

Abanico Veterinario. Enero-Diciembre 2020; 10:1-12. <http://dx.doi.org/10.21929/abavet2020.10>  
Artículo Original. Recibido: 05/02/2020. Aceptado: 03/06/2020. Publicado: 08/06/2020.

## Diversidad genética y estructura poblacional del cerdo negro lampiño de Yucatán usando chip SNP50

Genetic diversity and population structure of Yucatan black hairless pig using SNP50K chip

Lemus-Flores Clemente\*<sup>1</sup> [ID](#), Alonso-Morales Rogelio<sup>2</sup> [ID](#), Toledo-Alvarado Hugo<sup>2</sup> [ID](#), Sansor-Nah Raúl<sup>3</sup> [ID](#), Burgos-Paz William<sup>4</sup> [ID](#), Dzib-Cauich Dany<sup>5</sup> [ID](#)

<sup>1</sup>Posgrado en Ciencias Biológico Agropecuarias, Universidad Autónoma de Nayarit. México. <sup>2</sup>Departamento de Genética y Bioestadística, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México. México. <sup>3</sup>Asociación Mexicana de Criadores de Cerdos de Origen Ibérico Yucatán, A. C. México. <sup>4</sup>Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria-AGROSAVIA, Centro de Investigación Tibaittá, Colombia. <sup>5</sup>Instituto Tecnológico de Conkal, Yucatán. México. \*Autor de correspondencia: Clemente Lemus Flores. Universidad Autónoma de Nayarit. Posgrado en Ciencias Biológico Agropecuarias. Carretera Xalisco-Compostela km 3.5, Xalisco, Nayarit-México. E-mail: [clemus@uan.edu.mx](mailto:clemus@uan.edu.mx), [ralonsom@unam.mx](mailto:ralonsom@unam.mx), [h.toledo.a@gmail.com](mailto:h.toledo.a@gmail.com), [raulsannah@hotmail.com](mailto:raulsannah@hotmail.com), [williamobur@agrosavia.com](mailto:williamobur@agrosavia.com), [dany\\_dzib@outlook.com](mailto:dany_dzib@outlook.com)

### RESUMEN

La estructura poblacional y diversidad genética de 104 cerdos negros lampiños de Yucatán (NLY) y ocho de raza Duroc fueron caracterizados usando un chip SNP50K. Se obtuvo la estructura poblacional, se calculó un análisis de componentes principales (ACP), menor alelo frecuencia (MAF), Heterocigosidad observada (Ho), Consanguinidad (F), Índice de Fijación de individuos en subpoblaciones (Fis), índice de alogamia (t) y análisis de asociación para identificar SNP diferentes entre poblaciones. Según el análisis Admixture la población NLY se estructura en tres subpoblaciones. El componente genético de Duroc en subpoblaciones NLY es bajo de 0.0036 a 0.0353, apreciándose una subpoblación con mayor diversidad genética, con valores más bajos de F, Fis y mayor Ho y t. Se identificaron SNP ( $p < 1.21E-50$  a  $p < 6.4E-20$ ), asociados con genes y procesos biológicos. Genes *EHF*, *DST*, *PDE8A*, *FOXA1* y *VCL* relacionados con la diferenciación de células epiteliales, la morfogénesis y desarrollo del epitelio. Otros 30 SNPs relacionados con el metabolismo de nutrientes, 23 SNPs en transporte de nutrientes, 11 SNPs a inmunidad, 10 SNPs a músculo, esqueleto y embrionario, y siete SNPs a sinapsis y receptores. NLY está distante de Duroc con diferente estructura poblacional y diversidad genética, con diferentes genes que implican procesos biológicos importantes.

**Palabras claves:** recursos genéticos, SNP, diversidad genética, estructura poblacional y cerdo criollo.

### ABSTRACT

In the present study, the Population structure and genetic diversity of 104 Yucatan black hairless pigs (YBH) and eight Duroc breeds were characterized BY using an SNP50K chip. The population structure was obtained, as well as the calculation of Principal Component Analysis (PCA), Minor Allele Frequency (MAF), heterozygosity observed (oH), Relationship (F), Fixation index of individuals within subpopulations (Fis), the t (outcrossing rate or alogamia index) was made, also the association analysis to identify SNP with population differences. The genetic component of Duroc in YBH subpopulations is low, from 0.00363 to 0.03532, THUS, IT WAS OBSERVED (appreciating) a subpopulation with greater genetic diversity and lower values of F and Fis, as well as higher oH and t. SNPs were identified ( $p < 1.213E-50$  to  $p < 6.4E-20$ ), associated with genes and biological processes. Genes *EHF*, *DST*, *PDE8A*, *FOXA1* y *VCL* are related to

epithelial cell differentiation, morphogenesis, and development of epithelium. 30 SNPs are related to nutrient metabolism, 23 SNPs to nutrient transport, 11 SNPs to Immunity, 10 SNPs to muscle, skeletal and embryonic, and 7 SNPs to synapses and receptors. YBH is distant from Duroc with different population structure and genetic diversity, also with different genes that involve important biological processes.

**Keywords:** genetic resources, SNP, genetic diversity, population structure, creole pig.

## INTRODUCCIÓN

Desde la llegada de los cerdos a América en el siglo XVI y su distribución a lo largo del nuevo mundo, ya sea la selección natural o artificial, ha modelado la diversidad de las poblaciones actuales. [Burgos-Paz et al. \(2013\)](#) describieron como el medio ambiente ha influido en las diferencias de fenotipos entre los cerdos de las tierras altas del Perú, con respecto a aquellos que habitan tierras bajas o tropicales. Teniendo en cuenta la amplia gama de climas en América, y particularmente en las costas, algunas poblaciones porcinas tienen un crecimiento en tamaño y relevancia para las comunidades humanas. Es el caso de los cerdos negros lampiños de Yucatán (NLY); esta raza de cerdo tiene particularidades fenotípicas: piel negra, sin pelo, sin manchas, pezuña negra y hocico recto; con una importante participación en la seguridad alimentaria en las poblaciones rurales humanas ([Lemus y Alonso, 2005](#)).

El Sistema de Información sobre la Diversidad Animal de la FAO ([DAD-IS, 2020](#)), consideró que esta raza estaba en peligro de extinción, sin un programa de conservación, y es un valioso recurso genético animal que puede contribuir a la seguridad alimentaria en las comunidades rurales; así como un reservorio de diversidad genética ([Lemus-Flores et al., 2001](#); [Scarpa et al., 2003](#)). Además se desconoce el estado del 38% de las razas de cerdos en todo el mundo ([FAO, 2019](#)).

Este biotipo lampiño procede de cerdos ibéricos (*Sus mediterraneus*), de origen africano; introducidos en todas las regiones del sur de Europa ([Benítez y Sánchez, 2001](#)). Posteriormente se introdujeron en América en el segundo viaje de Cristóbal Colón, en 1493 ([Ogata, 2019](#)). Los cerdos NLY son una variación genética de los cerdos criollos ([Su et al., 2014](#)) y dividen en dos líneas genéticas; uno ubicado en poblaciones en el Golfo de México y la otra población está presente en la costa del Pacífico mexicano ([Lemus-Flores et al., 2001](#)); se le llama pelón mexicano, lampiño o lampiño tropical. Se consideró que estaban en peligro de extinción, debido a cruces no planificadas con líneas comerciales de genotipos magros. A pesar de que NLY están ampliamente distribuidos en la península de Yucatán de México, con un manejo técnico bajo-medio; hoy en día, algunos criadores de cerdos han encontrado una manera valorada de criarlo, pero la información disponible es limitada sobre la estructura de la población o pedigri.

Con el objetivo de obtener un programa de reproducción ordenado, se evaluó una amplia población de NLY, utilizando chip SNP50K comercial para estimar la diversidad y estructura poblacional real; así como sus relaciones genéticas para la futura selección de pie de cría distante de raza comercial.

## MATERIAL Y MÉTODOS

### Animales y análisis de genotipos

De una población total de 560 cerdos negros lampiños de Yucatán (NLY) de 49 granjas, ubicadas desde Mérida hasta Tizimín del estado de Yucatán-México; se eligieron 104 adultos reproductores de 2 a 3 años de edad (17 sementales y 87 cerdas), considerando fenotípicamente rasgos de ausencia de pelo (lampiños), piel negra, sin manchas, pezuña negra y hocico recto. Adicionalmente, se utilizó información sobre el origen de las cerdas o sementales, para reducir cualquier parentesco entre las muestras. Además, ocho cerdas Duroc fueron muestreadas como población de referencia y utilizadas para evaluar la introgresión en los cerdos de Yucatán.

Este estudio tiene registro SIP18-076 de la Universidad Autónoma de Nayarit y convenio con el Parque Científico y tecnológico de Yucatán. Para la toma de muestras de sangre, se siguieron las recomendaciones de las Normas Oficiales [NOM-051-ZOO-1995](#) sobre el tratamiento humanitario de animales, y [NOM-062-ZOO-1999](#) de las especificaciones técnicas para la producción, el cuidado y el uso de animales de laboratorio. La extracción y genotipado de ADN genómico de las muestras de sangre, se realizó en la empresa NEOGEN ([www.neogen.com](http://www.neogen.com)). Para el genotipado de SNP, se utilizó el porcine-GGP-50K que identifica un total de 50.967 SNP (GeneSeek Genomic Profiler Porcine).

### Control de calidad de los genotipos SNP (Polimorfismo de nucleótido simple)

El control de calidad de datos de los SNP se realizó utilizando PLINK v1.9 ([Purcell et al., 2007](#)). Los SNP con polimorfismos  $< 0.10$  y MAF (Frecuencia de alelo menor)  $< 0.01$ , se excluyeron. Fueron retenidos 42840 SNP para su posterior análisis de la estructura de la población y la diversidad genética.

### Análisis estadístico

#### Análisis de estructura poblacional

En primer lugar, se realizó un análisis de la estructura de la población para identificar las subpoblaciones en cerdos NLY con el software Admixture 1.3 ([Alexander et al., 2009](#)). El Análisis de Componentes Principales (ACP) se obtuvo con PLINK v2.1 ([Chang et al., 2015](#)) y se construyó un gráfico utilizando el software Minitab v15 para visualizar las distancias genéticas entre las subpoblaciones de NLY y la raza Duroc.

#### Diversidad Genética

Para cada subpoblación del cerdo NLY y Duroc se calculó la frecuencia de alelo menor (MAF), la Heterocigosidad observada ( $H_o$ ), la consanguinidad ( $F$ ) y el índice de fijación de individuos dentro de las subpoblaciones ( $F_{is}$ ) con el programa PLINK v1.9 ([Purcell et al., 2007](#)). La  $t$  (tasa de cruce o índice de alogamia) se calculó según [Weir \(1990\)](#). Para comparar las subpoblaciones de cerdos NLY y Duroc se usaron Análisis de Varianza de un solo criterio de clasificación ([SPSS v20, 2011](#)).

### Regiones SNP candidatas

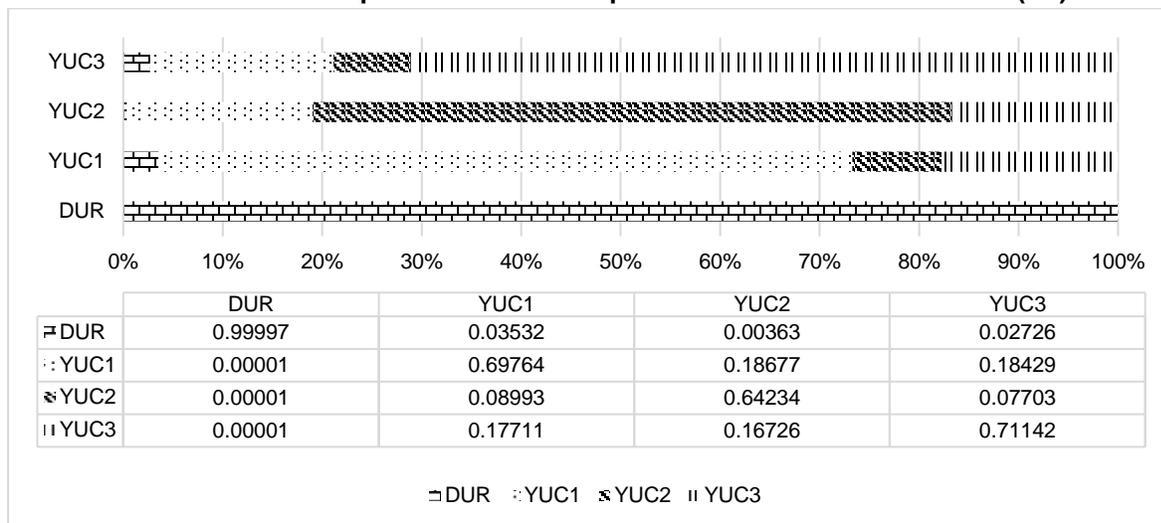
Con PLINK v1.9 (Pursell *et al.*, 2007) para toda la población del cerdo NLY vs Duroc se calculó la asociación para identificar SNP con diferencias. Las anotaciones genéticas dentro de las regiones candidatas se obtuvieron utilizando la anotación preliminar del ensamblaje 10.2, proporcionada por e-ensembl (Groenen *et al.*, 2012). La sobre representación de las categorías de Gene Ontology (GO) se determinó con la base de datos Gene Ontology (Ashburner *et al.*, 2000).

## RESULTADOS

### Estructura poblacional

La primera estructura de la población se realizó a una validación cruzada de 10 veces, para elegir el mejor valor de K; el valor de K=4 mostró el error de validación cruzada más bajo (0.584). Según el análisis Admixture, la población de NLY se estructura en tres subpoblaciones (tabla 1).

Tabla 1. Composición de clúster predicha mediante ADMIXTURE (K4).



YUC1, YUC2 y YUC3 subpoblaciones de cerdo negro lampiño de Yucatán. DUR población de raza Duroc. Los valores por columna de cada raza indican la proporción de otras razas.

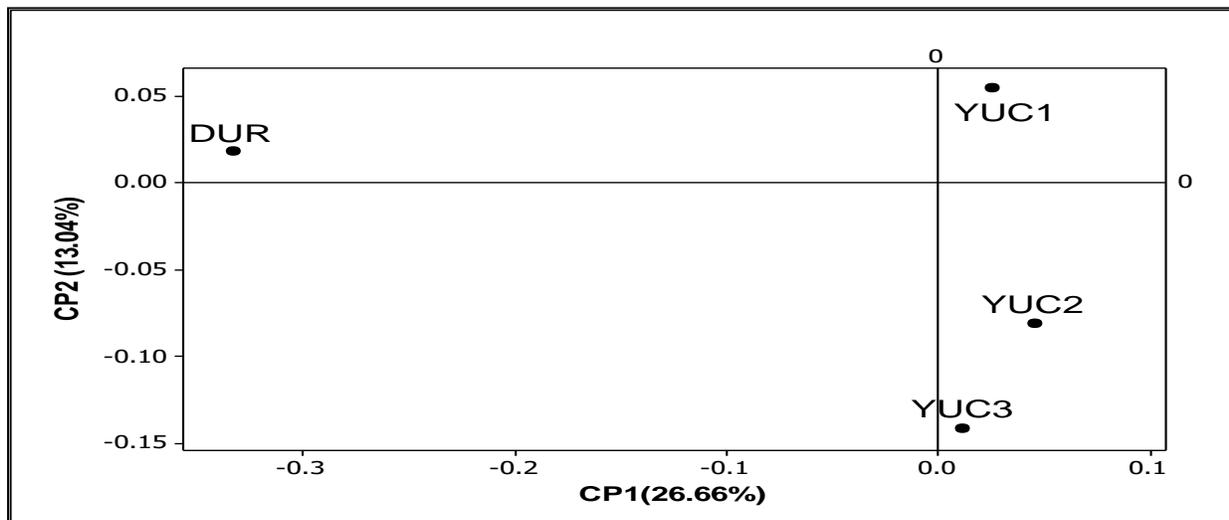
Con el ACP se observa que la subpoblación YUC2 es la más alejada de la raza Duroc, siendo más cercanas YUC1 y YUC3 al compartir más componente genético de Duroc (gráfica 1).

### Diversidad genética

Valores positivos de Fis indican consanguinidad, es mayor si se aproxima a 1; corresponde a la reducción global de heterocigosidad observada respecto a lo esperado

en su población; en la subpoblación YUC3 es menor el valor Fis, F y mayor la Ho, indicando mayor diversidad genética (tabla 2).

Una población se aproxima a apareamiento aleatorio si el valor de t se acerca a 1, cuando es mayor a 1 hay exceso de heterocigotos y cuando el valor es cero todos los individuos son homocigotos; en la subpoblación YUC3 se aproxima a 1, siendo menor en las demás subpoblaciones YUC1, YUC2 y Duroc.



YUC1, YUC2 y YUC3 subpoblaciones de Yucatán del cerdo negro lampiño. DUR población de raza Duroc.

**Gráfica 1. Análisis de componentes principales entre subpoblaciones de cerdo lampiño y de raza Duroc**

**Tabla 2. Diversidad genética del cerdo negro lampiño de Yucatán y de raza Duroc**

	YUC1	YUC2	YUC3	Duroc	eem
Muestras	70	14	20	8	
Media MAF	0.260 <sup>a</sup>	0.216 <sup>c</sup>	0.247 <sup>b</sup>	0.202 <sup>d</sup>	0.025
Consanguinidad (F)	0.039 <sup>a</sup>	0.067 <sup>a</sup>	-0.006 <sup>b</sup>	0.079 <sup>a</sup>	0.011
Ho	0.328 <sup>b</sup>	0.305 <sup>b</sup>	0.359 <sup>a</sup>	0.301 <sup>b</sup>	0.011
Fis	0.079 <sup>a</sup>	0.142 <sup>a</sup>	-0.007 <sup>b</sup>	0.158 <sup>a</sup>	0.021
Índice de alogamia (t)	0.870 <sup>b</sup>	0.782 <sup>b</sup>	1.0278 <sup>a</sup>	0.729 <sup>b</sup>	0.027

MAF, frecuencia de alelo menor. Ho, Heterocigosidad observada. Fis, índice de fijación subpoblacional. eem, error estándar medio. Diferentes letras en las filas indican diferencias estadísticas entre las poblaciones (ANOVA, p<0.05).

## Regiones SNP candidatas

En el análisis de asociación entre toda la población de NLY vs Duroc para identificar diferencias, se identificaron 226 SNP con valores de  $p < 1.21E-50$  a  $p < 6.4E-20$ , de los cuales solo 93 SNP se identificaron asociados a genes y procesos biológicos (tabla 3).

**Tabla 3. Procesos biológicos, genes e información de los SNPs que presentaron mayor diferenciación entre NLY vs Duroc**

Proceso biológico	Cromosoma	Variantes	Genes identificados
Diferenciación de células epiteliales, la morfogénesis y el desarrollo del epitelio	2	rs81223208	<i>EHF</i>
	7	rs80830437, rs331746636, rs81222725, rs81398056, rs325625775	<i>DST, PDE8A, FOXA1</i>
	14	rs80785304, rs345768654	<i>VCL</i>
Metabolismo de nutrientes	2	rs713429023	<i>PDHX</i>
	3	rs81317284	<i>ST6GAL2</i>
	6	rs81390019, rs81390069, rs81390070, rs81390137, rs81285728, rs81317489, rs81226716, rs81318326, rs81475823	<i>PABPC4, HPCAL4, MFSD2A, MC2R, MPPE1, IMPA2, PTPN2</i>
	7	rs80793059, rs342597254, rs80868794, rs80837023, rs80951652, rs80986501, rs80845345, rs80850402	<i>GCLC, ADAMTSL3, HOMER2, UNC45A</i>
	13	rs81448371	<i>PDIA5</i>
	14	rs339061874, rs328957349, rs345309524, rs80889570, rs80895748, rs80897302	<i>CFAP70, CHCHD1, ADK, DUSP13</i>
	15	rs81241812	<i>ACSL1</i>
	x	rs327444342, rs322147119, rs81474003	<i>FAM58A, BRCC3</i>
	1	rs328115005	<i>VPS39</i>
	6	rs81389915, rs329679425, rs81389921, rs81251860, rs81389936, rs81389948, rs81389955, rs81389959, rs81262099, rs81211910, rs81390112	<i>MACF1, TRIT1</i>
Transporte de nutrientes	12	rs81261131	<i>PITPNC1</i>
	14	rs81451083, rs81451108	<i>MICU1, CAMK2G</i>
	15	rs343808632	<i>TRAK2</i>
	18	rs81471732	<i>SLC13A4</i>
	x	rs326399484, rs337683495, rs81473903, rs81473906, rs80784223, rs80910586	<i>VMA21, PASD1, ZNF185</i>
Inmunidad	6	rs341367004, rs81306790	<i>RNMT</i>
	7	rs81398013, rs80837723, rs80805016, rs80976160, rs80849899	<i>IL6</i>
	15		<i>CTLA4</i>
	X	rs328334089, rs327024720, rs336767148	<i>IL1RAPL2</i>

	4	rs326729657	ARNT
	6	rs81389986, rs339432830	BMP8B, MYOM1
	7	rs80816179, rs81398046	TM6SF1, CPEB1
Desarrollo muscular, esquelético y embrionario.	8	rs81476832	TSPAN5
	9	rs81305287	PRRC2C
	14	rs327184000	P4HA1
	15	rs80949190	SATB2
	X	rs81474001	VBP1
	3	rs81370102	SLC5A7
Sinapsis y receptores	6	rs81337627	GRIK3
	18	rs322407819	GRM8
	X	rs330548482, rs322056532, rs325753884, rs80918182	GABRA3, GABRQ

Considerando el número de SNP diferentes entre NLY vs Duroc, en los cromosomas 6, 7, X y 14 es en donde mayor número se identificaron (tabla 4).

**Tabla 4. Número de SNP identificados en cada cromosoma asociado a procesos biológicos**

Cromosoma	1	2	3	4	6	7	8	9	12	13	14	15	18	X
nSNP	1	2	3	1	27	20	1	1	1	1	11	5	2	17

## DISCUSIÓN

La muestra de 104 NLY elegida para el estudio, fueron sin pelo, de piel negra, sin manchas, pezuña negra y hocicos rectos para evitar variación fenotípica. El análisis ADMIXTURE los subdivide en tres subpoblaciones. La introgresión de la raza Duroc es muy baja en las tres subpoblación de NLY identificadas (YUC1, YUC2 y YUC3) de 0.00363 a 0.03532, similar a la del cerdo Pampa Rocha de Uruguay (Montenegro *et al.*, 2015), menor que la de otros cerdos criollos de América, en los que el componente Duroc tiene un promedio de 0.15, y va de 0.00 (US Yucatán) a 0.45 (Moura Brasil) (Burgos-Paz *et al.*, 2013). El cerdo lampiño del pacífico mexicano tiene 0.20 de componente Duroc (Lemus *et al.*, 2001).

La separación de tres subpoblaciones en NYL y la baja introgresión de Duroc, coincide con lo observado por Burgos-Paz *et al.* (2013), donde los cerdos modernos de las Américas son el resultado de muchos eventos independientes de colonización, pero

también a desafíos del medio ambiente; ya que estos cerdos NLY están aislados geográficamente, distantes de cerdos comerciales y de cerdos lampiños, ubicados en costas del Pacífico y del Golfo de México. No existe evidencia de un programa de selección artificial o cruzamiento con razas comerciales en la península de Yucatán.

Existe diferencia en la diversidad genética entre las subpoblaciones de NLY; en YUC3 es mayor, acercándose a apareamiento aleatorio. Es probable que individuos de YUC1, YUC2 y Duroc presenten apareamientos de individuos con mayor cercanía genética en cada subpoblación, lo que ocasionó el aumento de F y Fis. Con la información generada, es posible realizar una programación de los apareamientos en las subpoblaciones, para generar más diversidad genética y evitar la pérdida de variabilidad como sucede en poblaciones Ibéricas (Esteve *et al.*, 2013). Es importante considerar la afirmación de Yang *et al.* (2017), indicando que poblaciones con alto Fis, normalmente tienen una baja diversidad de haplotipos.

Al identificar 93 SNP que son diferentes entre poblaciones de NLY vs Duroc, de acuerdo a sus frecuencias alélicas extremas, mayor frecuencia en Duroc y menor en NLY, podemos emplearlos como marcadores. Según Yan *et al.* (2017), la domesticación y la selección artificial, han dado lugar a una amplia gama de fenotipos entre razas de cerdos domésticos, que difieren de sus parientes silvestres; y que estos están relacionados con el comportamiento, tamaño del cuerpo, fertilidad, capacidad de locomoción y adaptación a la alimentación proporcionada por los seres humanos. Por lo tanto, es importante detectar loci genéticos, que podrían estar involucrados en la transición de salvaje a doméstico.

Considerando que los cerdos americanos son en parte de origen ibérico (Burgos-Paz *et al.*, 2013), entonces el NLY es fenotípicamente similar al lampiño Ibérico, por lo que su pelaje es predominantemente negro y no hay cerdos blancos; sin embargo, al igual que Ramírez *et al.* (2015), no había SNP relacionados con el gen MC1R, lo que habría permitido considerar el color rojo o negro de la capa. Se identificaron ocho SNP asociados a diferenciación de células epiteliales, morfogénesis y desarrollo del epitelio; con cinco genes que podrían ser estudiados como candidatos para el fenotipo lampiño.

En este estudio no se coincide con Su *et al.* (2014), que proponen al gen *BAMB1* como fuerte candidato de lampiño; este gen no fue diferente entre poblaciones de NLY y Duroc ( $p < 0.35$ ), con frecuencias alélicas muy similares. Con Burgos-Paz *et al.* (2013) se coincide con genes de la familia PDE, ellos reportan que en cerdos criollos de América se identifican los genes *PDE10A* y *PDE11A*; aquí se reporta el gen *PDE8A*. Esteve *et al.* (2013) en cerdos lampiños ibéricos reporta al gen *FOXP1* como gen candidato implicado en la diferenciación de células epiteliales, queratinización y formación de folículos pilosos. En este estudio se identificó al gen *FOXA1*, que es de la misma familia, identificado también por Yang *et al.* (2017), que lo asocia a cerdos Europeos y lo relaciona con

metabolismo de proteínas, glucosa o ácidos grasos. Para metabolismo de lípidos [Esteve et al. \(2013\)](#) reportan ocho genes candidatos, no se encuentran en su reporte *PDHX*, *MFSD2A* y *ACSL1* que en este estudio se identificaron; pero para respuesta inmune se coincide con estos investigadores en el gen *IL1RAPL2*, ubicado en el cromosoma X y IL6 del cromosoma 7. En el cromosoma 6 se identificaron la mayor cantidad de SNP (27), que se involucran en la mayoría de las funciones biológicas. En este cromosoma, para transporte de nutrientes se identificaron diez SNP, para el gen *MACF1* (microtubule-actin crosslinking factor 1), identificado en humanos y ratones como esencial para el desarrollo embrionario, para mantener el sistema neuronal y la integridad de la piel ([Kang, et al., 2020](#)).

Para el desarrollo muscular y esquelético, el SNP *BMP8B* se han reportado como gen importante para características de crecimiento y desarrollo embrionario ([Xiu-Kai et al., 2013](#); [Ying et al., 2000](#)). Para sinapsis y receptores, se identificaron cuatro genes que se relacionan con trastornos cerebrales y nerviosas en humanos; lo que es una oportunidad de este cerdo para usarlo como modelo biomédico. El gen *GRM8* también fue reportado por [Kwonm et al. \(2019\)](#) en cerdo miniatura Yucatán, asociado a enfermedades nerviosas en humanos; de igual forma el gen *GABRA3* se le asocia a enfermedades epilépticas ([Niturad et al., 2017](#)), al gen *SCL5A7* se asocia con el síndrome congénital miasténico tipo 20 ([Pardal-Fernández et al., 2018](#)) y al *GRIK3* en procesos neurofisiológicos.

El alto número de SNP identificados como diferentes entre NLY y Duroc, puede atribuirse a la ausencia de selección y de cruzamiento con raza Duroc. Si bien se necesitan más estudios para validar el papel de los genes que se identificaron, estos hallazgos confirman que la domesticación y la evolución es diferente entre cerdos Duroc y NLY.

## CONCLUSIÓN

En este primer estudio con SNP50K en cerdos NLY se identifica la diferencia genética de este cerdo, en comparación con el cerdo Duroc, proporcionando información genética útil para la conservación de este recurso genético local. NLY está distante de Duroc, con diferente estructura poblacional, diversidad genética y diferentes genes que implican procesos biológicos importantes, que pueden ser útiles en la selección racial y programa de diferenciación.

## AGRADECIMIENTOS

La presente investigación ha sido financiada por la Secretaría de Investigación, Innovación y Educación Superior. Mérida, Yucatán, México.

## Información suplementaria

[Tabla A](#). Lista de los 93 SNPs de genes asociados con procesos biológicos.

## LITERATURA CITADA

- ALEXANDER DH, Novembre J, Lange K. 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*. 19:1655–1664. <https://doi.org/10.1101/gr.094052.109>
- ASHBURNER M, Ball CA, Blake JA, Botstein D, Butler H, Cherry JM, Sherlock G. 2000. Gene ontology: tool for the unification of biology. The Gene Ontology Consortium. *Nature genetics*. 25(1):25–29. <https://doi.org/10.1038/75556>
- BENÍTEZ OW, Sánchez DM. 2001. Los cerdos criollos en América Latina. En: FAO (ed.) Los cerdos locales en los sistemas tradicionales de producción. *Estudio FAO Producción y Sanidad Animal*. Pp.13-35. <http://www.fao.org/3/a-y2292s.pdf>
- BURGOS-PAZ W, Souza CA, Megens HJ, Ramayo-Caldas Y, Melo M, Lemus-Flores C, Caal E, Soto HW, Martínez R, Álvarez LA. 2013. Porcine colonization of the Americas: a 60k SNP story. *Heredity*. 110:321–330. <https://www.nature.com/articles/hdy2012109>
- CHANG CC, Chow CC, Tellier LC, Vattikuti S, Purcell SM, Lee JJ. 2015. Second generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*. 4:7. <https://academic.oup.com/gigascience/article/4/1/s13742-015-0047-8/2707533>
- DAD-IS. 2020. Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS@fao.org). FAOIn: <http://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/es/>
- ESTEVE Codina A, Paudel Y, Ferretti L, Raineiri E. 2013. Dissecting structural and nucleotide genome-wide variation in inbred Iberian pigs. *BMC Genomics*. 14:148-<https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-148>
- FAO. Food and Agriculture Organization. 2019. Domestic Animal Diversity Information System (DADIS). Retrieved March 31, 2020, from <http://www.fao.org/dad-is/regional-national-nodes/efabis/en/>
- GROENEN M, Archibald A, Uenishi H, Tuggle C, Takeuchi Y, Rothschild M. 2012. Pig genomes provide insight into porcine demography and evolution. *Nature*. 491: 393–398. [https://www.ensembl.org/Sus\\_scrofa/Info/Index](https://www.ensembl.org/Sus_scrofa/Info/Index)
- KANG L, Liu Y, Jin Y, Li M, Song J, Zhang Y, Zhang Y and Yang Y. 2020 Mutations of MACF1, Encoding Microtubule-Actin Crosslinking-Factor 1, Cause Spectraplaklinopathy. *Frontiers in Neurology*. 10:1335. <https://doi.org/10.3389/fneur.2019.01335>
- KWON DJ, Lee YS, Shin D, Won KH, Song KD. 2019. Genome analysis of Yucatan miniature pigs to assess their potential as biomedical model animals. *Asian-Australas J Anim Sci*. 32(2):290-296. doi:10.5713/ajas.18.0170
- LEMUS C, Alonso ML. 2005. El cerdo Pelón Mexicano y otros cerdos criollos. 1ª Edición. Editorial Universitaria. Universidad Autónoma de Nayarit. México. Pp. 251.

<https://www.amazon.com.mx/cerdo-pel%C3%B3n-mexicano-cerdos-criollos-ebook/dp/B0153G544M>

LEMUS-FLORES C, Ulloa-Arvizu R, Ramos-Kuri M, Estrada FJ, Alonso RA. 2001. Genetic analysis of Mexican hairless pig populations. *Journal Animal Science*. 79:3021–3026. <https://doi.org/10.2527/2001.79123021x>

OGATA N. 2019. 1519, Hernán Cortés y el Cerdo en México. Diversidad Biológica y Cultural Trópico Americano. *Centro de Investigaciones Tropicales (CITRO), Universidad Veracruzana*. Disponible: [http://etnoecologia.uv.mx/diversidad\\_biocultural/cerdo-pelon-mexicano/](http://etnoecologia.uv.mx/diversidad_biocultural/cerdo-pelon-mexicano/)

MONTENEGRO M, Llambí S, Castro G, Barlocco N, Vadell A, Landi V, Delgado JV, Martínez A. 2015. Genetic characterization of Uruguayan Pampa Rocha pigs with microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biology*. 38(1):48-54. <https://doi.org/10.1590/S1415-475738120140146>

NITURAD C E, Lev D, Vera M, Crzewska A, Schubert J, Lerman-Sagie T, Kroes H, Oegema R, Traverso M, Specchio N, Lassota M, Chelly J, Bennett-Back O, Carmi N, Koffler-Brill T, Lacomino M, Trivisano M, Capovilla G, Striano P, Nawara M, Rzonca S, Fischer U, Bienek M, Jensen C, Hu H, Thiele H, Altmüller J, Krause R, May P, Becker F, Balling R, Biskup S, Haas SA, Nürnberg P, Van Gassen KLI, Lerche H, Zara F, Maljevic S, Leshinsky-Silver E. 2017. *GABRA3* variants are associated with epileptic seizures, encephalopathy and dysmorphic features. *Brain*. 140(11):2879–2894. <https://doi.org/10.1093/brain/awx236>  
<https://academic.oup.com/brain/article/140/11/2879/4372140>

NOM-051-ZOO-1995. Norma Oficial Mexicana NOM-051-ZOO-1995. Trato humanitario en la movilización de animales. Pp 23. <http://publico.senasica.gob.mx/?doc=531>

NOM-062-ZOO-1999. NORMA Oficial Mexicana NOM-062-ZOO-1999. Especificaciones técnicas para la producción, cuidado y uso de los animales de laboratorio. Pp 58. <http://publico.senasica.gob.mx/?doc=743>

PARDAL-FERNÁNDEZ J M, Carrascosa-Romero M C, Álvarez S, Medina-Monzón M C, Caamaño M B, de Cabo C. 2018. A new severe mutation in the *SLC5A7* gene related to congenital myasthenic syndrome type 20. *Neuromuscular Disorders*. 28(10):881-884. <https://doi.org/10.1016/j.nmd.2018.06.020>

PURCELL S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MA, Bender D. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal Human Genetics*. 81(3):559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>. [https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297\(07\)61352-4](https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297(07)61352-4)

RAMÍREZ O, Burgos-Paz W, Casas E, Ballester M, Bianco E, Olalde I, Santpere G, Novella V, Gut M, Lalueza C, Saña M, Pérez-Enciso M. 2015. Genome data from a sixteenth century pig illuminate modern breed relationships. *Heredity*. 114:175–184. <https://www.nature.com/articles/hdy201481>

SCARPA R, Drucker AG, Anderson S, Ferraes-Ehuan N, Gómez V, Risopatrón CR, Rubio-Leonel O. 2003. Valuing genetic resources in peasant economies: the case of 'hairless' creole pigs in Yucatan. *Ecological Economics*. 45:427–443. [https://doi.org/10.1016/S0921-8009\(03\)00095-8](https://doi.org/10.1016/S0921-8009(03)00095-8)

SPSS. Statistical Package for the Social Sciences. 2011. IBM® SPSS® Statistics v20 for Windows: advanced statistic release. SPSS, Chicago. USA. [ftp://public.dhe.ibm.com/software/analytics/spss/documentation/statistics/20.0/es/client/Manuals/IBM\\_SPSS\\_Statistics\\_Base.pdf](ftp://public.dhe.ibm.com/software/analytics/spss/documentation/statistics/20.0/es/client/Manuals/IBM_SPSS_Statistics_Base.pdf)

SU Y, Long Y, Liao X, Ai H, Zhang Z, Yang B, Xiao S, Tang J, Xin W, Huang L, Ren J, Ding N. 2014. Detection of genomic signatures for pig hairlessness using high-density SNP data. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*. 1(4):307–313. <https://doi.org/10.15302/J-FASE-2014039>

WEIR BS, Cockerham CC. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*. 38:1358–1370. <https://doi.org/10.2307/2408641>

XIU-KAI C, Jing W, Xian-Yong L, Chu-Zhao L, Chun-Lei Z, Xing-Lei Q, Hong C. 2013. Genetic variants in BMP8B gene are associated with growth traits in Chinese native cattle. *Gene*. 532(1):115-120. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2013.09.059>

YANG B, Cui L, Perez-Enciso M, Traspov A, Crooijmans R, Zinovieva N, Schook L, Archibald A. 2017. Genome-wide SNP data unveils the globalization of domesticated pigs. *Genetics Selection Evolution*. 49:71-85. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0345-y>

YING Y, Liu X M, Marble A, Lawson K A, Zhao G Q. 2000. Requirement of *Bmp8* for the Generation of Primordial Germ Cells in the Mouse. *Molecular Endocrinology*. 14(7):1053-1063. <https://doi.org/10.1210/mend.14.7.0479>