados socioeconómicos. Dicho documento da a conocer que el 48% de los países no tiene programas *in vivo* y el 63% no los tiene *in vitro*. Se carece muchas veces de información básica como tamaño y estructura de las poblaciones, y se coincide que hay que incrementar las capacidades para una correcta conservación. La inseminación artificial y la transferencia de embriones son las tecnologías de mayor impacto y en los países en desarrollo han sido el medio para diseminar material genético exótico. Si bien su uso indiscriminado afecta los recursos genéticos locales, estas tecnologías han permitido reducir el riesgo de enfermedades y cumplir las mayores demandas del mercado.

Para la conservación y la mejora genética, se requiere desarrollar propuestas basadas en la comunidad donde la conservación *in vitro* tiene el potencial de ser un complemento importante de métodos *in vivo* y se requiere desarrollar técnicas confiables para todas las especies ganaderas.

El uso de razas localmente adaptadas para proporcionar servicios ambientales, el apoyo a nichos de mercado de producción, y otorgamiento de ayudas para conservar razas en peligro de extinción, son elementos potenciales de programas de conservación *in vivo*.

Dado el alto número de razas en extinción se requieren análisis económicos sobre el valor de los recursos genéticos y poner especial atención en aquellos que previamente no tienen valor comercial, ya que éstos responden a adaptaciones y funciones que no impactan en el ingreso, pero son importantes por el valor potencial de los animales. Los sistemas tradicionales de evaluación de la productividad son inadecuados para algunos sistemas productivos como los de subsistencia, formas locales de vida o el diseño de conservación de bajo costo.

Según FAO entre los principales objetivos de gestión de los recursos genéticos deben considerarse el desarrollo rural, el alivio del hambre y la pobreza, satisfacer el incremento de la demanda de productos de origen animal y responder a los cambios y necesidades de los consumidores; garantizar la seguridad alimentaria y minimizar la amenaza provocada por enfermedades de los animales, mantener la biodiversidad y la integridad ambiental.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

- AACP, Asociación Argentina Cabañeros de Porcinos, (2007). "Razas Porcinas" Primer Curso On Line de Produccion Porcina. www.produccion-animal.com.ar, 27, de septiembre de 2008
- AGÜERO, L.M. GARCÍA G., SANTANA I; MOLINA L. y PALACIOS M. (2008). Nota sobre la presencia de pata de mula y mamellas en cerdos Criollo cubano del centro genetico "San Pedro". Revista Computadorizada de Producción Porcina Volumen 15 (número 1) : 57-59
- ALDERSON, L. (1974). Genetic conservation and breed improvement. *The Ark* 1:98.
- ALDERSON, L. (1990). The work of the rare breeds Survival Trust. En : L. Alderson (ed) "Genetic Conservation of Domestic Livestock" CAB International. London. Cap. 3: 33-43.
- ALTAMIRANO, A.; GARCIA, M.; CUEVAS, L.; NAVARRETE, J.; FUENTES, G. (2007). Sistemas de producción de Cerdos Criollos en Oaxaca. Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Quevedo. Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:369-373.
- ALVES, C. M. G. (2003). O Porco Bísaro: Recuperação e valorização. *Suicultura*. 60: 52-63
- ALVES, E., ÓVILO, C., RODRÍGUEZ, M. C. E., SILIÓ, L. (2003). Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Animal Genetics*. 34: 319-324pp.
- AMURRIO, M.F. (1996) Caracterización del cerdo Criollo del valle de Tipajara en la Provincia de Mizque . Tesis de Ingeniero Agrónomo, Facultad de Ciencias Agrícolas, Pecuarias, Forestales y Veterinarias. Universidad Mayor de San Simón. Cochabamba, Bolivia.
- ANCSUB, (2001)- Associação Nacional de Criadores de Suínos de Raça Bísara.
- ANDERSON FERRÁES, N., RIVERA, T. (1999). La población del cerdo Criollo en Yucatán, México: Estado e impacto genético. Memorias del Seminario Internacional sobre agrodiversidad campesina. Toluca, México. 257-266.
- ANZOLA VÁSQUEZ, H. J.; SABOGAL OSPINA, R.; OWEN, A.; POVEDA HUERTAS, C.; MONCADA BUENO, A.; LEON JURADO, J. M. (2004). Cerdo Criollos Colombianos. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 201-207.
- APARICIO MACARRO, J. B. (1968). Memoria de cátedra. Mimeografía. Inédita.

- APARICIO MACARRO, J.B. (1988). El Cerdo Ibérico. Premio de Investigación Sánchez Romero Carvajal, Jabugo S.A. Huelva.
- APARICIO MACARRO, J.B. (1987). "El Cerdo Ibérico". Premio de investigación editado por Sánchez Romero Carvajal, Jabugo S.A. Huelva. 93 pp.
- APARICIO SANCHEZ, G. (1960). "Exterior de los grandes animales domésticos". Imprenta Moderna. Córdoba. España.
- APARICIO SANCHEZ, G. (1968). Zootecnia especial. Imprenta Moderna Córdoba, pp 5-27; 451-457.
- APARICIO SANCHEZ, G. (1968). Zootecnia especial. Imprenta Moderna Córdoba, pp 5-27; 451-457.
- BARBA CAPOTE, C. J., F. VELÁZQUEZ RODRÍGUEZ, F. PÉREZ FREEMAN y J. V. DELGADO BERMEJO (1998). Contribución al estudio racial del Cerdo Criollo Cubano. Arch. Zootec., 47, nº 177 : 51 – 59, Córdoba, España.
- BARBA CAPOTE, C.; VELÁSQUEZ RODRÍGUEZ, F.; PÉREZ FREEMAN, F. y DELGADO BERMEJO, J. V. (1998). Contribución al estudio racial del cerdo Criollo cubano. Archivos de Zootecnia. Vol 47 : 51-59.
- BARBA, C. (1999). Caracterización productiva de las variedades del cerdo Ibérico como base para su conservación. Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba. 215 pp.
- BARBA, C. (2004). Caracterización morfológica y productiva. En: II Curso Internacional sobre la conservación y utilización de las razas de animales domésticos locales en sistemas de explotación tradicionales. CYTED – FIRCI. Univ. Córdoba España. CD-Rom.
- BARBA, C., DELGADO, J. V., SERENO, R. B. S., DIÉGUEZ, E. y CAÑUELO, P. (2000a). Caracterización productiva de las variedades del cerdo Ibérico. I: estudio preliminar de los pesos y crecimientos en premontanera y montanera. Arch. Zootec., 49: 179 – 187. Córdoba, España.
- BARBA, C., DELGADO, J. V., SERENO, R. B. S., DIÉGUEZ, E. y CAÑUELO, P. (2000b) Caracterización productiva de las variedades del cerdo Ibérico. II: Estudio preliminar del peso al nacimiento y pesos a las primeras edades. Arch. Zootec., 49: 189 – 194. Córdoba, España.
- BARBA, C., DELGADO, J., VELÁSQUEZ, F. y DIÉGUEZ, F. (2000). Estudio morfológico comparativo entre el cerdo Criollo Cubano y cinco variedades del cerdo Ibérico. V Congreso Iberoamericano de Razas Autóctonas y Criollas. Memorias. p: 237.

- BARBA, C., M. E. CAMACHO, J. R. B. SERENO, E. DIEGUEZ y J. V. DELGADO (2002). Caracterización productiva de las variedades del cerdo Ibérico en el período predestete. Arch. Zootec. Vol 51. Num 193 – 194 : 229 – 233.
- BARBA, C.; DELGADO, J. V.; VELÁSQUEZ, F. y DIEGUEZ, E. (2004). Estudio morfológico comparativo entre el cerdo Criollo cubano y cinco variedades del cerdo ibérico. Biodiversidad porcina iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Primera Edición. : 95-119. Editado y Publicado por CYTED – Universidad de Córdoba. Córdoba, España.
- BARBA, C.; J. V. DELGADO, E. DIÉGUEZ y P. CAÑUELO (2001). “Caracterización productiva de las variedades del cerdo Ibérico basada en el comportamiento en matadero”. Archivos de Zootecnia, Vol. 50, núm 189 – 190, pp: 125-132.
- BARKER, J.S.F. (2001). Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. Can. J. For. Res. 31: 588-595.
- BARRETO, I. G. M. (2003). Caracterização e preservação dos suínos de raça Bísara. Tese de Licenciatura. Escola Superior Agrária. Instituto Politécnico de Santarém. 61 pp.
- BENÍTEZ, W. (1995). De la domesticación a los actuales sistemas, de producción. Docencia, Ciencia y Cultura . Vol. 2.
- BENÍTEZ, W. y SÁNCHEZ, M. (2001). Los cerdos locales en los sistemas tradicionales de producción. FAO, estudio de producción y sanidad animal N° 148. Roma 208p.
- BENITO, J., VAZQUEZ, C., MENAYA, C., FERRERA, J.L., GARCÍA, J. M., SILIO, L., RODRIGAÑEZ, J. y RODRIGUEZ, M. C. (1998). Evaluación de los parámetros productivos en distintas líneas de cerdo Ibérico. En: IV Simposio Internacional do Porco Mediterraneo. Evora. Portugal.
- BREM, G. (1998). Tierzucht und Haustiergenetik im Kontext neuer wissenschaftlicher und gesell schaftlicher Herausforderungen. Arch Tierz, Dumm. 41 (6): 519 – 532.
- BURSTIN, J. y A.CHARCOSSET (1997). Relationship between phenotypic and marker distances: theoretical and experimental investigations. Heredity, Vol 79: 477-483.
- BUXADE CARBO, C. (1984). Ganado Porcino. Sistemas de explotación y técnicas de producción. Ediciones Mundi-Prensa. Madrid. España.
- CABELLO ROBLES, A. (2005). Contribución a la diferenciación morfológica de las variedades del cerdo ibérico como base para su conservación. Memoria para optar al grado de Doctor en Veterinaria. Universidad de Córdoba. España.
- CABEZAS, M. A. (1976). Estudio comparativo de la raza nativa de cerdo Zungo con razas mejoradas. Tesis M.Sc. Bogotá: UN.-ICA. 30-125 p.

- CAMACHO VALLEJO, M. E. (2004). Conservación: Estrategias y Programas. V Curso Internacional de Especialización en la Conservación y Utilización de las Razas de Animales Domésticos Locales en Sistemas de Explotación Tradicionales- CYTED-Subprograma XII: Diversidad biológica Red XII.H:Red Iberoamericana sobre la conservación de la biodiversidad de los animales domésticos locales para el desarrollo rural sostenible. Córdoba, España Octubre 2004.
- CANOPE, I. y RAYNAUD, Y. (1981). "Etude comparative des performances de reproduction, d'engraissement et de carcasse des porcs Creole et Large White en Guadalupe". J. Rech. Porc. France 13: 307-316.
- CANUL SOLIS, M.; SIERRA, A.; MARTINEZ, A.; ORTIZ, J.; DELGADO, J.; VEGA, J.; PEREZ, F. (2004). Variabilidad genética del cerdo pelón mexicano en un centro de conservación y rescate en el estado de Yucatán. " V Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos, Puno, Perú.:28-30.
- CANUL, S.M., V.A. SIERRA, M.A. MARTÍNEZ, O.J. ORTIZ, J.V. DELGADO, J.L. VEGA-PLA y G.F. PÉREZ. (2005). Caracterización genética del cerdo pelón mexicano mediante marcadores moleculares. Arch. Zootec. 54: 267-272.
- CAPELLARI, A., DELGADO, J., REVIDATTI, M.A., RÉBAK, G.I.; PRIETO, P.N., AGUIRRE, F., DOMÍNGUEZ IRIGOYEN, F.H., GARCÍA, D. (2004). Descripción morfoestructural y faneróptica de cerdos encontrados en algunas provincias del NEA Argentino. Rev. Arg. De Producción Animal Vol 24 – supl 1 – ISSN 0326-0550. Balcarce Argentina.
- CAPOTE, J. F. (2006). Troncos originarios de las principales especies domésticas- CD ROM 5º Curso Internacional de especialización sobre la conservación y utilización de recursos zoogenéticos locales. Septiembre, 2006.
- CARAVACA RODRIGUEZ, F.P.; CASTEL GENIS, J.M.; GUZMAN GUERRERO, J.L.; DELGADO PERTÍÑEZ, M.; MENA GUERRERO, Y.; ALCALDE ALDEA, M.J. y GONZALES REDONDO, P. (2003). Bases para la Producción Animal. Servicios de publicaciones de la Universidad de Cordoba y la Universidad de Sevilla. Sevilla, España.
- CARDELLINO, R. A. (2003). Animal genetic resources conservation and development: the role of FAO Archivos de zootecnia, ISSN 0004-0592, Vol. 52, Nº 198, 2003 , pags. 185-192.
- CARRAPISO, A. I. (2002). Caracterización del jamón ibérico mediante el estudio del aroma. Tesis Doctoral. Universidad de Extremadura.
- CARRAPISO, A. I., JURADO, A., TIMÓN, M. L., GARCÍA, C. (2002a). Odor-active compounds of Iberian ham with different aroma characteristics. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 50, 6453-6458.

- CARRAPISO, A. I., VENTANAS, J., GARCÍA, C. (2002b). Characterization of the most odor-active compounds of Iberian ham headspace. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 50, 1996-2000.
- CARRAZZONI, J. A. (1974). *Ganadería Subtropical Argentina*. Editorial Hemisferio Sur. Primera edición, pp: 5-8.
- CARRAZZONI, J. A. (1993). *Historias de Ganaderos y de Veterinarios*. Primera Edición. Altuna Editor. Buenos Aires. Argentina.
- CARRIL, J. (2001). Presentación de la raza porcina celta, *Archivos Zootecnia*. 50: 291-299.
- CARRIL, J.; IGLESIAS, A. (2007). Evaluación del Lomo, Paleta y Jamón a partir del peso de la canal e el Cerdo Celta. *Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos*. Quevedo. Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:448-451.
- CASTRO, G. (2007). Situación de los Recursos Genéticos Porcinos Locales en Uruguay. *Arch. Zootec*. 56 (Sup. 1): 783-788. 2007.
- CASTRO, G. y FERNÁNDEZ, G. (2004). Recursos genéticos porcinos de Uruguay. *Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable*. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 87-109.
- CASTRO, G.; Mc MANNUS, C; LLAMBI, S.; REZENDE, S; FERNANDEZ, G.; PENA, B.; GAGLIARDI, R. (2007). Caracterización Genética Preliminar del Cerdo Mamellado Uruguayo. *Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos*. Quevedo. Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:193-197.
- CASTRO, S. T. R., M. S. M. ALBUQUERQUE y J. L. GERMANO. (2002). Censo poblacional de cerdos autóctonos del Brazil. *Arch. Zootec – Vol 51 – Num 193 – 194 –pp: 235 – 239*
- CAVALLI-SFORZA, L. L. y A. W. F. EDWARD (1967). Phylogenetic analysis models and estimation procedures. *Amer. J. Hum. Genet.* 9: 233-257.
- COELHO, J. (2003). Porco alentejano: qualidade e características. *Suicultura*. 60: 30- 37.
- CROSBY, A. (1.988). *Imperialismo Biológico*. Editorial Crítica. Barcelona. España.
- CUENCA, C. L. (1950). *Zootecnia I. Biblioteca de Biología Aplicada*. Madrid.
- CUEVAS, L.S.; FUENTES MASCORRO, G. (2006). Caracterización Morfoestructural del Cerdo Braquicefálico de le Mixteca Oaxaqueña. *Memorias VII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos*. Bolivia, ISBN 84-95609-49-5:101-104.
- CYTED (Ciencia y Tecnología para el Desarrollo).(2000). *Red Iberoamericana sobre la conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible*. I Reunión de Coordinación, Mérida, México (1999). *Arch. Zootec*. 49, 187: 305-430.

- DE ALBA, J. (1987). Criollo cattle of Latin America. En: Hodges, J (ed.) Proc. 2nd Meet. FAO-UNEP. Warsaw. Poland. pp: 19-44.
- DELGADO BERMEJO, J. V.; VEGA PLÁ, J. L.; BARBA CAPOTE, C.; MARTÍNEZ MARTÍNEZ, A.y ZAMORANO SERRANO, M. J. (1998) “Caracterización morfológica y genética de las variedades del Tronco Ibérico”. A.E.C.E.R.I.B.E.R. Sólo Cerdo Ibérico. Octubre 1998, pp: 27-43.
- DELGADO, J. V. (1998). La investigación sobre las razas autóctonas porcina españolas en el seno de la SERGA. El Arca, 2: 12-15.
- DELGADO, J. V. (2000). La conservación de la biodiversidad de los animales domésticos locales para el desarrollo rural sostenible. Arch. Zootec – Vol 49 – Num 187 – pp: 317 – 326.
- DELGADO, J. V., BARBA, C., DIÉGUEZ, E. y CAÑUELO, P. (2000). Caracterización exteriorista de las variedades del cerdo Ibérico basada en caracteres cualitativos. Arch. Zootec., 49: 201 – 207. Córdoba, España.
- DELGADO, J. V., BARBA, C., DIÉGUEZ, E., CAÑUELO, P., HERRERA, M. y RODERO, A. (1998). Caracterización morfológica de las variedades del tronco Ibérico basada en caracteres cuantitativos. En: IV Simposio Internacional do Porco Mediterraneo. Evora. Portugal.
- DELGADO, J. V., C. BARBA, J. R. B. SERENO, A. POTO, A. M. MARTÍNEZ, J. R. VEGA PLA, L. SÁNCHEZ, M. R. FRESNO, A. CABELLO y M. GÓMEZ (2001). Pig genetic resources of Spain. Pig genetic resources in Europe. Characterisation and conservation. EAAP publication No. 104. Editorial Wageningen Pers, Wageningen The Netherlands, pp: 41-47.
- DELGADO, J. V.; BARBA, C.; DIEGUEZ, E; CAÑUELO, P.; HERRERA, M. y D. RODERO, A. (1998 a) “Caracterización exteriorista de las variedades del cerdo Ibérico basada en caracteres cualitativos”. En: II Congreso Nacional de la Sociedad Española para los Recursos Genéticos Animales (SERGA). Mallorca.
- DELGADO, J.V. (2007). Un estudio sociogenético de la colonización zootecnica Iberoamericana. Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Quevedo.Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:1-21.
- DELGADO, J.V.; C. BARBA; A. POTO, L. SÁNCHEZ, R. CALERO y M. R. FRESNO (2000). Conservation programme of the Spanish pig genetic resources. Options Méditerranéennes, Ciheam, ICAM-UE. Vol. 41, pp 53-56.
- DÍAZ MONTILLA, R. (1965). Ganado Porcino. Tercera Edición. Editorial Salvat. Barcelona, España. : 99-121.

- DIAZ, I.; SIERRA, A. ORTIZ, V; ORTIZ, J.; HERNANDEZ, J.; SOL, J.; PEREZ, F.; DELGADO, J. (2006). Estudio de la canal del cerdo pelón mexicano con una dieta no convencional. Memorias VII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Bolivia, ISBN 84-95609-49-5:322-324.
- DIEGUEZ, E. (1992 a). Cría del cerdo Ibérico. Revista MG. Mundo ganadero. N ° 3 (9): 25-32.
- DIEGUEZ, E. (1992b). Historia, evolución y situación actual del cerdo Ibérico. En: El cerdo Ibérico, la naturaleza y la dehesa. Sec. Gen. Tec. MAPA. Madrid., pp 9-36.
- DIEGUEZ, E. (1993). El cerdo Ibérico: Origen, evolución y situación actual. Agricultura, nº 726 pp 70-73.
- DIEGUEZ, F. J.; LY, J.; MAZA, I.; SAVIGNI, F. y TOSCAR, M. (1994). Morfometría de los órganos vitales en cerdos Criollos y CC21. Livestock Res. Rural Develop. 6:18.
- DIETL, G.; LANGHAMMER, M. (1997). Conservation of rare breeds of animals – objectives and possibilities. Arch. Tierz. Dumm. 40, Sonderheft: 135-141.
- DOBAO, M. T., RODRIGÁÑEZ, J., SILIÓ, L. y TORO, M. A. (1985). Cerdo Ibérico. Entorno a su conservación. Agricultura, 54: 442 – 446.
- EGITO, A.A.; ALBUQUERQUE, M. do S.M.; SERENO, J.R.B.; CASTRO, S.T.R.; MARIANTE, A.daS. (2004). Situación actual de la explotación de cerdos naturalizados en Brasil. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. : 43-47.
- EPSTEIN, H. y BICHARTH, M. (1984). Pig in: Evolution of Domesticated animals. (I. L.Maspon ed.), Longman 145 – 162.
- ESPINOSA, C. (1997). El cerdo Criollo como potencial para el pequeño productor. Análisis Comparativo de la sostenibilidad de tres sistemas de producción de cerdos Latinoamericano de Especies Menores, CLEM, Tuluá-Colombia.
- ESPINOSA, E. (1997). Análisis comparativo de la sostenibilidad de tres sistemas de producción de cerdos. Centro latinoamericano de especies menores CLEM. Tulma, Colombia.-
- ESTRELLA, E. (1997). El pan de América. Etnohistoria de los alimentos aborígenes en el Ecuador. 3a. Edición. FUNDACYT, Quito, Ecuador.
- ESTUPIÑAN, K.; VASCO, D.; BARRETO, S.; SAMBRANO, K. (2007 a). Estudio Morfoestructural de una población de cerdos naturalizados en el cantón Valencia provincia de Los Ríos, Ecuador. Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Quevedo. Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:134-142.
- ESTUPIÑAN, K.; VASCO, D.; BARRETO, S.; SAMBRANO, K. (2007 b). Estudio Morfoestructural de una población de cerdos naturalizados en el cantón La Maná provincia de

- Cotopaxi, Ecuador. Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Quevedo. Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:166-174.
- F.A.O. (2001). FAOSTAT Agriculture Data.
<http://apps.fao.org/page/collections?subset=agriculture>.
- FAN, B.; Z.G. WANNG, Y. J.; LI, X. L.; ZHAO, B.; LIU, S. H.; ZHAO, M.; YU, M. H.; LI, S. L.; CHEN, T. A.; XIONG K. (2002). Genetic variation análisis withing and among Chinese indigenous swine populations using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 33: 422-427.
- FAO (1998). Primer y segundo documentos de las líneas directrices para la elaboración de planes nacionales de gestión de los recursos genéticos de animales de granja. Roma, Italia.
- FAO (2007). COMISIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN y LA AGRICULTURA La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación, y la agricultura. Roma, 2007. ISBN 978-92-5-305763-4
- FAO (2009). http://www.fao.org/ag/againfo/themes/es/meat/backgr_sources.html
- FLORES, M. J. M. (1992). Enciclopedia Técnica del Ganado Porcino. Edit. LIMUSA. Cuarta reimpresión. México, D. F.
- FORERO, J. (1999). Estudio comparativo de cinco estirpes de cerdo Ibérico. Excm. Diputación Provincial de Huelva. Huelva.
- FRANKLIN, I.R. (1997). The utilization of genetic variation. *Proc. Assoc. Advm. Anim. Breed Genet.* 12: 641-647.
- GALDÁMEZ, D., PÉREZ, R., CORZO, J., PÉREZGROVAS, R. (2006). Caracterización racial y del sistema de cría de cerdos autóctonos en comunidades Tzeltales de Chiapas. 7º Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de recursos zoogenéticos. 76-79.
- GANDINI, G.; CHIROLDI, S.; MARIANI, C. y BAGNATO. (1996). Analisi della variabilità genetica nella razza Cinta senese. *Produzione Animale*. Vol. IX. Serie III. pp 15-18.
- GARCÍA, D. y J. CAÑÓN (2007). Diversidad de las especies de animales domésticos: Importancia y conservación de la variabilidad genética. *FEAGAS* 31: 61-66.
- GIUFFRÀ E., KIJAS, J. M. H., AMARGER V., CARLBORG, O., JEON, J. T. y ANDERSSON L. (2000). The Origin of the Domestic Pig: Independent Domestication and Subsequent Introgression. *Genetics* 154: 1785–1791.
- GÓMEZ FERNÁNDEZ, M. (2003). The Conservation Programme For Basque Pig Breeds. *Arch. Zootec.* 52: 231-235.

- GÓMEZ URVIOLA, N. C. (2004). Situación actual y descripción del Porcino Criollo Peruano. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 191-199.
- GURA, S. (2007). Livestock Genetics Companies. Concentration and proprietary strategies of an emerging power in the global food economy. League for Pastoral Peoples and Endogenous Livestock Development, Ober-Ramstadt, Germany
- HARTL, D.L.; CLARK, A.G. (1989). Principles of Population Genetics, 2nd Ed. Sinauer. Assoc. Sunderland, Massachusetts. 682 p.
- HENRÍQUEZ, O.; OLIVARES, M. y OLIVA, P. (2004). Cerdos Criollos en El Salvador. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 175-186.
- HERRERA, M. (2002). Criterios etnozootécnicos para la definición de poblaciones animales. Actas V. Cong. SERGA, III Cong. Ibérico sobre Rec. Gen. Anim. Córdoba (Esp.) pp: 41 – 48.
- HODGES, J. (2002). Conservation of farm animal biodiversity: history and prospects. Animal genetic resources information Nro. 32: 1-12.
- HURTADO, E.; GONZÁLEZ C. y VECCHIONACCE, H. (2005). Estudio morfológico del cerdo Criollo del estado Apure, Venezuela. Zootecnia Trop. 23(1):17-26.
- HURTADO E., GONZÁLEZ C. y LY J. (2004). Estudio Morfológico del Cerdo Criollo del Estado Apure, Venezuela. Revista Computadorizada de Producción Porcina. Volumen 11 (número 3) : 39 -47
- HURTADO, E. (2004). Evaluación Preliminar del Cerdo Criollo y los Sistemas de Producción en los Estados Apure y Guárico de Venezuela. Tesis Doctoral en Ciencias Agrícolas. Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela. 118 p.
- HURTADO, E.; GONZÁLEZ ARAUJO, C.. (2002). Aspectos generales y situación actual del cerdo Criollo en Venezuela. Publicado/Actualizado: 18 de noviembre de 2002 [Http://www.PortalVeterinaria.com](http://www.PortalVeterinaria.com)
- INCHAUSTI, D.; TAGLE, E. C. (1980). "Bovinotecnia" Sexta Edición. Editorial El Ateneo.
- JAUME, J. y ALFONSO, L. (2000). The Majorcan Black Pig. En: Animal Genetic Resources Information, nº 27. FAO/UNEP. Italia.
- JAUME, J., J. CIFRE y G. PUISGSERVER (1999). Parámetros reproductivos del cerdo negro mallorquín. En: III Congreso de la SERGA y I Ibérico de conservación de RGA. Lugo, España.

- KELLY, L.A., CROP, A., VADELL, A., NICOLINI, P., MONTEVERDE, S., AMILLS, M., SANCHEZ, A. (2004) El cerdo pampa rocha como recurso zoogenéticos en Uruguay. Marcadores moleculares. *Veterinaria (Montevideo)*, 39 (155-156): 15-16.
- KIM, T. H.; KIM, K. S.; CHOI, B. H.; YOON, D. H.; JANG, G. W.; LEE, K. T.; CHUNG, H. Y.; LEE, H. Y.; PARK H. S.; y LEE, J. W. (2005). Genetic structure of pig breeds from Korea and China using microsatellite *loci* analysis. *J. Anim. Sci.* 83:2255–2263
- KÖHLER-ROLLEFSON, I. (1997). Indigenous practices of animal genetic resource management and their relevante for conservation of domestic animal diversity in developing countries. *J. of Anim. Breed and Genet.* 114 (3): 231-238.
- KÖHLER-ROLLEFSON, I. (2000). Management of animal genetic diversity at community level. Ed. I. Köhler-Rollefson. GTZ, GmbH. 24 p.
- KRONACHER, C. (1937). Elementos de Zootecnia. Gustavo Gili. Barcelona.
- LAGUNA, E. (1991). El ganado Español, un descubrimiento para América. MAPA.
- LAGUNA, E. (1998 a). El cerdo Ibérico en la colonización y poblamiento porcino de América. Sólo Cerdo Ibérico. AECERIBER. Nº 1. pp 7-13. Zafra. Badajoz.
- LAGUNA, E. (1998b). El cerdo Ibérico. Editorial Mundiprensa. pp 317
- LARSON, G., DOBNEY, K., ALBARELLA, U., FANG, M., MATISOO-SMITH, E., ROBINS, L., LOWDEN, S., FINLAYSON, H., BRAND, T., WILLERSLEV, E., ROWLEY-CONWY, P., ANDERSON, L. y COOPER, A. (2005). Worldwide phylogeography of wild boars reveals multiple centers of pig domestication. *Science*. Vol 307: 1618-1621 pp.
- LAUVERGNE, J.J. (1982). Genética en poblaciones animales después de la domesticación, consecuencias para la conservación de las razas. *World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod. Madrid*, 6: 77-87.
- LAVAL, G.; SANCRISTOBAL, M.; CHEVALET C. (2002). Measuring genetic distances between breeds: use of some distances in various short term evolution models. *Genetics Selection Evolution* 34, 481–07.
- LAVAL, G.; IANNUCELLI, N.; LEGAULT, C.; MILAN, D.; GROENEN, M.; GIUFFRA, E.; ANDERSSON, L.; NISSEN, P.; JORGENSEN, C.; BEECKMANN, P.; GELDERMANN, H.; FOULLEY, J. L.; CHEVALET, C. y OLLIVIER, L. (2000). Genetic diversity of eleven European pig breeds. *Genetic Selection Evolution*. 32, 187-203.
- LEMUS, F C.; HERNÁNDEZ, S. J.A.; HERNÁNDEZ, S. M. y GONZÁLEZ M. CA. (1999). Existencia y diferencias morfológicas del Cerdo Pelón Mexicano en el estado de Nayarit. III Reunión Científica y Tecnológica de Nayarit. Tepic, Nayarit, México. P. 51-53.
- LEMUS, C., ALONSO, M.R., ALONSO, M. Y RAMÍREZ, R. (2003). Morphological characteristics in Mexican native pigs. *Archivos de Zootecnia*, 52:105-108.

- LEMUS, C., Y ALONSO, M. (2005). El cerdo Pelón Mexicano y otros Cerdos Criollos (primera edición). Universidad Autónoma de Nayarit. Tepic, pp 251
- LI, K.; CHEN, Y.; MORAN, C.; FAN, B.; ZHAO, S.; y PENG, Z. (2000). Analysis of diversity and genetic relationship between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian commercial pig breed. *Animal Genetics*. 31, 322–25.
- LI, S.J.; YANG, S.H.; ZHAO, S.H.; FAN, B.; YU, M.H.; WANG, S., M.; LI, H.; LIU B.; T.; XIONG, A. y LI, K. (2004). Genetic diversity analyses of 10 indigenous Chinese pig populations based on 20 microsatellites. *J. Anim. Sci.* 2004. 82:368–374
- LIMA SILVA, O. (2006). Caracterização da Criação de Suínos Locais no Curimataú Paraibano. Tese Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba, Universidade Federal Rural de Pernambuco Universidade Federal do Ceará. AREIA – PB, Brasil.
- LIMA, S. B. (1919) . Bovídeos e Suídeos, Direcção da Instrução
- LOBERA, J. B. (1998). El cerdo Chato Murciano: orígenes e historia. Serie Técnica y de Estudios 16. Edición Dirección General de Investigación y Transferencias Tecnológica. Murcia. 61 pp.
- LOFTUS, R. y SCHERF (1992) World watch list for domestic animal diversity. FAO. Rome.
- MACEDO, F.; CASTRO, G.; FERNÁNDEZ, G., (2008). Estudio preliminar de Componentes principales en características morfométricas y peso vivo de una muestra de cerdos mamellados del Uruguay”. IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos Zoogenéticos: 225 -259. Mar del Plata - Argentina
- MAIJALA, K. (1974). Conservation of animal breeds in general. Proc. 1st World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (Madrid, Spain). 2: 37-46.
- MARIANTE, A., CASTRO, S.T.R., ALBUQUERQUE, M., PAIVA S.R. y GERMANO J.L. (2003). Biodiversidad Porcina En Brasil. *Arch. Zootec.* 52: 245-248.
- MAROTTA, E.; LAGRECA, L.; REVIDATTI, M. A. (1998). Compendio de Producción Porcina. Facultad de Ciencias Veterinarias. UNNE. Corrientes. Argentina.
- MARTINEZ A.M., DELGADO J.V., RODERO A. y VEGA-PLA J.L. (2000). Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Animal Genetics* 31, 295–01.
- MARTÍNEZ, A.M., J.V. DELGADO, J.L. VEGA-PLA, F. ESCRIBANO y A. CABELLO (2003). Negro de los Pedroches, the molecular definition of a new variety of the iberian pig breed. *Arch. Zootec.* 52: 219-223.
- MARTÍNEZ, A.M., QUIROZ J., MARQUES J.R. y DELGADO J.V. (2007). Estudio de la diversidad genética del cerdo Negro Canario con microsatélites de ADN. *Arch. Zootec.* 56 (Sup. 1): 425-428. 2007.

- MARTÍNEZ, J.; ALTAMIRANO, A.; MORALES, I.; FUENTES, MASCORRO, G. (2006). Caracterización Morfoestructural del cerdo del Istmo de Tehuantepec. VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba, Bolivia. ISBN 84-95609-49-5: 105-108
- MARTÍNEZ, M. A. (2001). Caracterización genética del cerdo Ibérico mediante marcadores moleculares. Tesis doctoral. Univ. de Córdoba, España. 174 pp.
- MARTÍNEZ, M., BARBA, C., PEINADO, B., LOBERA, J. B., DELGADO, J. V. y POTO, A. (1998a). Conservation programme in the Chato Murciano pig breed: ethno-zootechnical characterization and genetic status. 49th meeting EAAP. Varsovia.
- MARTÍNEZ, R.D. (2008). "Caracterización genética y morfológica del bovino Criollo argentino de origen patagónico". Tesis doctoral. Universidad de Valencia.
- MASON, I.L. (1988). A world dictionary of livestock breeds, types and varieties. CAB, Farnham Royal, England. 347 p.
- MATA, C.; PARDO, J.; BARBA, C.; RODERO, A.; DELGADO, J.V.; MOLINA, A.; DIEGUEZ E.; CAÑUELO, P. (1998). Estudio morfométrico en las variedades negras del cerdo ibérico. Archivos de Zootecnia. Vol 47 (178-179): .Córdoba.
- MÉNDEZ MEDINA R.D., BECERRÍL HERRERA M., RUBIO LOZANO M., DELGADO SUÁREZ, E. J. (2002). Características de la canal del cerdo Pelón Mexicano, procedente de Mizantla, Veracruz, México. Vet. Méx., 33 (1): 27 -37
- MEZZADRA, C. (2003). Informe Nacional sobre la Situación de los Recursos Zoogenéticos, Argentina. SAGPYA-FAO . 53 pag
- MORALES PADRÓN, F. (1990). Historia del Descubrimiento y conquista de América. Editorial Gredos. Madrid.
- MORNER, M. (1967). Race Mixture in the History of Latin America. Little, Brown & Comp. Inc. Boston.
- MUELLER, J.P. (1993). Los recursos genéticos caprinos locales y exóticos y su potencial. Conferencia invitada. En: Iñiguez. L. y Tejeda. E. (eds.) Memorias de un taller sobre Metodologías de la Investigación. Tarija, Bolivia, 16-21 de agosto. Rerumen, pp: 74-82.
- MULLER DEFRA DÁS, R. (1956). Bovinotecnia Argentina. Primera Edición. Editorial Agro.
- NAVARRETE, J.; MARTINEZ, J.; ALTAMIRANO, A.; MAZCOORO, G. (2006). Caracterización Morfoestructural del cerdo Pelón Mexicano en Rodríguez Clara Veracruz. VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba, Bolivia. ISBN 84-95609-49-5: 109-112
- NEI, M. (1972). Genetic distance between populations. American Naturalist. 106, 283-282.

- NEI, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA. 70, 3321-3323.
- NIAH, (2009). National Institute of Animal Husbandry, Conservation of autochthonous pig breeds. A model for conservation of autochthonous pig breeds on smallholder farms.
http://pigtrop.cirad.fr/sp/temas/genetico_y_biodiversidad/conservation_of_autochthonous_pig_breeds- <http://pigtrop.cirad.fr> - Copyright CIRAD 2009 5pp
- OROZCO, F. (1985). Algunas ideas sobre el concepto de raza en animales domésticos. Comunicaciones INIA. Serie de Producción Animal 10. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación.
- PAPOTTO, D. (2006). Producción Porcina en Argentina Pasado, Presente y Futuro. Memorias del V Congreso de Producción Porcina del Mercosur Córdoba. Argentina.
- PARDO, J.; MATA, C.; BARBA, C.; RODERO, A.; DELGADO, J. V.; MOLINA, A.; DIEGUEZ E. y CAÑUELO, P. (1998). "Estudio morfométrico en las variedades rojas del cerdo Ibérico y Manchado de Jabugo". Arch. Zootec. 47: 287 – 290.
- PAZ, A. (1995). Etnología del cerdo ibérico. Revista Porci. Ediciones Luzán. N ° 29, 11-17. Madrid.
- PEINADO, B., MARTÍNEZ, M., BARBA, C., LOBERA, J. B., DELGADO, J. V. y POTO, A. (1998a). Crio-conservation of spermatoc cells in the Spanish native breeds: Chato Murciano. 49th Meeting EAAP. Varsovia.
- PEINADO, B., POTO, A., GADEA, J. y RUÍZ, S. (1998b). Estudios preliminares en la crioconservación de espermatozoides porcinos de raza Chato Murciano. Archivos de Zootecnia. 47, 305-310.
- PÉREZ, F., SIERRA, A. ORTIZ, J.R., ROMUALDO, J.G., CANUL, M.A. y GUTIÉRREZ, I.G. (2005). Caracterización zoométrica del cerdo Pelón en Yucatán, México. In: II Taller Internacional de Cerdos Criollos de Origen Ibérico. La Habana (copia digital en ISBN 959-7164-90-6)
- PEREZ, F.; SIERRA, A.C.; ORTIZ, J.R.; ORTIZ, A.M.; ROMUALDO, J.G.; CANUL, M.A. (2005). Caracterización Morfométrica del cerdo pelón en Yucatán, México. VI Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos, Chiapas, Mexico: 85-88.
- PEREZ, F.; SIERRA, A.C.; ORTIZ, J.R.; ROMUALDO, J.G.; CANUL, M.A.; GUTIERREZ, I.G. (2004). Caracterización Morfométrica de cerdas pelón en Yucatán, México. V Simposio

- Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos, Puno, Perú: 109-111
- PÉREZ-PINEDA, E. (2005). Caracterización genética del cerdo Criollo Cubano utilizando marcadores moleculares. Tesis en opción al grado de Doctor en Ciencias Veterinarias. Universidad de Granma Cuba. Universidad de Córdoba España.
- PÉREZ-PINEDA, E.; MARTINEZ,A.; DELGADO, J.; VELÁSQUEZ, F.; VEGA, J.; BARBA, C. (2006). Tipificación y relaciones Filogenéticas del cerdo Criollo cubano. Una contribución a su conservación. VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba, Bolivia, diciembre de 2006. : 237 -240
- PINHEIRO MACHADO, L.C. (1980). Los Cerdos. Tercera Edición. Editorial Hemiferio Sur. Argentina:87-119.
- PIRCHNER, F. (1979). Populations genetik in der Tierzucht. P. Parey Verlag, Hamburg. 2. Auf. 337 p.
- PORTER, B.; TEBBIT, J. (1993). Pigs. A Handbook to the Breeds of the World. Hartnolls Limited, Bodmin, Cornwall. Inglaterra.
- POTO, A., LÓPEZ, G., MEDINA, P., GONZÁLEZ, J., LOBERA, J. B., MARTÍNEZ, M. y PEINADO, B. (2000). La mejor forma de recuperar la raza porcina Chato Murciano es mejorando la calidad de la carne de otras razas. Arch. Zootec., 49: 195 – 2000.
- POTO, A; M. MARTÍNEZ, C. BARBA; B. PEINADO, J. B. LOBERA y J. V. DELGADO. (2000). “Ethnozootechnical characterization and analysis of the genetic situation of the Chato Murciano pig breed”. Options Méditerranéennes, Ciheam, ICAM-UE. Vol. 41, pp 67-70.
- PÓVOAS JANEIRO, J. (1944). A suinicultura em Portugal. Boletín Pecuário Nº 2, Sociedade Astoria, Lda., 25-33 pp.
- PUIGSERVER, G. y LLITERES, B. (2000). Proceso de recuperación de una agrupación racial de bovinos de Mallorca. Arch. Zootec 49: 71- 76. Num. 185 – 186)
- REVIDATTI M. A., CAPELLARI A., MARTÍNEZ, R. (2004f). Recursos genéticos porcinos en Argentina. En : Biodiversidad porcina iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Primera Edición. Páginas: 95-119. Editado y Publicado por CYTED – Universidad de Córdoba. Córdoba, España
- REVIDATTI, M. A.; DELGADO BERMEJO, J.V.; CAPELLARI, A. Y PRIETO P.N. (2005 a). Estudio morfoestructural preliminar de una población porcina en la Provincia de Corrientes. Argentina. 2005 Archivos de Zootecnia 54:227-232. 2005. ISSN: 0004-0592

- REVIDATTI, M.A., CAPELLARI, A., DELGADO BERMEJO, J.V., y PRIETO, P.N. (2005c). Descripción morfoestructural de recursos zoogenéticos porcinos de cuatro provincias del nordeste argentino. Memorias VI Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos. Chiapas. México. 2005. ISBN: 970-9825-00-3. : 112-114.
- REVIDATTI, M.A., CAPELLARI, A., PRIETO, P.N., DELGADO BERMEJO, J.V., RÉBAK, G.I. (2004 a) Población de cerdos Criollos de la Región Nordeste Argentina, estudio morfoestructural y faneróptico preliminar. Comunicaciones Científicas y Tecnológicas. Secretaría General UNNE. Corrientes, 18-22- Octubre de 2004. <http://www.unne.edu.ar/Web/cyt/com2004/index.htm>
- REVIDATTI, M.A., CAPELLARI, A., PRIETO, P.N., DELGADO BERMEJO, J.V. Y RÉBAK, G.I. (2004e) Índices zoométricos en el cerdo Criollo de la Región Nordeste Argentina. V Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos, Puno, Perú. :112-115.
- REVIDATTI, M.A., CAPELLARI, A., RÉBAK, G.I. Y PRIETO, P.N., DELGADO BERMEJO, J.V. (2004b). Estudio morfoestructural y faneróptico de cerdos Criollos del Noroeste de la provincia del Chaco. XV Reunión de Comunicaciones Científicas y Técnicas. Facultad de Ciencias Agrarias. UNNE. Corrientes, Argentina. Agosto de 2004. www.unne.edu.ar .
- REVIDATTI, M.A., CAPELLARI, A., RÉBAK, G.I. Y PRIETO, P.N., DELGADO BERMEJO, J.V. (2004c). Estudio porcino morfoestructural y faneróptico del norte argentino (comunicación previa). XXV Sesión de Comunicaciones Científicas 2004. Fac. Cs. Vet. UNNE. Corrientes. [ww.vet.unne.edu.ar](http://www.vet.unne.edu.ar)
- REVIDATTI, M.A., CAPELLARI, A., RÉBAK, G.I. Y PRIETO, P.N., DELGADO BERMEJO, J.V. (2004d) Caracterización exterior de cerdos Criollos del Nordeste del Chaco, Argentina. 2ª Reunión de la Sociedad Portuguesa de Recursos Genéticos Animales y IV Congreso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animales, Portugal, Ponte de Lima. Septiembre de 2004. 4 páginas.
- REVIDATTI, M.A.; CAPELLARI, A.; PRIETO, P.N., y J.V.DELGADO. (2005 b). Recurso genético porcino autóctono en el nordeste de la República Argentina. Archivos de Zootecnia. Vol 54 nº 205, pp.: 97-100, 2005. ISSN: 0004-0592.
- REVIDATTI, M.A.; CAPELLARI, A.; RÉBAK, GLADIS I; PRIETO, P.N. (2003). Estudio morfoestructural preliminar de una población porcina en la Provincia de Corrientes. Argentina. Comunicación: Programas en ejecución. VI Congreso

- iberoamericano de razas criollas y autóctonas. IV Simposio iberoamericano sobre utilización y recursos zoogenéticos. Recife, Brasil, diciembre del 2003.
- REVIDATTI, M. A., CAPELLARI, A., PRIETO, P.N. DELGADO BERMEJO, J.V. (2005d). "Caracterización productiva del cerdo Criollo del NEA basada en su performance en la faena". Reunión de Comunicaciones Científicas y Tecnológicas. Octubre 2005. Corrientes, Argentina. <http://www.unne.edu.ar/Web/cyt/com2005/index.htm>
- REVIDATTI, MARIA A., DELGADO BERMEJO, J.V., PRIETO, PAULA N. y CAPELLARI, ADRIANA. (2006). Análisis morfométrico y de variables productivas *postmortem* del cerdo Criollo del Norte Argentino. VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba, Bolivia, diciembre de 2006.
- RICO, C. y ROQUE, R. (2000). Resultados obtenidos en las pruebas de comportamiento del cerdo Criollo en Cuba. Memorias V Cong. Iberoam. Razas Autóctonas y Criollas, Nov-Dic/2000, La Habana. Cuba.
- RICO, C., SANTANA, I., GARCÍA, G. y LY, J. (2000). El cerdo Criollo Cubano. En: V Congreso Iberoamericano de Razas Autóctonas y Criollas. La Habana, p 244-246.
- RICO, C.; MORA, M. y ROQUE, R. (1999). Indicadores reproductivos de cerdas del rebaño genético Criollo en Cuba: Primeros resultados. Rev. Fac. Cs. Vets. UCV 40: 195.
- RIEGER, R.; MICHAELIS, R.; GREEN, M. M. (1991). Glosary of Genetics. 5th Ed. Springer Verlag, Berlin. 553 p.
- RODERO, A., DELGADO, J.V. y RODERO, E. (1992). "Primitive Andalusian Livestock and their implications in the discovery of America. Archivos de Zootecnia. Vol 41 (extra): 383-400.
- RODERO, E. y HERRERA, M. (2000). El concepto de raza, un enfoque epistemológico. 2do Cong. Nac. Soc. Rec. Genet. Anim. – SERGA – Mallorca 1998. Arch Zootec. 49 N° 185 – 186: 5 – 16.
- RODERO, S. E., B. J. DELGADO, F. A. RODERO y V. M. CAMACHO. (1994). Historia de la Conservación de Razas. En "Conservación de Razas Autóctonas Andaluzas en peligro de Extinción". Junta de Andalucía. 19.
- RODINEY, M.; PAES, R. y PEREIRA, M. (2004) . Origen y utilización potencial de Porco Monteiro en el Pantanal. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. : 49-60.
- RODRÍGUEZ, D. (1995). Proyecto para el desarrollo del Área Suinos de Facultad de Veterinaria de Montevideo. Uruguay.
- ROTHSCHILD, M. F. y RUVINSKY, A. (1998). The genetics of the pig. Cabi Publishing. Cabi International. 622 pp.

- SABOGAL, R. (2002). El cerdo Criollo colombiano. Disponible en: Sánchez, G. L. (1995) Ecosistemas y Poblaciones Ganaderas. FEAGAS, 6, 9 – 16. Colombia.
- SABOGAL, R. y OWEN, A. (1982). Cerdo Zungo (ZZ). En: Los Animales Domésticos Criollos y Colombianos en la Producción Pecuaria Nacional. Compilador Héctor Anzola Vásquez. ICA. Pags. 96-96. Bogotá, Colombia.
- SÁNCHEZ, L., GONZÁLEZ-CARRIL, J. A. OTERO, M. (1998). Caracterización etnológica del cerdo Celta. II congreso SERGA. Palma de Mallorca.
- SANCHEZ, L., GONZALEZ-CARRIL, J.A. y OTERO, M. (2000). Caracterización etnológica del cerdo Celta. Arch. Zoot. 49 (185-186): 175 – 177.
- SANCRISTOBAL M., CHEVALET C., HALEY C. S., JOOSTEN R., RATTINK A. P., HARLIZIUS B., GROENEN M. A. M., AMIGUES Y., BOSCHER M.Y., RUSSELL G., LAW A., DAVOLI R., RUSSO V., DE´SAUTE´S C., ALDERSON L. , FIMLAND E., BAGGA M., DELGADO J. V., VEGA-PLA J. L., MARTINEZ A. M., RAMOS M., GLODEK P., MEYER J. N., GANDINI G. C., MATASSINO D., PLASTOW G. S., SIGGENS K. W., LAVAL G., ARCHIBALD A. L. , MILAN D., HAMMOND K., CARDELLINO R. (2006). Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. Animal Genetics, 37, 189–198.
- SANSON A. (1880). Trattato di Zootecnia, Dumolard Ed., Milano,
- SANZ, R.; DIÉGUEZ, E. y CABELLO, A. (2004). Caracterización morfológica, productiva y reproductiva de las variedades del Cerdo Ibérico. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 209-217.
- SCHERF, B. D. (2000). World Watch List for domestic animal diversity 3ra. Edition. FAO/UNEP Roma 732 páginas.
- SCHERF, B. D. (1997). World Watch List for Domestic Animal Diversity. FAO. Roma
- SENASA (2008). Servicio Nacional de Sanidad Agroalimentaria –Disponible en <http://www.senasa.gov.ar/estadistica.php> (ultimo acceso Marzo 2009).
- SEQUEIROS, M. (2004). Los Cerdos Criollos de Bolivia. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. : 135-151.
- SERENO, J. R. B., J. V. DELGADO, F. T. P. S. SERENO, A. CABELLO y C. J. BARBA. (2002). Caracterización de las variedades minoritarias del Cerdo Ibérico por la aptitud sexual del macho. Proyecto inicial. Arch. Zootec – Vol 51 – Num 193 – 194 –pp: 241 – 243

- SIERRA, I. (2001). El concepto de raza evolución y realidad. Archivos de Zootecnia Volumen 50, Num. 192: 547-564.
- SIERRA VÁSQUEZ, A. C. (2000). Conservación genética del Cerdo Pelón en Yucatán y su integración a un sistema de producción sostenible: primera aproximación. Arch. Zootec – Vol 49 – Num 187 – pp: 415 – 421.
- SIERRA VÁSQUEZ, A.; CEN AGUILAR, F.; RODRÍGUEZ CANUL, R. DELGADO BERMEJO, J. V.; MARTÍNEZ MARTÍNEZ, A.; CANUL SOLÍS, M. (2004). El Cerdo Pelón Mexicano: Programa de conservación genética de una raza en peligro. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. : 61-69.
- SILVA FILHA, O. L. (2006). Caracterização da Criação de Suínos Locais no Curimataú Paraibano. Tesis Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia Universidade Federal da Paraíba, Universidade Federal Rural de Pernambuco Universidade Federal do Ceará. Doutor em Zootecnia. Área de Concentração: Produção Animal.
- SIMIANER, H. (2005). Decision making in livestock conservation. Ecological economics 53: 559-572.
- SIMON, D. (1984). Conservation of animal genetic resources – A review. Lives. Prod. Sci. 11: 23-36.
- SIMON, D. (1984). Conservation of animal genetic resources – A review. Lives. Prod. Sci. 11: 23-36.
- SPONENBERG D P y TORRES, R. (2004). ¿Qué es una raza, porque es importante? Taller terminología de la conservación. V Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos, Puno, Perú. :240-243.
- SPONENBERG, D.P. (1992). Colonial spanish sheep, goats, hogs, and asses in the United States. Arch. Zootec. 41 (extra): 415-419
- SUÁREZ, M. V., C. BARBA, J. FORERO, J. R. B. SERENO, E. DIÉGUEZ y J. V. DELGADO (2002). Caracterización reproductiva de varias razas porcinas de origen ibérico. I. Análisis descriptivo. Arch. Zootec – Vol 51 – Num 193 – 194 –pp: 245 –248.
- SUÁREZ, M. V., C. BARBA, J. FORERO, J. R. B. SERENO, E. DIÉGUEZ y J. V. DELGADO. (2002a). Análisis multivariante entre poblaciones porcinas de origen ibérico basado en parámetros reproductivos. Arch. Zootec – Vol 51 – Num 193 – 194 –pp: 249 – 252
- VADELL, A. (2008). Una reseña corta sobre la Raza Criolla de cerdos Pampa Rocha y su utilización en Uruguay. Revista Computadorizada de Producción Porcina Volumen 15 (número 2) :105-112.
- VADELL, A.; BARLOCCO, N.; METHOL, R.; VASELLI, M. y CASTILLOS, A. (1994). Diagnóstico de la producción porcina en el departamento de Rocha. PROBIDES/UDELAR. Uruguay.

- VAN HINTUM, T. J. L. (1994). Drowning in the genepool: Managing genetic diversity in genebank collections. Swedish University of Agricultural Sciences. Svalöv.
- VEGA-PLA J. L., MARTÍNEZ A. M., PEINADO B., POTO A., y DELGADO J. V. (2004). Empleo de técnicas moleculares en el apoyo a la conservación del cerdo Chato Murciano. Arch. Latinoam. Prod. Anim. 2004. Vol. 12 (Supl. 1): 45-48.
- VELÁSQUEZ RODRÍGUEZ, F. J., H. BARRERA PÉREZ, E. CHACÓN MARCHECO, E. PINEDA PÉREZ y C. J. BARBA CAPOTE (2002). El cerdo Criollo cubano en la jurisdicción de bayamo. Arch. Zootec – Vol 51 – Num 193 – 194 –pp: 253 – 258.
- VELÁSQUEZ, F.; C. BARBA, E.; PÉREZ-PINEDA y J. V. DELGADO. (1998). El cerdo negro Criollo cubano: origen, evolución y situación actual. Archivos de Zootecnia. Vol. 47, nº 178-179: 561-564.
- VELÁZQUEZ, F.J. (2008). El cerdo Criollo cubano en el desarrollo rural sostenible. Revista Computadorizada de Producción Porcina. Volumen 15 (número 1) : 29 – 32.
- VELÁZQUEZ, F. J.; PÉREZ PINEDA, R.; BARBA, C.; DELGADO V., J. V.; CHACÓN, E.; BARRERA, H.; DIÉGUEZ, F. J. Y SANTANA, I. (2004). El Cerdo Criollo Cubano en la Región Oriental. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 161-173.
- VICENTE A. A., CAROLINO M. I., SOUSA, M. C. O., GINJA C., SILVA F. S., MARTINEZ A. M., VEGA-PLA J. L., CAROLINO N., GAMA L. T. (2008). Genetic diversity in native and commercial breeds of pigs in Portugal assessed by microsatellites. J. Anim. Sci. 2008. 86:2496–2507.
- VICENTE, A. (2006). Caracterização do porco Malhado de Alcobaça. Tese de Mestrado em Produção Animal da Universidade Técnica de Lisboa.
- WHITTEMORE, C. (1996). Ciencia y práctica de la producción porcina. : 136. Editorial Acribia, S. A.
- YANG, S.L., WANG, Z.G., LIU, B., ZHANG, G.X., ZHAO, S.H., YU, M., FAN, B., LI, M.H., XIONG, T.A., LI, K. (2003). Genetic variation and relationships of eighteen Chinese indigenous pig breeds. Genet. Sel. Evol. 35 657671
- ZHANG, G.X., WANG, Z.G., SUN, F.Z., CHEN, W.S., YANG, G.Y., GUO, S.J, LI, Y.J., ZHAO, X.L., ZHANG, Y., SUN, J., FAN, B., YANG, S.L., LI, K. (2003). Genetic diversity of microsatellite *loci* in fifty-six Chinese native pig reeds. Yi Chuan Xue Bao. Mar; 30(3):225-33.

CAPÍTULO I: ESTUDIO MORFOESTRUCTURAL Y FANERÓPTICO

RESUMEN

Desde sus inicios la zootecnia ha asentado sobre los fenómenos de la caracterización morfológica y productiva como base fundamental para el conocimiento de las producciones animales, y desde el punto de vista de la conservación de los recursos genéticos animales es imprescindible obtener dicha información para el conocimiento de las características de la población con vistas a su definición, descripción y diferenciación frente a las demás, y en especial para resaltar aquellos valores genuinos que le confieran a dicha población características peculiares, así como para la separación de subpoblaciones perfectamente diferenciadas que se agrupan dentro de un mismo ente racial. El objetivo de éste capítulo ha sido caracterizar morfológicamente al Cerdo Criollo existente en dos zonas ecológicamente diferentes de la Región Nordeste Argentina (NEA). Se realizó la caracterización de 127 cerdos provenientes de 38 pequeñas explotaciones familiares del NEA, mediante el estudio de 17 variables cuantitativas, 8 índices zoométricos y 10 variables cualitativas. Para las variables morfológicas cuantitativas y para los índices zoométricos, se calcularon los estadísticos descriptivos de todas las variables para la población total, luego se realizó el análisis de la varianza utilizando tres fuentes de variación diferentes: sexo, zona y provincia de procedencia de los animales, en 3 análisis independientes mediante ANOVA a una vía. Se compararon las medias ajustadas (Least Square means - medias de mínimos cuadrados) utilizando el test LSD. Seguidamente se llevó a cabo el análisis discriminante canónico por pasos (stepwise), y el cálculo de las distancias de Mahalanobis a efectos de encontrar una regla que permitiera clasificar los animales según la zona o provincia a la que pertenecían. Para las variables cualitativas se establecieron tablas de frecuencia y se analizaron por el test de independencia de Chi-Cuadrado. Para todas las inferencias se estipuló $\alpha = 5\%$. De acuerdo con los resultados se concluye que las variables cuantitativas morfométricas evaluadas poseen elevados niveles de variabilidad fenotípica en la población mientras que los índices zoométricos son más homogéneos a excepción del de compacticidad y de carga de la caña. No existe dimorfismo sexual acentuado entre las tres categorías consideradas. Presentan un tamaño corporal de pequeño a mediano, y de acuerdo con los índices zoométricos se clasifican como mesocéfalos, brevilineos y con tendencia a la producción de carne magra antes que a la grasa. Presentan perfiles frontonales concavilíneos o rectilíneos, orejas asiáticas o ibéricas, y diversas capas (aunque las predominantes son las overas y manchadas), pezuñas pigmentadas o veteadas,

mucosas pigmentadas, con abundante pelo, un número de mamas de entre 10 y 12 y algunos individuos son mamellados. Existe diversidad interna en la población de cerdos Criollos del NEA demarcada por las Zonas agroecológicas (“ecotipos”), como así también se revelan con una diferenciación manifiesta los cerdos provenientes de la Provincia de Misiones. Los de la Zona Húmeda son de menores dimensiones que los de la Zona Seca, aunque las dos poblaciones son mesocéfalas, brevilineos y de aptitud cárnica hacia el magro. El peso vivo, la longitud de la cabeza, el ancho de tórax, el ancho de la grupa el perímetro de la caña, el ancho del jamón, el índice torácico, el índice de carga de caña, el índice facial, el índice pelviano, el índice de compactidad, el índice de profundidad relativa del pecho, el índice metacarpo-torácico y el índice cefálico, pueden ser utilizados para diferenciar las poblaciones de la Zona Húmeda y de la Zona Seca ya que son las variables de mayor poder discriminante. El tipo de perfil, la pigmentación de las pezuñas, la presencia de pelos, la presencia o ausencia de mameas y el número de mamas que presentan los individuos pueden ser asociados a la zona de la cual provienen, aunque no existe homogeneidad para ninguna de dichas características. Los cerdos de la Provincia de Misiones se diferencian tanto en caracteres morfométricos como en índices. Las distancias de Mahalanobis y variables canónicas discriminantes son significativas entre las cuatro provincias.

Palabras claves: Cerdos Criollos, conservación, morfología, Nordeste argentino.

ABSTRACT

From the beginnings, the zootechny has based on the results of the morphologic and productive characterization as a fundamental base for the knowledge of animal production, and from the point of view of the conservation of animals' genetic resources, is important to obtain that information in order to achieve knowledge in the population's characteristics to be defined, described and differentiated from the others, and specially to outline those which genuine values that confer the mentioned population peculiar characteristics, as well as to separate the perfectly different subpopulations which are grouped in a same breeds entities. The objective of this work was the morphological characterization of the Creole pigs from two ecological different areas in Argentinean North East Region (NEA). The characterization of a random sample formed by 127 adults animals coming from 38 small familiar farms from NEA was carried out by studying 17 morphometric variables 8 zoometric indexes and 10 qualitative traits. Descriptive statistics were calculated for the whole morphometric variables and indexes for all population. After that a one way ANOVA was done, using three variation sources: sex, province and zone. By using LSD test, Least Square means were compared. Following, a Stepwise Canonic Discriminant analyses were done and Mahalanobis' distance was calculated trying to get a way of classifying the animals by belonging zone or province. Frequency tables were constructed for qualitative traits and a χ^2 test was done. $\alpha = 5\%$ was stipulated for all inferences. The main conclusion according with the obtained results are that the quantitative morphometric variables evaluated have high levels of phenotypic variability in the whole population while the zoometrics indexes are more homogeneous. There is no remarkable sexual dimorphism among the three considered categories. Creole pig population has a small to medium body size, and is classified as mesocephalics, brevilineal and tending to the production of lean meat rather than fat. Cephalic profiles are concave or rectilinear, asian or iberian ears and different coats (speckled, and spotted are predominant), mottled and colored hooves, with mucous pigmentation, with abundant hair, and a number of teats between 10 and 12. Some individuals have wattles There is internal diversity in the Creole pig population of NEA delineated by the agro-ecological zones ("ecotypes"), as well as an obvious differentiation between pigs from Misiones province was revealed. The Wet Zone' pigs are smaller than those of the Dry Zone, although both populations are mesocephalics, brevilineal and tending to lean meat production. Live Body weight, head length, thoracic width, rump width, the shank perimeter, hm width, thoracic index, load shank index, facial index, pelvic index, compactness index, relative thoracic depth index, metacarpo-thoracic and cephalic index can be used to discriminate populations from Wet and Dry Zone since they are the

most discriminating power variables. Cephalic profile, hooves pigmentation, the presence of hairs, the presence or absence of wattle and the number of nipples can be associated to the area from which the pigs come from, but there is no uniformity for these characteristics. Misiones province' pigs differs both morphometric characters and indexes. The Mahalanobis distance and Discriminat canonical variables are significant among the four provinces.

Key words: Creole pigs, conservation, morphology, Argentinean North East.

INTRODUCCIÓN

Desde sus inicios, la zootecnia ha asentado sobre los fenómenos de la caracterización morfológica y productiva como base fundamental para la identificación de razas y poblaciones distintas, y para el conocimiento de las producciones animales. Desde el punto de vista de la conservación de los recursos genéticos animales, es imprescindible obtener dicha información para el conocimiento de las características de la población con vistas a su definición, descripción y diferenciación frente a las demás, y en especial para resaltar aquellos valores genuinos que le confieran a dicha población características peculiares. Esto es particularmente importante cuando el objetivo es la separación de subpoblaciones que se agrupan dentro de un mismo ente racial como el caso de variedades, estirpes o adaptaciones ecológicas, como es el caso al estudiar diferentes razas englobadas bajo el amplio concepto de “Criollo” en Iberoamérica (Barba, 2004).

La conformación corporal en los animales de interés zootécnico se considera habitualmente como un carácter subjetivo (Dalton, 1980), pero la zoometría permite estudiar las formas de los animales mediante mediciones corporales adquiriendo así gran importancia porque cuantifica dicha conformación, estableciendo medidas concretas y su variación normal para una determinada raza o población (Torrent, 1982). Según Herrera, (2002), las variables morfoestructurales de naturaleza cuantitativa son usadas fundamentalmente para establecer el grado de homogeneidad existente en un grupo racial.

Los tratados de etnología clásicos (Aparicio, 1960; Sotillo y Serrano, 1985) consideran como principales variables zoométricas las alzadas a la cruz, a la grupa, al nacimiento de la cola; los diámetros longitudinal, dorsoesternal, bicostal; longitud y anchura de la cabeza y de la cara; anchura y longitud de la grupa; perímetro torácico; perímetro de las cañas anterior y posterior, y el peso vivo.

En el cerdo, dichas mediciones no son siempre fáciles de realizar, y para Díaz Montilla (1965) al momento de seleccionar algunas, las principales serían la alzada a la cruz y grupa, la altura del tórax, la longitud del tronco, el peso vivo, el perímetro torácico y el de la caña. La determinación del peso vivo en el cerdo puede no ser de fácil ejecución a través de básculas debido al temperamento de los animales.

La alzada a la cruz es un carácter racial difícilmente influenciado por las condiciones del medio (Díaz Montilla, 1965) y constituye por eso una de las bases étnicas de clasificación adoptada por autores franceses, para quienes se trataría del carácter morfológico más estable de los animales en relación con las restantes medidas corporales y por ello se basan en esta medida la mayoría de los índices corporales.

La alzada a la cruz se compone de dos medidas bien delimitadas. Una es la distancia de la cruz al esternón, y la otra la distancia desde el esternón al suelo, o sea la longitud de la parte libre de las extremidades o despeje. Las dimensiones de ambas partes varían según el desarrollo del tórax y de los miembros de lo cual resultan animales muy cerca del suelo en un caso y muy altos de extremidades en el otro (o despejados), cuando la desproporción entre ambas medidas rebasan ciertos límites.

En el cerdo la brevedad de los miembros es propia de animales con aptitud carne-grasa, por el contrario la longitud de las extremidades es más frecuente en aquellos cuya aptitud es la obtención de carne magra, y en aquellos animales rústicos o poco mejorados.

El estudio morfológico del tórax comprende el estudio de la altura, el ancho, longitud y perímetro. La altura es la distancia comprendida entre la cruz y el esternón. Según Marco y Lahaye (citado por Díaz Montilla, 1965) la altura del tórax en el cerdo debe ser el 60 o 65 % de la alzada a la cruz, variable según el tipo de animal ya que los cerdos brevilineos de tipo graso poseerán mayor altura de tórax que los longilineos, más aptos para la producción de carne magra.

La morfología del tórax está íntimamente ligada a la capacidad de engorde, siendo la duración de dicha etapa, a partir de un mismo peso inicial, tanto más corta cuanto más bajo y ancho es el tórax de los cerdos. Marco y Lahaye señalan cierta correlación entre las dimensiones del tórax (longitud, anchura y profundidad) y la precocidad del animal e indican que el tipo de cerdo graso posee un pecho más redondeado que el tipo magro.

El alto de tórax o diámetro dorso-esternal y ancho de tórax o diámetro bicostal son determinantes, junto con la longitud de los planos costales, de la amplitud de la cavidad torácica y necesarios en la resolución del índice torácico con el que se pueden averiguar las proporciones corporales.

Además de la alzada, el largo del cuerpo o diámetro longitudinal, es una de las medidas necesarias para el conocimiento de las razas y en general más variable que aquella, aunque es una medida sobre las que influyen poco las condiciones de vida de los animales.

Según Arciniegas (citado por Díaz Montilla, 1965) el perímetro torácico, aunque es la medida más influida por la alimentación, se corresponde exactamente con el tamaño y forma del tronco, y alcanza sus máximos valores en períodos tempranos del desarrollo del animal. Sirve de base para la determinación de las proporciones corporales junto con el diámetro longitudinal y en algunos casos para la apreciación del peso del animal.

El perímetro de la caña es una de las medidas más importantes para el estudio morfológico de los cerdos pues expresa en cifras el valor del desarrollo esquelético con mayor exactitud que ninguna otra medida.

Asimismo las medidas del jamón en el cerdo sirven para valorar la ampulosidad de esta región que se presentaría como un indicador productivo, más que como una variable morfométrica (Cabello, 2005).

Para Díaz Montilla (1965), el tamaño cefálico varía según la raza en la especie porcina, en general es grande y larga en relación con el tamaño del cuerpo en las razas poco mejoradas y más corta y reducida sobre todo en la cara en las razas seleccionadas por el hombre, las diferencias más señaladas se encuentran en las proporciones relativas del cráneo con la cara, pues en algunas razas el desarrollo facial es muy notable mientras que en otras predomina el desarrollo del cráneo.

Para valorar las posibles diferencias se recurre al establecimiento de relaciones morfológicas o índices, mediante los cuales la intensidad de determinados caracteres queda referida a la presentada por otro, relativamente a una base 100, a la que se comparan las demás mediciones efectuadas. Estas son variables sintéticas, resultantes de funciones entre dos o más variables zoométricas, diferenciándose los índices zoométricos referidos a la diagnosis racial y otros de tipo funcional que informan de la orientación productiva de los individuos.

Los primeros son: el índice cefálico, el de proporcionalidad y el pelviano, mientras que el índice de compacidad, el corporal, el de carga de la caña y el de profundidad relativa del pecho son índices funcionales (Aparicio Macarro, 1960).

El índice cefálico clasifica a la especie porcina en tres tipos étnicos: los troncos asiático y céltico, que son braquicéfalos, y el tronco ibérico, que se calificaría como dolicocéfalo, según Sanson (Díaz Montilla, 1965).

Con el índice corporal (que relaciona el diámetro longitudinal con el perímetro torácico) y el torácico (que relaciona el diámetro bicostal con el diámetro dorsoesternal) se expresa el mismo concepto, el de las proporciones o relación entre las dimensiones de anchura y longitud en un individuo.

Los valores numéricos para ambos índices fluctúan entre cifras menores que 83 y mayores que 90 (de 83 a 90 mesolíneos) y en zootecnia indican conformaciones brevilíneas o longilíneas, respectivamente (Aparicio Macarro, 1960)

Según Díaz Montilla, (1965), de acuerdo al índice corporal resultan brevilíneos los cerdos con índice menor a 86, mesolíneos de 86 a 88 y longilíneos los que tienen más de 88. Esta proporcionalidad general en las clasificaciones raciales se completa con otros índices, que se pueden llamar regionales como el índice facial, el cefálico y el pelviano.

El índice de carga de la caña, pone en evidencia la armonía entre la masa total del cuerpo (peso vivo) del animal y la conformación de las extremidades (diámetro de la caña), es decir

que a mayor peso, mayor grado de robustez en el animal examinado, manifestado concretamente por la fortaleza de sus extremidades, mientras el índice de compacticidad expresado por el cociente entre la alzada a la cruz y el peso, es un índice funcional de interés en la producción de carne (Sotillo y Ramos, 1985).

Los índices del tronco, tienen por objeto substituir los términos genéricos cuantitativos empleados en la valoración de los animales (ancho, estrecho, largo, corto) y comparar entre las dimensiones más importantes del cuerpo para definir con mayor precisión los tipos morfológicos y sus características funcionales.

La preponderancia del tronco sobre el resto del cuerpo y sus formas redondeadas es muy importante en los animales de aptitud cárnica y se expresa mediante otros índices en los cuales se cuenta principalmente el perímetro torácico.

El índice torácico o de corpulencia expresa la relación entre la anchura y la altura del tórax proporcionando las características del tronco del animal y presenta en los tipos braquimorfos valores superiores a los que muestran los dolicomorfos.

El índice de profundidad relativa de pecho que relaciona el diámetro dorso esternal y la alzada a la cruz proporciona indicios de la aptitud cárnica del animal, hallándose por sobre 50 la inclinación a la producción de carne magra, (Aparicio Macarro, 1960), mientras un importante alejamiento de dicho valor indicaría la tendencia a la producción grasa en los cerdos (Díaz Montilla, 1965).

Según Aparicio Sánchez (1960) los caracteres étnicos más importantes en la especie porcina se deducen del perfil cefálico, inserción, posición, forma y tamaño de las orejas, línea dorsal, longitud total del tronco y altura de las extremidades.

Entre las variables cualitativas, la capa de los porcinos (coloración de la piel, pelos o cerdas y demás producciones epidérmicas) presenta pocas variaciones en su tonalidad por lo que desde antiguo se las considera como un carácter importante para la diferenciación de las razas. En los porcinos salvajes la piel está constantemente pigmentada y el color característico de la capa lo forman una mezcla de pelos amarillos y negros cuya proporción relativa determina la tonalidad de coloración de cada región del cuerpo. Estos animales presentan en las primeras edades de la vida unas rayas longitudinales más oscuras por todo el tronco, que le son característicos. En general la pérdida de pigmentación de las razas salvajes se juzga como una clara señal de domesticación, así también el cerdo salvaje presenta pezuñas más pigmentadas. En los porcinos domésticos se consideran como fundamentales tres capas: blanca, negra y roja.

Las variantes en el perfil de la cabeza que pueden distinguirse en el cerdo son: rectilíneos, subcóncavos, cóncavos y ultra cóncavos. El rectilíneo se observa en formas salvajes

europas, el perfil subcóncavo (ligera depresión de la línea frontonasal en la unión de la cara con el cráneo), se presenta en ciertas razas primitivas, en el perfil cóncavo la depresión frontonasal es neta con una ligera reducción de la longitud de la cabeza. El perfil ultracóncavo presenta acentuada depresión de la línea frontonasal, con ángulo casi recto del cráneo con la cara.

El tamaño y dirección de las orejas también constituyen características étnicas. Así, las orejas de tamaño pequeño y erguidas derivan del tronco asiático; las gruesas y caídas pertenecen al tronco céltico; las de tamaño medio y posición horizontal corresponden al tronco mediterráneo (ibéricas).

En ciertas razas se observa en la parte inferior del cuello la presencia de dos apéndices carnosos llamados mamellas y en las razas poco mejoradas se desarrollan en la parte superior del cuello cerdas muy fuertes que forman una especie de crinera, como la que presentan los animales salvajes.

Delgado y col., (1998); Castro y col., (2003) Macedo y col., (2008) afirman que la mamella es una característica morfológica de carácter ancestral, en forma de apéndices pendulosos en la base del cuello, asociada a estirpes del cerdo mediterráneo, siendo raras en animales provenientes del tronco celta (Díaz, 1965). Jaume y col., (2000) afirman que pocas razas a nivel mundial poseen mamellas, y que en España sólo tienen el Cerdo Negro de Mallorca y una variedad del Retinto Ibérico; en Italia existe la raza Casertana y en Portugal está referido que, en su origen, la estirpe Caldeira presentaba mamellas. Las razas mamelladas están adaptadas a las condiciones pobres de cría y alimentación propias del manejo extensivo tradicional y, en algunos casos, son la base de productos tradicionales de alta calidad, como la "Sobrasada" mallorquina. Aunque se han encontrado evidencias de que la presencia de mamellas se debe a un gen autosómico recesivo la herencia del carácter no es tan sencilla, sin conclusiones precisas (Castro y Fernández, 2004). También en cerdos locales de Cuba (Rico y col., 2000), Uruguay, (Castro, 2004), y en Estados Unidos (Sponenberg, 1992) ha sido descrita la presencia de mamellas.

Otra particularidad a consignar en esta descripción es la presencia de sindactilia, conocida como "casco de mula", que esencialmente consiste en la presencia de cinco falanges secundarias, en vez de cuatro (Sisson y Grossman 1979), como lo describieron Lemus y col., (2003) por técnicas de rayos X.

En ciertas razas centro europeas las dos uñas principales están soldadas por lo que la pezuña termina formando un sólo casco; ésta conformación es un carácter racial que se conoce como sindactilia, es transmisible por herencia, y se presenta dominante sobre la pezuña normal (Díaz Montilla, 1965, Rothschild y Ruvinsky, 1998). El primer informe de

sindactilia en cerdos se debe a Charles Darwin, y lo definió como fenómenos de mutación (Anzola, 2000).

En México se ha informado la existencia de este tipo de animal constituyendo uno de los tres genotipos de cerdos locales mexicanos (Lemus, 2008). Esta característica morfológica ha sido considerada favorable para los cerdos colombianos pues les ofrece ventajas para caminar en libertad en su entorno natural en los llanos pudiendo ser un reflejo de la adaptación evolutiva de cerdos locales a su hábitat, según se ha aseverado (Arias, 2000; Espinosa, 2006).

En Uruguay se reporta la presencia de cerdos “casco de mula” en departamentos fronterizos o cercanos al Brasil (Castro y Fernández, 2004) y en Estados Unidos, Spoonenberg, (1992) reporta los cerdos Mulefoot hog, como muy raros.

La aplicación de criterios fanerópticos, ha sido una de las formas más usadas en la caracterización racial, y al ser de tipo cualitativo no se traducen en valores numéricos, facilitan la clasificación de los grupos de animales de manera visual y su encuadramiento en determinado grupo racial, pero presentan una gran parte de subjetividad y variación de acuerdo al clasificador (Sanz y col., 2004). Las características cuantitativas brindan una descripción más objetiva de cada población en estudio basada en valores numéricos y no en clases como sucede con aquellas (Sanz y col., 2004).

MATERIALES Y METODOS

Material Animal

A los fines de caracterizarla, se analizó una muestra aleatoria de la población de cerdos Criollos del Nordeste de Argentina, formada por 127 ejemplares adultos de un total de 38 establecimientos de distintas localidades pertenecientes a las ecoregiones Húmeda (**Tabla 1**) y Seca (**Tabla 2**) que la comprenden (**Fotos satelitales 19 a 25**).

Tabla 1: Relación de granjas que intervinieron en el presente estudio en el NEA Subtropical Húmedo

Localidad/ Pj./Cnia.	Dpto.	Pcia.	Granjas	N
Concepción/Pj. Loma Alta	Concepción	Corrientes	3	7
Empedrado Pj. Ocanto Cué	Empedrado	Corrientes	3	6
Empedrado/ Lomas de Empedrado	Empedrado	Corrientes	3	8
Caá Catí	Gral. Paz.	Corrientes	3	8
Itá Ibaté	Gral. Paz	Corrientes	4	10
Basail/ Cnia. Tacuarí	S.Fernando	Chaco	1	4
Basail /Cnia. El Tapado	S.Fernando	Chaco	1	3
Basail/ Cnia. Estero Guazú	S. Fernando	Chaco	1	2
Comandante Fontana	S.Fernando	Chaco.	1	3
Posadas/Pj. Itaembé-miní	Capital	Misiones	3	10
Total			23	61

NEA: Región Nordeste Argentina. Pj.: Paraje. Cnia.: Colonia. Dpto.: Departamento. Pcia: Provincia : N : Número de Animales muestreados

Tabla 2: Relación de fincas que intervinieron en el presente estudio en el NEA Subtropical Seco.

Localidad/ Pj./Cnia	Dpto.	Pcia	Granjas	N
Espinillo/ Pj. El Salado	Gral. Güemes	Chaco	2	10
Espinillo/ Pj. El Palmar,	Gral. Güemes	Chaco	2	10
Comandancia Frías	Gral. Güemes	Chaco	2	10
Laguna Yema	Gral. Güemes	Formosa	1	6
Laguna Yema/ Pj. Laguna Yacaré	Gral. Bermejo	Formosa	2	8
Laguna Yema/ Pj. El Palmar	Gral. Bermejo	Formosa	2	7
Laguna Yema/Pj.El Quemado	Gral. Bermejo	Formosa	2	8
Laguna Yema/ Pj. Sumayén	Gral. Bermejo	Formosa	2	7
Total			15	66

NEA: Región Nordeste Argentina. Pj.: Paraje. Cnia.: Colonia. Dpto.:Departamento. Pcia: Provincia : N : Número de Animales muestreados

Áreas de muestreo y ambientes

1. En el Nordeste Argentino Húmedo se incluyeron en el muestreo (**Fotos 26**):
 1. Animales de diferentes establecimientos rurales ubicados en el paraje Loma Alta, (**Foto 35**) quinta sección del Departamento de Concepción ubicado en el centro de la Provincia de Corrientes, a 200 km de la Capital ($28^{\circ}24'37.09''S/57^{\circ}56'10.70''O$) Dicho departamento se halla comprendido en la ecoregión “Esteros del Iberá”, la fitogeografía comprende los bosques y sabanas del nordeste, lo que determina una vegetación exuberante. El bosque es un estrato continuo de árboles y en la sabana el bosque se alterna con superficies abiertas (denominadas “abras o pampas”) donde las gramíneas subtropicales y perennes constituyen el recurso forrajero, es decir, el estrato arbóreo es discontinuo y el herbáceo continuo. Los campos son llanos, con suelos arenosos y de mal drenaje, con formación de lagunas y esteros.
 2. Animales de los parajes Ocanto Cué y Lomas de Empedrado pertenecientes a la cuarta sección del Departamento Empedrado (nordeste de Corrientes, sobre el río Paraná, a 60 km de la Capital) ($27^{\circ}57'42.61''S/58^{\circ}47'7.81''O$). Este departamento se halla dentro de la ecoregión “Chaco Húmedo”, comprendiendo la región fitogeográfica denominada parque chaqueño-correntino. La vegetación se caracteriza por árboles alternados con pastizales regionales. El estrato arbóreo no forma densas asociaciones ni desplaza a la herbácea. Son llanuras cruzadas por ríos, con suelos arcillosos algunos poco permeables, esteros y salinas.
 3. Animales pertenecientes a las localidades de Caá Catí e Itá Ibaté, a 200 km de la capital de la provincia de Corrientes, en el NE de la Provincia, Departamento de General Paz (**Foto 4**); el cual se halla situado dentro de la ecoregión Esteros del Iberá en la región fitogeográfica de bosques y sabanas del nordeste ($27^{\circ}44'59.48''S/57^{\circ}37'12.40''O$).
 4. Animales provenientes de fincas de las Colonias Tacuarí, El Tapado y Estero Guazú, ubicados en la localidad de Basail, al sur de la provincia del Chaco (**Foto 5**), comprendidas en la Ecoregión Chaco Húmedo, en áreas de los denominados bajos submeridionales ($27^{\circ}51'29.53''S/59^{\circ}17'22.87''O$).
 5. Otro conjunto de cerdos fue hallado en la localidad de Fontana, a 15 km de Resistencia, Departamento San Fernando de la Provincia del Chaco ($27^{\circ}25'6.54''S/59^{\circ}2'0.19''O$). Estas localidades se hallan comprendidas en la misma eco- región, dentro de la región fitogeográfica parque chaqueño-correntino, descripta anteriormente.

6. El último grupo de ejemplares del NEA húmedo, se muestreó en el paraje Itaembé-miní, sito en el suroeste de la provincia de Misiones (**Foto 36**), a 7 km de la ciudad capital Posadas (27°26'0.73"S/55°56'14.51"O). Este paraje se encuentra dentro de la ecoregión Campos y Malezales, de vegetación abundante.
2. En el Nordeste Argentino Seco (**Foto 27**) se obtuvieron muestras de :
1. Cerdos procedentes de fincas ubicadas en tres parajes diferentes, El Salado y El Palmar, a 8.5 km y a 35 km respectivamente de la localidad del Espinillo (NO de la Provincia del Chaco, 25°24'3.64"S/60°27'0.42"O); y otro de la localidad de Comandancia Frías (24°33'54.30"S/62°14'22.62"O), en el departamento General Güemes, en la región conocida como "el Impenetrable Chaqueño", (**Foto 6**) en la zona fitogeográfica del bosque chaqueño-santiagoño-salteño, donde la vegetación está compuesta de bosques de muy bajo porte, prácticamente arbustos, que alternan con vegetación baja de gramíneas xerófilas. Los suelos son alcalinos y salinos, la aridez del suelo es propia de esta región, salvo en los valles.
 2. Cerdos localizados en fincas de la localidad de Laguna Yema, a 380 km de la capital, al O de la Provincia de Formosa (24°15'18.25"S/61°14'16.04"O), (**Foto 34**) en el Departamento General Bermejo y en los parajes: Laguna Yacaré (24°28'21.33"S/61°34'12.11"O), El Palmar, y Sumayen (24° 27' 579 S/61 34468 O), ubicados hacia el sur de la localidad de Laguna Yema, lindando el río Bermejo; y el paraje El Quemado (23°56'60.00"S / 60°54'60.00"O) al norte de Laguna Yema, pertenecen a la región fitogeográfica, bosque chaqueño-santiagoño-salteño.

Metodología

Variables cuantitativas

Variables zoométricas

En este trabajo se utilizaron los siguientes instrumentos: el bastón zoométrico para alzas, longitudes y anchuras; el compás de Broca, para las variables referidas a la cabeza y grupa, la cinta métrica inextensible para los perímetros y una balanza tipo romana para pesar los animales.

Se midieron 17 variables zoométricas (expresadas en cm, excepto el peso vivo que se expresa en kg) de acuerdo con Aparicio, (1965) y Sotillo y Serrano (1985) (Díaz Montilla, 1965) (Vieites, 1986):

Peso Vivo (PV): Fue tomado con balanza tipo romana (**Foto 31**);

Longitud de la Cabeza (LC): Desde la protuberancia occipital externa hasta la punta del hocico (**Foto 32**);

Longitud de la Cara (LR): Desde la sutura frontonasal hasta la punta del hocico;

Ancho de la Cabeza (AC): Entre ambas apófisis cigomáticas del temporal;

Ancho de la Cara (AR): Entre ambas apófisis zigomáticas del frontal;

Alzada a la Cruz (AZ): Medida desde el suelo hasta el punto más culminante de la cruz;

Alzada a la Grupa (AP): Desde el suelo hasta la tuberosidad ilíaca externa;

Largo del Cuerpo o Diámetro Longitudinal (DL): Desde la región del encuentro hasta la punta de nalga;

Alto del Tórax o Diámetro Dorso-External (DD): Desde el punto más declive de la cruz hasta el esternón (**Foto 28**);

Ancho de Tórax o Diámetro Bicostal (DB): Desde un plano costal a otro a la altura de los codos;

Ancho de Grupa (AG): Entre ambas tuberosidades ilíacas externas (punta de anca);

Longitud de la Grupa (LG): Desde la tuberosidad ilíaca externa (punta de anca) hasta la punta de nalga (punta de isquion);

Perímetro Torácico (PT): Desde la parte más declive de la base de la cruz pasando por la base ventral del esternón y volviendo a la base de la cruz, formando un círculo alrededor de los planos costales(**Foto 29**);

Perímetro de la Caña (PC): Rodeando el tercio medio del metacarpiano (en la parte más estrecha de la caña) (**Foto 33**);

Largo del jamón (LJ): Desde la tuberosidad ilíaca externa (o sea, desde la punta de anca) hasta el garrón;

Ancho del jamón (AJ): Desde la babilla hasta el garrón;

Espesor del jamón (EJ): tomada en la parte más ancha de ésta región vista desde atrás.

Indices zoométricos

Basados en medidas anteriores se calcularon 10 índices zoométricos:

Índice Corporal (IC): Expresado como el cociente entre el largo del cuerpo (DL) y el perímetro torácico (PT) por cien;

Índice Torácico (IT): Expresado como el cociente entre el ancho de tórax (DB) y el alto de tórax (DD) por cien;

Índice Cefálico (ICE): Expresado como el cociente entre el ancho de la cabeza y la longitud de la cabeza por cien;

Índice Facial (IF): Expresado como el cociente entre la longitud de la cara y la longitud de la cabeza por cien;

Índice Pelviano (IPE): Expresado como el cociente entre el ancho de grupa y la longitud de la grupa por cien;

Índice de Compacticidad (ICP): Expresado el cociente entre la alzada a la cruz y el peso por cien;

Índice Metacarpo-Torácico o Dáctilo-Torácico (IMT): Expresado como el cociente entre el perímetro de la caña y el perímetro torácico por cien;

Índice de Carga de Caña (ICC): Expresado como el cociente entre el perímetro de la caña y el peso vivo por cien;

Índice de Profundidad Relativa del Pecho (PRP): Expresada como el cociente entre el alto de tórax y la alzada a la cruz por cien;

Índice de Proporcionalidad (IP): Expresado como el cociente entre la alzada a la cruz y el largo del cuerpo por cien;

Variables cualitativas

Se recogieron datos de 8 variables cualitativas por su valor discriminante en la especie porcina:

Perfil Frontonasal (Perfil): Rectilíneo (1), Subconcavilíneo (2), Concavilíneo (3) y Ultraconcavilíneo (4);

Tipo de Orejas (Oreja): Asiáticas (1), Ibéricas (2) y Célticas (3)

Asiáticas: de tamaño mediano; se implantan perpendicularmente a la cabeza



Ibéricas: de tamaño mediano; paralelas al eje mayor de la cabeza



Célticas: de tamaño grande; volcadas sobre la cara.



Color de Capa (Capa): Coloradas (1), Blancas (2), Bayas (3), Overas (4), Negras (5), Manchadas (6);

Color de Pezuñas (Pezuña): Pigmentadas (1), Blancas (2) y Veteadas (3);

Color de Mucosas (Mucosa): Pigmentadas (1) y no pigmentadas (2);

Presencia de Pelos: Abundante (1) Escaso (2);

Presencia / Ausencia de Mamelas (Mamelas): Presencia (1) y Ausencia (2) (**Foto 30**);

Número de Mamas (Mamas).

Los datos recolectados se asentaron en fichas zootécnicas de soporte papel y posteriormente se confeccionó la correspondiente base de datos realizándose con ella los análisis estadísticos.

Tratamiento estadístico de los resultados

Con los datos finales resultantes se emplearon diversas opciones del paquete informático SPSS versión 11.5, donde se desarrollaron los siguientes análisis estadísticos:

Variables cuantitativas

Estadísticos descriptivos

Se calcularon los estadísticos descriptivos generales en el total de la muestra para variables zoométricas cuantitativas e índices morfométricos estudiados para definir la población. Como estadístico de tendencia central se obtuvo el promedio (media) y los estadísticos dispersivos computados fueron desvío estándar (D.E.) y coeficiente de variación (C.V), máximo (Max), mínimo (Min) y error estándar (EE) consignándose el tamaño muestral en cada caso (n).

Análisis de la varianza

En razón de ser este trabajo el primer estudio de los cerdos criollos del NEA, y no contando con identidad como grupo genético o agrupación racial definida, los análisis comparativos y de agrupamiento de los animales muestreados fueron realizados utilizando como fuentes de variación para las variables biométricas, la zona agroecológica (Subtropical Húmeda y Subtropical Seca) a los efectos de inferir sobre la posible influencia del ambiente en las diferencias encontradas en la conformación exterior de los animales. Por otro lado, las provincias (Corrientes, Chaco, Misiones y Formosa), fueron consideradas por los posibles efectos de las introducciones de reproductores de razas exóticas que forman parte de las políticas de desarrollo puestas en marcha esporádicamente por las administraciones gubernamentales, en las cuales sistemáticamente se cuenta la entrega de reproductores de diferentes razas con la intención de mejorar las producciones de los pequeños agricultores. Se utilizó también el sexo para evaluar el grado de dimorfismo sexual (hembra, macho y macho castrado).

Por lo tanto se realizó el análisis de la varianza utilizando tres fuentes de variación diferentes: zona, provincia y sexo, en 3 análisis independientes mediante ANOVA a una vía. Las variables independientes (VI) consideradas en cada uno fueron:

- 1) Zona: (Húmeda: n = 61 y Seca: n = 66),
- 2) Provincia (Corrientes: n =39, Chaco: n =42, Misiones: n = 10, Formosa: n = 36),
- 3) Sexo (Hembra: n = 83; Macho entero: n = 14; Macho Castrado: n = 30).

Este análisis se realizó tanto para variables morfométricas como para índices efectuándose a continuación la comparación de medias ajustadas por mínimos cuadrados (LSmeans) por el tests LSD. Para todas las inferencias se estipuló $\alpha = 5\%$.

Análisis discriminante canónico

Atendiendo a criterios multivariantes se realizó también el análisis discriminante canónico, que permitió utilizar la variación aportada por las distintas variables medidas en la experimentación, para establecer agrupamientos en el espacio de las distintas subpoblaciones (Cuadras, 1981 y Sierra, 1994).

Se realizaron 4 análisis independientes tomando como conjunto los 127 cerdos, divididos primeramente en 2 grupos según la zona climática de la que provenían Subtropical Húmeda (HU) y Subtropical Seca (SE) (HU: n=61 y SE: n=66), y se utilizaron como variables clasificadoras las 17 morfológicas cuantitativas medidas en los mismos, para el primer análisis y luego en forma separada en un segundo análisis se utilizaron los índices zoométricos.

En un tercer análisis el mismo conjunto de individuos (n= 127) fue dividido en 4 grupos según las provincias de procedencia (Corrientes, n =39 Chaco: n=42 Misiones, n=10, Formosa, n = 36), utilizando como variables clasificadoras las 17 morfológicas cuantitativas medidas en dichos animales y por último se repitió dicho análisis para los índices zoométricos. El algoritmo de selección de variables utilizado en todos ellos fue el de regresión por pasos (stepwise forward).

En cada análisis se utilizó el test de Wilks Lambda, que se define como la razón para la discriminación total que se comporta como la razón del determinante de la matriz de varianza-covarianza dentro de grupos sobre el determinante de la matriz de varianza-covarianza total.

$$\lambda = \text{Det}(W)/\text{Det}(T)$$

Los valores de λ fueron transformados usando a siguiente expresión:

$$F = [(n - q - p)] / (q - 1) * [1 - \lambda_{\text{parcial}} / \lambda_{\text{parcial}}]$$

Donde :

n = Número de casos;

q = Número de grupos;

p = Número de variables.

El parámetro Lambda parcial se comporta como el incremento multiplicativo en lambda que resulta de la adición de la variable respectiva:

$$\text{Lambda parcial} = \text{lambda después adición} / \text{lambda antes adición}$$

Se calculó las distancias D^2 de Mahalanobis entre los agrupamientos poblacionales estudiados, con base en las variables originales.

Variables cualitativas

Para las variables cualitativas se establecieron tablas de frecuencia según:

- 1) Zona: Húmeda (1) y Seca (2).
- 2) Provincia: Corrientes (1), Chaco (2), Misiones (3) y Formosa (4) y
- 3) Sexo: hembra (1), macho entero (2) y macho castrado o capón (3);

y se analizaron por el test de independencia de Chi-Cuadrado. Para las inferencias se estipuló $\alpha = 5\%$.

RESULTADOS***Estudio de los estadísticos descriptivos de variables e índices zoométricos de la población de Cerdos Criollos del NEA.***

Sobre la base de la recopilación de datos llevada a cabo mediante la medición, pesaje y cálculo de índices corporales de 127 cerdos criollos en el NEA, se presentan los estadísticos descriptivos reflejando los resultados para el total de la muestra estudiada.

En la **Tabla 3** se muestran dichos resultados, donde entre las variables zoométricas cuantitativas, se destacan valores medios en torno a los $68,80 \text{ kg} \pm 25,6$ de peso vivo, de $28,44 \pm 4,18$ y $14,39 \pm 1,92$ cm para la longitud y la anchura de la cabeza respectivamente, $58,84 \pm 8,27$ cm de alzada a la cruz, así como una media de $64,44 \pm 8,31$ cm para la alzada a la grupa, y $78,54 \pm 10,7$ cm de longitud corporal.

La altura de tórax con una media de $37,59 \pm 6,95$ cm, constituye un 63,8 % de la alzada a la cruz, encontrándose dentro de los parámetros de 60 a 65 % estipulados para el cerdo.

Asimismo se destacan, un perímetro torácico medio de $97,59 \pm 13,9$ cm y $14,38 \pm 1,85$ cm de perímetro de la caña entre las principales variables zoométricas utilizadas en la caracterización racial en esta especie de acuerdo con Díaz Montilla (1965).

La dispersión de los datos revela que la mayoría de los caracteres morfométricos estudiados presentan un coeficiente de variación porcentual que supera notoriamente el umbral del 15 % (9 de los 17), siendo los mayores, los relativos a las medidas del jamón, el ancho de tórax y el peso vivo.

En relación a los índices zoométricos (**Tabla 4**) se observa que los valores medios encontrados en los índices cefálico y facial de $51,46 \pm 9,0$ y de $56,40 \pm 6,7$ respectivamente, indican una tendencia a la mesocefalia en la población y no existe predominio manifiesto de la longitud del hocico en el total de la dimensión de la cabeza.

Por otra parte, el valor medio del índice pelviano se sitúa en $76,01 \pm 9,9$ mientras que los índices funcionales de compactidad y de carga de la caña ofrecen valores medios de $94,77 \pm 28,36$ y $23,7 \pm 8,84$ respectivamente.

La dispersión de los datos confirma una baja variabilidad en la mayoría de los índices excepto por lo elevado de estos parámetros en los índices de compactidad y de carga de la caña. De acuerdo con Díaz Montilla (1965) por hallarse el índice corporal por debajo de 86, ($80,99 \pm 8,7$), los individuos clasificarían como brevilineos. El índice de profundidad relativa de pecho ($64,24 \pm 7,4$) indicaría inclinación a la producción de carne magra por hallarse moderadamente sobre 50 (Aparicio Macarro, 1960), sin tendencia a la producción grasa

aunque también refiere dicha conformación para cerdos poco mejorados(Díaz Montilla, 1965)

Tabla 3: Estadísticos descriptivos de las variables morfométricas en la muestra total de cerdos Criollos del NEA.

Variable	N	Media	D. E. (±)	Mín.	Máx.	C. V. (%)	E. E.
PV (kg)	127	68,80	25,64	24	130	37,27	2,27
LC (cm)	127	28,44	4,18	18	37	14,72	0,37
LR (cm)	127	15,93	2,38	10	22	14,97	0,21
AC (cm)	127	14,39	1,92	9	18	13,39	0,17
AR (cm)	127	8,18	1,35	5	12	16,54	0,12
AZ (cm)	127	58,84	8,27	41	74	14,06	0,73
AP (cm)	127	64,44	8,31	43	81	12,90	0,73
DL (cm)	127	78,54	10,7	51	105	13,62	0,94
DD (cm)	127	37,59	6,95	22	68	18,50	0,61
DB (cm)	127	27,51	7,07	11,5	47	25,72	0,62
AG (cm)	127	18,64	3,45	10	26	18,52	0,30
LG (cm)	127	24,65	4,17	13	37	16,94	0,37
PT (cm)	127	97,59	13,9	70	131	14,30	1,23
PC (cm)	127	14,38	1,85	10	20	12,87	0,16
LJ (cm)	127	35,92	6,6	16	59	18,37	2,27
AJ (cm)	127	17,37	4,6	12	39	26,48	1,10
EJ (cm)	127	8,02	2,2	4	14	27,84	0,37

PV): Peso Vivo; (LC): Longitud de la Cabeza; (LR): Longitud de la Cara; (AC): Ancho de la Cabeza; (AR): Ancho de la Cara; (AZ): Alzada a la Cruz; (AP): Alzada a la Grupa; (DL): Largo del Cuerpo o Diámetro Longitudinal; (DD): Alto del Tórax o Diámetro Dorso-Esternal; (DB): Ancho de Tórax o Diámetro Bicostal; (AG): Ancho de Grupa; (LG): Longitud de la Grupa; (PT): Perímetro Torácico; (PC): Perímetro de la Caña; (LJ): Largo del jamón; (AJ): Ancho del jamón, (EJ): Espesor del jamón

Tabla 4: Estadísticos descriptivos de los índices zoométricos en la muestra total de cerdo Criollos del NEA.

Variable	N	Media	D. E. ±	Mín.	Máx.	C. V. %	Varianza	E. E. ±
ICE	127	51,46	9,06	33,33	83,33	17,61	82,20	0,21
IF	127	56,40	6,71	40	83,33	11,90	45,08	0,17
IP	127	75,22	7,35	55,29	106,56	9,78	54,12	0,12
IC	127	80,99	8,78	64,66	108,54	10,84	77,11	0,73
PRP	127	64,24	7,46	47,83	101,49	11,61	55,69	0,73
IT	127	72,29	12,01	27,30	93,33	16,62	144,42	0,94
IPE	127	76,01	9,94	53,33	117	13,08	98,90	0,61
IMT	127	14,93	2,34	10,69	23,29	15,67	5,48	0,62
ICP	127	94,77	28,36	51,20	184	29,93	804,67	0,30
ICC	127	23,70	8,84	11,67	56	37,31	78,24	0,37

(ICE): Índice Cefálico; (IF): Índice Facial; (IP): Índice de Proporcionalidad (IC): Índice Corporal; (PRP): Profundidad Relativa del Pecho; (IT): Índice Torácico; (IPE): Índice Pelviano; (IMT): Índice Metacarpo-Torácico o Dáctilo-Torácico; (ICP): Índice de Compactidad; (ICC): Índice de Carga de Caña;

Análisis de la varianza

En la **Tabla 5** se presentan los resultados de los análisis de la varianza realizados con las variables morfológicas que permitieron comprobar la existencia de diferencias estadísticamente significativas en las mismas, para cada uno de los efectos principales incluidos en cada análisis.

Nueve (9) variables morfométricas resultaron con diferencias significativas para el efecto principal Zona (PV, LC, LR, AC, AZ, AP, DD, DB, AG).

Para el efecto Provincia las 17 variables morfométricas fueron diferentes significativamente y para Sexo se hallaron diferencias significativas en 11 variables de las 17: (PV, LR, AR, AZ, AP, DD, DB, AG, LG, LJ, EJ).

Los resultados de ANOVA realizados para índices zoométricos permitieron comprobar la existencia de diferencias significativas que se muestran en la **Tabla 6**, donde se observa que 6 de ellos resultaron diferentes para el efecto Zona (IP, IT, IPE, IMT, ICP, ICC), todos excepto el IPE para el efecto Provincia y sólo el IPR fue significativo para el efecto Sexo.

Tabla 5 Resultados del ANOVA para cada una de las variables morfométricas. Efectos principales de zona, provincia y sexo.

VARIABLE	r ²	Fuente	GL	F	P
PV	0,046	Zona	1	6,15	0,014
	0,161	Provincia	3	7,92	0,000
	0,088	Sexo	2	6,00	0,003
LC	0,058	Zona	1	7,73	0,006
	0,288	Provincia	3	16,64	0,000
	0,025	Sexo	2	1,62	0,201
LR	0,037	Zona	1	4,85	0,029
	0,140	Provincia	3	6,72	0,000
	0,051	Sexo	2	3,35	0,038
AC	0,049	Zona	1	6,46	0,012
	0,174	Provincia	3	8,67	0,000
	0,037	Sexo	2	2,42	0,093
AR	0,011	Zona	1	1,41	0,236
	0,156	Provincia	3	7,58	0,000
	0,061	Sexo	2	4,07	0,019
AZ	0,059	Zona	1	7,91	0,005
	0,221	Provincia	3	11,70	0,000
	0,092	Sexo	2	6,35	0,002
AP	0,045	Zona	1	5,93	0,016
	0,151	Provincia	3	7,30	0,000
	0,05	Sexo	2	3,31	0,039
DL	0,000	Zona	1	0,11	0,739
	0,065	Provincia	3	2,89	0,038
	0,027	Sexo	2	1,77	0,174
DD	0,089	Zona	1	12,34	0,000
	0,181	Provincia	3	9,10	0,000
	0,040	Sexo	2	2,62	0,077
DB	0,28	Zona	1	48,62	0,000
	0,325	Provincia	3	19,80	0,000
	0,054	Sexo	2	3,60	0,030
AG	0,153	Zona	1	22,58	0,000
	0,233	Provincia	3	12,49	0,000
	0,064	Sexo	2	4,27	0,016
LG	0,023	Zona	1	3,07	0,082
	0,176	Provincia	3	8,76	0,001
	0,05	Sexo	2	3,32	0,039
PT	0,020	Zona	1	2,62	0,107
	0,116	Provincia	3	5,41	0,001
	0,023	Sexo	2	1,47	0,234
PC	0,011	Zona	1	1,43	0,233
	0,368	Provincia	3	23,90	0,000
	0,030	Sexo	2	1,96	0,144
LJ	0,008	Zona	1	1,08	0,299
	0,240	Provincia	3	12,55	0,000
	0,084	Sexo	2	5,74	0,004
AJ	0,006	Zona	1	0,78	0,378
	0,090	Provincia	3	4,08	0,008
	0,012	Sexo	2	0,76	0,470
EJ	0,029	Zona	1	3,86	0,051
	0,083	Provincia	3	3,74	0,001
	0,12	Sexo	2	8,47	0,000

PV): Peso Vivo; (LC): Longitud de la Cabeza; (LR): Longitud de la Cara; (AC): Ancho de la Cabeza; (AR): Ancho de la Cara; (AZ): Alzada a la Cruz; (AP): Alzada a la Grupa; (DL): Largo del Cuerpo o Diámetro Longitudinal; (DD): Alto del Tórax o Diámetro Dorso-Esternal; (DB): Ancho de Tórax o Diámetro Bicostal; (AG): Ancho de Grupa; (LG): Longitud de la Grupa; (PT): Perímetro Torácico; (PC): Perímetro de la Caña; (LJ): Largo del jamón; (AJ): Ancho del jamón, (EJ): Espesor del jamón

Tabla 6 Resultados del Análisis de la Varianza de los Índices zoométricos. Efectos principales de zona, provincia y sexo.

Var	r ²	Fuente	gl	F	P
ICE	0,012	Zona	1	1,54	0,217
	0,189	Provincia	3	9,56	0,000
	0,005	Sexo	2	0,35	0,703
IF	0,010	Zona	1	1,34	0,249
	0,164	Provincia	3	8,08	0,000
	0,006	Sexo	2	0,42	0,660
IP	0,084	Zona	1	11,52	0,000
	0,248	Provincia	3	13,56	0,000
	0,038	Sexo	2	2,46	0,089
IC	0,021	Zona	1	2,70	0,102
	0,141	Provincia	3	6,76	0,000
	0,017	Sexo	2	1,09	0,340
PRP	0,012	Zona	1	1,64	0,202
	0,227	Provincia	3	12,04	0,000
	0,109	Sexo	2	7,61	0,000
IT	0,254	Zona	1	42,75	0,000
	0,227	Provincia	3	12,08	0,000
	0,016	Sexo	2	1,01	0,367
IPE	0,091	Zona	1	12,62	0,000
	0,041	Provincia	3	1,79	0,153
	0,024	Sexo	2	1,56	0,214
IMT	0,049	Zona	1	6,49	0,012
	0,48	Provincia	3	38,40	0,000
	0,016	Sexo	2	1,03	0,358
ICP	0,032	Zona	1	4,24	0,041
	0,098	Provincia	3	4,50	0,005
	0,025	Sexo	2	1,61	0,203
ICC	0,085	Zona	1	11,68	0,000
	0,319	Provincia	3	19,26	0,000
	0,031	Sexo	2	2	0,14

Var: variable; (ICE): Índice Cefálico; (IF): Índice Facial; (IP): Índice de Proporcionalidad (IC): Índice Corporal; (PRP): Profundidad Relativa del Pecho; (IT): Índice Torácico; (IPE): Índice Pelviano; (IMT): Índice Metacarpo-Torácico o Dáctilo-Torácico; (ICP): Índice de Compactidad; (ICC): Índice de Carga de Caña;

Test de comparación de medias de mínimos cuadrados (L S D)

A continuación se presentan las medias estimadas por el método de cuadrados mínimos para las diferentes zonas, provincias y sexos, para cada variable dependiente analizada. Cada comparación corresponde a un test de Anova a una vía.

En las Tablas 7 y 8 se presentan las medias ajustadas (LSMeans) y los resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variables morfométricas por Zona en cerdos Criollos del NEA, donde se puede observar que la mayoría de las variables presentan valores absolutos superiores en la Zona Seca. Sin embargo, ocho (8) variables morfométricas no muestran diferencia significativas, (AR, DL, LG, PT, PC, LJ, AJ, EJ) y sólo las 9 restantes son a favor de la Zona Seca.

Para ésta VI no hubo diferencias significativas en los ICE, IF, IC, PRP, mientras que para los otros 6 si la hubo, de nuevo con diferencias significativas favorables a la Zona Seca, y de acuerdo éstos los animales resultan brevilineos con tendencia a la producción de carne no grasa y mesocéfalos en ambas zonas.

Tabla 7 Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variables morfométricas por Zona en cerdos Criollos del NEA

Var	Zona Húmeda (n=61)		Zona Seca (n =66)	
	Media	E. E.	Media	E. E.
PV (kg)	63,04 ^b	3,21	74,12 ^a	3,09
LC (cm)	27,39 ^b	0,52	29,40 ^a	0,50
LR (cm)	15,45 ^b	0,30	16,37 ^a	0,28
AC (cm)	13,95 ^b	0,24	14,80 ^a	0,23
AR (cm)	8,03 ^a	0,17	8,31 ^a	0,16
AZ (cm)	56,75 ^b	1,03	60,78 ^a	0,99
AP (cm)	62,60 ^b	1,04	66,13 ^a	1,00
DL (cm)	78,21 ^a	1,37	78,84 ^a	1,32
DD (cm)	35,43 ^b	0,85	39,59 ^a	0,85
DB (cm)	23,63 ^b	0,77	31,09 ^a	0,74
AG (cm)	17,24 ^b	0,40	19,93 ^a	0,39
LG (cm)	23,98 ^a	0,53	25,27 ^a	0,51
PT (cm)	95,52 ^a	1,77	99,51 ^a	1,70
PC (cm)	14,59 ^a	0,23	14,19 ^a	0,22
LJ (cm)	35,29 ^a	0,84	36,51 ^a	0,81
AJ (cm)	17,75 ^a	0,58	17,03 ^a	0,56
EJ (cm)	7,62 ^a	0,28	8,39 ^a	0,27

Var: variable; PV: Peso Vivo; (LC): Longitud de la Cabeza; (LR): Longitud de la Cara; (AC): Ancho de la Cabeza; (AR): Ancho de la Cara; (AZ): Alzada a la Cruz; (AP): Alzada a la Grupa; (DL): Largo del Cuerpo o Diámetro Longitudinal; (DD): Diámetro Dorso-Esternal; (DB): Diámetro Bicostal; (AG): Ancho de Grupa; (LG): Longitud de la Grupa; (PT): Perímetro Torácico; (PC): Perímetro de la Caña; (LJ): Largo del jamón; (AJ): Ancho del jamón, (EJ): Espesor del jamón
En caso de existir diferencias (p<0,05) éstas se indican con letras distintas.

Tabla 8: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para los índices zoométricos por Zona en cerdos Criollos del NEA.

Var	Zona Húmeda (n = 61)		Zona Seca (n = 66)	
	Media	E. E.±	Media	E. E.±
ICE	52,49 ^a	1,15	50,50 ^a	1,11
IF	57,12 ^a	0,85	55,74 ^a	0,82
IP	73,00 ^b	0,90	77,26 ^a	0,86
IC (%)	82,31 ^a	1,11	79,76 ^a	1,03
PRP (%)	63,36 ^a	0,95	65,06 ^a	0,91
IT (%)	66,00 ^b	1,33	78,10 ^a	1,28
IPE (%)	72,89 ^b	1,21	78,90 ^a	1,17
IMT (%)	15,47 ^a	0,29	14,43 ^b	0,28
ICP (%)	100,0 ^a	3,58	89,85 ^b	3,44
ICC (%)	26,38 ^a	1,08	21,23 ^b	1,04

Var: variable; (ICE): Índice Cefálico; (IF): Índice Facial; (IP): Índice de Proporcionalidad (IC): Índice Corporal; (PRP): Profundidad Relativa del Pecho; (IT): Índice Torácico; (IPE): Índice Pelviano; (IMT): Índice Metacarpo-Torácico o Dáctilo-Torácico; (ICP): Índice de Compactidad; (ICC): Índice de Carga de Caña;
En caso de existir diferencias ($p < 0,05$) éstas se indican con letras distintas.

En las **Tablas 9 y 10** se muestran las medias ajustadas de las variables zoométricas e índices calculados en función de las distintas provincias donde se localizaron los cerdos (Corrientes, Chaco, Misiones y Formosa), donde se destacan con valores superiores de peso vivo, las poblaciones de Chaco y Formosa, y sensiblemente inferiores en Misiones. En líneas generales la provincia de Formosa presenta valores absolutos más altos para todas las medidas de la cabeza así como para 5 de las corporales y una del jamón. Por el contrario, Misiones, se destaca por valores inferiores en casi todas las variables, excepto para el ancho de la cara y el perímetro de la caña en que resulta con los valores más altos. El test de comparación de medias reveló que hay una mayor variabilidad entre provincias, destacándose que Chaco y Formosa forman subconjuntos homogéneos en 7 de las variables (PV, LC, LR, AZ, AP, AG, LG) y las diferencias significativas se dan con valores superiores a las demás provincias. La provincia de Misiones por su lado se separa significativamente de las demás con valores inferiores en 8 de las variables (PV, LC, AZ, AG, LG, PT, LJ, AJ). Si bien la provincia de Corrientes muestra diferencias significativas con las demás provincias en todas las variables no se advierte un patrón más o menos definido de homogeneidad con ninguna de las otras.

En cuanto a los valores que muestran los animales de Misiones para los índices zoométricos, señalan a éstos con una conformación corporal particular en los índices de la cabeza, todos por sobre 60 y el índice corporal por encima de 90. El índice dactilotorácico elevado indica un grado de desarrollo del sistema óseo importante con respecto a los

restantes sistemas del organismo, así como el de carga de la caña. Se encontraron diferencias significativas para todos los índices, donde nuevamente Misiones se aparta de las demás Provincias con valores superiores para, IF, IC, IMT, donde los valores inferiores fueron para el subgrupo homogéneo formado por Formosa Chaco y Corrientes. Para IP se separan los mismos subgrupos pero los valores son inversos. Para ICE se agrupan Corrientes y Formosa y los valores inferiores pertenecen a Chaco y para el ICC se agrupan Corrientes y Chaco con valores superiores al subconjunto Chaco Formosa.

Tabla 9: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variables morfométricas por Provincia en cerdos Criollos del NEA

Var	Corrientes (n = 39)		Chaco (n = 41)		Misiones (n = 10)		Formosa (n = 36)	
	Media	E. E.	Media	E. E.	Media	E. E.	Media	E. E.
PV (kg)	59,58 ^b	3,80	76,40 ^a	3,66	45,20 ^c	5,51	76,47 ^a	3,46
LC (cm)	27,07 ^b	0,57	29,69 ^a	0,55	22,20 ^c	1,13	30,19 ^a	0,59
LR (cm)	14,97 ^b	0,35	16,85 ^a	0,34	14,20 ^b	0,70	16,33 ^a	0,37
AC (cm)	13,66 ^b	0,28	14,09 ^b	0,27	14,00 ^b	0,56	15,63 ^a	0,29
AR (cm)	7,48 ^c	0,20	8,16 ^b	0,19	9,00 ^a	0,39	8,72 ^{ba}	0,20
AZ (cm)	55,58 ^b	1,18	62,86 ^a	1,14	50,10 ^c	2,33	60,11 ^a	1,23
AP (cm)	60,71 ^b	1,24	66,85 ^a	1,19	59,20 ^b	2,45	67,11 ^a	1,29
DL (cm)	75,23 ^b	1,67	82,00 ^a	1,61	79,30 ^{ba}	3,31	77,88 ^{ba}	1,74
DD (cm)	33,87 ^c	1,01	38,59 ^{ba}	0,98	35,05 ^{bc}	2,01	41,16 ^a	1,06
DB (cm)	22,55 ^c	0,94	27,39 ^b	0,90	27,50 ^b	1,86	33,02 ^a	0,98
AG (cm)	17,12 ^b	0,49	19,52 ^a	0,47	15,00 ^c	0,96	20,27 ^a	0,51
LG (cm)	23,51 ^b	0,61	25,97 ^a	0,59	19,90 ^c	1,21	25,66 ^a	0,63
PT (cm)	94,82 ^{bc}	2,12	103,16 ^a	2,04	86,40 ^c	4,19	97,22 ^{ba}	2,21
PC (cm)	13,33 ^d	0,23	14,85 ^b	0,22	17,60 ^a	0,47	14,08 ^c	0,24
LJ (cm)	34,64 ^b	6,93	40,09 ^a	0,89	29,40 ^c	1,84	34,27 ^b	0,97
AJ (cm)	16,35 ^{bc}	0,71	18,76 ^a	0,68	14,00 ^c	1,40	17,80 ^{ab}	0,74
EJ (cm)	7,487 ^b	0,34	7,92 ^{ab}	0,33	7,100 ^b	0,68	8,972 ^a	0,36

Var: variable; PV: Peso Vivo; (LC): Longitud de la Cabeza; (LR): Longitud de la Cara; (AC): Ancho de la Cabeza; (AR): Ancho de la Cara; (AZ): Alzada a la Cruz; (AP): Alzada a la Grupa; (DL): Largo del Cuerpo o Diámetro Longitudinal; (DD): Alto del Tórax o Diámetro Dorso-Esternal; (DB): Ancho de Tórax o Diámetro Bicostal; (AG): Ancho de Grupa; (LG): Longitud de la Grupa; (PT): Perímetro Torácico; (PC): Perímetro de la Caña; (LJ): Largo del jamón; (AJ): Ancho del jamón, (EJ): Espesor del jamón
En caso de existir diferencias ($p < 0,05$) éstas se indican con letras distintas.

Tabla 10: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para los índices zoométricos por Provincia en cerdos Criollos del NEA

Var	Corrientes (n = 39)		Chaco (n = 41)		Misiones (n = 10)		Formosa (n = 36)	
	Media	E.E.	Media	E.E.	Media	E.E.	Media	E.E.
ICE	51,91 ^b	1,32	47,80 ^c	1,27	63,20 ^a	2,61	51,98 ^b	1,37
IF	55,84 ^b	0,99	56,71 ^b	0,95	65,06 ^a	1,96	54,23 ^b	1,03
IP	74,35 ^a	1,03	77,11 ^a	0,99	63,50 ^b	2,04	77,20 ^a	1,07
IC	79,63 ^b	1,31	79,82 ^b	1,27	92,14 ^a	2,60	80,71 ^b	1,37
PRP	61,14 ^b	1,06	62,03 ^b	1,02	70,12 ^a	2,09	68,55 ^a	1,10
IT	67,18 ^b	1,71	68,81 ^b	1,64	78,45 ^a	3,38	80,17 ^a	1,78
IPE	73,65 ^b	1,57	75,80 ^{ab}	1,52	75,69 ^{ab}	3,11	78,90 ^a	1,64
IMT	14,2 ^b	0,27	14,51 ^b	0,26	20,44 ^a	0,53	14,67 ^b	0,28
ICP	103,7 ^{ab}	4,36	90,48 ^{cb}	4,20	111,7 ^a	8,61	85,31 ^c	4,54
ICC	25,2 ^b	1,18	21,41 ^{bc}	1,13	39,36 ^a	2,33	20,41 ^c	1,23

Var: Variable. (ICE): Índice Cefálico; (IF): Índice Facial; (IP): Índice de Proporcionalidad (IC): Índice Corporal; (PRP): Profundidad Relativa del Pecho; (IT): Índice Torácico; (IPE): Índice Pelviano; (IMT): Índice Metacarpo-Torácico o Dáctilo-Torácico; (ICP): Índice de Compactidad; (ICC): Índice de Carga de Caña; .En caso de existir diferencias (p<0,05) éstas se indican con letras distintas.

Las medias ajustadas de las variables zoométricas e índices para el efecto Sexo (hembras, machos enteros y castrados), que se observan en las **Tablas 11 y 12** revelan valores mayores en algunas variables como peso vivo, ancho de la grupa y perímetro torácico en los machos castrados y los resultados de la comparación de medias revelan que las variables LC, DL, PT, PC, AJ, no muestran diferencias significativas entre sexos. Para las variables, , PV, AR, DB, AG, y EJ, las diferencias son significativas a favor de los machos castrados sobre machos enteros y hembras que se agrupan. Para el LJ, las diferencias favorecen al subconjunto de machos enteros y castrados versus las hembras. Las diferencias entre sexos son significativas para LR favorables a machos enteros vs castrados y estos sobre las hembras. Los machos castrados y los enteros no muestran diferencias significativas para las variables AC, AZ, AP entre sí, al igual que machos enteros y hembras entre sí. Para DD las diferencias significativas se dan entre machos castrados y enteros favorables a los primeros y en LG las diferencias son significativas con valores superiores para castrados versus hembras.

Los índices corporales no muestran mayoritariamente diferencias significativas, solamente para PRP, en que los valores distinguen a las hembras y machos castrados, de machos enteros, e IP que separa a los machos castrados de las hembras.

Tabla 11: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para variables zoométricas por Sexo en cerdos Criollos del NEA.

Var	Hembras (n =83)		Enteros (n =14)		Castrados (n = 30)	
	Media	E. E.	Media	E. E.	Media	E. E.
PV (kg)	64,30 ^b	2,70	66,35 ^b	6,59	82,40 ^a	4,50
LC (cm)	27,96 ^a	0,45	29,64 ^a	1,11	29,20 ^a	0,76
LR (cm)	15,56 ^b	0,25	17,07 ^a	0,62	16,43 ^{ba}	0,42
AC (cm)	14,13 ^b	0,20	14,64 ^{ab}	0,50	15,00 ^a	0,38
AR (cm)	8,036 ^b	0,14	7,78 ^b	0,35	8,76 ^a	0,24
AZ (cm)	57,05 ^b	0,87	60,96 ^{ab}	2,12	62,81 ^a	1,45
AP (cm)	63,14 ^b	0,89	65,50 ^{ab}	2,18	67,53 ^a	1,49
DL (cm)	77,26 ^a	1,16	80,28 ^a	2,84	81,26 ^a	1,94
DD (cm)	37,13 ^{ab}	0,75	35,35 ^b	1,83	39,90 ^a	1,25
DB (cm)	27,02 ^b	0,76	24,67 ^b	1,85	30,18 ^a	1,26
AG (cm)	18,27 ^b	0,36	17,57 ^b	0,90	20,16 ^a	0,61
LG (cm)	24,04 ^b	0,45	24,71 ^{ab}	1,09	26,30 ^a	0,74
PT (cm)	96,56 ^a	1,52	95,64 ^a	3,71	101,36 ^a	2,53
PC (cm)	14,15 ^a	0,20	15,00 ^a	0,49	14,73 ^a	0,33
LJ (cm)	34,54 ^b	0,69	39,00 ^a	1,70	38,33 ^a	1,16
AJ (cm)	17,09 ^a	0,50	18,71 ^a	1,23	17,53 ^a	0,84
EJ (cm)	7,69 ^b	0,23	7,07 ^b	0,56	9,36 ^a	0,38

Var: Variable; PV: Peso Vivo; (LC): Longitud de la Cabeza; (LR): Longitud de la Cara; (AC): Ancho de la Cabeza; (AR): Ancho de la Cara; (AZ): Alzada a la Cruz; (AP): Alzada a la Grupa; (DL): Largo del Cuerpo o Diámetro Longitudinal; (DD): Alto del Tórax o Diámetro Dorso-Esternal; (DB): Ancho de Tórax o Diámetro Bicostal; (AG): Ancho de Grupa; (LG): Longitud de la Grupa; (PT): Perímetro Torácico; (PC): Perímetro de la Caña; (LJ): Largo del jamón; (AJ): Ancho del jamón, (EJ): Espesor del jamón
En caso de existir diferencias ($p < 0,05$) éstas se indican con letras distintas.

Tabla 12: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para los índices zoométricos por Sexo en cerdos Criollos del NEA

Variable	Hembras (n =83)		Enteros (n =14)		Castrados (n = 30)	
	Media	E. E.	Media	E. E.	Media	E. E.
ICE	51,43 ^a	1,00	49,83 ^a	2,4	52,30 ^a	1,66
IF	56,032 ^a	0,74	57,59 ^a	1,80	56,88 ^a	1,23
IP	74,23 ^b	0,79	75,91 ^{ab}	1,94	77,62 ^a	1,32
IC	80,43 ^a	0,96	84,16 ^a	2,34	81,05 ^a	1,60
PRP	65,72 ^a	0,77	58,010 ^b	1,89	63,07 ^a	1,29
IT	71,91 ^a	1,31	69,46 ^a	3,21	74,65 ^a	2,19
IPE	76,59 ^a	1,08	71,61 ^a	2,64	76,46 ^a	1,80
IMT	14,83 ^a	0,25	15,78 ^a	0,62	14,80 ^a	0,42
ICP	96,34 ^a	3,09	101,61 ^a	7,54	87,22 ^a	5,15
ICC	24,40 ^a	0,96	25,45 ^a	2,34	20,96 ^a	1,60

(ICE): Índice Cefálico; (IF): Índice Facial; (IP): Índice de Proporcionalidad (IC): Índice Corporal; (PRP): Profundidad Relativa del Pecho; (IT): Índice Torácico; (IPE): Índice Pelviano; (IMT): Índice Metacarpo-Torácico o Dáctilo-Torácico; (ICP): Índice de Compactidad; (ICC): Índice de Carga de Caña; .En caso de existir diferencias ($p < 0,05$) éstas se indican con letras distintas.

Análisis discriminante canónico

Variables cuantitativas morfométricas según Zona

La distancia de Mahalanobis fue calculada entre las poblaciones de la Zona Seca y la Zona Húmeda y resultó en un valor absoluto de 3,967, con un valor de $F = 14,605$ y el p - value asociado altamente significativo ($p < 0,000$). La matriz de clasificación asociada a este análisis se presenta en la **Tabla 13** donde se puede observar que el 81,9 % de los animales se clasifican en su población de origen, con porcentajes de error similares para ambas zonas.

El valor de λ_1 fue de 0,921 y el de la correlación canónica de 0.629. El valor del estadístico $T = 79,625$ (Chi-cuadrado) correspondiente a un λ de Wilks = 0, 521 y el p -value = 0,000, muestran que la función obtenida es significativa y su poder discriminante es alto dado el elevado valor de la correlación canónica. En la **Tabla 14** se pueden ver los coeficientes estandarizados de la función discriminante canónica resultante que explica el 100 % de la varianza de discriminación.

Por todo esto se puede afirmar que existe diferenciación entre los dos subgrupos poblacionales de las zonas húmeda y seca, y que las variables con mayor poder discriminante son: peso vivo; longitud de la cabeza, ancho de tórax; ancho de grupa; perímetro de la caña y ancho del jamón, según los resultados que dejó en el análisis por pasos.

Tabla 13: Matriz de Clasificación de las poblaciones de las dos Zonas climáticas en estudio

	Zona	Grupo de pertenencia pronosticado		Total
		Zona Húmeda	Zona Seca	
Recuento Original	Húmeda	51	10	61
	Seca	13	53	66
Porcentaje	Húmeda	83,6	16,4	100
	Seca	19,7	80,3	100

Clasificados correctamente el 81,9 % de los casos agrupados originales

Tabla 14: Coeficientes Estandarizados de las Función Discriminante Canónica

VARIABLES INCLUIDAS EN EL ANÁLISIS	FUNCION 1
PV	-0.974
LC	0,628
DB	1,033
AG	0,732
PC	-0,293
AJ	-0,416
AUTOVALOR	0,921
PORCENTAJE ACUMULADO	100 %

PV: Peso Vivo; LC: Longitud de la Cabeza, DB: Ancho de Tórax; AG: Ancho de Grupa; PC: Perímetro de la Caña; AJ: Ancho del jamón.

Variables cuantitativas morfométricas según provincia

Los valores absolutos de la distancia de Mahalanobis entre las poblaciones locales de las 4 Provincias que intervinieron en el análisis se muestran en la **Tabla 15** donde se observa la menor distancia entre los cerdos de Corrientes y Chaco; las mayores distancias se dan entre la Provincia de Misiones y las demás, siendo la más lejana Corrientes, luego Chaco y luego Formosa. Por último las distancias de Formosa con Corrientes y Chaco son similares, aunque se halla más cercana a ésta. En la **Tabla 16** se muestran los valores de F de las distancias D^2 de Mahalanobis entre las cuatro provincias basadas en las variables morfológicas y su significancia, que resultó alta para todas ellas a los mismos niveles ($p < 0,000$).

La matriz de clasificación asociada a este análisis se presenta en la **Tabla 17** donde se puede observar que el 81,9 % de la población se clasifica en su población de origen, aunque Corrientes y Chaco son las de mayor porcentaje de error. Asimismo Formosa sólo muestra un 9,5 % de animales asignados a Chaco y Misiones arroja el 100 % de clasificación correcta en su población.

En la **Tabla 18** se muestran los autovalores, la correlación canónica, el porcentaje de varianza de discriminación y el porcentaje acumulado explicados por cada función discriminante. Se observa, que las 2 primeras funciones discriminantes explican un 92,4 % de la varianza de discriminación y que el número de variables que dejó el análisis es de 7: peso vivo; longitud de la cabeza; ancho de tórax, perímetro de la caña, coincidiendo con las variables discriminantes por zona y además el ancho de cabeza, alzada a la cruz, y longitud del jamón.

En la **Tabla 19** se muestran los contrastes de las las funciones discriminantes calculadas, que en este análisis resultaron 3, el Lambda de Wilks, Chi cuadrado y la significancia, que resultó alta para las tres.

En la **Tabla 20** se muestran los Coeficientes Estandarizados de las Variables Canónicas.

Tabla 15: *Distancia D^2 de Mahalanobis entre las Provincias incluidas en el estudio*

	Chaco	Misiones	Formosa
Corrientes	3,33	50,61	12,68
Chaco		46,78	9,88
Misiones			41,88

Tabla 16: Valores de F de las distancias D^2 de Mahalanobis entre las cuatro provincias basadas en las variables morfológicas de los cerdos locales

	Chaco	Misiones	Formosa
Corrientes	3,88***	21,76***	13,65***
Chaco		20,39***	11,03***
Misiones			17,71***

*** Significativo para el test F ($P < 0,001$)

Tabla 17: Matriz de Clasificación de las Poblaciones de las cuatro Provincias en estudio
Grupo de pertenencia pronosticado

		Provincia	Corrientes	Chaco	Misiones	Formosa	Total
Recuento original	Corrientes		31	7	1	0	39
	Chaco		10	28	0	4	42
	Misiones		0	0	10	0	10
	Formosa		1	0	0	35	36
Porcentaje	Corrientes		79,5	17,9	2,6	0	100
	Chaco		23,8	66,7	0	9,5	100
	Misiones		0	0	100	0	100
	Formosa		2,8	0	0	97,2	100

Clasificados correctamente el 81,9 % de los casos agrupados originales

Tabla 18: Autovalores de las funciones discriminantes y correlaciones canónicas

Función	Autovalor	Porcentaje de la Varianza	Porcentaje Acumulado	Correlación Canónica
1	2,789 ^a	63,7 %	63,7%	0,858
2	1,254 ^a	28,7%	92,4%	0,746
3	0,332 ^a	7,6%	100%	0,499

a. Se han empleado las tres primeras funciones discriminantes canónicas en el análisis

Tabla 19: Lambda de Wilks, Chi cuadrado y p-value de las funciones discriminantes

Contraste de las funciones	Lambda de Wilks	Chi- cuadrado	Significancia
1 a la 3	0,067	322,854	0,000
2 a la 3	0,302	143,106	0,000
3	0,709	41,162	0,000

Tabla 20: Coeficientes Estandarizados de las Variables Canónicas

Variables incluidas en el análisis	FUNCION 1	FUNCION 2	FUNCION 3
PV	-0,891	-0,077	-0,932
LC	-0,59	0,720	0,510
AC	0,494	0,348	-0,451
AZ	-0,984	-0,012	0,413
DB	0,905	1,001	0,827
PC	1,200	-0,522	607
LJ	-0,198	-0,711	0,651
AUTOVALOR	2,789	1,254	0,332
PORCENTAJE ACUMULADO	63,7 %	92,4 %	100 %

PV: Peso Vivo; LC: Longitud de la Cabeza; AC: Ancho de Cabeza; AZ: Alzada a la Cruz; DB: Ancho de Tórax; PC :perímetro de la caña , LJ: Longitud del Jamón

En la **Figura 5** se representa gráficamente el análisis discriminante de los cerdos de las 4 Provincias estudiadas donde se observa en forma evidente que existe un distanciamiento muy preciso de la población de cerdos de la Provincia de Misiones. En la Provincia de Formosa, gran parte de la población se halla también diferenciada mientras los cerdos de Corrientes y Chaco no muestran demarcación independiente.

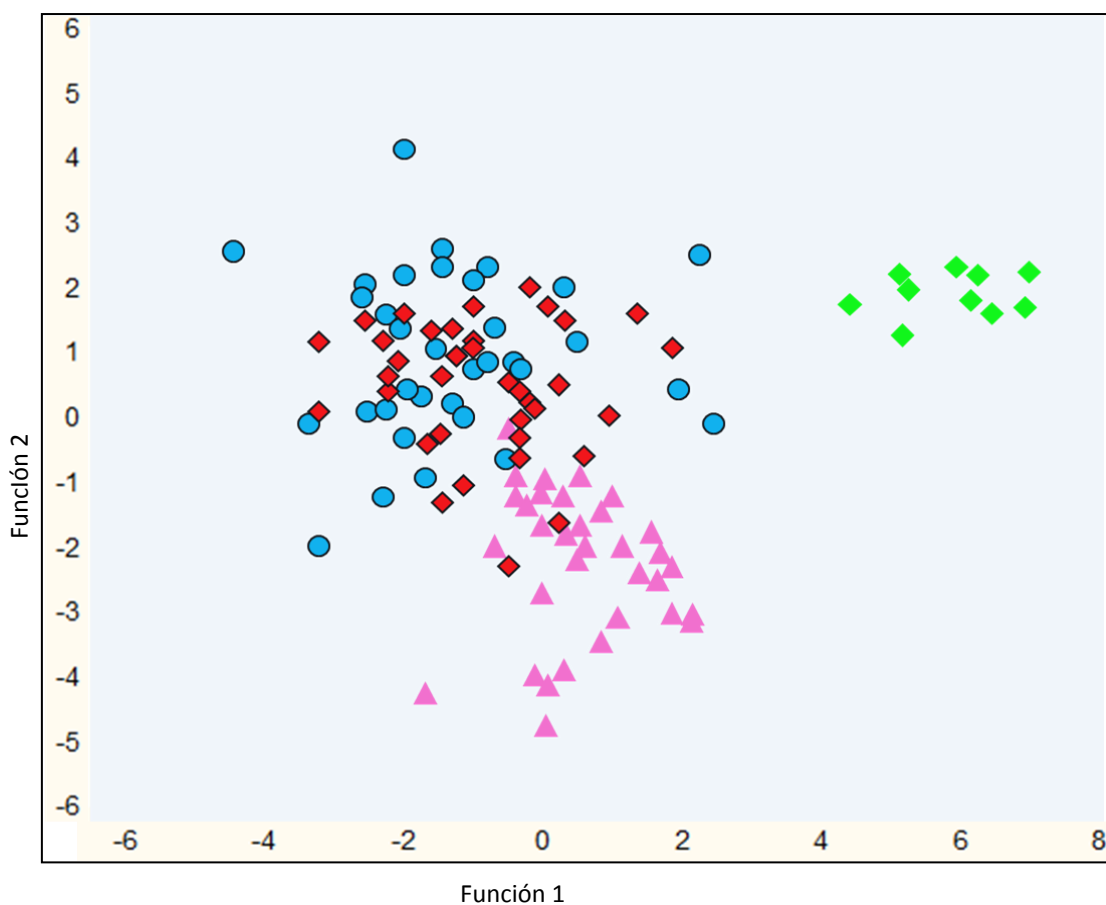


Figura 5: Representación gráfica del análisis discriminante canónico en las variables morfométricas según las provincias. **Azul** : Corrientes; **Rojo**: Chaco; **Verde**: Misiones; **Rosado**: Formosa

Índices zoométricos según zona climática

La distancia de Mahalanobis, calculada entre las poblaciones de la Zona Seca y la Zona Húmeda basada en los índices zoométricos, resultó en un valor absoluto de la distancia de 3,79, con un valor de F igual a 13,97 y el p - value asociado altamente significativo ($p < 0,000$) por lo que se puede afirmar que existe diferenciación entre los dos subgrupos poblacionales.

La matriz de clasificación asociada a este análisis se presenta en la **Tabla 21** donde se puede observar que solamente el 82,7 % de la población clasifica en su población de origen, con porcentajes de error similares para ambas zonas.

El valor de λ_1 fue de 0,904 y el de la correlación canónica de 0,689. El valor del estadístico $T=79,625$ (Chi-cuadrado) correspondiente a un lambda de Wilks = 0,521 y el p-valor =0,000, muestran que la función obtenida es significativa y su poder discriminante es alto dado el elevado valor de la correlación canónica. En la **Tabla 22** se pueden ver los coeficientes estandarizados de la función discriminante canónica resultante que explica el 100 % de la varianza de discriminación. Por todo esto se se puede afirmar que existe diferenciación entre los dos subgrupos poblacionales y que un conjunto de 7 de los 10 índices es discriminante: índice facial; índice de profundidad relativa del pecho; índice torácico; índice pelviano; índice metacarpo-torácico; índice de compacticidad ; índice de carga de caña.

Tabla 21: Matriz de Clasificación de las poblaciones de las dos Zonas climáticas en estudio

	Zona	Grupo de pertenencia pronosticado		
		Zona Húmeda	Zona Seca	Total
Recuento Original	Húmeda	49	12	61
	Seca	10	56	66
Porcentaje	Húmeda	80,3	19,7	100
	Seca	15,2	84,8	100

Clasificados correctamente el 82,7 % de los casos agrupados originales

Tabla 22: Coeficientes Estandarizados de las Funciones Discriminantes Canónicas

VARIABLES INCLUIDAS EN EL ANÁLISIS	FUNCION 1
IF	-0,328
PRP	0,385
IT	0,927
IPE	0,291
IMT	0,434
ICP	1,582
ICC	-2,053
Autovalor	0,904
Porcentaje Acumulado	100

(IF): Índice Facial; (PRP): índice de Profundidad Relativa del Pecho; (IT): Índice Torácico; (IPE): Índice Pelviano; (IMT) Índice Metacarpo-Torácico; (ICP): Índice de Compacticidad ; (ICC): Índice de Carga de Caña.

Índices zoométricos según provincias

La distancia de Mahalanobis obtenida con los valores de los índices zoométricos entre las poblaciones locales de las 4 Provincias que intervinieron en el análisis se muestran en la **Tabla 23** donde se observa nuevamente la menor distancia entre los cerdos de Corrientes y Chaco, las mayores distancias se dan entre la Provincia de Misiones y las demás, con valores muy similares. Las distancias de Formosa con Corrientes y Chaco son similares aunque se halla algo más cercana al Chaco.

En la **Tabla 24** se muestran los valores de F de las distancias D^2 de Mahalanobis entre las cuatro provincias basadas en las variables morfológicas y su significancia que se muestra alta para todas ellas a los mismos niveles. Existe una diferenciación altamente significativa entre los cuatro subgrupos poblacionales.

La matriz de clasificación asociada a este análisis se presenta en la **Tabla 25** donde se puede observar que el 73,2 % de la población se clasifica en su población de origen, aunque de nuevo, Corrientes y Chaco son las de mayor porcentaje de error. Asimismo, Formosa sólo muestra un 11,9 % de animales asignados a Chaco. Por su parte, Misiones, arroja el 100 % de clasificación correcta en su población.

En la **Tabla 26** se muestran los autovalores, la correlación canónica, el porcentaje de varianza de discriminación y el porcentaje acumulado explicados por cada función discriminante. Se observa que las 2 primeras funciones discriminantes explican un 98,3 % de la varianza de discriminación y que el número de variables que dejó el análisis en este caso es de 6: índice facial; profundidad relativa del pecho; índice torácico; índice metacarpo-torácico; índice de compacticidad; índice de carga de caña.

En la **Tabla 27** se muestran los contrastes de las las funciones discriminantes calculadas, que en este análisis resultaron 3, el Lambda de Wilks, Chi cuadrado y la significancia, que resultó alta para las dos primeras funciones y no significativa para la tercera.

En la **Tabla 28** se muestran los Coeficientes Estandarizados de las Variables Canónicas.

Tabla 23: Valores absolutos de la distancia de Mahalanobis entre las provincias

	Chaco	Misiones	Formosa
Corrientes	1,47	38,71	7,47
Chaco		38,42	4,99
Misiones			34,92

Tabla 24: Valores de F de la distancia de Mahalanobis y Significancia

	Chaco	Misiones	Formosa
Corrientes	3,03***	29,26***	14,15***
Chaco		29,46***	9,80***
Misiones			25,97***

***p < 000

Tabla 25: Matriz de Clasificación de las poblaciones de las cuatro provincias en estudio
Grupo de pertenencia pronosticado

	Provincia	Corrientes	Chaco	Misiones	Formosa	Total
Recuento original	Corrientes	24	13	1	1	39
	Chaco	10	27	0	5	42
	Misiones	0	0	10	0	10
	Formosa	0	3	1	32	36
Porcentaje	Corrientes	61,5	33,3	2,6	2,6	100
	Chaco	23,8	64,3	0	11,9	100
	Misiones	0	0	100	0	100
	Formosa	0	8,3	2,8	88,9	100

Clasificados correctamente el 73,2 % de los casos agrupados originales

Tabla 26 Autovalores de las funciones discriminantes y correlaciones canónicas

Función	Autovalor	Porcentaje de la Varianza	Porcentaje Acumulado	Correlación Canónica
1	2,572 ^a	69	69	0,849
2	1,093 ^a	29,3	98,3	0,723
3	0,065 ^a	1,7	100	0,247

a. Se han empleado las tres primeras funciones discriminantes canónicas en el análisis

Tabla 27: Lambda de Wilks, Chi cuadrado y p-value de las funciones discriminantes

Contraste de las funciones	Lambda de Wilks	Chi- cuadrado	Significancia
1 a la 3	0,126	250,984	0,000
2 a la 3	0,449	96,951	0,000
3	0,939	7,586	0,108

Tabla 28: Coeficientes Estandarizados de las Variables Canónicas

	FUNCION 1	FUNCION 2	FUNCION 3
IF	0.199	-0,561	-0,314
PRP	0,315	0,823	0,292
IT	0,387	0,862	0,179
IMT	0,435	0,637	-0,739
ICP	-1,778	1,655	-0,248
ICC	1,972	-2,028	1,226
AUTOVALOR	2,678	1,093 ^a	0,065
% ACUMULADO	69	98,3	100

(IF): Índice Facial; (PRP): Profundidad Relativa del Pecho; (IT): Índice Torácico; (IMT): Índice Metacarpo-Torácico; (ICP): índice de Compacticidad; (ICC): Índice de Carga de Caña.

En la **Figura 6** está representado gráficamente el análisis discriminante basado en los índices zométricos para los cerdos de las 4 Provincias estudiadas, donde de nuevo se aparta claramente la Provincia de Misiones, mientras los cerdos de la Provincia de Formosa ya no muestran demarcación independiente y los de Corrientes y Chaco se hallan agrupados.

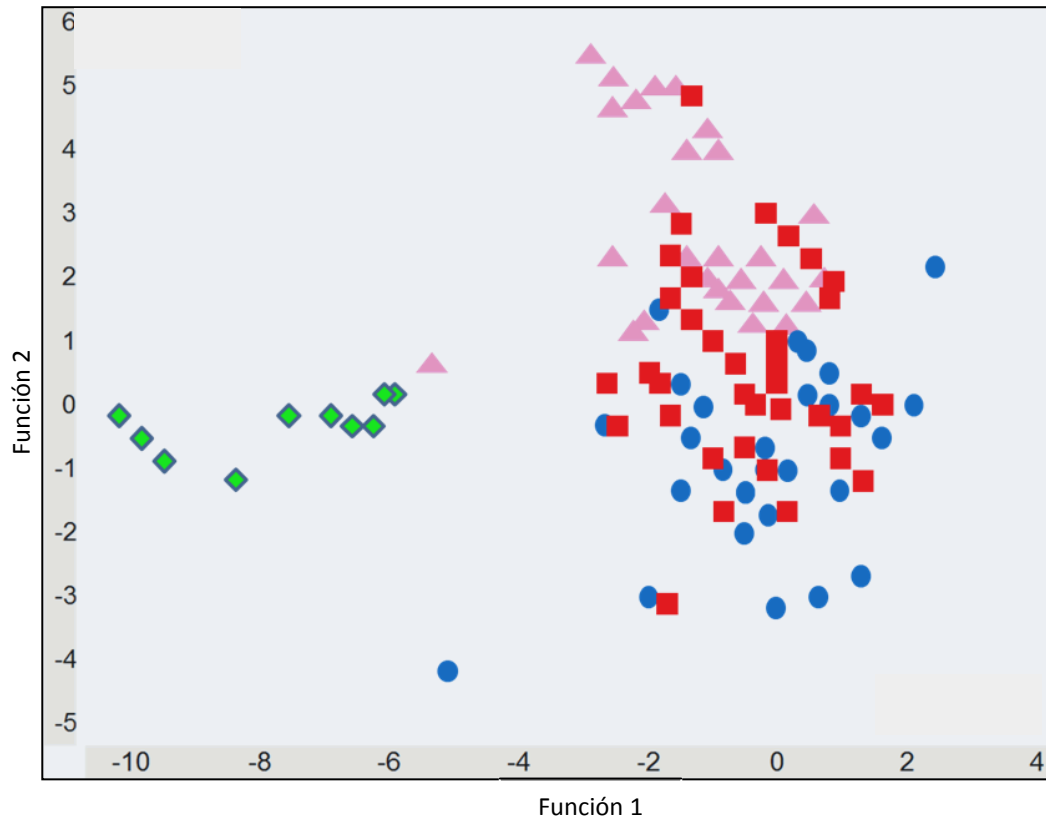


Figura 6: Representación gráfica del análisis discriminante canónico en los índices zométricos según las provincias. *Azul* : Corrientes; *Rojo*: Chaco; *Verde*: Misiones; *Rosado*: Formosa

Distribución de frecuencias y test de independencia de χ^2 de las variables cualitativas

En la **Tabla 29** se presentan las frecuencias absolutas y relativas de las variables cualitativas estudiadas.

Tabla 29 Distribución de frecuencias de variables cualitativas en cerdos criollos del NEA

Tipos de perfil	Frecuencia	Porcentaje
Rectilíneo (1)	36	28,3 %
Subconcavilíneo (2)	20	15,7 %
Concavilíneo (3)	64	50,5 %
Ultraconcavilíneo (4)	7	5,5 %
Totales	127	100 %
Forma de orejas	Frecuencia	Porcentaje
Asiáticas (1)	68	53,5 %
Ibéricas (2)	49	38,6 %
Célticas (3)	10	7,9 %
Totales	127	100 %
Colores de capas	Frecuencia	Porcentaje
Coloradas (1)	22	17,3 %
Blancas (2)	8	6,3 %
Bayas (3)	16	12,6 %
Overas (4)	39	30,7 %
Negras (5)	14	11,0 %
Manchadas (6)	28	22,0 %
Totales	127	100 %
Pezuñas	Frecuencia	Porcentaje
Pigmentadas (1)	83	65,4 %
Blancas (2)	28	22,0 %
Veteadas (3)	16	12,6 %
Totales	127	100 %
Mucosas	Frecuencia	Porcentaje
Pigmentadas (1)	97	76,4 %
No pigmentadas (2)	30	23,6 %
Totales	127	100 %
Pelos	Frecuencia	Porcentaje
Abundantes (1)	122	96,1 %
Escasos (2)	5	3,9 %
Totales	127	100 %
Mamellas	Frecuencia	Porcentaje
Ausencia (1)	115	90,6 %
Presencia (2)	12	9,4 %
Totales	127	100 %
Cantidad de mamas	Frecuencia	Porcentaje
Siete	1	0,8 %
Ocho	5	3,9 %
Nueve	3	2,4 %
Diez	25	19,7 %
Once	3	2,4 %
Doce	75	59,1 %
Trece	11	8,7 %
Catorce	3	2,4 %
Quince	1	0,8 %
Totales	127	100 %

De un modo general, realizando una apreciación global cualitativa de los animales, la población de cerdos del NEA presenta mayormente perfil frontonasal concavilíneo o rectilíneo, y orejas asiáticas o ibéricas, las capas overas y manchadas son las predominantes y las blancas son minoritarias, con pezuñas pigmentadas en su mayoría, blancas o veteadas, así como las mucosas son pigmentadas, pocos animales se presentaron con pelos escasos al igual que con mamellas. En cuanto al número de mamas la mayoría osciló entre 10 y 12.

En las **Tablas 30 a la 37** se puede ver la distribución de frecuencias absolutas y relativas para las variables cualitativas por Zona de origen de los cerdos.

En la Zona Húmeda se encontraron perfiles rectilíneos, subconcavilíneo y concavilíneos en proporciones parecidas, las orejas asiáticas e ibéricas se presentaron en idéntica proporción, las capas mayoritarias fueron las overas y manchadas, las pezuñas en su gran mayoría pigmentadas al igual que las mucosas aunque hubo una alta proporción de blancas (30 %), una pequeña proporción de animales con pelos escaso, un tercio presentó 12 mamas y el resto se repartió en proporciones bajas entre 8 y 15.

En la Zona Seca predominaron los perfiles concavilíneos seguidos por los rectilíneos, llamando la atención un 17 % de perfiles ultraconcavilíneos, con mayoría de orejas asiáticas seguidas por las ibéricas, y un 10 % de célticas, las capas mayormente overas, seguidas por las coloradas y bayas en proporciones parecidas, se encontró hasta un 30 % de mucosas no pigmentadas, así como pezuñas en su mayoría pigmentadas, seguidas por veteadas y blancas, la totalidad de animales de pelo abundante y la mitad de ellos presentó 12 mamas, seguido por una proporción importante de 10 mamas y el resto se repartió en proporciones bajas entre 7 y 13. En ambas zonas una muy baja proporción de animales presentó mamellas. El contraste de asociación χ^2 reveló que existe asociación significativa entre: el tipo de perfil, la pigmentación de las pezuñas, la presencia de pelos, la presencia o ausencia de mamelas y el número de mamas que presentan los individuos y la Zona a la que pertenecen ($p < 0.05$), no existiendo asociación significativa entre ésta y las demás variables (tipo de orejas, colores de las capas, pigmentación de mucosas).

Tabla 30 Distribución de frecuencias de los perfiles fronto-nasales según zonas

Zonas	Frecuencias	Perfiles Fronto-Nasales				Total
		Rectilíneo	Subconcavilíneo	Concavilíneo	Ultraconcavilíneo	
Húmeda	absoluta	21	14	24	2	61
	relativa	34,43	22,95	39,34	3,28	
Seca	absoluta	15	6	40	5	66
	relativa	22,33	9,09	60,61	17,58	
Totales	Total	36	20	64	7	127
	Porcentaje	28,35 %	15,75 %	50,39 %	5,51	100

Chi- cuadrado de Pearson: 9,303. $p < 0,026$, 2 casillas (25,0%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 3,36.

Tabla 31: Distribución de frecuencias del tipo de orejas según zonas

Zonas	Frecuencias	Orejas			Total
		Asiáticas	Ibéricas	Célticas	
Húmeda	absoluta	30	28	3	61
	relativa	49,18	45,90	4,92	
Seca	absoluta	38	21	7	66
	relativa	57,58	31,82	10,61	
Totales	Total	68	49	10	127
	Porcentaje	53,54 %	38,58 %	7,87 %	

Chi- cuadrado de Pearson: 3,350, p< 0,187. 1 casillas (16,7 %) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 4,80.

Tabla 32: Distribución de frecuencias de los colores de las capas según zonas

Zonas	Frecuencias	Colores de las capas					Total	
		Coloradas	Blancas	Bayas	Overas	Negro		Manchada
Húmeda	Absoluta	9	5	4	16	8	19	61
	Relativa	14,75	8,20	3,56	26,23	13,11	31,15	
Seca	Absoluta	13	3	12	23	6	9	66
	Relativa	19,70	4,55	18,18	34,85	7,09	13,64	
Totales	Total	22	8	16	39	14	28	127
	Porcentaje	17,32	6,3	12,6	30,71	11,02	22,05	

Chi- cuadrado de Pearson: 10,160, p< 0,071. 2 casillas (16,7 %) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 3,84.

Tabla 33: Distribución de frecuencias de la pigmentación de las pezuñas según zonas

Zonas	Frecuencias	Pigmentación de pezuñas			Total
		Pigmentadas	Blancas	Veteadas	
Húmeda	Absoluta	41	18	2	61
	Relativa	67,21	29,51	3,28	
Seca	Absoluta	42	10	14	66
	Relativa	63,64	15,15	21,21	
Totales	Total	33	28	16	127
	Porcentaje	65,35	22,05	12,60	

Chi- cuadrado de Pearson: 11.118, p< 0,004 0 casillas (0 %) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 7,69.

Tabla 34: Distribución de frecuencias de la pigmentación de las mucosas según zonas

Zonas	Frecuencias	Pigmentación de Mucosas		Total
		Pigmentadas	No Pigmentadas	
Húmeda	Absoluta	51	10	61
	Relativa	83,61	16,39	
Seca	Absoluta	46	20	66
	Relativa	69,70	30,30	
Totales	Total	97	30	127
	Porcentaje	76,38	23,62	

Chi- cuadrado de Pearson: 3399, p< 0,050. 0 casillas (0%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 14,41.

Tabla 35: Distribución de frecuencias de la presencia de pelos según zonas

Zonas	Frecuencias	Presencia de pelos		Total
		Abundante	Escaso	
Húmeda	absoluta	56	5	61
	relativa	91,80	8,20	
Seca	absoluta	66	0	66
	relativa	100	0	
Totales	Total	122	5	127
	Porcentaje	96,06	3,94	100

Chi- cuadrado de Pearson: 5632, $p < 0,023$. 2 casillas (50,0%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 2,40

Tabla 36: Distribución de frecuencias de la presencia de mamellas según zonas

Zonas	Frecuencias	Presencia de mamellas		Total
		Ausencia	Presencia	
Húmeda	Absoluta	57	4	61
	Relativa	93,44	6,56	
Seca	Absoluta	58	8	66
	Relativa	87,88	12,12	
Totales	Total	115	12	127
	Porcentaje	90,55	9,45	100

Chi- cuadrado de Pearson: 1.147, $p < 0,023$. 2 casillas (50,0%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 2,40.

Tabla 37: Distribución de frecuencias del número mamas según zonas

Zonas	Frecuencias	Número mamas									Total
		7	8	9	10	11	12	13	14	15	
Húmeda	absoluta	0	1	0	4	3	41	8	3	1	39
	relativa	0,00	1,64	0	6,56	4,92	32,28	6,30	2,36	0,79	30,71
Seca	absoluta	1	4	3	21	0	34	3	0	0	42
	relativa	1,52	6,06	4,55	21,82	0	51,52	4,55	0	0	
Totales	Total	1	5	3	25	3	75	11	3	1	127
	Porcentaje	0,79	3,94	2,36	19,69	2,36	59,06	8,66	2,36	0,79	100

Chi- cuadrado de Pearson: 1.147, $p < 0,023$. 2 casillas (50,0%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 2,40

En las **Tablas 38 a la 45** se presentan las distribuciones de frecuencias absolutas y relativas para las variables cualitativas por provincia de origen de los cerdos.

En **Corrientes**, aunque se pueden encontrar animales con los cuatro tipos de perfiles considerados predominan los concavilíneos mientras los rectilíneos y subconcavilíneos se reparten en idénticas proporciones, las orejas son asiáticas o ibéricas, la mayoría de las capas se presentan overas y manchadas, con predominio de pezuñas pigmentadas aunque casi el 40 % de los animales las presentó blancas.

Las mucosas fueron pigmentadas mayormente, al igual que la presencia de pelo abundante, solo un 10 % de los animales presentó mamellas y el número de mamas se distribuyeron entre 10 a 13 pero con predominio de 12.

En los Cerdos de **Chaco** los perfiles mayoritarios son concavilíneos y subconcavilíneos, las orejas son de tipo asiática en su mayoría y el resto ibéricas, las capas coloradas, bayas y negras se distribuyen bastante uniformemente, las pezuñas y mucosas pigmentadas predominan sobre el resto, los animales presentaron pelos abundantes, no se encontraron mamellas y la mitad de los animales presentaron 12 mamas y el resto se repartieron entre 10 y 13. En **Misiones** la totalidad resultó con perfil rectilíneo y orejas ibéricas, las capas negras y manchadas fueron las más encontradas, las pezuñas y mucosas son el 100 % pigmentadas, los cerdos presentaron pelos abundantes en el 60 % de la población y el resto escaso, no se encontraron mamellas y predominaron ampliamente las 12 mamas.

En **Formosa** dos tercios de los animales resultaron con perfiles concavilíneos y un tercio rectilíneos, en proporciones parecidas se repartieron las orejas asiáticas e ibéricas, aunque se halló también casi un 20 % de orejas célticas, alrededor de la mitad de las capas fueron overas y el resto entre coloradas y manchadas principalmente, la mitad de las pezuñas se presentaron pigmentadas seguidas de las veteadas y una pequeña proporción de blancas, un 60 % son de mucosas pigmentadas mientras que se encontraron un 40 % de animales con mucosas rosadas; todos presentaron abundantes cerdas, un 22 % de animales presentó mamellas, la mayoría de los cerdos presentó 12 mamas seguido por 10 y el resto se distribuyó entre 7 y 13 mamas. El contraste de asociación χ^2 reveló que existe asociación altamente significativa entre: el tipo de perfil, el tipo de orejas, el color de la capa, la pigmentación de las pezuñas, la presencia de pelos, la presencia o ausencia de mamelas que presentan los individuos y la provincia a la que pertenecen ($p < 0.0001$), asociación significativa entre las provincias y la pigmentación de las mucosas que presentan los individuos ($p < 0.05$) y no existe dicha asociación entre las provincias y el número de mamas que presentan los individuos ($p = 0,062$)

Tabla 38: Distribución de frecuencias absolutas y relativas para la variable perfil frontonasales en las cuatro provincias

Provincias	Frecuencias	Perfiles				Total
		Rectilíneo	Subcóncavo	Concavilíneo	Ultracóncavo	
Corrientes	Absoluta	10	10	17	2	39
	Relativa	25,64	25,64	43,59	5,13	
Chaco	Absoluta	4	10	23	5	42
	Relativa	9,52	23,81	54,76	11,90	
Misiones	Absoluta	10	0	0	0	10
	Relativa	100	0	0	0	
Formosa	Absoluta	12	0	24	0	36
	Relativa	33,33	0	66,67	0	
Totales	Total	36	20	64	7	127
	Porcentaje	28,35	15,75	50,39	5,51	

Chi- cuadrado de Pearson: 48,288, $p < 0,000$, 6 casillas (37,5%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 0,55.

Tabla 39: Distribución de frecuencias absolutas y relativas para la variable tipo de oreja en cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA

Provincias	Frecuencias	Orejas			Total
		Asiáticas	Ibéricas	Célticas	
Corrientes	Absoluta	24	12	3	39
	Relativa	61,54	30,77	7,69	
Chaco	Absoluta	30	12	0	42
	Relativa	71,43	28,57	0	
Misiones	Absoluta	0	10	0	10
	Relativa	0	100	0	
Formosa	Absoluta	14	15	7	36
	Relativa	38,89	41,67	19,44	
Totales	Total	60	49	10	127
	Porcentaje	53,54	38,57	7,87	100

Chi- cuadrado de Pearson: 31,563, $p < 0,000$, 6 casillas (41,7%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5, La frecuencia mínima esperada es 0,79

Tabla 40: Distribución de frecuencias absolutas y relativas para la variable color de capa en cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA

Provincias	Frecuencias	Coloradas	Blancas	Bayas	Overas	Negras	Manchadas	Total
Corrientes	Absoluta	4	3	3	12	2	15	39
	Relativa	10,26	7,69	7,69	30,77	5,13	38,46	
Chaco	Absoluta	9	5	10	7	8	3	42
	Relativa	21,43	11,90	23,81	6,67	19,05	7,14	
Misiones	Absoluta	2	0	0	0	4	4	10
	Relativa	20	0	0	0	40	40	
Formosa	Absoluta	7	0	3	20	0	6	36
	Relativa	19,44	0	8,33	55,56	0	16,67	
Totales	Total	22	8	16	39	14	28	127
	Porcentaje	17,32	6,30	12,60	30,71	11,02	22,05	100

Chi- cuadrado de Pearson: 52,701, $p < 0,000$. 14 casillas (58,3%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 0.63

Tabla 41: Distribución de frecuencias de las pigmentaciones de las pezuñas en cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA

Provincias	Frecuencias	Pezuñas		Total	
		Pigmentadas	Blancas		Veteadas
Corrientes	Absoluta	22	15	2	39
	Relativa	56,41	38,46	5,13	
Chaco	Absoluta	32	9	1	42
	Relativa	76,19	21,43	2,38	
Misiones	Absoluta	10	0	0	10
	Relativa	100	0	0	
Formosa	Absoluta	19	4	13	36
	Relativa	52,78	11,11	36,11	
Totales	Total	83	28	16	127
	Porcentaje	65,35	22,05	12,6	100

Chi- cuadrado de Pearson: 35,136, $p < 0,000$, 4 casillas (33,3%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5, La frecuencia mínima esperada es 1,26

Tabla 42: Distribución de frecuencias de la pigmentación de las mucosas de cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA

Provincias	Frecuencias	Mucosas		Total
		Pigmentadas	No Pigmentadas	
Corrientes	absoluta	32	7	39
	Relativa	82,05	17,95	
Chaco	absoluta	33	9	42
	Relativa	78,57	21,43	
Misiones	absoluta	10	0	10
	Relativa	100	0	
Formosa	absoluta	22	14	36
	Relativa	61,11	38,89	
Totales	Total	97	30	127
	Porcentaje	76,38	23,62	100

Chi- cuadrado de Pearson: 8,551, $p < 0,036$. 1 casillas (12,5%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5. La frecuencia mínima esperada es 2,36

Tabla 43: Distribución de frecuencias de presencia de pelos de cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA

Provincias	Frecuencias	Pelos		
		Abundante	Escaso	Total
Corrientes	Absoluta	38	1	39
	Relativa	97,44	2,56	
Chaco	Absoluta	42	0	42
	Relativa	100	0	
Misiones	Absoluta	6	4	10
	Relativa	60	40	
Formosa	Absoluta	36	0	36
	Relativa	100	0	
Totales	Total	122	5	127
	Porcentaje	96,06	3,94	100

Chi- cuadrado de Pearson: 37,779, $p < 0,000$, 4 casillas (50,0%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5, La frecuencia mínima esperada es 0,39

Tabla 44: Distribución de frecuencias de la presencia o ausencia de mamellas en cerdos Criollos en las cuatro provincias del NEA

Provincias	Frecuencias	Mamellas		Total
		Ausencia	Presencia	
Corrientes	Absoluta	35	4	39
	Relativa	89,74	10,26	
Chaco	Absoluta	42	0	42
	Relativa	100	0	
Misiones	Absoluta	10	0	10
	Relativa	100	0	
Formosa	Absoluta	28	8	36
	Relativa	77,78	22,22	
Totales	Total	115	12	127
	Porcentaje	90,55	9,45	100

Chi- cuadrado de Pearson :31,563, $p < 0,000$, 6 casillas (41,7%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5, La frecuencia mínima esperada es 0,79

Tabla 45: Distribución de frecuencias del número de mamas de cerdos Criollos de las cuatro provincias del NEA

Provincias	Frecuencias	Número de mamas									Total
		7	8	9	10	11	12	13	14	15	
Corrientes	Absoluta	0	1	0	4	3	23	4	3	1	39
	Relativa	0	2,56	0	10,2	7,69	58,97	10,36	7,6	2,56	
Chaco	Absoluta	0	1	3	12	0	22	4	0	0	42
	Relativa	0	2,38	7,14	28,5	0	52,38	9,52	0	0	
Misiones	Absoluta	0	0	0	0	0	9	1	0	0	10
	Relativa	0	0	0	0	0	90	10	0	0	
Formosa	Absoluta	1	3	0	9	0	21	2	0	0	36
	Relativa	2,78	8,33	0,00	25	0	58,33	5,56	0	0	
Totales	Total	1	5	3	25	3	75	11	3	1	127
	Porcentaje	0,79	3,94	2,36	19,6	2,36	59,06	8,66	2,36	0,79	100

Chi- cuadrado de Pearson: 35,445 $p < 0,062$, 29 casillas (80,6%) tienen una frecuencia esperada inferior a 5, La frecuencia mínima esperada es 0,08.

DISCUSIÓN

A raíz de la creciente concientización sobre la importancia de la conservación de los recursos genéticos locales, y dado que las bases en que se asienta la misma es su conocimiento e identidad a través de la caracterización de los mismos, trabajos de mayor o menor envergadura, se han dado a conocer en poblaciones porcinas.

En España el cerdo Negro Canario fue descrito por López Fernández y col., en 1992. Más recientemente un estudio completo de caracterización morfológica y faneróptica de animales de 8 variedades del Tronco Ibérico, inscriptos en el libro genealógico de la raza, e integrados en el núcleo de control de rendimientos de la Asociación Española de Criadores de Ganado Porcino Selecto del Tronco Ibérico (AECERIBER), fue realizado por Cabello, (2005). Asimismo en Portugal los cerdos de la población Malhado de Alcobaça fueron caracterizados por Vicente (2006) con el objeto de su reconocimiento como raza.

De los cerdos locales identificados en América se destacan los trabajos de Barba y col., (1998) quienes describieron la población de Cerdos Criollos Cubanos en la provincia de Granma. Posteriormente Velásquez Rodríguez y col., (2002) realizaron un estudio similar en explotaciones de traspatio del municipio de Bayamo y Agüero y col., (2008) evaluaron la presencia de sindactilia (casco de mula) y mamellas.

Se distingue también la caracterización de cerdos Criollos en México realizada por distintos autores, como en el cerdo Criollo Pelón localizado en diferentes sitios en ese país (Pérez y col., 2004, 2005 2006; Lemus y col., 2003; Martínez, 2006; Navarrete y col., 2006), así como en el cerdo Cuino o braquicéfalo estudiado por Cuevas y col., (2006). En el Estado de Chiapas, se iniciaron trabajos en cerdos autóctonos bajo una revisión de la apariencia externa considerando sólo el pelaje o capa (Galdámez y col., 2006).

Siguiendo prácticamente los mismos protocolos se realizaron también caracterizaciones exterioristas de cerdos locales en el Nordeste de Brasil (Silva Filha, 2006); en los estados llaneros de Apuré y Guarico, en Venezuela (Hurtado y González, 2002 y 2004); en la Provincia de los Ríos y Cotopaxi en Ecuador, (Estupiñán y col.; 2007) y en cerdos Mamellados del Uruguay (Macedo y col., 2008).

Muchos autores no consideran el peso vivo en la caracterización morfométrica debido a que se trata de la variable de mayor grado de variación medioambiental. Sin embargo es una medida útil para evaluar el ritmo de crecimiento, el estado de nutrición de los adultos y el grado de cebamiento, por lo que al contrastar valores con los hallados por otros autores, esas consideraciones deben ser tenidas en cuenta. Peso vivos muy superiores a las medias que se informan en este trabajo para los cerdos Criollos del NEA se pudieron constatar en cerdos Malhado de Alcobaça, caracterizados por Vicente, (2006) de 212 kg para hembras y

250 kg para machos, así como el valor promedio encontrado por Macedo y col., (2008) en el cerdo Mamellado del Uruguay de 180 kg. Son mayores también los valores reportados para cerdos Ibéricos por Sanz y col., (2004) que registraron pesos vivos adultos de 110 kg para todas las variedades del cerdo Ibérico, y los promedios de 140 kg en machos y 128 kg en hembras informados por Cabello, (2005) en ocho de las variedades de este tronco. Aun el promedio mínimo hallado para la variedad Mamellado de 109 kg en machos y de 98 kg en hembras de la variedad Manchado de Jabugo son muy superiores a las medias halladas en este estudio para todas las fuentes de variación consideradas.

Las diferencias para ésta variable se reducen con otros cerdos locales o Criollos de Iberoamérica, como los reportados por Rodiney y col., (2004) para el Porco Monteiro de Brasil, de 75 kg promedio y los valores similares encontrados por Silva Filha, (2006) en los cerdos locales en el Nordeste de Brasil en torno a los 81 kg que resulta algo superior a las medias de este trabajo.

Las medias halladas por Pérez y col., (2005) en el cerdo Pelón mexicano de 71,31 y 57,35 kg (en machos y hembras), son comparables a las medias de los Criollos del NEA, mientras que los 50 kg reportados por Martínez, (2006) y los 45 kg Cuevas y col., (2007), en cerdos adultos del Itzmo de Tehuantepec y en cerdos braquicéfalos de la Mixteca respectivamente podrían equipararse a los bajos pesos hallados en la provincia de Misiones en este trabajo.

Los cerdos Criollos de Ecuador y Bolivia presentaron pesos promedios análogos de 66,1 kg en los primeros (Sequeiros, 2004) y de 61 a 62 y 52 kg a 55 kg, en hembras y machos, respectivamente, para cerdos de dos regiones diferentes de Ecuador (Estupiñán y col., 2007 a y b).

La alzada a la cruz es un carácter poco influenciado por las condiciones del medio por lo que constituye un carácter morfológico muy estable de los animales en relación con las restantes medidas corporales (Díaz Montilla, 1965) por lo cual resulta adecuada para delimitar diferencias o similitudes entre cerdos provenientes de diferentes orígenes.

Cuando se estudia este parámetro en el cerdo Criollo del NEA, sucede algo similar a la comparación de peso vivo con respecto a los valores encontrados en cerdos Ibéricos y en el Negro Canario, ya que de acuerdo a los datos publicados para estos animales, sus medias resultan considerablemente superiores a las medias encontradas en los Criollos del NEA, como lo refieren, Cabello, (2005) con medias de 80 y 77 cm en machos y hembras, respectivamente, para los primeros, y López Fernández y col., (1992) con medias para el Negro Canario de 87 cm en machos y de 81 cm en hembras. También son sensiblemente inferiores a los 80 cm promedio difundidos por Macedo y col., (2008) en Cerdos Mamellados del Uruguay.

Este parámetro se presenta más consistente con promedios encontrados por distintos autores en cerdos Criollos, como en el cerdo Pelón mexicano que van de 58,49 a 64,81 cm (Pérez y col., 2005; Lemus y col., 2003; Navarrete y col., 2007), en el Criollo Cubano con medias de 67,30 y 61 cm, en machos y hembras, respectivamente (Barba y col., 1998), en cerdos Criollos de Ecuador, de 56,90 cm a 69,11 cm (Estupiñán y col. 2007 a y b) y 59,51 cm en Criollos de Venezuela (Hurtado y Gonzáles Araujo, 2004).

Aunque el largo del cuerpo o diámetro longitudinal, en general es más variable que la alzada, es una de las medidas necesarias para el conocimiento de las razas y resulta interesante su discusión ya que ésta medida se comportó con poca variación de medias en relación a otros cerdos caracterizados, con excepción del Cerdo Mamellado del Uruguay reportado con un promedio de 102,67 cm (Macedo y col. 2008) y los 115 y 128 cm de las hembras y machos Malhado de Alcobaça, informados por Vicente, (2006).

Por regla general los promedios encontrados para esta medida son equiparables a la de otros cerdos locales encontrados en la literatura, como los 76 y 71 cm, en los Criollos Cubanos (Barba y col., 1998), el rango de 77 a 85 cm reportado por diferentes autores para el cerdo Pelón mexicano (Pérez y col., 2005; Lemus y col., 2003; Navarrete y col., 2007); el largo de 75,40 a 83,33 cm de los cerdos de Ecuador (Estupiñán y col., 2007 a y b) y los 74,69 cm de los cerdos Criollos de Venezuela (Hurtado y Gonzáles Araujo, 2004).

En el cerdo cuino de México se halló un largo inferior de 59,69 cm , al igual que el cerdo Criollo de Itzmo de Tehuantepec con 63,22 cm (Martínez 2006).

La alzada a la grupa es otro carácter considerado como una de las principales variables zoométricas utilizadas en la caracterización racial en porcinos. Comparativamente a nuestros resultados, Cabello (2005) reporta medias muy superiores en las variedades del cerdo Ibérico (83 cm para machos y 81 cm para hembras). Lo mismo ocurre con los 78 y 74 cm para los dos sexos encontrados en la población Malhado de Alcobaça informados por Vicente, (2006). Asimismo entre los cerdos Criollos, los valores que más se apartan de las medias de los cerdos del NEA son los observados por Macedo y col., (2008) de 87 cm en los Mamellados Uruguayos, así como los machos del cerdo Criollo Cubano (73 cm), aunque los 66 cm de las hembras se hallan más cercanos (Barba y col., 1998).

Con excepción de las hembras criollas de la variedad Pelón y del cerdo Criollo del Itzmo de Tehuantepec en México, que arrojaron medias de 54 y 52 cm respectivamente (Pérez y col., 2005; Martínez, 2006), el resto de los cerdos locales revisados se mantienen en límites similares a los del NEA, con rangos de los 52,48 cm a 64, 68 cm en machos y hembras para el Pelón Mexicano y una media de 63,26 cm en los Criollos de Venezuela (Pérez y col., 2005; Martínez, 2006; Navarrete y col., 2007; Hurtado y Gonzáles Araujo, 2004).

Díaz Montilla, (1965), considera el perímetro torácico como una medida muy influida por la alimentación, sin embargo, se corresponde exactamente con el tamaño y forma del tronco y alcanza sus máximos valores en períodos tempranos del desarrollo del animal, por esta razón es importante a la hora de establecer comparaciones entre animales que probablemente no fueron medidos a la misma edad. En general las medias de ésta variable observadas en los cerdos del NEA, concuerdan con la mayoría de los reportes hallados para cerdos locales, con excepción del Mamellado de Uruguay, en el que Macedo y col., (2008) hallaron un perímetro torácico de 139,67 cm, muy superior a las medias de los Criollos del NEA y del cerdo Criollo de Itzmo de Tehuantepec en México, que por el contrario resulta algo inferior (72 cm). En otros cerdos Criollos ésta variable toma los siguientes valores, 100 y 88 cm en machos y hembras Criollos Cubanos, 94 y 98 cm en machos y hembras Pelón Mexicano, 84, 5 en Criollos de Venezuela, de 87 a 98cm en hembras y machos de Ecuador y 93 cm para el Pelón Veracruzano, (Barba y col., 1998, Pérez y col., 2005, Martínez, 2006, Navarrete y col., 2007, Hurtado y González Araujo, 2004).

El perímetro de la caña una de las medidas más importantes para el estudio morfológico de los animales, pues expresa en cifras el valor de su desarrollo esquelético con mayor exactitud que ninguna otra medida. En relación a ésta variable se verificó que las medidas se asemejan a las encontradas en la mayoría de la literatura revisada, aunque la mayor medida hallada en los cerdos de la Pcia. de Misiones, es inferior a los 19,92cm reportados para los cerdos Criollos de Venezuela por Hurtado y González (2002); a los 21,42 cm encontrados por Macedo y col., (2008) en el Mamellado de Uruguay, y a los 21 y 24 cm de las hembras y machos caracterizados por Vicente, (2006), mientras que la menor medida hallada en los cerdos de Corrientes es superior a los 11 cm informados por Martínez, (2006) para los cerdos mexicanos del Istmo. Otras medias reportadas oscilan entre 13 y 17 cm (Barba y col., 1998, Pérez y col., 2005, Navarrete y col., 2007, Silva Filha, 2006).

Las medidas tomadas en la cabeza son sin duda un aspecto morfológico muy variable con la raza en la especie porcina, y según Díaz Montilla, (1965), en general son de tamaño grande y larga en relación con el tamaño del cuerpo en las razas poco mejoradas, y más corta y reducida, sobre todo en la cara, en las razas perfeccionadas por el hombre. Las diferencias más señaladas se encuentran en las proporciones relativas del cráneo con la cara, pues en algunas razas el desarrollo facial es muy notable mientras que en otras predomina el desarrollo del cráneo.

La longitud promedio de la cabeza en los cerdos Criollos del NEA fue algo inferior a lo reportado para machos y hembras en cerdos Ibéricos (32 y 31,14 cm), en el cerdo Negro Canario (30,2 cm y 27,2 cm), al igual que en el cerdo Criollo Cubano (33,62 y 31,49 cm) y en

el Criollo de Venezuela (32, 05cm); en tanto una diferencia importante se advierte en dichas medidas con las informadas para el cerdo Malhado de Alcobaça (37,50 y 36,34 cm) y para el cerdo Mamellado de Uruguay (35,67) (Cabello, 2005; López Fernández y col., 1992; Barba y col., 1998; Hurtado y González Araujo, 2004; Vicente, 2006; Macedo y col., 2008). Por otro lado son concordantes con las longitudes promedio de Cerdos Criollos Mexicanos de entre 26,09 cm y 28,67 reportadas en varios estudios (Pérez y col., 2005; Martínez, 2006; Navarrete y col., 2007).

Los promedios de ancho de la cabeza de este estudio son comparables a los informados para cerdos Ibéricos (14,60 y 13,73 cm en machos y hembras), Cerdos Cubanos (15,48 cm y 14,13 cm) y Criollos Mexicanos (14,47 cm) (Cabello, 2005; Barba y col., 1998; Navarrete y col., 2007).

Al contrario, son menores los promedios reportados en el cerdo Negro Canario (13,0 y 10,7 cm en ambos sexos); el cerdo Criollo de Venezuela (10, 95 cm) y en los cerdos nativos del Nordeste de Brasil (10,51 cm), (Hurtado y González Araujo, 2004 ;Silva Filha, 2006) y muy superiores los hallados en el cerdo Malhado de Alcobaça (22,45 y 21,57 cm), así como en el Mamellado uruguayo (19,79 cm) (Vicente, 2006; Macedo y col., 2008)

Las medidas zoométricas tienen su máximo valor al juzgar a un determinado animal, pero son ineficaces para conocer las proporciones del desarrollo entre las diversas partes del cuerpo o para valorar comparativamente los caracteres presentados por dos o más animales pertenecientes a distintos grupos étnicos o tipos morfológicos (Díaz Montilla, 1965). Por tanto en términos zootécnicos los índices indican la relación existente entre dos dimensiones lineales, tratando de expresar con su uso valores concretos en la realización de una diagnosis racial o bien estados somáticos predispositivos a determinadas funcionalidades.

La tendencia a la mesocefalia en los cerdos del NEA, dada por los índices cefálico (media de 51,5) y facial (media de 56,4), los diferencian de los cerdos Ibéricos según lo informado por Cabello (2005) que encontró unas medias para los índices cefálico y facial de 45,75 y 44,30 en machos y hembras y de 68,27 y de 66,78 respectivamente, asignándole una tendencia dolicocefala y un marcado dominio de la longitud del hocico, aunque la variedad Manchado de Jabugo se manifestó más cercana a la mesocefalia con 50,33 y 48,94 en machos y hembras. Asimismo, el valor medio del índice pelviano en cerdos Ibericos, se situó en 74,43 y 73,53 en ambos sexos, consistentes con los hallados en los cerdos de éste estudio, mientras los de compacidad fueron de 57,31 y 62,42 en machos y hembras y los de de carga de la caña mostraron valores medios en machos y hembras de 12,68 y 12,93,

respectivamente, evidenciando una menor robustez del esqueleto de éstos animales frente a los Criollos del NEA que resultaron con estos índices muy superiores.

Las proporciones del cerdo Negro Canario descrito por López Fernández y col., (1992) son muy diferentes, con unos índices cefálicos de 42,97 para machos y 39,24 para hembras con lo que resultan dolicocefalos, mientras que de acuerdo al índice corporal en machos de 73,46 y de 75,62 en hembras, y al índice torácico de 73,30 en machos y 66,18 en hembras, son brevilineos, hallándose dentro de las proporciones halladas para los cerdos del NEA, y coincidentemente con escasas diferencias significativas entre sexos, por lo que no reportan dimorfismo sexual acentuado. La grupa ancha debido al elevado índice pelviano de 87,26 y 86,79 en machos y hembras, difiere también de los cerdos de este estudio.

Lima Silva, (2006) en cerdos nativos del Nordeste de Brasil, halló valores medios diferentes a los encontrados en los cerdos del NEA, entre ellos, los índices cefálico y facial de 31,18 y 39,52 respectivamente, mientras que los índices funcionales de compacidad y carga de la caña arrojaron valores medios de 52,38 y 13,91, por lo que estos cerdos no se asemejan en sus proporciones corporales a los Cerdos del NEA.

Los cerdos Criollo Cubano, también difieren en los índices cefálicos de 46 y 45, mientras muestran similitud en el índice corporal de 77 y 83, y en las medias del índice pelviano de 72 y 73, (no obstante las medias halladas para esta variables en las hembras de toda la población y las medias de la Provincia de Misiones en el NEA son inferiores) y el torácico de 68 y 73, en machos y hembras respectivamente (Barba y col., 1998).

Las analogías de las medias de los cerdos del NEA con el cerdo Pelón Mexicano se dan en el índice cefálico con valores para machos y hembras de 53,41 y 51,15 y en el pelviano de 71,75 y 75,12 en ambos sexos respectivamente, mientras que los valores son superiores para el índice corporal de 89,58 y 91,14 , (Pérez y col., 2005) aunque la media de la Pcia. de Misiones se encuentra en torno a esta cifra. Asimismo son llamativas las diferencias reportadas por Lemus y col. (2003), en dos de las tres variedades de cerdos locales encontradas en México, el Pelón y el Cuino, en el estado de Nayarit, con un índice corporal de 131,11 para el primero y 113,07 en el cuino. El cerdo Criollo de Itzmo de Tehuantepec (Martínez, 2006) se diferencia por una manifiesta dolicocefalia (índice cefálico de 45), un índice corporal de 133,32, el índice torácico de 52,5, y el pelviano de 83,49, mientras el índice de proporcionalidad de 75,66 se asemeja a los resultados medios de los cerdos del NEA. Los índices calculados por Navarrete y col., (2007) en el cerdo Pelón Mexicano Veracruzano guarda, en general, similitud en los valores reportados para el índice cefálico de 50,32, para el de proporcionalidad de 71,23, para el corporal de 89,02 (cercano a la media de los Criollos de la Pcia de Formosa), y un índice pelviano de 73,57, no así para el

torácico de 57,04 que resulta muy inferior a los de este estudio. Finalmente las diferencias encontradas con los Criollos Mexicanos se detectaron en los índices reportados por Cuevas y col. (2007), en los cerdos braquicéfalos de la Mixteca Oaxaqueña en México de 59,8 para el cefálico, 67,53; para pelviano, 84,26 para el de compacticidad, de 149,48; el corporal; 81,53 para el torácico y de 76,65 para el pelviano, siendo estos dos últimos valores los que más se acercan a las medias que aquí se informan. Estupiñán y col., (2007 b) en cerdos de Ecuador, encontraron un índice cefálico promedio de 51,13 y 51,22, el índice corporal de 87,59 y de 86,84 en machos y hembras respectivamente. Hurtado y Gonzáles Araujo, (2004) encontraron en los cerdos Criollos del estado de Apure en Venezuela un índice cefálico de 34,21; de proporcionalidad, 79,47; corporal, 88,30 y pelviano, 83,04.

En cuanto a la dispersión de los datos, aparte de los reportados por Cabello, (2005) para la mayoría de los caracteres estudiados en los cerdos Ibéricos, que presentaron un coeficiente de variación porcentual entre reducido a moderado, a excepción de los valores para peso vivo y longitud de la paleta, que superaron el umbral del 15 %, en el resto de la literatura revisada los coeficientes de variación (CV) han sido elevados en mayor o menor medida que en los encontrados en los cerdos del NEA. Entre ellos se reseñan los CV muy elevados para casi todas las variables con cifras de hasta 54,40 % para el peso vivo encontrados por Silva Filha, (2006) en cerdos locales de cinco municipios de Curimataú Paraibano, en el Nordeste de Brasil, que la autora atribuye a la posible diferencia de edades así como a la influencia del ambiente y sistemas de manejo utilizados. Barba y col., (1998), registraron en el Cerdo Criollo Cubano que la mayoría de las variables mantuvieron un coeficiente de variación menor al 15 %, a excepción del perímetro de la caña en machos con un 15,76 %, y la anchura de la grupa y perímetro torácico en hembras con 16,21 y 15,77 %, respectivamente, mientras que en diámetro bicostal superó el 21 %. Estupiñán y col., (2007 a y b) reportan para los cerdos Criollos de Ecuador altos CV, iguales a 36,64 y 34,60 para el peso vivo, así como para los índices zoométricos obtuvieron valores que variaron entre 7,65 y 28,02 en hembras y 8,21 a 25,52 en machos. Vadell, (2000) en el cerdo local uruguayo Pampa Rocha informa un CV del 21,9 % para el peso vivo y Macedo y col., (2008) reportan que en los Cerdos Mamellados del Uruguay todas las medidas resultaron con CV alto.

La heterogeneidad de las variables cualitativas encontradas en los cerdos del NEA, sin un patrón uniforme para ninguna de ellas, contrastan con los registros de Sanz y col., 2004; para todas las variedades del cerdo Ibérico en donde el perfil subcóncavo es el más frecuente, así como el mayor porcentaje de mucosas y pezuñas pigmentadas, las capas oscuras y el valor más frecuente de 5 pares de mamas (excepto la variedad Torbiscal), lo que coincide con Delgado y col., (2000) que observa en dicha variedad y en el Manchado de

Jabugo una tendencia a disponer de un número más elevado de mamas, así como una mayor variedad de perfiles (recto hasta cóncavo). Ambos autores coinciden en la frecuencia de color de la capa, aunque Delgado destaca la excepción del Manchado (capa manchada característica) y el Torbiscal, con mayor frecuencia de capas color pizarra, lo mismo ocurre con el color de las pezuñas. Este autor encontró la oreja en forma de alero de teja con mayor frecuencia, aunque observó orejas empinadas en el Portugués. En la mayoría de los animales halló pelos más o menos abundantes, excepto en el Lampiño, Entrepelado y Torbiscal. La presencia de mamellas es característica de la variedad Mamellado (Delgado y col., 2000).

Entre los cerdos Criollos, el Cubano se presenta más homogéneo en sus caracteres cualitativos ya que la mayoría son de capas negras, con dos variedades, una entrepelada (pelú), y otra lampiña (chinos), con perfil cefálico subcóncavo y orejas de posición horizontal (Barba y col., 1998, Velásquez Rodríguez y col., 2002, Velásquez y col., 2004). Agüero y col., (2008) describen la presencia de sindactilia y “mamelas” en forma individual y simultáneamente en cerdos Criollo del centro genético cubano “San Pedro”.

El resto de los cerdos Criollos encontrados en la literatura presentan características muy heterogéneas, entre estos se cuentan cerdos locales del Nordeste de Brasil que presentan en mayoría perfil subconcauíneo y orejas ibérica y céltica, Silva Filha, (2006).

Las particularidades de los cerdos en México son variables, dependiendo de su localización. Pérez y col., (2005, 2006) en 4 zonas del estado de Yucatán en México (centro, sur, este y oeste), encontraron que el 98,8% de los animales presentaron color de capa negra, 82,7% de pezuñas negras, un 11,5% de animales con mamellas, la presencia de pelo es ausente en el 54% de los animales o escaso en el 38%, un 34% presentó 10 mamas y un 19,4 presentó 8 mamas. El cerdo pelón de Nayarit es similar a esa descripción y presenta una media de 10 pezones mientras que el cerdo cuino tiene pelo color rojo grisáceo, es de tamaño pequeño y hocico corto, con 10 pezones (Lemus y col., 2003). Los colores de la capa predominantes en el cerdo Criollo del Istmo de Tehuantepec son negro, rojo o su combinación, las mucosas negras (62%) rosadas y pintas; el color de pezuñas negras (57%) y blancas; las orejas son erectas (54%) o semi-erectas; perfil frontonasal recto (60%), se lo describe con un hocico prominente por lo cual se lo conoce como trompudo en la región del Istmo Martínez (2006). En el cerdo pelón de Veracruz se encontraron frecuencias absolutas que ratificaron que no existe un ecotipo único, donde la coloración de la capa permitió agruparlo en 4 tipos, gris 87,17%, rojo 5,12%, manchado 2,5%, negro 5,1%; en este grupo, un 69,2% de animales resultaron lampiños, con un 98% de pezuñas pigmentadas, y sus orejas son erectas o semi erectas (Navarrete y col., 2007). Los cerdos braquicéfalos de la Mixteca

Oaxaqueña en México, pertenecientes a San Miguel Ixtapan, son de perfil cóncavo, orejas cortas, caídas, cerdas abundantes y largas, el color predominante es el pinto de rojo con blanco, las mucosas son rosadas y las pezuñas predominantemente negras (Cuevas y col., 2007).

Los cerdos del oeste de Bolivia son del tipo sub-cóncavo, cabeza alargada, cara larga y afilada, terminada en hocico estrecho e inclinado, con orejas pequeñas, dirigidas hacia delante y a veces rectas. Sequeiros (2004) registró un color dominante negro (62,9%), de rojo hasta amarillo (31,6%), jaspeado (1,9%), pintado o manchado (1,8%) y blanco (1,8%).

Una particularidad encontrada por Estupiñán y col., (2007 a y b) en cerdos Criollos ecuatorianos fue la asociación entre sexo y color de capa y el color de las mucosas, ya que describen una mayor frecuencia de capa colorada en hembras, mientras que en machos diversas combinaciones se encuentran (de blancos con manchas negras a amarillos), las mucosas oscuras prevalecieron en hembras y las claras en machos; en ambos sexo el color de las pezuñas fue blanco, el pelo fue de abundante a escaso, la mayor frecuencia fue de orejas ibéricas y célticas, un mayor porcentaje de perfiles rectos y algunos individuos con mamellas. Otros cerdos naturalizados en distinta localización (Cantón de Maná) presentaron perfil fronto nasal recto, pero el color de la capa, al igual que el de las pezuñas, fue heterogéneo, mientras el color de las mucosas se asoció al sexo, prevaleciendo el oscuro en hembras y el claro en machos; al igual, la mayor frecuencia de orejas ibéricas se dio en hembras y de célticas en los machos.

En los cerdos Criollos del estado de Apure en Venezuela, la característica principal entre las fanerópticas es la coloración de su capa distribuyéndose entre el negro (48%), el manchado (29,6%) y el rubio (22,2%), con presencia de pelos largos, las orejas son semi-erectas, el pelo es largo, son de pezuñas normales y no pigmentadas, (Hurtado y Gonzáles Araujo, 2004).

Otra excepción a la heterogenicidad general de los cerdos locales la constituye el Pampa Rocha de Uruguay, cuyo pelaje es negro con las patas, punta del hocico y punta de la cola blancas, perfil rectilíneo (94,4%) de los animales y orejas ibéricas (87%) con un promedio de 12 pezones (Vadell, 2000). En cambio, el otro tipo de cerdo descrito en Uruguay, el denominado Casco de Mula, es más variable, con perfil subcóncavo, piel negra, pelaje rojo (48,5%), negro (12,1%), rubio y (24,2%) blanco con manchas o faja de color; el 72,7% poseen orejas tipo ibérica y 27,3% céltica; 69,7% tienen perfil subcóncavo y 20,3% rectilíneo (Castro y col., 2005).

De todo lo expuesto se desprende que los cerdos estudiados en la Región Nordeste Argentina poseen diferencias morfológicas que demuestran la posible influencia genética

de varias razas o grupos genéticos distintos en su formación, aunque las variables zoométricas y el peso vivo y los índices indican que en líneas generales es un animal más pequeño y muy heterogéneo con respecto a los Cerdos Ibéricos, y que se asemeja en gran medida al comportamiento de las variables morfológicas e índices del colectivo de cerdos locales de Latinoamérica.

CONCLUSIONES

1. De manera general, en las variables cuantitativas morfométricas los cerdos Criollos de la Región Nordeste Argentina poseen elevados niveles de variabilidad fenotípica en la población total, mientras que los índices zoométricos son más homogéneos, exceptuando los índices de compacticidad y de carga de la caña. Esto demuestra la variabilidad existente en la funcionalidad de los individuos, producto de su probable origen multirracial y de los efectos de la adaptación a diferentes condiciones medioambientales de las distintas áreas donde han sido explotados.
2. En la población de cerdos del NEA no existe un dimorfismo sexual acentuado que permita diferenciar visiblemente las tres categorías consideradas (hembras, machos enteros y machos castrados). A pesar de haber encontrado diferencias significativas entre sexos en algunas variables morfométricas e índices, éstas se presentan aisladamente y no en el conjunto de caracteres sexuales secundarios que hacen a dicha distinción.
3. En términos zootécnicos, considerando la población total de cerdos Criollos del NEA, estos presentan un tamaño corporal de pequeño a mediano, y de acuerdo con los índices zoométricos se clasifican como mesocéfalos, brevilineos y con inclinación a la producción de carne magra antes que a la grasa.
4. La apreciación global a través de caracteres cualitativos de los animales, denota en la población de cerdos del NEA poca uniformidad, que no permite distinguirlos ya que pueden presentar perfiles frontonasales concavilíneos o rectilíneos, orejas asiáticas o ibéricas, y diversas capas (aunque las predominantes son las overas y manchadas), pezuñas pigmentadas o veteadas, mucosas pigmentadas, con abundante pelo, un número de mamas de entre 10 y 12 y algunos individuos son mamellados.
5. Los Análisis de la Varianza así como el Discriminante Canónico, basados tanto en las variables morfométricas como en los índices zoométricos, demuestran la existencia de diversidad interna en la población de cerdos Criollos del NEA demarcada por las Zonas agroecológicas de clima Subtropical Húmedo y Subtropical Seco, pudiendo

por esta causa considerarlas “ecotipos”, como así también se revelan con una diferenciación manifiesta los cerdos provenientes de la Provincia de Misiones.

6. La población de cerdos Criollos de la Zona Húmeda del NEA son de menores dimensiones que los de la Zona Seca, ya que éstos manifiestan un mayor porte y tamaño corporal.
7. De acuerdo a los índices corporales, las dos poblaciones se mantienen en la tendencia a la mesocefalia, con apariencia general brevilínea y la aptitud cárnica hacia el magro encontrada en la población total.
8. El peso vivo, la longitud de la cabeza, el ancho de tórax, el ancho de la grupa el perímetro de la caña, el ancho del jamón, el índice torácico, el índice de carga de caña, el índice facial, el índice pelviano, el índice de compactidad, el índice de profundidad relativa del pecho, el índice metacarpo-torácico y el índice cefálico, pueden ser utilizados para diferenciar las poblaciones de la Zona Húmeda y de la Zona Seca ya que son las variables de mayor poder discriminante en las mismas.
9. El tipo de perfil, la pigmentación de las pezuñas, la presencia de pelos, la presencia de mamas y el número de mamas que presentan los individuos pueden ser asociados a la zona de la cual provienen, aunque no existe homogeneidad para ninguna de dichas características.
10. En todo momento quedó clara la diferenciación existente, tanto en caracteres morfométricos como en índices, en los cerdos de la Provincia de Misiones y aunque las distancias de Mahalanobis y variables canónicas discriminantes son significativas entre las cuatro provincias, la representación espacial del análisis discriminante canónico resultó muy definitoria en ese aspecto, colocando en un espacio definido y marcadamente separado al subgrupo de Misiones.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

- AGÜERO, L.M. GARCÍA G., SANTANA I; MOLINA L. y PALACIOS M. (2008). Nota sobre la presencia de pata de mula y mamellas en cerdos Criollo cubano del centro genético "San Pedro". Revista Computadorizada de Producción Porcina Volumen 15 (número 1) : 57-59
- ANZOLA VÁSQUEZ, H. J.; SABOGAL OSPINA, R.; OWEN, A.; POVEDA HUERTAS, C.; MONCADA BUENO, A.; LEON JURADO, J. M. (2004). Cerdo Criollos Colombianos. En: Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 201-207.
- ANZOLA, H. (2000). Los animales domésticos Criollos y colombianos en la Producción Pecuaria Nacional. Colombia: ICA, CORPOICA y ASOCRIOLLO (citado por Castro, 2003).
- APARICIO SANCHEZ, G. (1960). Exterior de los grandes animales domésticos. Imprenta Moderna. Córdoba. España.
- ARIAS, D.F. (2000). El cerdo Sinda colombiano. En: V Congreso Iberoamericano de Razas Autóctonas y Criollas. La Habana, p 267.
- BARBA, C. (2004). Caracterización morfológica y productiva. En: II Curso Internacional sobre la conservación y utilización de las razas de animales domésticos locales en sistemas de explotación tradicionales. CYTED – FIRCI. Univ. Córdoba España. CD-Rom.
- CABELLO ROBLES, A. (2005). Contribución a la diferenciación morfológica de las variedades del cerdo ibérico como base para su conservación. Memoria para optar al grado de doctor en veterinaria. Universidad de Córdoba. España.
- CASTRO, G. y FERNÁNDEZ, G. (2004). Recursos genéticos porcinos de Uruguay. En: Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 87-109.
- CASTRO, G. y FERNÁNDEZ, G. (2004). Recursos genéticos porcinos de Uruguay. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 87-109.
- CASTRO, G., FERNÁNDEZ, G., DELGADO, J., RODRÍGUEZ, D. (2003). A contribution to the racial study of the Uruguayan wattled pig. Archivos de Zootecnia, 52:265-271
- CUADRAS, C. M. (1981). Métodos de análisis multivariante. Editorial Universitaria de Barcelona. Barcelona. 642 pp.
- CUEVAS, L.S.; FUENTES MASCORRO, G. (2006). Caracterización Morfoestructural del Cerdo Braquicefálico de le Mixteca Oaxaqueña. Memorias VII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Bolivia, ISBN 84-95609-49-5:101-104.

- DALTON, D. C. (1980). Introducción a la genética animal práctica. Editorial Acribia. 167 páginas.
- DELGADO, J. V., BARBA, C., DIÉGUEZ, E. y CAÑUELO, P. (2000). Caracterización exteriorista de las variedades del cerdo Ibérico basada en caracteres cualitativos. Arch. Zootec., 49: 201 – 207. Córdoba, España.
- DELGADO, J. V.; BARBA, C.; DIEGUEZ, E; CAÑUELO, P.; HERRERA, M. y RODERO, A. (1998). “Caracterización exteriorista de las variedades del cerdo Ibérico basada en caracteres cualitativos”. En: II Congreso Nacional de la Sociedad Española para los Recursos Genéticos Animales (SERGA). Mallorca. Universidad de Córdoba. España.
- DÍAZ MONTILLA, R. (1965). Ganado Porcino. Tercera Edición. Editorial Salvat. Barcelona, España. Pp: 99-121.
- ESPINOSA, C. (2006). Cerdos Criollos colombianos y porcicultura sostenible. Revista Computadorizada de Producción Porcina, 13: Suplemento 2.
- ESTUPIÑAN, K.; VASCO, D.; BARRETO, S.; SAMBRANO, K. (2007 a). Estudio Morfoestructural de una población de cerdos naturalizados en el cantón Valencia provincia de Los Ríos, Ecuador. Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Quevedo. Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:134-142.
- ESTUPIÑAN, K.; VASCO, D.; BARRETO, S.; SAMBRANO, K. (2007 b). Estudio Morfoestructural de una población de cerdos naturalizados en el cantón La Maná provincia de Cotopaxi, Ecuador. Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Quevedo. Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:166-174.
- GALDÁMEZ, D., PÉREZ, R., CORZO, J., PÉREZGROVAS, R. (2006). Caracterización racial y del sistema de cría de cerdos autóctonos en comunidades Tzeltales de Chiapas. 7º Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de recursos zoogenéticos. 76-79
- HERRERA M. (2003). Criterios etnozootécnicos para la definición de poblaciones. V Congreso de SERGA y III Congreso de SPREGA Madrid Libro de Actas 41-48.
- HURTADO E, GONZÁLEZ C. y VECCHIONACCE H. (2005). Estudio morfológico del cerdo Criollo del estado Apure, Venezuela. Zootecnia Trop. 23(1):17-26.
- HURTADO, E. (2004). Evaluación Preliminar del Cerdo Criollo y los Sistemas de Producción en los Estados Apure y Guárico de Venezuela. Tesis Doctoral en Ciencias Agrícolas. Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela. 118 p.
- HURTADO, E. y ARAUJO GONZÁLEZ, C. (2004). Aspectos generales y situación actual del Cerdo Criollo en Venezuela. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y

- uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 153-159.
- HURTADO, E; GONZÁLEZ ARAUJO, C. (2002). Aspectos generales y situación actual del cerdo Criollo en Venezuela. Publicado/Actualizado: 18 de noviembre de 2002 [Http://www.PortalVeterinaria.com](http://www.PortalVeterinaria.com)
- JAUME, J. y ALFONSO, L. (2000). The Majorcan Black Pig. En: Animal Genetic Resources Information, nº 27. FAO/UNEP. Italia.
- LEMUS, C., ALONSO, M.R., ALONSO, M. y RAMÍREZ, R. (2003). Morphological characteristics in Mexican native pigs. Archivos de Zootecnia, 52:105-108
- LÓPEZ FERNÁNDEZ, J. L; A. ARGUELLO HENRÍQUEZ; J. CAPOTE ALVAREZ y N. DARMANIN GARRIDO (1992). Contribution to the study of Black Canary pig. Archivos de Zootecnia. Vol. 41, 154 (extra), : 531-536..
- MACEDO, F.; CASTRO, G.; FERNÁNDEZ, G. (2008). Estudio preliminar de Componentes principales en características morfométricas peso vivo de una muestra de cerdos mamellados del Uruguay. IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos Zoogenéticos: 225 -259. Mar del Plata - Argentina
- MARTINEZ, J.; ALTAMIRANO, A.; MORALES, I.; FUENTES, MASCORRO, G. (2006). Caracterización Morfoestructural del cerdo del Istmo de Tehuantepec. VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba, Bolivia. ISBN 84-95609-49-5: 105-108.
- NAVARRETE, J.; MARTINEZ, J.; ALTAMIRANO, A.; MAZCOORO, G. (2006). Caracterización Morfoestructural del cerdo Pelón Mexicano en Rodríguez Clara Veracruz. VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba, Bolivia. ISBN 84-95609-49-5: 109-112
- PÉREZ, F., SIERRA, A. ORTIZ, J.R., ROMUALDO, J.G., CANUL, M.A. y GUTIÉRREZ, I.G. (2005). Caracterización zoométrica del cerdo Pelón en Yucatán, México. In: II Taller Internacional de Cerdos Criollos de Origen Ibérico. La Habana (copia digital en ISBN 959-7164-90-6)
- PEREZ, F.; SIERRA, A.C.; ORTIZ, J.R.; ORTIZ, A.M.; ROMUALDO, J.G.; CANUL, M.A. (2005). Caracterización Morfométrica del cerdo pelón en Yucatán, México. VI Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos, Chiapas, Mexico: 85-88.
- PEREZ, F.; SIERRA, A.C.; ORTIZ, J.R.; ROMUALDO, J.G.; CANUL, M.A.; GUTIERREZ, I.G. (2004). Caracterización Morfométrica de cerdas pelón en Yucatán, México. V Simposio

- Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos, Puno, Perú: 109-111
- RICO, C. y ROQUE, R. (2000). Resultados obtenidos en las pruebas de comportamiento del cerdo Criollo en Cuba. Memorias V Cong. Iberoam. Razas Autóctonas y Criollas, Nov-Dic/2000, La Habana.
- RODINEY, M; PAES, R y PEREIRA, M. (2004). Origen y utilización potencial de Porco Monteiro en el Pantanal. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. : 49-60.
- SANZ, R.; DIÉGUEZ, E. y CABELLO, A. (2004). Caracterización morfológica, productiva y reproductiva de las variedades del Cerdo Ibérico. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. : 209-217.
- SEQUEIROS, M. (2004). Los Cerdos Criollos de Bolivia. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. : 135-151.
- SIERRA, R. (1994). Análisis estadístico multivariable. Editorial Paraninfo. Madrid. 256 pp.
- SILVA FILHA, O. (2006). Caracterização da Criação de Suínos Locais no Curimataú Paraibano. Tese Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia, Universidade Federal da Paraíba, Universidade Federal Rural de Pernambuco Universidade Federal do Ceará. AREIA – PB, Brasil.
- SISSON, S. y GROSSMAN, J.D. (1979). Anatomía de los Animales Domésticos (cuarta edición). Salvat Editores. Barcelona. : 143-166
- SOTILLO, J. y SERRANO, V. (1985 a). Producción Animal. Etnología Zootécnica. Tomo I. Imp. Flores. Albacete. 403 pp.
- SOTILLO, J. y SERRANO, V. (1985b). Producción Animal. Etnología Zootécnica. Tomo II. Imp. Flores. Albacete. 296 pp.
- SPONENBERG, D.P. (1992) Colonial spanish sheep, goats, hogs, and asses in the United States. Arch. Zootec. 41 (extra): 415-419
- TORRENT MOLLEVI M. (1982). Identificación Animal. Capítulo 28 pág. 415-426. En "Zootecnia Básica Aplicada". Editorial Biblioteca Técnica AEDOS. 1ra Edición
- VELÁSQUEZ RODRÍGUEZ, F. J., H. BARRERA PÉREZ, E. CHACÓN MARCHECO, E. PINEDA PÉREZ y C. J. BARBA CAPOTE. (2002). El cerdo Criollo cubano en la jurisdicción de bayamo. Arch. Zootec – Vol 51 – Num 193 – 194 –pp: 253 – 258.

- VELÁSQUEZ, F.; C. BARBA, E.; PÉREZ-PINEDA y J. V. DELGADO. (1998). El cerdo negro Criollo cubano: origen, evolución y situación actual. Archivos de Zootecnia. Vol. 47, nº 178-179: 561-564.
- VELÁSQUEZ, R. F. y POHLAN, J. (2001). El papel de la ganadería en sistemas orgánicos del trópico latinoamericano. Capítulo II. La fruticultura orgánica en el cauca, Colombia-un manual para el campesino, pp 55-67. Shaker Verlag. Aachen. RFA.
- VELÁZQUEZ, F.J. (2008). El cerdo Criollo cubano en el desarrollo rural sostenible. Revista Computadorizada de Producción Porcina. Volumen 15 (número 1) : 29 – 32.
- VELÁZQUEZ, F. J.; PÉREZ PINEDA, R.; BARBA, C.; DELGADO V., J. V.; CHACÓN, E.; BARRERA, H.; DIÉGUEZ, F. J. y SANTANA, I. (2004). El Cerdo Criollo Cubano en la Región Oriental. Biodiversidad Porcina Iberoamericana. Caracterización y uso sustentable. Servicios de Publicaciones Universidad de Córdoba, España. Pp: 161-173.
- VICENTE, A. (2006). Caracterização do porco Malhado de Alcobaça. Tese de Mestrado em Produção Animal da Universidade Técnica de Lisboa.
- VIEITES, C.M., BASSO, L.R. (1986) Cerdos para carne. Editorial Hemisferio Sur. Primera edición, pp: 56-64 y 85-91.

CAPÍTULO II: CARACTERIZACIÓN PRODUCTIVA *POSTMORTEM*

RESUMEN

En la Región Nordeste de Argentina, frente al actual proceso de globalización, excluyente de los pequeños y medianos productores latinoamericanos, el cerdo Criollo surge como una herramienta valiosa y promisoría para la economía de las familias en el medio rural, constituyendo una fuente proteica segura, criado en sistemas respetuosos del comportamiento animal y de mínima agresión al ambiente, con posibilidades de generar un producto diferenciado. No se dispone de información sobre el comportamiento productivo de los cerdos locales en la región mientras que la garantía para la preservación de su genoma es el conocimiento de sus características para orientar la búsqueda de una vía de revalorización económica para el mismo. El objetivo de este capítulo es obtener información preliminar de las características productivas utilizadas corrientemente para valorar la canal porcina, de los Cerdos Criollos existentes en dos zonas ecológicamente diferentes de la Región Nordeste Argentina (NEA). En una muestra de 30 individuos sacrificados en granja, se estudiaron 11 variables que incluyen pesos y rendimientos de la canal y piezas nobles. Se calcularon los estadísticos descriptivos de todas las variables para la población total, luego se realizó el análisis de la varianza utilizando tres fuentes de variación diferentes: sexo, zona y provincia de procedencia de los animales, en 3 análisis independientes mediante ANOVA a una vía. Se compararon las medias ajustadas (Least Square means) (medias de mínimos cuadrados) utilizando el test LSD. Para todas las inferencias se estipuló $\alpha = 5\%$. Se concluye que los pesos al sacrificio, los pesos de jamones y paletas así como los rendimientos de canales y partes nobles, son inferiores a los de los cerdos de razas definidas y selectas e incluso a los de otros cerdos Criollos. Los cerdos pertenecientes a la Zona Subtropical Seca aparecen significativamente diferentes de los localizados en la Zona Subtropical Húmeda por su superioridad en cuanto a los pesos al sacrificio, peso de la canal, de jamones, de paletas y partes nobles así como por los menores rendimientos de canal y partes nobles. Existe diferenciación significativa de los cerdos pertenecientes a las distintas provincias dado por los mayores pesos vivos al sacrificio, pesos de la canal, pesos totales de jamones, así como pesos totales de piezas exhibidos por los animales faenados en las Provincias de Chaco y Formosa y los mayores rendimientos de piezas nobles de los cerdos faenados en la Provincia de Corrientes. No existe la marcada diferenciación esperada en los caracteres de la canal de los machos

castrados, enteros y hembras. La puesta en valor de los productos cárnicos y derivados de los cerdos Criollos del Nordeste Argentino constituye una contribución importante para garantizar su conservación por lo que se espera un estudio más pormenorizado de su producción cárnica.

Palabras claves: Cerdos Criollos, conservación, rendimientos, canal, Nordeste argentino.

ABSTRACT

In the Northeast Region of Argentina (NEA), where the current globalization process precluding of small and medium agricultural producers in Latin America, the Creole pig emerges as a valuable and promising tool for the economy of families in rural areas, providing a safe protein source, raised in respect of schemes of minimal animal behavior and aggression to the environment with a great potential to generate a differentiated food product. There is no information of the productive performance of local pigs in the region, despite the fact that the warranty of preserving their genome is the knowledge of their characteristics, to guide the search for an economic upgrade path for it.

The purpose of this chapter is to obtain preliminary information on the production characteristics commonly used to assess the swine carcass, of Creole pigs in two different ecological areas of the NEA. Eleven *postmortem* variables were studied in a sample of 30 individuals slaughtered on farm, including weights and yields of carcass and nobles parts. Descriptive statistics were calculated for the whole variables for all population. After that a one way ANOVA was done, using three variation sources: sex, province and zone. By using LSD test, Least Square means were compared. $\alpha = 5\%$ was stipulated for all inferences. In conclusion, live body weights at slaughter, the weight of major joints in the carcass (pork ham and pork shoulder) and pork carcass yields are lower than those of selected pigs' breeds and even the other Creole pigs reported in other countries. Pigs belonging to the Subtropical Dry Zone are significant differences from those located in the Wet Subtropical Zone by their superiority, in terms of slaughter, carcass, ham, arm, and total joint in the carcass weights as well as by lower carcass joints ' yields. There is significant differences between pigs belonging to different provinces by higher live body weights at slaughter, carcass weights, total weights of hams, and total weights of carcasses showed by the slaughtered animals in Chaco and Formosa provinces and major joints in the carcass yields of pigs slaughtered in Corrientes province. There is no remarkable differentiation in carcasses characteristics of castrated males, entire males and females. Meat products valuation from Northeast Argentine Creole pigs is an important contribution to their preservation.

Key words: Creole pigs, conservation, carcass, yeilds Argentinean Northeast

INTRODUCCIÓN

El cerdo constituye una importante fuente de proteína de alta calidad en la dieta de muchos países, y la producción porcina actual está basada en la utilización de híbridos comerciales obtenidos de razas o líneas raciales seleccionadas y especializadas en algún carácter.

Hasta 1950 la producción porcina en el Sur de Europa estaba basada esencialmente en razas nativas criadas en sistemas extensivos a menudo en ecosistemas específicos de tierras arboladas (Vicente y Alés, 2006). La intensificación de la agricultura que tuvo lugar luego de ese período provocó grandes cambios en la cría de cerdos, con el reemplazo de los sistemas tradicionales por sistemas intensivos basados en un reducido número de razas exóticas mientras las nativas fueron progresivamente abandonadas y virtualmente extinguidas (Gama, 2006).

Sin embargo la canal porcina vigente adolece de falta de cualidades que poseían los cerdos explotados en otro tiempo y que en la actualidad han desaparecido o están en vías de hacerlo. La utilización de estas razas autóctonas en las líneas de hibridación como transmisora de características deseables en calidad de carne es una vía para la conservación de la raza en pureza y una forma de ser utilizada por los ganaderos una vez que la demanda de los industriales lo exija (Poto, 2000).

En Europa una de las principales líneas de la Política Agraria Común (PAC) centra sus esfuerzos en la recuperación y conservación de las razas porcinas locales (Barba y col., 2000). Del mismo modo, algunos países iberoamericanos recientemente también se han sensibilizado en la protección y fomento de sus poblaciones criollas (autóctonas), como base de un desarrollo rural sustentable de forma compatible con el mantenimiento del medio ambiente y la biodiversidad con lo que en las últimas dos décadas en América Latina, se ha ido generando conciencia de la importancia de preservar los recursos genéticos animales (Vadell, 1997). En este proceso, es innegable una cierta influencia de España, debido a la buena posición alcanzada por el cerdo ibérico, que entre otros factores que han contribuido a su rescate, se cuenta la elaboración de derivados cárnicos de alta calidad con precios diferenciados (Hernández, 1996).

De la población total de cerdos en el ámbito mundial se tienen estimaciones de que aproximadamente entre 25% a 35% podrían ser razas locales. Dichas razas en muchos casos no están bien definidas ni caracterizadas, pero indudablemente constituyen una gran base para los programas de cruzamiento (Méndez Medina, 2002).

En la Región Nordeste de Argentina, frente al actual proceso de globalización, excluyente de los pequeños y medianos productores latinoamericanos, el cerdo Criollo surge como una herramienta valiosa y promisoría para la economía de las familias en el medio rural, constituyendo una fuente proteica segura, criado en sistemas respetuosos del bienestar animal y de mínima agresión al ambiente, con posibilidades de generar un producto diferenciado.

Tradicionalmente estos animales se crían en típicas explotaciones familiares de traspatio, y los objetivos de producción son el autoconsumo, y el ahorro, es decir, disponer de un bien que puede ser vendible fácilmente. Los productos que se obtienen son la carne y grasa que no entran el circuito comercial industrial, sino que todo el proceso se realiza en el mismo establecimiento rural, incluyendo la faena, el despiece y, cuando se requiere, la comercialización.

Aunque no se dispone de información sobre el comportamiento productivo de los cerdos locales en la región, la garantía para la preservación de su genoma se basa en la conservación, y en la búsqueda de una vía de revalorización económica para el mismo.

Las distintas técnicas elegidas en un programa de conservación dependen del objetivo específico del programa y éste puede tener objetivos asociados a las demandas futuras del mercado, garantía de variabilidad que posibilite futuros cambios en la producción, valor socio-económico, oportunidad de uso en la investigación, valor cultural, histórico o ecológico.

Entre los cuatro niveles de actuación definidos por la FAO para planificar una descripción o caracterización completa de los recursos genéticos, se encuentra un mayor conocimiento genético y económico de las cualidades únicas de las razas, su caracterización morfológica y productiva con objeto de desarrollar estrategias que hagan un mejor uso de estas características a corto y largo plazo.

Por tanto, la siguiente fase en la caracterización de los cerdos Criollos debe abordar los aspectos productivos en sus distintas etapas, de manera que este conocimiento constituya una línea de trabajo con objeto de mantener esta variabilidad genética que contribuya al mantenimiento de estas poblaciones en su medio natural y la producción de alimentos genuinos y naturales.

El trabajo que aquí se propone supone una iniciativa pionera, que se desarrolla en Argentina y en especial en el NEA, para conseguir una aproximación a la caracterización funcional de los cerdos Criollos y la posible diferenciación productiva con objeto de favorecer su conservación.

Caracterización Productiva

La caracterización productiva de los porcinos consta de dos fases definidas, las medidas observadas *antemorten* que se consideran en el animal vivo y otro grupo de variables productivas configurado por las variables *postmortem*, que son aquellas que se toman después del sacrificio de los animales.

Las principales variables de este grupo serían el peso al sacrificio, el peso de los distintos tipos de canal (en caliente, a las 24h, etc.), rendimiento a la canal, pesos absolutos y relativos de las diferentes partes de la canal, piezas o cortes comerciales.

El peso vivo de sacrificio se puede considerar en granja, o bien en matadero y en función de un tipo u otro, al calcular posteriormente el rendimiento de la canal se considera como rendimiento ganadero o bien como rendimiento de matadero (Barba, 1999).

Por otra parte, en el sacrificio se reconoce el peso de la canal en caliente o bien el peso a la canal en frío, definiéndose este último como el peso observado una vez pasadas 24 horas del sacrificio con las correspondientes pérdidas por el oreo.

Según el Reglamento EU nº 3220/84 por el que se determina el modelo comunitario de la clasificación de las canales de cerdo se entiende por canal de cerdo *“el cuerpo de un cerdo sacrificado, sangrado y eviscerado, entero o dividido por la mitad, sin la lengua, las cerdas, las pezuñas y los órganos genitales, pero con la manteca, los riñones y el diafragma”*.

Según la ex-Junta Nacional de Carnes, (1.983), en Argentina, *“se entiende por res o canal porcina al remanente del cuerpo del animal una vez sacrificado, sangrado, pelado, y eviscerado y separado los genitales, las pezuñas y la lengua”*. Según los requerimientos comerciales o exigencias higiénico-sanitarias se pueden separar de la res: la cabeza sin papada, la cabeza con papada, los riñones, la grasa perirenal, la cola, las patas delanteras y las patas traseras.

La mayoría de los cerdos de faena no proceden de razas puras sino de cruzamientos de éstas obtenidos a su vez mediante esquemas de selección y cruzamientos de líneas de diferentes razas especializadas en uno o varios caracteres. En un estudio realizado sobre 5 cruzamientos diferentes en los que intervinieron las razas más utilizadas como la Landrace, Duroc y Large White, Blasco y col., (1994) (Citado por Ciria, J. y Garcés) encontraron pesos de sacrificio de 97 kg y edades entre 158 y 170 días de vida.

Según Poto, (2000), el peso de la canal porcina ha sufrido gran variación en los últimos 50 años pasando de canales muy pesadas con alto contenido en grasa, a canales magras. Ello es debido a una serie de factores entre los que se destaca la utilización de razas europeas que convierten los alimentos con mayor eficiencia. Dicha alternativa ha relevado a las razas autóctonas adaptadas al pastoreo y a ciclos largos de cebo hasta ponerlas en grave peligro

de desaparición. Otros factores que favorecieron el consumo de cerdos sacrificados a edades tempranas con mayor peso vivo y menor contenido graso fue el rechazo de estos productos por motivos dietéticos y de salud.

Actualmente la obtención de productos cárnicos de calidad se basa en la recuperación de cerdos autóctonos con mayor edad y peso al sacrificio como los que se obtenían en el pasado o actualmente con el cerdo Ibérico.

Al comparar los rendimientos de la canal de distintas especies se encuentran muchas diferencias a favor de las porcinas debido a que en ésta, la piel y la cabeza forman parte de ella. El rendimiento de la canal se refiere al coeficiente entre el peso de la canal en oreo y el peso vivo al sacrificio del animal siendo este mayor o menor dependiendo de la inclusión o no de la cabeza (Aparicio Macarro 1968)

El despiece de la canal porcina, es considerado como el conjunto de piezas cárnicas que se obtienen después de someter a la canal a un periodo de oreo. Se destinan a la comercialización y posterior consumo en fresco o a ser transformadas en productos cárnicos que aumentan su valor económico, su vida útil, su facilidad culinaria o su valor alimenticio.

Debido a los diferentes hábitos de consumo y a los distintos procedimientos de transformación de la carne se pueden contemplar distintas formas de realizar el despiece aunque la unificación de ciertos criterios de mercado estableció un despiece normalizado para la comercialización de carnes de cerdos magros destinados al consumo de carne fresca.

Gispert y Diestre (1999) refieren un despiece normalizado compuesto por 17 piezas diferentes. Teniendo en cuenta el valor económico serían consideradas piezas nobles aquellas de mayor valor comercial entre las que se encuentran el jamón, el costillar que comprende al lomo, el filete, la cabeza del lomo y la paleta o espalda. Estos autores no hacen mención del solomillo, pieza altamente cotizada, en cerdos que producen canales no tan magras.

Las piezas cárnicas de menor valor son las que presentan mayor cantidad de grasa o hueso y su cotización es la más baja. Dentro de estas se encuentra el tocino dorsal, la panceta, la papada, la cabeza y los miembros. Otros autores estudiando razas porcinas autóctonas consideran piezas nobles a las que tienen mayor valor económico por destinarse a la transformación.

Poto, (2002) describe las siguientes piezas cárnicas:

Jamón: Articulación sacrocoxal sección transversal de la musculatura a nivel del espacio lumbosacro y vertical hasta el pliegue de la babilla, independizándola de su unión a las

paredes del abdomen. Se recorta el exceso de piel y grasa dejando cubierta la musculatura externa, se elimina la grasa pélvica.

Tocino: Se separa junto con la piel la grasa subcutánea de los músculos así como la mitad de la columna vertebral y de las costillas hasta una línea trazada entre el punto medio del borde caudal de la escápula y la rótula a la altura del pliegue de la babilla.

Panceta: Se prepara con toda la parte inferior restante y se corresponde con las paredes costal y abdominal. Se eliminan los restos óseos contenidos en el costillar.

Cabeza del Lomo y lomo: forman parte del costillar, pieza resultante una vez retirado el cuello desde el borde craneal de la primera costilla. Estas piezas se separan de las costillas y de los restos vertebrales dorsolumbares integrando una sola pieza.

El lomo se obtiene seccionando perpendicularmente la parte caudal de la cabeza del lomo y está conformado por la mayor parte del músculo *longissimus* lumbar. La cabeza de lomo se considera como pieza individual o como magro de primera.

Solomillo: Se obtiene del trayecto abdominal y pélvico de los músculos psoas menor, íleo psoas y cuadrado de los lomos, se retiran las fascias de recubrimiento y se seccionan sus inserciones coxales y femorales.

Magro de primera: Musculatura que une la parte proximal del miembro pelviano con el dorso y el abdomen y las zonas torácicas craneales que no integran la cabeza del lomo ni de la paleta y los músculos de la parte alta del cuello cercano a la unión con el tórax .

Magro de segunda: Todas las masas musculares no incluidas hasta ahora (músculos del cuello y el pecho, intercostales e intervertebrales). De la cabeza se extrae la careta (piel y subcutáneo que la protege junto con las orejas), la carne de la cabeza y los huesos de la cabeza. Lengua y grasa subcutánea o papada.

Huesos: Todas las estructuras óseas no incluidas en las restantes piezas

Barba (1999), considera piezas nobles, los jamones, las paletas y los lomos en las distintas variedades del cerdo ibérico. El cerdo Celta contiene una mayor variedad de piezas, considerando el solomillo, el magro de primera y de segunda, los huesos, el espinazo, el rabo y la denominación regional de lacón (Sánchez y col., 2001). Para el cerdo Pío Negro o raza porcina Vasca según Iriarte y Alfonso, (2000), el despiece comprende al lomo, solomillo, jamones, paletas, cabezada, costilla y tocino.

Para el Manchado de Jabugo (variedad del cerdo Ibérico) las piezas más apreciadas son los jamones y paletillas por lo que Forero y col., (2001) solamente estiman estos rendimientos. Los valores de piezas nobles y grasas varían dependiendo del tipo de cerdo en los distintos estudios y sobretodo del peso al sacrificio. Los destinados a la preparación de piezas transformadas como jamones, paletas y lomos presentan un mayor peso al sacrificio.

Para la Junta Nacional de Carnes en Argentina (Vieites, y Basso, 1986) las piezas más importantes son:

Jamón con hueso, con cuero, corte largo: corte que limita hacia antero-superior con el costillar, hacia anterior o interiormente con el lomo, hacia el antero-inferior con la panceta y hacia posterior con la pata trasera. Base ósea: tarso, tibia, peroné, fémur y hueso coxal. Se efectúa un corte que comienza a la altura del ganglio precruval, se dirige hacia delante y arriba, pasa en línea recta a nivel del ala del ilion, llega hasta la parte inferior del sacro, dirigiéndose hacia atrás en forma convexa. Luego con sierra a nivel del tarso se procede a extraer la pata trasera;

Paleta con hueso, con cuero: corte que limita hacia antero-superior con la bondiola, hacia posterior y superior con el costillar, hacia superior con el tocino e interiormente con el pechito. Base ósea: carpo, radio, cúbito, húmero, escápula. Se realiza un corte, que comienza a la altura de la axila y se dirige hacia arriba, separando por medial la paleta de las porciones anteriores del pechito y costillar, a las que se halla unida por aponeurosis. Luego, el corte continúa por el borde posterior del músculo tríceps hacia arriba hasta alcanzar el ángulo posterior de la escápula. A continuación, sigue hacia delante y abajo bordeando cartílago escapular y escápula hasta la articulación escapulo humeral;

Costillar con hueso, sin lomo: corte que limita hacia anterior con la paleta y con la bondiola, hacia superior con el tocino, hacia la inferior con la panceta y el pechito y hacia la posterior con el jamón. Base ósea: primera a sexta vértebras lumbares, tercera o quinta a décimo cuarta vértebras dorsales y porciones de las correspondientes costillas. Se procede a efectuar un corte con sierra perpendicular a la columna vertebral y a la altura de la articulación lumbo sacra, luego otro corte de igual dirección del primero hasta el tercero o cuarto espacio intercostal. Seguidamente se efectúa un corte a sierra paralelo a la columna vertebral a distancia variable del plano medio, que une el primero y el segundo de los cortes antes descritos;

Bondiola sin hueso: corte que limita hacia anterior con la cabeza, hacia posterior con el costillar y el tocino, y hacia posterior inferior con la paleta. Luego de extraída la porción correspondiente al manto de grasa que cubre esta zona, se procede a seccionar mediante un corte perpendicular a la columna vertebral a nivel del tercer espacio intercostal y a continuación con cuchillo se separa de la masa muscular las porciones de las tres primeras vértebras dorsales y las cinco últimas vértebras cervicales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Con el fin de obtener una aproximación de las características productivas de los cerdos Criollos del NEA, se abordó la caracterización basada en el comportamiento al sacrificio; para lo cual se utilizaron 30 cerdos Criollos adultos, sin antecedentes inmediatos de cruzamientos con sangres exóticas, con edades comprendidas entre 1 y 3 años, de diferentes sexos (hembras, n = 12; machos enteros, n = 4 y machos castrados, n = 14) pertenecientes a explotaciones familiares de las provincias de Corrientes, Chaco y Formosa (10 cerdos de cada provincia).

Para el estudio de las variables *postmortem* se adquirieron animales destinados a faena por sus propietarios para consumo y/o venta. Todo el proceso de faena, escaldado, despiece, y pesajes fue efectuado en el mismo establecimiento rural en absolutas condiciones de campo sin instrumental de precisión y por lo tanto toda la evaluación se realizó con la res “en caliente”, es decir sin oreo previo, haciendo especial hincapié en las piezas nobles de la canal (**Fotos 38 y 40**). Las variables estudiadas son:

1. Peso vivo al sacrificio (PV): a pesar de que no es *postmortem* es una variable necesaria de registrarse y se tomó con balanza romana.
2. Peso de la canal o de la res (PCA): se entiende por peso de la res, carcasa o canal porcina al peso tomado del remanente del cuerpo del animal una vez sacrificado, sangrado, pelado y eviscerado. Expresado en kg.
3. Rendimiento de la res (RTOCA): expresado como el cociente entre la res o la canal y peso vivo al sacrificio y se expresa en porcentaje.
4. Peso de cortes comerciales (sólo se efectuaron cortes principales según el protocolo de la ex Junta Nacional de Carnes de Argentina) y su rendimiento:
 - a) Jamón izquierdo y derecho por separado y totales (JIZ), (JDE) y (JTO): Los jamones totales son la sumatoria del peso de ambos jamones. Expresado en kg.
 - b) Paleta izquierda y derecha por separadas y totales (PIZ), (PDE) y (PTO). Paletas totales son la sumatoria del peso de ambas paletas. Expresado en kg.
 - c) Peso total de jamones y paletas (PNTOT): Es la sumatoria del peso de jamones totales y paletas totales expresado en kg.

- d) Rendimiento de jamones y paletas totales (RTOPN): Se calcula como el cociente entre la sumatoria de los pesos de los jamones totales y las paletas totales, y el peso de la canal. Expresado en porcentaje.

Tratamiento estadístico de los resultados

Con los datos finales resultantes se emplearon diversas opciones del paquete informático, SPSS versión 11.5 donde se desarrollaron los siguientes análisis estadísticos:

Cálculo de los principales estadísticos descriptivos

Se calcularon los estadísticos descriptivos generales en el total de la muestra incluyendo el promedio como estadístico de tendencia central y los estadísticos dispersivos, desvío estándar, máximo, mínimo, error estándar y coeficiente de variación, consignándose el tamaño muestral en cada caso (n).

Análisis de la Varianza.

Se realizó el ANOVA a una vía a fin de detectar para cada variable la homogeneidad estadística en el grupo. Se aplicó a cada variable un modelo simple de efectos principales, ajustado a la siguiente ecuación:

$$Y_{ij} = \mu + V_i + e_{ij}$$

donde,

Y_{ij} = es una observación del individuo "j" procedente del sexo, o la provincia, o la zona "i".

μ = media de la población

V_i = efecto principal del sexo, o la provincia o la zona "i"

e_{ij} = error residual

Se utilizó la inferencia estadística para la comparación de los animales agrupados, por sexo, por provincia y por zona separadamente. A continuación se compararon las medias ajustadas (LSM) usando el LSD test. Se estipuló un $\alpha = 0,05$.

RESULTADOS

Estudio de los estadísticos descriptivos de variables postmortem

En la **Tabla 46** se muestran los estadísticos descriptivos de las variables *postmortem* en el total de la muestra estudiada donde se observan animales con un peso medio y rendimiento de la canal de 68,56 kg y del 74,26% respectivamente. Asimismo, se señalan pesos medios en jamones de 13,63 kg y pesos medios en paletas de 9,19 kg lo que supone un rendimiento de jamones y paletas totales o de partes nobles de 33,86 % sobre la canal.

En cuanto a la medida de dispersión de los datos, los resultados indican una considerable homogeneidad en el total de la muestra estudiada, ya que el grado de variación expresado en coeficiente de variación porcentual exceptuando el peso vivo al sacrificio y el peso de la canal (que exceden el 15%), está comprendido en un intervalo que oscila entre el 6,90 y 16,74 %.

Tabla 46: Estadísticos descriptivos de variables cuantitativas postmortem en la muestra total de cerdos del NEA

VARIABLE	N	Media	D.E ±	Mín.	Máx.	C. V. %	E. E.
PV (kg)	30	93,26	22,22	50	126	23,83	4,05
PCA (kg)	30	68,56	14,28	41	96	20,83	2,60
RTOCA (%)	30	74,26	5,13	65,08	82	6,90	0,93
JIZ (kg)	30	6,81	0,99	3,80	8	14,64	0,18
JDE(kg)	30	6,82	1,10	3,90	8,50	16,21	0,20
JTO(kg)	30	13,63	2,08	7,70	16,50	15,29	0,38
PIZ (kg)	30	4,63	0,77	3	6	16,74	0,14
PDE (kg)	30	4,56	0,65	3	5,90	14,33	0,11
PTO (kg)	30	9,19	1,40	6	11,90	15,31	0,25
PNTD (kg)	30	22,82	3,31	13,70	28	14,51	0,60
RTOPN (%)	30	33,86	3,90	29,06	43,30	11,53	0,71

(PV): Peso vivo al sacrificio; (PCA): Peso de la canal; (RTOCA): Rendimiento de la res; (JIZ): Jamón izquierdo; (JDE): Jamón derecho; (JTO): Jamones totales; (PIZ): Paleta izquierda, (PDE): Paleta derecha por separadas; (PTO): Paletas totales; (PNTD): Peso total de jamones y paletas; (RTOPNC): Rendimiento de jamones y paletas totales

Análisis de la varianza

Para comparar los individuos en función de los efectos principales Zona (Húmeda y Seca), Provincia (Corrientes, Chaco y Formosa) de donde provenían los animales, y Sexo (hembra,

macho entero y macho castrado) se realizó el ANOVA a una vía para todas las variables *postmortem*, cuyos resultados se presentan en la **Tabla 47**.

Para el efecto Zona resultaron con diferencias significativas 8 variables (PV, PCA, RTOCA, PDE, PIZ, PTO, PNTD y RTOPN), para el efecto Provincia, sólo 4 variables (PV, PCA, RTOCA y RTOPN), al igual que para Sexo (PV, RTOCA, PDE, PTO).

Tabla 47: Resultados del ANOVA para cada una de las variables *postmortem*. Efectos principales de zona, provincia y sexo

VARIABLE	r ²	Fuente	GL	F	P
PV	0,38	Zona	1	17,75	0,000
	0,47	Pcia.	2	12,22	0,000
	0,25	Sexo	2	4,68	0,017
PCA	0,27	Zona	1	10,44	0,003
	0,33	Pcia.	2	6,65	0,004
	0,13	Sexo	2	2,18	0,131
RTOCA	0,38	Zona	1	16,28	0,000
	0,65	Pcia.	2	25,62	0,000
	0,42	Sexo	2	10,13	0,000
JIZ	0,082	Zona	1	2,51	0,124
	0,17	Pcia.	2	2,86	0,074
	0,06	Sexo	2	0,94	0,399
JDE	0,12	Zona	1	4,02	0,054
	0,17	Pcia.	2	2,90	0,072
	0,08	Sexo	2	1,24	0,303
JTO	0,10	Zona	1	3,31	0,079
	0,17	Pcia.	2	2,94	0,069
	0,07	Sexo	2	1,11	0,342
PIZ	0,13	Zona	1	4,44	0,044
	0,10	Pcia.	2	1,59	0,222
	0,18	Sexo	2	3,13	0,059
PDE	0,19	Zona	1	6,75	0,014
	0,13	Pcia.	2	2,17	0,133
	0,22	Sexo	2	3,91	0,032
PTO	0,16	Zona	1	5,60	0,025
	0,12	Pcia.	2	1,87	0,172
	0,21	Sexo	2	3,61	0,040
PNTD	0,14	Zona	1	4,67	0,039
	0,17	Pcia.	2	2,80	0,078
	0,13	Sexo	2	2,029	0,151
RTOPN	0,28	Zona	1	11,026	0,002
	0,36	Pcia.	2	7,690	0,002
	0,06	Sexo	2	0,907	0,415

(PV): Peso vivo al sacrificio; (PCA): Peso de la canal; (RTOCA): Rendimiento de la res; (JIZ): Jamón izquierdo; (JDE): Jamón derecho; (JTO): Jamones totales; (PIZ): Paleta izquierda, (PDE): Paleta derecha por separadas; (PTO): Paletas totales; (PNTD): Peso total de jamones y paletas; (RTOPN): Rendimiento de jamones y paletas totales

Test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD)

En las **Tablas 48, 49 y 50** se presentan las medias ajustadas (LSMeans) y el resultado de los test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) aplicado para los tres efectos principales considerados.

Para la VI Zona las medias para los pesos al sacrificio, de la canal, jamones y paletas evaluados son superiores en los cerdos de la zona Seca, aunque los respectivos rendimientos son inferiores que en la zona Húmeda. De las ocho variables *postmortem* que mostraron diferencias significativas, seis de ellas resultaron favorables a la Zona Seca, todas relativas a pesos (peso vivo al sacrificio, peso de la canal, peso de la paleta izquierda, peso de la paleta derecha, peso total de paletas, y peso total de piezas nobles) mientras que las dos restantes relativas a rendimientos (de la canal, y de piezas nobles totales) son favorables a la Zona Húmeda.

Al evaluar las medias ajustadas por Provincia donde se faenaron los cerdos, se puede notar claramente que los cerdos de la Provincia de Formosa muestran notable superioridad en los pesos vivo al sacrificio y peso de la canal, mientras que los pesos totales de las piezas nobles no difieren demasiado con los obtenidos en los cerdos de la Provincia de Chaco, aunque son superiores en éstas a los de Corrientes. Sin embargo los rendimientos de canal así como los de partes nobles son superiores en la Provincia de Corrientes. Las diferencias significativas se dieron en 8 variables, y los resultados fueron favorables para el subconjunto homogéneo formado por Chaco y Formosa sobre Corrientes para las variables peso vivo al sacrificio y peso de la canal, mientras las variables rendimiento de pieza nobles arrojó diferencias significativas favorable a Corrientes, sobre las otras dos, en tanto el rendimiento de la canal mostró diferencias significativas en las tres provincias, con valores decrecientes para Corrientes, Chaco y Formosa .

Por su parte los valores superiores del peso de las partes nobles totales, del jamón derecho, el izquierdo y jamones totales, de Formosa se hallaron con diferencias significativas con Corrientes que resultó con los valores inferiores para este parámetro, mientras Chaco, es significativamente diferente de ésta provincia con valores superiores.

En cuanto a las medias según sexo, se observa que las medias de pesos vivos antes del sacrificio y peso de la canal son sensiblemente superiores en los machos castrados y las inferiores en las hembras sin embargo los rendimientos de las canales se dan en forma inversa, los mayores en éstas y los inferiores en los machos castrados. Los pesos medios en jamones y pesos medios en paletas son apenas superiores en machos castrados, sin embargo los rendimientos de estas variables son superiores en machos enteros.

Las diferencias significativas entre sexos se dieron en el peso vivo al sacrificio a favor de machos castrados, en el rendimiento de la canal favorable a hembras, mientras que las diferencias entre macho castrados y enteros son significativas para paleta izquierda, y la diferencia entre machos castrados y machos enteros y hembras son significativas en paleta derecha y paletas totales favorables a machos castrados.

Tabla 48: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variable postmortem por Zona en cerdos Criollos del NEA

Variable	Zona Húmeda (n = 14)		Zona Seca (n = 16)	
	Media	E.E	Media	E.E
PV	78,71 ^b	5,06	106 ^a	4,13
PCA	60,74 ^b	3,62	75,41 ^a	2,8
RTOCA	77,54 ^a	0,94	71,40 ^b	1,15
JIZ	6,51 ^a	0,30	7,07 ^a	0,20
JDE	6,41 ^a	0,31	7,18 ^a	0,23
JTO	12,92 ^a	0,61	14,26 ^a	0,43
PIZ	4,32 ^b	0,17	4,89 ^a	0,19
PDE	4,25 ^b	0,12	4,82 ^a	0,17
PTO	8,58 ^b	0,29	9,71 ^a	0,36
PNTOC	21,51 ^b	0,83	23,98 ^a	0,77
RTOPNC	36,04 ^a	1,14	31,95 ^b	0,57

(PV): Peso vivo al sacrificio; (PCA): Peso de la canal; (RTOCA): Rendimiento de la res; (JIZ): Jamón izquierdo; (JDE): Jamón derecho; (JTO): Jamones totales; (PIZ): Paleta izquierda, (PDE): Paleta derecha por separadas; (PTO): Paletas totales; (PNTOC): Peso total de jamones y paletas; (RTOPNC): Rendimiento de jamones y paletas totales. Letras diferentes: diferencias significativas p = 0,05

Tabla 49: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variable postmortem por Provincia en cerdos Criollos del NEA

Variable	Corrientes (n = 10)		Chaco (n = 10)		Formosa (n = 10)	
	Media	E.E.	Media	E.E.	Media	E.E.
PV	73,20 ^b	6,06	97,10 ^a	5,63	109,50 ^a	3,87
PCA	57,19 ^b	4,29	73,47 ^a	4,53	75,04 ^a	2,24
RTOCA	78,52 ^a	1,07	75,52 ^b	0,69	68,76 ^c	1,14
JIZ	6,23 ^b	0,39	7,04 ^{ab}	0,24	7,16 ^a	0,22
JDE	6,18 ^b	0,41	7,13 ^{ab}	0,30	7,17 ^a	0,23
JTO	12,41 ^b	0,80	14,17 ^{ab}	0,54	14,33 ^a	0,45
PIZ	4,28 ^a	0,24	4,81 ^a	0,25	4,80 ^a	0,22
PDE	4,23 ^a	0,16	4,66 ^a	0,23	4,79 ^a	0,19
PTO	8,51 ^a	0,39	9,47 ^a	0,48	9,59 ^a	0,41
PNTO	20,92 ^b	1,11	23,64 ^{ab}	0,98	23,92 ^a	0,84
RTOPN	37,10 ^a	11,31	32,60 ^b	1,02	31,87 ^b	0,60

(PV): Peso vivo al sacrificio; (PCA): Peso de la canal; (RTOCA): Rendimiento de la res; (JIZ): Jamón izquierdo; (JDE): Jamón derecho; (JTO): Jamones totales; (PIZ): Paleta izquierda, (PDE): Paleta derecha por separadas; (PTO): Paletas totales; (PNTO): Peso total de jamones y paletas; (RTOPN): Rendimiento de jamones y paletas. Letras diferentes: diferencias significativas p = 0,05

Tabla 50: Resultados del test de comparación de medias de mínimos cuadrados (LSD) para las variables posmortem por Sexo en cerdos Criollos del NEA

Variable	Hembras (n = 12)		Enteros (n = 4)		Castrados (n = 14)	
	Media	E.E.	Media	E.E.	Media	E.E.
PV	84,66 ^b	5,73	78,25 ^b	5,12	104,92 ^a	5,72
PCA	65,24 ^a	4,03	59,95 ^a	3,28	73,87 ^a	3,93
RTOCA	77,51 ^a	1,03	76,86 ^a	1,87	70,74 ^b	1,17
JIZ	6,54 ^a	0,33	6,70 ^a	0,23	7,07 ^a	0,24
JDE	6,51 ^a	0,35	6,57 ^a	0,19	7,16 ^a	0,29
JTO	13,05 ^a	0,68	13,27 ^a	0,43	14,23 ^a	0,53
PIZ	4,40 ^{ab}	0,21	4,12 ^b	0,12	4,97 ^a	0,20
PDE	4,35 ^b	0,15	4,07 ^b	0,11	4,87 ^a	0,18
PTO	8,75 ^b	0,36	8,20 ^b	0,21	9,84 ^a	0,38
PNT0	21,81 ^a	1,01	21,47 ^a	4,54	24,08 ^a	0,87
RTOPN	33,89 ^a	1,01	36,16 ^a	2,28	33,17 ^a	1,09

(PV): Peso vivo al sacrificio; (PCA): Peso de la canal; (RTOCA): Rendimiento de la res; (JIZ): Jamón izquierdo; (JDE): Jamón derecho; (JTO): Jamones totales; (PIZ): Paleta izquierda, (PDE): Paleta derecha por separadas; (PTO): Paletas totales; (PNT0): Peso total de jamones y paletas; (RTOPN): Rendimiento de jamones y paletas totales.

Letras diferentes: diferencias significativas p =0,05

DISCUSIÓN

Aunque este estudio de la fase productiva *postmortem* es básico, ya que abarcó sólo unas pocas variables de pesos y rendimientos, éstas son las más representativas de la funcionalidad del cerdo ya que se ocupan en primer lugar de características de la canal y en segundo lugar de pesos de las piezas nobles de la misma entendidas como las que alcanzarían una mayor cotización comercial y un mejor aprovechamiento en carne para el autoconsumo de los pequeños agricultores que la producen.

Asimismo el número de animales sacrificados y la variabilidad en las categorías animales y ambientes dispares en que fueron criados hacen de ésta caracterización una aproximación preparatoria para estudios posteriores más precisos, en la medida en que los cerdos Criollos aprovechados en áreas muy marginales incluso dentro de la región NEA, por familias de escasos recursos, sean valorados a través de estos estudios preliminares y tenidos en cuenta por quienes son responsables del desarrollo rural del área y el sistema científico.

Pese a las consideraciones realizadas, los niveles de variabilidad según el coeficiente de variación porcentual no resultó tan elevado como cabría esperar excepto para las características muy influidas por el ambiente como son el peso vivo al sacrificio y el peso de la canal muy relacionado a aquel.

Como cabría esperar los pesos vivos al sacrificio son muy inferiores a los reportados para razas o variedades definidas, de cerdos en sistemas de cría racionales, como los informados por Barba y col. (2000), quienes encontraron pesos de canal de 136,57 kg y peso vivo al sacrificio de 163,87 kg en distintas variedades de cerdo Ibérico manejado en forma tradicional.

No obstante los pesos vivos de animales identificados y definidos por patrones raciales, varían en estas características dependiendo de la raza, por ejemplo el cerdo Negro Canario, ya a los 9-10 meses alcanza 100 kg y a los 12-18 meses 130 a 170 Kg de peso vivo, siendo esto determinado en gran medida por la dieta que recibe (López y Ginés 1996), resultando en cualquier caso superiores a los pesos de los cerdos Criollos del NEA, aunque el peso promedio de los machos castrados estaría cercano a lo reportado para la edad de 10 meses, lo mismo que para las media máximas encontradas en promedio en la provincia de Formosa y en la Zona Seca en general.

También son mayores los valores en el cerdo Celta, otra raza porcina autóctona española aunque no del Tronco Ibérico, en el que se halló un peso vivo al despiece tradicional de 110 kg (Sánchez y col., 2000).

El rendimiento de la canal se situó alrededor del 75 %, con medias todavía inferiores en machos enteros y hembras, lo que pone de manifiesto unos rendimientos inferiores a los valores medios descritos para la especie porcina (Castro, 1953 y Aparicio Macarro, 1990) de igual manera que para otros cerdos de diferentes razas como los obtenidos por Blasco y col., (1994) para cerdos cruce de las razas Large White, Landrace y Duroc muy próximos al 82 % mientras que los encontrados por Tibau y col., (1997) para cerdos de estas razas puras y de la Pietrain muestran valores medios de 78,4 % cuando los cerdos se sacrifican con 90 kg de peso vivo y de 79,7 % cuando se sacrificaban con 110 kg.

En las razas autóctonas españolas el rendimiento encontrado ha sido muy variable. Las valoraciones de los concursos de las variedades de cerdo Ibérico, Lampiño, Entrepelado y Colorado o Portuguesa, patrocinado por la asociación de ganaderos del reino en 1930 citan rendimientos de: 86,61% para peso vivo de entre 16 arrobas y 21,3 arrobas (1 arroba igual a 11,5 kg) (Anónimo 1931, citado por Barba 1999). Otras razas autóctonas españolas registran rendimientos del 82% promedio para porcinos sacrificados en mataderos españoles (Castro 1953) , siendo frecuente encontrar referencias de rendimiento para la canal del cerdo Mallorquín entre 79,2 y 89,6% (Torrens, 1948) y según el grado de engrasamiento los cerdos Celtas proporcionaron un rendimiento de la canal entre el 75 y el 85%.

Los rendimientos encontrados por Odriozola (1976) señalan a los cerdos colorados extremeños con porcentajes comprendidos entre 82,7% y 91,8%. De Juana (1953) encontró en cerdos negros y colorados un peso vivo al sacrificio de entre 100 y 120 kg; y con 20 a 22 meses de edad rendimientos de la canal de 86,70% con un mínimo de 84,2 y máximo de 88,9%.

Barba (1999) refiere rendimientos de la canal de cerdos Ibéricos cercanos al 83% (mínimo 76, máximo 96) y destaca a la variedad Lampiña con 86,70 % de rendimiento medio. Poto y col., (2000) encontraron en tres cerdos híbridos (F3) del cruce Chato Murciano x Large White y el resultado de dos generaciones con Chato Murciano, sacrificados a los 8 meses de vida, una edad superior a la media de sacrificio del cerdo comercial, con unos pesos de 99, 105 y 118 kg, con pesos a la canal de 81,9, 87,1 y 99,9 kg, mientras los rendimientos de canal estuvieron en 82,7; 83 y 84,7 %

Al comparar estos valores con otras razas selectas, al igual que en el caso del peso de sacrificio, que los valores medios estudiados para los cerdos de la población total, los

distintos sexos provincias y zonas consideradas en este estudio son también inferiores que ya sus rendimiento de canal se encuentran en medias que oscilan entre 78 y 80 % (Tibau y col, 1997) y también algo inferiores a los de la raza Alentejana con un 80 % de rendimiento medio a la canal (Freitas y col. 1996) e inferiores también a los reportados por Colatruglio y col., (1996) para la raza Casertana y por Becerril y col., (1999) para el cerdo Criollo Pelón Mexicano con valores del 86 y 87 % respectivamente.

El peso medio de los jamones en la población total se situó en 13,63 kg, no muy superiores a los bajos pesos indicados por De Juana (1953) para el Negro Lampiño y el Colorado Extremeño con cifras en torno a 10,76 kg y 10,66 kg respectivamente, por el contrario más recientemente los pesos medios de jamón encontrados por Barba, (1999) fueron cercanos a los 21 kg con porcentajes sobre el peso de la canal del 15% excepto para la variedad Torbiscal que presentó un peso de jamón de 24,99 kg con un 16 % sobre el peso de la canal. Los resultados de este autor indican que las diferencias en la paletilla se dieron también para la variedad Torbiscal, que presentó la misma tendencia en pesos.

Las medias de de este trabajo están en torno a los valores hallados en estudios compartidos de la raza porcina Celta y otros procedentes de cruzamientos comerciales, donde Sánchez y col., (2001) encontraron para el jamón porcentajes de 11,9 para la raza Celta y 12,54 para los cruces.

El peso medio de las paletas en la población total se situó en 9,19 kg, de nuevo valores consistentes con los pesos indicados por De Juana, (1953) para el negro lampiño y el colorado extremeño con cifras en torno a 8,09 kg y 7,91 kg respectivamente. Por el contrario, los resultados obtenidos por Barba, (1999), revelan valores mayores a 16 kg en la variedad Torbiscal del cerdo Ibérico, y valores de 14 kg en el Lampiño que siendo la variedad menos productiva para este carácter en dicho tronco, supera ampliamente a los resultados de este estudio.

Poto (2002) estudió las características de la canal del cerdo Chato Murciano que incluyó, animales castrados de 10,6 meses de vida promedio con un peso vivo medio de 124,9 kg y analizaron el peso promedio de 15 piezas cárnicas resultantes del despiece tradicional , de las denominadas piezas nobles encontrando valores medios de 23,34 kg de jamón y 14,2 de paletilla entre otros. Las piezas conocidas como nobles en la bibliografía, peso de los jamones, lomos y paletillas correspondieron al 44% del total del despiece de la canal, 22% a los jamones, el 14% a las paletillas y el 8% a los lomos con cabeza.

En el cerdo Manchado de Jagubo, Forero y col., (2001) obtuvieron porcentajes de 15,39 y 10,19 respecto al peso de la canal para jamones y paletas respectivamente, y de 15 y 9,97% para estas piezas en otros cerdos ibéricos.

Para el cerdo Pío Negro o Cerdo Vasco (Iriarte y Alfonso, 2000) obtuvieron 22,7 % y 9% para jamones y paletillas y 25,7% para el tocino. Para las razas Large White, Landrace, Duroc y Pietrain según Tibau y colaboradores (1997) los porcentajes de magro se encuentran por encima del 60%.

En cuanto a las razas extranjeras, la diferencia en peso y rendimiento de los jamones es bien notoria tal y como se corrobora en trabajo de Tibau y col., (1997) donde el rendimiento de estas piezas nobles supera a veces el 25 %.

Méndez Medina y col., (2001) estudiaron las canales refrigeradas del cerdo Pelón Mexicano (CPM), de Veracruz, México para lo que sacrificaron machos castrados alimentados con concentrados comerciales, a un peso vivo promedio de 115.3 ± 34.2 kg. El jamón presentó el mayor porcentaje de músculo (50.4 ± 2.6) seguido por la espaldilla (47.5 ± 6.2), el costillar (43.9 ± 4.9) y el lomo (38.2 ± 6.1).

Hurtado, (2005) reporta que en los cerdos Criollos venezolanos es relevante la superioridad de los machos observada en algunos cortes (pernil y paleta), producto de una mayor tendencia al desarrollo muscular en estos animales, posiblemente debido a la condición fisiológica de sexo, que le permite un crecimiento muscular mayor o diferentes adaptaciones alimenticias, logrando un mejor aprovechamiento de los recursos naturales existentes en la zona y que estas piezas presentan grasa entre los tejidos, similar a lo reportado por la literatura para el cerdo Ibérico por Rodrigáñez y col., (1993). También refiere que la composición de la grasa permite inferir que dicho cerdo Criollo tiene características genéticas y un proceso de explotación diferente al de otras razas de cerdos engordados en cebaderos, ya que realiza más ejercicio y su alimento básico lo constituye la gran variedad de hierbas, frutos de palma y otros árboles que ingieren en pastoreo en las sabanas llaneras venezolanas.

Basso y col., (2006), estudiaron el comportamiento al sacrificio de 27 machos castrados y 27 hembras nulíparas de genética INTA-MGC en Argentina, con diferentes dietas en base a maíz, pellet de soja y premezcla comercial, con un peso medio de faena de $111,6 \pm 7,09$ kg, obtuvieron pesos de res de 87, 79 a 92,72 kg; rendimientos de canal de 80,37 a 81,05 %, pesos de paletas totales de 15, 19 a 15, 57 kg; jamón de 26,93 a 27,29 kg, con distintos niveles de alimentación de concentrados y pasturas. Asimismo Campagna y col., (2005) evaluaron el rendimiento de cortes comerciales de la canal porcina de la Unidad Demostrativa Agrícola-Porcina de la EEA INTA Marcos Juárez, en Argentina, cebados con diferentes tratamientos alimenticios encontrando rendimientos de jamón de 25,42 a 26,17 % , de paleta 13,80 a 14,47 % , .

Vadell, (2008) informa rendimientos de 79,7 % de canal en cerdos Pampa Rocha, surgido de experimentos hechos en los últimos diez años en la Facultad de Agronomía de la Universidad de Uruguay.

En definitiva las características productivas *postmortem* encontradas en el presente estudio, definidas por un menor valor en el peso de la canal, concuerdan con los menores valores en las variables zoométricas, indicando que el cerdo Criollo del NEA es un animal de pequeño tamaño corporal y por lo tanto llega a las condiciones adecuadas para faena con un menor peso vivo, resultando una canal liviana y de bajos rendimientos. Todo esto sería a consecuencia de las condiciones carentes de tecnología en los que se crían los cerdos Criollos en esta región de Argentina, que permiten obtener con ingresos mínimos un producto que es utilizado para el autoconsumo y/o comercializados, en sistemas sostenibles de mínimos costos, donde el trabajo familiar está por encima de la tecnología de insumos. Además , estos animales representan un reservorio de variabilidad genética que puede enriquecer y refrescar en un futuro el germoplasma comercial del cerdo, principalmente por su capacidad de aprovechar los recursos naturales disponibles y diversos subproductos agrícolas. Su conocimiento mas detallado facilitará el establecimiento de programas de conservación de los mismos como también permitirá su revalorización productiva.

CONCLUSIONES

1. El cerdo Criollo del Nordeste Argentino revela un nivel productivo representativo de los sistemas de cría extensivos de subsistencia al considerar los pesos y rendimientos de las canales, jamones y paletas.
2. Los pesos al sacrificio, los pesos de jamones y paletas así como los rendimientos de canales y partes nobles, son inferiores a los de los cerdos de razas definidas y selectas e incluso a los de otros cerdos Criollos que han sido criados en sistemas tecnificados, con alimentación y faena planificados, reportados en la literatura, sin embargo no en la medida presumible, dadas las condiciones en que son criados y faenados los cerdos Criollos del NEA.
3. Los cerdos Criollos pertenecientes a la Zona Subtropical Seca aparecen notoriamente diferenciados de los localizados en la Zona Subtropical Húmeda del Nordeste Argentino por su superioridad en cuanto a los pesos al sacrificio, peso de la canal, de jamones, de paletas y partes nobles totales así como por los menores rendimientos tanto de la canal como de partes nobles.
4. Existe diferenciación de los cerdos pertenecientes a las distintas provincias dado por los mayores pesos vivos al sacrificio, pesos de la canal, pesos totales de jamones, así como pesos totales de piezas exhibidos por los animales faenados en las Provincias de Chaco y Formosa y los mayores rendimientos de piezas nobles de los cerdos faenados en la Provincia de Corrientes.
5. No existe la marcada diferenciación esperada en los caracteres de la canal de los machos castrados, dada su destino único a la producción de carne para faena y consumo, con respecto a las hembras y machos enteros que se destinan inicialmente a la función reproductiva para ser faenados con posterioridad, características impuestas por sistemas de manejo racional mínimo, prácticas nutricionales deficientes y ausencia de tecnificación en general.

6. Bajo una visión global se destaca la potencialidad de transformación de los cerdos Criollos del Nordeste Argentino, de productos de escaso valor para la alimentación humana, en carne de calidad lo que los convierte en una alternativa productiva para la región dada las ventajas que presenta la especie para ésta transformación.

7. La puesta en valor de los productos cárnicos y derivados de los cerdos Criollos del Nordeste Argentino constituye una contribución importante para garantizar su conservación.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

- ABELED C., SANTANA I., PÉREZ, I. y BRACHE , F. (2004). Rasgos de comportamiento y canal de cerdos Criollo y CC21 alimentados con palmiche como única fuente de energía. Revista Computadorizada de Producción Porcina .Vol: 11 No. 2.
- APARICIO MACARRO, J. B. (1968) Cerdo Ibérico II. Ganancia en peso vivo y producción de carne en régimen de montanera con Suplementación proteica. Archivos de zootecnia. Vol 17, 66: 111-145
- BARBA, C. (1999). Caracterización productiva de las variedades del cerdo Ibérico como base para su conservación. Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba. 215 pp.
- BARBA, C.; DELGADO, J. V.; VELÁSQUEZ, F. y DIEGUEZ, E. (2000). “Estudio morfológico comparativo entre el cerdo Criollo cubano y cinco variedades del cerdo ibérico”. Memorias. I Taller Internacional del Cerdo de Origen Ibérico. V Congreso Iberoamericano de Razas Autóctonas y Criollas. La Habana. Pp 237-242.
- BARBA, C.; J. V. DELGADO, E. DIÉGUEZ Y P. CAÑUELO (2000a). “Caracterización productiva de las variedades del cerdo Ibérico basada en el comportamiento en matadero”. Archivos de Zootecnia, vol. 50, núm 189 – 190, pp: 125-132.
- BASSO, L.R.; CAMPAGNA, D.; BRUNORI, J.; ALLEVA, G.; SILVA, P.; FRANCO, R. ; SOMENZINI, D. (2006). Recria-terminación de cerdos al aire libre o en confinamiento: su influencia en el rendimiento de los cortes comerciales de la res. Vº Congreso de Producción Porcina del Mercosur. Córdoba . Argentina.
- BLASCO y Col. 1994 Citado por Ciriá, J. y Garcés. C. (1995). El cebo intensivo en ganado porcino. En zootecnia. Bases de producción animal. Buxadé, C. Mndripensa. Madrid. Tomo VI. P:187
- CAMPAGNA, D.; BASSO, L.R.; ALLEVA, G.; SILVA, P.; BRUNORI, J.; SPINNER, N.; FRANCO, R. (2005). Rendimiento de cortes comerciales de canales porcinas provenientes de distintos sistemas de producción. Revista Argentina de Producción Animal, 25 (Sup.1): TPP 21.
- CASTRO, A. (1953). El rendimiento de los animales basto españoles y el abastecimiento público. Archivos de zootecnia, vol: 2, 7. Pp: 244-293
- DE JUANA, A. (1953). El cedo de tipo Ibérico en la provincia de Badajoz. V. Datos de matanza. Arch. Zootec., 2: 358-415.

- DIÉGUEZ, F.J., LY, J. y PÉREZ, I. (2008). Crecimiento y canales de cerdos Criollos y CC21 alimentados con miel B y soya. *Revista Computadorizada de Producción Porcina*. 1(1):15-21 (1995)
- FORERO, J. (1999). Estudio comparativo de cinco estirpes de cerdo Ibérico. Excma. Diputación Provincial de Huelva. Huelva. España
- GAMA, L. T. (2006). Animal genetic resources and sustainable development in the Mediterranean region. Pages 127–135 in EAAP Publ. No. 119. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, the Netherlands.
- GISPERT, M. y DIESTRE, A. (1999). Consideraciones sobre la clacificacion de canales porcinas en España. En : jornada técnica : factores que afectan a la eficiencia productiva y calidad en el porcino. ED. IRTA. Vic, Barcelona
- HERNÁNDEZ, B. J. (1996). El cerdo ibérico. In: *Porcicultura 96*. La Habana, p 8
- HURTADO, E. (2005). Estudio del cerdo Criollo y su sistema de Producción. *Sistemas integrados de producción con no rumiantes*. VIII Encuentro De Nutrición y Producción De Animales Monogástricos Guanare, Portuguesa. Noviembre, Asociación Venezolana de Producción Animal. :30-33
- IRIARTE, J. C., ALFONSO, L. (2000). El cerdo Pío Negro de la raza Vasca. Una raza porcina tradicional de calidad diferenciada. *Navarra agraria: Revista Tecnica de Agricultura, Ganaderia y alimentación*. N° 127: 35-42
- LÓPEZ, J. L., ARGUELLO, A., CAPOTE, J y DARMANIN, N. (1992). Contribution to the study of Black Canary Pig. *Archivos de Zootecnia*. Vol 41 (extra): 531-536.
- MÉNDEZ MEDINA R.D., BECERRÍL HERRERA M., RUBIO LOZANO M., DELGADO SUÁREZ, E. J. (2002) Características de la canal del cerdo Pelón Mexicano, procedente de Mizantla, Veracruz, México. *Vet. Méx.*, 33 (1): 27 -37
- ODRIOZOLA, M. (1976). "Investigaciones sobre datos acumulados en dos piasas experimentales". IRYDA, Madrid. 146 pp.
- POTO, A., LÓPEZ, G., MEDINA, P., GONZÁLEZ, J., LOBERA, J. B., MARTÍNEZ, M. y PEINADO, B. (2000). La mejor forma de recuperar la raza porcina Chato Murciano es mejorando la calidad de la carne de otras razas. *Arch. Zootec.*, 49: 195.
- POTO, A. (2002). Estudio de la canal y de la carne del cerdo Chato Murciano. Tesis doctoral. Universidad de Murcia. España.
- RODRIGÁÑEZ, J., SILIÓ, L. y RILLO, M. (1993). El cerdo Ibérico y su sistema de producción. *Boletín de Información sobre Recursos Genéticos Animales*. Roma, Italia. F.A.O. (12):93-103.

- SANCHEZ, L., GONZALEZ-CARRIL, J.A. y OTERO, M. (2000). Caracterización etnológica del cerdo Celta. Arch. Zoot. 49 (185-186): 175 – 177.
- TIBAU, J., PUIGBERT, X., SOLER, J., TRILLA, N., DIESTRE, A., GISPERT, M., FERNANDEZ K., MANTECA, X. (1997). Incidencia de composición y la calidad de la cana de la carne en distintas razas porcinas. Anaporc, N° 171. Pp. 74-91
- TORRENS, A. (1984). El cerdo Mallorquín. I Congreso Veterinario de Zootecnia. Soc. Vet.Zoot. Madrid. 2. Pp: 458
- VADELL, A. (2008). UNA RESEÑA CORTA SOBRE LA RAZA CRIOLLA DE CERDOS PAMPA ROCHA Y SU UTILIZACION EN URUGUAY. Revista Computadorizada de Producción Porcina Volumen 15 (número 2): 105-112
- VADELL, A. (1997). Situación actual y perspectivas del cerdo Criollo Pampa en Uruguay. Seminario Alimentación alternativa para el trópico. ICA, Cuba. Pp 2247-249.
- VICENTE A. A., CAROLINO M. I., SOUSA, M. C. O., GINJA C., SILVA F. S., MARTÍNEZ A. M., VEGA-PLA J. L., CAROLINO N., y GAMA L. T. (2008). Genetic diversity in native and commercial breeds of pigs in Portugal assessed by microsatellites. J. Anim. Sci. 2008. 86:2496–2507.
- VICENTE, A. M., y R. F. ALÉS. (2006). Long term persistence of dehesas. Evidences from history. Agrofor. Syst. 67:19–28.
- VIEITES, C. M., BASSO, L.R. (1986). Cerdos para carne. Editorial Hemisferio Sur. Primera edición, pp: 56-64 y 85-91.

CAPÍTULO III: CARACTERIZACIÓN GENÉTICA

RESUMEN

En el presente capítulo se realiza la caracterización genética de los cerdos Criollos del Nordeste Argentino (NEA) utilizando 24 microsatélites de los recomendados por la FAO/ISAG para estudios de diversidad genética de la especie porcina. Estos cerdos se supone que derivan de animales introducidos en el siglo XV durante la colonización proveniente principalmente de la Península Ibérica. Los primeros cerdos introducidos fueron diferenciándose y formando poblaciones adaptadas a diferentes regiones del país, desarrollando diversas características de acuerdo a las condiciones ecológicas. En algún momento pueden haberse producido cruzamientos con otras razas exóticas importadas posteriormente. A diferencia de otros países iberoamericanos como Cuba, México o Brasil no se ha definido la existencia de variedades dentro de la población de cerdos Criollos del NEA ni desde el punto de vista morfológico-productivo ni desde el punto de vista genético. No existen trabajos científicos previos que aborden el estudio del cerdo Criollo del NEA que incluyan aspectos históricos, de comportamiento reproductivo, de crecimiento, morfológicos y menos aún se ha intentado buscar alguna diferenciación varietal dentro de la población. Atendiendo a las posibilidades que ofrece el análisis con microsatélites y a las circunstancias comentadas anteriormente, se plantea como objetivo estudiar la variabilidad genética y la estructura de la población de cerdos Criollos del NEA y establecer las relaciones genéticas del mismo con las variedades principales del cerdo Ibérico. Se pretende asimismo determinar la existencia o no de diferenciación genética entre los cerdos que se adaptaron a la Zona Seca (SE) y a la Zona Húmeda (HU) de la Región del NEA. Se analizan 93 muestras de cerdos Criollos de la región NEA como una única población, calculándose el número de alelos por marcador, las frecuencias alélicas, la heterocigosidad observada y la esperada, el contenido de información polimórfica, la desviación del equilibrio Hardy-Weinberg y el F_{IS} . A continuación se analizan los individuos provenientes de la SE y de la HU considerándolas dos poblaciones diferentes, realizándose los mismos cálculos para cada una de ellas además de un análisis de diferenciación genética con la finalidad de corroborar la presencia o ausencia de la misma entre dichas poblaciones. Para ello se calculan los índices de fijación (estadísticos F : F_{IS} , F_{IT} y F_{ST}), el coeficiente de diferenciación genética (G_{st}), se calcula la distancia genética entre individuos (D_{SA}) con la que se confecciona un árbol de distancia individual UPGMA y se realiza un Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples (AFC) para los mismos. Por último, se lleva a cabo un

estudio de distancia genética con respecto a las cinco variedades del cerdo Ibérico más representativas (Retinto, Lampiño, Entrepelado, Torbiscal y Manchado de Jabugo), las razas Chato Murciano, Negro Canario, Duroc Jersey, Large White y Landrace así como cuatro poblaciones de cerdos Criollos iberoamericanos (Ecuatoriano, Cubano, Mexicano y Salvadoreño). Se construyen los consecuentes árboles de distancia, se realiza un Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples y un estudio de la estructura poblacional a través del programa Structure de todas las poblaciones de cerdos enunciadas, cuyos genotipos pertenecen al banco de datos del laboratorio de Genética Molecular Aplicada del Grupo AGR 218, de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Córdoba, España. Los valores medios de los parámetros de variabilidad genética observada para los 24 microsatélites en la población total de cerdos Criollos del NEA fueron: Promedio de alelos (PA) = 9,25; Contenido de Información Polimórfica (PIC) = 0,651; Heterocigosidad esperada (He) = 0,682; Heterocigosidad observada (Ho) = 0,579, un 54 % de loci en desequilibrio HW y el $F_{IS} = 0,151^{***}$. Estos valores resultaron inferiores en la subpoblación SE (PA = 6,8; PIC = 0,630; He = 0,550; Ho = 0,580; $F_{IS} = 0,124^{***}$, 29 % de loci en desequilibrio HW), que en HU (PA = $8,2 \pm 3,04$; PIC = 0,660; He = 0,698; Ho = 0,604 y el $F_{IS} = 0,135^{***}$ y 33 % de loci en desequilibrio HW). El índice de diferenciación genética entre las dos subpoblaciones (G_{ST}) fue de 0,029 (2,9 %) y los índices de fijación, para el conjunto de 24 microsatélites, fueron de $F_{ST} = 0,044$ (4,4%), $F_{IT} = 0,169$ y el $F_{IS} = 0,131$. El árbol de distancias individuales D_{SA} refleja una clara separación entre los Criollos del NEA de la Zona Seca (SE) y los de la Zona Húmeda (HU), consistente con el AFC y la estructura poblacional evaluada mediante el programa Structure, donde además se observa una subdivisión manifiesta dentro del grupo de cerdos de la Zona Seca. Las distancias genéticas calculadas con el resto de las razas introducidas posteriormente muestra tres agrupaciones perfectamente diferenciadas, por un lado las 6 poblaciones criollas, otra que incluye a los Cerdos ibéricos, y una tercera que separa al resto de las razas estudiadas.

Palabras clave: Cerdos; Razas; Genética; Microsatélites; Diversidad.

ABSTRACT

The genetic characterization of the North East Region of Argentina (NEA) pigs, by using a set of 24 polymorphic genetic markers (microsatellites), recommended by FAO/ISAG for studies on swine genetic diversity were carried out in this chapter. It is supposed they had an Iberian origin and had been introduced during the América colonization in XV century. The first introduced pigs became into diverse populations adapted to different ecological regions in Argentina. They might be breeding with other exotic breeds imported later. Contrasting with others American countries like Cuba, México or Brazil, there were no varieties defined either from the morphological or productive point of view as well as genetic one. There is no any scientific work about NEA Creole Pigs including historical aspects, reproductive or growing performance, as well as morphological or genetic characterization. Therefore the purpose of this chapter is to study genetic variability and population structure of NEA Creole pigs, looking for genetic relationships among these animals and varieties of Iberian Trunk pigs, and determinate genetic differences between the animals fitted to wet and dry areas within the NEA region. A set of 24 polymorphic genetic markers (microsatellites), recommended by FAO/ISAG for studies on swine genetic diversity, were used to reach those objectives. A sample of 93 animals of the Creole population from NEA region were analyzed, the average number of alleles by *locus* (N_A), average observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosities, the mean Polymorphic Information Content (PIC), HWE test, and F_{is} statistic in the whole population were calculated. Following, the individuals from the wet ($n=50$) and dry ($n=43$) areas within NEA were analyzed as two different populations calculating the same parameters for each one and the degree of genetic differentiation between populations (G_{ST}), fixation indexes (F_{it} , F_{is} and F_{st}), individual genetic distances (D_{AS}) were estimated between populations, an UPGMA tree were constructed and a Factorial Analysis of Multiple Correspondences (AFC) was done. Lastly, genetic distances (D_S , D_R and D_A) were estimated among pig populations from the wet (HU) and dry (SE) NEA areas, five representative varieties of Iberian Trunk pigs (Retinto, Lampiño, Entrepelado Torbiscal, y Manchado de Jabugo), other five pig breeds, Chato Murciano, Negro Canario Duroc Jersey, Large White, Landrace as well as four American Creole Pigs (from Ecuador, Cuba México and El Salvador), for construction phylogenetic trees, using the Neighbour-Joining methodology, Factorial Analysis of Multiple Correspondences, and the structure of the populations were determinate, by using Structure software for the whole population enunciated above, which genotypes belongs to Applied Genetic Molecular Laboratory of the AGR 218 group of the Córdoba Veterinary

College, University of Córdoba, Spain. The average parameters of genetic variability observed for the 24 microsatellites markers in the whole population of NEA Creole pigs were: $PA = 9,25$; $PIC = 0,651$; $He = 0,6820$; $Ho = 0,579$, 54 % of *loci* were not in Hardy-Weinberg equilibrium, and $F_{is} = 0,151^{***}$). The whole parameters resulted lower in SE when two populations (HU and SE) were considered ($PA = 6,8$; $PIC = 0,63$; $He = 0,550$; $Ho = 0,58$; $F_{is} = 0,124^{***}$ 29 % of *locis* were not in Hardy-Weinberg equilibrium), than in HU ($PA = 8,2 \pm 3,04$; $PIC = 0,660$; $He = 0,698$; $Ho = 0,604$, $F_{is} = 0,135^{***}$ and 33 % of alleles were not in Hardy-Weinberg equilibrium). The G_{ST} , was 0,029 (2,9 %) and fixation indexes were $F_{st} = 0,044$ (4,4%), $F_{it} = 0,169$ and $F_{is} = 0,131$. The individual UPGMA tree, constructed with genetic distances (D_{AS}), reveal an evident separation between animals from wet and dry NEA areas consistent with the AFC and Structure results, in which a manifest subdivision of the individuals from SE can be observed. Genetic distances calculated among the other breeds finally introduced, show three clusters, one of them grouping the six Creole populations, another includes the Iberian pigs and the last one separate the rest of the breeds included in the study.

Key words: pigs; breeds; Genetic; microsatellites; Diversity.

INTRODUCCIÓN

Existe una gran presión a nivel internacional a favor de la conservación de los recursos genéticos con vistas a su utilización racional y al reparto justo de los beneficios por ellos producidos. Especialmente después de la Conferencia sobre Medio Ambiente de las Naciones Unidas, celebrada en Río de Janeiro en 1992, estos conceptos se han introducido en las legislaciones de muchos países, sobretodo en la Unión Europea (Martínez, 2001). En términos generales se puede señalar que en Argentina no existe conciencia pública acerca de la necesidad de preservar recursos que puedan verse expuestos a algún grado de amenaza o deterioro genético y que puedan efectuar contribuciones significativas a la producción animal del país en el futuro (Mezzadra, 2003). Según dicho autor en la Argentina, si bien aún subsisten productores de animales de pedigree que comercializan reproductores de razas porcinas puras, en la última década se ha tornado mayoritaria la provisión de reproductores provenientes desde empresas del exterior. Asegura también que la importación de germoplasma desde el exterior por parte de compañías multinacionales así como una mejora sustancial en los sistemas de producción han impactado positivamente la productividad nacional, aunque el impacto se puede considerar negativo cuando es examinado a la luz de los recursos genéticos, debido a la erosión del material genético a nivel nacional, previéndose que esta situación se haría más pronunciada en los siguientes 10 años.

Con todo, en el Nordeste Argentino (NEA) existe una población de cerdos que puede considerarse local, que recibe diversas denominaciones según el área de localización: "Criollos", "churros", "caracoleros", "macaos". Constituyen un tipo de producción animal considerado marginal, lo que ha traído aparejado un escaso empleo de los avances en investigación y de las nueva tecnologías aplicadas al mejoramiento por lo que ha permanecido inexplorado desde el punto de vista genético. Para ser efectivas, las estrategias para la conservación y mejora de las razas porcinas locales deben incluir, idealmente, tanto su caracterización fenotípica como genética, por lo que una de las primeras etapas de un programa de conservación de razas se asienta en la evaluación de su variabilidad genética y la distribución de ésta entre sus poblaciones, así como la posible detección de alelos raros que indiquen la presencia de variantes genéticas únicas (González-Candelas, F. y Montolio A. 2000). La biodiversidad se define como la variabilidad genética de los diferentes tipos de recursos genéticos animales a nivel de poblaciones y genes, de los que se deben conservar tantos alelos o variantes como sea posible (Henson, 1992), (Crossa y col., 1993), (Smith, 1984). La principal razón para la conservación es que sin una intervención apropiada,

especies enteras podrían perder la flexibilidad para adaptarse a circunstancias cambiantes (enfermedades, demandas del mercado, etc.) y resentirse sus niveles de producción. La FAO destaca que la variación genética en caracteres, tanto conocidos como desconocidos, puede ser útil para mantener los caracteres productivos a pesar de los posibles cambios en el entorno. Esto implica que los esfuerzos de conservación se enfocarán hacia la diversidad de una especie en conjunto, sin preferencias de ciertos caracteres sobre otros.

Para caracterizar la diversidad animal se trabaja con dos tipos de variabilidad: la fenotípica, que se observa y se puede medir directamente sobre los individuos, y la genética, que se mide utilizando marcadores genéticos. Para ambos casos hay herramientas matemáticas que permiten caracterizar adecuadamente la variabilidad existente dentro y entre poblaciones y de esta forma pueden cuantificarse las diferencias entre y dentro de las poblaciones animales.

Existen diversas metodologías para medir la diversidad genética que proporcionan resultados a veces contrapuestos, y se discute sobre el peso que debe tener la diversidad genética entre y dentro de razas o poblaciones. No existe un consenso acerca de si debe darse más importancia a la diversidad entre razas o a la diversidad dentro de las mismas. Desde un punto de vista práctico, favorecer la diversidad dentro de razas es útil en procesos de selección y adaptación, mientras que dar más importancia a la diversidad entre razas sería más razonable cuando lo que se pretende es explotar el resultado de cruzamientos (García y Cañón, 2007).

Marcadores moleculares

Cualquier *locus* que muestre polimorfismo (dos o más alelos) y que sea estable durante la vida de un individuo se puede utilizar como marcador genético. Son *loci* que presentan características detectables que pueden diferir entre individuos, y se acepta que son sinónimo de variación en las secuencias de la molécula de ADN y por ésta causa son definidos como marcadores moleculares.

Los marcadores genéticos tienen las características inherentes al material genético, son caracteres constantes, permanentes, indelebles, se presentan en el individuo durante toda su vida y son ajenos a la acción del medio ambiente. El nivel de variación de los marcadores genéticos es fundamental cuando se estudian relaciones genéticas dentro y entre razas (Bretting y Widrechner, 1995).

Existen varias técnicas para definir marcadores moleculares y detectar polimorfismos pero ninguna de ellas es ideal, por ello se debe tomar en cuenta la finalidad y la resolución

genética deseada así como el coste económico antes de elegir una (Mueller y Wolfenbarger, 1999).

Son muchos los tipos de marcadores genéticos utilizados en estudios de variación genética. Inicialmente, desde 1950, para el estudio de la variación se utilizó el examen de proteínas en forma de grupos sanguíneos o polimorfismos bioquímicos. A partir de 1980 se han incorporado las técnicas de estudio directo de la variación del ADN al campo de la genética aplicada a la producción animal. A finales de esa década, la reacción en cadena de la polimerasa o PCR (*Polimerase Chain Reaction*) (Mullis y col., 1986) permitió el diseño de una multitud de aplicaciones de la misma en el campo de la Biología Molecular (Martínez y Vega, 2004 a y b).

Como marcadores moleculares más comunes en este tipo de estudios se pueden mencionar los polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción RFLPs (*Restriction Fragment Length Polymorphisms*), los polimorfismos de ADN amplificados aleatoriamente RAPDs (*Randomly Amplified Polymorphic DNA*), el polimorfismo de longitud del fragmento amplificado o AFLP (*Amplified Fragment Length Polimolormorfism*), microsatélites, ADN mitocondrial y secuencias del cromosoma Y, entre otros (Martínez y Vega 2005, a, b).

Microsatellites o STRs (Short Tandem Repeats)

Los microsatélites son secuencias simples (de 1 a 6 pares de bases), repetidas en tándem entre 10 y 30 veces e intercaladas en el genoma de todos los organismos eucariotas. Estos elementos muestran una variación en cuanto a su longitud que se hereda de una forma estable mediante el modelo mendeliano. Se encuentran distribuidos al azar por todo el genoma, son muy abundantes, exhiben gran polimorfismo y son fáciles de identificar, y por estas características son de grande utilidad como marcadores genéticos.

La frecuencia de las distintas secuencias microsatélites es diferente según el genoma estudiado, aunque se ha observado que en todos ellos las más comunes son las repeticiones dinucleotídicas, seguidas de las mononucleotídicas, trinucleotídicas y del resto en menor medida (Tautz y Renz, 1984), (Tautz, 1989), (Fries y col., 1990), (Beckmann y Soller, 1990). Las repeticiones (CA)_n son las más estudiadas hasta ahora, ya que son las más abundantes en el genoma de mamíferos.

Savatier y sus colaboradores en el año 1985 (Savatier y col., 1985), demostraron por primera vez que las secuencias simples repetidas en tándem o STRs eran componentes hipervariables del genoma, pero no se empezaron a utilizar en estudios de diversidad genética hasta 1989 (Tautz, 1989). Desde entonces, han probado ser una herramienta excelente para hacer mapeo genético en varios organismos (Vaiman y col., 1994; Ashwell y

col., 1996; Thieven y col., 1997; Solignac y col., 2004), estudios forenses (Huang y col., 2003), así como en estudios genéticos de manejo y conservación de poblaciones (Cañon y col., 2001; Dorji y col., 2003; Halbert y col., 2005). Se utilizan para control de paternidad en especies domésticas (Bredbacka y Koskinen, 1999; Baron y col., 2002; Radko y col., 2004), para detectar poblaciones consanguíneas (Chikhi y col., 2004), en estudios filogenéticos (Mommens y col., 1999), para examinar el ligamiento entre la distribución geográfica y genética de las poblaciones (Manel y col., 2003) y para la asignación de individuos a poblaciones (Maudet y col., 2002; Baudouin y col., 2004), entre otras.

Los microsatélites son marcadores neutros con respecto a la selección, ya que no se ven modificadas sus frecuencias como consecuencia de la selección llevada a cabo en una población (FAO 1999). Para un marcador neutral, el grado de polimorfismo está en función de la tasa de mutación. La tasa y la dirección de la mutación constituyen dos factores básicos en la estimación de distancias genéticas, particularmente cuando se tiene en cuenta el tiempo de divergencia entre dos poblaciones.

Microsatélites para estudios de diversidad genética en poblaciones porcinas

En el año 1993 la FAO designó un grupo de expertos cuya tarea era elaborar una lista de microsatélites para el análisis de distancia genética para cada una de las especies domésticas siguiendo una serie de recomendaciones (FAO, 1993), como que el panel tuviera al menos 25 microsatélites; que los marcadores fueran de dominio público; que siempre que fuera posible se conociera su situación en los mapas genéticos de la especie y que no presentaran relaciones de ligamiento entre ellos; que las variantes alélicas exhibieran una herencia mendeliana simple; que cada microsatélite tuviera al menos cuatro alelos, aunque se señalaba que marcadores con un alto grado de mutación no siempre eran los más idóneos pues pueden dar lugar a desajustes en la segregación y no ser adecuados para los análisis de distancia genética; que debería haber alguna publicación que respaldase el empleo de los marcadores y que, cuando fuera posible, era mejor seleccionar marcadores interespecíficos. La lista de microsatélites recomendados para los estudios de biodiversidad en ganado porcino fue elaborada por D. Milan con la colaboración de M. Groenen (Martínez, 2001) siguiendo estos criterios. En esas recomendaciones (FAO, 1998) se seleccionaron 27 microsatélites entre cuyas características más significativas se señalan:

- 1) Se ha seleccionado un microsatélite por cromosoma (excepto el 18) y cuando fue posible uno en cada brazo de los cromosomas más largos.
- 2) Ningún marcador se encuentra a una distancia inferior de 35 centimorgans (cM) de otro.

- 3) Se ha procurado no seleccionar microsatélites con posibles alelos nulos o patrones alélicos difíciles de interpretar.
- 4) Se concede preferencia a marcadores susceptibles de ser analizados con secuenciadores automáticos, esto significa que no deben producir bandas anómalas para poder cargarlos con otros en la misma línea. Para ello han sido seleccionados aquellos que fueron probados al menos por un laboratorio.
- 5) Todos los microsatélites se agruparon en tres lotes de nueve que permiten su análisis en secuenciadores automáticos que trabajan con tecnología de colores solapados.
- 6) Los marcadores de un mismo panel se encuentran separados por al menos 30 pares de bases con el fin de poder identificar nuevos alelos dentro de un rango razonable sin que interfieran con la zona de migración de los microsatélites adyacentes.

En el año 2004 se publicaron los resultados de una encuesta realizada por la FAO sobre estudios de diversidad genética en animales domésticos (Baumung, 2004) que mostraban que esta lista no era muy utilizada en estudios de porcinos, lo que condujo a que la FAO recomendase una nueva lista de microsatélites para porcinos (<http://www.user.gwdg.de/FAO/pig.htm>).

Análisis estadístico de los resultados

En la actualidad el conocimiento de la estructura genética de la población y su grado de diversidad genética constituye una necesidad para la elaboración de estrategias para su uso y conservación genética, para lo cual los microsatélites se convierten en los marcadores de elección, a través del análisis estadístico de los resultados.

Los resultados obtenidos del análisis son tratados como *loci* polimórficos con herencia mendeliana codominante. Se pueden así hacer análisis de poblaciones examinando la variabilidad de una serie de *loci* intra e intergrupos, determinando la distancia y similitud genéticas, realizando análisis de parentesco y análisis de ligamiento de los diferentes *loci*, teniendo en cuenta que el polimorfismo de los microsatélites se genera por variaciones en la longitud de estas secuencias (Hoelzel y Bancroft, 1992).

Pueden realizarse dos tipos de análisis usando los datos de un estudio sobre poblaciones con marcadores polimórficos autosómicos: el cálculo de parámetros de la variación genética intra e interpoblacional y el análisis de la estratificación y subestructura dentro de poblaciones y grupos de poblaciones.

Los parámetros estadísticos más empleados para cuantificar la variabilidad genética son: porcentaje de *loci* polimórficos, el número medio de alelos por *locus*, la heterocigosis

esperada (H_e) y observada (H_o) y el Contenido de Información Polimórfica (PIC) (Aranguren y col., 2002).

El tamaño de muestra óptimo es muy variable pues depende del número de *loci* y del número de alelos por *locus*. Kalinowski, (2002), sugiere que la precisión es similar al estimar el F_{st} entre un *locus* con 11 alelos y 10 *loci* con dos alelos, para poblaciones aisladas y en equilibrio HW. Sin embargo, para obtener mayor precisión se requiere hacer un muestreo adecuado del genoma y disminuir la probabilidad de utilizar marcadores sujetos a selección.

Detección de alelos y frecuencias alélicas

Se puede definir la frecuencia alélica o génica como el cociente resultante de dividir el número de alelos iguales en una población por el número total de alelos. El cálculo de las frecuencias se hace por recuento directo de los alelos presentes, asumiendo que la observación de un solo alelo se corresponde con la condición de homocigosis, por lo tanto que no hay alelos nulos.

Análisis de la Heterocigosidad

Una medida de la variación genética es la proporción de *loci* polimórficos, o simplemente polimorfismo, en una población. Se acepta generalmente que un *locus* es polimórfico cuando el alelo más común tiene una frecuencia inferior a 0,95. La heterocigosidad de la población es la frecuencia media de individuos heterocigotos por *locus*, que resulta en una mejor valoración de la variación genética (Lacadena, 1981).

Contenido de Información Polimórfica (PIC)

El contenido de información polimórfica (PIC) es un parámetro introducido por Botstein y col., (1980), como un indicador de la calidad de un marcador en estudios de cartografía génica y refleja el polimorfismo detectado. Sin embargo, no es suficiente para basar en ella la elección de un marcador ya que depende del número de alelos y sus frecuencias (Moazami-Goudarzi y col., 1994).

Desviación del Equilibrio Hardy-Weinberg (HWE)

La ley de Hardy-Weinberg fue enunciada por Hardy y Weinberg independientemente en 1908 y expresa que en una población grande, bajo apareamiento aleatorio, sin selección, mutación o migración, las frecuencias alélicas y genotípicas permanecen constantes de

generación en generación. Una forma clásica de comprobación del equilibrio se basa en la comparación de los genotipos observados con los esperados dentro de una muestra.

Pero en el caso de los microsatélites, que poseen gran número de alelos, el número de genotipos posibles es tan elevado que algunas frecuencias genotípicas son cero, sobre todo cuando las frecuencias alélicas son muy bajas. Este fenómeno es una de las limitaciones de la prueba χ^2 para testar el equilibrio.

Se admite en este caso que los alelos del *locus* están distribuidos al azar en la población y no existe asociación entre el par de alelos que un hijo recibe de sus padres y las desviaciones del HWE pueden producirse debido a varios factores entre los que se cuenta la existencia de subdivisiones dentro de la población (Principio de Wahlund).

En un estudio sobre variación genética debe determinarse si hay desviaciones significativas del HWE en los *loci* estudiados. Si la proporción de genotipos para un *locus* no está en HWE en algunas poblaciones, puede sospecharse que ha habido una selección que afecte a dicho *locus* o la existencia de alelos nulos. Al contrario, si una población se desvía significativamente del HWE para un número independiente de *loci* puede deberse a que dentro de la población existen subdivisiones, entre otras cosas.

Un método mucho más exacto es comparar la distribución de genotipos observados con la distribución esperada si la población estuviera en HWE. Cualquier desviación significativa indicará que la población está subdividida, que existe una consanguinidad significativa, que el apareamiento no es aleatorio o que existe un flujo de genes de otra población.

Estas circunstancias pueden ser estudiadas usando test exactos o procedimientos de proporción de verosimilitud. Estos análisis se requieren debido al gran número de alelos de los *loci* microsatélite y por tanto el elevado número de posibles genotipos. Con este fin pueden usarse aplicaciones informáticas que realizan la enorme cantidad de cálculos que las probabilidades exactas requieren. Existen tres métodos más comunes para hacer un cálculo no sesgado de la probabilidad de que los datos sean compatibles con el HWE.

Test χ^2

Se usa el estadístico χ^2 para detectar la divergencia de las frecuencias genotípicas para cada combinación *locus*/población. Con este procedimiento se obtienen resultados aceptables cuando el tamaño de la muestra es grande y el número de alelos de cada *locus* es pequeño. Este inconveniente se pueden evitar usando potentes programas informáticos que generen una distribución sintética de la población a partir de los genotipos observados, como la simulación de Monte Carlo, que une alelos aleatoriamente en genotipos, realizando esta

operación muchas veces (por ejemplo, 1.000 veces), produciendo una serie de nuevas poblaciones que son testadas para el HWE haciendo un cálculo de χ^2 . La proporción de veces que estos χ^2 exceden el valor observado verifica la probabilidad de equivocarse al rechazar la hipótesis nula (no desviación del HWE). También se pueden usar algoritmos en cadena de Markov para un cálculo no sesgado de la probabilidad exacta (Raymond y Rousset, 1996).

Probabilidad de verosimilitud

Se basa en el uso de un test de proporción de verosimilitud (Sokal y Rohlf, 1981), aplicado según el método de Weir, y se calcula con el mismo método de permutación de flujo de alelos descrito en el apartado anterior (Weir, 1990).

Test exacto o de probabilidad de Fisher

El test exacto descrito por Louis y Dempster, (1987) consiste en observar todos los posibles lotes de frecuencias genotípicas para un determinado lote de frecuencias alélicas y rechazar la hipótesis de HWE si las frecuencias genotípicas resultan ser inusuales. Si hay más de cuatro alelos para un *locus*, se realiza un cálculo no sesgado de la probabilidad de HWE usando el método en cadena de Monte Carlo-Markov con miles de iteraciones (Guo y Thompson, 1992).

Análisis de diferenciación genética

Entre las múltiples aplicaciones de los microsatélites se encuentra la posibilidad de determinar las relaciones genéticas existentes entre diferentes poblaciones o entre subpoblaciones que conforman una misma población (Bowcock y col., 1994), (Forbes y col., 1995), (Estoup y col., 1996), (Lade y col., 1996)

Cálculo de índices de fijación (estadísticos F)

La teoría de los índices de fijación o estadísticos F fue concebida inicialmente por Sewall Wright en los años 40 y 50 y posteriormente desarrollada por otros autores (Chakraborty y Danker-Hopfe, 1991) Wright propuso medir las desviaciones de frecuencias genotípicas en poblaciones subdivididas por medio de tres parámetros: F_{IS} , F_{IT} y F_{ST} . Los tres parámetros están relacionados mediante la siguiente ecuación:

$$F_{st} = 1 - \frac{1 - F_{it}}{1 - F_{is}}$$

F_{IT} es el índice de fijación de los individuos respecto al total de la población, o desviación de las frecuencias genotípicas observadas en la población total respecto a las esperadas, considerando que existe equilibrio Hardy-Weinberg. F_{IS} es el índice de fijación de los individuos respecto a las subpoblaciones o desviación de las frecuencias genotípicas observadas en las subpoblaciones respecto a las esperadas considerando el equilibrio Hardy-Weinberg. F_{ST} indica el grado de diferenciación genética entre las subpoblaciones.

Nei redefinió los índices de fijación y mostró que los tres estadísticos F pueden calcularse usando la heterocigosidad observada y esperada (Nei, 1977).

Existen unos estadísticos análogos que establecen el grado de parentesco de varios pares de alelos (Cockerham, 1969), (Cockerham, 1973). En el supuesto de individuos diploides muestreados de una serie de poblaciones, se definen tres parámetros: F que representa la correlación de alelos dentro de los individuos de todas las poblaciones, se corresponde con el F_{IT} de Wright ; θ , que es equivalente al F_{ST} de Wright, sería la correlación de alelos de diferentes individuos en la misma población o coeficiente de parentesco, y f que es la correlación de los alelos dentro de individuos y dentro de las poblaciones y se corresponde con F_{IS} . Estos tres parámetros se relacionan entre sí mediante la expresión:

$$f = \frac{(F - \theta)}{(1 - \theta)}$$

Cálculo del coeficiente de diferenciación genética G_{ST}

Nei propuso una metodología alternativa para analizar la subdivisión de poblaciones en la que no es necesario conocer las frecuencias genotípicas, ya que trabaja directamente con frecuencias alélicas en términos de heterocigosidades esperadas (diversidad genética) dentro y entre poblaciones (Nei, 1973). Este método tiene la ventaja de que no está influenciado por el número de alelos por *locus*, ni por el modelo de evolución (diseñado teniendo en cuenta la mutación, selección y migración) ni por el sistema de reproducción del organismo en cuestión.

Distancias genéticas

En la teoría clásica de genética de poblaciones una población puede ser definida mediante las frecuencias alélicas de las variantes que segregan en dicha población. A partir de las frecuencias alélicas se calculan distancias genéticas.

Se considera que son cuatro las fuerzas que pueden modificar la estructura genética de las poblaciones: deriva genética, mutación, selección y migración. Los modelos para estudiar divergencia entre dos poblaciones que descienden de una población ancestral común se diseñaron originalmente para especies, y asumen una evolución independiente de cada población. Después de la especiación (el momento en que dos poblaciones se convierten en dos especies distintas), por definición, no existe migración entre poblaciones, por lo que la migración se ignora en los modelos utilizados. Cuando se utilizan microsatélites, que se admite son neutros, se asume que la selección tampoco afecta a los cambios en las frecuencias alélicas de estos marcadores. Por lo tanto, la diversidad genética observada viene determinada por dos parámetros: deriva genética y, para períodos de tiempo largos, mutación.

El modelo clásico de deriva genética y mutación se diseñó en principio para el estudio de relaciones entre especies, por lo que el periodo de tiempo que se estudia es largo por definición (miles de generaciones). Cuando se estudian razas, se estudian periodos de tiempo más cortos (cientos de años), por lo que el efecto de la mutación se puede ignorar. La interpretación biológica de las distancias genéticas depende del modelo de divergencia utilizado.

Modelo clásico de mutación-deriva.

En este modelo se asume que la población está en equilibrio con respecto a la deriva genética y a la mutación, y después de muchas generaciones, el coeficiente de consanguinidad F alcanza un estado de equilibrio dado por la expresión:

$$F_{\infty} = \frac{1}{1 + 4N\mu}$$

donde N es el tamaño de la población y μ la tasa de mutación expresada como el número de mutaciones por individuo por *locus* y por generación. Esto significa que la divergencia entre dos poblaciones depende de su tamaño y de las mutaciones ocurridas en muchas generaciones.

En estudios previos de distancia genética usando las diferencias de frecuencias alélicas entre poblaciones, la medida más utilizada era la distancia genética estándar de Nei (D) (Nei, 1972). Una medida alternativa para poblaciones muy relacionadas entre sí donde la deriva genética es el determinante principal de la diferenciación evolutiva es la distancia de Cavalli-

Sforza modificada (D_A) (Nei, 1983). Desde el punto de vista de la evolución, en periodos de tiempo cortos, la D_A es lineal con el tiempo astronómico, pero esta relación se rompe a medida que aumenta la distancia genética por encima de un determinado nivel. Este problema es particularmente agudo con datos de microsatélites de poblaciones divergentes debido a una alta tasa de mutación y un elevado número de alelos.

Posteriormente se han propuesto otras medidas de distancia para ser utilizadas específicamente con variaciones de frecuencias alélicas de microsatélites u otros *loci* VNTR que se supone que evolucionan siguiendo un modelo de mutación paso a paso (SMM) o cercano a él (Goldstein y col., 1995a), (Goldstein, y col., 1995b), (Shriver y col., 1995).

Modelo de deriva puro.

Cuando los tiempos de divergencia son cortos la cantidad de mutaciones aparecidas es insignificante. Cuando se quieren comparar poblaciones muy relacionadas, el principal factor para describir variabilidad genética es la deriva genética.

En este modelo el coeficiente de consanguinidad F no alcanza un estado de equilibrio, y su dinámica viene dada por la expresión:

$$F_t = 1 - \left(1 - \frac{1}{2N}\right)^t$$

Donde: t es el número de generaciones.

En este modelo, las distancias genéticas habituales, como la distancia estándar de Nei, son una función del coeficiente de consanguinidad de las poblaciones 1 y 2. Este tipo de distancias miden consanguinidad, un ejemplo es la distancia mínima de Nei (Nei, 1973).

Reynolds introdujo una medida de distancia genética que es la distancia mínima de Nei normalizada con una valoración de la heterocigosidad en la población fundadora, ($1 - \sum_i [x_i y_i]$) (Reynolds, 1983).

Si se asume el modelo de deriva puro, los valores de distancia no reflejan la filogenia exacta de las poblaciones estudiadas, ya que las distancias están influenciadas por el número de generaciones y por el tamaño de la población.

Medidas de distancia genética utilizadas para comparar poblaciones

En la teoría clásica de genética de poblaciones una población puede ser definida mediante las frecuencias alélicas de las variantes que segregan en dicha población y a partir de éstas calcular las distancias genéticas las cuales tienen propiedades matemáticas y significado biológico.

Naganime y Higuchi, (2001) plantearon que las distancias genéticas ayudan a entender las relaciones evolutivas entre poblaciones, y permiten obtener información para la caracterización de razas.

No existe un consenso general sobre qué distancia genética es la más apropiada en estudios de relaciones genéticas.

No obstante, las correlaciones entre varias medidas de distancia son, generalmente, bastante altas, particularmente cuando se aplican a poblaciones locales como es el caso de poblaciones ganaderas. La distancia estándar de Nei ha sido la más usada en estudios de evolución genética de poblaciones naturales. Medidas de distancia basadas en el estadístico F_{ST} de Wright (Reynolds, 1983) son más apropiadas para procesos evolutivos a corto plazo como es el caso de divergencia entre poblaciones ganaderas, especialmente si el tamaño efectivo de las poblaciones varía en el tiempo y entre razas.

Puesto que las propiedades matemáticas y las bases biológicas de las distintas medidas de distancia genética difieren, es comprensible que el uso de las mismas pueda conducir a diferentes interpretaciones de las relaciones filogenéticas entre varias razas, sin poder determinar cuál es la mejor “filogenia”, es decir, cuál de ellas se acerca más a la realidad. Cada método hace asunciones acerca de los datos y de los procesos evolutivos que los genera, y a veces es imposible saber si las poblaciones muestreadas cumplen estas asunciones y si no lo hacen, cuánto se desvían de ellas.

En la práctica, se aconseja calcular dos o más distancias genéticas y examinar las similitudes y las diferencias entre ellas, para determinar en qué grado las conclusiones obtenidas dependen de la elección de la distancia genética y saber si estas conclusiones son robustas.

Para estudios de razas porcinas, Martínez y col., (2000), utilizaron la DA (Nei 1983) en un estudio de la estructura genética de las variedades de cerdos Ibéricos mientras que San Cristóbal y col., (2006), calcularon la distancia de Reynolds (Reynolds, 1984) en un trabajo de diversidad genética con 58 razas porcinas europeas. Li y col., (2004), para estudiar la diversidad genética en 10 razas locales chinas calcularon la D_s de Nei (Nei, 1972).

Adicionalmente, se puede realizar un tipo de análisis para determinar si individuos muestreados de varias razas se agrupan según la raza o población a la que se supone que pertenecen. Este tipo de análisis evalúa la tendencia de los animales a agruparse juntos por poblaciones. Si los animales muestreados de una misma raza no se agrupan juntos, podría ser un signo de que existe un problema en la definición de la raza o en el muestreo, o que existe una subestructura de la población. Los microsatélites, tienen un grado relativamente alto de heterocigosidad y muchos alelos para cada *locus*, por lo que cada individuo puede ser definido de una forma casi inequívoca. Esto implica que pueden obtenerse resultados significativos de alelos compartidos entre individuos miembros de las poblaciones estudiadas y que pueden construirse árboles filogenéticos usando los individuos como unidades taxonómicas. Esto fue realizado por primera vez por Bowcock y col., (1994) y luego por Estoup y col., (1995a-b), resultando los árboles de distancia obtenidos en ambos casos con un patrón de agrupamiento coincidente con el origen geográfico de las distintas poblaciones. La medida de distancia genética usada por Bowcock y col., (1994) se denomina D_{SA} (medida de alelos compartidos) Esta medida toma un valor de 0 a 1 dependiendo del grado de alelos compartidos. Se calcula a partir de los genotipos y después se construye un árbol filogenético usando la matriz de D_{SA} .

Arboles de distancia

Las matrices de distancia genética contienen toda la información que proporcionan los marcadores genéticos estudiados acerca de las relaciones entre las razas estudiadas, pero ésta es difícil de interpretar sin análisis adicionales. Los datos de distancia obtenidos se utilizan en análisis de agrupamiento y se realizan representaciones gráficas para facilitar la interpretación de los mismos. Los árboles de distancia son representaciones gráficas o mapas de la matriz de distancias entre poblaciones y pueden ser considerados en algunos casos como una representación de la filogenia.

Existen dos métodos para construir árboles filogenéticos: fenético y cladístico. Las relaciones fenéticas son similitudes basadas en un grupo de caracteres fenotípicos de los objetos bajo estudio, mientras que las relaciones cladísticas contienen información acerca de la ascendencia y por tanto pueden usarse para estudiar comportamientos evolutivos. Los dos tipos de relaciones se representan en dendrogramas.

Los árboles de distancia pueden ser con raíz (rooted) o sin raíz (unrooted) Los árboles con raíz conllevan la noción de ordenamiento temporal de las especies o de los genes en el

árbol, mientras que los que no tiene raíz sólo reflejan las distancias entre las unidades representadas sin tener en cuenta cual es el ascendente de cual.

Métodos para construcción de árboles de distancia genética

En la construcción de los árboles de distancia existen diferentes métodos para dibujar la matriz de distancias. Los más empleados son el UPGMA y el Neighbor-Joining, que generalmente dan buenos resultados. El segundo parece ser superior cuando se suponen en el modelo diferentes tasas de evolución (Eding y Laval, 1999)

UPGMA (Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Average)

El método UPGMA define la distancia entre poblaciones o grupos de poblaciones como la media de todas las distancias de los miembros (tomados de dos en dos). En los dendrogramas construidos con este método las ramas surgen del punto medio entre dos grupos. La distancia entre dos agrupamientos es la suma de la longitud de las ramas. Se caracteriza porque supone una tasa constante de cambios evolutivos, es decir, supone la existencia de un reloj evolutivo y los árboles tienen raíz. Puede utilizarse para reconstruir filogenias a partir de datos moleculares, particularmente cuando se utilizan datos de frecuencias alélicas y este modelo produce árboles razonablemente buenos aunque produce más errores cuando el número de *loci* es pequeño (Takezaki y Nei, 1996)

Nei y col., (1983), compararon diferentes métodos para construir árboles filogenéticos mediante estudios de simulación y vieron que el UPGMA se comportaba bien cuando las tasas de sustitución eran las mismas para todas las ramas del árbol.

NJ (Neighbor-Joining)

Saitou y col., en 1987 describieron un método para identificar los pares más próximos, o vecinos, de poblaciones o grupos de poblaciones (unidades taxonómicas), de forma que se minimice la longitud total de un árbol. Un par de vecinos son dos unidades conectadas por un simple nodo en un árbol sin raíz y con dos ramas que se unen en un nodo interior. En general, es posible definir la topología de un árbol por la unión sucesiva de pares de vecinos para formar nuevos pares de vecinos. Al principio se obtiene una figura como una estrella en la que todas las ramas parten del mismo punto.

Se consideran vecinos el par de grupos que, cuando se juntan, producen el árbol cuya longitud total es la más corta, y éstos se unen para formar una unidad combinada. El procedimiento para identificar los vecinos entre un número reducido de unidades es repetido hasta que sólo quedan tres unidades. Así se obtiene un árbol sin raíz. Saitou y col., establecen que con este método se consigue el árbol correcto para datos puramente

aditivos, en donde la distancia entre cada par de unidades (unidades taxonómicas) es la suma de las longitudes de las ramas que las unen en el árbol. Este método ha demostrado ser el más eficiente en la práctica cuando no todos los supuestos estadísticos se cumplen (Takahashi y Nei, 2000)

Métodos de remuestreo

Los métodos de remuestreo son técnicas estadísticas que permiten dibujar múltiples árboles y estimar la fiabilidad para los diferentes nodos en el árbol, así como el nivel de confianza del árbol (Weir 1990).

El método de remuestreo más utilizado es el Bootstrapping. Se basa en que la distribución del parámetro verdadero puede ser estimada por la generación de repeticiones y análisis de datos artificiales. Dado que los datos consisten en n observaciones, un bootstrap genera una muestra de n dibujos al azar, realizado por medio del reemplazo de los datos originales. De este modo, todas las observaciones originales tienen la misma oportunidad de ser reemplazadas, y al final el valor de los nuevos «bootstrap» será el promedio para el parámetro muestreado (Tivang, 1994; Weir, 1990). Generalmente este proceso se repite un gran número de veces (generalmente 1000), creando muchos nuevos conjuntos de datos, pudiéndose usar además para estimar medias y desviaciones estándares de un estimador calculado con los datos en cuestión.

El método de Bootstrapping ha mostrado que los valores de probabilidad son demasiado pesimistas debido a que subestima el valor verdadero (Bradley y col., 1996; Zharkikh y Li, 1995); estos autores indican que valores tan pequeños como 70% podrían significar valores de probabilidad adecuados para estudios de distancias genéticas.

La interpretación correcta no siempre es fácil, debido a que se considera la confianza estadística de todo el grupo en cuestión (todas las regiones), sin embargo, es complicado evaluar la confianza total en varias regiones del mismo árbol, debido a la poca relación de los valores asignados a distintos grupos. Conforme más grupos se consideren simultáneamente, los valores decrecen drásticamente y en árboles grandes, difícilmente son significativos (Felsenstein, 2004).

Análisis factorial de correspondencia (AFC)

La representación de las relaciones genéticas entre un conjunto de poblaciones puede ser obtenido por medio de un análisis multivariado, que condensa la información de un número grande de alelos o *loci*, en pocas variables sintéticas (Cañon y col., 2001). Con este método las frecuencias alélicas de las poblaciones en todos los *loci*, se usan como variables y el cluster de cada población se representa gráficamente (Li y col., 2005).

El análisis factorial de correspondencias múltiples se presenta como un tipo de análisis canónico particularmente bien adaptado para describir la asociación entre varias variables cualitativas (Belkhir, y col., 1998). Los objetos son visualizados como una nube de puntos en el hiperespacio, definidos por una serie de ejes factoriales. Para utilizar los datos de los genotipos de los individuos, cada uno es representado por un score para cada modalidad de cada variable (dos alelos en los diferentes *loci*), siendo 0 para ausencia, 1 para la presencia del alelo en estado de heterocigosis o 2 para el estado de homocigosis.

Análisis de la estructura de las poblaciones

Para analizar la estructura genética generalmente se parte de una agrupación predefinida formada por una o más poblaciones, en este caso razas, integradas por un conjunto de individuos. La estimación de las frecuencias alélicas de una muestra de la población permite analizar el grado de relación entre diferentes poblaciones y con las herramientas adecuadas asignar individuos de origen desconocido a una población u otra. Los resultados obtenidos dependen de la estructura de las poblaciones inicialmente definidas, lo que en ocasiones plantea ciertas dificultades ya que un individuo se incluye en una u otra población basándose en criterios geográficos, morfológicos, etc., que pueden no coincidir con criterios genéticos, consiguiendo separar en poblaciones distintas individuos que en términos genéticos se incluirían en una misma población o viceversa.

Utilizando información molecular (microsatélites, RFLPs o SNPs) Pritchard y col., (2000), desarrollaron un método basado en la agrupación de frecuencias alélicas y no en clasificaciones *a priori* (razas o variedades) El método basado en un algoritmo bayesiano (Monte Carlo Markov Chain), asigna cada individuo a partir de un modelo que permite la mezcla de las poblaciones ancestrales; es decir, una fracción q_k del genoma de un individuo viene de la subpoblación K ($\sum_k q_k = 1$) Por otra parte, Falush y col., (2003) introdujeron un modelo en el que se acepta ligamiento entre los marcadores, el cual se incluye en el modelo combinado, para explicar la correlación entre los marcadores ligados. Este permite la estimación del origen de la región del cromosoma dentro del individuo y proporciona una mejor resolución en el estudio del proceso histórico de la muestra. Estos modelos están disponibles en el programa Structure v 2.1 (<http://pritch.bsd.uchicago.edu/>).

Los supuestos principales para dichos modelos son que las frecuencias alélicas están en equilibrio de ligamiento y que existe equilibrio Hardy-Weinberg dentro de las poblaciones, por tanto, la similitud del genotipo del individuo i está condicionada por las frecuencias alélicas en su población de origen (Z_i)

El algoritmo de Pritchard y col., (2000), es una herramienta muy poderosa, que permite detectar clusters y además da una fiabilidad elevada a los resultados. Tiene también la ventaja de que aunque se desconozca el origen de las poblaciones, de acuerdo a las frecuencias alélicas de los individuos, asigna estos al cluster correspondiente, a la vez que indica el número de clusters o poblaciones involucradas en la muestra.

MATERIALES Y MÉTODOS

Ambientes y animales

La región geográfica del Nordeste Argentino (NEA), incluye cuatro provincias: Corrientes, Chaco, Formosa y Misiones. Desde el punto de vista climatológico se hallan incluidas en la Región Subtropical Argentina que comprende el territorio ubicado al norte del paralelo 30° S de latitud. La isoterma de 20 °C la separa del resto del país, donde las precipitaciones disminuyen de este a oeste, desde 1800 mm hasta 100 mm, la isoyeta de 500 mm anuales pasa por el centro de la región subdividiéndola en Subtropical Húmeda (HU) y Subtropical Seca (SE).

Para el estudio de la población de cerdos Criollos del NEA, se realizó un muestreo aleatorio de cerdos Criollos de las dos subregiones descriptas anteriormente. Se analizaron muestras de un total de 93 porcinos correspondientes a 38 granjas en total en ambas zonas, 53 de ellos procedentes de la primera y 40 de la segunda.

Obtención de las muestras

Se recolectaron muestras de pelo de cada animal, por la facilidad de transporte y los escasos requerimientos de conservación. Las mismas se conservaron en sobres de papel individuales, a temperatura ambiente, sin necesidad de otras condiciones. Por tratarse de animales provenientes de explotaciones familiares o asilvestrados no se cuenta con datos de genealogía. Las muestras fueron enviadas para su análisis al Laboratorio de Genética Molecular aplicada del Grupo de Investigación PAI AGR-218, de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Córdoba, España.

En el cálculo de las distancias genéticas se incluyen la totalidad de los individuos tipificados de las zonas Húmeda (HU) (n = 53) y Seca (SE) (n =40) del NEA, además de una serie de poblaciones de referencia.

Las poblaciones de referencia utilizadas son: 5 variedades del cerdo Ibérico: Retinto Extremeño (REXT) (n = 86), Torbiscal (TOR) (n=50), Entrepelado (ENT) (n=50), Lampiño (LAM) (n=56), Manchado de Jabugo (MJ) (n=38); dos razas españolas no pertenecientes al Tronco Ibérico: Chato Murciano (CHM) (n=64), y Negro Canario NC (n=27); tres razas internacionales Duroc Jersey (DU) (n=76), Large White (LW) (n = 78) y Landrace (LR) (n = 104); y cuatro Criollos Iberoamericanos, Ecuatoriano (EC)(n = 50), Cubano CU(n =50), Pelón Mexicano (MEX) (n =49) y Criollo de El Salvador (SAL) (n =21).

Preparación de las muestras

Las condiciones de extracción de ADN a partir de muestras de pelo se encuentran recogidas en el Protocolo que se muestra a continuación.

Protocolo para Extracción de ADN de muestras de pelo.

a) MATERIAL

TE: Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM pH=8

Tampón K de Extracción: 40 ml de Tris-HCl 1M (pH=8,5), 20 ml de NaCl 2,5M, 10 ml de EDTA 0,5M, 10 ml de SDS al 10% y H₂O hasta 200 ml

Acetato Sódico 3M pH=5,2

Isopropanol

Etanol al 70%

Muestra de pelo con raíz

b) MÉTODO

Lavar 10 pelos con raíz de cada animal con agua bidestilada y después con etanol 70%

Dejar secar

Cortar las raíces de los pelos con tijeras esterilizadas con alcohol e introducirlos en microtubos

Añadir 300 µl de Tampón de Extracción

Triturar las raíces con un émbolo

Añadir 150 µl de Acetato Sódico 3M pH=5,2

Colocar los microtubos en el congelador (-20 °C) al menos durante 20 minutos

Centrifugar durante 10 minutos a 13.000 rpm

Recoger el sobrenadante y ponerlo en otro microtubo de 1,5 ml limpio. Desechar el precipitado.

Añadir igual volumen al extraído de Isopropanol

Colocar en el congelador (-20 °C) durante al menos 20 minutos

Centrifugar durante 30 minutos a 13.000 rpm

Eliminar el sobrenadante

Lavar el precipitado con 150 µl de Etanol al 70%

Centrifugar durante 5 minutos a 13.000 rpm

Eliminar el sobrenadante y dejar secar el precipitado al aire o con una bomba de vacío

Resuspender el precipitado en 100 µl de TE

Conservar a $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$

Microsatélites caracterizados

Se estudiaron 24 microsatélites que se muestran en la **Tabla 51**, 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 (FAO 1998).

Amplificación de las secuencias microsatélite

Los microsatélites se amplificaron mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) Las condiciones de amplificación se recogen en la **Tabla 52**.

La amplificación de los microsatélites se realizó utilizando unas condiciones básicas

Material

- Tampón PCR 10X: 500 mM KCl, 100 mM Tris-HCl pH=9, 1% Triton X-100
- MgCl_2 25 mM
- Didesoxinucleósidos: dATP 25 mM, dCTP 25 mM, dGTP 25 mM, dTTP 25 mM (Farmacia)
- Cebador Directo 100 μM
- Cebador Reverso 100 μM
- Taq ADN polimerasa: 5 U/ μl (Promega)
- Muestra: ADN obtenido mediante el protocolo 1 ó 2
- Aceite mineral (Sigma)
- Agua ultrapura
- Placas de 96 tubos de 0,2 ml Thermo-Fast[®] 96 (Avanced Technologies)
- Termociclador PTC-100 (MJ-Research)
-

Método

- Dispensar 5 μl de muestra en los pocillos de las placas de PCR.
- Preparar una solución que contenga: agua (4 μl por muestra) y los cebadores correspondientes (1 μl de cada uno por muestra). Poner 10 μl de esta solución en cada pocillo.
- Cubrir cada pocillo con 20 μl de aceite mineral.
- Calentar a $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ durante 10 minutos

- Preparar una solución que contenga: Tampón PCR 10X (4,6 µl por muestra), MgCl₂ la concentración final es la óptima para cada marcador (Tabla 2), dNTPs (0,2 µl por muestra), Taq polimerasa (0,2 µl por muestra) y el agua necesaria para completar un volumen de 10 µl por muestra.
 - Añadir 10 µl de la solución de polimerasa en cada pocillo (“Hot Start”).
 - Realizar 35 ciclos: 95 °C/30 segundos, T.A./45 segundos (Tabla 3), 72 °C/30 segundos
 - Mantener a 72 °C durante 30 minutos
- Conservación a –20 °C hasta posterior procesamiento.

Tabla 51: Microsatélites recomendados por la FAO para estudios de biodiversidad en ganado porcino utilizados

Micro.	Cro.	Fluor.	Cebadores (3'-5'): Directo	Reverso
IGF1	5	6FAM	GCTTGGATGGACCATGTTG	CATATTTTCTGCATAACTTGAACCT
S0002	3q	HEX	GAAGCCCAAAGAGACAACTGC	GTTCTTTACCCACTGAGCCA
S0005	5	TET	TCCTCCCTCCTGGTAACTA	GCACTTCCTGATTCTGGGTA
S0068	13	TET	CCTTCAACCTTTGAGCAAGAAC	AGTGGTCTCTCCCTCTTGCT
S0090	12	6FAM	CCAAGACTGCCTTGAGGTGAATA	GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG
S0101	7	HEX	GAATGCAAAGAGTTCAAGTGTAGG	GTCTCCCTCACACTTACCGCAG
S0155	1q	6FAM	TGTTCTCTGTTTCTCCTCTGTTTG	AAAGTGGAAAGAGTCAATGGCTAT
S0178	8	TET	TAGCCTGGGAACCTCCACACGCTG	GGCACCAGGAATCTGCAATCCAGT
S0215	13	HEX	TAGGCTCAGACCCTGCTGCAT	TGGGAGGCTGAAGGATTGGGT
S0228	6	TET	GGCATAGGCTGGCAGCAACA	AGCCACCTCATCTTATCTACACT
S0225	8	HEX	GCTAATGCCAGAGAAATGCAGA	CAGGTGGAAAGAATGGAATGAA
S0226	2q	6FAM	GCACTTTTAACTTTTCATGATACTCC	GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA
S0227	4	HEX	GATCCATTTATAATTTTAGCACAAAGT	GCATGGTGTGATGCTATGTCAAGC
S0228	6	TET	GGCATAGGCTGGCAGCAACA	AGCCACCTCATCTTATCTACACT
S0355	15	6FAM	TCTGGCTCCTACACTCCTTCTTGATG	TTGGGTGGGTGCTGAAAAATAGGA
S0386	11	TET	TCCTGGGTCTTATTTTCTA	TTTTTATCTCCAACAGTAT
SW24	17	TET	CTTTGGGTGGAGTGTGTGC	ATCCAAATGCTGCAAGCG
SW240	2p	6FAM	AGAAATTAGTGCCTCAAATTGG	AAACCATTAAGTCCCTAGCAAA
SW632	7	TET	TGGGTTGAAAGATTTCCCAA	GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA
SW72	3p	TET	ATCAGAACAGTGCGCCGT	TTTAAAATGGGGTGTTTCC
SW857	14	HEX	TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC	GATCCTCTCCAAATCCCAT
SW911	9	6FAM	CTCAGTTCTTTGGGACTGAACC	CATCTGTGGAAAAAAAAGCC
SW936	15	6FAM	TCTGGAGCTAGCATAAGTGCC	GTGCAAGTACACATGCAGGG
SW951	10	6FAM	TTTCACAACTCTGGCACCAG	GATCGTGCCCAATGGAC

Micro: Microsatélite. Cro: Cromosoma. Fluor: Fluorocromo. Los cebadores directos están marcados con los fluorocromos

Tabla 52: Condiciones de la amplificación

<i>Micro</i>	<i>Lote (*)</i>	<i>MgCl₂ (mM)</i>	<i>Tamaño</i>	<i>T.A. (°C)</i>	<i>Múltiplex</i>
S0068	I	2,5	211-260	55	M1
S0101	I	2,5	197-216	55	M2
S0215	I	2,5	135-169	55	M2
SW911	I	2,5	153-177	55	M2
SW936	I	2,5	80-117	55	M2
SW632	I	2,5	159-180	55	M3
SW24	I	2,5	96-121	55	M3
S0355	I	3	243-277	55	Simple
S0227	II	4	231-256	55	M4
S0225	II	4	170-196	55	M4
S0226	II	4	181-205	55	M4
S0228	II	4	222-249	55	M4
S0090	II	2,5	244-251	55	M5
SW951	II	2,5	125-133	55	M5
S0178	II	2,5	110-124	55	M5
S0005	III	2,5	205-248	55	M6
S0002	III	2,5	190-216	55	M6
IGF1	III	2,5	197-209	55	M6
SW72	III	2,5	100-116	55	M7
SW857	III	2,5	144-160	55	M7
S0026	III	2,5	92-106	55	M7
S0155	III	2,5	150-166	55	M7
SW240	III	2,5	96-115	55	M7
S0386	III	3	156-174	48	Simple

Micro: Microsatélite. T.A: Temperatura de acoplamiento de los cebadores. (*) La FOA/ISAG propone tres lotes de nueve microsatélites cada uno para cargarlos juntos en el mismo gel en el caso de utilizar un secuenciador automático con tecnología de cuatro colores

Detección del polimorfismo mediante geles de poliacrilamida

Para realizar la separación por tamaños de los fragmentos obtenidos mediante la PCR se sometieron estos a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático ABI Prism 377 XL (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). Para la preparación del gel se ha utilizado el kit Reprogel 377 (Amersham Pharmacia Biotech) siguiendo las recomendaciones del fabricante.

Tipificación de las muestras

Las muestras resultantes de las diferentes PCR multiplex se mezclaron en forma que se pudieran analizar en cada gel los microsatélites de un mismo lote (tabla 2) De esta manera, para analizar los 24 microsatélites en cada muestra, se realizaron solo 3 electroforesis. Se tomaron 1,5 µl de la mezcla correspondiente a cada lote y se le añadieron 3 µl del tampón de carga (1000 µl de formamida desionizada, 200 µl de azul dextrano y 100 µl del estándar de tamaños Genescan 350-TAMRA). Se desnaturalizaron las muestras calentando a 95 °C

durante 2 minutos y se cargaron 3,5 μ l de las mismas en el gel. La electroforesis duró aproximadamente 2 horas, transcurridas las cuales se procedió a la tipificación de las muestras.

El programa Genescan Analysis v 3.1.2 analizó los datos recogidos del secuenciador automático y proporcionó información del tamaño de los fragmentos estudiados. El programa construye curvas de regresión en función de los tamaños del estándar y asigna a cada banda problema el tamaño en función de dichas curvas. El estándar de tamaños utilizado es GENESCAN 350-TAMRA para calcular tamaños de fragmentos entre 35 y 350 nucleótidos.

Una vez que se obtuvo el tamaño de cada banda se procedió a seleccionar aquellas que representen una variante o alelo y a descartar las secundarias e inespecíficas.

Mediante el programa GENOTYPER[®] 2.5 se analizaron las gráficas de las bandas obtenidas con el programa Genescan Analysis y se identificaron los diferentes alelos presentes en cada uno de los microsatélites.

Tratamiento estadístico para el análisis de la población

En una primera etapa todas las determinaciones y cálculos han estado dirigidos a caracterizar la población completa del cerdo Criollo del Norte Argentino, por lo tanto en la misma en los distintos análisis se incluyen los 93 individuos pertenecientes a esta población. En la segunda etapa, atendiendo a las posibilidades que ofrece el análisis con microsatélites, se planteó comprobar la existencia o no de diferenciación genética entre los cerdos Criollos adaptados a la Zona Seca (SE) y los adaptados a la Zona Húmeda (HU) en la región NEA, para lo que se calcularon los estadísticos apropiados para averiguarla.

Para el cálculo de las frecuencias alélicas de cada *locus* y la prueba de equilibrio HW, según Guo y Thompson (1992) con el algoritmo en Cadena de Monte Carlo Markov, se ha utilizado el programa informático GENEPOP versión 3.1c (Raymond y Rousset 1995).

La heterocigosidad observada y esperada, los estadísticos F, el G_{ST} , el AFC y el valor de F_{IS} por población con intervalo de confianza se ha realizado con el programa GENETIX V. 4.05 (Belkhir y col., 2003).

Los valores de PIC se han calculado mediante la fórmula de Botstein y col., (1980) con el complemento The Excel Microsatellite Toolkit (Park 2001), utilizando el programa MS EXCEL.

Se ha calculado la distancia genética individual de los individuos de la Zona Húmeda y Seca por intermedio de un algoritmo muy simple (Bowcock y col., 1994), donde se intenta

agrupar los individuos en función de los alelos que comparten para cada marcador, representándolos gráficamente en un árbol de distancias por NJ.

Por último, se lleva a cabo un estudio de distancia genética con respecto a las cinco variedades del cerdo Ibérico más representativas (Retinto, Lampiño, Entrepelado, Torbiscal y Manchado de Jabugo), las razas Chato Murciano, Negro Canario, Duroc Jersey, Large White y Landrace así como cuatro poblaciones de cerdos Criollos iberoamericanos (Ecuatoriano, Cubano, Mexicano y Salvadoreño). Se han calculado las distancias genéticas: D_S (Nei 1972) y D_A de Nei y col., (1983) sugeridas por Takezaki y col., (1996) y de Reynolds D_R (1983). Con las matrices de distancia se han construido árboles de distancia que reflejan las relaciones genéticas entre las poblaciones porcinas, con el paquete Populations 1.2.28 (Olivier Langella, <http://www.cnrs-gif.fr/pge/bioinfo/populations/>). Los árboles de distancia se han visualizado con el programa Treeview (Page, 1996).

Con el programa Structure (Pritchard y col.,y 2000), se ha realizado el estudio de la estructura de las poblaciones. Se realiza la asignación de los individuos a clusters relacionando a los individuos más parecidos genéticamente utilizando un algoritmo bayesiano que emplea un modelo basado en el método de cadenas de Monte Carlo-Markov, que estima 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 un individuo tiene de las poblaciones parentales. Se ha utilizado un periodo de "burn-in" de 100.000 repeticiones y 500.000 iteraciones para un total de 930 individuos y los resultados fueron graficados con el programa Distruct (disponible en <http://rosenberglab.bioinformatics.med.umich.edu/distruct.html>).

RESULTADOS

En la **Tabla 53** se presenta el número de alelos (NA) detectados en la población total del cerdo Criollo del NEA (N = 93) la heterocigosidad esperada (He), la heterocigosidad observada, (Ho) el contenido de información polimórfica (PIC) y la probabilidad de que la población se encuentre en equilibrio Hardy-Weinberg, así como el valor F_{IS} en la población total (PT) de cerdos Criollos muestreados en el NEA para los 24 *loci* microsatélites utilizados.

Alelos detectados (NA)

El promedio de alelos para la PT de cerdos Criollos del NEA resultó ser de $9,25 \pm 3,04$. Todos los *loci* resultaron polimórficos y el número de alelos varió desde 2 para el microsatélite S0026 hasta 17 para el S0005.

Contenido de Información Polimórfica (PIC)

Los valores de PIC obtenidos oscilan entre 0,125 para el *locus* S0227 y 0,873 para el S0005. Los valores más altos se corresponden con los microsatélites que presentan un mayor número de alelos (S0005, S0068, SW24, S0002, S0178 y SW632). Los 3 marcadores que se presentaron medianamente informativos son: S0215, S0355 y S0228 cuyos PIC están entre 0,25 y 0,50. El único poco informativo en ésta población es el S0227.

Heterocigosidad esperada y observada (He y Ho)

La He media fue de $0,6820 \pm 0,0370$ y varió entre un valor máximo de 0,889 para el marcador S0005 y uno mínimo de 0,128 para el S0227, en coincidencia para los valores máximo y mínimo de PIC.

La Ho media fue de $0,579 \pm 0,0108$, la más elevada es la encontrada para el *locus* SW936 y la más baja la del marcador S0227. La heterocigosidad observada es más baja en todos los marcadores que la esperada, la mayor diferencia es de 0,2944 (S0005)

Equilibrio Hardy-Weinberg

Los valores de probabilidad de la prueba de equilibrio de Hardy-Weinberg muestran que el 46 % de los 24 marcadores estudiados resultaron en equilibrio y el resto no lo están ($p < 0,01$). Tales microsatélites son: S0101, S0355, S0068, SW632, SW24, S0090, S0226, S0178, S0005, S0002, SW857, S0155, SW240. Los marcadores S0227 y IGF1 están fuera de HWE a un nivel de $p < 0,05$ lo que haría un total de 62,5 % de *loci* fuera de HWE.

F_{is}

La variabilidad dentro de la población estimada a través del parámetro F_{is} mostró un déficit de heterocigotos altamente significativo ($p = 0.0021$) con una media global para la población de Cerdos Criollos del NEA de 0,151. Un leve, aunque no significativo, exceso de heterocigotos se observó en el *locus* *S0228* (- 0,008), que resultó con el F_{is} mínimo y el máximo fue de 0,333 para el microsatélite *S0005*. Once microsatélites muestran un déficit de heterocigotos altamente significativos (** = $p < 0,01$), dos de ellos significativos (* $p < 0,05$) y los otros 10 *locus* resultaron con F_{is} positivos no significativos.

Varios factores pueden contribuir a la menor heterocigosidad que la esperada en la población, incluyendo consanguinidad, subdivisión de la población (efecto Wahlund), la presencia de alelos nulos o la falta de neutralidad relativa a la selección, con selección a favor de los homocigotos (Maudet y col., 2002).

Debido a las características de la población estudiada donde no se aplican planes dirigidos de selección, este efecto se podría descartar. Por su lado, la consanguinidad podría contribuir para el déficit de heterocigotos que se observa, ya que las pequeñas explotaciones típicas del NEA frecuentemente resultan en apareamientos entre individuos emparentados. Todavía, el efecto Wahlund podría considerarse como la principal causa del F_{is} positivo y altamente significativo en la población en estudio, indicando una subestructuración de la población, correspondiente a su dispersión y aislamiento geográfico.

Tabla 53: Microsatélites tipificados, NA, (He), (Ho), PIC p-value en la población total (PT) de Cerdos Criollos del NEA

Locus	NA	He	Ho	PIC	p- value	Fis
S0101	10	0,635	0,505	0,605	0,001	0,205**
S0215	8	0,486	0,445	0,465	0,394	0,083
S0355	6	0,436	0,305	0,404	0,001	0,299**
SW911	7	0,690	0,655	0,641	0,495	0,049
SW936	11	0,821	0,802	0,794	0,270	0,023
S0068	15	0,888	0,768	0,872	0,000	0,136**
SW632	11	0,830	0,645	0,804	0,000	0,224**
SW24	11	0,842	0,744	0,821	0,000	0,117**
S0227	5	0,128	0,111	0,125	0,044	0,133
S0225	9	0,596	0,532	0,574	0,223	0,107*
S0090	6	0,772	0,747	0,729	0,006	0,033
S0226	10	0,673	0,533	0,628	0,000	0,208**
SW951	5	0,573	0,488	0,526	0,077	0,148*
S0228	7	0,382	0,384	0,365	0,242	-0,008
S0178	10	0,841	0,695	0,816	0,000	0,175**
S0005	17	0,889	0,594	0,873	0,000	0,333**
S0386	3	0,711	0,640	0,672	0,078	0,100
SW72	2	0,686	0,647	0,633	0,062	0,057
S0002	10	0,820	0,620	0,793	0,000	0,244**
SW857	4	0,751	0,593	0,710	0,001	0,211**
S0026	2	0,606	0,545	0,548	0,323	0,100
IGF1	4	0,755	0,683	0,712	0,017	0,095
S0155	3	0,772	0,670	0,732	0,000	0,132
SW 240	5	0,783	0,550	0,747	0,000	0,298**
Valores Promedio	9,25	0,682	0,579	0,651		0,151**

NA: Número de alelos; He: Heterocigosidad esperada; Ho: Heterocigosidad observada; PIC: Contenido de Información Polimórfica; los marcadores en desequilibrio Hardy-Weinberg ($p < 0,01$) se encuentran en negrita. Significancia de F_{is} : * $p < 0,05$; ** $p < 0,000$

Cálculos de diferenciación genética

Se calculó el NA, He, Ho, PIC y HWE para las subpoblaciones definidas por la zona climática HU y SE (ya que dichos parámetros indican en cierta manera la variabilidad genética de las subpoblaciones) En la **Tabla 54** se recogen los valores de las medidas de diversidad genética encontrados para las dos subpoblaciones. En la **Tabla 55** se muestran los valores del Coeficiente de diferenciación genética (G_{ST}) y de los estadísticos F encontrados.

Promedio de alelos detectados en las Zonas Seca y Húmeda

El promedio de alelos resultó de $8,29 \pm 2,14$ en HU y algo inferior para la SE ($6,83 \pm 2,14$). En HU todos los *locus* resultaron polimórficos, mientras que en SE el marcador S0227 resultó ser monomórfico.

En HU la variación del número de alelos fue de entre 5 en los *locus* S0355 y S0227 y 13 para los marcadores S0068 y S0005, mientras que en SE quitando el *locus* S0027, (fijo), dicha variación fue de entre 3 para S0026 y 14 para S0002. La mayoría de los marcadores muestran de 7 a 10 alelos en la zona HU y entre 4 y 7 alelos en la SE.

Contenido de Información Polimórfica (PIC) en las zonas húmeda y seca (HU y SE)

El valor inferior de PIC en HU es de 0,213 para S0227, y el superior fue de 0,873 para S0068. Este mismo marcador es el de mayor PIC en SE (0,845), mientras el valor mínimo en ésta es 0,221 para S0228. Los valores de PIC más altos en las dos poblaciones se dan en microsatélites que presentan los mayores número de alelos y son coincidentes en S0068. En HU la mayoría de los marcadores resultaron muy informativos (PIC > 0,50), excepto S0215 y S0355, que son medianamente informativos (PIC entre 0,25 y 0,50), y como poco informativo se mostró S0227. Por el contrario en SE, 6 de los marcadores fueron medianamente informativos, coincidentemente con los dos de la zona húmeda y S0225, S0226, SW951, y SW026. Poco informativo resultó el *locus* S0228 y el resto muy informativos. S0227 que fue poco informativo en HU, en SE resultó monomórfico.

Heterocigocidad esperada y observada en Zona Seca y Húmeda

Otra manera de apreciar la diversidad genética para un determinado panel de marcadores es mediante la proporción de individuos heterocigotos presentes o heterocigocidad. Los valores de heterocigocidad media esperada (H_e) y heterocigocidad media por recuento directo (H_o) se presentaron más bajos en la población de cerdos de la zona SE ($0,626 \pm 0,043$ para H_e y $0,549 \pm 0,016$ para H_o), que para HU ($0,697 \pm 0,031$ y $0,604 \pm 0,014$ para H_e y H_o , respectivamente). Ambos valores superan el nivel de heterocigocidad media de 0,5 lo que indica hay una diversidad genética importante en las dos poblaciones.

Los valores de H_e difieren acentuadamente de los de H_o , indicando que existe una situación de desequilibrio de Hardy-Weinberg en las dos poblaciones. La H_o en ambas subpoblaciones (HU y SE) es más baja en todos los marcadores que la H_e excepto para los *locus* S0228 y S0155 en HU y para S0228, S0090, SW936 SW911 en SE, observándose la diferencia mayor de 0,2813 en el marcador (S0005) en HU, mientras que en SE fue de 0,2363 en el *locus* S0155.

Equilibrio Hardy-Weinberg

Se consignan los valores de probabilidad obtenidos en la prueba de equilibrio Hardy-Weinberg para todas las combinaciones *locus*/población y se resaltan los marcadores que no se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg ($p < 0,01$). En la población de HU 8

marcadores resultaron en desequilibrio mientras que en SE fueron sólo 7. En HU los *loci* SW857 y S0155 resultaron en desequilibrio para $p < 0,05$ y en SE los *loci* W951 y SW857, constituyendo un total 41,6 % en HU y del 37,5 % en SE.

Estas cifras resultan inferiores a los 13 marcadores en desequilibrio en la población total (54 %)

Cinco marcadores resultaron en desequilibrio en ambas zonas S0068, SW24, S0005, S0002, SW240. Los marcadores S0355, S0226, S0178, no están en equilibrio en la población de HU, y los dos restantes en desequilibrio en SE fueron S0101 y SW632.

Fis

La variabilidad dentro de cada población estimada a través del parámetro F_{IS} mostró un déficit de heterocigotos altamente significativo ($p < 0.000$) con una media global para la población de Cerdos Criollos de la Zona Húmeda de 0,135. Un leve, aunque no significativo exceso de heterocigotos se observó en 2 *loci*: S0155 (-0,070) y S0228 (-0,006), que resultó con el F_{IS} mínimo y el máximo fue de 0,417 para S0355. El alto déficit de heterocigosidad observada en este *locus* puede indicar la presencia de alelos nulos (SanCristobal y col., 2003), pero cuando se consideran los F_{IS} de los otros *loci* el déficit en heterocigosidad probablemente refleje la subdivisión de toda la población en subpoblaciones o una consecuencia de la consanguinidad acumulada en las pequeñas explotaciones aisladas. Seis microsatélites muestran un déficit de heterocigotos altamente significativos (** = $p < 0,01$), y 3 significativos (* $p < 0,05$). Los otros 13 *locus* resultaron con F_{IS} positivos no significativos. La media global de este parámetro para la población de Cerdos Criollos de la Zona Seca de 0,124 fue altamente significativa. En 6 *loci* se observó exceso de heterocigotos aunque no significativos: S0215 (-0,072); SW911 (-0,040); SW936 (-0,030); S0090 (-0,104); S0228 (-0,079) S0026 (-0,134). El rango estuvo entre -0,040 para SW911 y 0,336 en S0155. Siete microsatélites muestran un déficit de heterocigotos altamente significativos (** = $p < 0,00$), y 1 significativo (* $p < 0,05$). Los otros 9 *locus* resultaron con F_{IS} positivos no significativos y un *locus* fijo.

Tabla 54: Microsatélites tipificados, NA, He y Ho, PIC por marcador y p-values de la prueba de HWE y F_{is} en las poblaciones de la (SE) y (HU).

LOCUS	ZONA HUMEDA						ZONA SECA					
	NA	He	Ho	PIC	p val	F_{is}	NA	He	Ho	PIC	p- val	F_{is}
S0101	7	0,617	0,551	0,582	0,380	0,108	7	0,643	0,447	0,596	0,006	0,307*
S0215	8	0,503	0,415	0,472	0,097	0,176*	7	0,455	0,487	0,431	0,942	-0,072
S0355	5	0,508	0,297	0,459	0,000	0,417**	5	0,327	0,315	0,308	0,238	0,036
SW911	7	0,696	0,641	0,658	0,488	0,080	6	0,649	0,675	0,574	0,096	-0,040
SW936	11	0,805	0,784	0,771	0,244	0,026	7	0,801	0,825	0,76	0,550	-0,030
S0068	13	0,894	0,814	0,873	0,001	0,091	13	0,870	0,717	0,845	0,002	0,177***
SW632	9	0,756	0,679	0,717	0,113	0,102	8	0,811	0,600	0,775	0,004	0,263
SW24	10	0,85	0,808	0,822	0,000	0,049	9	0,785	0,666	0,748	0,006	0,152**
S0227	5	0,223	0,200	0,213	0,153	0,103	1	0	-	-	-	-
S0225	7	0,654	0,576	0,615	0,377	0,119	6	0,479	0,475	0,453	0,501	0,009
S0090	6	0,790	0,705	0,748	0,233	0,107	5	0,730	0,805	0,67	0,001	-0,104
S0226	10	0,758	0,640	0,717	0,001	0,157*	5	0,531	0,400	0,468	0,078	0,250
W951	6	0,592	0,529	0,544	0,356	0,107	4	0,554	0,435	0,499	0,034	0,216
S0228	7	0,487	0,490	0,463	0,309	-0,006	5	0,232	0,250	0,221	1,000	-0,079
S0178	9	0,831	0,651	0,799	0,004	0,219**	9	0,843	0,743	0,812	0,052	0,120
S0005	13	0,871	0,589	0,845	0,000	0,326**	12	0,824	0,600	0,797	0,000	0,275**
S0386	8	0,643	0,571	0,578	0,192	0,113	6	0,756	0,725	0,716	0,525	0,042
SW72	7	0,730	0,700	0,686	0,101	0,042	4	0,606	0,578	0,517	0,817	0,045
S0002	9	0,800	0,560	0,763	0,000	0,302***	14	0,825	0,702	0,791	0,005	0,150**
SW857	8	0,765	0,634	0,722	0,018	0,172*	7	0,628	0,538	0,566	0,032	0,144
S0026	7	0,647	0,530	0,59	0,537	0,182**	3	0,498	0,564	0,394	0,471	-0,134
IGF1	9	0,775	0,727	0,733	0,057	0,062	7	0,736	0,628	0,681	0,245	0,148**
S0155	8	0,776	0,829	0,733	0,038	-0,070	6	0,710	0,473	0,655	0,000	0,336***
SW240	10	0,773	0,571	0,735	0,004	0,263***	8	0,728	0,525	0,684	0,000	0,282***
Medias	8,2	0,698	0,604	0,660		0,135***	6.8	0,63	0,55	0,58		0,124***

NA: Número de alelos; He: Heterocigosidad esperada; Ho: Heterocigosidad observada; PIC: Contenido de Información Polimórfica; los marcadores en desequilibrio Hardy-Weinberg ($p < 0,05$) se encuentran en negrita, $F_{is} = p < 0,05$

G_{ST} y estadísticos θ , F y f .

El valor promedio de G_{ST} para todos los *loci* resultó ser de 0,029 oscilando entre 0,001 para el *locus* SW951 y 0,066 para el SW632.

El parámetro F_{it} refleja la divergencia entre He y Ho para todos los individuos con una media global de 0,169 (0,013) para todos los *loci* y un rango para los diferentes marcadores entre 0,009 para el *locus* S0228 hasta 0,359 para el *locus* S0005.

La diferenciación genética entre poblaciones, evaluada a través de θ (F_{st}), correspondió al 0,044, y representa la proporción de la variabilidad genética debida a la subdivisión de la población cuando todos los *loci* fueron considerados. Para cada *locus* individualmente el rango fue de entre -0,009 para el *locus* IGF1 y 0,114 para SW632. El intervalo de confianza al 95% para θ (F_{st}), varió entre el 3 y el 5,9 % . El déficit de heterocigosis dentro de las subpoblaciones evaluado por el parámetro f (F_{is}) resultó en una media global de 0,131 para todos los *loci*, y con un rango entre -0,025 para el *locus* SW228 y 0,302 para el *locus* S0005. Ningún microsatélite resultó con un F_{is} demasiado alto, aunque 12 de ellos fueron significativos. El valor negativo en S0228 indica un exceso de heterocigotos aunque fue no significativo. Los valores de f superiores a 0,10 se dieron en 13 de los 24 marcadores (S0101, S0355, S0068, SW632, S0227, S0226, SW951, S0178, S0005, S0386, S0002, SW857 y SW240).

Tabla 55: Valores de (G_{ST}), θ (F_{st}), F (F_{it}) y f (F_{is}) por marcador para las poblaciones de la Zona Seca y Zona Húmeda del NEA

<i>Locus</i>	G_{ST}	θ	F	f
S0101	0,017	0,019	0,212**	0,196**
S0215	0,012	0,012	0,088	0,077
S0355	0,025	0,033	0,310**	0,287**
SW911	0,025	0,038	0,068	0,030
SW936	0,027	0,043**	0,044	0,001
S0068	0,011	0,009	0,139**	0,131**
SW632	0,066	0,114**	0,268**	0,174**
SW24	0,031	0,048	0,138**	0,093*
S0227	0,042	0,061**	0,159	0,104
S0225	0,036	0,058**	0,133**	0,079
S0090	0,015	0,018	0,041	0,023
S0226	0,029	0,043	0,225**	0,190**
SW951	0,001	-0,010	0,143*	0,152*
S0228	0,023	0,033	0,009	-0,025
S0178	0,011	0,007	0,177**	0,171**
S0005	0,051	0,082**	0,359**	0,302**
S0386	0,029	0,046	0,120	0,077
SW72	0,020	0,027*	0,069	0,043
S0002	0,018	0,021	0,252**	0,236**
SW857	0,066	0,111**	0,255**	0,161**
S0026	0,046	0,077**	0,134	0,062
IGF1	0,002	-0,009	0,090	0,099
S0155	0,039	0,063**	0,160	0,102
SW 240	0,045	0,072**	0,323**	0,270**
Medias	0,029	0,044	0,169	0,131

* $P < 0,05$ ** $p < 0,01$

Árbol de distancias entre poblaciones

En la **Figura 7** se observa el árbol de distancias individuales D_{SA} (Bowcock y col., 1994), construido con el método UPGMA que muestra un claro agrupamiento de los individuos por zona, en las que se subdividió la población de cerdos del NEA estudiada (HU y SE). Es evidente que los individuos de ambas zonas ecológicas se agrupan por separado a pesar de que se observa que dos individuos de cada zona se entremezclan entre los de la otra.

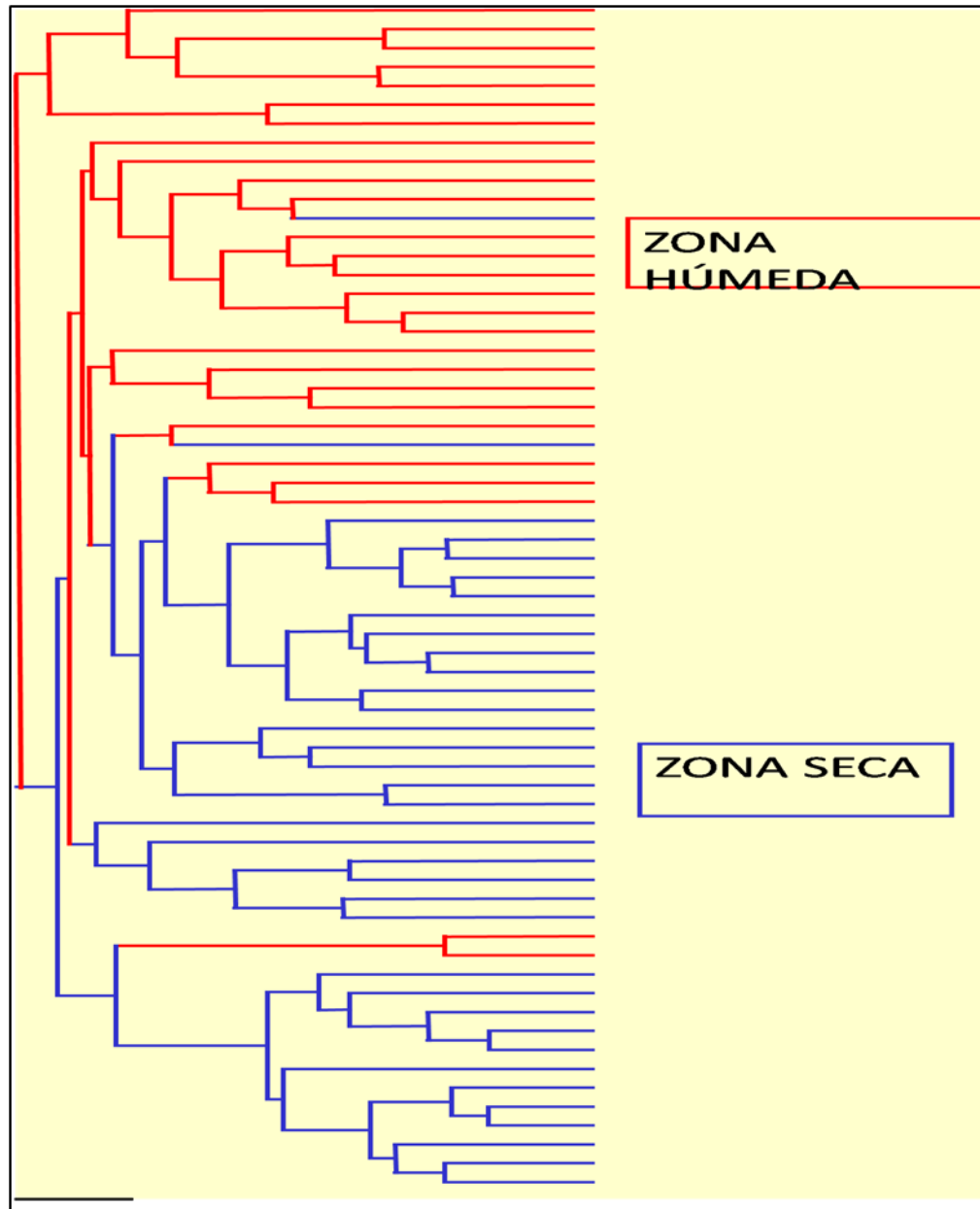


Figura 7: Representación gráfica del árbol de distancias individuales D_{SA} entre individuos de la Zona Seca y la Zona Húmeda del NEA, construido por el método UPGMA

Análisis factorial de correspondencias de las subpoblaciones Húmeda y Seca

En la **Figura 8** se observa la representación espacial de los animales HU (en amarillo) y SE (en azul), empleando como variable clasificatoria los genotipos individuales para los 24

microsatélites, realizada con el programa Genetix 4.3 (opción Genetix AFC 3D). Los resultados indican que ambos conjuntos, de individuos se separan uno de otro. El primero, segundo y tercer eje representan el 23,9%, 19,53%, y 17,09 % de la inercia total respectivamente.

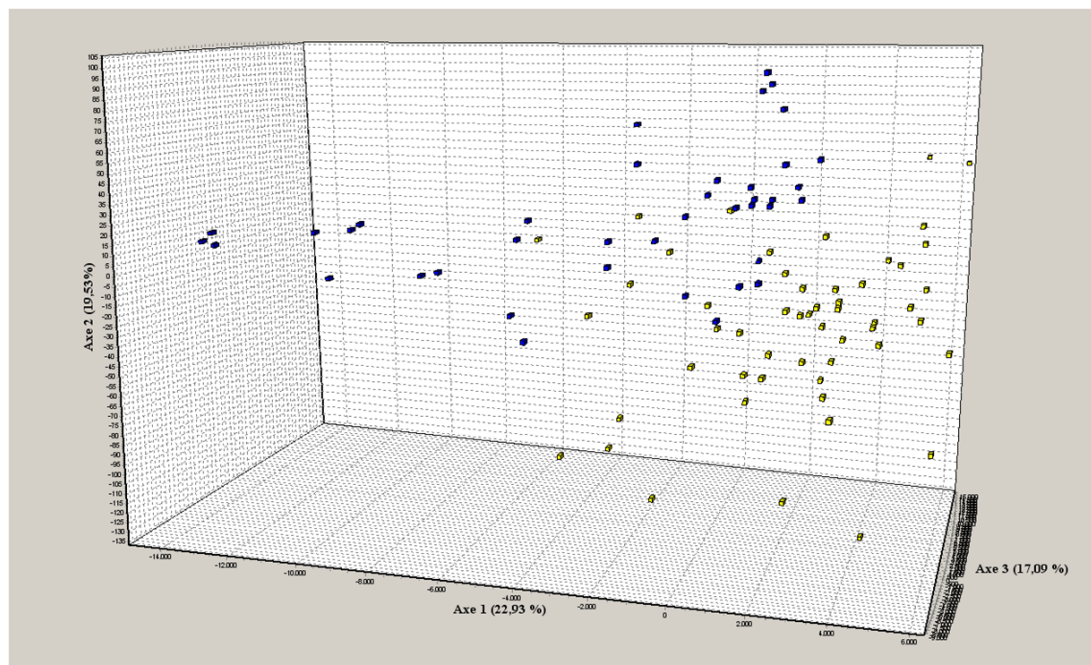


Figura 8: Representación del análisis Factorial de Correspondencias de HU y SE

Distancias genéticas

Los valores obtenidos de la D_A (Nei, 1983) se muestran en la **Tabla 56**, los de la D_S (Nei, 1972) en la **Tabla 57**, y los de la distancia de Reynolds (D_R) (1983) en la **Tabla 58**.

En el cálculo de las distancias genéticas se incluyeron la totalidad de los individuos analizados ya que las razas Chato Murciano, Negro Canario, Duroc Jersey, Large White y Landrace actúan como referencia para ver la magnitud de las distancias entre los cerdos Criollos de la Zona Seca y la Húmeda con las variedades del cerdo Ibérico. Asimismo se incluyen los cerdos Criollos de origen americano para establecer las distancias genéticas entre los cerdos Criollos del NEA y otras poblaciones criollas.

Con las tres distancias calculadas, de todas las poblaciones consideradas el Negro Canario es el más lejano de los cerdos de ambas zonas Argentinas, sin embargo llama la atención que los cerdos Criollos se hallan más cercanos al NC que todas las variedades del Ibérico.

Observando la matriz de distancia D_A se puede ver que la población HU se halla más cercana a los CC (0,10) y a los EC (0,11) que al resto de las razas o poblaciones, incluyendo

los de la SE del NEA (0,12). Ambas poblaciones del NEA se hallan a la misma distancia de MEX (0,15), y la HU se halla más cercana a los de SAL (0, 14) que los de SE (0,19).

Con respecto a los cerdos Ibéricos, los cerdos de las poblaciones HU y SE resultaron más cerca de la variedad ENT (0,21 y 0, 23), luego de la variedad REXT, (0,24 y 0,25), luego de TOR (0,29 y 0,28) y MJ (0,28 y 0,29) Las distancias de HU y SE son menores con el CHM (0,25 y 0,26), resultando incluso más cercanas a éstos que esas tres variedades del Ibérico. Las distancias de SE y HU son mayores con el NC (0,36), pero aquí también ésta raza se halla más cercana a cualquiera de las poblaciones criollas y al CHM que a los Ibéricos.

De las Razas no españolas, las poblaciones del NEA se hallan más cerca de la raza LR (0,19 y 0,23) que del DU (0,21 y 0,27) y de la raza LW (0,24 y 0,27). La población HU está más cercana a éstas razas que la de la SE y ésta distancias no son mayores que con la variedad ENT del Ibérico.

.

Tabla 56: Matriz de distancias genéticas D_s (Nei, 1983)

	HU	SE	EC	CC	MEX	SAL	REXT	LAM	ENT	TOR	MJ	CHM	NC	DJ	LW	LR
HU		0,12	0,09	0,11	0,14	0,10	0,20	0,31	0,17	0,33	0,27	0,27	0,53	0,21	0,36	0,22
SE			0,12	0,14	0,12	0,17	0,24	0,35	0,21	0,31	0,30	0,25	0,54	0,30	0,40	0,28
EC				0,09	0,10	0,10	0,17	0,27	0,13	0,26	0,23	0,24	0,54	0,27	0,39	0,21
CC					0,10	0,11	0,17	0,32	0,13	0,35	0,25	0,26	0,44	0,29	0,33	0,21
MEX						0,12	0,19	0,30	0,17	0,32	0,31	0,27	0,54	0,30	0,43	0,30
SAL							0,21	0,32	0,17	0,34	0,29	0,27	0,56	0,29	0,40	0,25
REXT								0,20	0,06	0,27	0,22	0,35	0,64	0,40	0,57	0,33
LAM									0,24	0,17	0,37	0,49	0,72	0,49	0,66	0,47
ENT										0,20	0,20	0,33	0,62	0,33	0,49	0,30
TOR											0,34	0,50	0,80	0,52	0,64	0,45
MJ												0,42	0,85	0,43	0,65	0,45
CHM													0,51	0,44	0,43	0,29
NC														0,67	0,60	0,59
DJ															0,62	0,44
LW																0,32
LR																

HU: Húmeda; SE: Seca; EC: Criollo de Ecuador; CC: Criollo Cubano; MEX: Pelón Mexicano; SAL: Criollo de El Salvador; REXT: Retinto Extremeño; LAM: Lampiño; ENT: Entrepelado; TOR: Torbiscal; MJ: Manchado de Jabugo; CHM: Chato Murciano; NC: Negro Canario; DJ: Duroc Jersey; LW: Large White; LR: Landrace.

Tabla 57: Matriz de distancias genéticas D_A (Nei, 1983)

	HU	SE	EC	CC	MEX	SAL	REXT	LAM	ENT	TOR	MJ	CHM	NC	DJ	LW	LR
HU		0,12	0,11	0,10	0,15	0,14	0,24	0,31	0,21	0,29	0,28	0,25	0,36	0,21	0,24	0,19
SE			0,13	0,13	0,15	0,19	0,25	0,31	0,23	0,28	0,29	0,26	0,36	0,27	0,27	0,23
EC				0,08	0,12	0,12	0,21	0,27	0,18	0,25	0,27	0,24	0,35	0,25	0,24	0,18
CC					0,12	0,13	0,21	0,29	0,17	0,27	0,25	0,23	0,30	0,21	0,21	0,18
MEX						0,14	0,21	0,29	0,19	0,27	0,30	0,25	0,36	0,27	0,28	0,25
SAL							0,23	0,29	0,20	0,29	0,28	0,24	0,38	0,28	0,29	0,24
REXT								0,15	0,08	0,20	0,23	0,30	0,45	0,34	0,37	0,31
LAM									0,21	0,14	0,29	0,37	0,48	0,43	0,43	0,37
ENT										0,15	0,20	0,27	0,41	0,31	0,33	0,27
TOR											0,26	0,36	0,50	0,42	0,40	0,36
MJ												0,34	0,50	0,36	0,42	0,36
CHM													0,36	0,33	0,29	0,24
NC														0,44	0,36	0,36
DJ															0,38	0,31
LW																0,17
LR																0

HU: Húmeda; SE: Seca; EC: Criollo de Ecuador; CC: Criollo Cubano; MEX: Pelón Mexicano; SAL: Criollo de El Salvador; REXT: Retinto Extremeño; LAM: Lampiño; ENT: Entrepelado; TOR: Torbiscal; MJ: Manchado de Jabugo; CHM: Chato Murciano; NC: Negro Canario; DJ: Duroc Jersey; LW: Large White; LR: Landrace.

Tabla 58 Matriz de distancias genéticas de Reynolds (1983)

	HU	SE	EC	CC	MEX	SAL	REXT	LAM	ENT	TOR	MJ	CHM	NC	DJ	LW	LR
HU	-	0,05	0,03	0,04	0,06	0,03	0,11	0,15	0,09	0,16	0,20	0,14	0,25	0,11	0,15	0,09
SE		-	0,05	0,06	0,06	0,07	0,14	0,19	0,12	0,17	0,23	0,15	0,29	0,16	0,18	0,13
EC			-	0,03	0,04	0,03	0,09	0,13	0,07	0,13	0,18	0,13	0,25	0,13	0,16	0,09
CC				-	0,04	0,04	0,09	0,16	0,07	0,18	0,18	0,15	0,22	0,15	0,16	0,10
MEX					-	0,05	0,11	0,16	0,09	0,17	0,23	0,16	0,28	0,16	0,19	0,14
SAL						-	0,11	0,16	0,09	0,18	0,23	0,14	0,29	0,15	0,17	0,11
REXT							-	0,13	0,04	0,17	0,19	0,21	0,35	0,23	0,27	0,18
LAM								-	0,15	0,12	0,29	0,27	0,38	0,26	0,29	0,23
ENT									-	0,13	0,18	0,20	0,34	0,19	0,23	0,15
TOR										-	0,27	0,28	0,41	0,28	0,29	0,23
MJ											-	0,31	0,57	0,31	0,37	0,29
CHM												-	0,31	0,25	0,22	0,16
NC													-	0,36	0,30	0,29
DJ														-	0,28	0,22
LW															-	0,15
LR																-

HU: Húmeda; SE: Seca; EC: Criollo de Ecuador; CC: Criollo Cubano; MEX: Pelón Mexicano; SAL: Criollo de El Salvador; REXT: Retinto Extremeño; LAM: Lampiño; ENT: Entrepelado; TOR: Torbiscal; MJ: Manchado de Jabugo; CHM: Chato Murciano; NC: Negro Canario; DJ: Duroc Jersey; LW: Large White; LR: Landrace.

A partir de la matriz de distancias D_A se construyó un árbol de distancias siguiendo el método NJ (**Figura 9**), donde los números indican el porcentaje de replicaciones que originan el enlace entre unidades taxonómicas.

De acuerdo con el árbol de distancias se formaron tres grupos: uno constituido a su vez por dos sub-clusters que agrupan por un lado a la raza Large White y Landrace y como era de esperar, el valor de bootstrapping es alto y el otro que agrupa al Chato murciano y el Cerdo Negro Canario, en el cual aunque este valor es más bajo es clara la apreciación visual del agrupamiento. Las distancias entre estas cuatro poblaciones son muy elevadas. De hecho, la raza más distante del resto de las poblaciones es el Negro Canario.

Un segundo gran cluster agrupa a los Cerdos Ibéricos con dos sub-cluster perfectamente definidos, formados por la variedad Torbiscal y Lampiño con valor significativo de bootstrapping y otro integrado por el Entrepelado y el Retinto Extremeño con una fiabilidad cercana a los límites expresados por los autores, agregándose a estos en forma más independiente pero con un valor de fiabilidad alto el Manchado de Jabugo.

Otro cluster donde se reúnen los Criollos que podría subdividirse en dos sub-clusters a su vez, por un lado los Salvadoreños y Mexicanos y el Ecuatoriano formando grupos independientes donde los valores de fiabilidad más confiables se dan entre los dos primeros y un segundo que agrupa al Duroc con los de Zona Húmeda del NEA y al cual se agrega la población de la Zona Seca del NEA. Por último a este cluster Criollo se añade el Criollo Cubano. En este gran cluster Criollos–Duroc los valores de bootstrap más elevados son entre la población de cerdos de México y El Salvador y los HU con DU, aunque de nuevo la apreciación visual da claridad a dichos agrupamientos.

En este árbol se observa claramente la distancia intermedia de los cerdos del Nordeste Argentino con respecto a los del tronco Ibérico (Retinto, Torbiscal, Entrepelado, Manchado de Jabugo y Lampiño) y la raza Chato Murciano. Una notable proximidad se da entre los Criollos entre sí y el Duroc aunque es de destacar la menor distancia que muestran los Criollos de la zona húmeda con los Criollos cubanos que entre los Criollos argentinos entre sí. Los Criollos argentinos de ambas zonas forman dos ramas bien definidas dentro del árbol.

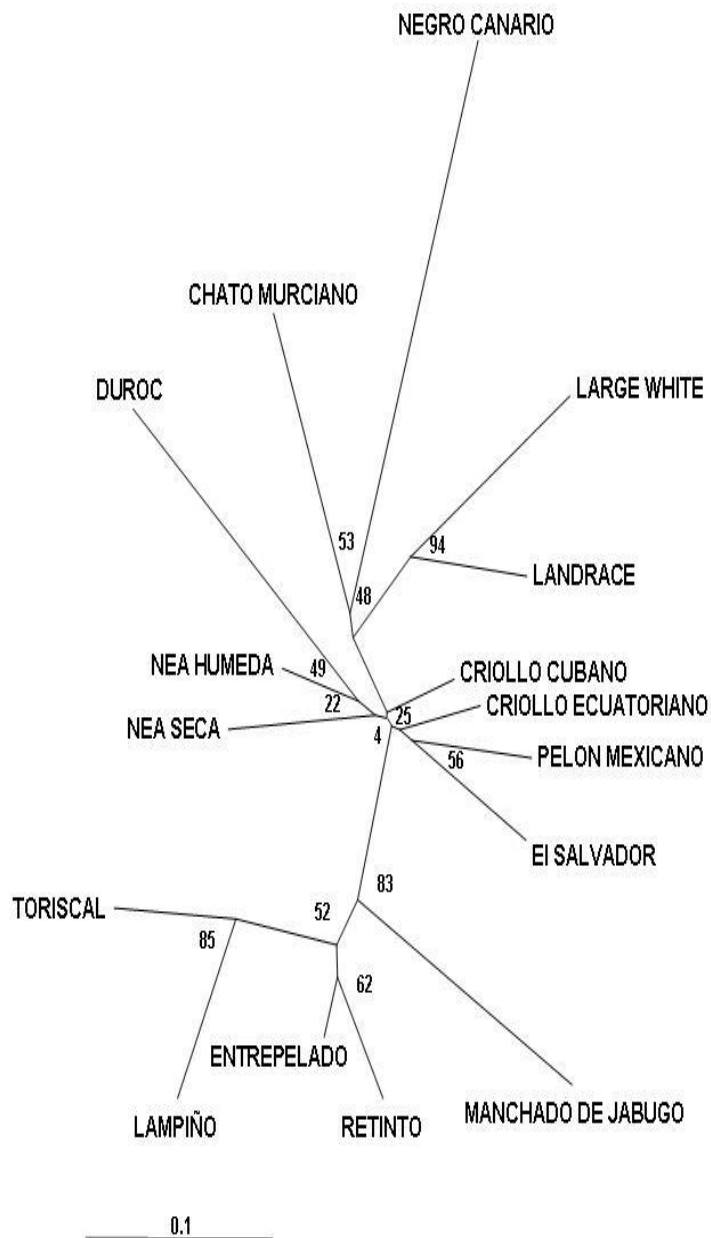


Figura 9: Neighbor- Joining construido en base a la distancia D_A (Nei, 1983)

Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples de las 16 poblaciones

En la representación gráfica del análisis factorial de correspondencia de todas las poblaciones de cerdos involucradas (**Figura 10**) se verifica un evidente agrupamiento de los cerdos Criollos sin poder ser distinguidos ya sea integrados o más próximos, a ninguna de las otras razas que se muestran independientemente como el Negro Canario, el Chato Murciano, Duroc Jersey, Landrace, Large White, o a la otra manifiesta agrupación en que se revelan los Ibéricos. El primero, segundo y tercer eje representan el **19,9**; **13,21** y **10,96** % de la inercia total respectivamente.

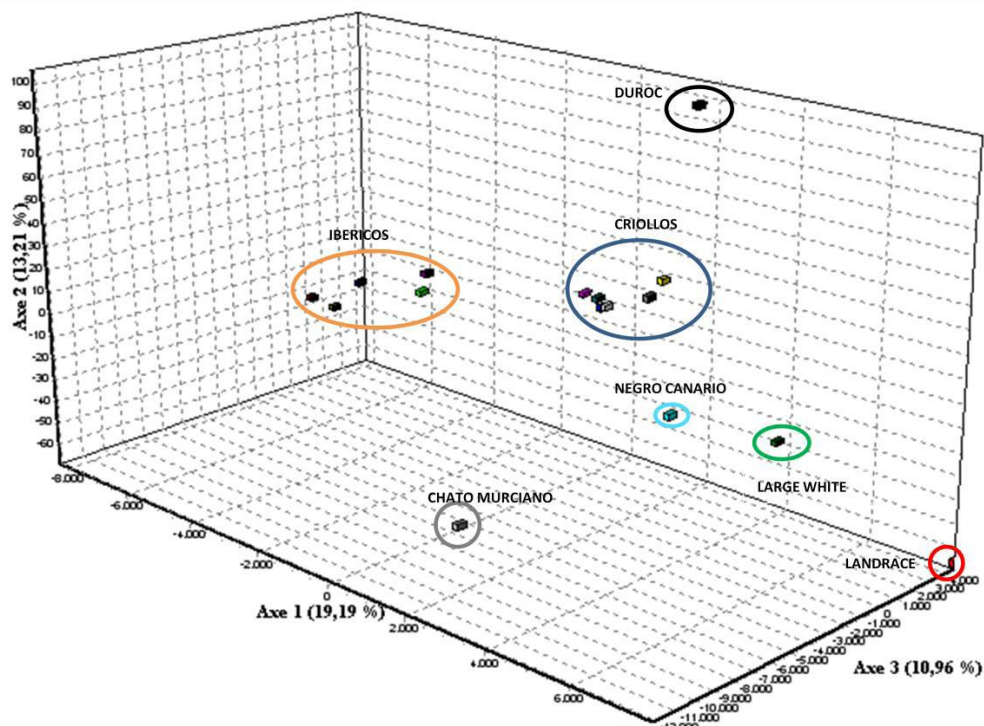


Figura 10: Representación gráfica del Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples de las 16 poblaciones

Estructura de las poblaciones (asignación de individuos a clusters)

Mediante el programa Structure v.2.1. (Pritchard y col., 2000), utilizando un algoritmo Bayesiano se han determinado las proporciones que el genoma de cada individuo tiene de las poblaciones ancestrales. Se evaluaron diferentes números de poblaciones asumidas (K), de K=2 a K=16 con el modelo de mezcla de ancestros, y la adecuación de las diferentes alternativas fue testada por $\ln Pr(X|K)$ (la probabilidad de distribución de los genotipos dado el número previsto de poblaciones ancestrales). El $\ln Pr(X|K)$ aumentó rápidamente entre K=2 y K = 11 y se estabilizó entre K=11 y K = 16. Estos resultados indicarían que el

valor apropiado de K estaría en K=11 con lo que puede asumirse como el número correcto de poblaciones subyacentes.

En la **Figura 11** cada individuo está representado por una barra vertical. Cuando la barra vertical es de un sólo color significa que el 100 % del genoma de ese individuo pertenece a ese cluster, mientras que si tiene dos o más colores significa que comparte el genoma con otras poblaciones ancestrales. Se observa en el gráfico que cuando el total de individuos (930) deben ser asignados a K=2, las cinco variedades del Tronco Ibérico se agrupan en un único cluster (rojo), mientras que el resto de las poblaciones Criollas y las razas españolas no pertenecientes al tronco Ibérico (Chato Murciano y Negro Canario) y las razas no españolas (Duroc, Landrace y Large White) se agrupan en el otro cluster (azul).

Las poblaciones Criollas se mantienen en el mismo cluster hasta K=7. Cuando K=8 el 88,3% de los individuos de la población de cerdos de la Zona Seca del NEA forman un cluster independiente del resto de las poblaciones criollas junto con el 40 % de los individuos de la de HU y un 60 % de los individuos del cerdo Pelón Mexicano.

A partir de K=10 los individuos de la Zona Húmeda y los de la Zona Seca se agrupan en clusters diferentes. La mayoría de los individuos de la Zona Húmeda forma un cluster (de color azul en el gráfico) en el que se agrupan también la mayoría de las poblaciones Criollas, mientras que los individuos de la Zona Seca se agrupan a su vez en dos clusters diferentes (uno de color rosado oscuro, con un coeficiente de asignación de 0,528 y otro de color verde claro, con un coeficiente de 0,320). Esta subdivisión de la población de la Zona Seca se mantiene hasta K = 16.

Cuando K=11 los individuos de HU se distribuyeron en tres clusters diferentes, en el 4 con una contribución de 0,507; en el cluster 7 un 0,123 y en el cluster 10 un 0,191 y contribuciones insignificantes de otras poblaciones. Por su parte los individuos de la SE se distribuyen en tres clusters diferentes, en el 4 con una contribución de 0,573 y en el cluster 7 un 0,317. y contribuciones también insignificantes de otras poblaciones.

En la **Tabla 59**, se presenta la agrupación de individuos de las 16 poblaciones porcinas por clusters en K = 16, donde se puede constatar que la población de la Zona Húmeda se distribuye en tres clusters diferentes con porcentajes de asignación del 39%, 14,9% y 26,5% respectivamente. Se resalta en amarillo claro las proporciones compartidas de la Zona Seca y la Húmeda. Asimismo los individuos de la Zona Seca muestran una clara subdivisión en dos clusters.

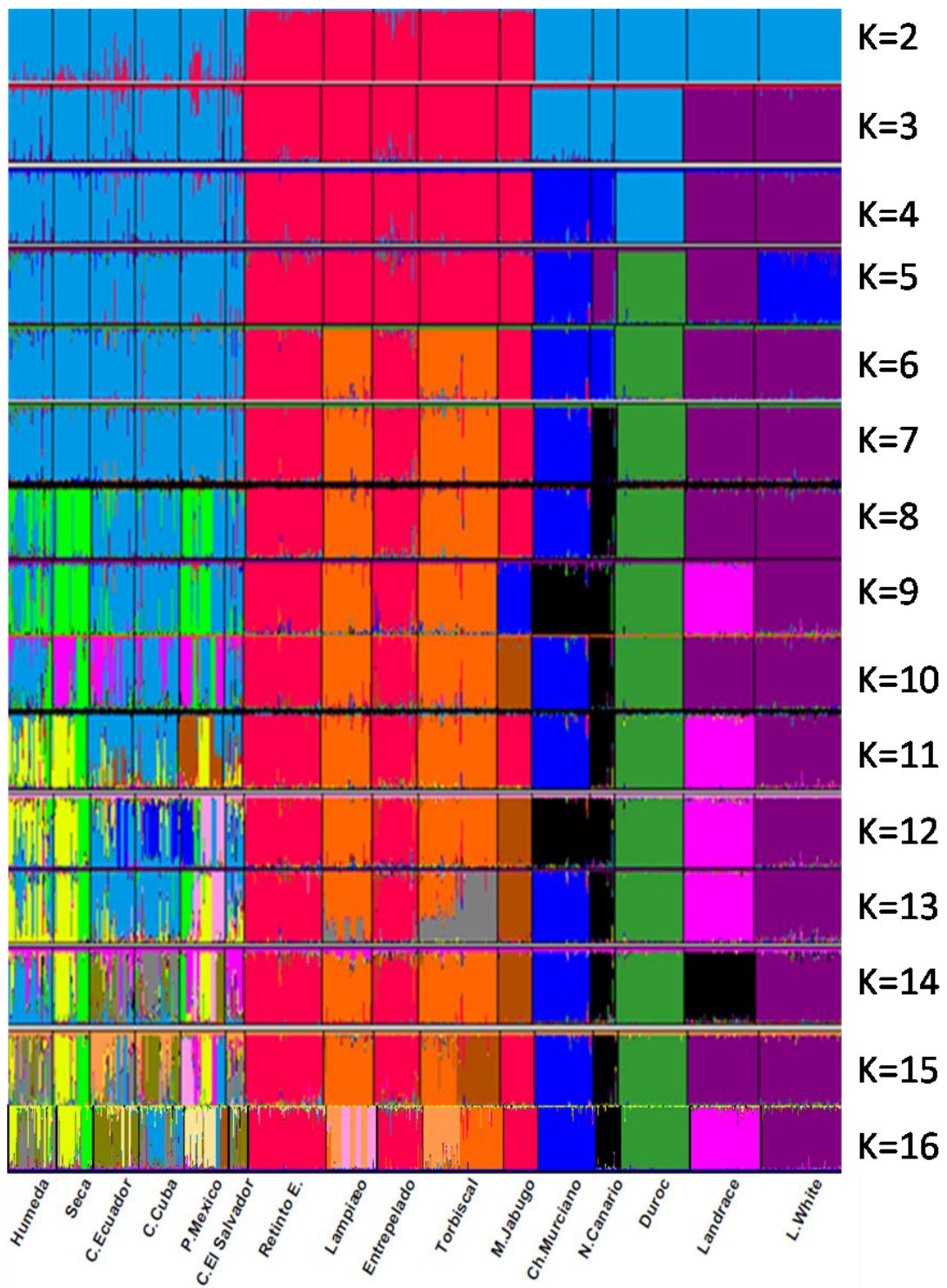


Figura 11: Porcentaje de asignación de los individuos de las poblaciones estudiadas a los 16 clusters asumiendo K de 2 a 16.

Tabla 59: Agrupación de individuos de las 16 poblaciones porcinas por clusters en K16

POB	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	n
HU	0,007	0,004	0,015	0,015	0,39	0,02	0,149	0,045	0,007	0,01	0,023	0,009	0,029	0,008	0,005	0,265	53
SE	0,005	0,014	0,008	0,009	0,084	0,007	0,013	0,008	0,011	0,008	0,02	0,007	0,302	0,004	0,007	0,493	40
EC	0,008	0,006	0,01	0,009	0,06	0,021	0,623	0,014	0,018	0,015	0,145	0,006	0,01	0,006	0,018	0,032	50
CC	0,006	0,007	0,018	0,024	0,287	0,016	0,067	0,014	0,012	0,432	0,035	0,005	0,016	0,013	0,006	0,044	50
MEX	0,006	0,006	0,013	0,008	0,012	0,006	0,031	0,005	0,178	0,12	0,578	0,006	0,009	0,004	0,007	0,009	49
SAL	0,007	0,01	0,01	0,012	0,08	0,026	0,618	0,009	0,051	0,059	0,045	0,017	0,005	0,021	0,004	0,024	21
REXT	0,004	0,005	0,004	0,903	0,004	0,004	0,005	0,005	0,011	0,008	0,006	0,019	0,004	0,002	0,012	0,004	86
LAMP	0,004	0,049	0,001	0,007	0,002	0,002	0,002	0,002	0,003	0,002	0,003	0,453	0,003	0,002	0,463	0,002	56
ENT	0,005	0,033	0,005	0,843	0,007	0,007	0,008	0,007	0,009	0,025	0,009	0,01	0,008	0,005	0,017	0,004	50
TOR	0,006	0,513	0,002	0,028	0,003	0,002	0,005	0,002	0,005	0,004	0,005	0,008	0,003	0,002	0,409	0,004	88
MJ	0,003	0,005	0,002	0,943	0,004	0,003	0,004	0,004	0,002	0,003	0,003	0,004	0,005	0,002	0,006	0,005	38
CHM	0,949	0,002	0,002	0,009	0,004	0,003	0,003	0,003	0,005	0,004	0,003	0,003	0,003	0,002	0,002	0,002	64
NC	0,007	0,003	0,002	0,003	0,021	0,011	0,004	0,003	0,002	0,002	0,003	0,002	0,002	0,919	0,007	0,007	27
DU	0,003	0,002	0,002	0,002	0,004	0,003	0,003	0,956	0,002	0,004	0,003	0,002	0,005	0,002	0,002	0,004	76
LR	0,004	0,004	0,928	0,003	0,005	0,015	0,004	0,004	0,005	0,004	0,003	0,003	0,004	0,004	0,004	0,005	78
LW	0,005	0,004	0,012	0,004	0,006	0,921	0,005	0,005	0,009	0,004	0,004	0,004	0,005	0,005	0,004	0,005	104

POB: poblaciones y/ o razas. HU :Húmeda; SE: Seca; EC: Criollo de Ecuador ; CC : Criollo Cubano; MEX : Pelón Mexicano; SAL : Criollo de El Salvador; REXT: Retinto Extremeño; LAM: Lampiño; ENT: Entrepelado; TOR: Torbiscal; MJ : Manchado de Jabugo; CHM :Chato Murciano; NC :Negro Canario; DJ :Duroc; LW :Large White; LR: Landrace.

DISCUSIÓN

Variabilidad Genética

Las poblaciones de cerdos “Criollos” al igual que otras especies conocidas bajo dicha denominación representan un colectivo indefinido, que ha carecido de un reconocimiento expreso de identidad, lo que produce una desvalorización implícita y facilita su desplazamiento por razas exóticas de los ambientes más benignos, manteniéndose sólo en los marginales (de Alba, 1987). En la Región Nordeste Argentina este tipo de cerdo de bajos rendimientos productivos, en comparación con las razas importadas o selectas, adquiere relevancia en las zonas donde se crían, por su gran adaptabilidad y resistencia al medio y, de acuerdo con la clasificación de razas enfocada desde su asociación con el medio donde se crían propuesta por la FAO (2001), podrían considerarse como “razas adaptadas localmente”, por haber estado en ésta región durante un tiempo suficiente para adaptarse genéticamente a sus sistemas de producción tradicionales.

Hasta el presente ésta población, de acuerdo a la clasificación del estado de riesgo de las razas domésticas reconocidas por la FAO, podría encuadrarse en la categoría “desconocido”, ya que no hay información disponible que permita evaluar objetivamente la situación de la población, siendo ésta la situación más lábil de una raza.

Cañón y col., (2006); Foulley y col., (2006); Pete y col., (2007), concuerdan en que la información sobre razas nativas es escasa aunque ellas poseen características únicas en términos de adaptación, rusticidad y calidad de productos y podrían representar un interesante reservorio de diversidad genética, además de ser una gran fuente de diversidad entre razas (Ollivier y col., 2005).

El conocimiento de la estructura de las poblaciones de ganado en términos de variabilidad entre y dentro de razas es esencial para establecer prioridades y estrategias de conservación (Caballero y Toro, 2002), con el objetivo a largo plazo de mantener la diversidad genética para las futuras generaciones (Notter, 1999). Por consiguiente, la valoración de su diversidad genética y posibles relaciones con otras razas, representa un gran paso hacia el desarrollo de programas de conservación y mejora.

Los marcadores Microsatélites son particularmente apropiados para estudios de diversidad y han probado ser muy útiles para el análisis de estructuras y relaciones poblacionales y han sido ampliamente utilizados en caracterización de varias especies y poblaciones, incluyendo razas porcinas Europeas (Laval y col., 2000; Martínez y col., 2000; SanCristóbal y col., 2006), chinas (Li y col., 2000; Fan y col., 2002; Zhang y col., 2003; Li y col., 2004; Kim y col., 2005) y

locales o criollas americanas (Canul y col., 2004 y 2005; Pérez Pineda, 2005; Castro y col., 2007; Kelly y col., 2004).

Barker (1994) sugirió que los *loci* microsatélites usados en estudios de distancias genéticas no deberían tener menos de 4 alelos, por lo que los utilizados en este estudio en principio son apropiados para el análisis de diversidad genética de estas poblaciones puesto que todos ellos muestran más de cuatro alelos.

En el estudio de los Cerdos Criollos del Nordeste Argentino la batería de microsatélites fue útil para alcanzar los objetivos propuestos, es decir estudiar la diversidad genética, su estructura poblacional y establecer las relaciones genéticas con las variedades principales del cerdo Ibérico y otras razas porcinas.

Los resultados de los parámetros estadísticos empleados para cuantificar la variabilidad genética (Aranguren y col., 2002) en la población de Cerdos del NEA, tales como porcentaje de *loci* polimórficos (100 %), el número medio de alelos por *locus* (9,2), la heterocigosidad esperada (0,6820) y observada (0,579) y el contenido de información polimórfica promedio de 0,651, con 19 de los 24 *locus* con valores superiores a 0,5 indicaron altos niveles de variabilidad genética en la población.

Los marcadores encontrados fuera de HWE (62,5 %) fueron mayormente el resultado de una Heterocigosidad inferior a la esperada (en 23 de los 24 *loci*), así como la variabilidad dentro de la población estimada a través del parámetro F_{IS} mostró un déficit de heterocigotos altamente significativo con una media global de 0,151.

El déficit de heterocigotos fue un primer indicio que reflejó la probabilidad de subdivisión de la población en subpoblaciones, debida probablemente, a la deriva genética conjuntamente con la selección empírica (no dirigida) con apareamientos conducidos por los ganaderos sin unos criterios globales, lo que ha conducido a pequeños aislamiento geográficos con la formación de subpoblaciones. De aquí resulta también, probablemente, una tendencia al aumento de consanguinidad, ya que los productores tienden a mantener sus efectivos cerrados, con el consecuente aumento del apareamiento entre individuos emparentados.

Al considerar la posible subdivisión de la población debida a su adaptación a diferentes zonas climáticas Húmeda y Seca, el número medio de alelos por *locus* encontrado en las subpoblaciones experimentó una reducción más acentuada en la Zona Seca (6,8) que en la Zona Húmeda (8,2) y, aunque ambos indican niveles considerables de variabilidad genética, éstos valores muestran una primera diferencia en la heterogeneidad de ambas subpoblaciones a favor de la Zona Húmeda.

En ambas subpoblaciones el número de alelos resultó con valores superiores a los reportados en razas españolas como las variedades del Tronco Ibérico, y el Cerdo Negro Canario que osciló entre 3,4 para la variedad Dorado Gaditano y 5,84 en el Negro entrepelado (Martínez y col., 2006, 2003 y 2007), como así también a los valores promedio reportados para otras razas europeas estudiadas en conjunto con rangos entre 4, 5 a 5,36 (San Cristóbal y col., 2006; Vicente y col., 2008). También son superiores a razas criollas del Uruguay (Castro y col., 2007; Kelly y col., 2004), mientras que son muy similares a otros cerdos Criollos americanos como el Pelón Mexicano (7,07) y el Criollo Cubano (8,2) (Canul y col., 2004 y 2005; Pérez Pineda, 2005). Por otro lado son inferiores al rango de promedios encontrados en los reportados para razas chinas que van desde 2, 9 a 24,8 alelos (Li y col., 2004; Zhang y col., 2003; y Yang y col., 2003).

Diferencias entre combinaciones *loci*/población también fueron detectadas, por ejemplo el *locus* S0227 fue monomórfico en la subpoblación Seca, mientras en la Húmeda se encontraron 5 alelos en dicho microsatélite, en tanto que el número máximo de alelos por *locus* fue 13 para los marcadores S0068 y S0005, mientras que en SE fueron 14 para S0002. El valor medio de PIC, resultó algo inferior en SE (0,580) que en HU (0,660), cantidades consistentes con lo reportado en razas portuguesas y europeas (0,685), (Vicente, 2006), en cerdos Mamellado de Uruguay, (0,506) (Castro y col., 2007) y en cerdos chinos superiores a 0,5 (Li y col., 2000; Li y col., 2004; Zhang y col., 2003).

Los valores de PIC inferiores encontrados en las poblaciones del NEA son algo superiores a los menores encontrados en cerdos ibéricos (0,1233) y en el cerdo Negro Canario (0,1103), mientras que los mayores (HU =0,873; SE=0,845) son un poco más bajos al valor máximo en los Ibéricos (0,9593) y superiores al Negro Canario (0,7622) (Martínez y col., 2001 y 2007).

En el cerdo Criollo cubano, Pérez Pineda, (2005) encontró valores muy similares a los de este estudio ya que oscilaron entre 0,220 para el *locus* S0227 y 0,82 para el S0068.

La relación entre el PIC y el número de alelos detectados en los cerdos del NEA se comporta de manera semejante a los reportados por otros autores (Martínez, 2001; Vicente, 2006; Pérez Pineda 2005), ya que en general existió una relación directa entre el número de alelos y el PIC pues cuando el número de alelos detectados fue mayor también aumentó el PIC.

Considerando todos los *loci* la Heterocigosidad esperada (o diversidad genética) fue de 0,698 en HU y 0,630 en SE, indicando poca diferencia en los niveles de diversidad genética cuando ésta se evalúa a través de este parámetro. De acuerdo con Takezaki y Nei (1996), el panel de microsatélites utilizado es útil para medir la variación genética, por encontrarse dentro del rango de 0,3 y 0,8 considerado por dichos autores para esta medida y en línea

con el rango de 0,43 a 0,68 reportado en razas porcinas europeas (San Cristóbal y col., 2006). La He del *locus* S0227 por debajo de 0,25 (0,223) en HU y de 0,232 para S0228 en SE, fueron coincidentes con los PIC más bajos.

La Heterocigosidad observada en HU con promedio de 0,604, fue menor que la Heterocigosidad esperada bajo HWE en 22 de los 24 *loci* y en 18/24 en la población de la SE con una media de 0,549.

Las diferencia mayores encontrada entre He y Ho en los *loci* fue de 0,281 en HU y 0,236 en SE, resultando superiores al valor de 0,145 encontrado por Martínez (2001) en cerdos ibéricos y a el valor máximo hallado en razas portuguesas de 0,118 (Vicente, 2006).

Los valores de He y Ho de la zona Húmeda son superiores a los reportados en razas españolas (Negro de los Pedroches, Negro Canario y Chato Murciano) con medias entre 0,29 y 0,538 para He y 0,480 y 0,538 para Ho, (Martínez y col., 2003; Martínez y col., 2007; Vega Pla y col., 2004) mientras este valor coincide con la Zona Seca. Estos parámetros son consistentes con los hallados en razas locales portuguesas con valores para He entre 0,5732 y 0,6909 y de Ho entre 0,545 y 0,576 (Vicente et al., 2008).

Más analogía para estas variables se encontraron en la literatura en cerdos Criollos, como los reportados por Canul y col., (2003) de 0,635 y 0,641 para las He y Ho, respectivamente en el cerdo Pelón Mexicano del Yucatán y los informados por Pérez Pineda (2005) para el Cerdo Criollo Cubano, quien halló 0,633 para la Ho, y 0,653 para la He, mientras en cerdos Criollos del Uruguay la He osciló en medias de 0,590 y 0,653 (Castro y col., 2007; Kelly y col., 2004)

Distintos autores hallaron valores disímiles de He en razas de cerdos locales chinos y coreanos que concuerdan en mayor o menor medida con los de este estudio, con valores muy inferiores de 0,332 a un máximo de 0,876 que resulta bastante superior (Li y col., 2000; Fan y col., 2002; Li y col., 2004; Zhang y col., 2003 y Yang y col., 2003)

Los marcadores encontrados fuera de HWE en HU fue del 41,6 % y del 37,5 % en SE, y en ambas fue mayormente el resultado de un déficit de heterocigosidad, comparable con lo que encontró Martínez, (2001), en la población total de 8 variedades de cerdos Ibéricos en que la desviación del HWE fue significativa para 19/25 *loci* considerando la población en conjunto, siendo éste un valor considerablemente más alto que en la población de cerdos del NEA, sin embargo cuando se estudiaron las variedades de cerdo Ibérico por separado el número de marcadores desequilibrados fue mucho menor, al igual que se redujo en las subpoblaciones SE y HU. Las cifras más concordantes con los obtenidos para los cerdos Criollos Argentinos, se hallaron con dichas variedades así como con el cerdo Negro Canario con 7/ 13 marcadores en desequilibrio (Martínez y col., 2007). En contraste, en la población

Chato Murciano en pureza estudiada por Vega Pla y col., (2004), todos los marcadores se hallaron en HWE, y al considerar la población total (Chato Murciano y sus cruzas con Large White y otras razas) encontró sólo 2 en desequilibrio.

Asimismo, en consonancia con los guarismos de este estudio los resultados de la prueba HWE en el cerdo Criollo Cubano revelaron un 40 % de marcadores en desequilibrio (Pérez Pineda, 2005) mientras una menor cantidad de *loci* en para la población portuguesa local resultaron en los trabajos de Vicente (2006), que arrojaron un valor medio de entre 4/22 para $p < 0,05$ y 6/22 para $p < 0,01$.

En las razas de cerdos chinas Yang y col., (2003) reportan un rango de 1 a 6 *locus* en desequilibrio de cada población de 18 estudiadas, mientras que Li y col., (2004) informan promedios superiores de 13,09 variando entre 8 y 18, así como en la población total analizada por Kim y col., (2005) 36 de 144 *loci* se mostraron desviados significativamente hacia un déficit de heterocigotos, en la mayoría de las razas.

Diferenciación genética

Al analizar los resultados de los parámetros de diferenciación genética se debe tener en cuenta que la población de cerdos Criollos no es una raza definida ni estructurada como tal, con lo cual la magnitud de la variabilidad intra-poblacional debe ser considerada desde esa perspectiva al comparar con aquellos reportados para variedades y/o razas perfectamente definidas e identificadas y sujetas a algún grado de gestión genética.

Por un lado, el G_{ST} promedio entre los grupos de las zonas seca y húmeda fue de 0,029, con rango de 0,001 a 0,066. Estos son valores inferiores a los encontrados por Martínez, (2001) para 8 variedades de cerdos Ibéricos, que oscilaron entre 0,0733 y 0,2360, con un valor medio de 0,14, y al valor de 0,17 reportado por Vicente (2006) para siete razas europeas, incluyendo 3 razas autóctonas de Portugal. Por el contrario el cerdo Criollo Cubano exhibió valores tan bajos como 0,0074 en promedio.

El θ (F_{ST}), por su lado con un valor de medio de 0,044, fue también menor a los promedios reportados por los autores de 0,13; 0,18; 0,21; 0,27, para variedades de cerdos ibéricos, y 7, 11 y 58 razas porcinas europeas, reportados por Martínez, (2001), Vicente, (2006), San Cristóbal y col., (2006) y Laval y col., (2000), respectivamente. Asimismo los resultados informados para cerdos locales Chinos son muy superiores a los Cerdos Criollos en los estudios de Fan y col., (2002) con F_{ST} de 0,18, Li y col., (2004) y de 0,22 y 0,26, informados por Kim y col., (2005). Sin embargo Yang y col., (2003), hallaron valores más afines con los de este trabajo de 0,077. En cerdos Criollos Cubanos no se encontró diferenciación racial ya que este parámetro resultó en valores tan bajos como 0,0012 (Pérez Pineda, 2005).

El parámetro F_{it} , que refleja la divergencia entre H_e y H_o para todos los individuos, con una media global de 0,169 y rango de 0,009 a 0,359, resultó inferior a los valores de -0,0061 a 0,6671 informados en cerdos ibéricos, así como a las medias de 0,22 (0,21–0,23) y 0,239 hallados en trabajos con razas europeas (Martínez, 2001; San Cristóbal;2006; Vicente, 2006).

Finalmente tanto los valores mínimos como máximos por locus observados para $f(F_{is})$ de -0,025 a 0,302 son inferiores al rango informado para cerdos Ibéricos, que osciló entre -0,0818 y un valor extremadamente alto de 0,6208 y otros 5 *loci* con valores superiores a 0,10, pero ninguno con valores cercanos a -0,1, al igual que en los cerdos del NEA, con la diferencia de que en este caso, fue trece el número de *loci* con valores superiores a 0,10. Por su parte el cerdo Criollo Cubano estudiado por Pérez Pineda, (2005) exhibió valores de f entre 0,026 y 0,045, resultando este último muy inferior a los Criollos del NEA, indicando gran similitud genéticas entre los Cerdos Lampiños y Entrepelados de su estudio.

El valor medio de 0,131 para todos los *loci* difiere notoriamente del F_{is} de -0,009 encontrado por Martínez y col., (2007) en el cerdo Negro Canario, así como del 0,0673 promedio, (con los valores más altos en las razas locales Alentejana y Bísara) informados por Vicente (2006) para razas europeas y locales de Portugal, mientras San Cristóbal y col., (2006), reportaron 0,013 (0,005–0,023) para 58 razas porcinas europeas.

Los cálculos de diferenciación genética confirmaron los indicios de una estructura de población subdividida. El F_{st} estimado con una media global de 0,042, muestra que aunque la mayoría de la variabilidad fue observada dentro de la población total, existe una cierta diferenciación entre poblaciones sugiriendo aislamiento reproductivo y un flujo de genes no muy importante entre ellas.

Por otro lado el G_{st} con una media global de 2,9 % se halla muy por debajo de lo referido por Cardellino (2003), que indica que las diferencias entre razas ronda el 50% y todavía por debajo de lo sugerido por Martínez y Vega-Pla (2004 a b) de un valor de 10%, normalmente aceptado para indicar algún grado de diferenciación entre poblaciones.

La existencia de alguna subdivisión de la población total se observó posteriormente mediante la construcción del árbol de distancias individuales, basado en la distancia de alelos compartidos D_{SA} (Bowcock y col., 1994), dado el buen agrupamiento de los individuos las subpoblaciones HU y SE. Esto coincide con lo observado por Martínez (2001), en 3 de las 8 variedades de cerdos del tronco Ibérico (Manchado de Jabugo, Torbiscal y Negro Lampiño), mientras que con otras variedades dicha autora no encontró un claro agrupamiento. Mediante el mismo método Vicente, (2006) encontró bien agrupados a los individuos de las 7 poblaciones de razas portuguesas y europeas con excepción de la raza

nativa (Bísara) que presentó dos agrupamientos diferentes y Yang y col., (2003), encontraron demarcación racial de las 18 razas chinas evaluadas. Por el contrario las variedades Entrepelados y Lampiños de Cerdos Criollos Cubanos estudiados por Pérez Pineda (2005) no pudieron ser agrupadas mediante este método.

La diversidad entre subpoblaciones se manifestó posteriormente en la asociación espacial de cada zona lograda con el análisis factorial de correspondencias, y por último se reafirmó en la asignación a dos clusters perfectamente diferenciados con el programa Structure ya a nivel de $K = 8$ que se mantiene con variables coeficientes de asignación hasta $K = 16$, sumado a lo cual a partir de $K = 10$ puede observarse una nueva subdivisión del cluster que contiene a los individuos de la Zona Seca

Relaciones filogenéticas

En el estudio de poblaciones porcinas, diferentes autores utilizan diferentes tipos de distancias y los dendrogramas UPGMA y NJ construidos a partir de ellas para establecer relaciones entre razas o poblaciones, como por ejemplo la D_S por Laval y col., (2000), Li y col., (2000, 2004), Pérez Pineda (2005); la D_R por Laval y col., (2000), la D_A por Martínez (2001), Fang y col., (2005) Martínez y col., (2006) y Kim y col., (2005), así como la combinación de dos o mas, Zhang y col., (2003), Vicente (2006) ya que en general las correlaciones entre las diferentes medidas son elevadas (Nei, 1983), en especial cuando se aplican a poblaciones locales con cortos períodos evolutivos (Martínez, 2001).

Las relaciones genéticas de los Cerdos Criollos de las Zona Húmeda y Seca del NEA evaluadas por las distancias genéticas indican que los cerdos Criollos presentan las menores distancias entre sí, recalando que existen diferencias entre las distancias de los cerdos de la Zona Húmeda y los de la Seca con dichas poblaciones, destacándose las menores entre HU con los cerdos Ecuatorianos y Cubanos que con los de la SE. Las distancias muy similares de ambas poblaciones con la variedad Entrepelado y Retinto Extremeño del cerdo Ibérico y con las razas Landrace y Duroc Jersey es un posible indicador de la influencia que éstas tuvieron en el desarrollo de los Criollos del NEA. La menor distancia encontrada entre estos y el Chato Murciano que con las otras variedades del Ibérico, así como la menor distancia del Negro Canario con los cerdos Criollos que con las otras razas españolas se deberían tener en cuenta también al considerar la formación de las poblaciones criollas.

Aunque la solidez del árbol filogenético no fue alta el dendrograma resultante muestra resultados que son avalados por el análisis de correspondencia, constituyendo otro fundamento de la posible historia de la formación de los cerdos Criollos, donde los cerdos

del NEA se agrupan nuevamente con el resto de los Criollos aunque conservando la subdivisión interna y sin integración evidente al grupo formado por las variedades del cerdo Ibérico, ni al resto de las razas posicionadas independientemente como el Negro Canario, el Chato Murciano, Duroc Jersey, Landrace, Large White.

CONCLUSIÓN

1. El número de alelos detectados así como los cálculos de la heterocigosidad y contenido de información polimórfica indican un nivel de variabilidad genética o biodiversidad elevado en la población de cerdos del Nordeste Argentino.
2. La prueba de equilibrio de Hardy Weinberg y los valores de diferenciación genética θ y G_{ST} indican que existe subdivisión en la muestra de la población total de cerdos Criollos del NEA consistente con la adaptación a las zonas agroecológicas Húmeda y Seca de la que provienen.
3. El árbol de distancia individual construido en base a la proporción de alelos compartidos así como el Análisis Factorial de Correspondencia confirman la subestructuración genética de la población de Cerdos Criollos del NEA, según el área ecológica.
4. El análisis de estructura poblacional por el método bayesiano de Pritchard, ratifica y fortalece estas conclusiones al diferenciar claramente dichas subpoblaciones y revelando a la vez una nueva subdivisión de la población de cerdos de la Zona Seca definida en el NEA.
5. Las matrices de distancia genética, y el árbol construido a partir de la D_A , así como el Análisis Factorial de Correspondencia realizado con los datos de las poblaciones de las variedades del Cerdo Ibérico y las otras razas de referencia analizadas, Chato Murciano, Negro Canario, Duroc Jersey, Landrace y Large White no agrupan a los cerdos Criollos del Nordeste Argentino con ninguna de ellas, por lo que no se pueden confirmar las teorías históricas sobre el origen ibérico de la población, ni en qué medida han influido las otras razas en su formación.
6. Las distancias genéticas, los clusters que pueden diferenciarse en el árbol construido a partir de ella, así como el que se visualiza a través del AFC, tanto como como los coeficientes de asignación del Structure permiten afirmar que los cerdos Criollos constituyen una agrupación de cerdos diferente y no necesariamente conformada por un genotipo con una mayor proporción de ninguna de las agrupaciones raciales que se supone le dieron origen.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

- ARANGUREN-MÉNDEZ J A, GÓMEZ M y J JORDANA. (2002). Potencial de los Microsatélites para la asignación de individuos dentro de raza en poblaciones a ser conservadas. Congreso de la Sociedad Española para los Recursos Genéticos Animales y III Congreso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animales. (SERGA & SPREGA). El Arca. 5: 37.
- ASHWELL, M. S., REXROAD, C. E., MILLER, R. H. y P. M. VANRADEN. (1996). Mapping economic trait *loci* for somatic cell score in holstein cattle using microsatellite markers and selective genotyping. *Animal Genetics* 27: 235-242.
- BARKER, J. S. F. (1994). A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. Proc. 5th World Cong.Genet. Appl. Livest. Prod., Guelph, Canada 21:501–508.
- BARON, E. E., MARTÍNEZ, M. L., VERNEQUE, R. S., y L. L. COUTINHO. (2002). Parentage testing and effect of misidentification on the estimation of breeding value in gir cattle. *Genetics and Molecular Biology* 25: 389-394.
- BAUDOUIN, L., PIRY S., y J. M. CORNUET .(2004). Analytical bayesian approach for assigning individuals to populations. *J Hered* 95: 217-224.
- BECKMANN, J. S. y SOLLER, M. (1990). Towards a unified approach to genetic mapping of eukariotes based on sequence tagged microsatellites sites. *Biotechnology*. 8, : 930-932.
- BELKHIR, K., BORSA, P., GOUDET, J., CHIKHI, L. E., BONHOMME, F. (1998). GENETIX, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire génome et populations. CNRS UPR 9060. Université de Montpellier. Montpellier. France.
- BOTSTEIN, D., WHITE, R. L., SKOLMICK, H. y DAVIS, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment lenght polymorphisn. *American Journal of Human Genetics*. 32, 314-331.
- BOWCOCK, A. M., RUIZ-LINARES, A., TOMFOHRDE, J., MINCH, E., KIDD, J. R. y CAVALLI-SFORZA, L. L. (1994). High resolution of human evolution with polymorphic microsatellites. *Nature*. 368, 455-457.
- BRADLEY, D. G., MACHUGH, D. E., CUNNINGHAM, P. y R. T. LOFTUS. (1996). Mitochondrial diversity and the origins of african and european cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 93: 5131-5135.
- BREDBACKA, P. y KOSKINEN, M. T. (1999). Microsatellite panels suggested for parentage testing in cattle: Informativeness revealed in finnish Ayrshire and Holstein-Friesian populations. *Agricultural and Food Science in Finland* 8: 233-237.

- BRETTING, P. K. y WIDRLECHNER. (1995). Genetic markers and horticultural germoplasm management. *HortScience*. 30(7), 1349-1356.
- CANUL SOLIS, M.; SIERRA, A.; MARTINEZ, A.; ORTIZ, J.; DELGADO, J.; VEGA, J.; PEREZ, F. (2004). Variabilidad genética del cerdo pelon mexicano en un centro de concervación ye rescate en el estado de Ycatán. " V Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos, Puno, Perú.:28-30.
- CANUL, S.M., V.A. SIERRA, M.A. MARTÍNEZ, O.J. ORTIZ, J.V. DELGADO, J.L. VEGA-PLA Y G.F. PÉREZ. (2005). Caracterización genética del cerdo pelón mexicano Mediante marcadores moleculares. *Arch. Zootec*. 54: 267-272.
- CAÑÓN J, ALEXANDRINO P, BESSA I, CARLEOS C, CARRETERO Y, DUNNER S, FERRAN N, GARCIA D, JORDANA J, LALOE D, PEREIRA A, SANCHEZ A y MOAZAMI-GOUDARZI K. (2001). Genetic diversity measures of local european beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution* 33: 311-332.
- CAÑÓN, J., P. ALEXANDRINO, I. BESSA, C. CARLEOS, Y. CARRETERO, S. DUNNER, N. FERRAN, D. GARCIA, J. JORDANA, D. LALOE, A. PEREIRA, A.SANCHEZ, y K. MOAZARMI-GOUDARZI. (2001). Genetic diversity of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genet. Sel. Evol.* 33:311–332.
- CASTRO, G.; Mc MANNUS, C; LLAMBI, S.; REZENDE, S; FERNANDEZ, G.; PENA, B.; GAGLIARDI, R. (2007). Caracterización Genética Preliminar del Cerdo Mamellado Uruguayo. *Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos*. Quevedo. Ecuador, ISBN 84-95609-60-6:193-197.
- CHAKRABORTY, R. y DANKER-HOPFE, H. (1991). Analisis of population structure: a comparative study of different estimators of Wright's fixation indices. *Handbook of Statistics*. Rao, C. R., Chakraborty, R., Eds. Amsterdam. Vol. 8, 203-254 .
- CHIKHI L., GOOSSENS B., TREANOR, A. y M. W. BRUFORD. (2004). Population genetic structure of and inbreeding in an insular cattle breed, the jersey, and its implications for genetic resource management. *Heredity* 92: 396-401.
- COCKERHAM, C. C. (1969). Variance of gene frequencies. *Evolution*. 23, 72-84.
- COCKERHAM, C. C. (1973). Analyses of gene frequencies. *Genetics*. 74, 679-700.
- CROSSA J., HERNANDEZ C. M., BRETTING, P., EBERHART, S. A. y S. TABA (1993). Statistical genetic considerations for maintaining germplasm collections. *Theoretical and Applied Genetics*. 86: 673-678.
- DE ALBA, J. (1987). Criollo cattle of Latin America. En: Hodges, J (ed.) *Proc. 2nd Meet. FAO-UNEP*. Warsaw. Poland. pp: 19-44.

- EDING, J. H. y LAVAL, G. (1998). Measuring genetic uniqueness in livestock. Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources. Oldenbroek, J. K., Ed. The Netherlands. 33-58.
- ESTOUP, A., GARNERY, L. SOLIGNAC y M. CORNUET, J. M. (1995a). Microsatellite variation in honey bee (*Apis mellifera* L.). Populations: hierarchical genetic structure and test of the infinite allele and stepwise mutation models. *Genetics*. 140, 679-695.
- ESTOUP, A., SOLIGNAC, M., CORNUET, J. M., GOUDET, J. y SCHOLL, A. (1996). Genetic differentiation of continental and island populations of *Bombus terrestris* (Hymenoptera: Apidae) in Europe. *Molecular Ecology*. 5, 19-31.
- ESTOUP, A., TAILLIEZ, C., CORNUET, J. M. y SOLIGNAC, M. (1995b). Size homoplasy and the mutational processes of interrupted microsatellites in two bee species: *Apis mellifera* and *Bombus terrestris* (apidae). *Molecular Biology and Ecology*. 12, 1074-1084.
- FALUSH, D., STEPHENS, M., PRITCHARD, K. (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked *loci* and correlated allele frequencies. *Genetics* 164: 1567-1587.
- FAN, B., Z.G. WANNG, Y. J. LI, X. L. ZHAO, B. LIU, S. H. ZHAO, M. YU, M. H. LI, S. L. CHEN, T. A. XIONG y K. LI. (2002). Genetic variation analysis within and among Chinese indigenous swine populations using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 33: 422-427.
- FAO. (1988). Anuario 1988, vol. 1-3
- FAO. (1993). An integrated global programme to establish the genetic relationships among the breeds of each domestic animal species. FAO. Rome.
- FAO. (1999). Secondary guidelines for development of National Farm animal genetic resources. Management Plans. Measurements of Domestic Animal Diversity (MoDAD: Working group Report FAO Roma.
- FELSENSTEIN, J. (2004). Inferring phylogenies. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts. 664 páginas.
- FORBES, S. H., HOGG, J. T., BUCHANAN, F. C., CRAWFORD, A. M. y ALLENDORF, F. W. (1995). Microsatellite evolution in congeneric mammals: domestic and bighorn sheep. *Molecular Biology and Ecology*. 12, 1106-13.
- FRIES R., GROSZ, M. D. y J. YOO (1994). A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136: 619-639
- GARCÍA, D. y J. CAÑÓN. (2007). Diversidad de las especies de animales domésticos: Importancia y conservación de la variabilidad genética. *FEAGAS* 31: 61-66.

- GOLDSTEIN, D. B., RUIZ LINARES, A., CAVALLI-SFORZA, L. L. y FELDMAN, M. W. (1995a). Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*. 92, 6723-7.
- GOLDSTEIN, D. B., RUIZ LINARES, A., CAVALLI-SFORZA, L. L. y FELDMAN, M. W. (1995b). An evaluation of genetic distances for use with microsatellite *loci*. *Genetics*. 139, 463-71.
- GONZÁLEZ-CANDELAS, F. y MONTOLIO A. (2000). Genetic differentiation and structure of *Hippocrepis valentina* (Leguminosae) populations. *J. Hered.* 91, 134-141.
- GUO, S. W. y THOMPSON, E. A. (1992). Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. *Biometrics*. 48, 361-372
- HALBERT N D, WARD T J, SCHNABEL R D, TAYLOR J F y J N DERR. (2005). Conservation genomics: Disequilibrium mapping of domestic cattle chromosomal segments in north american bison populations. *Molecular Ecology* 14: 2343-2362.
- HENSON, E. L. (1992). In situ conservation of livestock and poultry. *FAO Animal Production and Health Paper 99*. FAO/UNEP. Rome.
- HOELZEL, A. R. y BANCROFT, D. R. (1992). *Molecular Genetic Analysis of Populations*. Oxford University Press. Oxford.
- HUANG D, YANG Q. YU C y R. YANG. (2003). Development of the x-linked tetrameric microsatellite markers humdxs6803 and humdxs9895 for forensic purpose. *Forensic Sci Int* 133: 246-249.
- KALINOWSKI S. T. (2002). How many alleles per locus should be used to estimate genetic distances? *Heredity* 88: 62-65.
- KELLY, L.A., CROP, A., VADELL, A., NICOLINI, P., MONTEVERDE, S., AMILLS, M., SANCHEZ, A. (2004). El cerdo pampa rocha como recurso zoogenéticos en Uruguay. *Marcadores moleculares. Veterinaria (Montevideo)*, 39 (155-156): 15-16.
- KIM T. H., KIM K. S, CHOI B. H., YOON D. H., JANG G. W., LEE K. T , CHUNG H. Y., LEE H. Y, PARK H. S., y LEE J. W. (2005) Genetic structure of pig breeds from Korea and China using microsatellite *loci* analysis. *J. Anim. Sci.* 83:2255–2263
- LACADENA, J. R. (1981). *Genética*. 3ª Edición. A.G.E.S.A. Madrid.
- LADE, J. A., MURRAY, N. D., MARKS, C. A. y ROBINSON, N. A. (1996). Microsatellite differentiation between Phillip Island and Mainland Australian populations of the red fox *Vulpes vulpes*. *Molecular Ecology*. 5, 81-87.
- LAVAL, G., IANNUCELLI, N., LEGAULT, C., MILAN, D., GROENEN, M., GIUFFRA, E., ANDERSSON, L., NISSEN, P., JORGENSEN, C., BEECKMANN, P., GELDERMANN, H., FOULLEY, J. L., CHEVALET, C. y OLLIVIER, L. (2000). Genetic diversity of eleven European pig breeds. *Genetic Selection Evolution*. 32, 187-203.

- LI K., CHEN Y., MORAN C., FAN B., ZHAO S. y PENG Z. (2000). Analysis of diversity and genetic relationship between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian commercial pig breed. *Animal Genetics* 31, 322–25.
- LI, M. H., STERNBAUER K, HAAHR, P. T. y J. KANTANEN. (2005). Genetic components in contemporary Faroe Islands cattle as revealed by microsatellite analysis. *Journal Animal Breeding and Genetics* 122: 309-317.
- LI, S.J., YANG, S.H., ZHAO, S.H., FAN, B., YU, M., H., WANG S., M., LI H., LIU B., T.; XIONG, A. AND LI K. (2004). Genetic diversity analyses of 10 indigenous Chinese pig populations based on 20 microsatellites. *J. Anim. Sci.* 2004. 82:368–374
- LOUIS, E. J. y DEMPSTER, E. R. (1987). An Exact Test for Hardy-Weinberg and multiple alleles. *Biometrics* 43, 805-811.
- MANEL, S., SCHWARTZ, M. K., LUIKART, G. y P. TABERLET. (2003). Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 189-197.
- MARTINEZ A.M., DELGADO J.V., RODERO A. y VEGA-PLA J.L. (2000) Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Animal Genetics* 31, 295–01.
- MARTINEZ, A. (2001). Caracterización genética del cerdo Ibérico mediante marcadores moleculares. Universidad de Córdoba.
- MARTÍNEZ, A., VEGA PLA, J. L. (2004a). Caracterización genética mediante marcadores moleculares CD ROM 5º Curso Internacional de especialización sobre la conservación y utilización de las razas de animales domésticos locales en sistemas de explotación tradicionales. Septiembre, 2004. I.S.B.N.: 84-95609-64-9
- MARTÍNEZ, A. y VEGA PLA, J. L. (2004b). Estudio de variación genética utilizando microsatélites de ADN. CD ROM 5º Curso Internacional de especialización sobre la conservación y utilización de las razas de animales domésticos locales en sistemas de explotación tradicionales. Septiembre, 2004. I.S.B.N.: 84-95609-64-9
- MARTÍNEZ, A.M., J.V. DELGADO, J.L. VEGA-PLA, F. ESCRIBANO y A. CABELLO.(2003). Negro de los Pedroches, the molecular definition of a new variety of the iberian pig breed. *Arch. Zootec.* 52: 219-223
- MARTÍNEZ, A.M., QUIROZ J., MARQUES J.R. y DELGADO J.V. (2007). Estudio de la diversidad genética del cerdo Negro Canario con microsatélites de ADN. *Arch. Zootec.* 56 (Sup. 1): 425-428. 2007.
- MARTÍNEZ, M. A. (2001). “Caracterización genética del cerdo Ibérico mediante marcadores moleculares.” Tesis doctoral. Univ. de Córdoba, España. 174 pp.

- MATEUS, J. C., M. C. T. PENEDO, V. C. ALVES, M. RAMOS, y T. RANGEL-FIGUEIREDO. (2004). Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 35:106–113.
- MAUDET, C., LUIKART, G., y P. TABERLET. (2002). Genetic diversity and assignment tests among seven french cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. *Journal of Animal Science* 80: 942-950.
- MEZZADRA, C. (2003). Informe Nacional sobre la Situación de los Recursos Zoogenéticos, Argentina. SAGPYA-FAO 53 pp.
- MOAZAMI-GOUDARZI, K., VAIMAN, D., MERCIER, D., GROHS, C., FURET, J. P., LEVEZIEL, H. y MARTIN, P. (1994). Emploi de microsatellites pour l'analyse de la diversité génétique des races bovines francaises: premiers resultants. *Genetics Selection and Evolution* 26, 155-165.
- MOMMENS, G., PEELMAN, L. J., VAN ZEVEREN, A., D'IETEREN G y N. WISSOCQ. (1999). Microsatellite variation between an african and five european taurine breeds results in a geographical phylogenetic tree with a bison outgroup. *Journal of Animal Breeding and Genetics-Zeitschrift Fur Tierzuchtung Und Zuchtungsbiologie* 116: 325-330.
- MUELLER, U.G. y WOLFENBARGER, L. (1999). FLP gentying and fingerprinting. *Trends Ecol. Evol.* 14: 389-394
- MULLIS, K., FALCOMA, F., SCHARF, S., SNIKL, R., HORN, G. T. y ERLICH, H. (1986). Specific amplification of DNA *in vitro*: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symposium on Quantiyative Biology.* 51, 260.
- NAGANIME, Y., y HIGUCHI, M. (2001). Genetic distance and classification of domestics animals using genetic markers. *Journal of Animal Breeding an Genetics.* 118, 101-109.
- NEI, M. (1972). Genetic distance between populations. *American Naturalist.* 106, 283-282.
- NEI, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA.* 70, 3321-3323.
- NEI, M. (1977). F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Human Genetics.* 41, 225-233.
- NEI, M. (1983). Genetic polymorphism and the role of mutation in evolution. *Evolution of genes and proteins* (Nei, M. and Khoen., R. Ed.). 165-190, Sunderland.
- NEI, M. (1995). Genetic support for the out-of-Africa theory of human evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA.* 92, 6720-6722.
- NOTTER, D. R. 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *J. Anim. Sci.* 77:61–69.

- PAGE, R.D.M. (1998). Tree drawing software for Apple Macintosh and Microsoft Windows. In: <http://taxonomy.zoology.gla.uk/rod/rod.html>. Division of Environmental and Evolutionary Biology, Institute of Biomedical and Life Sciences, University of Glasgow, Glasgow G128QQ, Scotland, UK.
- PARK, S. D. E. (2001). Trypanotolerance in west african cattle and the population genetic effects of selection. Tesis doctoral, University of Dublin, Dublin.
- PEREZ-PINEDA, E. (2005) Caracterización genética del cerdo Criollo Cubano utilizando marcadores moleculares. Tesis en opción al grado de doctor en ciencias veterinarias. Universidad de Granma Cuba. Universidad de Córdoba España.
- PEREZ-PINEDA, E.; MARTINEZ,A.; DELGADO, J.; VELÁSQUEZ, F.; VEGA, J.; BARBA, C. (2006). Tipificación y relaciones Filogenéticas del cerdo Criollo cubano. Una contribución a su conservación. " VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba, Bolivia, diciembre de 2006. : 237 -240
- PRITCHARD, J. K., STEPHENS, M. y P. DONNELLY (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- RADKO, A., ZYGA, A., SLOTA, E., KOSCIELNY, M. y W. BREJTA. (2004). Evaluating the efficacy of blood groups and DNA microsatellite sequences in parentage control in cattle. *Medycyna Weterynaryjna* 60: 1212-1214.
- RAYMOND, M. y ROUSSET, F. (1996). An exact test for population differentiation. *Evolution* 49, 1280-1283.
- REYNOLDS, J. (1983). Estimation of the coancestry coefficient basis for a short-term genetic distance. *Genetics*. 105, 767-779.
- RUANE, J. (2000). A framework for prioritizing domestic animal breeds for conservation purposes at the national level: A Norwegian
- SAITOU, N. y NEI, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Ecology*. 4, 406-25.
- SANCRISTOBAL M., CHEVALET C., HALEY C. S., JOOSTEN R., RATTINK A. P., HARLIZIUS B., GROENEN M. A. M., AMIGUES Y., BOSCHER M.Y., RUSSELL G., LAW A., DAVOLI R., RUSSO V., DE´SAUTE´S C., ALDERSON L. , FIMLAND E., BAGGA M., DELGADO J. V., VEGA-PLA J. L., MARTINEZ A. M., RAMOS M., GLODEK P., MEYER J. N., GANDINI G. C., MATASSINO D., PLASTOW G. S., SIGGENS K. W., LAVAL G., ARCHIBALD A. L. , MILAN D., HAMMOND K., CARDELLINO R. (2006). Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 37, 189–198.

- SANCRISTOBAL, M., C. CHEVALET, J.-L. FOULLEY, y L. OLLIVIER. (2003). Some methods for analysing genetic marker data in a biodiversity setting—Example of the PigBioDiv data. *Arch. Zootec.* 52:173–183.
- SAVATIER, P., TRABUCHET, G., FAURE, C., CHEBLOUNE, Y., GOUY, M., VERDIER, G. y NIGON, V. M. (1985). Evolution of the primate b-globin gene region: High rate of variation in CpG dinucleotides and in short repeated sequences between man and chimpanzee. *Journal of Molecular Biology.* 182, 21-29.
- SHRIVER, M. D., JIN, L., BOERWINKLE, E., DEKA, R., FERRELL, R. E. y CHAKRABORTY, R. (1995). A novel measure of genetic distance for highly polymorphic tandem repeat *loci*. *Molecular Biology and Ecology.* 12, 914-20.
- SMITH, C. (1984). Genetic aspects of conservation in farm livestock. *Livestock Production Sciences.* 11: 37-48.
- SMITH, C. (1986). Variety of breeding stocks for the production-marketing range, and for flexibility and uncertainty. *Proc. 3rd World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* 10:14–18.
- SOKAL, R. R. y ROHLF, F. J. (1981). *Biometry*. 2nd. ed. Freeman Ed. San Francisco.
- SOLIGNAC, M., VAUTRIN, D., BAUDRY, E., MOUGEL, F., LOISEAU, A. y J. M. CORNUET. (2004). A microsatellite-based linkage map of the honeybee, *apis mellifera* L. *Genetics* 167: 253-262.
- SOLINAS TOLDO, S., FRIES, R., STEFFEN, P., NEIBERGS, H. L., BARENDSE, W., WOMACK, W. E., HETZEL, D. J. y G. STRANZINGER. (1993). Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor *loci* on bovine chromosomes. *Mammalian Genome* 4: 720-727.
- TAKAHASHI, K., y M. NEI. (2000). Efficiencies of fast algorithms of phylogenetic inference under the criteria of maximum parsimony, minimum evolution, and maximum likelihood when a large number of sequences are used. *Molecular Biology and Evolution* 17: 1251-1258.
- TAKEZAKI, N. y NEI, M. (1996). Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics.* 144, 389-99.
- TAUTZ, D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acid Research* 17, 6463-6471.
- TAUTZ, D. y M. RENZ. (1984). Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Res.* 12: 4127-4138.
- TAUTZ, D., TRICK, M. y G. A. DOVER. (1986). Cryptic simplicity in DNA is a major source of genetic variation. *Nature* 14-20; 322 (6080): 652-656.

- TAUTZ, D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acid Research*. 17, 6463-6471.
- THIEVEN, U., SOLINAS-TOLDO, S., FRIEDL, R., MASABANDA, J., FRIES, R., BARENDSE, W., SIMON, D. y B. HARLIZIUS. (1997). Polymorphic ca-microsatellites for the integration of the bovine genetic and physical map. *Mammalian Genome* 8: 52-55.
- TIVANG, J. G., NIENHUIS, J. y O. S. SMITH. (1994). Estimation of sampling variance of molecular data using the bootstrap procedure. *Theoretical and Applied Genetics*. 89: 259-264.
- VAIMAN, D., MERCIER, D., MOAZAMIGOUDARZI, K., EGGEN, A., CIAMPOLINI, R., LEPINGLE, A., VELMALA, R., KAUKINEN, J., VARVIO, S. L., MARTIN, P., LEVEZIEL, H. y G. GUERIN. (1994). A set of 99 cattle microsatellites - characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome* 5: 288-297.
- VEGA-PLA J. L., MARTÍNEZ A. M., PEINADO B., POTO A., y DELGADO J. V. (2004). Empleo de técnicas moleculares en el apoyo a la conservación del cerdo Chato Murciano. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 2004. Vol. 12 (Supl. 1): 45-48.
- VICENTE, A. (2006). Caracterização do porco Malhado de Alcobaça. Tese de Mestrado em Produção Animal da Universidade Técnica de Lisboa.
- WEIR, B. S. (1990). Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data. Sinauer Associates, INC. Publishers, Sunderland, Massachusetts. 377 pp.
- WEIR, B. S. (1990). Genetic Data Analysis. Sinauer Ed. Sunderland.
- YANG, S.L., WANG, Z.G., LIU, B., ZHANG, G.X., ZHAO, S.H., YU, M., FAN, B., LI, M.H., XIONG, T.A., LI, K. (2003). Genetic variation and relationships of eighteen Chinese indigenous pig breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35 657671
- ZHANG, G.X., WANG, Z.G., SUN, F.Z., CHEN, W.S., YANG, G.Y., GUO, S.J, LI, Y.J., ZHAO, X.L., ZHANG, Y., SUN, J., FAN, B., YANG, S.L., LI, K. (2003). Genetic diversity of microsatellite loci in fifty-six Chinese native pig breeds. *Yi Chuan Xue Bao*. Mar; 30(3):225-33.
- ZHARKIKH, A. y W. H. LI., (1995). Estimation of confidence in phylogeny: The complete-and-partial bootstrap technique. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 4: 44-63.

CONCLUSIONES GENERALES

1. De manera general, los caracteres morfométricos de los cerdos Criollos de la Región Nordeste Argentina poseen elevados niveles de variabilidad fenotípica en la población total, mientras que los índices zoométricos son más homogéneos, lo que es indicativo de la diversidad existente en la funcionalidad de los individuos, producto de su probable origen multirracial y de los efectos de la adaptación a diferentes condiciones medioambientales de las áreas donde han sido explotados.
2. En la población de cerdos del NEA no existe un dimorfismo sexual acentuado que permita diferenciar visiblemente las tres categorías consideradas, hembras, machos enteros y machos castrados a pesar de haber encontrado diferencias significativas en algunas variables morfométricas e índices. Estas se presentan aisladamente y no en el conjunto de caracteres sexuales secundarios que hacen a dicha distinción, debido probablemente a deficiencias nutricionales y de manejo en las diferentes etapas de crecimiento de los animales.
3. En términos zootécnicos, considerando la población total de cerdos Criollos del NEA presentan un tamaño corporal de pequeño a mediano y de acuerdo con los índices zoométricos clasifican como mesocéfalos, brevilineos y con inclinación a la producción de carne magra antes que a la grasa.
4. La apreciación global a través de caracteres cualitativos de los animales, denota en la población de cerdos del NEA poca uniformidad, que no permite distinguirlos ya que pueden presentar perfiles frontonasales concavilíneos o rectilíneos, orejas asiáticas o ibéricas, diversas capas aunque las predominantes son las overas y manchadas, pezuñas pigmentadas o veteadas, mucosas pigmentadas, con abundante pelo, un número de mamas de entre 10 y 12 y algunos individuos presentan mamellas.
5. Los Análisis de la Varianza así como el Discriminante Canónico y la Distancia de Mahalanobis, basados tanto en las variables morfométricas como en los índices zoométricos, demuestran la existencia de diversidad interna en la población de

cerdos Criollos del NEA demarcada por las Zonas agroecológicas de clima Subtropical Húmedo y Subtropical Seco pudiendo por esta causa considerarlas “ecotipos”, como así también se revelan con una diferenciación manifiesta los cerdos provenientes de la Provincia de Misiones.

6. La población de cerdos Criollos de la Zona Húmeda del NEA son de menores dimensiones que los de la Zona Seca, ya que éstos manifiestan un mayor porte y tamaño corporal. De acuerdo a los índices zoométricos, ambas poblaciones se mantienen en la tendencia a la mesocefalia, con apariencia general brevilinea y la aptitud cárnica hacia el magro encontrada en la población total. y aunque no existe uniformidad en los caracteres cualitativos, los individuos pueden ser asociados a la zona de la cual provienen a través de algunos de ellos.
7. Evaluado a través de los caracteres *postmortem* el cerdo criollo del NEA revela un nivel productivo representativo de los sistemas de cría extensivos de subsistencia, que son inferiores a los informados en cerdos de razas definidas y selectas e incluso que otros cerdos Criollos criados en sistemas de explotación tecnificados reportados en la literatura, aunque no en la medida esperada bajo las condiciones en que son criados y faenados los cerdos de este estudio.
8. Los cerdos criollos pertenecientes a la Zona Subtropical Seca aparecen notoriamente diferenciados de los localizados en la Zona Subtropical Húmeda del Nordeste Argentino por su superioridad en cuanto a los pesos evaluados así como por los menores rendimientos, diferencias que surgen también al considerar los grupos por provincia, donde son mayores los pesos de los cerdos faenados en las Provincias de Chaco y Formosa y los mayores rendimientos de piezas nobles se presentan en los cerdos de la Provincia de Corrientes.
9. Bajo una visión global se destaca la potencialidad de transformación de los cerdos Criollos del NEA, de productos de escaso valor para la alimentación humana, en carne de calidad lo que los convierte en una alternativa productiva para la región dada las ventajas que presenta la especie para ésta transformación, cuya puesta en valor constituye la garantía de su conservación, aunque queda pendiente la evaluación de la calidad de la carne que permita explorar paralelismos con el Cerdo Ibérico que fortalezcan dicha valoración.

10. La caracterización genética permite concluir que existe un nivel de variabilidad genética o biodiversidad elevado en la población de cerdos del Nordeste Argentino dado por el número de alelos detectados así como los cálculos de la heterocigosidad y el contenido de información polimórfica.
11. La prueba de equilibrio de Hardy Weinberg y los valores de diferenciación genética θ y G_{ST} indican que existe subdivisión en la muestra de la población total de cerdos Criollos del NEA, consistente con la adaptación a las zonas agroecológicas Húmeda y Seca de las que provienen.
12. El árbol de distancia individual construido en base a la proporción de alelos compartidos así como el Análisis Factorial de Correspondencia confirman la subestructuración genética de la población de Cerdos Criollos del NEA, según el área ecológica.
13. El análisis de estructura poblacional por el método Bayesiano de Pritchard, ratifica y fortalece estas conclusiones al diferenciar claramente dichas subpoblaciones y revelando a la vez una nueva subdivisión de la población de cerdos de la Zona Seca definida en el NEA.
14. Las matrices de distancia genética, el árbol construido a partir de la D_A , así como el Análisis Factorial de Correspondencia realizado con los datos de las poblaciones de las variedades del Cerdo Ibérico y las otras razas de referencia analizadas, Chato Murciano, Negro Canario, Duroc Jersey, Landrace y Large White no agrupan a los cerdos Criollos del NEA con ninguna de ellas, pero los incluyen en un “complejo de Criollos” bien definido, por tanto, la deriva o migraciones comunes a los otros Criollos los han distanciado a través de los años de sus orígenes ibéricos, y la influencia de razas selectas modernas, de momento no han afectado su originalidad genética.
15. Las distancias genéticas, los clusters que pueden diferenciarse en el árbol construido a partir de ella, así como el que se visualiza a través del AFC, tanto como los coeficientes de asignación hallados con el programa Structure permiten afirmar que los cerdos criollos constituyen una agrupación de cerdos diferente y no

necesariamente conformada por un genotipo con una mayor proporción de ninguna de las agrupaciones raciales que se supone le dieron origen.

16. Los cerdos Criollos del Nordeste Argentino, a pesar de haber mostrado una gran variabilidad morfológica, genética y funcional, probablemente debido a múltiples factores (deriva, interacción genotipo-ambiente, migración de genes diferentes, aislamiento geográfico, selección empírica carente de objetivos y criterios) han demostrado su pertenencia al colectivo porcino Criollo Iberoamericano integrándose a sus características generales. Aunque el origen ibérico no se sustenta, tampoco puede descartarse ya que su formación tras un proceso de deriva y su evolución en condiciones ferales pueden justificar estas diferencias con el origen. De cualquier modo el cerdo criollo del NEA con sus dos variedades demostradas puede considerarse una entidad racial local original y bien adaptada al medio, que puede ser la base de una fuerte iniciativa de desarrollo rural sostenible, tanto desde el punto de vista del autoconsumo, hasta la comercialización de productos diferenciados (tradicionales, ecológicos, etc), quedando pendiente la caracterización de la calidad de su carne que fortalezca esta iniciativa. Toda ésta valiosa información permitirá afrontar un plan de conservación que defina las variedades que componen las poblaciones locales de cerdos en el NEA, y que contribuyan a la preservación de las mismas en su medio natural, garantizando el mantenimiento de la variabilidad genética presente.

FOTOS



Foto 1 Cerdo cimarrón (Corrientes)



Foto 2 Cerda "Churra" (Formosa)



Foto 3 Cerdos Caracoleros (Corrientes)



Foto 4 Hembra Criolla de General Paz - Corrientes



Foto 5: Cerdo Criollo Basail - Chaco



Foto 6: Cerda criolla - Chaco Seco



Foto 7: Captura de cerdos Criollos a lazo



Foto 8: Mano de obra familiar



Foto 9: Cerdas criollas con cria en pastoreo libre



Foto 10: Meloncito (*Capparis salicifolia*)



Foto 11: Guayaba (*Psidium Guayava radii*)



Foto 12: Chaucha de algarrobo (*Prosopis alba*)



Foto 13: Tuna (*Opuntia ficus indica*)



Foto 14 : Mojarra (*Astyanax fasciatus*)



Foto 15: Cocos (*Copernicia australis*)



Foto 16: Instalaciones precarias



Foto 17: Alimentos procurados de la naturaleza



Foto 18: Corrales de encierro nocturno con materiales de la zona

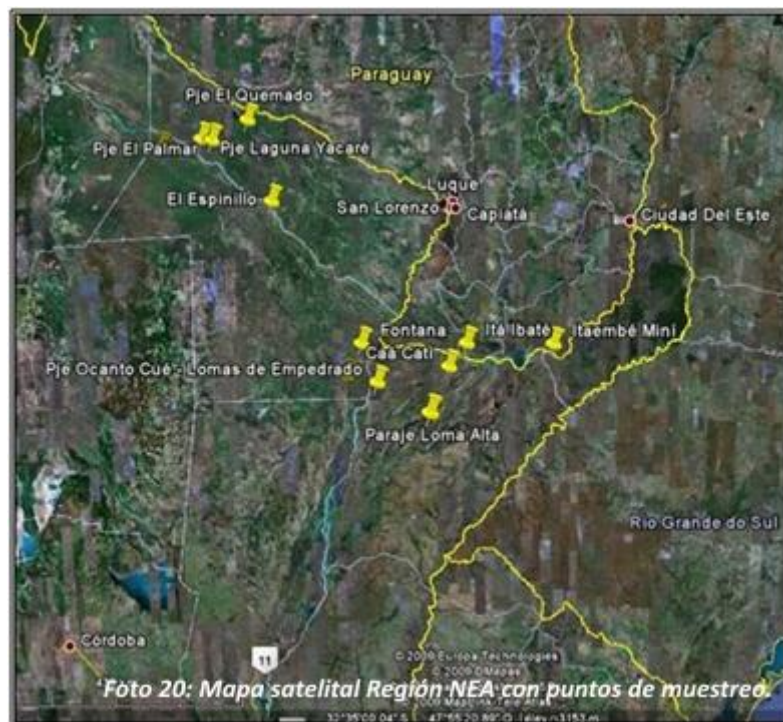




Foto 21: Mapa satelital con puntos de muesteo -Corrientes



Foto 22: Mapa satelital con puntos de muesteo- Formosa









Foto 31: Pesada con balanza romana



Foto 32: Medición del Largo de la Cabeza



Foto 33: Medición del Perímetro de la Caña





Foto 39: Secado de la carne

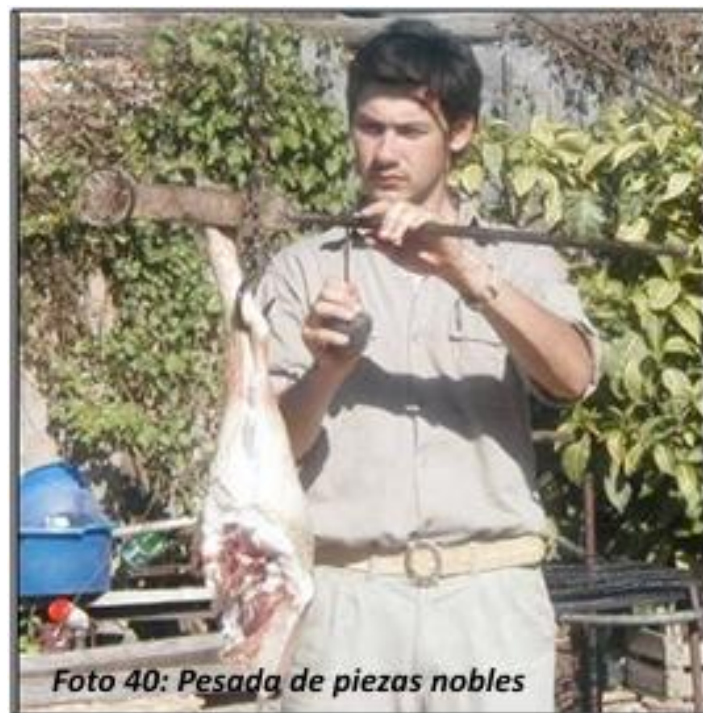


Foto 40: Pesada de piezas nobles

