



ESTRUCTURA Y COMPOSICIÓN GENÉTICA DEL CERDO PELÓN MEXICANO

GENETIC STRUCTURE AND COMPOSITION OF THE MEXICAN HAIRLESS PIG

Juan Manuel Ramírez-Reyes^{1a}, Joel Domínguez-Viveros^{2a*}, Carlos Fernando Aréchiga-Flores^{1b},
Guadalupe Nelson Aguilar-Palma^{2b}, Perla Lucía Ordoñez-Baquera^{2c}, Ricardo Martínez-Rocha³ y
Carlos Enrique Aguirre-Calderón⁴

^{1a} Universidad Autónoma de Zacatecas. Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia. General Enrique Estrada, C.P. 98500, Zacatecas, México
<https://orcid.org/0000-0002-0574-6501>

^{2a} Universidad Autónoma de Chihuahua. Facultad de Zootecnia y Ecología. Chihuahua, C.P. 31453, Chihuahua, México
<https://orcid.org/0000-0002-4011-6142>

^{1b} Universidad Autónoma de Zacatecas. Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia. General Enrique Estrada, C.P. 98500, Zacatecas, México
<https://orcid.org/0000-0001-9538-725X>

^{2b} Universidad Autónoma de Chihuahua. Facultad de Zootecnia y Ecología. Chihuahua, C.P. 31453, Chihuahua, México
<https://orcid.org/0000-0002-1654-8930>

^{2c} Universidad Autónoma de Chihuahua. Facultad de Zootecnia y Ecología. Chihuahua, C.P. 31453, Chihuahua, México
<https://orcid.org/0000-0003-3705-4195>

³ Universidad Autónoma Chapingo. Posgrado en Producción Animal. Texcoco, C.P. 56230, Estado de México, México
<https://orcid.org/0000-0002-7316-4589>

⁴ Tecnológico Nacional de México. Instituto Tecnológico de El Salto. El Salto, C.P. 34942, Durango, México
<https://orcid.org/0000-0003-4226-359X>

* Autor de correspondencia: jodominguez@uach.mx

RESUMEN

El objetivo del presente estudio fue analizar la variabilidad y estructura genética del cerdo pelón mexicano (CPM), en el marco de un esquema de conservación y desarrollo sustentable. Se analizaron los genotipos de 35584 SNP de 107 individuos of CPM. Se estimaron la heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e), el contenido de información polimórfica (PIC), el posible desequilibrio de Hardy-Weinberg, número efectivo de reproductores (N_e), y el estadístico FIS; asimismo, se determinó el coeficiente de consanguinidad (F) para cada individuo. Se realizó un análisis de estructura poblacional para identificar el número de líneas o genotipos (k) que conforman el CPM, así como un análisis de identidad por estado. El número de SNP por cromosoma osciló de 919 a 3.134, con un promedio de 1.872. Los niveles de H_e , H_o y PIC fluctuaron de 0,358 a 0,384, de 0,293 a 0,388 y de 0,286 a 0,303, respectivamente. Para F , 65,4% de los individuos mostraron valores por debajo de 1%; 15,9%, en el intervalo de 1 a 10%; 8,4%, con valores de 10 a 20%; y 10,2%, con estimaciones mayores a 20%. El k óptimo fue de dos con una composición genética promedio de 70,5 y 29,5%. La relación

He > Ho fue consistente en todos los cromosomas, lo que sugiere un déficit de heterocigotos. El FIS a través de cromosomas presentó valores en el intervalo de -0,008 a 0,216, con un valor promedio de 0,027. El Ne se estimó en 60; como indicador de la tasa de consanguinidad, se observó un incremento por generación de 0,833%. La variabilidad genética en el CPM refleja su historia poblacional y aporta información clave para el diseño de estrategias de conservación y desarrollo sustentable.

Palabras clave: heterocigosidad, consanguinidad, tamaño efectivo, cerdos criollos, conservación, recursos genéticos.

ABSTRACT

The objective of this study was to analyze the genetic variability and structure of the Mexican hairless pig (CPM) within a conservation and sustainable development framework. The genotypes of 35,584 SNPs from 107 CPM individuals were analyzed. Observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosity, polymorphic information content (PIC), potential Hardy-Weinberg disequilibrium, effective number of breeders (N_e), and the FIS statistic were estimated; additionally, the inbreeding coefficient (F) was determined for each individual. A population structure analysis was performed to identify the number of lines or genotypes (k) comprising the CPM, along with an identity-by-state analysis. The number of SNPs per chromosome ranged from 919 to 3,134, with an average of 1,872. H_e , H_o and PIC levels ranged from 0.358 to 0.384, 0.293 to 0.388, and 0.286 to 0.303, respectively. For F , 65.4% of individuals exhibited values below 1%, 15.9% ranged from 1 to 10%, 8.4% from 10 and 20%, and 10.2% exceeded 20%. The optimal k was two, with average genetic contributions of 70.5 and 29.5%. The $H_e > H_o$ ratio was consistent across all chromosomes, indicating a deficit of heterozygotes. The FIS values across chromosomes ranged from -0.008 to 0.216, with an average of 0.027. The N_e was estimated at 60; as an indicator of the inbreeding rate, an increase of 0.833% per generation was observed. The genetic variability in CPM reflects its population history and provides key information for the design of conservation sustainable development strategies.

Keywords: heterozygosity, inbreeding, effective size, creole pig, conservation, genetic resources.

INTRODUCCIÓN

La variabilidad genética en porcinos criollos de América refleja una imagen de la historia. La distancia geográfica explica solo una pequeña fracción de la variación en la coancestría; las poblaciones de cerdos criollos son relativamente homogéneas dentro de un radio geográfico corto, con una ascendencia compartida debido al intercambio entre comunidades cercanas. En América, los patrones genómicos observados no son compatibles con un modelo clásico de colonización por etapas, las especies introducidas estuvieron en constante movimiento, especialmente los cerdos (Burgos-Paz et al., 2012).

Las especies criollas procedentes de la Península Ibérica fueron evolucionando en diferentes entornos y adversidades, lo que hace inferir que portan genes con distintas frecuencias para adaptación en comparación con sus orígenes (Núñez-Domínguez et al., 2016); pueden representar un importante reservorio de genes, especialmente porque han pasado por un largo proceso de selección para la adaptación a condiciones ambientales extremas (Revidatti et al., 2014).

El cerdo Pelón Mexicano (CPM) es una

población con rasgos particulares y únicos relacionados con el patrimonio cultural; es un recurso genético valioso, con énfasis en rusticidad, alta resistencia natural a enfermedades, productivos en explotaciones con poca o nula tecnificación y presentan buena calidad de la carne. Se distribuye en el centro sur del país, en las zonas tropicales y sus costas, del Golfo y del Pacífico (Sierra, 2000; Ramírez-Reyes et al., 2020). El CPM ha sido desplazado por razas especializadas, con disminución sustancial de la población original y su trascendencia en la pérdida de variabilidad genética, así como erosión genética, debido al cruzamiento con otras razas, lo cual coloca al CPM en peligro de extinción (Sierra, et al., 2005; Lemus y Alonso, 2005; SAGARPA, 2007; FAO, 2012).

La Asociación Mexicana Especializada en Cerdos Criollos (AMECC) administra el registro genealógico de pureza racial del CPM (SAGARPA, 2013); para el diseño e implementación de un programa de conservación y desarrollo sustentable de recursos genéticos, es de suma importancia la caracterización genética de la población, así como el análisis de la variabilidad y estructura genética (FAO, 1998; Segura-Correa y Montes-Pérez, 2001); siendo estos los objetivos del presente estudio.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se muestrearon 107 CPM, inscritos en el registro genealógico de pureza de raza de la AMECC, distribuidos en 12 unidades de producción ubicadas en los estados de Yucatán, Campeche y Quintana Roo (México). El número de animales muestreados por unidad de producción fluctuó de cinco a diez, con énfasis en los reproductores de pureza racial, con mayor aporte a la variabilidad del registro genealógico y bien definidas las especificaciones del patrón racial (SAGARPA, 2013).

Los genotipos de 50657 SNP (polimorfismo de nucleótido simple) se obtuvieron a partir del chip comercial GGP Porcine BeadChip 50K del laboratorio NEOGEN. La edición y análisis con base en frecuencias alélicas y genotípicas a través de cromosomas se realizó con los softwares *snpReady* de R (Granato et al., 2018) y *PLINK* v.1.9 (Purcell et al., 2007). Se descartó los SNPs con frecuencia de alelo menor por debajo de 0,05 y tasa de genotipado por debajo de 0,90, e individuos con más de 10% de genotipos faltantes. Se estimó la heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e); el contenido de información polimórfica (PIC); el posible desequilibrio de Hardy-Weinberg (HW); número efectivo de reproductores (N_e); el estadístico FIS; y para cada individuo se estimó el coeficiente de consanguinidad (F ; Purcell et al., 2007).

Con el software *Structure* v.2.3 (Pritchard et al., 2010) se realizó el análisis de estructura poblacional para identificar el número de líneas o genotipos que conforman el CPM. Con base en un algoritmo bayesiano se analiza las diferencias en la distribución de variantes genéticas entre poblaciones, agrupando las muestras en conjuntos, cuyos miembros comparten patrones de variación similares; identifica poblaciones y asigna a los individuos a la población que mejor se ajusta a los patrones de variación genética; y, permite inferir el origen de individuos con características poblacionales desconocidas, especialmente cuando se ha producido mestizaje poblacional (Porrás-Hurtado et al., 2013).

Se evaluó cinco posibles estructuras (k), donde $k=1$ indica una población sin fragmentación o sub división; y, $k=2$ al 5, indican la posible segmentación de dos a cinco líneas. Se utilizó el método Evanno et al. (2005) para la selección del k óptimo, realizado con el software online *Structure Harvester* (Earl y vonHolt, 2012).

El análisis de identidad por estado (IBS) se generó con el paquete *GenABEL* de R (Aulchenko et al., 2007) para evaluar las diferencias genéticas dentro de la población, este estadístico describe la relación genética entre individuos con base

en la presencia de alelos idénticos en loci específicos, incluyendo alelos idénticos por casualidad. Se aplicó un análisis de componentes principales (ACP) a la matriz de relaciones genéticas construida a partir del IBS; y con los vectores del ACP, se generó una presentación de agrupamiento multidimensional (mds) para visualizar grupos (cluster) que identificaran individuos con relación genética cercana o familias.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Posterior al proceso de edición se analizaron 35.584 (70,2%) SNPs; en la Tabla 1 se presenta el resultado a través de cromosomas para la edición y estimadores de variabilidad genética. El número de SNP por cromosoma osciló de 919 a 3.134 con un promedio de 1.872; los niveles de H_e , H_o y PIC fluctuaron de 0,358 a 0,384, de 0,293 a 0,388 y de 0,286 a 0,303, respectivamente. Con relación al coeficiente de consanguinidad: 70 CPMs (65,4%) presentaron niveles por debajo de 1%; 17 (15,9%), en el intervalo de 1 a 10%; 9 (8,4%), con valores de 10 a 20%; 11 (10,2%), con estimaciones mayores a 20%.

Los resultados del mds, derivado del IBS, se presentan en la Fig. 1, donde se identificaron los individuos que mostraron patrones de identidad genética distinta a la general, lo cual puede generar familias o subpoblaciones. En la Fig. 2 se exhiben los resultados del análisis de estructura poblacional, donde cada columna simboliza un individuo y los colores diversos representan la proporción de los genomas o clúster reconocidos; el k óptimo fue de dos, con una composición genética promedio de 70,5 y 29,5%. El modelo bayesiano de asignación infiere el número de poblaciones y la frecuencia de cada alelo en las distintas agrupaciones; los individuos fueron asignados a las agrupaciones (k) predeterminadas, bajo equilibrio HW y de ligamiento dentro de cada población. El algoritmo de Monte Carlo estimó las frecuencias alélicas de cada k y la proporción del genoma individual derivado de cada agrupación. La estructura genética de una población es el resultado de una interacción compleja de fuerzas evolutivas, tales como mutación, flujo genético, deriva genética y selección; además de movimientos históricos, en función de la variación temporal y espacial del medio ambiente.

En el contraste de H_o vs H_e bajo el equilibrio HW, los resultados a través de cromosomas (Tabla 1) presentan una relación de $H_e > H_o$, concerniente a un déficit de heterocigotos. El parámetro más utilizado para medir la diversidad dentro de las poblaciones es la H_e ,

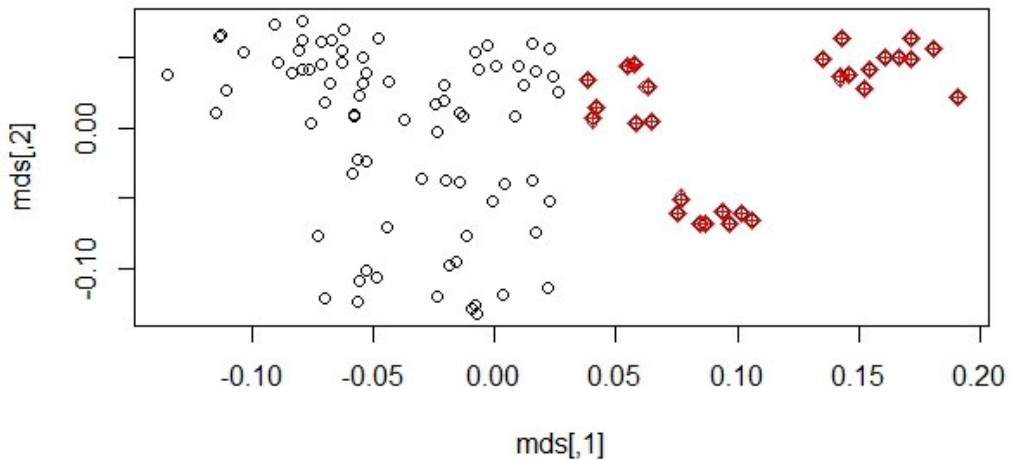


Fig. 1. Ordenamiento con base en agrupamiento multidimensional (mds) derivado de los componentes principales del análisis de identidad por estado. Se muestra la combinación de dos vectores, primer componente (mds[1]) con el segundo componente (mds[2]). En rojo se señalan los individuos que mostraron patrones de identidad genética distinta a la población, formando grupos relacionados genéticamente, que comparten alelos idénticos en loci específicos.

Fig. 1. Multidimensional clustering (mds) ordering derived from the principal components of the identity-by-state analysis. The combination of two vectors is shown: the first component (mds[1]) and the second component (mds[2]). Individuals showing distinct genetic identity patterns from the population, forming genetically related groups that share identical alleles at specific loci, are indicated in red.

o diversidad genética, definida por Nei (1973) como la probabilidad de que dos alelos elegidos al azar de la población sean diferentes.

El FIS a través de cromosomas (Tabla 1) presentó valores en el intervalo de -0,008 a 0,216, con un valor promedio de 0,027. El FIS, con valores en el intervalo de -1 a 1 mide los niveles de heterocigosis y homocigosis; valores positivos indica homocigosis, valores negativos se asocia a heterocigotos, con estimaciones alrededor de cero revela una estabilidad entre homocigosis y heterocigosis (Toro y Caballero, 2005). El N_e fue de 60, como indicador de la tasa de consanguinidad ($\Delta F = 1 / 2 * N_e$) se estima un incremento por generación de 0,833%. Para CPM, se reportó N_e de 92,1 con ΔF de 0,54%, dado la estructura de ancestros fundadores a través del análisis del pedigrí (Ramírez-Reyes et al., 2020). En cerdos indígenas del sur de China, existen reportes de N_e de 15,7 con incrementos de consanguinidad de 3,2% por generación y trascendencia negativa en la diversidad genética (Diao et al., 2019). En cerdos criollos colombianos se han reportado niveles promedio de F mayor al 2% y N_e de 25,31, lo que ha originado cuello de botella en la población (Ocampo-Gallego et al., 2019); en cerdo ibérico se han publicado niveles promedio de F superiores al 5% con N_e de 10 (Saura et al., 2013). Las estimaciones de

consanguinidad con marcadores genéticos, más elevadas que las obtenidas a partir de genealogías, se pueden atribuir a que incluyen la identidad por descendencia y por estado. En poblaciones en esquemas de conservación se recomienda un N_e mayor o igual a 50, con el propósito de regular la consanguinidad, con incrementos de igual o menor al 1% por generación (FAO, 1998). En poblaciones con N_e reducido, el aumento de consanguinidad repercute en la variabilidad genética y capacidad evolutiva poblacional, afectando la supervivencia, adaptación, salud y reproducción, entre otros aspectos; se recomienda la selección óptima, mediante la gestión específica de apareamiento, donde se utilicen los animales con mayor diversidad genética para la cría, con la finalidad de estabilizar la endogamia (Krupa et al., 2021).

Con relación a la estructura, diferenciación y composición genética de poblaciones de cerdos criollos en México, Lemus-Avalos et al. (2024), para tres poblaciones (Oaxaca, Nayarit, Yucatán) de cerdo pelón, con el análisis de un panel de SNPs, reportaron valores de 0,061 a 0,160 para FIS, de 0,302 a 0,336 para H_o y 0,358 para H_e . Lemus-Flores et al. (2001) estimaron distancias genéticas en siete poblaciones de cerdos criollos y cuatro razas comerciales no relacionadas, donde la diferenciación con árboles filogenéticos mostró

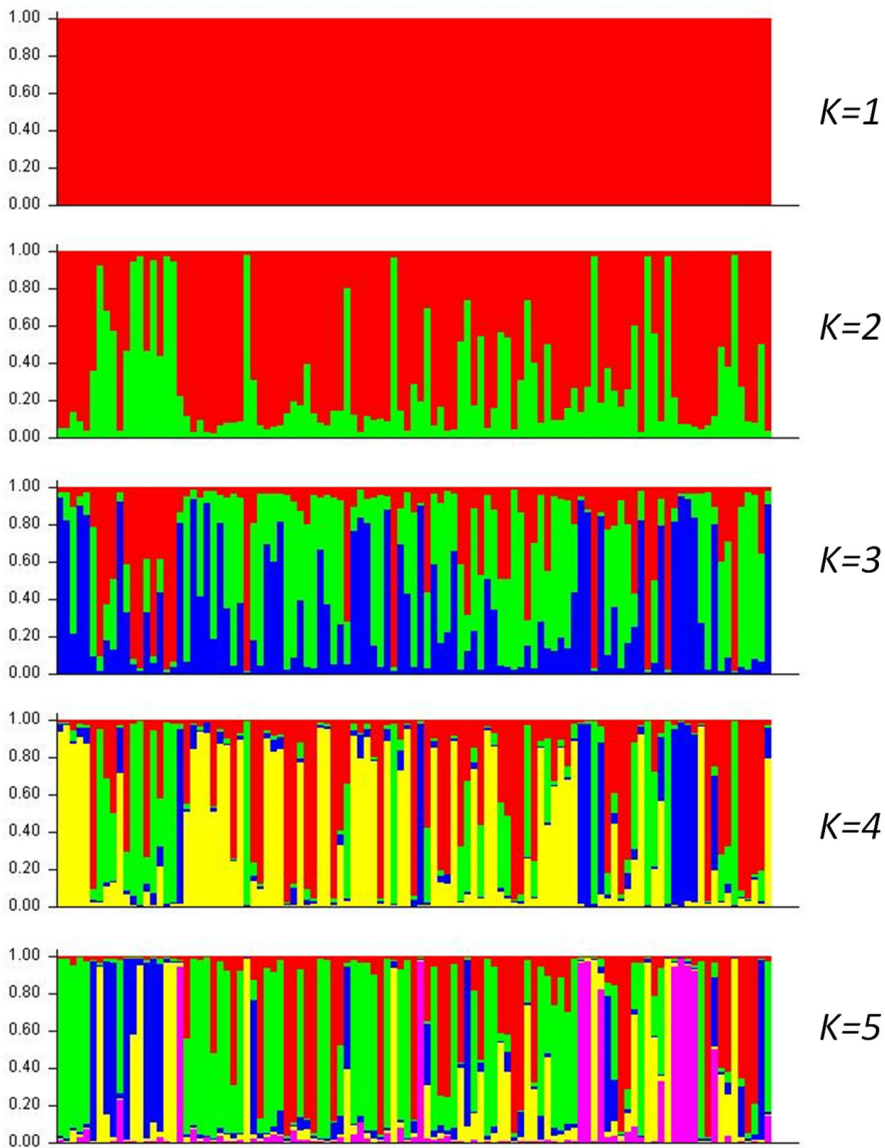


Fig. 2. Estructura genética de la población. Cada columna representa un individuo y la diversidad de colores expresa la proporción de líneas o genomas que lo conforma. Proporciones de cada línea a través de k : k_2 , 0,295 – 0,705; k_3 , 0,288 – 0,417 – 0,295; k_4 , 0,285 – 0,174 – 0,273 – 0,268; k_5 , 0,138 – 0,167 – 0,220 – 0,249 – 0,227.

Fig. 2. Genetic structure of the population. Each column represents an individual, and the color diversity expresses the proportion of lineages or genomes contributing to each individual. Proportions of each lineage across k : k_2 , 0,295 – 0,705; k_3 , 0,288 – 0,417 – 0,295; k_4 , 0,285 – 0,174 – 0,273 – 0,268; k_5 , 0,138 – 0,167 – 0,220 – 0,249 – 0,227.

una clara separación de los cerdos criollos con respecto a los comerciales; Lemus-Flores et al. (2020) ,en cerdos negros lampiños de Yucatán, reportaron la diferenciación o división en tres subpoblaciones. Canul et al. (2005) en el análisis de la variabilidad genética en dos poblaciones de CPM (P1, granjas rurales de traspatio; P2, centro

de rescate y conservación), señalan que la relación H_o vs H_e fue de contraste, en ambas poblaciones: $H_e > H_o$; en P1, la diferencia entre H_e y H_o fue del 36,4%; a través de poblaciones P1 > P2 para H_o y H_e ; para H_e , la diferencia entre P1 y P2 fue del 49,2%.

Tabla 1. Número de SNPs e indicadores de variabilidad genética a través de cromosoma.
Table 1. Number of SNPs and indicators of genetic variability across chromosome.

| Cr | N | p | q | MAF | He | Ho | PIC | HW | pval | FIS |
|----|------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|--------|
| 1 | 3134 | 0,501 | 0,499 | 0,270 | 0,360 | 0,355 | 0,287 | 1,401 | 0,468 | 0,014 |
| 2 | 2296 | 0,506 | 0,494 | 0,278 | 0,367 | 0,363 | 0,291 | 1,377 | 0,473 | 0,011 |
| 3 | 2059 | 0,496 | 0,504 | 0,274 | 0,365 | 0,363 | 0,291 | 1,238 | 0,483 | 0,005 |
| 4 | 2165 | 0,514 | 0,486 | 0,289 | 0,380 | 0,368 | 0,300 | 1,525 | 0,462 | 0,031 |
| 5 | 1651 | 0,511 | 0,489 | 0,291 | 0,380 | 0,363 | 0,300 | 1,710 | 0,432 | 0,045 |
| 6 | 2452 | 0,508 | 0,493 | 0,269 | 0,360 | 0,352 | 0,287 | 1,361 | 0,461 | 0,022 |
| 7 | 2108 | 0,500 | 0,500 | 0,289 | 0,379 | 0,370 | 0,300 | 1,645 | 0,423 | 0,023 |
| 8 | 2050 | 0,497 | 0,503 | 0,289 | 0,379 | 0,370 | 0,300 | 1,521 | 0,456 | 0,023 |
| 9 | 2224 | 0,491 | 0,509 | 0,286 | 0,376 | 0,364 | 0,298 | 1,504 | 0,441 | 0,032 |
| 10 | 1162 | 0,503 | 0,497 | 0,288 | 0,377 | 0,366 | 0,297 | 1,467 | 0,442 | 0,029 |
| 11 | 1292 | 0,500 | 0,501 | 0,290 | 0,379 | 0,364 | 0,299 | 1,593 | 0,445 | 0,039 |
| 12 | 968 | 0,492 | 0,508 | 0,275 | 0,367 | 0,361 | 0,292 | 1,444 | 0,453 | 0,016 |
| 13 | 2441 | 0,500 | 0,500 | 0,285 | 0,375 | 0,371 | 0,297 | 1,519 | 0,448 | 0,010 |
| 14 | 2320 | 0,504 | 0,496 | 0,287 | 0,376 | 0,379 | 0,297 | 1,307 | 0,463 | -0,008 |
| 15 | 2002 | 0,496 | 0,504 | 0,289 | 0,378 | 0,375 | 0,298 | 1,500 | 0,457 | 0,008 |
| 16 | 1329 | 0,504 | 0,496 | 0,293 | 0,384 | 0,388 | 0,303 | 1,434 | 0,445 | -0,010 |
| 17 | 961 | 0,502 | 0,498 | 0,267 | 0,358 | 0,359 | 0,286 | 1,332 | 0,451 | -0,003 |
| 18 | 919 | 0,497 | 0,503 | 0,283 | 0,374 | 0,369 | 0,296 | 1,315 | 0,460 | 0,013 |
| X | 2051 | 0,508 | 0,492 | 0,285 | 0,374 | 0,293 | 0,295 | 8,063 | 0,160 | 0,216 |

Cr, cromosoma; n, número de loci polimórficos posterior al proceso de edición; p – q, frecuencias alélicas promedio; MAF, frecuencia de alelo menor; He, valor promedio de heterocigosis esperada; Ho, valor promedio de heterocigosis observada; PIC, valor promedio del contenido de información polimórfica; HW, estadístico promedio para la prueba de equilibrio Hardy Weinberg; pval, valor de probabilidad promedio para la prueba de equilibrio Hardy Weinberg; FIS, estadístico FIS.

La diversidad genética es la base del potencial evolutivo de las especies para responder a los cambios ambientales, siendo un pilar esencial en la genética de la conservación. Las poblaciones con cierto riesgo de extinción pueden derivar en diferentes grupos de cría, ya sea en diferentes fragmentos de hábitats o en líneas, que se subdividen, a su vez, en unidades reproductivas más pequeñas interconectadas. Por lo tanto, la caracterización y la gestión de la diversidad genética deben realizarse considerando estructuras poblacionales idiosincrásicas (Toro y Caballero, 2005).

CONCLUSIONES

La población de cerdo pelón mexicano analizada presenta una subdivisión en dos líneas o genomas. Los niveles de variabilidad genética a través de cromosomas pueden ser de utilidad en el diseño de esquemas de conservación y desarrollo sustentable.

AGRADECIMIENTOS

A la Asociación Mexicana Especializada en Cerdos Criollos y al Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios por el apoyo de logística y traslado, así como el financiamiento, para el muestreo y procesamiento de las muestras con el chip GGP Porcine BeadChip 50K.

Contribución de autores

Todos los autores contribuyeron en cada etapa de la investigación, incluyendo la revisión bibliográfica, el diseño metodológico, la interpretación de los resultados y la aprobación de la versión final del manuscrito.

LITERATURA CITADA

Aulchenko, Y.S., S. Ripke, A. Isaacs and C.M. Van Duijn. 2007. GenABEL: an R library for genome-wide association analysis. *Bioinformatics* 23(10):1294-1296.

- Burgos-Paz, W., C.A. Souza, H.J. Megens, Y. Ramayo-Caldas, M. Melo, C. Lemus-Flores, E. Caal, H.W. Soto, R. Martínez, L.A. Alvarez, L. Aguirre, V. Iñiguez, M.A. Revidatti, O.R. Martínez-López, S. Llambi, A. Esteve-Codina, M.C. Rodríguez, R.P.M.A. Crooijmans, S.R. Paiva, L.B. Schook, M.A.M. Groenen and M. Pérez-Enciso. 2013. Porcine colonization of the Americas: a 60k SNP story. *Heredity* 110:321–330.
- Canul, S.M., V.A. Sierra, M.A. Martínez, O.J. Ortiz, J.V. Delgado, J.L. Vega-Pla, y G.F. Pérez. 2005. Caracterización genética del cerdo pelón mexicano mediante marcadores moleculares. *Archivos de Zootecnia* 54:267-272.
- Diao, S., S. Huang, Z. Xu, S. Ye, X. Yuan, Z. Chen and J. Li. 2019. Genetic diversity of indigenous pigs from South China area revealed by SNP array. *Animals* 9(6):361.
- Earl, D.A. and B.M. vonHoldt. 2012. Structure Harvester: a website and program for visualizing Structure output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resource* 4: 359-361.
- Evanno, G., S. Regnaut and J. Goudet. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology* 14:2611-2620.
- FAO. 1998. Management of small populations at risk: Secondary guidelines for development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans.
- FAO. 2012. Phenotypic characterization of animal genetic resources. *FAO Animal Production and Health Guidelines* 11:1-134.
- Granato, I.S., G. Galli, E.G. Couto de Oliveira, M.B. Souza, L.F. Mendonça and R. Fritsche-Neto. 2018. snpReady: a tool to assist breeders in genomic analysis. *Molecular Breeding* 38:1-7.
- Krupa, E., N. Moravčíková, Z. Krupová and E. Žáková. 2021. Assessment of the genetic diversity of a local pig breed using pedigree and SNP data. *Genes* 12:1972.
- Lemus, C. y M.L. Alonso. 2005. El cerdo Pelón Mexicano y otros cerdos criollos. Universidad Autónoma de Nayarit. México.
- Lemus-Avalos, G., J.G. Rodríguez-Carpena, W.O. Burgos-Paz, C. Lemus-Flores y C.A. Carmona-Gasca. 2024. Exploring the genetic of three hairless pig breed populations in Mexico. *Revista Facultad Agronomía (LUZ)* 41(3):e244122.
- Lemus-Flores, C., R. Alonso-Morales, H. Toledo-Alvarado, R. Sansor-Nah, W. Burgos-Paz y D. Dzib-Cauich. 2020. Diversidad genética y estructura poblacional del cerdo negro lampiño de Yucatán usando chip SNP50. *Abanico Veterinario* 10(1):1-12.
- Lemus-Flores, C., R. Ulloa-Arvizu, M. Ramos-Kuri, F.J. Estrada and R.A. Alonso. 2001. Genetic analysis of Mexican hairless pig populations. *Journal of Animal Science* 79(12):3021-3026.
- Núñez-Domínguez, R., R. Ramírez-Valverde, I.A. Saavedra-Jiménez y J.G. García-Muñiz. 2016. La adaptabilidad de los recursos zoogenéticos criollos, base para enfrentar los desafíos de la producción animal. *Archivos de Zootecnia* 53:461-468.
- Ocampo-Gallego, R.J., J.A. Tobón-Castaño, P.Y. Martínez-Oquendo, E.J. Ramírez-Toro y 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.
- Porrás-Hurtado L, Y. Ruiz, C. Santos, C. Phillips, A. Carracedo and M.V. Lareu MV. 2013. An overview of STRUCTURE: applications, parameter settings, and supporting software. *Frontiers in Genetics* 4:98.
- Pritchard, J.K., X. Wen and D. Falush. 2010. Documentation for structure software: Version 2.3. University of Chicago, Chicago, IL. U.S.A.
- Purcell, S., B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M.A. Ferreira, D. Bender, J. Maller, P. Sklar, P. I. Bakker, D.J. Daly and P.C. Sham. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics* 81:559-575.
- Ramírez-Reyes, J.M., E. García-Robles, A. Medellín-Cazares, W. Osorto-Hernández y J Domínguez-Viveros. 2020. Caracterización genética y fenotípica de una población de cerdo pelón mexicano. *Archivos de Zootecnia* 69:398-404.
- Revidatti, M.A., J.V. Delgado-Bermejo, L.T. Gama, V. Landi-Periati, C. Ginjas, L.A. Alvarez, J.L. Vega-Pla, A.M. Martínez and BioPig Consortium. 2014. Genetic characterization of local Criollo pig breeds from the Americas using microsatellite markers. *Journal of Animal Science* 92:4823–4832.
- SAGARPA. 2007. Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios de México. Secretaría 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.
- 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. *In: XV Jornadas sobre Producción Animal*. Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario. Zaragoza, 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., 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 V, A.C. 2000. Conservación genética del cerdo Pelón en Yucatán y su integración a un sistema de producción sostenible: primera aproximación. *Archivos de Zootecnia* 49:1-8.
- Toro, M.A. and A. Caballero. 2005. Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 360(1459):1367-1378.