

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CHIHUAHUA**

**FACULTAD DE ZOOTECNIA Y ECOLOGÍA**

**SECRETARÍA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO**

---



**CARACTERIZACIÓN GENÉTICA Y FENOTÍPICA DE UNA  
POBLACIÓN DE CERDO PELÓN MEXICANO**

POR:

**M. V. Z. JUAN MANUEL RAMÍREZ REYES**

**TESIS PRESENTADA COMO REQUISITO PARA OBTENER EL GRADO DE  
MAESTRÍA EN CIENCIAS CON ÁREA MAYOR EN REPRODUCCIÓN Y GENÉTICA ANIMAL**

**CHIHUAHUA, CHIH., MÉXICO**

**SEPTIEMBRE DE 2020**



Caracterización genética y fenotípica de una población de cerdo pelón mexicano. Tesis presentada por Juan Manuel Ramírez Reyes como requisito parcial para obtener el grado de Maestría en Ciencias, ha sido aprobado y aceptada por:

---

Ph.D. Carlos Ortega Ochoa  
Director de la Facultad de Zootecnia y Ecología

---

D.Ph. Agustín Corral Luna  
Secretario de Investigación y Posgrado

---

Ph.D. Iván Adrián García Galicia  
Coordinador Académico

---

D.Ph. Joel Domínguez Viveros  
Presidente

---

*03 de Septiembre 2020*  
Fecha

Comité:  
Dr. Francisco Joel Jahuey Martínez  
Ph.D. Felipe Alonso Rodríguez  
Almeida  
Dr. Guadalupe Nelson Aguilar  
Palma

© Derechos Reservados  
AUTOR. JUAN MANUEL  
RAMÍREZ REYES  
DIRECCIÓN: PERIFÉRICO  
FRANCISCO R. ALMADA  
KM. 1, CHIHUAHUA,  
CHIH., MÉXICO C.P. 31453  
SEPTIEMBRE 2020

## **AGRADECIMIENTOS**

Se agradece al Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios y a la Asociación Mexicana Especializada en Cerdos Criollos, por los recursos económicos y las facilidades para realizar el presente trabajo. Por otro lado, se agradece al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca de posgrado otorgada al autor, con número de registro: 627105.

También se agradece al M. C. Javier Antillón Ruiz y al D Ph. Joel Domínguez por la confianza, apoyo y conocimientos brindados en el transcurso de la maestría.

## **DEDICATORIA**

A la memoria de mis abuelos.

## **CURRÍCULUM VITAE**

El autor nació el 25 de junio de 1992 en el Municipio de Calera Víctor Rosales Zacatecas, México.

2012-2017 Estudios de licenciatura en la Universidad Autónoma de Zacatecas, obteniendo el título de Médico Veterinario Zootecnista. Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Enrique Estrada, Zacatecas

2017-2019 Estudiante graduado del programa de Maestría en Ciencias con especialización en Reproducción y Genética Animal. Facultad de Zootecnia y Ecología de la Universidad Autónoma de Chihuahua.

**RESUMEN**

**CARACTERIZACIÓN GENÉTICA Y FENOTÍPICA DE UNA POBLACIÓN DE  
CERDO PELÓN MEXICANO**

**POR:**

**M.V.Z. JUAN MANUEL RAMÍREZ REYES**

**Maestría en Ciencias en Producción Animal**

**Secretaría de Investigación y Posgrado**

**Facultad de Zootecnia y Ecología**

**Universidad Autónoma de Chihuahua**

**Presidente: D. Ph. Joel Domínguez Viveros**

Para el diseño e implementación de un programa de conservación y mejoramiento genético en el Cerdo Pelón Mexicano se debe considerar: el análisis de pedigrí; la caracterización y análisis de la variación fenotípica, para la conformación del patrón racial; así como el uso de herramientas genómicas para la implementación de pruebas de parentesco, siendo estos los objetivos del presente trabajo. Se analizó el pedigrí ( $n = 305$ ), 16 variables morfológicas (VARMOR;  $n = 201$ ) y 74 marcadores genéticos (SNP;  $n = 107$ ) de uso en pruebas de parentesco de una población de cerdo pelón mexicano. Se calculó el número de ancestros fundadores, el tamaño efectivo ( $N_e$ ), el grado de consanguinidad, el intervalo generacional (IG) y la estructura poblacional con los estadísticos F de Wright ( $F_{ST}$ ,  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$ ). Las VARMOR fueron: longitud de cabeza, ancho de cabeza, longitud de hocico, ancho de hocico, longitud de oreja, ancho de orejas, distancia entre orbitales, altura a la cruz, ancho de pecho,

circunferencia de pecho, longitud de cuello, ancho de cuello, perímetro de caña, longitud de cuerpo, ancho de pelvis, perímetro abdominal; se analizaron con el modelo mixto:  $y = \mu + s_i + g_j + \beta_1 x + \beta_2 x^2 + mad + \varepsilon$ , donde:  $y$ , variable respuesta;  $\mu$ , media;  $s_i$ , sexo;  $g_j$ , granja;  $\beta_1$  y  $\beta_2$ , coeficientes de regresión lineal y cuadrático de la covariable edad del individuo;  $mad$ , efecto aleatorio de la madre;  $\varepsilon$ , residuales. Con la matriz de correlaciones se realizó un análisis de componentes principales. En los SNP se estimó el contenido de información polimórfica (PIC) y sus componentes, así como las probabilidades de no exclusión en diversos escenarios. Los resultados indicaron valores de  $N_e = 92.10$ ; ancestros que explican el 50% del pedigrí = 7; porcentaje de animales consanguíneos = 2.3%; consanguinidad promedio = 0.11%; IG promedio = 1.69 años.  $F_{ST} = 7\%$ ;  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$  de -0.083 y -0.006, respectivamente. El coeficiente de variación fue menor al 20% para todas las variables en todas las etapas, con excepción de perímetro abdominal (24.34%) y ancho de pelvis (27.07%), variables que dependen del peso corporal. El  $mad$  explicó, en promedio, el 54.3% de la variabilidad. Para PIC, el promedio fue de 0.266 con valores en el intervalo de 0.018 a 0.375; las PNE fueron en el intervalo de 0.72 a 0.99. En conclusión, el análisis de pedigrí permitió obtener parámetros importantes para implementar esquemas de conservación y mejoramiento genético; con los datos obtenidos con base a las variables morfológicas es posible generar el patrón racial; la capacidad informativa del panel de marcadores SNP fue buena, por lo cual se puede utilizar para pruebas de paternidad en estudios posteriores.

## ABSTRACT

### GENETIC AND PHENOTYPIC CHARACTERIZATION OF A POPULATION OF MEXICAN HAIRLESS PIG

BY:

JUAN MANUEL RAMÍREZ REYES

For the design and implementation of a genetic conservation and improvement program in the Mexican hairless pig, the following should be considered: the pedigree analysis; the characterization and analysis of the phenotypic variation, for the conformation of the racial pattern; and, as well as the use of genomic tools for the implementation of kinship tests, these being the objectives of this work. The pedigree was analyzed ( $n = 305$ ), 16 morphological variables (VARMOR,  $n = 201$ ) and 74 genetic markers (SNP,  $n = 107$ ) for use in kinship tests. Was calculated: founder ancestors; effective size ( $N_e$ ); inbreeding; generational interval (IG); Wright F statistics (FST, FIS and FIT). The VARMOR were head length, head width, snout length, snout width, ear length, width of ears, distance between orbitals, height at the cross, chest width, chest circumference, neck length, neck width, cane perimeter, body length, pelvic width, abdominal perimeter; analyzed with the mixed model:  $y = \mu + s_i + f_j + \beta_1x + \beta_2x^2 + mad + \varepsilon$ ; where:  $y$ , response variable;  $\mu$ , mean;  $s_i$ , sex;  $f_j$ , farm;  $\beta_1$  and  $\beta_2$ , regression coefficient for the covariate linear and quadratic of age of the animal;  $mad$ , random effect of the mother;  $\varepsilon$ , residuals. With the correlation matrix, a principal component analysis was carried out. For the SNPs, the polymorphic information content (PIC) and its components were estimated, as well as the probabilities of non-exclusion (PNE). The results indicated values of  $N_e = 92.10$ ; ancestors that



explain 50% of the pedigree = 7; percentage of inbred animals = 2.3%; average inbreeding = 0.11%; Average GI = 1.69 years.  $F_{ST} = 7\%$ ; FIS and FIT of -0.083 and -0.006, respectively. The coefficient of variation was less than 20% for all variables in all stages, with the exception of abdominal circumference (24.34%) and pelvic width (27.07%), variables that depend on body weight. Mad explained, on average, 54.3% of the variability. For PIC, the average was 0.266 with values in the interval of 0.018 to 0.375; the PNE were in the interval of 0.72 to 0.99. In conclusion, the pedigree analysis allowed obtaining important information to implement conservation and genetic improvement schemes; with the data obtained based on morphological variables it is possible to generate the racial pattern; the reporting capacity of the SNP marker panel was good, therefore it can be used for paternity tests in later studies.

## CONTENIDO

RESUMEN .....	v
ABSTRACT .....	vii
LISTA DE CUADROS.....	xi
INTRODUCCIÓN.....	1
REVISIÓN DE LITERATURA.....	3
Origen Del Cerdo Criollo .....	3
Cerdo Pelón Mexicano.....	4
Análisis De Pedigrí .....	6
Caracterización Morfológica .....	9
Análisis De Componentes Principales.....	11
Marcadores Genéticos .....	12
Polimorfismo De Nucleótido Simple (SNP) .....	13
Variabilidad Genética .....	15
Prueba De Paternidad.....	15
MATERIAL Y MÉTODOS .....	18
RESULTADOS.....	22
DISCUSIÓN .....	40
CONCLUSIÓN .....	46

LITERATURA CITADA .....47

## LISTA DE CUADROS

Cuadro		Pagina
1	Resultados del análisis estadístico, con base en un modelo mixto, para variables morfológicas en cerdo pelón mexicano.....	23
2	Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano en Etapa 1 (<15 kg).....	25
3	Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano en Etapa 2 (15 kg a 45 kg).....	26
4	Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano en Etapa 3 (45 kg a 70 kg).....	27
5	Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano en Etapa 4 (>70 kg).....	28
6	Valores de los componentes principales derivados de la matriz de correlaciones de las primeras tres etapas de desarrollo.....	29
7	Valores de los componentes principales derivados de la matriz de correlaciones de la etapa 4 por sexo.....	30
8	Eingenectores de los cuatro componentes principales seleccionados en la etapa 1.....	32
9	Eingenectores de los cuatro componentes principales seleccionados en la etapa 2.....	33
10	Eingenectores de los cuatro componentes principales seleccionados en la etapa 3.....	34
11	Eingenectores de los cuatro componentes principales seleccionados en la etapa 4 por sexo .....	35
12	Estadísticos descriptivos para indicadores de diversidad genética y probabilidades de no exclusión, a través de	

74 marcadores genéticos (SNP) utilizados para pruebas de paternidad en cerdo pelón mexicano.....	38
--	----

## INTRODUCCIÓN

El cerdo criollo mexicano (CCM) representa una población porcina endémica que tuvo su origen a partir de la llegada de los españoles al continente americano, siendo cuatro estirpes las que dieron origen al CCM: Céltica, Ibérica, Napolitana y Asiática; sin embargo, existen restos óseos y estudios con carbono radioactivo que se remontan antes de la llegada de los españoles, lo que hace suponer su existencia autóctona (Flores y Agraz, 1986; Morales *et al.*, 1998). En el contexto del CCM existen tres subpoblaciones: pelón mexicano, cuino y pata de mula (Lemus, 2008), las cuales se han reportado en riesgo de extinción en el marco del primer informe de la FAO sobre los recursos zoo genéticos a nivel mundial (SAGARPA, 2007). Son animales de gran rusticidad, distribuidos en diversas zonas ecológicas con ambientes extremos, explotación en condiciones de traspatio con poca o nula tecnificación, presentan alta resistencia natural a enfermedades, con características benéficas para la alimentación humana (Flores y Agraz, 1986; Lemus y Alonso, 2005); lo antes descrito, sumado a otras variables, le confieren al CCM rasgos genéticos particulares y únicos como un recurso genético valioso, que puede ser utilizado en programas de mejoramiento genético con base en selección, o a través de cruzamiento con razas especializadas.

Como recurso genético, forma parte de la diversidad biológica, dadas las condiciones climáticas y hábitat; está sujeto a cambios por efecto de las fuerzas evolutivas y los supuestos de la genética de poblaciones; y, desde el punto de vista económico tienen los valores de uso y opción. El valor de uso se determina por los beneficios en productos o servicios que aporta el recurso genético; el valor

de opción está definido por el papel o aporte del recurso genético en el equilibrio del ecosistema (Segura-Correa y Montes-Pérez, 2001). No obstante, los principales problemas a los que se enfrentan los recursos genéticos animales son: disminución de la diversidad genética dentro de razas; la desaparición de razas locales a través de la introducción de razas exóticas; y, los cambios en climas extremos o ambientes hostiles (FAO, 2010).

La Asociación Mexicana Especializada en Cerdos Criollos (AMECC) se fundó con el objetivo de promover e impulsar la conservación, el mejoramiento genético y la comercialización del cerdo pelón mexicano (CPM). La AMECC tiene el reconocimiento oficial de la SAGARPA; a través del reglamento técnico (SAGARPA, 2013) se definen y describen los formatos y procedimientos para la identificación, registro y organización de los datos productivos y genealógicos del CPM. No obstante, para el diseño e implementación de un programa de conservación y mejoramiento genético se debe considerar: a) el análisis de pedigrí; b) la caracterización y análisis de la variación fenotípica, para la conformación del patrón racial; y, c) el uso de herramientas genómicas para la implementación de pruebas de paternidad, siendo estos los objetivos del presente estudio.

## REVISIÓN DE LITERATURA

### Origen Del Cerdo Criollo

Antes del descubrimiento de América, el continente carecía de la mayoría de las especies domésticas hoy conocidas; a partir del segundo viaje de Cristóbal Colón (1493) se dio la introducción del ganado en el continente, llegaron a las Antillas, lugar donde se reprodujeron durante el primer periodo de la conquista, para posteriormente distribuirse al resto del continente. (Rodero *et al.*, 1992; Laguna, 1998; Delgado, 2007). La cantidad de animales llegados fue reducida, ya que el espacio disponible en las naves era pequeño y la duración del viaje prolongado; debido a esto, especies como los porcinos, ovinos y aves tuvieron mayor difusión en el nuevo continente, por su tamaño era más fácil el transporte. La población de los cerdos rápidamente se incrementó debido a su fácil crianza y prolificidad (Delgado, 2007); según los relatos de Fray Bartolomé de las Casas en la “Historia de las Indias” fueron ocho los cerdos que originaron a toda la población de cerdos de las Antillas los cuales se multiplicaron en poco tiempo (Laguna, 1998)

Dada la conquista española, los cerdos se distribuyeron libremente a través del continente, sufriendo modificaciones evolutivas originadas por la selección natural y adaptación al ambiente; la selección empírica y cultural de la sociedad, dio origen a lo que hoy conocemos como cerdos “criollos” (Lemus, 2008; Linares *et al.*, 2011). La distribución de los animales generados en las Antillas se dio por tres vías, la primera por las cuencas fluviales del río Paraná y Uruguay llegando al sur del virreinato de Perú, Bolivia y Brasil, la segunda por los



puestos de Panamá hacia Centroamérica hasta llegar a Perú y Venezuela y la tercera vía fue por el puerto de Veracruz distribuyéndose hacia el norte del continente (Laguna, 1998).

El cerdo criollo mexicano (CCM) está constituido de cerdos ibéricos, célticos, napolitanos y asiáticos debido a que durante la colonización los españoles importaban animales provenientes de esos lugares (Lemus-Flores *et al.*, 2001). Dentro de la clasificación de CCM se engloban tres subpoblaciones, las cuales son el cerdo pelón mexicano (CPM), cuino y pata de mula (Lemus, 2008), cada una con sus características y cualidades particulares. Dichos animales se encuentran localizados principalmente en las zonas costeras tanto del sureste en los estados de Veracruz, Tabasco, Oaxaca, Chiapas, Quintana Roo, Yucatán y también en algunos estados del noroeste como Jalisco y Nayarit (Lemus y Alonso, 2005).

### **Cerdo Pelón Mexicano**

Entre las características fenotípicas principales del CPM denota el cuero de color negro y lampiño, tiene hocico largo y estrecho y es de talla media (Linares *et al.*, 2011). Becerril *et al.* (2009) estudiaron el comportamiento del CPM: tienen una velocidad de crecimiento lenta en comparación con animales de raza mejorada; en las etapas de crecimiento y finalización, alimentados a libre acceso, presentan una ganancia de peso diaria no mayor a 0.5 kg, conversión alimenticia de 4 a 6 kg.

En los últimos años ha habido un incremento drástico en la población humana y por consecuente en las necesidades alimenticias; para cubrir dichas

necesidades, la producción de cerdos se ha orientado en generar animales con alta producción en carne y menor producción de grasa en la canal, obteniendo mayor rendimiento en cortes, jamones y brazuelos (Irgang *et al.*, 1998), a su vez con una velocidad de crecimiento acelerada (Barlocco *et al.*, 2000). El CPM ha sido desplazado por la introducción de razas especializadas, lo que impacta drásticamente en la disminución de la población original (Sierra *et al.*, 2005), causando erosión genética debido al cruzamiento indiscriminado con estas razas especializadas; estas condiciones ponen en peligro a la raza, la cual puede llegar a la extinción (Sierra, 2000; Lemus y Alonso, 2005).

El CPM es reservorio de material genético (Lemus-Flores *et al.*, 2001); posee una alta rusticidad, desplazándose por largas distancias en terrenos hostiles y con escasez de alimento (Benítez y Sánchez, 2001), siendo más resistentes a enfermedades, teniendo una respuesta humoral mayor contra patógenos en comparación con razas especializadas y por el tipo de piel los hacen resistentes a ectoparásitos (Guerrero *et al.*, 2008; Cen *et al.*, 2011); a su vez, tienen mayor tolerancia a climas adversos (Lemus, 2008). Dado que la explotación del CPM se desarrolla en sistemas de producción rural que carece de tecnología, la eficiencia reproductiva se considera buena, alcanzando en promedio una fertilidad global del 94.8%, intervalo entre partos de 197 d, mientras que el tamaño y peso de las camadas son reducidos con 5.2 lechones y 4.47 kg en promedio, respectivamente (Sierra *et al.*, 2005). Becerril *et al.* (2009) expusieron que las cerdas CPM son eficientes en condiciones de sistema tradicional de alimentación, con base en residuos de cocina, de cosecha y complemento de concentrado comercial. El CPM también presenta una alta

calidad de carne debido a la grasa intramuscular que estos animales depositan, la cual proviene de los ácidos grasos monoinsaturados, esto le da una ventaja en contra de las razas especializadas que durante su selección para producción de carne han descuidado el espesor de grasa dorsal y a su vez la grasa intramuscular y marmoleo (Lemus y Alonso, 2005) afectando las características organolépticas de la carne (Diestre, 1991). De igual forma presenta menores niveles de acidez a las 24 horas postmortem, por consiguiente la canal tiene mayor retención de agua en el almacenamiento (Renaudeau y Mourot, 2007). La elaboración de derivados cárnicos de alta calidad como el jamón tipo Serrano ha colaborado en el rescate de cerdos criollos (Hernández, 1996). Dichas características de calidad de la carne le confieren al CPM cualidades genéticas sobresalientes pudiéndose utilizar en programas de mejoramiento genético.

### **Análisis de Pedigrí**

Una base fundamental para establecer e implementar un programa de conservación o selección es el estudio de la constitución genética poblacional y cómo evoluciona ésta en el transcurso de las generaciones. El análisis de pedigrí es de gran importancia para descifrar la conformación genética poblacional (Domínguez-Viveros *et al.*, 2010). En los indicadores claves para el estudio del pedigrí destacan los siguientes: ancestros fundadores; tamaño efectivo; consanguinidad; intervalo generacional; y estadísticos F. A su vez, con ayuda de estos estudios, es posible evitar pérdidas de diversidad genética en las poblaciones (Ramírez-Valverde *et al.*, 2018). El análisis de pedigrí a través de registros genealógicos tiene una reducción en la precisión si la información

genealógica está incompleta, a su vez los modelos tradicionales de mejoramiento genético se basan en el pedigrí, por lo cual información no disponible o incompleta del pedigrí limita el uso de información por familias (Lopes *et al.*, 2013). De esta manera, una alternativa es utilizar la información de SNP para buscar todas las relaciones entre individuos de una población dada y el coeficiente de endogamia individual, que se fundamenta en la similitud de alelos sin usar registros genealógicos, siendo estas, estimaciones más precisas que los métodos tradicionales (Lopes *et al.*, 2013).

**Ancestros fundadores.** Un fundador se define como el antepasado con padres desconocidos; es decir, cuando un individuo solo tiene un progenitor conocido, el progenitor que se desconoce se le denomina fundador (Boichard *et al.*, 1997).

**El número efectivo de ancestros.** Se le denomina así al número de ascendientes, fundadores o no, requeridos para explicar la estructura poblacional total. El cálculo de este parámetro toma en cuenta que la participación de los reproductores puede estar desequilibrada, considerando de esta manera los posibles cuellos de botella existentes originados al excesivo uso de algunos reproductores (Domínguez-Viveros *et al.*, 2010).

**Tamaño efectivo.** El tamaño efectivo de la población base, es el número de animales con padres desconocidos, estimando el número de fundadores requeridos para explicar la estructura poblacional total, admitiendo que todos ellos efectúan la misma aportación (Boichard *et al.*, 1997).

**Consanguinidad.** La consanguinidad es la relación genética entre individuos, debido a que comparten uno o varios antecesores y esta, es de gran

importancia en la producción animal ya que tiene un impacto negativo en características productivas y reproductivas (Falconer y Mackay, 1996). Pero no afecta a todas las características de interés zootécnico ni a todas las poblaciones de la misma manera, debido a que son más propensas las poblaciones pequeñas, también en las que se sobreexplota el uso del mismo semental, como en el caso de la inseminación artificial y en poblaciones genéticamente cerradas (Ruiz-Flores *et al.*, 2006). Cuando se realizan programas de conservación de recursos genéticos es importante evitar la consanguinidad ya que puede provocar efectos perjudiciales en los individuos, comprometiendo la supervivencia, fertilidad, adaptación y rusticidad; a su vez, se aumenta la probabilidad de que aparezcan genes recesivos letales (Falconer y Mackay, 1996; Caraviello, 2004; Gallego *et al.*, 2006). El grado de consanguinidad se cuantifica mediante el coeficiente de endogamia ( $F_x$ ), que significa la probabilidad de que un individuo, contenga para un locus, dos genes alélicos idénticos por ascendencia (Falconer y Mackay, 1996).

**Intervalo generacional.** Se define como la edad media de los progenitores cuando nace su progenie seleccionada, proveniente de cuatro vías: padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre-hija (Gutiérrez *et al.*, 2003).

**Estadísticos F de Wright.** Es un método que permite la estimación de la estructura genética de poblaciones, el cual se basa en partir el coeficiente de endogamia en una población subdividida ( $F_{IT}$ ) entre el apareamiento no aleatorio dentro de una población, generado por la cruce entre parientes dentro de la población ( $F_{IS}$ ) y la diferenciación genética entre poblaciones ( $F_{ST}$ ) (Wright, 1951). Por definición (Hartl y Clark, 1997; Magallán-Hernández *et al.*, 2009):  $F_{IT}$ ,

representa la correlación entre los genes del individuo y del total de la población, correspondiente a la endogamia total;  $F_{IS}$ , representa la correlación entre los genes del individuo y los de la subpoblación;  $F_{ST}$ , corresponde a la correlación entre los genes de la subpoblación y los de la población total, es la probabilidad de que dos alelos idénticos por descendencia se combinen en un cigoto.

### **Caracterización Morfológica**

La morfología externa es una rama de la etnología la cual estudia las características externas de los animales. El conocimiento de la morfología animal no solo sirve para diferenciarlos entre sí, además nos da una idea de sus cualidades funcionales o zootécnicas (Caravaca *et al.*, 2005). La caracterización toma como base variables cualitativas y cuantitativas. Las variables cualitativas son fáciles de identificar por medio de la observación, siendo las principales por sus cualidades clasificatorias, como el color de capa, pesuñas, mucosas; presencia o ausencia de pelo, cantidad y tipo; de las orejas, el tipo y la orientación; número de mamas; perfil frontonasal; presencia/ausencia de mamellas, etc. Por otra parte, las variables cuantitativas se manifiestan de manera continua, las cuales permiten conocer el valor de regiones determinadas del cuerpo como lo es la alzada; anchuras; perímetros; longitudes; diámetros (Revidatti, 2009). La morfología es el resultado de la evolución de la anatomía y fisiología identificando de manera natural al individuo o grupo racial y hace posible realizar predicciones o aproximaciones de sus cualidades productivas (Sañudo, 2009). La zoometría estudia la forma animal mediante mediciones corporales permitiendo cuantificar la morfología, la cual es una herramienta

común en la descripción racial de animales, considerada un elemento clave al momento de definir una población, denotar tendencias productivas o realizar diferencias zootécnicas (Sañudo, 2009). Siendo de esta manera, la caracterización morfológica un paso básico para el uso eficiente de los recursos genéticos, donde en programas de conservación, las poblaciones locales son reservorio de variabilidad genética (Martínez *et al.*, 2016), logrando así obtener información para el adecuado uso y conservación de dichos recursos genéticos (Céspedes *et al.*, 2016).

En lo que compete a las características fenotípicas del CPM, Sierra (2006) menciona que este cerdo posee una capa negra con escaso pelo en todo el cuerpo, algunas veces cuenta con presencia de mamellas, cuenta con orejas erectas y el perfil de trompa es recto, siendo un animal de talla media.

Existen estudios científicos donde se compara morfológicamente poblaciones de cerdos criollos mexicanos como lo son: el CPM, cuino y pata de mula donde reportan una mayor variabilidad morfológica respecto a otras poblaciones de cerdos criollos de Latinoamérica (Martínez *et al.*, 2016). Lemus (2005), reporta la caracterización morfológica del CCM en el estado de Nayarit, donde utilizaron un número reducido de animales: 17 CPM, 4 Pata de Mula y 9 Cuino, en lo que observaron que el CPM era más abundante, seguido por el Cuino y Pata de Mula, localizándose en las tres comunidades muestreadas. Alonso *et al.* (2003) realizaron un estudio similar entre las poblaciones de CCM, donde reportan al CPM con talla superior a los demás CCM. Por otra parte, Sierra *et al.* (2005) implementaron un programa de conservación en el CPM en el estado de Yucatán, donde caracterizaron la población mediante zoometría, parámetros

zootécnicos y caracterización genética mediante microsatélites. En el 2013 se fundó La Asociación Mexicana Especializada en Cerdos Criollos (AMECC) con el objetivo de promover e impulsar la conservación, el mejoramiento genético y la comercialización del cerdo pelón mexicano (CPM), la cual tiene el reconocimiento oficial de la SAGARPA; a través del reglamento técnico (SAGARPA, 2013) se definen y describen los formatos y procedimientos para la identificación, registro y organización de los datos productivos y genealógicos del CPM. Aunque existen variedad de estudios referentes al CPM, no se ha realizado la caracterización fenotípica y genotípica de la raza dentro de la AMECC.

### **Análisis de Componentes Principales**

El análisis de componentes principales (ACP) es una técnica multivariada cuya idea central es reducir la dimensión de un conjunto de datos en el que hay una gran cantidad de variables interrelacionadas, mientras se retiene la mayor cantidad posible de la variación presente en el conjunto de datos. Es posible lograr esta reducción mediante la transformación a un nuevo conjunto de variables, denominados componentes principales, que no están correlacionados, los cuales están ordenados para que los primeros retengan la mayor parte de la variación presente en todas las variables originales (Jackson, 1991; Jolliffe, 2002). Entonces, dada  $n$  observaciones de  $p$  variables, se examina si existe la posibilidad de representar de manera adecuada la información existente reduciendo el número de variables construidas como combinaciones lineales de las originales. Frecuentemente un pequeño número de nuevas variables (<20% de las variables originales) explican más del 80% de la variabilidad original.



(Peña, 2002). El ACP permite entonces: representar en un espacio de dimensión pequeña, dimensiones de un espacio general, encontrando posibles variables escondidas o no observadas, las cuales originan la variabilidad de los datos; la transformación de las variables originales, por lo regular correlacionadas, en variables nuevas no correlacionadas, siendo más sencilla la interpretación de los datos (Peña, 2002).

### **Marcadores Genéticos**

Actualmente los científicos evolutivos se ayudan de datos morfológicos y moleculares para establecer teorías e hipótesis de relación filogenética entre organismos, así como la adaptabilidad al ambiente. Existe controversia de cuál de los dos tipos de datos aporta información más exacta para sustentar dichas hipótesis. Los caracteres moleculares son universales, tienen la ventaja de trabajar directamente con la base de variación genética, mientras que los datos de características morfológicas se asumen y son delimitados y descubiertos sin ningún criterio para la decodificación o selección del carácter (Hillis y Wiens, 2000). Los marcadores moleculares aportan información para la conservación de especies, distancias genéticas y relaciones filogenéticas, así como la detección de recursos genéticos autóctonos (Nagamine y Higuchi, 2001).

Se define como marcadores genéticos a fragmentos específicos de ADN los cuales deben de ser fácilmente identificables dentro del genoma de cualquier individuo. (Greenfacts, 2019). Otros científicos los definen como *loci* polimórficos, los cuales poseen la capacidad de ser detectables y variar de un individuo a otro (Revidatti, 2009). Dicho de otra forma, es un gen polimórfico, estable durante toda

la vida del individuo, tiene características propias al material genético, con caracteres indelebles, permanentes, constantes y ajenos a los efectos del medio ambiente; la variabilidad de los marcadores juega un papel importante en estudios de relación genética inter e intra razas (Bretting y Widrlechner, 1995).

Es grande el inventario de marcadores existentes que se han utilizado en estudios de variabilidad genética. Algunos de ellos aún siguen vigentes. Inicialmente se comenzó utilizando los grupos sanguíneos y polimorfismos bioquímicos alrededor de los años 50's (Warwick y Legates, 1980), posteriormente con el descubrimiento de la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (Mullis y Faloona, 1987) a finales de los 80's, se tuvo un gran avance en la detección de marcadores moleculares ya que dicha técnica permite la ampliación y/o reproducción de fragmentos específicos de ADN (Aranguren–Méndez, 2002).

### **Polimorfismo de Nucleótido Simple (SNP)**

Una variante genética puntual (cambio de un solo nucleótido) se denomina SNP cuando existen al menos dos variantes con una frecuencia de >1% para la alternativa menos común (Ahmandian *et al.*, 2000). Los SNP son la forma más abundante de variación genética y es un recurso para mapear rasgos genéticos complejos, el gran volumen de datos que produce la secuenciación de alto rendimiento es una fuente rica en SNP (Marth *et al.*, 1999). Los SNP se distribuyen en el genoma en un aproximado de uno por cada 1000 pares de bases (Ahmandian *et al.*, 2000). La implementación de marcadores tipo SNP permiten definir recursos genéticos mediante el estudio de la variabilidad y estructura

genética, a su vez, permite estudiar características de interés productivo y/o económico. Landegren *et al.* (1998) abordaron las ventajas de los SNPs respecto a otros marcadores: a) son más frecuentes en el genoma que los microsatélites, con presencia cerca o en cualquier lugar de interés; b) algunos localizados en los genes afectan directamente la estructura de la proteína o de los niveles de expresión, por lo cual pueden representar alteraciones candidatas para la expresión fenotípica; c) los microsatélites son en cierta forma inestables ya que las mutaciones alteran ocasionalmente el tamaño de un alelo, lo cual complica el análisis de la herencia, los SNPs se heredan de manera más estable; d) existen sistemas de tipificación de SNPs disponibles con alto rendimiento, los cuales ofrecen suficiente poder en el análisis genético.

**Chip GPP Porcine BeadChip 50k.** Es un microarreglo para la especie porcina llamado GeneSeek Genomic Profiler™ (GGP), basándose en la plataforma Infinium de Illumina, el cual consta de 51,000 sondas espaciadas uniformemente a lo largo de los autosomas, teniendo así una alta densidad de SNP los cuales permiten realizar estudios de asociación de genoma completo para la identificación de *loci* de rasgos cuantitativos, estudios genéticos comparativos, y la determinación del mérito genético. Este microarreglo también incluye marcadores genéticos relacionados directamente con rasgos de enfermedades y de rendimiento, el cual se ha probado en la mayoría de las razas de interés productivo (NEOGEN, 2019).

## **Variabilidad Genética**

También conocida como diversidad genética, es una medida de diferenciación genética existente entre distintas poblaciones de una misma especie, es esencial para la selección natural, cabe destacar que solo puede existir cambio en la frecuencia génica o alélica y no en la genotípica. La variabilidad genética dentro y entre individuos es importante para entender la organización de la diversidad genética y sus causas (Linck y Battey, 2019).

## **Prueba de Paternidad**

Las evaluaciones genéticas de reproductores dependen de registros fenotípicos y genealógicos, estos registros deben de ser confiables para que los resultados sean lo más precisos posibles. Existen pérdidas considerables en la ganancia genética por errores en la asignación de paternidad. Dado a esto, es de gran importancia utilizar metodologías fiables para las pruebas de paternidad con la finalidad de aumentar la calidad de los registros genealógicos en poblaciones que se encuentran bajo evaluaciones genéticas (Macedo *et al.*, 2013); así como en programas de conservación genética, dirigiendo adecuadamente los apareamientos permitiendo mantener la máxima variabilidad posible (Calvo *et al.*, 2018).

La determinación de paternidad o parentesco por medio de marcadores moleculares se basa en la probabilidad de exclusión (exclusión genética). El proceso de exclusión toma como base las leyes de herencia mendelianas, el cual usa discordancias genéticas entre los supuestos padres y las crías, con el objeto de rechazar la hipótesis de asignación de paternidad (Paucar-Chanca, 2011). Los

posibles padres se excluyen si se produce discordancia en al menos 2 loci. El poder específico de cada marcador para excluir un individuo dentro de un conjunto aleatorio de posibles padres se cuantifica en términos de su probabilidad de exclusión. Es necesario que el conjunto de marcadores utilizados asegure una probabilidad de exclusión combinada  $> 99.9\%$  (Campos *et al.*, 2018). Se define como probabilidad de exclusión a la cualidad de un marcador o marcadores de excluir una concordancia de parentesco determinada, y es establecida a partir de los genotipos, las frecuencias alélicas en los diferentes loci y el número de loci independientes probados (Paucar-Chanca, 2011).

Los marcadores más utilizados para la prueba de paternidad son los microsatélites por su alto valor informativo, pero pueden llevar a resultados imprecisos en algunos casos y es posible que se dificulte las pruebas de exclusión de parentesco. Los SNP son una fuerte alternativa debido a su estabilidad, abundancia en el genoma, interpretación menos compleja, tienen baja tasa de mutación, baja tasa de error en el genotipado y bajo costo de procesamiento en análisis automatizados (Macedo *et al.*, 2013; Medellín-Cazares *et al.*, 2018).

Las características de los SNP seleccionados para paternidad son: presencia de herencia mendeliana, validada por dúos o tríos; existencia de equilibrio Hardy-Weinberg; porcentaje de individuos genotipados superior al 97%; frecuencia de alelo menor  $>0.3$  (Calvo *et al.*, 2018). Existen en el mercado paneles para exclusión de paternidad los cuales han sido aplicados a numerosas razas, pero las frecuencias de los alelos varían entre poblaciones, siendo variable también la capacidad informativa de los paneles (Macedo *et al.*, 2013).

Ramis y Muñoz (2019) sugieren que el uso del test de paternidad en cerdos ibéricos es una garantía de calidad cuando se quiera garantizar un determinado cruzamiento, también colaborando en la detección de verracos con patologías detectadas como ejemplo es la predisposición a hernias umbilicales. Se ha implementado el uso de SNP para la asignación de la paternidad con fines de investigación en reproducción en cerdos utilizando la inseminación artificial heteroespérmica, determinando la paternidad del 94,2% de los lechones producidos (Ferreira *et al.*, 2014). Otros investigadores han evaluado la eficiencia de los microsatélites y SNP para el análisis de paternidad mediante la probabilidad de exclusión en cerdos domésticos europeos, obteniendo resultados similares con 30 SNP (0.9604) y 12 microsatélites (0.9538) con un padre candidato, alcanzando una probabilidad de exclusión de 0.999 con 60 SNP (Yu *et al.*, 2015).

## MATERIAL Y MÉTODOS

### Análisis del Pedigrí

Con la base de datos del registro genealógico de la AMECC se integró un pedigrí con 305 individuos, distribuidos en 26 granjas ubicadas en los estados de Yucatán, Campeche y Quintana Roo; la población de este pedigrí conforma la población base del CPM para su reproducción y crecimiento como raza. La información genealógica se distribuyó de la siguiente manera: se tuvo disponible el 75.4% de la información de los padres; 71.46% de los abuelos; 37.36% de los bisabuelos; y 10.48% de los tatarabuelos. Se realizó un análisis preliminar del pedigrí con el software ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005), en el que se estimaron los parámetros de poblaciones: a) ancestros fundadores y su aportación porcentual al pedigrí; b) tamaño efectivo ( $N_e$ ), y sus niveles de consanguinidad; c) el intervalo generacional (IG) en años, definido como la edad promedio de las crías, cuando a su vez se convierten en padres, a través de cuatro canales: IG1 = padre – hijo, IG2 = padre – hija, IG3 = madre – hijo e IG4 = madre – hija; d) estadísticos F de Wright (FST, FIS y FIT), como una descripción preliminar de la estructura genética de la población muestreada, dada la limitada profundidad con que se cuenta en los registros de genealogía disponible.

### Variabilidad Fenotípica

Para la definición del patrón racial, se tomaron 16 variables morfométricas (VARMOR; Revidatti *et al.*, 2005; Martínez *et al.*, 2016; Sierra-Vásquez *et al.*, 2016) en 201 individuos (79 machos y 122 hembras) distribuidos en doce granjas. Las VARMOR fueron: LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja;

AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal. Las VARMOR se analizaron con el modelo mixto:

$$y = \mu + s_i + g_j + \beta_1 x + \beta_2 x^2 + mad + \varepsilon$$

Donde:

$y$ , variable dependiente, correspondiente a cada VARMOR;

$\mu$ , media general;

$s_i$ ,  $i$  – ésimo efecto de sexo;

$g_j$ ,  $j$  – ésimo efecto de granja;

$\beta_1$  y  $\beta_2$ , coeficiente de regresión lineal y cuadrático de la covariable edad del individuo;

$x$  y  $x^2$ , niveles de los efectos lineal y cuadrático correspondiente a la edad del individuo

$mad$ , efecto aleatorio de la madre;

$\varepsilon$ , efectos aleatorios de residuales.

Posteriormente, para evaluar la capacidad de las variables morfométricas para caracterizar el CPM, y definir el patrón racial con base en la matriz de correlaciones se realizó un análisis multivariado de componentes principales (ACP; Jackson, 1991; Jolliffe, 2002; Domínguez-Viveros *et al.*, 2019). Los análisis se realizaron con el software para análisis estadísticos SAS (SAS, 2005). Para dicho estudio se generaron cuatro grupos dependientes del peso corporal siendo



los siguientes: Etapa 1 de 3 a 15 kg (27 hembras y 35 machos); Etapa 2 de 15 a 45 kg (27 hembras y 22 machos); Etapa 3 de 45 a 70 kg (18 hembras y 7 machos); Etapa 4 > de 70 kg (50 hembras y 15 machos).

### **Genotipado y Control de Calidad**

Con la base de datos del registro genealógico de pureza de raza de la AMECC se seleccionaron 107 individuos, distribuidos en 12 unidades de producción ubicadas en los estados de Yucatán, Campeche y Quintana Roo, de los cuales se obtuvieron muestras sanguíneas y se colocaron en tarjetas FTA para su posterior análisis. Las muestras fueron enviadas al laboratorio NEOGEN en Lincoln, Nebraska para ser analizadas con el chip GGP Porcine BeadChip 50k. Con los genotipos de cada animal, se procedió a realizar el control de calidad con ayuda del software PLINK v.1.07 (Purcell *et al.*, 2007) descartando marcadores con frecuencia de alelos menor (MAF), por debajo de 0.05, y la tasa de genotipado por debajo de 0.90, e individuos con más de 10% de genotipos faltantes, utilizando los siguientes comandos: `-maf 0.01 -geno 0.1 -mind 0.1 -hwe 0.000001`.

### **Validación de Marcadores para Paternidad**

Se utilizaron 74 marcadores incluidos en el panel, los cuales son recomendados para pruebas de parentesco en porcinos (Rohrer *et al.*, 2007; Harlizius *et al.*, 2011); para cada marcador, con el software Cervus (Kalinowski *et al.*, 2007), se estimó el contenido de información polimórfica, heterocigosidad observada y heterocigosidad esperada; además, se estimó las probabilidades de no exclusión bajo diferentes escenarios, con la finalidad de explorar la capacidad informativa del panel de marcadores en la población objetivo, dichos escenarios

son los siguientes: probabilidad de no exclusión para uno padre candidato; probabilidad de no exclusión para un padre candidato, dado el genotipo de un padre conocido del sexo opuesto; probabilidad de no exclusión para un par de padres candidatos; probabilidad de no exclusión para la identidad de dos individuos no relacionados; probabilidad de no exclusión para la identidad de dos hermanos; y la estimación de frecuencias alélicas cuando un alelo nulo está presente  $F(\text{null})$ . Los 74 marcadores genéticos analizados fueron (MARC00): 2500, 12087, 14344, 15385, 20951, 21307, 22388, 25520, 26950, 28812, 29459, 29888, 30180, 30522, 30899, 31610, 32048, 34983, 35863, 35886, 36708, 37294, 37295, 40061, 41890, 43859, 44793, 45269, 49963, 50287, 50788, 52461, 52559, 52855, 53715, 57599, 58294, 58847, 59303, 60657, 60957, 63986, 64308, 64312, 66508, 67107, 70868, 70952, 71223, 71898, 74362, 74610, 75587, 76403, 77362, 83543, 85717, 85722, 88091, 89437, 89489, 89921, 91567, 92163, 92955, 93055, 94480, 94560, 96049, 102878, 112888, 112924, 113081, 115474.

## RESULTADOS

Dentro del análisis de pedigrí se obtuvieron los siguientes resultados: para los parámetros de poblaciones el número efectivo ( $N_e$ ) fue de 92.10, siendo solo un 30% de la población el que aporta a la estructura del pedigrí; el número de ancestros que explican el 50% del pedigrí fueron 7 individuos; el porcentaje de animales consanguíneos fue del 2.3%; mientras que la consanguinidad promedio fue del 0.11%; los intervalos generacionales para la primera generación fue de 1.46 años, para la segunda generación de 1.70 años, para la tercera de 1.94 años y para la cuarta generación de 1.67 años.

El estadístico  $F_{ST}$ , como porcentaje de la diversidad genética que se debe a la existencia de subpoblaciones en forma de líneas genéticas, exhibió un valor de 7%; los valores de  $F_{ST}$  entre pares de subpoblaciones (para 26 granjas se obtuvieron 325 combinaciones) como grado de diferenciación o distancias genéticas, presentó un valor promedio de 0.052 en el intervalo de 0.012 a 0.250. Los resultados para los estadísticos  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$  fueron de -0.083 y -0.006, respectivamente.

Los resultados del análisis estadístico se presentan en la Cuadro 1; el efecto aleatorio de la madre explicó en promedio el 54.3% de la variabilidad a través de las VARMOR, con un rango de 34.3 a 81.4% entre variables. La edad del individuo fue significativa ( $P < 0.05$ ) a través de las variables analizadas, con excepción de LCUE y PCAN. Con estos resultados, se generó para cada VARMOR una función lineal de segundo orden con pendiente positiva en la fase inicial y pendiente negativa en la fase cuadrática, obteniendo el punto de inflexión

Cuadro 1. Resultados del análisis estadístico, con base en un modelo mixto, para variables morfológicas en cerdo pelón mexicano

Item <sup>†</sup>	SX <sup>§</sup>	GR <sup>§</sup>	ED1 <sup>§</sup>	ED2 <sup>§</sup>	¥MAD	PI <sup>β</sup>
LCAB	<0.01	0.87	<0.01	<0.01	50.1	36.2
ACAB	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	52.2	29.8
LHOC	<0.05	0.23	<0.01	<0.01	65.2	29.6
AHOC	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	38.7	30.1
LORE	0.56	0.39	<0.01	<0.01	35.6	27.2
AORE	0.63	<0.01	<0.01	<0.05	66.1	32
DORB	<0.05	0.05	<0.01	<0.01	59.9	34.5
CRUZ	<0.01	0.35	<0.01	<0.01	81.4	32.1
APEC	<0.01	<0.01	<0.01	<0.05	42.4	32.5
CPEC	<0.05	<0.01	<0.01	<0.01	75.5	30.6
LCUE	<0.05	<0.05	<0.05	0.37	34.3	67
ACUE	0.1	<0.01	<0.01	<0.05	73.7	32.1
PCAN	0.18	<0.05	0.06	0.24	34.7	40.6
LCPO	0.8	<0.05	<0.01	<0.01	78.7	28.6
APEL	0.36	<0.01	<0.01	<0.01	48	33.3
PABD	0.91	0.08	<0.01	<0.01	55.9	27.7

<sup>†</sup>Item: LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal. <sup>§</sup>Valores de probabilidad (pvalue) para los efectos de sexo (SX), granja (GR), covariable lineal y cuadrática (ED1 y ED2) de edad del individuo en meses. <sup>¥</sup>MAD, efecto aleatorio materno, como porcentaje de la varianza total. Punto de inflexión (PI) asociados a la covariable edad del individuo.

a través de la primera derivada (Cuadro 1); el cual se puede asociar o interpretar como la edad adulta donde la población de CPM alcanza el valor máximo.

En los Cuadros 2, 3, 4 y 5 se presentan los estadísticos descriptivos de las VARMOR evaluadas, donde se desglosan las medias, desviación estándar y coeficiente de variación por etapa de desarrollo y sexo para cada una de las variables analizadas. El coeficiente de variación (CV) mínimo para la Etapa 1 fue de 9.28% para la característica ancho de cabeza y el máximo de 22.35% para ancho de pelvis; En la etapa 2 el CV menor fue de 6.07% para la variable largo de cabeza y el mayor de 27.07% para ancho de pelvis; En la etapa 3 el CV menor fue de 3.25% para ancho de cabeza y el máximo de 18.65 para ancho de pelvis; En la etapa 4 el CV menor fue de 7.31% para largo de cabeza y el máximo de 24.34% para perímetro abdominal. Siendo las variables de ancho y largo de cabeza las que presentan menor variación en todas las etapas, mientras que las que presentan mayor variación ancho de pelvis y perímetro abdominal.

El ACP se utilizó con la finalidad de determinar las variables morfológicas que expliquen la mayor variabilidad y tomarlas como criterios para establecer el patrón racial. En el Cuadro 6, se muestran los resultados obtenidos en el análisis correspondiente para la etapa 1, 2 y 3 de desarrollo; donde en la Etapa 1, los primeros 4 componentes explican el 78%; En etapa 2 el 79%; y en etapa 3 el 68.5%. Los datos de la etapa 4 se dividieron por sexo ya que es la etapa de edad adulta y es donde se muestra mayor diferencia entre algunas variables morfológicas según el análisis descriptivo antes presentado, los resultados se presentan en el cuadro 7, para las hembras en los primeros cuatro componentes se acumuló el 78% de la variabilidad total, para los machos un 80%. En el Cuadro

Cuadro 2. Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano en la Etapa 1 (<15 kg).

Item	sx	Med ± ee	CV (%)	Item	sx	Med ± ee	CV (%)
LCAB	H	17.92±0.47	13.78	APEC	H	9.07±0.26	14.95
	M	18.41±0.54	17.54		M	10.23±0.34	19.74
ACAB	H	34.14±0.75	11.43	CPEC	H	45.19±1.27	14.55
	M	34.35±0.53	9.28		M	46.24±0.88	11.23
LHOC	H	7.80 ±0.28	18.85	LCUE	H	5.33±0.19	18.75
	M	8.03±0.22	16.47		M	5.37±0.15	16.02
AHOC	H	18.39±0.55	15.66	ACUE	H	36.57±0.95	13.54
	M	19.61±0.46	13.94		M	38.03±0.85	13,22
LORE	H	8.78±0.30	17.69	PCAN	H	8.09±0.17	10.71
	M	9.07±0.25	16.54		M	7.93±0.16	11.76
AORE	H	6.91±0.20	14.76	LCPO	H	48.44±1.17	12.54
	M	6.99±0.18	14.098		M	47.81±0.90	11.17
DORB	H	5.39±0.17	16.74	APEL	H	6.65±0.29	22.35
	M	5.76±0.14	14.5		M	6.64±0.19	16.59
CRUZ	H	32.30±1.10	17.69	PABD	H	44.20±1.72	20.19
	M	31.99±0.88	16.32		M	44.83±1.00	13.19

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; sx, sexo (H: hembras; M: machos) Med ± ee, media ± error estándar; CV, coeficiente de variación en porcentaje

Cuadro 3. Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano en la Etapa 2 (15 kg a 45 kg).

Item	sx	Med ± ee	CV (%)	Item	sx	Med ± ee	CV (%)
LCAB	H	25.50±0.70	14.07	APEC	H	15.25±0.81	27.07
	M	23.33±0.31	6.07		M	14.55±0.71	22.22
ACAB	H	48.94±1.24	12.91	CPEC	H	69.56±2.12	15.54
	M	45.74±0.91	9.07		M	65.55±1.55	10.84
LHOC	H	11.48 ±0.37	16.27	LCUE	H	7.37±0.23	16.24
	M	10.90±0.32	13.49		M	7.02±0.25	16.46
AHOC	H	26.21±0.92	17.99	ACUE	H	53.71±1.86	17.70
	M	25.50±0.61	11.01		M	48.07±1.05	10.02
LORE	H	12.92±0.30	11.72	PCAN	H	10.83±0.23	10.61
	M	11.93±0.33	12.29		M	10.57±0.21	9.25
AORE	H	10.04±0.20	10.15	LCPO	H	73.21±1.97	13.74
	M	9.62±0.26	12.29		M	69.07±1.88	12.48
DORB	H	7.40±0.18	12.67	APEL	H	11.27±0.42	18.79
	M	6.95±0.16	10.64		M	10.52±0.45	19.62
CRUZ	H	47.69±0.98	10.45	PABD	H	68.75±2.36	17.53
	M	44.14±1.05	10.85		M	65.45±1.47	10.32

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; sx, sexo (H: hembras; M: machos) Med ± ee, media ± error estándar; CV, coeficiente de variación en porcentaje

Cuadro 4. Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano en la Etapa 3 (45 kg a 70 kg).

Item	sx	Med ± ee	CV (%)	Item	sx	Med ± ee	CV (%)
LCAB	H	26.64±0.70	8.66	APEC	H	18.50±0.36	7.19
	M	30.50±0.68	5.91		M	20.14±1.26	16.51
ACAB	H	58.86±6.45	6.45	CPEC	H	86.64±2.54	10.98
	M	58.79±0.72	3.25		M	78.07±5.59	18.96
LHOC	H	14.18 ±0.42	11.12	LCUE	H	8.79±0.23	9.91
	M	14.36±0.67	12.35		M	8.64±0.28	8.65
AHOC	H	31.86±0.75	8.76	ACUE	H	66.96±1.83	10.25
	M	30.29±1.15	10.04		M	64.57±2.03	8.33
LORE	H	14.93±0.63	15.70	PCAN	H	12.86±0.44	12.89
	M	14.79±0.52	9.33		M	12.86±0.24	4.87
AORE	H	11.61±0.40	13.01	LCPO	H	89.89±1.62	6.74
	M	11.36±0.52	9.33		M	90.50±2.45	7.15
DORB	H	8.25±0.14	6.18	APEL	H	15.00±0.58	14.50
	M	8.21±0.36	11.58		M	12.64±0.89	18.65
CRUZ	H	55.64±1.61	10.81	PABD	H	88.54±1.49	6.29
	M	57.57±0.47	12.15		M	84.57±1.99	6.21

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; sx, sexo (H: hembras; M: machos) Med ± ee, media ± error estándar; CV, coeficiente de variación en porcentaje



Cuadro 5. Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano en la Etapa 4 (> 70 kg).

Item	sx	Med ± ee	CV (%)	Item	sx	Med ± ee	CV (%)
LCAB	H	33.39±0.48	10.07	APEC	H	21.94±0.61	19.78
	M	36.20±0.68	7.31		M	25.93±1.24	18.46
ACAB	H	69.77±1.28	13.01	CPEC	H	103.69±2.44	16.66
	M	72.73±1.94	10.32		M	110.63±4.55	15.92
LHOC	H	16.28 ±0.29	12.64	LCUE	H	9.83±0.22	15.61
	M	17.73±1.94	10.76		M	10.51±0.53	19.72
AHOC	H	35.42±0.72	14.28	ACUE	H	77.84±1.70	15.41
	M	38.73±0.88	8.81		M	82.17±3.99	18.82
LORE	H	16.71±0.40	16.87	PCAN	H	14.46±0.39	19.12
	M	16.67±0.68	15.78		M	15.41±0.33	8.34
AORE	H	12.49±0.21	11.82	LCPO	H	105.58±1.48	9.90
	M	12.67±0.27	8.41		M	111.17±2.83	9.86
DORB	H	8.93±0.15	11.59	APEL	H	17.62±0.55	22.03
	M	9.53±0.28	11.47		M	16.71±0.98	22.68
CRUZ	H	62.29±1.56	17.71	PABD	H	106.12±2.60	17.31
	M	69.51±1.84	10.26		M	98.23±6.17	24.34

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; sx, sexo (H: hembras; M: machos) Med ± ee, media ± error estándar; CV, coeficiente de variación en porcentaje

Cuadro 6. Valores de los componentes principales derivados de la matriz de correlaciones de las primeras tres etapas de desarrollo.

CP	ETAPA 1 (<15 KG)			ETAPA 2 (15 a 45 kg)			ETAPA 3 (45 a 70 kg)		
	$\lambda_i$	VCP%	VCP% (Acumulada)	$\lambda_i$	VCP%	VCP% (Acumulada)	$\lambda_i$	VCP%	VCP% (Acumulada)
1	9.559	0.597	0.597	9.124	0.570	0.570	5.742	0.359	0.359
2	1.260	0.079	0.676	1.563	0.098	0.668	2.241	0.140	0.499
3	0.846	0.053	0.729	1.015	0.063	0.731	1.669	0.104	0.603
4	0.766	0.048	0.777	0.930	0.058	0.790	1.304	0.082	0.685
5	0.741	0.046	0.823	0.713	0.045	0.834	1.101	0.069	0.754
6	0.606	0.038	0.861	0.529	0.033	0.867	0.961	0.060	0.814
7	0.435	0.027	0.888	0.472	0.030	0.897	0.781	0.049	0.863
8	0.367	0.023	0.911	0.352	0.022	0.919	0.648	0.041	0.903
9	0.333	0.021	0.932	0.276	0.017	0.936	0.473	0.030	0.933
10	0.259	0.016	0.948	0.243	0.015	0.951	0.304	0.019	0.952
11	0.250	0.016	0.964	0.242	0.015	0.966	0.257	0.016	0.968
12	0.197	0.012	0.976	0.178	0.011	0.977	0.193	0.012	0.980
13	0.132	0.008	0.984	0.147	0.009	0.987	0.144	0.009	0.989
14	0.105	0.007	0.991	0.111	0.007	0.994	0.093	0.006	0.995
15	0.079	0.005	0.996	0.059	0.004	0.997	0.050	0.003	0.998
16	0.065	0.004	1	0.046	0.003	1	0.038	0.002	1

CP, componente principal;  $\lambda_i$ , Auto valores; %VCP, porcentaje de la varianza explicada por los componentes para características morfológicas

Cuadro 7. Valores de los componentes principales derivados de la matriz de correlaciones de la Etapa 4 por sexos.

ETAPA 4 (> 70 KG) HEMBRAS				ETAPA 4 (> 70 kg) MACHOS		
CP	$\lambda_i$	VCP%	VCP% (Acumulada)	$\lambda_i$	VCP%	VCP% (Acumulada)
1	8.685	0.543	0.543	7.925	0.495	0.495
2	1.836	0.115	0.658	2.315	0.145	0.640
3	1.087	0.068	0.726	1.433	0.090	0.730
4	0.859	0.054	0.779	1.146	0.072	0.801
5	0.690	0.043	0.822	0.945	0.059	0.860
6	0.594	0.037	0.860	0.657	0.041	0.901
7	0.487	0.031	0.890	0.447	0.028	0.929
8	0.402	0.025	0.915	0.411	0.026	0.955
9	0.292	0.018	0.933	0.351	0.022	0.977
10	0.263	0.016	0.950	0.163	0.010	0.987
11	0.246	0.015	0.965	0.099	0.006	0.993
12	0.188	0.012	0.977	0.058	0.004	0.997
13	0.158	0.010	0.987	0.040	0.003	0.999
14	0.108	0.007	0.994	0.010	0.001	1
15	0.079	0.005	0.999	0.000	0.000	1
16	0.024	0.002	1	0.000	0.000	1

CP, componente principal;  $\lambda_i$ , Auto valores; %VCP, porcentaje de la varianza explicada por los componentes para características morfológicas

8, 9, 10 y 11 se muestran los 4 componentes que explicaron la mayor variabilidad, donde para la etapa 1 (Cuadro 8), se observa que el primer componente principal explica un 60% de la variabilidad total, tiene correlaciones positivas para todas las variables, siendo las variables de mayor peso: Ancho de cabeza (0.302), Altura a la cruz (0.2999), Circunferencia de pecho (0.2916) y Longitud de cuerpo (0.2888); En el segundo componente se explica el 8% de la variabilidad total, teniendo un 43.75% de correlaciones positivas, en cuanto a las variables con mayor peso destacan: Longitud de hocico (0.2661), Distancia entre orbitas (0.2903), Longitud de cuello (0.4228); el componente tres explica el 5.3% de la variabilidad total, siendo la variable con mayor relevancia Ancho de hocico (0.2722) y Ancho de pecho (0.4136); por último el componente cuatro explica un 5% de la variabilidad destacando Longitud de cabeza (0.3269) y Ancho de pelvis (0.2825). Para la etapa 2 (Cuadro 9), se observa que el primer componente principal explica un 57% de la variabilidad total, tiene correlaciones positivas para todas las variables, siendo las variables de mayor peso: Ancho de cabeza (0.3113), Altura a la cruz (0.2989), Circunferencia de pecho (0.3082) y Ancho de cuello (0.3065); en el segundo componente se explica el 10% de la variabilidad total, teniendo un 43.75% de correlaciones positivas, en cuanto a las variables con mayor peso destacan: Longitud de orejas (0.5591), Ancho de orejas (0.5298), Longitud de cuello (0.2504); el componente tres explica el 6.3% de la variabilidad total, siendo la variable con mayor relevancia Ancho de pecho (0.3352) y Perímetro abdominal (0.2591); por último el componente cuatro explica un 6% de la variabilidad destacando Longitud de cabeza (0.2586) y Longitud de hocico

Cuadro 8. Eigenvectores de los cuatro componentes principales seleccionados en la Etapa 1

Ítem	CP1	CP2	CP3	CP4
LCAB	0.226059	0.146538	-0.32745	0.326986
ACAB	0.302046	-0.0294	0.072569	-0.23456
LHOC	0.251753	0.266169	-0.11245	0.107942
AHOC	0.259113	-0.12994	0.272268	-0.00151
LORE	0.239705	0.234526	-0.27044	0.208263
AORE	0.26042	0.223297	-0.15699	0.135004
DORB	0.220301	0.290376	0.220106	-0.23879
CRUZ	0.299903	0.122469	-0.06588	-0.00445
APEC	0.156231	-0.43078	0.413662	0.620249
CPEC	0.291625	-0.22293	-0.06179	-0.11421
LCUE	0.160117	0.422826	0.644705	-0.07399
ACUE	0.272398	-0.08051	0.03095	-0.25606
PCAN	0.220954	-0.37043	-0.19647	-0.39422
LCPO	0.288889	-0.00965	-0.11144	-0.01199
APEL	0.224926	-0.02809	-0.05835	0.282552
PABD	0.266897	-0.35653	0.064836	-0.05987

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; CP, componente principal.

Cuadro 9. Eigenvectores de los cuatro componentes principales seleccionados en la Etapa 2

Ítem	CP1	CP2	CP3	CP4
LCAB	0.242153	-0.04451	-0.16832	0.258696
ACAB	0.311393	-0.11989	-0.07892	-0.07723
LHOC	0.176897	0.223246	0.126	0.738247
AHOC	0.256603	0.109655	0.035274	0.058592
LORE	0.157398	0.5591	-0.32464	0.0864
AORE	0.192297	0.529842	0.110123	-0.13176
DORB	0.214462	0.091432	-0.42576	-0.4439
CRUZ	0.298961	-0.02465	-0.19067	0.063076
APEC	0.252717	-0.15134	0.335227	-0.06785
CPEC	0.308258	-0.15571	-0.03564	0.08235
LCUE	0.164944	0.250458	0.593897	-0.19106
ACUE	0.306504	-0.1548	-0.08129	-0.05159
PCAN	0.28371	-0.11596	-0.04809	-0.15236
LCPO	0.27225	-0.21681	-0.13886	0.129791
APEL	0.235883	0.165838	0.226809	-0.24668
PABD	0.244627	-0.31256	0.259169	0.036887

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; CP, componente principal.

Cuadro 10. Eigenvectores de los cuatro componentes principales seleccionados en la Etapa 3

Ítem	CP1	CP2	CP3	CP4
LCAB	0.219014	-0.40738	0.27326	-0.23527
ACAB	0.292582	-0.35538	0.036954	0.190151
LHOC	0.169004	-0.38425	0.388092	-0.17877
AHOC	0.294946	-0.06496	0.057014	0.156419
LORE	0.169282	0.313708	0.301609	-0.50697
AORE	0.235976	0.403092	0.274641	-0.26064
DORB	0.04749	0.328863	0.268495	0.417941
CRUZ	0.292118	-0.17926	-0.03001	0.172966
APEC	0.218705	0.218856	-0.1949	0.027705
CPEC	0.258425	0.242402	0.041398	0.118649
LCUE	0.227893	0.152239	-0.269	-0.21506
ACUE	0.318658	0.04475	-0.36585	0.011601
PCAN	0.306504	-0.05051	-0.15504	0.032391
LCPO	0.325445	-0.03992	-0.16993	-0.23706
APEL	0.169124	0.129061	0.462496	0.385651
PABD	0.287035	0.045324	-0.13414	0.235201

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; CP, componente principal.

Cuadro 11. Eigenvectores de los cuatro componentes principales seleccionados en la Etapa 4 por sexo.

Ítem	CP1H	CP2H	CP3H	CP4H	CP1M	CP2M	CP3M	CP4M
LCAB	0.1887	0.4109	0.1298	0.4975	0.1737	0.2801	0.3467	-0.2962
ACAB	0.3056	-0.1157	-0.0829	0.0881	0.3412	-0.0397	0.0969	0.0380
LHOC	0.1723	0.4619	-0.1322	0.4062	0.1805	0.4021	0.2111	-0.0537
AHOC	0.2554	0.1341	-0.0554	-0.1995	0.2535	-0.3552	0.2101	0.0513
LORE	0.1777	0.4125	0.2156	-0.2507	0.0487	0.1166	0.4650	0.7031
AORE	0.2390	0.2018	0.2510	-0.3288	0.1591	-0.3607	-0.1100	0.2966
DORB	0.2723	0.0658	-0.2973	-0.0457	0.2330	-0.1250	-0.4708	0.0293
CRUZ	0.1698	0.1017	0.6552	-0.1860	0.2586	0.2118	-0.2868	-0.0561
APEC	0.2287	-0.3843	0.2910	-0.0061	0.2543	0.2743	-0.0318	0.2377
CPEC	0.3073	-0.2388	-0.0776	0.0125	0.3287	-0.0213	-0.0853	-0.0517
LCUE	0.2106	-0.2482	0.1501	0.1557	0.2352	-0.3515	-0.0714	0.1698
ACUE	0.3094	-0.1620	-0.0168	0.0638	0.3425	-0.0287	0.1286	-0.1254
PCAN	0.2227	0.1407	-0.3818	-0.4467	0.2517	0.1387	-0.0042	0.1091
LCPO	0.2844	-0.1177	0.0584	0.2923	0.3318	-0.0346	-0.0152	-0.0550
APEL	0.2834	0.0260	-0.2457	-0.1159	0.2858	-0.0820	0.1624	-0.3792
PABD	0.2947	-0.1844	-0.0744	0.0731	0.0851	0.4479	-0.4392	0.2377

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; CP, componente principal; H, hembra; M, macho.



(0.7382). Para la etapa 3 (Cuadro 10), se observa que el primer componente principal explica un 36% de la variabilidad total, tiene correlaciones positivas para todas las variables, siendo las variables de mayor peso: Ancho de cuello (0.3186), Perímetro de caña (0.3065), Longitud de cuerpo (0.3254); En el segundo componente se explica el 14% de la variabilidad total, teniendo un 43.75% de correlaciones positivas, en cuanto a las variables con mayor peso destacan: Longitud de orejas (0.3137), Ancho de orejas (0.4030), Distancia entre orbitales (0.3288); el componente tres explica el 10% de la variabilidad total, siendo la variable con mayor relevancia Longitud de hocico (0.3880) y Ancho de pelvis (0.4624); por último el componente cuatro explica un 8% de la variabilidad destacando Distancia entre orbitales (0.4179) y Ancho de pelvis (0.3856). En la etapa 4 (Cuadro 11) para las hembras, se observa que el primer componente principal explica un 54.3% de la variabilidad total, tiene correlaciones positivas para todas las variables, siendo las variables de mayor peso: Ancho de cabeza (0.3056), Circunferencia de pecho (0.3073), Ancho de cuello (0.3094); En el segundo componente se explica el 11.5% de la variabilidad total, teniendo un 43.75% de correlaciones positivas, en cuanto a las variables con mayor peso destacan: Longitud de cabeza (0.4109), Longitud de hocico (0.4619), Longitud de orejas (0.4125); el componente tres explica el 6.8% de la variabilidad total, siendo la variable con mayor relevancia Altura a la cruz (0.6552) y Ancho de pecho (0.2910); por último el componente cuatro explica un 5.4% de la variabilidad destacando Longitud de cabeza (0.4975) y Longitud de hocico (0.4062), dichas variables se repiten con componentes anteriores. En la etapa 4 (Cuadro 11) para

los machos, se observa que el primer componente principal explica un 49.5% de la variabilidad total, tiene correlaciones positivas para todas las variables, siendo las variables de mayor peso: Ancho de cabeza (0.3412), Circunferencia de pecho (0.3287), Ancho de cuello (0.3425), Longitud de cuerpo (0.3318); En el segundo componente se explica el 14.5% de la variabilidad total, teniendo un 43.75% de correlaciones positivas, en cuanto a las variables con mayor peso destacan: Longitud de hocico (0.4021), Perímetro abdominal (0.4479); el componente tres explica el 9% de la variabilidad total, siendo la variable con mayor relevancia Longitud de cabeza (0.3467) y Longitud de oreja (0.4650); por último el componente cuatro explica un 7.2% de la variabilidad destacando Longitud de oreja (0.7031), variable que se repite con el componente anterior.

De los 50657 SNP, 43293 que pasaron el control de calidad. En cuanto a la diversidad genética detectada con el panel de SNP se obtuvieron los siguientes datos: Hererocigosidad observada: 6 individuos están dentro del rango de 0.2 y 0.25, 13 en 0.25 y 0.30, 9 en 0.30 y 0.325, 26 en 0.325 y 0.35, 37 en 0.35 y 0.375 y 16 en 0.375 y 0.4. Heterocigosidad esperada: 2 en 0.3415 y 0.3416, 1 en 0.3416 y 0.3417, 16 en 0.3417 y 0.3418, 46 en 0.3418 y 0.3419, 42 en 0.3419 y 0.3420; para el coeficiente de endogamia individual: 70 de los 107 individuos presentaron un coeficiente menor al 0.01, 17 estuvieron entre el 0.01 y 0.1, 9 entre el 0.1 y 0.2, 7 entre el 0.2 y 0.3 y 4 entre 0.3 y 0.4. En el Cuadro 12 se presentan los estadísticos descriptivos para los indicadores de diversidad genética a través de los marcadores recomendados para pruebas de paternidad, donde se observa la probabilidad de no exclusión en sus diversos escenarios

Cuadro 12. Estadísticos descriptivos para indicadores de diversidad genética y probabilidades de no exclusión, a través de 74 marcadores genéticos (SNP) utilizados para pruebas de paternidad en cerdo pelón mexicano

Ítem	HO	HE	PIC	NE1P	NE2P	NEPP	NEI	NESI	F(null)
Media	0.326	0.331	0.266	0.936	0.867	0.790	0.532	0.718	0.008
Mediana	0.341	0.355	0.291	0.938	0.855	0.770	0.481	0.694	0.000
Mínimo	0.019	0.019	0.018	0.875	0.813	0.719	0.375	0.594	-0.110
Máximo	0.579	0.502	0.375	1.000	0.991	0.982	0.963	0.982	0.132
Desviación estándar	0.142	0.139	0.098	0.043	0.049	0.068	0.155	0.108	0.052

HO, heterocigosidad observada; HE, heterocigosidad esperada; PIC, contenido de información polimórfica; NE1P, probabilidad de no exclusión para uno padre candidato; NE2P, probabilidad de no exclusión para un padre candidato, dado el genotipo de un padre conocido del sexo opuesto; NEPP, probabilidad de no exclusión para un par de padres candidatos; NEI, probabilidad de no exclusión para la identidad de dos individuos no relacionados; NESI, probabilidad de no exclusión para la identidad de dos hermanos; F(null), estimación de frecuencias alélicas cuando un alelo nulo está presente.

(NE1P, probabilidad de no exclusión para un padre candidato; NE2P, probabilidad de no exclusión para un padre candidato, dado el genotipo de un padre conocido del sexo opuesto; NEPP, probabilidad de no exclusión para un par de padres candidatos; NEI, probabilidad de no exclusión para la identidad de dos individuos no relacionados; NESI, probabilidad de no exclusión para la identidad de dos hermanos), así como la HO, heterocigosidad observada; HE, heterocigosidad esperada; y PIC, contenido de información polimórfica. Donde la media de NE1P fue de 0.936; NE2P de 0.867; NEPP de 0.790; NEI de 0.532 y NESI de 0.718.

## DISCUSIÓN

Estimaciones de IG superiores a 2.4 años fueron publicadas por Posta *et al.* (2016) en cerdos criollos; asimismo, Tang *et al.* (2013) y Welsh *et al.* (2010) reportaron IG en el intervalo de 1.60 a 2.07 años en razas especializadas (Duroc, Hampshire, Landrace, Yorkshire), con esta información, se puede deducir que el CPM dentro de la AMECC se encuentra entre los parámetros de IG reportados en razas especializadas, pero esto presenta un reto, ya que con intervalos tan cortos, es pertinente manejar de manera adecuada el número efectivo ( $N_e$ ), debido a que es una raza en conservación y se pueden derivar problemas de consanguinidad, pérdida de variabilidad y cuellos de botella (Sierra *et al.*, 2005; Saura *et al.*, 2013). El número de ancestros que explican el 50% del pedigrí fueron 7 individuos, lo cual coincide con lo reportado por Ocampo-Gallego *et al.* (2019), donde se tiene un número similar de ancestros, lo que les conlleva a un cuello de botella en la población de cerdo criollo colombiano. En el modelo de una población ideal, la tasa de consanguinidad esperada ( $\Delta F = 1/2N_e$ ) se define como la tasa de pérdida de la heterocigosidad, asociado al descenso de la diversidad genética y es un parámetro crucial que mide el riesgo de una población bajo esquema de conservación (Bertorelle *et al.*, 2009); para el CPM, la  $\Delta F$  por generación según fundadores es del 0.54%. El FIS mide la reducción media de heterocigosis debido a apareamientos no aleatorios, da una medida del nivel de endogamia dentro de subpoblaciones; el FIT mide la desviación de las frecuencias esperadas de heterocigotos respecto a las observadas del conjunto

de la población; los parámetros FIS y FIT presentan valores positivos cuando hay un déficit de heterocigotos y valores negativos cuando hay gran cantidad de heterocigotos (Jordana *et al.*, 1992; Domínguez-Viveros *et al.*, 2014), por lo que los datos encontrados en el análisis de pedigrí preliminar muestran la existencia de un número considerable de heterocigotos. Resultados similares se reportan por Pérez *et al.* (2004), donde analizaron al cerdo criollo cubano, mencionando la inexistencia de subpoblaciones dentro de la población de estudio. El análisis preliminar de pedigrí arrojó una consanguinidad media del 0.11%, Ocampo-Gallego *et al.* (2019) reportaron una consanguinidad promedio de 4.66% en cerdo criollo colombiano, por lo que recomiendan incluir individuos de otras poblaciones para reducir la consanguinidad y aumentar la variabilidad; Mientras que la endogamia encontrada con el uso de marcadores demostró que un 6.54% de la población en análisis se encuentra entre el 0.2 a 0.3 y el 3.74% entre el 0.3 a 0.4, parte de estas diferencias entre los análisis mencionados se pueden derivar a la falta de información genealógica presente, por lo cual, como lo menciona Saura *et al.* (2018), en ausencia de información genealógica, es más pertinente el uso de herramientas moleculares como los marcadores SNP, siendo los resultados más precisos.

Martínez *et al.* (2016) en su estudio realizado en cerdos de traspatio en áreas rurales de México reportan la variable peso corporal con el CV mínimo que fue 18.8% y el CV más alto fue para ancho de pelvis con un 27.8%, mientras que en el presente estudio el CV mínimo fue para longitud y largo de cabeza variando de 3.25 a 9.28% según la etapa de desarrollo y el máximo para ancho de pelvis (22.35%-18.65%) en la etapa 1 y 3, ancho de pecho (27.07)% en la etapa 2 y

perímetro abdominal (24.34%) en la etapa 4 respectivamente, siendo ancho de pelvis el CV con valor máximo para ambos estudios. Hurtado *et al.* (2005) reporta CV menor al 15% para todas sus variables analizadas, excepto para longitud de la cara y perímetro de la caña con 16.25% y 19.92% respectivamente, esto en cerdo criollo venezolano, dichos autores mencionan poca variabilidad encontrada en cada característica morfológica muestreada, denotando menor variación en las variables alzada a la cruz y alzada a la grupa. Por otro lado, el CV en el presente estudio fue menor al 20% en todas las características para las cuatro etapas de desarrollo evaluadas con excepción de ancho de pelvis (22.35%) perímetro abdominal (20.19%), ancho de pecho (27.07%), variables que dependen del peso corporal.

Las VARMOR están relacionadas con el crecimiento y la productividad del CPM, por su naturaleza las fuentes de variación están definidas por los efectos genéticos y ambientales, atribuibles al individuo y a la madre. Los efectos de sexo, granja y edad del individuo están asociados a efectos ambientales; los efectos maternos como proporción de la variabilidad total definen el índice de constancia, el cual mide la correlación entre medidas repetidas a través de la vida de la madre (Van Vleck *et al.*, 1987). Con base en los resultados de los Cuadros 2 al 5, la población de CPM evaluada tiende a ser de menor tamaño o dimensión corporal comparado con las poblaciones de cerdos criollos evaluadas por Pérez *et al.* (2015), Martínez *et al.* (2016) y Sierra-Vásquez *et al.* (2016).

En ACP el primer componente explica el 59.7%, 57%, 35.9% de la variabilidad total para las etapas 1, 2 y 3 de desarrollo, mientras que para la etapa 4 referente al sexo, 54.3% para las hembras y 49.5% para los machos, teniendo

todas las variables correlacionadas positivamente, mientras en otros estudios se reportan el 57.8% para el primer componente con todas las correlaciones positivas, excepto para una variable, explicando el 83.3% de variabilidad acumulada en tres componentes, encontrando las variables con mayor peso Largo de Cabeza, Ancho Cabeza, Peso Vivo, Largo de Grupa, Perímetro Torácico y Diámetro dorso-esternal, esto en ovinos criollos (Hernández y Centeno, 2019). Salamanca *et al.* (2017) encuentran una variación explicada por el primer componente del 30.16%, explicando un 86.9% con 10 componentes, donde no se cumple con la finalidad del ACP, ya que son muchas las variables que explican la varianza general, las variables morfológicas estudiadas fueron en caballos criollos araucanos. De las 16 variables en estudio, las que explican la mayor proporción de la variabilidad total en todas las etapas analizadas fueron: Ancho de cabeza, Longitud de hocico, Ancho de pecho, Longitud de cabeza y Longitud de oreja, a su vez, son las variables que menor CV tienen a excepción de Ancho de pecho el cual se descartó, por lo tanto, fueron las variables seleccionadas para establecer el patrón racial. De tal manera para la Etapa 1, el patrón racial se estableció de la siguiente manera: Ancho de cabeza ( $34.14 \pm 0.75$  cm en hembras,  $34.35 \pm 0.53$  cm en machos), Longitud de hocico ( $7.80 \pm 0.28$  cm en hembras,  $8.03 \pm 0.22$  cm en machos), Longitud de cabeza ( $17.92 \pm 0.47$  cm para hembras,  $18.41 \pm 0.54$  cm para machos) y Longitud de oreja ( $8.78 \pm 0.30$  cm en hembras,  $9.07 \pm 0.25$  cm en machos). Para la Etapa 2: Ancho de cabeza ( $48.94 \pm 1.24$  cm en hembras,  $45.74 \pm 0.91$  cm en machos), Longitud de hocico ( $11.48 \pm 0.37$  cm en hembras,  $10.90 \pm 0.32$  cm en machos), Longitud de cabeza ( $25.50 \pm 0.70$  cm en hembras,  $23.33 \pm 0.31$  cm en machos) y Longitud de oreja



( $12.92 \pm 0.30$  cm en hembras,  $11.93 \pm 0.33$  cm en machos). En la Etapa 3: Ancho de cabeza ( $58.86 \pm 6.45$  cm en hembras,  $58.79 \pm 0.72$  cm en machos), Longitud de hocico ( $14.18 \pm 0.42$  cm en hembras,  $14.36 \pm 0.67$  cm en machos), Longitud de cabeza ( $26.64 \pm 0.70$  cm en hembras,  $30.50 \pm 0.68$  cm en machos) y Longitud de oreja ( $14.93 \pm 0.63$  cm en hembras,  $14.79 \pm 0.52$  cm en machos). Para la Etapa 4: Ancho de cabeza ( $69.77 \pm 1.28$  cm en hembras,  $72.73 \pm 1.94$  en machos), Longitud de hocico ( $16.28 \pm 0.29$  cm en hembras,  $17.73 \pm 1.94$  cm en machos), Longitud de cabeza ( $33.39 \pm 0.48$  cm en hembras,  $36.20 \pm 0.68$  cm en machos) y Longitud de oreja ( $16.71 \pm 0.40$  cm en hembras,  $16.67 \pm 0.68$  cm en machos).

La diversidad genética es el principal componente de la biodiversidad, permite evaluar los riesgos y las capacidades de respuesta de las poblaciones; se basa en las variaciones heredables, dentro y a través de poblaciones, se deriva de los procesos evolutivos que operan sobre esas variaciones (Piñero *et al.*, 2008). La diversidad genética encontrada mediante el panel de marcadores recomendados para paternidad, señala una heterocigosidad observada de 0.326 y esperada de 0.331, Sierra *et al.* (2005) estudiaron la variabilidad genética del CPM, encontrado una heterocigosidad observada de 0.4172 y esperada de 0.4257, señalando que cuando se detectan diferencias entre las heterocigosidades, la población está desequilibrada, debido a efectos de consanguinidad, lo que es muy común en poblaciones que se encuentran en programas de conservación.

En pruebas de paternidad, las probabilidades de exclusión y/o inclusión están en función de las frecuencias alélicas en los progenitores y sus

probabilidades de transmisión a la progenie. La probabilidad de exclusión expresa las frecuencias de todos los progenitores que no contienen un alelo que coincida con los alelos presentes u obligados en la progenie. Para cada progenie – progenitor, si hay coincidencia en un alelo a través de cada locus, el progenitor no puede ser excluido como posible padre; por otro lado, para cualquier locus, si no hay coincidencia alguna en los alelos que porta el progenitor vs los alelos que porta la progenie, el progenitor es totalmente excluido como posible padre. Yu *et al.* (2015), evaluaron la efectividad de microsatelites y SNP en análisis de parentesco en cerdos domésticos europeos, donde encontraron que con 60 SNP la probabilidad de exclusión para un padre candidato es de 0.9985, probabilidad de exclusión para un padre candidato del sexo opuesto de 0.9994; probabilidad de exclusión para un par de padres candidatos de 0.9990, los cuales son superiores a los obtenidos en el presente estudio en todos los escenarios. Otros autores concuerdan con el estudio antes mencionado donde son suficientes 60 SNP para asignar al 100% una paternidad de manera correcta (Harlizius *et al.*, 2011), mientras que otros investigadores mencionan que la correcta asignación de paternidad se alcanza con 100 SNP (Huisman, 2017).

## CONCLUSIÓN

El análisis de Pedigrí permitió explorar el panorama en el que se encuentra el CPM dentro de la AMECC, y aunque la falta de información genealógica puede producir sesgos en los resultados, existe evidencia importante para llevar a cabo un programa de conservación y mejoramiento genético. Es recomendable realizar estudios posteriores, donde se restructure el pedigrí, mediante la asignación de paternidad, agrupación por hermanos y parientes.

Con los estadísticos descriptivos y ACP de todas las etapas de desarrollo, se logró identificar las variables morfológicas que más aportan a la variabilidad total y que tienen el menor CV generando así el patrón racial, las cuales fueron: Ancho de cabeza, Longitud de hocico, Longitud de cabeza y Longitud de oreja.

Aunque la capacidad informativa del panel de marcadores utilizado para la probabilidad de no exclusión en el CPM fue buena, es recomendable ampliar el número de marcadores, de esta manera, incrementar la probabilidad a valores recomendados, para su posterior uso en pruebas de paternidad y parentesco.

## LITERATURA CITADA

- Ahmadian, A., B. Gharizadeh, A. C. Gustafsson, F. Sterky, P. Nyrén, M. Uhlén y J. Lundeberg. 2000. Single-nucleotide polymorphism analysis by pyrosequencing. *Anal. Bioch.* 280(1):103-110.
- Alonso, M. R. E. A., M. A. Spilsbury, N. R. Ramírez y F. C. Lemus. 2003. Características morfológicas en cerdos nativos mexicanos. *Arch. Zoot.* 52(197):105-108.
- Aranguren - Méndez, J.; Román, R.; Isea, W.; Villasmil, Y. y Jordana, J. 2005. Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación: una revisión. *Arch. Latin. Prod. Anim.* 13: 30 – 42.
- Aranguren-Méndez, J., M. Gómez y J. Jordana. 2002. Hierarchical analysis of genetic structure in Spanish donkey breeds using microsatellite markers. *Heredity.* 89: 207 – 211.
- Barlocco, N.; A. Vadell y J. Franco. 2000. Características de carcasas de cerdos con diferente proporción de genes pampa, duroc y large white. Páginas 1-8 En Memorias XVI Reunión Latinoamericana de Producción Animal. III Congreso Uruguayo de Producción Animal. Montevideo. Uruguay.
- Becerril, M., C. Lemus, J.G. Herrera, M. Huerta, M. Alonzo Spilsbury, R. Ramírez, D. Mota y J. Ly. 2009. Studies on growth of Pelón Mexicano pigs: effect of rearing conditionson on carcass traits and meat quality. *J. Anim. Vet. Advan.* 8:202-207.
- Benítez, O. W., y D. M. Sánchez. 2001. Los cerdos criollos en América Latina. Los cerdos locales en los sistemas tradicionales de producción. Estudio FAO Producción y Sanidad Animal. 148:13-35.
- Bertorelle, G., M. Bruford, H. Hauffe, A. Rizzoli y C. Vernesi. 2009. *Population Genetics for Animal Conservation (Conservation Biology)*. Cambridge University Press, UK.
- Boichard, D., L. Maignel y E. Verrier. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29: 5-23.
- Calvo Lacosta, J. H., M. Serrano, E. Tortereau, M. P. Sarto Aured, M. A. Jiménez, L. P. Iguácel Quintana y B. Lahoz Crespo. 2018. Desarrollo de un panel de SNPs para la asignación de paternidad aplicado a los programas de mejora y conservación de razas ovinas de carne den noreste de España.

Páginas 251-255 en XLIII Congreso Nacional y XIX Internacional de la Sociedad Española de Ovinotecnia y Caprinotecnia (SEOC). Zaragoza, España.

- Campos, J., B. Vargas, J. Camacho y A. Cruz. 2018. Pruebas de identidad y paternidad en ganado brahman registrado de Costa Rica. *Agron. Costarricense*. 42(1): 49-62.
- Caravaca F.P. J. M. Castel, M. Guzman, Y. Delgado y M. J. Mena. 2005. Bases de la producción animal. RC Impresores. Córdoba. España.
- Caraviello, D. Z. 2004. Cruzamientos en el ganado lechero. *Novedades lácteas*, (610).
- Cen, V., Sierra, Á., Alonso, R., Bustillos, R. Z., Ortiz, J., y Reyes, A. 2011. Caracterización Del Gen Sla-Dqb En El Cerdo Pelón De Yucatán México. *Actas Iberoam. Conserv. Anim. AICA*.
- Céspedes R.D., L. M. Huamán, F. Ticona, C. L. Hurtado, J. W. Gómez y N. C. Gómez. 2016. Caracterización Morfológica Morfoestructural y Faneróptica Del Porcino Criollo (Sus Scrofa) De Apurímac-Perú. *Actas Iberoam. Conserv. Anim. AICA* 7:48-52.
- Crow, J. F. y M. Kimura. 1970. *An Introduction to population genetics theory*. Harper and Row Publishers Inc. New York.
- Delgado J.V. 2007. Un estudio sociogenético de la colonización zootécnica Iberoamericana. Páginas 1-21 en *Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos*. Quevedo. Ecuador.
- Diestre, A. 1991. Factores que afectan a la calidad de la canal y de la carne. *Rev. Anaporc*. 101: 15-20.
- Domínguez Viveros, J., F. A. Rodríguez Almeida, R. Núñez Domínguez, R. Ramírez Valverde, J. A. Ortega Gutiérrez, y A. Ruíz Flores. 2010. Análisis del pedigrí y efectos de la consanguinidad en el comportamiento del ganado de lidia mexicano. *Arch. Zoot.* 59(225), 63-72.
- Domínguez-Viveros, J., J. A. Ortega-Gutiérrez, F. A. Rodríguez-Almeida y J. A. Cárdenas-Rivera. 2014. Variabilidad genética en ganaderías de lidia mexicanas a partir de la información del registro genealógico. *Acta Zool. Mex. ns.* 30:610-616.
- Falconer, D. 1970. *Introducción a la Genética Cuantitativa*. 1ra Edición en Español. Compañía Editorial Continental, S. A. México.

- Falconer, D. S., y T. F. C. Mackay. 1996. An Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Longman Pub. London, UK.
- FAO 2010. Estrategias de mejora genética para la gestión sostenible de los recursos zoo genéticos. Directrices FAO: producción y sanidad animal. No 3, Roma, Italia.
- Ferreira, C. E. R., D. B. Savio, A. C. Guarise, M. J. Flach, G. D. A. Gastal, A. O. Gonçalves, y T. Lucia. 2015. Contribution of boars to reproductive performance and paternity after homospermic and heterospermic artificial insemination. *Reproduction, Fertility and Development*, 27(7):1012-1019.
- Flores, M. J. A. y A. A. G. Agraz. 1986. Ganado Porcino. 3ª edición. Editorial Limusa. México.
- Gallego, J. L., R. A. Martínez, y F. L. Moreno. 2006. Índice de consanguinidad y caracterización fenotípica y genética de la raza bovina criolla Blanco Orejinegro. *Corpoica. Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 7.
- Greenfacts. 2019. Cultivos Transgénicos y OMG. En: (<https://www.greenfacts.org/es/omg/index.htm>). Consultado: 17 Noviembre, 2019.
- Guerrero, L. A., Villagómez, D. A. F., Huerta, M., Estrada, J., Luquín de Anda, S., Rosales, S. A. y Ayala, M. A. 2008. Comparación de los niveles de IgG en cerdos Pelón Mexicano y Yorkshire x Landrace en diferentes etapas de maduración inmunológica. *Revista computarizada de Producción Porcina*. 15:72-75.
- Gutiérrez, J. P. y F. Goyache. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigree information. *J. Anim. Breed. Gen.* 122:172-176.
- Harlizius, B, M. S. Lopes, N. Duijvesteijn, L. H. P. van de Goor, W. A. van Haeringen, H. Panneman, S. E. F. Guimaraes, J. W. M. Merks y E. F. Knol. 2011. A single nucleotide polymorphism set for paternal identification to reduce the cost of trait recording in commercial pig breeding. *J. Anim. Sci.* 89:1661-1668.
- Hartl D.L. y A. G. Clark. 1997. Principles of Population Genetics. Sinauer Associates, Inc Publ. Sunderland, MA.
- Hernández, B. J. 1996. El cerdo ibérico. Páginas 8-9 En *Porcicultura* 96. La Habana, Cuba.

- Hernández, B. M. H., y G. C. M. Centeno. 2019. Determinación de variables fenotípicas, sus interrelaciones y componentes principales en hembras de un ható ovino. *La Calera*, 19(33):88-96.
- Hillis, D. M y J. J. Wiens. 2000. Molecules versus morphology in systematics: conflicts, artifacts, and misconceptions. *Phylogenetic analysis of morphological data*. 1-19.
- Huisman, J. 2017. Pedigree reconstruction from SNP data: parentage assignment, sibship clustering and beyond. *Molecular ecology resources*, 17(5):1009-1024.
- Hurtado, E., C. González, y H. Vecchionacce. 2005. Estudio morfológico del cerdo criollo del estado Apure, Venezuela. *Zootecnia tropical*. 23(1):17-26.
- Irgang, R.; J. V. Peloso, A. J. Zanuzzo y A. Lorandi. 1998. Rendimento y qualidade da carne de suínos machos castrados e fêmeas de diferentes genótipos paternos. Páginas 401-402 en *Memorias Anais VII Congresso Brasileiro de Veterinários Especialistas em Suínos*. Foz de Iguaçu, SC, Brasil.
- Jackson, J. E. 1991. A user's guide to principal components, *Wiley series in probability and mathematical statistics*. John Wiley y Sons. USA.
- Jamieson, A. 1997. Comparisons of three probability formulae for parentage exclusion. *Animal Genetics* 28(6):397-400.
- Jolliffe, I.T. 2002. *Principal component analysis*. Springer. USA.
- Jones, A. G. y W. R. Ardren 2003. Methods of parentage analysis in natural populations. *Molecular Ecology* 12(10): 2511-2523.
- Jordana, J., J. Piedrafita, A. Sanchez, y P. Puig 1992. Comparative F statistics analysis of the genetic structure of ten Spanish dog breeds. *Journal of Heredity*. 83:367-74.
- Kalinowski, S.T., M. L. Taper, y T. C. Marshall, 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*. 16:1099-1106.
- Laguna E. 1998. El cerdo Ibérico en la colonización y poblamiento porcino de América. *Sólo Cerdo Ibérico*. AECERIBER. 1: 7-13.
- Landegren, U., M. Nilsson y P. Y. Kwok. 1998. Reading bits of genetic information: methods for single-nucleotide polymorphism analysis. *Genome research*. 8(8):769-776.

- Lemus, C. 2008. Diversidad genética del cerdo criollo mexicano. *Revista Computarizada de Producción Porcina*. 15:33-40.
- Lemus, F. C. y M. L. S. Alonso. 2005. El cerdo pelón mexicano y otros cerdos criollos. Universidad Autónoma de Nayarit. México.
- Lemus-Flores, C., R. Ulloa-Arvizu, M. Ramos-Kuri, F. J. Estrada y R. A. Alonso. 2001. Genetic analysis of Mexican hairless pig populations. *J. of Anim. Sci.* 79(12):3021-3026.
- Linares, V., L. Linares y G. Mendoza. 2011. Caracterización etnozootécnica y potencial carnívor de *Sus scrofa* "cerdo criollo" en Latinoamérica. *Scientia Agropecuaria*. 2(2):97-110.
- Linck, E., y C. J. Battey. 2019. Minor allele frequency thresholds strongly affect population structure inference with genomic datasets. *Molecular Ecology Resources*. 19(3):639-647.
- Lopes, M. S., F. F. Silva, B. Harlizius, N. Duijvesteijn, P. S. Lopes, S. E. Guimarães, y E. F. Knol. 2013. Improved estimation of inbreeding and kinship in pigs using optimized SNP panels. *BMC genetics*, 14(1):92.
- Macedo, F., N. Grasso, E. A. Navajas, D. Gimeno, y G. Ciappesoni. 2013. Exclusion of paternity based on a panel of 89 SNP markers in a sample of Corriedale and Merino sheep from Uruguay. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 21(4):215-218.
- Magallán-Hernández, F., M. Martínez, L. Hernández-Sandoval, y K. Oyama. (2009). Estructura Genética de poblaciones de *Eriocaulon bilobatum* (Eriocaulaceae): una especie amenazada de humedades temporales. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*, (85), 81-88.
- Maignel L, D. Boichard, E. Verrier, 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull* 14: 49-54.
- Marth, G. T., I. Korf, M. D. Yandell, R. T. Yeh, R. Z. Gu, H. Zakeri y W. R. Gish. 1999. A general approach to single-nucleotide polymorphism discovery. *Nature Genetics*. 23(4):452.
- Martínez, V. G., S. I. P. Román, A. I. Vélez, E. T. Cabrera, A. C. Cantu, L. C. de la Cruz, M. A. Duran, J. A. J. Maldonado, F. E. S. Martínez, A. U. Ríos, V. E. M. Vega, y F. J. L. Ruiz. 2016. Morfometría del cerdo de traspatio en áreas rurales de México. *Rev. Mex. Cienc. Pecu.* 7:431-440.
- Medellín-Cazares, A., K. Sigala-Frías, J. Domínguez-Viveros, F. A. Rodríguez-Almeida y E. García-Robles. 2018. Análisis descriptivo de los resultados



de las primeras pruebas de paternidad en bovinos Hereford en México. Páginas 473-477 en Avances de la Investigación Sobre Producción Animal y Seguridad Alimentaria en México.

- Meuwissen TI, y Z. Luo. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24: 305-313.
- Montenegro, M. D. C. 2012. Caracterización genética de los cerdos Pampa Rocha de Uruguay. Tesis de Maestría. Instituto de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad de la República. Montevideo, Uruguay.
- Morales, A. R., R. A. Ulloa, F. S. Salmerón, B. L. Huerta, J. M. Simón, J. I. Leguina, A. Gayosso, D. Méndez, M. S. Rubio, C. F. Lemus. 1998. El Cerdo Criollo Mexicano, Páginas 67-72 en Memoria del Segundo Foro de los Recursos Genéticos: Ganado Criollo. Chihuahua. México.
- Mullis, K. y F. Faloona. 1987. Specific of DNA in vitro via a polymerase – catalyzed chain reaction. *Methods in Enzymology.* 155: 335 – 350.
- Nagamine Y. y M. Higuch. 2001. Genetic distance and classification of domestic animals using genetic markers. *J. Anim. Breed. Genetic.* 118(3): 101-109.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA.* 70: 3321-3323.
- NEOGEN, 2019. GeneSeek® Genomic Profiler Porcine. En: [https://genomics.neogen.com/pdf/slicks/ag284\\_ggp\\_porcine.pdf](https://genomics.neogen.com/pdf/slicks/ag284_ggp_porcine.pdf). Consultado: 18 Noviembre 2019.
- Ocampo-Gallego, R. J., J. A. Tobón-Castaño, P. Y. Martínez-Oquendo, E. J. Ramírez-Toro C. E. Lucero-Casanova. 2019. Análisis de diversidad genética en cerdo criollo san pedreño utilizando datos de pedigrí. *Ecosistemas y recursos agropecuarios,* 6(17):333-341.
- Paucar-Chanca. 2011. Utilidad de marcadores SNP en la mejora genética de poblaciones alto-andinas de alpacas. Tesis de Mater. Master en Agrobiotecnología. Universidad Pública de Navarra, España.
- Peña, D. 2002. Análisis de datos multivariantes. Editorial: Mc Graw Hill Interamericana de España, SAV.
- Pérez, E., A. M. Martínez, J. V. Delgado, J. V, F. Velázquez, y D. Segura. 2004. Estudio preliminar de la diferenciación genética entre las dos variedades del cerdo Criollo Cubano. *Archivos de zootecnia,* 53(204): 359-362.

- Pérez, F., A. C. Sierra, M. A. Canul, J. R. Ortiz, C. J. Bojórquez, J. C. Rodríguez, y J. Tamayo-Canul. 2015. Caracterización etnológica del cerdo pelón en el estado de Yucatán, México. *Actas Iberoam. Conserv. Anim.* 6:443-451.
- Piñero, D., A. Barahona, L. Eguiarte, A. O. Rocha y R. L. Salas. 2008. La variabilidad genética de las especies: aspectos conceptuales, sus aplicaciones y perspectivas en México. Páginas 415-435 en *Capital natural de México, vol. I: Conocimiento actual de la biodiversidad*. CONABIO. México.
- Posta, J., P. Szabó y I. Komlósi. 2016. Pedigree analysis of Mangalica pig breeds. *Annals Animals Science.* 16:701-709.
- Purcell, S., B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M. A. Ferreira, D. Bender, J. Maller, P. Sklar, P. I. de Bakker, D. J. Daly, and P. C. Sham. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.* 81:559–575.
- Ramírez-Valverde, R., A. R. Delgadillo-Zapata, J. Domínguez-Viveros, J. A. Hidalgo-Moreno, R. Núñez-Domínguez, F. A. Rodríguez-Almeida, J. G. García-Muñiz. 2018. Análisis de pedigrí en la determinación de la diversidad genética de poblaciones bovinas para carne mexicanas. *Rev. Mex. Cienc. Pecu.* 9(4), 614-635.
- Ramis V. M. G. y L. A. Muñoz. 2019. Uso de biología molecular en cerdos ibéricos. *Anaporc: revista de la Asociación de Porcinocultura Científica*, 16(158):22-25.
- Renaudeau, D. J. Mourot. 2007. Comparison of carcass and meat quality characteristics of Creole and Large White pigs slaughtered at 90 kg BW. *Journal Meat Science.* 76:165-171.
- Revidatti, M. 2009. Caracterización de cerdos Criollos del nordeste argentino. Tesis Doctoral. Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Córdoba, España.
- Revidatti, M. A., J. V. Delgado, A. Capellari y P. N. Prieto. 2005. Estudio morfoestructural preliminar de una población porcina en la provincia de corrientes en Argentina. *Arch. Zoot.* 54:227-232.
- Rodero A., J. V. Delgado y E. Rodero. 1992. Primitive Andalusian Livestok and their implications in the discovery of America. *Arch. Zoot.* 41(extra): 383-400.

- Rohrer, G. A., B. A. Freking y D. Nonneman. 2007. Single nucleotide polymorphisms for pig identification and parentage exclusion. *Animal Genetics*. 38:253-258.
- Ruíz Flores, A., Núñez Domínguez, R., Ramírez Valverde, R., Domínguez Viveros, J., Mendoza Domínguez, M., y Martínez Cuevas, E. 2006. Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos Tropicarne y Suizo Europeo. *Agrociencia*, 40. pp. 289-301.
- SAGARPA 2007. Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios de México. Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. México.
- SAGARPA 2013. Reglamento técnico de la asociación mexicana especializada en cerdos criollos. Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. México.
- Salamanca, C. A., P. M. Parés-Casanova, R. A. Crosby y N. Monroy. 2017. Análisis biométrico del caballo Criollo Araucano. *Archivos de zootecnia*, 66(253):107-112.
- Sañudo, C. 2009. Valoración Morfológica de los animales domésticos. Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino. Madrid, España.
- SAS 2005. SAS/STAT User's Guide (Release 9.0). Cary NC, USA: SAS Inst. Inc.
- Saura, M., A. Fernández, M. C. Rodríguez, M. A. Toro, C. Barragán, A. I. Fernández y B. Villanueva. 2013. Estimaciones Genómicas De Parentesco Y Consanguinidad En Una Antigua Pira Consanguínea De Cerdo Ibérico. Páginas 601-603 en XV Jornadas sobre Producción Animal en Madrid, España.
- Segura-Correa, J. C. y R. C. Montes-Pérez. 2001. Razones y estrategias para la conservación de los recursos genéticos animales, *Revista Biomédica*. 12:196-206.
- Sierra, A. C. 2000. Conservación genética del cerdo Pelón en Yucatán y su integración a un sistema de producción sostenible: Primera aproximación. *Archivos de zootecnia*. 49(187): 415-421.
- Sierra, A. C. 2006. Rescate genético del cerdo Pelón en Yucatán, un recurso con potencial para ser utilizado por las comunidades mayas. *Revista Computadorizada de Producción Porcina Volumen*, 13(suplemento 2).

- Sierra, A. C., T. B. Poot, Z. I. Díaz, A. H. Cordero y J. V. Delgado. 2005. El cerdo Pelón Mexicano, una raza en peligro. *Archivos de zootecnia*. 54(206):165-170.
- Sierra-Vásquez, A.C., J. R. Ortiz-Ortiz, J. C. Bohórquez-Cat, M. A. Canul-Solís, J. R. Tamayo-Canul, J. C. Rodríguez-Pérez, J. R. Sangines-García, M. A. Magaña-Magaña, R. C. Montes-Pérez y J. C. Segura-Correa. 2016. Conservación y uso sustentable del cerdo pelón en Yucatán. *Quehacer Científico en Chiapas*. 11:13-28.
- Simpson J. 1997. Amplified fragment length polymorphisms. *Bol. Soc. Bot. Méx.* 60:73-76.
- Soler, M. 2002. *Evolución*. 2a ed. Proyecto Sur de Ediciones. España.
- Tang, GQ, Xue, J, Lian, MJ, Yang, RF, Liu, TF, Zeng, ZY, Jiang, AA, Jiang, YZ, Zhu, L, Bai, L, Wang, Z y Li, XW 2013, 'Inbreeding and genetic diversity in three imported swine breeds in China using pedigree data', *Asian Aust. J. Anim. Sci.* vol. 26, pp. 755-765.
- Van Vleck, L. D., E. J. Pollak y E. B. Oltenacu. 1987. *Genetics for the animal science*. WH Freeman, New York. USA.
- Warwick, E. y J. Legates. 1980. *Cría y Mejora del Ganado*. 3ra Edición – Español. Ediciones McGraw – Hill. México.
- Welsh, C.S., T.S. Stewart, C. Schwab y H. D. Blackburn. 2010. Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United State and the implications for genetic conservation', *Journal of Animal Science*. 88:1610-1618.
- Wright S, 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics* 16: 97-159.
- Wright, S. 1951. The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics* 15: 323-354.
- Yu, G. C., Q. Z. Tang, K.R. Long, T. D. Che, M. Z. Li, M, y S. R. Shuai. 2015. Effectiveness of microsatellite and single nucleotide polymorphism markers for parentage analysis in European domestic pigs. *Genetics and Molecular Research*, 14(1):1362-1370.