



## Detección de señales de selección en cerdo pelón mexicano



Juan Manuel Ramírez-Reyes <sup>a</sup>

Joel Domínguez-Viveros <sup>b\*</sup>

Carlos Fernando Aréchiga-Flores <sup>a</sup>

Romana Melba Rincón-Delgado <sup>a</sup>

Guadalupe Nelson Aguilar-Palma <sup>b</sup>

Francisco Joel Jahuey-Martínez <sup>b</sup>

Perla Lucía Ordoñez-Baquera <sup>b</sup>

<sup>a</sup> Universidad Autónoma de Zacatecas. Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Carretera Panamericana, tramo Zacatecas - Fresnillo km 31.5, 98500; Gral. Enrique Estrada, Zacatecas, México.

<sup>b</sup> Universidad Autónoma de Chihuahua. Facultad de Zootecnia y Ecología. Chihuahua, Chihuahua, México.

\*Autor de correspondencia: [jodominguez@uach.mx](mailto:jodominguez@uach.mx)

### Resumen:

El cerdo pelón mexicano (CPM) es una subpoblación de cerdos criollos, caracterizado por presentar rusticidad, resistencia a enfermedades y tener una gran calidad de carne, lo que le confiere cualidades genéticas sobresalientes. Las señales en el genoma, derivadas de la selección genética, pueden ser utilizadas para asociarse a genes y locus de características cuantitativas (QTL). El objetivo del presente estudio fue determinar si existen señales de selección (SS) en el genoma del CPM, así como asociar a genes candidatos (GC) y QTL con las regiones que denoten SS. Se genotipificaron 107 cerdos con el chip GGP Porcine BeadChip 50 k, la SS se determinó mediante el método puntuación de haplotipos integrados

(iHS), con el cual se observó SS significativa ( $P < 0.0001$ ) en 20 marcadores distribuidos en los cromosomas 3, 5, 6, 7, 8, 16 y 17. El cromosoma 8 presentó mayor conservación e intensidad, con posible asociación a respuesta a la selección en recientes generaciones; en los cromosomas 3 y 7 se observaron haplotipos pequeños y menos delimitados, como indicador de selección natural o adaptación. Los GC se relacionaron a características asociadas con el sistema inmune, adaptación, comportamiento, obesidad, implantación y desarrollo embrionario, calidad de la carne, crecimiento, desarrollo y eficiencia alimenticia. Se asociaron 146 QTL, los cuales están relacionados con comportamiento, conformación, gordura, capacidad inmune y reproducción. Existen SS en CPM, la cual se puede aprovechar en programas conservación y mejoramiento genético.

**Palabras clave:** QTL, Genes candidatos, Recursos zoo genéticos, Razas criollas, SNP.

Recibido: 18/06/2024

Aceptado: 14/01/2025

El cerdo pelón mexicano (CPM) es una subpoblación de cerdos criollos<sup>(1)</sup>, su origen se remonta a la colonización del continente americano. En Europa, las bases genéticas del cerdo se atribuyen a cuatro líneas: Céltica, Ibérica, Napolitana y Asiática<sup>(2,3)</sup>. El arraigo y distribución a través del continente americano tuvo trascendencia por la interacción genotipo-medio ambiente<sup>(4)</sup>; los efectos de selección, regulada por los humanos y el ambiente, han generado distintas razas y líneas con sus particularidades productivas y funcionales<sup>(5,6)</sup>. El CPM es un reservorio de material genético<sup>(3)</sup>, con alta rusticidad, adaptación a climas adversos y resistencia a enfermedades, se desplaza por largas distancias en terrenos hostiles y con escasez de alimento<sup>(7,8,9)</sup>; además, presenta carne de buena calidad debido a la grasa intramuscular que deposita<sup>(10)</sup>.

Los patrones de variación genética brindan información sobre mecanismos genéticos asociados a rasgos de adaptación y producción. La expresión genética realiza un papel importante durante el transcurso de domesticación y evolución, descifrar los mecanismos de selección subyacentes no solo beneficia la conservación y crianza, sino que también impacta en la identificación de genes asociados con procesos biológicos, rasgos productivos y reproductivos de interés<sup>(11)</sup>. Los procesos de selección dejan huella en el genoma, tales como reducción de la diversidad genética y la existencia de haplotipos<sup>(12)</sup>. Aplicaciones de genómica, a partir de secuenciación de alta densidad, han hecho posible la identificación de señales de selección, caracterizando sucesos de selección natural y artificial<sup>(5,13)</sup>. Las señales de selección (SS), se asumen con la detección de regiones genómicas en las que se ubican variantes genéticas expuestas a un aumento rápido de frecuencias alélicas, dado la presión de

selección, o la determinación de regiones genómicas fijadas en una población con fenotipos establecidos<sup>(5)</sup>.

La estadística basada en haplotipos detecta un rápido incremento de un alelo seleccionado a una frecuencia media, en el transcurso del cual, el rango de asociación de haplotipos no se pierde por recombinación<sup>(14)</sup>. La exploración en el genoma en búsqueda de SS ha detectado señales de genes candidatos asociados a variables fenotípicas y rasgos de interés económico<sup>(15)</sup>. Dado la relevancia del CPM, como recurso genético con cualidades de adaptación y rusticidad, así como potenciales productivos, los objetivos del presente estudio fueron identificar las posibles SS, así como como asociar genes candidatos (GC) y loci de caracteres cuantitativos (QTL) con las regiones que denoten selección.

Se analizaron los genotipos de 107 CPM, muestreados en 12 unidades de producción, bajo el esquema de traspatio y extensivo, ubicadas en los estados de Yucatán, Campeche y Quintana Roo. Los cerdos muestreados cumplen las especificaciones del patrón racial del CPM y derivan del registro genealógico de la Asociación Mexicana Especializada en Cerdo criollo<sup>(16)</sup>. Los genotipos conforman el panel de 50657 SNP (Polimorfismos de Nucleótido Simple) integrados en el chip GGP Porcine BeadChip 50K. Se descartó los SNP con frecuencia de alelo menor (MAF) por debajo de 0.05 y tasa de genotipado por debajo de 0.90, así como individuos con más de 10 % de genotipos faltantes. Posterior a la edición, los genotipos faltantes fueron imputados, formando haplotipos por desequilibrio de ligamiento con el software SHAPEIT v.2<sup>(17)</sup>. Con la librería CMplot<sup>(18)</sup> de R se generó el gráfico de posición de SNP en el genoma porcino *Sus scrofa* 10.2, según su ubicación a través de cromosomas. Para la detección de SS se utilizó el método de integración de haplotipos<sup>(19)</sup> (iHS; integrated haplotype score), el cual es una variante del método de homocigosidad en haplotipos (EHH; haplotype homozygosity)<sup>(20)</sup>. El iHS requiere la presencia del alelo ancestral, identifica selecciones positivas, dado que la frecuencia del haplotipo derivados se ve incrementada. El análisis se realizó con la librería rehh 2.0 del paquete R<sup>(21)</sup>, el estadístico de prueba se generó a partir de la ecuación:

$$iHS(s) = \frac{\log\left(\frac{iHHa}{iHHd}\right)(s) - \mu^{ps} [\log\left(\frac{iHHa}{iHHd}\right)]}{\sigma^{ps} [\log\left(\frac{iHHa}{iHHd}\right)]}$$

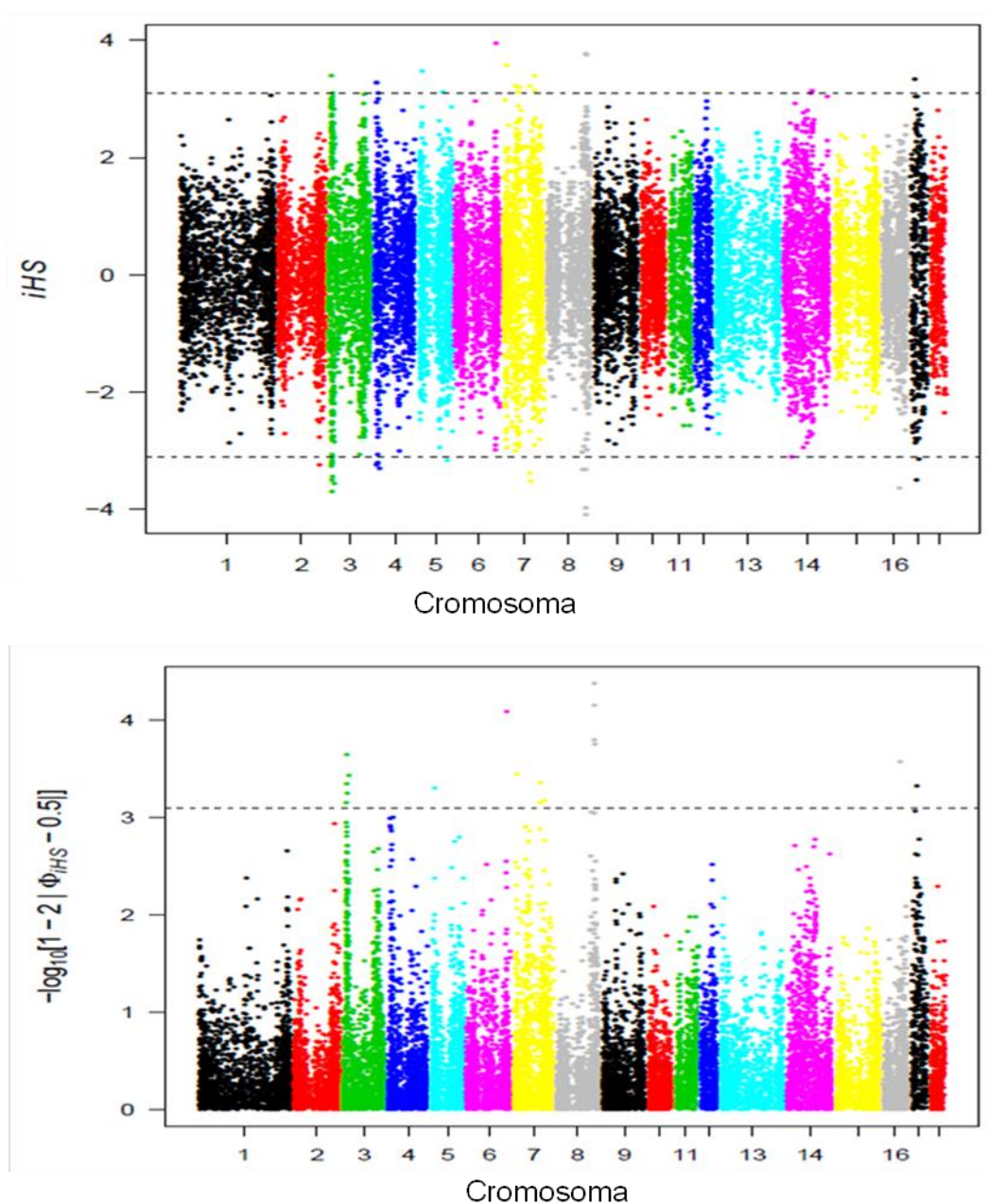
Donde: iHS(s), puntuación de haplotipos integrados; iHHa, área bajo la curva de la extensión de la homocigosidad haplotípica para los alelos ancestrales; iHHd, área bajo la curva de la extensión de la homocigosidad haplotípica para los alelos derivados;  $\mu^{ps}$ , media de la estandarización, calculada sobre todos los SNP con frecuencia alélica derivada ( $ps$ ) similar a la del núcleo SNP ( $s$ );  $\sigma^{ps}$ , desviación estándar de la estandarización, calculada sobre todos los SNP con frecuencia alélica derivada ( $ps$ ) similar a la del núcleo SNP ( $s$ ). Posterior a la estandarización de los datos se realizó la transformación piHS con base en la ecuación piHS

$= -\log_{10}(1 - 2|\Phi(iHS) - 0.5|)$ ; donde:  $\Phi(x)$  representa la función de distribución acumulativa gaussiana.

Los SNP tienen una aproximación a la distribución neutral y piHS se interpreta como un valor de probabilidad (Pval; en una escala - log10) asociado a la hipótesis neutral de no selección, los marcadores que expresaron un Pval<0.0001 se tomaron como significativos que presentan señal de selección. Se utilizaron los alelos ancestrales derivados del estudio realizado por Bianco *et al*<sup>(22)</sup>, donde reportan un catálogo de variaciones autosómicas de un solo nucleótido utilizando cuatro especies de *Sus* (*Sus barbatus*, *Sus celebensis*, *Sus verrucosus* y *Sus cebifrons*) y una especie de *Phacochoerus* (*warthog africano*) como grupo externo. Con la librería pegas del paquete R<sup>(23)</sup> se realizó la gráfica de los haplotipos derivados del desequilibrio de ligamiento de los cromosomas con mayor número de marcadores con significancia ante la señal de selección. Con los marcadores con SS significativa (pval<0.0001) se realizó la asociación de GC y QTL mediante la alineación de posiciones utilizando la librería Genomic Ranges del paquete R<sup>(24)</sup>, el cual se basa en asignar cada SNP a todos los genes localizados parcial o completamente en una región de 0.75 Mb alrededor de cada loci, a partir de las referencias publicadas en el NCBI (National Center for Biotechnology Information) y el EBI (European Bioinformatics Institute). Se utilizó la librería BiomaRt del paquete R<sup>(25)</sup> para acceder a la base de datos Ensembl y realizar el traslape de genes candidatos con las regiones que denotaron SS. La información de los QTL fue consultada en la base de datos Pig QTLdb<sup>(26)</sup>.

Posterior al proceso de edición se estimó el iHS para 33499 SNP. En la Figura 1 se presentan los marcadores o regiones genómicas que presentan señal de selección significativa ( $P<0.0001$ ), así como los iHS y piHS distribuidos a través de los diversos cromosomas. El resultado mostró disminución de homocigosidad haplotípica sobre un *loci*, con base en la comparación entre el alelo derivado y el ancestral dentro de una población determinada; valores extremos de iHS (negativos o positivos) denotan una homocigosidad haplotípica excesiva sobre los alelos ancestrales o derivados, de tal manera que las regiones genómicas que presentan picos de iHS en una o ambas direcciones son importantes debido a que han sufrido selección.

**Figura 1:** Gráficos de tipo Manhattan con valores iHS halotipos (integrated haplotype score), halotipos y la transformación piHS ( $\text{piHS} = -\log_{10}(1 - 2|\Phi(i\text{HS}) - 0.5|)$ )



Los valores que rebasan la línea punteada denotan significancia estadística ( $P < 0.0001$ ).

Fueron 20 marcadores los que denotaron significancia ( $P < 0.0001$ ) a la SS (Cuadro 1), distribuidos en los cromosomas 3, 5, 6, 7, 8, 16 y 17.

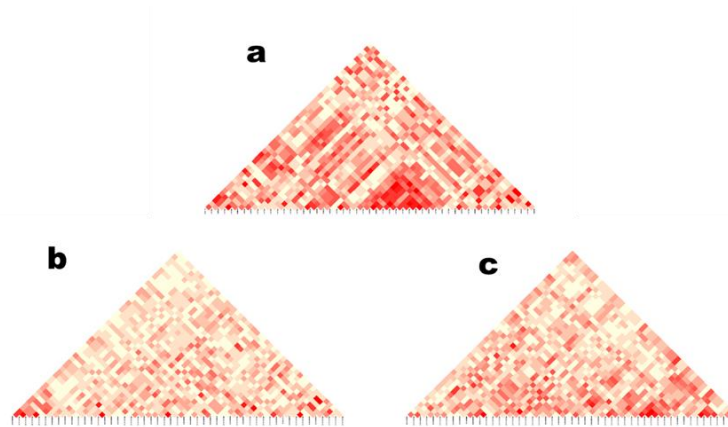
**Cuadro 1:** Marcadores SNP con significancia estadística ( $P < 0.0001$ ) en las regiones genómicas con señales de selección

SNP	CHR	Posición (pb)	iHS	piHS	P-valor
WU_10.2_8_128404843	8	128404843	-4.094	4.373	4.24E-05
WU_10.2_8_128418568	8	128418568	-3.976	4.154	7.01E-05
ASGA0096926	6	134750885	3.941	4.090	8.13E-05
WU_10.2_8_128447508	8	128447508	3.776	3.797	1.59E-04
WU_10.2_8_128761047	8	128761047	3.753	3.757	1.75E-04
WU_10.2_3_14556426	3	14556426	-3.690	3.649	2.25E-04
WU_10.2_16_59651156	16	59651156	-3.645	3.574	2.67E-04
WU_10.2_7_12543606	7	12543606	3.568	3.445	3.59E-04
MARC0081434	3	21071325	-3.563	3.436	3.66E-04
WU_10.2_7_88718236	7	88718236	-3.514	3.355	4.42E-04
ASGA0013651	3	15463031	-3.509	3.347	4.50E-04
WU_10.2_17_27206748	17	27206748	-3.493	3.320	4.78E-04
WU_10.2_5_10602026	5	10602026	3.483	3.304	4.96E-04
WU_10.2_3_16123577	3	16123577	-3.446	3.245	5.69E-04
MARC0106494	7	101800928	3.405	3.179	6.63E-04
WU_10.2_3_13551908	3	13551908	3.390	3.155	7.00E-04
ALGA0042950	7	87847151	-3.385	3.148	7.12E-04
ASGA0075836	17	21585923	3.332	3.064	8.62E-04
WU_10.2_8_118363092	8	118363092	-3.327	3.056	8.79E-04
WU_10.2_8_128287306	8	128287306	-3.319	3.044	9.04E-04

SNP= nombre de referencia del SNP; CHR= cromosoma de *Sus scrofa*; Posición (pb) = pares de bases; iHS= puntaje del haplotipo; piHS= puntaje del haplotipo transformado.

Los haplotipos de los cromosomas con presencia de marcadores con selección se muestran en la Figura 2; el cromosoma 8 presentó mayor conservación e intensidad, con posible asociación a respuesta a la selección en recientes generaciones; en los cromosomas 3 y 7 se observaron haplotipos pequeños y menos delimitados, como indicador de selección natural o adaptación.

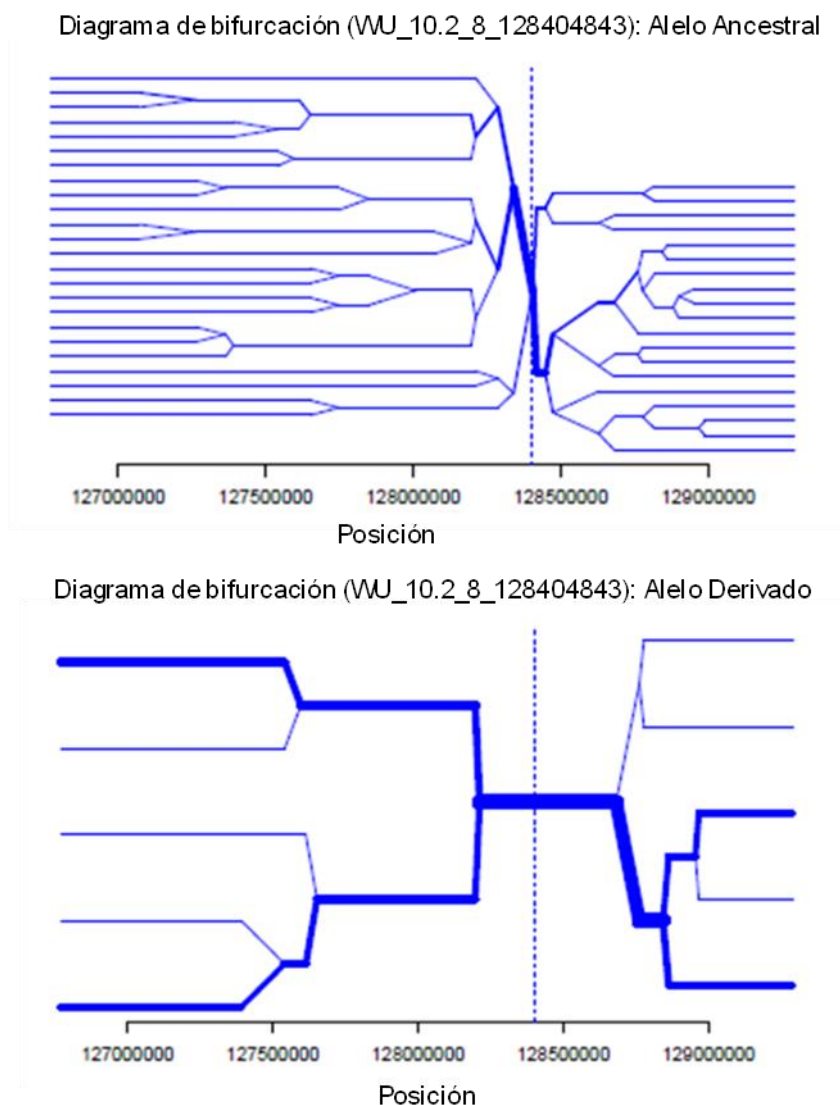
**Figura 2:** Haplotipos de los cromosomas significativos: a) cromosoma 8; b) cromosoma 7; c) cromosoma 3



El eje de abscisas representa los *loci* donde se está midiendo el desequilibrio de ligamiento; el eje vertical representa los *loci* de contraste con el que se midió el desequilibrio de ligamiento. El valor dentro de cada celda (mapa de calor; intensidad de color) representa el valor del desequilibrio de ligamiento ( $r^2 = 0$  a 1) entre los loci correspondientes; a mayor intensidad en el color, muestra desequilibrio (los alelos en esos *loci* se heredarán juntos); baja intensidad, indican que los loci son independientes.

En la Figura 3 se muestra la estructura de haplotipos alrededor del alelo central (WU\_10.2\_8\_128404843) con mayor piHS ( $P < 0.00005$ ). El diagrama bidireccional permite interpretar el origen de una SS, traza el desglose de DL a distancias cada vez mayores del alelo central en el SNP focal seleccionado. La raíz (SNP focal) del diagrama es el alelo central y se identifica mediante una línea punteada de forma vertical. El diagrama es bidireccional y representa la DL centrómero proximal y el centrómero distal. En una dirección, cada marcador es una oportunidad para un nodo, el diagrama se divide o no (en función de si ambos o solo un alelo) está presente; el desglose de DL en el fondo del haplotipo central se representa a distancias progresivamente más largas. El grosor de las líneas corresponde al número de individuos con el haplotipo de larga distancia indicado, a mayor número de individuos, el grosor será mayor<sup>(21)</sup>.

**Figura 3:** Estructura de haplotipos (posición en pares de bases) alrededor del alelo central (WU\_10.2\_8\_128404843)



En las regiones candidatas que presentaron selección se identificaron genes ENSEMBL a través de cinco cromosomas (Cuadro 2). Las regiones con SS fueron: 15026769 a 103492964 del cromosoma 3; 10553433 a 66661654 del cromosoma 5; 134659633 a 134777072 del cromosoma 6; 12300999 a 102777822 del cromosoma 7; y, 118251236 a 128953331 del cromosoma 8. En la alineación de QTL, se asociaron 146 distribuidos en 7 cromosomas, ubicados en las regiones: 1456046 a 143758669 del cromosoma 3; 844337 a 109562487 del cromosoma 5; 25859176 a 146365886 del cromosoma 6; 48748 a 134608551 del cromosoma 7; 3470575 a 148491826 del cromosoma 8; 5836383 a 209900460 del cromosoma 13; y, 342954 a 83197113 del cromosoma 16. Los QTL identificados se agrupan en: comportamiento (tiempo dedicado a alimentarse, comportamiento de afrontamiento); conformación (posición del oído y área de la oreja, número de vértebras, conformación de

patas y piernas); gordura (área, peso, porcentaje y distribución de grasa, marmoleo, diámetro de los adipocitos); capacidad inmune (nivel del receptor tipo toll 2 y 9, proliferación celular inducida, concentración de C3C, porcentaje de leucocitos positivos, actividad hemolítica del complemento, número de neutrófilos segmentados, recuento de glóbulos blancos, actividad fagocítica); reproducción (capacidad uterina, peso del tracto reproductivo, número de pezones, edad en la pubertad, duración de la gestación).

**Cuadro 2:** Genes ubicados en regiones con señal de selección

Nombre del gen	ID	Función	Dominio
ENSSSCG00000007733	GO:0005509	Unión de iones de calcio	Función molecular
GALNT17*	GO:0000043	Polipéptido N-acetil galactosaminil transferasa	Función molecular
VIT*	GO:0000107	Vitrin	Procesos biológicos
RAC2	GO:0007264	Pequeña transducción de señales mediada por GTPasa	Procesos biológicos
SSTR3	GO:0004994	Actividad del receptor de Somatostatina	Función molecular
C1QTNF6	GO:0005515	Enlace proteico	Función molecular
ENSSSCG00000029668 (IL2RB)	GO:0004896	Actividad del receptor de citocinas	Función molecular
TMPRSS6	GO:0006508	Proteólisis	Procesos biológicos
CRACR2A	GO:0003924	Actividad de GTPasa	Función molecular
PARP11	GO:0003950	Actividad NAD + ADP-ribosiltransferasa	Función molecular
IFI44L*	GO:0000107	Proteína que contiene el dominio TLDC	Procesos biológicos
PTGFR	GO:0004958	Actividad del receptor de prostaglandina F	Función molecular
NRXN3			
ATXN1	GO:0045892	Regulación negativa de la transcripción, plantilla de ADN	Procesos biológicos
MANBA	GO:0005975	Proceso metabólico de carbohidratos	Procesos biológicos
NFKB1	GO:0006357	Regulación de la transcripción por la ARN polimerasa II	Procesos biológicos

A continuación, se describen 16 genes candidatos identificados en regiones con SS en CPM. 1) ENSSSCG00000007733, se considera un gen nuevo involucrado en las hernias umbilicales<sup>(27)</sup>. 2) VIT Vitrin, relacionado con hernias escrotales y umbilicales<sup>(28,29)</sup>. 3) RAC2 Sustrato 2 de toxina botulínica C3, es una GTPasa que se expresa en células hematopoyéticas con funciones en los leucocitos y neutrófilos<sup>(30)</sup>, participa en la regulación de distintas rutas de regulación del ciclo celular, apoptosis y respuesta inmune<sup>(31)</sup>. 4) SSTR3, es uno de los cinco genes que codifican para los receptores de la somatotropina y se expresa en la pituitaria<sup>(32)</sup>. 5) C1QTNF6, proteína 6 relacionada con el factor de necrosis tumoral, controla la deposición de grasa subcutánea e intramuscular por medio de las vías de señalización MAPK, p53, TNF y adipocinas<sup>(33)</sup>. 6) TMPRSS6, serina proteasa transmembrana de tipo dos, matriptasa – 2, regulador proteolítico de la homeostasis del hierro<sup>(34)</sup>. 7) CRACR2A, regulador 2A del canal activado de liberación de calcio; GTPasa, actúa en la transmisión de señales entre la estimulación del receptor de las células T y la activación de las rutas Ca<sup>2+</sup>-NFAT y JNK-API<sup>(35)</sup>. 8) PARP11, miembro 11 de la familia de las polimerasas ADP – ribosiltransferasa poli (ADP-ribosa), importante regulador de la eficiencia antiviral del IFN-1<sup>(36)</sup>. 9) ENSSSCG00000029668 (IL2RB), receptor de interleucina-2, las acciones pleiotrópicas son esenciales para la regulación de la respuesta inmune y del mantenimiento de la tolerancia inmunitaria<sup>(37)</sup>. 10) PTGFR, receptor de prostaglandina F2 $\alpha$ <sup>(38)</sup>. 11) IFI44L, es un gen inducible específico de interferón, puede producir un agotamiento de GTP celular, suprimiendo la señalización de la quinasa regulada por señales extracelulares deteniendo el ciclo celular<sup>(39)</sup>. 12) NRXN3 neurexina 3, gen candidato de susceptibilidad a trastornos del neurodesarrollo, las mutaciones modifican la estabilidad y función sináptica; se sintetiza en todas las neuronas excitadoras e inhibitorias<sup>(40,41)</sup>. 13) ATXN1 ataxina-1, la expresión anormal causa la enfermedad neurodegenerativa ataxia espinocerebelosa tipo 1<sup>(42)</sup>. 14) CCSER1, es un gen de proteína reguladora, asociado a rasgos económicos como crecimiento, desarrollo, eficiencia alimenticia y calidad de la leche<sup>(43-46)</sup>. 15) MANBA beta – manosidasa, desempeña funciones importantes en la regulación del sistema inmunológico<sup>(47,48)</sup>. 16) NFkB1, factor nuclear del potenciador del gen del polipéptido ligero kappa en células B1, reguladoras de la inmunidad, proliferación celular, respuesta al estrés y apoptosis<sup>(49)</sup>.

En la definición de una raza las marcas genéticas buscan regiones centrales positivas, inmersas a la selección artificial y natural en su entorno<sup>(50,51)</sup>. Las SS se derivan de procesos de selección que han aportado a la adaptación en distintos entornos y sistemas productivos<sup>(52)</sup>. A diferencia de las razas especializadas, en el CPM la selección no ha sido dirigida a parámetros de interés económico, sino a la conservación, adaptación y evolución misma. La selección en programas de conservación se desarrolla con criterios asociados a estándares de la raza, dirigida a la consolidación de rasgos específicos y estabilización del fenotipo, con cambios menos pronunciados en la frecuencia de los alelos relacionados<sup>(5)</sup>. Las SS en razas autóctonas se asocian con la domesticación y el establecimiento de estándares raciales, no con parámetros de interés económico dados por selección artificial<sup>(53)</sup>. Con relación a la

longitud del haplotipo, se relaciona con selección natural (regiones cortas) o selección artificial; no obstante, no existe una línea específica que divida el tipo de selección, pueden estar influenciadas entre sí y existir regiones superpuestas en el genoma<sup>(50)</sup>. Con respecto a razas autóctonas, Muñoz *et al*<sup>(53)</sup> identificaron SS en los cromosomas en razas europeas, con GC asociados a reproducción, comportamiento locomotor, metabolismo de lípidos, crecimiento y desarrollo; también señalan que el cromosoma 7 está asociado con procesos de la domesticación y con rasgos relacionados con el comportamiento animal. El cromosoma 8 ha sido referenciado con características de crecimiento, altura y conformación<sup>(52,54)</sup>, así como GC con la respuesta a enfermedades inmunes<sup>(55)</sup>.

El cromosoma 7 (Figura 2) presentó un haplotipo corto y degradado, el cual se puede relacionar a procesos de adaptación; el cromosoma 8 mostró un haplotipo largo y conservado, asociado a una selección reciente dirigida a parámetros morfológicos. En cerdos Laiwu, raza autóctona reconocida por su alto contenido de grasa intramuscular<sup>(12,56)</sup>, se han reportado SS asociando GC a características reproductivas, de desarrollo, crecimiento, gordura, ganancia de peso, consumo de alimento, respuesta inmune, deposición de grasa y tamaño de camada. Guo *et al*<sup>(50)</sup> identificaron GC asociados a la resistencia de enfermedades, rasgos reproductivos y calidad de la carne, como resultado de la detección de SS en el genoma de una población de cerdos indígenas de Anqing en China. Chen *et al*<sup>(57)</sup> reportaron QTL relacionados con el grosor de la grasa dorsal, color de la carne, valor del pH, contenido de ácidos grasos, células inmunes, inmunidad parasitaria e inmunidad bacteriana. Wang *et al*<sup>(58)</sup> identificaron SS en una población de cerdos Tunchang, con GC relacionados con adaptabilidad, resistencia a enfermedades y rasgos de metabolismo de lípidos; con estas características, los investigadores discuten que la raza Tunchang está más relacionada con cerdos autóctonos que con razas especializadas. Quin *et al*<sup>(59)</sup> evaluaron regiones en el genoma que sufrieron selección asociadas a GC que regulan la inmunidad y la deposición de grasa en cerdos autóctonos de Shandong China. Gurgul *et al*<sup>(5)</sup> estudiaron razas de cerdos en programas de conservación en Polonia, donde detectaron varias SS con GC asociados a vías metabólicas, respuesta del sistema inmunológico y desarrollo embrionario. En razas ibéricas y Casertanas, los QTL y los escaneos en el genoma han identificado regiones y mutaciones relacionadas con aspectos morfológicos, parámetros productivos, salud, características de carne y canal<sup>(52,60)</sup>. Para cerdos autóctonos de Huainan y su cruce con la raza Duroc se han identificado SS, donde se asociaron QTL para contenido de grasa intramuscular en la raza autóctona y para la cruce se asociaron para el contenido de triglicéridos, cerdos momificados, hemoglobina y profundidad del músculo del lomo; la detección de SS es una herramienta viable para la evaluación del rendimiento productivo en el cruzamiento de cerdos autóctonos con razas especializadas<sup>(61)</sup>, por lo que la información genómica juega un papel importante en la mejora de programas de conservación<sup>(62)</sup>.

Se concluye que el CPM sufrió selección, y se identificaron GC y QTL asociados a la respuesta del sistema inmune, adaptación, comportamiento, obesidad, implantación y desarrollo embrionario, calidad de la carne por la grasa intramuscular, crecimiento, desarrollo y eficiencia alimenticia, así como características morfológicas que lo pueden distinguir de otras razas; también se observó que se seleccionaron indirectamente genes candidatos indeseables con relación a hernias umbilical y escrotal.

### Literatura citada:

1. Lemus C. Diversidad genética del cerdo criollo mexicano. Rev Comput Prod Porcina 2008;15:33-40.
2. Alonso MR, Ulloa AR, Salmeron SF, Huerta LB de J, Simón MJ, Ignacio LJ, *et al.* El cerdo criollo mexicano. Memoria del Segundo Foro de los Recursos Genéticos: Ganado Criollo. Chihuahua, Chih. 1998;67-72.
3. Lemus-Flores C, Ulloa-Arvizu R, Ramos-Kuri M, Estrada FJ, Alonso RA. Genetic analysis of Mexican hairless pig populations. J Anim Sci 2001;79(12):3021-3026.
4. Linares V, Linares L, Mendoza G. Caracterización etnozootécnica y potencial carnicero de *Sus scrofa* "cerdo criollo" en Latinoamérica. Sci Agrop 2011;2(2):97-110.
5. Gurgul A, Jasielczuk I, Ropka-Molik K, Semik-Gurgul E, Pawlina-Tyszko K, Szmatoła T, Krupiński J. A genome-wide detection of selection signatures in conserved and commercial pig breeds maintained in Poland. BMC Genetics 2018;19(1):1-17.
6. Huang M, Yang B, Chen H, Zhang H, Wu Z, Ai H, Huang L. The fine-scale genetic structure and selection signals of Chinese indigenous pigs. Evolut Applic 2020;13(2):458-475.
7. Benítez OW, Sánchez DM. Los cerdos criollos en América Latina. Los cerdos locales en los sistemas tradicionales de producción. Estudio FAO Producción y Sanidad Animal 2001;148:13-35.
8. Guerrero LA, Villagómez DAF, Huerta M, Estrada J, Luquín de Anda S, Rosales SA, Ayala MA. Comparación de los niveles de IgG en cerdos Pelón Mexicano y Yorkshire x Landrace en diferentes etapas de maduración inmunológica. Rev Comput Prod Porcina 2008;15(1):72-75.
9. Cen V, Sierra Á, Alonso R, Bustillos RZ, Ortiz J, Reyes A. Caracterización del gen *Sladqb* en el cerdo pelón de Yucatán México. Actas Iberoam Conserv Animal 2011;184-186.
10. Lemus C, Alonso ML. El cerdo Pelón Mexicano y otros cerdos criollos. Universidad Autónoma de Nayarit. Tepic, 2005.

11. Diao SQ, Luo YY, Ma YL, Deng X, He YT, Gao NY, Zhang Z. Genome-wide detection of selective signatures in a Duroc pig population. *J Integ Agric* 2018;17(11):2528-2535.
12. Chen M, Wang J, Wang Y, Wu Y, Fu J, Liu JF. Genome-wide detection of selection signatures in Chinese indigenous Laiwu pigs revealed candidate genes regulating fat deposition in muscle. *BMC Genet* 2018;19(1):31.
13. Edea Z, Hong JK, Jung JH, Kim DW, Kim YM, Kim ES, Kim KS. Detecting selection signatures between Duroc and Duroc synthetic pig populations using high-density SNP chip. *Anim Genet* 2017;48(4):473-477.
14. Sugin M, Kim TH, Lee KT, Kwak W, Lee T, Lee SW, Kim H. A genome-wide scan for signatures of directional selection in domesticated pigs. *BMC Genom* 2015;16(1):1-12.
15. Wilkinson S, Lu ZH, Megens HJ, Archibald AL, Haley C, Jackson IJ, Wiener P. Signatures of diversifying selection in European pig breeds. *Plos Genet* 2013;9(4):e1003453.
16. SAGARPA. Reglamento técnico de la asociación mexicana especializada en cerdos criollos. Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. México. 2013.
17. O'Connell J, Gurdasani D, Delaneau O, Pirastu N, Ulivi S, Cocca M, McQuillan R. A general approach for haplotype phasing across the full spectrum of relatedness. *Plos Genet* 2014;10(4):e1004234.
18. Yin L, Zhang H, Tang Z, Xu J, Yin D, Zhang Z, Liu X. rMVP: A memory-efficient, visualization-enhanced, and parallel-accelerated tool for genome-wide association study. *Genom Proteom Bioinf* 2021;19(4):619-628.
19. Voight BF, Kudravalli S, Wen X, Pritchard JK. A map of recent positive selection in the human genome. *Plos Biology* 2006;4:e72.
20. Sabeti PC, Reich DE, Higgins JM, Levine HZP, Richter DJ, Schaffner SF, *et al.* Detecting recent positive selection in the human genome from haplotype structure. *Nature* 2002;419:832-837.
21. Gautier M, Klassmann A, Vitalis R. rehh 2.0: a reimplementación of the R package rehh to detect positive selection from haplotype structure. *Mol Ecol Resour* 2017;17(1):78-90.
22. Bianco E, Nevado B, Ramos-Onsins SE, Perez-Enciso M. A deep catalog of autosomal single nucleotide variation in the pig. *Plos One* 2015;10(3):e0118867.

23. Paradis E. Pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach. *Bioinformatics* 2010;26:419-420.
24. Lawrence M, Huber W, Pagès H, Aboyoun P, Carlson M, Gentleman R, Morgan TM, Carey VJ. Software for computing and annotating genomic ranges. *Plos Comput Biol* 2013;9(8):e1003118.
25. Durinck S, Spellman P, Birney E, Huber W. Mapping identifiers for the integration of genomic datasets with the R/Bioconductor package biomaRt. *Nature Protocols* 2009;4:1184–1191.
26. Hu ZL, Park CA, Reecy JM. Developmental progress and status of the Animal QTLdb. *Nucleic Acids Res* 2016;44:827-833.
27. Savoldi IR, Ibelli AMG, Cantão ME, Peixoto JDO, Pires MP, Mores MAZ, Ledur MC. A joint analysis using exome and transcriptome data identifies candidate polymorphisms and genes involved with umbilical hernia in pigs. *BMC Genom* 2021;22(1):1-17.
28. Souza MR, Ibelli AMG, Savoldi IR, Cantão ME, Peixoto JDO, Mores MAZ, Ledur MC. Transcriptome analysis identifies genes involved with the development of umbilical hernias in pigs. *Plos One* 2020;15(5):e0232542.
29. Rodrigues AFG, Ibelli AMG, Peixoto JDO, Cantão ME, Oliveira HCD, Savoldi IR, Ledur MC. Genes and snps involved with scrotal and umbilical hernia in pigs. *Genes* 2021;12(2):166.
30. Lim MBH, Kuiper JW, Katchky A, Goldberg H, Glogauer M. Rac2 is required for the formation of neutrophil extracellular traps. *J Leukocyte Biol* 2011;90(4):771-776.
31. Zhu S, Si J, Zhang H, Qi W, Zhang G, Yan X, Lan G. Comparative serum proteome analysis indicates negative correlation between a higher immune level and feed efficiency in pigs. *Vet Sci* 2023;10(5):338.
32. Lee M, Lupp A, Mendoza N, Martin N, Beschorner R, Honegger J, *et al.* SSTR3 is a putative target for the medical treatment of gonadotroph adenomas of the pituitary. *Endocrine-related Cancer* 2015;22(1):111-119.
33. Wu W, Ji M, Xu K, Zhang D, Yin Y, Huang X, Zhang J. Knockdown of CTRP6 reduces the deposition of intramuscular and subcutaneous fat in pigs via different signaling pathways. *Biochimica Biophysica Acta (BBA)-Molecular and Cell Biology of Lipids* 2020;1865(8):158729.
34. Ramsay AJ, Hooper JD, Folgueras AR, Velasco G, López-Otín C. Matriptase-2 (TMPRSS6): a proteolytic regulator of iron homeostasis. *Haematologica* 2009;94(6):840.

35. Wu B, Rice L, Shrimpton J, Lawless D, Walker K, Carter C, Savic, S. Biallelic mutations in calcium release activated channel regulator 2A (CRACR2A) cause a primary immunodeficiency disorder. *Elife* 2021;10:e72559.
36. Guo T, Zuo Y, Qian L, Liu J, Yuan Y, Xu K, Zheng H. ADP-ribosyltransferase PARP11 modulates the interferon antiviral response by mono-ADP-ribosylating the ubiquitin E3 ligase  $\beta$ -TrCP. *Nature Microbiology* 2019;4(11):1872-1884.
37. Fernández IZ, Baxter RM, Garcia-Perez JE, Vendrame E, Ranganath T, Kong DS, Hsieh EW. A novel human IL2RB mutation results in T and NK cell-driven immune dysregulation. *J Exper Med* 2019;216(6):1255-1267.
38. Waclawik A, Kaczmarek MM, Blitek A, Kaczynski P, Ziecik AJ. Embryo-maternal dialogue during pregnancy establishment and implantation in the pig. *Mol Reprod Develop* 2017;84(9):842-855.
39. Hong JK, Jeong YD, Cho ES, Choi TJ, Kim YM, Cho KH, Lee DH. A genome-wide association study of social genetic effects in Landrace pigs. *Asian-Australasian J Anim Sci* 2018;31(6):784.
40. Harkin LF, Lindsay SJ, Xu Y, Alzu'bi A, Ferrara A, Gullon EA, Clowry GJ. Neurexins 1–3 each have a distinct pattern of expression in the early developing human cerebral cortex. *Cerebral Cortex* 2017;27(1):216-232.
41. Lloyd BA, Han Y, Roth R, Zhang B, Aoto, J. Neurexin-3 subsynaptic densities are spatially distinct from Neurexin-1 and essential for excitatory synapse nanoscale organization in the hippocampus. *Nature Communications* 2023;14(1):4706.
42. Lee Y, Fryer JD, Kang H, Crespo-Barreto J, Bowman AB, Gao Y, Zoghbi HY. ATXN1 protein family and CIC regulate extracellular matrix remodeling and lung alveolarization. *Develop Cell* 2011;21(4):746-757.
43. Xue Y, Li C, Duan D, Wang M, Han X, Wang K, Li XL. Genome-wide association studies for growth-related traits in a crossbreed pig population. *Anim Genet* 2021;52(2):217-222.
44. Smith JL, Wilson ML, Nilson SM, Rowan TN, Schnabel RD, Decker JE, Seabury CM. Genome-wide association and genotype by environment interactions for growth traits in US Red Angus cattle. *BMC Genom* 2022;23(1):1-22.
45. Xu Z, Wang X, Song X, An Q, Wang D, Zhang Z, Huang Y. Association between the copy number variation of CCSER1 gene and growth traits in Chinese *Capra hircus* (goat) populations. *Anim Biotech* 2023;34(4):1377-1383.

46. Yang G, Zhang J, Ma X, Ma R, Shen J, Liu M, Liang C. Polymorphisms of CCSE1 gene and their correlation with milk quality traits in Gannan Yak (*Bos grunniens*). *Foods* 2023;12(23):4318.
47. Gao J, Arbman G, He L, Qiao F, Zhang Z, Zhao Z, Sun XF. MANBA polymorphism was related to increased risk of colorectal cancer in Swedish but not in Chinese populations. *Acta Oncologica* 2008;47(3):372-378.
48. Hitomi Y, Nakatani K, Kojima K, Nishida N, Kawai Y, Kawashima M, Tokunaga K. NFKB1 and MANBA confer disease susceptibility to primary biliary cholangitis via independent putative primary functional variants. *Cel Mol Gastr Hepat* 2019;7(3):515-532.
49. Cartwright T, Perkins ND, Wilson CL. NFKB1: a suppressor of inflammation, ageing and cancer. *FEBS J* 2016;283(10):1812-1822.
50. Guo L, Sun H, Zhao Q, Xu Z, Zhang Z, Liu D, Pan Y. Positive selection signatures in Anqing six-end-white pig population based on reduced-representation genome sequencing data. *Anim Genet* 2021;52(2):143–154.
51. Pan B, Long H, Yuan Y, Zhang H, Peng Y, Zhou DEG. Identification of body size determination related candidate genes in domestic pig using genome-wide selection signal analysis. *Animals* 2022;12(14):1839.
52. Bovo S, Ribani A, Muñoz M, Alves E, Araujo JP, Bozzi R, Fontanesi L. Whole-genome sequencing of European autochthonous and commercial pig breeds allows the detection of signatures of selection for adaptation of genetic resources to different breeding and production systems. *Genet Sel Evol* 2020;52(1):1-19.
53. Muñoz M, Bozzi R, Garcia-Casco J, Nunez Y, Ribani A, Franci O, Ovilo C. Genomic diversity, linkage disequilibrium and selection signatures in European local pig breeds assessed with a high-density SNP chip. *Scientific Reports* 2019;9(1):13546.
54. Schiavo G, Bertolini F, Galimberti G, Bovo S, Dall'Olio S, Costa LN, Fontanesi L. Un enfoque de aprendizaje automático para la identificación de marcadores informativos sobre la población a partir de datos de genotipado de alto rendimiento: aplicación a varias razas de cerdos. *Animales* 2020;14(2):223-232.
55. Diao L, Chunlian L, Shang L, Mengyu J, Sai L, Liqin R, Hongzhan C. The population structure and selection signal analysis of Shenxian pigs based on genome resequencing technology. *bioRxiv* 2021;02.08.430358.

56. Wang X, Zhang H, Huang M, Tang J, Yang L, Yu Z, Ren J. Whole-genome SNP markers reveal conservation status, signatures of selection, and introgression in Chinese Laiwu pigs. *Evol Appl* 2020;14(2):383-398.
57. Chen Y, Wu X, Wang J, Hou Y, Liu Y, Wang B, Yin Z. Detection of selection signatures in Anqing six-end-white pigs based on resequencing data. *Genes* 2022;13(12):2310.
58. Wang F, Zha Z, He Y, Li J, Zhong Z, Xiao Q, Tan Z. Genome-wide re-sequencing data reveals the population structure and selection signatures of Tunchang pigs in China. *Animals* 2023;13(11).
59. Qin M, Li C, Li Z, Chen W, Zeng Y. Genetic diversities and differentially selected regions between Shandong indigenous pig breeds and western pig breeds. *Front Genet* 2020;10:1351.
60. Schiavo G, Bovo S, Tinarelli S, Bertolini F, Dall'Olio S, Gallo M, Fontanesi L. Genome-wide association analyses for several exterior traits in the autochthonous Casertana pig breed. *Livest Sci* 2019;230:103842.
61. Han Y, Tan T, Li Z, Ma Z, Lan G, Liang J, Bai L. Identification of selection signatures and loci associated with important economic traits in Yunan black and Huainan pigs. *Genes* 2023;14(3):655.
62. Zhang W, Liu L, Zhou M, Su S, Dong L, Meng X, Wang C. Assessing population structure and signatures of selection in Wanbei pigs using whole genome resequencing data. *Animals* 2022;13(1):13.