



Universidad Nacional de Rosario
Facultad de Ciencias Veterinarias

Trabajo de tesis realizado como requisito para optar al título de

DOCTOR EN CIENCIAS VETERINARIAS

VARIABILIDAD GENÉTICA EN CERDOS CRIOLLOS COSTEROS
(*Sus scrofa* Linnaeus, 1758) DEL ÁREA DE BAHÍA SAMBOROMBÓN,
BUENOS AIRES, Y SU POTENCIALIDAD COMO RECURSO
GENÉTICO EN PRODUCCIONES PORCINAS LOCALES

Autora: Lic. Diana Belén Acosta

Director: Dr. Mariano Lisandro Merino

Co-Directora: Dra. Gabriela Paula Fernández

-2022-

Universidad Nacional de Rosario
Facultad de Ciencias Veterinarias

**VARIABILIDAD GENÉTICA EN CERDOS CRIOLLOS COSTEROS
(*Sus scrofa* Linnaeus, 1758) DEL ÁREA DE BAHÍA SAMBOROMBÓN,
BUENOS AIRES, Y SU POTENCIALIDAD COMO RECURSO
GENÉTICO EN PRODUCCIONES PORCINAS LOCALES**

Autora: Lic. Diana Belén Acosta

Director: Dr. Mariano Lisandro Merino

Co-Directora: Dra. Gabriela Paula Fernández

MIEMBROS DEL JURADO DE TESIS

Dra. Sara Williams

Dra. Marina Dibárbora

Mg. Jorge Brunori

*A Juana,
por ser la luz que ilumina mi vida.*

AGRADECIMIENTOS

Antes que nada, quiero agradecer a mi familia, por inculcarme los valores que tengo y, sobre todo, por enseñarme a luchar por lo que deseo a pesar de las adversidades. Gracias por apoyarme y acompañarme en el camino de mi vida. Mamá, Papá, Vale, Agus, Tío Gabriel y abuelo Juan Carlos.

En este otro apartado, quiero agradecer especialmente a mi hija Juana, por ser la luz cálida y brillante de mis días, y por darme las fuerzas para querer ser una mejor persona día a día. Gracias por “aguantarme” estos años de trabajo en la tesis, sobre todo en aquellos donde me quedaba hasta largas horas de la noche con la computadora, y vos, a mi lado, dibujando.

Gracias a Dionisio, por tu amor, apoyo, paciencia y contención diaria.

Gracias Luz, por darme desde tu tranquilidad, humildad y profesión, las herramientas necesarias para no bajar los brazos, superarme y llevar lo mejor posible esta última etapa de tesis.

Adentrando en lo laboral, quiero agradecerles a mis directores, Mariano y Gabi, por darme la posibilidad de introducirme en el mundo de la ciencia mastozoológica, y conocer el maravilloso universo de la investigación. Gracias por confiar en mí desde que era una alumna de grado y, por darme la posibilidad, de crecer tanto.

En esa misma línea, quiero agradecer a mis dos compañeros fieles de grupo, Charly y Mati, por apoyarme laboral y emocionalmente siempre que los necesite. Todo este largo trayecto no hubiera sido igual sin su hermosa compañía.

Gracias Juli, por enseñarme, acompañarme y darme la posibilidad de conocer otras ramas del mundo científico. Gracias por tu contención laboral y emocional.

También quiero agradecer a todas las personas que trabajan dentro del CeBio, no puedo nombrar a cada una de ellas, pero voy a resaltar algunas que me acompañaron emocional y laboralmente todos estos años: Agus, Majo, Memé, Lucy y Andrés. Además, quiero agradecer a la gente que ya no está en el CeBio, pero que siempre estarán en mi corazón: Mara, Colo, Lu PG, Tori, Eli y Roli. Gracias Lu, por ser mi mejor traductora. Por último, le quiero agradecer al técnico del laboratorio, Daniel, por ayudarnos diariamente en nuestra labor.

Agradezco profundamente a las autoridades de la Facultad de Ciencias Veterinaria (UNR) por permitirme formar parte de su cuerpo de estudiantes del doctorado.

Gracias al director del doctorado, Dr. Pablo Marini, por estar siempre predispuesto a ayudar en todo lo que necesite durante todo el transcurso de estudio.

Gracias a los revisores de la tesis doctoral, Dra. Sara Williams, Dra. Marina Dibárbora y Mg. Jorge Brunori, por la evaluación de la tesis.

Gracias a la Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), por darme el lugar de trabajo para llevar a cabo mis investigaciones y tareas de docencia. Gracias también por subvencionar los trabajos de investigación tanto de campo como los de laboratorio.

Gracias al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), por darme una beca de estudio para llevar a cabo mi tesis doctoral.

Gracias a Bruno Carpinetti, por la colaboración en la toma de muestras, y por alojarnos en su campo durante las largas jornadas de campaña.

En esa misma línea, gracias a todos los colaboradores en los muestreos, Sebastián Cirignoli, Soledad Barandiaran, guardaparques de las reservas de la región de estudio pertenecientes al OPDS y, sobre todo, a cada uno de los productores por colaborar con entusiasmo en nuestro trabajo. Sin ellos, nada de esto hubiera sido posible.

CITAS BIBLIOGRÁFICAS CORRESPONDIENTES A LAS PUBLICACIONES PARCIALES DEL TRABAJO DE TESIS Y/O A LA DIFUSIÓN REALIZADA EN EL MARCO DE REUNIONES CIENTÍFICAS

PUBLICACIONES EN REVISTAS CIENTÍFICAS CON REFERATO:

- Acosta, D. B., C. E. Figueroa, G. P. Fernández, B. N. Carpinetti, y M. L. Merino. 2019. Genetic diversity and phylogenetic relationships in feral pig populations from Argentina. *Mammalian Biology*, 99: 27-36. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2019.09.013>
- Acosta, D. B., L. A. Español, C. E. Figueroa, S. J. Marini, M. E. Mac Allister, B. N. Carpinetti, G. P. Fernández y M. L. Merino. 2021. Wild pigs (*Sus scrofa*) population as reservoirs for deleterious mutations in the RYR1 gene associated with Porcine Stress Syndrome. *Veterinary and Animal Science*, 11: 100160. <https://doi.org/10.1016/j.vas.2020.100160>
- Figueroa, C. E., Acosta, D. B., Mac Allister, M. E., Merele, M., Fernández, G. P., Carpinetti, B. N., Winter, M., Abate, S., y M. L. Merino. 2022. Patterns of genetic variation on wild pig (*Sus scrofa*) populations over a complete range of the species in Argentina. *Mammalia*. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2021-0141>

PUBLICACIONES EN CONGRESOS CIENTÍFICOS:

- Acosta, D. B., M. L. Merino, C. E. Figueroa, M. I. Sagua, B. N. Carpinetti. 2015. Genética en cerdos domésticos y silvestres de Bahía Samborombón. Argentina. La Plata. Congreso internacional científico y tecnológico de la provincia de Buenos Aires. Comisión de Investigaciones Científicas de la provincia de Buenos Aires.
- Acosta, D. B. 2016. Caracterización genética de poblaciones de cerdos asilvestradas pertenecientes a la provincia de Buenos Aires. Argentina. Pergamino. Jornadas de becarios de posgrado de la UNNOBA. Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.
- Acosta, D. B., M. L. Merino, B. N. Carpinetti. 2016. Variabilidad genética en cerdos asilvestrados de Buenos Aires. Argentina. La Plata. III Congreso internacional científico y tecnológico. Comisión de Investigaciones Científicas de la provincia de Buenos Aires.
- Acosta, D. B., C. E. Figueroa, B. N. Carpinetti, G. P. Fernández, M. L. Merino. 2017. Aproximación sobre el origen filogenético de poblaciones de cerdos ferales en el área de Bahía

Samborombón (Buenos Aires). Argentina. Bahía Blanca. 2017. XXX Jornadas Argentinas de Mastozoología. SAREM.

- Figueroa, C. E., D. B. Acosta, G. P. Fernández, M. L. Merino. 2018. Explorando los orígenes de los jabalíes y cerdos ferales de Argentina. Una mirada desde la genética. Argentina. La Rioja. 2018. Seminario. III Seminario Internacional sobre Manejo de Jabalí y Cerdos Cimarrones. SAREM.
- Acosta, D. B., C. E. Figueroa, M. E. Mac Allister, G. P. Fernández, B. N. Carpinetti, M. L. Merino. 2019. Diversidad genética y relaciones filogenéticas en poblaciones de cerdos ferales (*Sus scrofa domestica*) de Argentina. Argentina. Puerto Madryn. 2019. XXXII Jornadas Argentinas de Mastozoología. SAREM.
- Figueroa, C. E., D. B. Acosta, M. E. Mac Allister, G. P. Fernández, M. L. Merino. Genetic mixture in Argentine wild populations of *Sus scrofa* through the molecular marker control region. Estados Unidos de América. Tucson, Arizona. 2021. Congreso. The 100th Annual Meeting of the American Society of Mammalogists. American Society of Mammalogists.

ÍNDICE DE CONTENIDOS

ÍNDICE DE TABLAS.....	VII
ÍNDICE DE FIGURAS.....	VIII
ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS.....	X
RESUMEN.....	XI
ABSTRACT.....	XIV
1. INTRODUCCIÓN.....	1
1.1 CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA DE <i>SUS SCROFA</i>	1
1.2 VARIACIÓN MORFOLÓGICA DE <i>SUS SCROFA</i>	4
1.3 CARACTERÍSTICAS BIOLÓGICAS DE <i>SUS SCROFA</i>	8
1.4 DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE <i>SUS SCROFA</i>	11
1.5 INTRODUCCIÓN DE <i>SUS SCROFA</i> EN SUDAMÉRICA	13
1.6 INTRODUCCIÓN DE <i>SUS SCROFA</i> EN ARGENTINA	14
1.7 IMPACTO DE <i>SUS SCROFA</i> EN LOS AGROECOSISTEMAS	18
1.8 CERDOS CIMARRONES EN BAHÍA SAMBOROMBÓN	20
1.9 CERDO CRIOLLO COSTERO COMO RECURSO GENÉTICO	25
1.10 MARCADORES MOLECULARES APLICADOS A <i>SUS SCROFA</i>	31
1.10.1 MARCADORES MITOCONDRIALES	32
1.10.2 MARCADORES NUCLEARES	34
1.10.2.1 POLIMORFISMO EN CROMOSOMA Y	34
1.10.2.2 MARCADORES MICROSATÉLITES	34
1.10.2.3 MARCADORES DE POLIMORFISMO DE LONGITUD DE FRAGMENTOS DE RESTRICCIÓN	36
1.10.2.3.1 GEN MC1R	37
1.10.2.3.2 GEN NR6A1	39
1.10.2.3.3 GEN HALOTANO	39
2. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS	42
3. MATERIALES Y MÉTODOS	45
3.1 ÁREA DE ESTUDIO	45
3.2 MUESTREO DE LAS POBLACIONES DE CERDOS	50
3.3 EXTRACCIÓN DE ADN GENÓMICO	63
3.4 ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA A PARTIR DE MARCADORES MOLECULARES.....	63
3.4.1 MARCADOR MITOCONDRIAL REGIÓN CONTROL	63
3.4.2 MARCADOR NUCLEAR GEN DE AMELOGENINA EN CROMOSOMA Y	64
3.4.3 ANÁLISIS DE DATOS DE SECUENCIAS DE LOS MARCADORES RC y AMELY	65
3.4.4 MARCADORES MICROSATÉLITES	68
3.4.4.1 ANÁLISIS DE LOS LOCI DE MICROSATÉLITES	70
3.5 DETECCIÓN DE HÍBRIDOS	73
3.5.1 GEN MC1R	73
3.5.2 GEN NR6A1	75

3.6 GEN HALOTANO	76
4. RESULTADOS	79
4.1 REGIÓN CONTROL	79
4.1.1 SECUENCIACIÓN DE LAS MUESTRAS	79
4.1.2 ESTIMACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA	79
4.1.3 ANÁLISIS FILOGENÉTICO Y RELACIONES HAPLOTÍPICAS	83
4.1.4 ESTRUCTURA GENÉTICO POBLACIONAL	91
4.2 GEN DE AMELOGENINA EN CROMOSOMA Y	93
4.2.1 SECUENCIACIÓN DE LAS MUESTRAS	93
4.2.2 ESTIMACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA	93
4.2.3 ANÁLISIS FILOGENÉTICO	94
4.3 MICROSATÉLITES	96
4.3.1 ESTIMACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA	96
4.3.2 ESTRUCTURA GENÉTICO POBLACIONAL	99
4.4 DETECCIÓN DE MORFOTIPOS	102
4.4.1 GEN MC1R	102
4.4.2 GEN NR6A1	103
4.5 GEN HALOTANO	104
5. DISCUSIÓN	106
5.1 VARIABILIDAD GENÉTICA MEDIANTE RC, AMELY Y MICROSATÉLITES	108
5.2 ESTRUCTURA GENÉTICO POBLACIONAL MEDIANTE RC Y MICROSATÉLITES	115
5.3 RELACIONES FILOGENÉTICAS Y FILOGEOGRÁFICAS MEDIANTE RC Y AMELY	117
5.4 INTROGRESIÓN DE VARIANTES GÉNICAS DE JABALÍES EN CERDOS CRIOLLOS COSTEROS	122
5.5 INTROGRESIÓN DE VARIANTE GÉNICA DELETÉREA DE RAZAS DOMÉSTICAS MEJORADAS EN CERDOS CRIOLLOS COSTEROS	125
5.6 CONSIDERACIONES FINALES Y PERSPECTIVAS A FUTURO	128
6. BIBLIOGRAFÍA	130
7. ANEXOS	155

ÍNDICE DE TABLAS

TABLA 1. Cuadro comparativo de las diferencias fenotípicas más relevantes entre los morfotipos silvestres de <i>S. scrofa</i> , jabalí euroasiático y cerdo cimarrón	5
TABLA 2. Muestras de cerdos cimarrones colectados en este estudio (N = 248)	53
TABLA 3. Lista de microsatélites empleados en este estudio	68
TABLA 4. Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción para secuencias exónicas del gen MC1R.....	73
TABLA 5. Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción para secuencia exónica del gen NR6A1 ...	75
TABLA 6. Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción para secuencia exónica del gen RYR1 ...	76
TABLA 7. Sitios de diversidad nucleotídica para los 36 haplotipos de RC obtenidos en este estudio	80
TABLA 8. Lista de secuencias de ejemplares de Chile, Brasil y Argentina empleados en el análisis de 362 pb de RC	86
TABLA 9. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) en el estudio realizado con RC para los grupos N-BSB, C-BSB, S-BSB, CS-BA	90
TABLA 10. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) en el estudio realizado con RC para los grupos Bahía Samborombón y Corrientes	90
TABLA 11. Sitios de diversidad nucleotídica para los 4 haplotipos del gen AmelY reportados en este estudio	92
TABLA 12. Significancia estadística de la prueba chi cuadrado para testear el equilibrio H-W	94
TABLA 13. Índices de diversidad calculados para cada uno de los 6 <i>loci</i> de microsatélites en las dos poblaciones estudiadas (Bahía Samborombón, BSB; Corrientes, CO)	95
TABLA 14. Índices de diversidad calculados para los dos grupos a partir de 6 <i>loci</i> de microsatélites	96
TABLA 15. Lista de alelos raros encontrados para cada <i>locus</i> en cada población estudiada (Bahía Samborombón, BSB; Corrientes; CO)	96
TABLA 16. Lista de alelos privativos encontrados para cada <i>locus</i> en cada población estudiada (Bahía Samborombón, BSB; Corrientes; CO)	97
TABLA 17. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) en el estudio realizado en promedio para los 6 <i>loci</i> de microsatélites	97

ÍNDICE DE FIGURAS

FIGURA 1. Clasificación taxonómica de la especie <i>S. scrofa</i>	1
FIGURA 2. Morfotipos de la especie <i>S. scrofa</i>	4
FIGURA 3. Patrones craneales en los morfotipos de la especie <i>S. scrofa</i>	7
FIGURA 4. Distribución geográfica de la especie <i>S. scrofa</i>	12
FIGURA 5. Distribución geográfica de las formas silvestres de la especie <i>S. scrofa</i> en Argentina	17
FIGURA 6. Impactos en la fauna silvestre por los cerdos criollos.....	19
FIGURA 7. Impactos en la agricultura y ganadería por acción de CCC	20
FIGURA 8. Jabalíes cazados en la década del 90' en el partido de Punta Indio, norte de Bahía Samborombón	21
FIGURA 9. Ejemplares de jabalíes visualizados actualmente en la región norte de Bahía Samborombón	22
FIGURA 10. Diversidad de cráneos en cerdos cimarrones de Bahía Samborombón	23
FIGURA 11. Cerdos criollos del Nordeste Argentino	25
FIGURA 12. Cerdos criollos costeros en producciones porcinas extensivas/familiares en Bahía Samborombón	28
FIGURA 13. Mapa de la región de Bahía Samborombón (Buenos Aires, Argentina)	45
FIGURA 14. Colecta de muestras de cerdos criollos costeros en la región de Bahía Samborombón	50
FIGURA 15. Mapa de los sitios de colecta de ejemplares de cerdos cimarrones en las provincias de Buenos Aires, Corrientes, Chaco y Santiago del Estero	51
FIGURA 16. Árbol filogenético obtenido mediante inferencia bayesiana para los 638 pb del marcador RC	82
FIGURA 17. Haplogrupos (E1A, E1C y A) hallados en los sitios de muestreos de Bahía Samborombón	84
FIGURA 18. Red haplotípica <i>Median Joining</i> para los 103 haplotipos obtenidos en este estudio	85
FIGURA 19. Red haplotípica <i>Median Joining</i> para los 362 pb del marcador molecular CR, en ejemplares de Argentina, Chile y Brasil	89
FIGURA 20. Estructura poblacional mediante el análisis bayesiano (BAPS) con el marcador RC	89
FIGURA 21. Árbol filogenético mediante la inferencia bayesiana para los 510 pb del marcador AmelY	93
FIGURA 22. Frecuencias alélicas para cada <i>locus</i> analizado en las regiones de Bahía Samborombón (BSB) y Corrientes (CO)	95
FIGURA 23. Representación gráfica de los valores de Δk calculado para los diferentes valores de k	99

FIGURA 24. Determinación de la estructura genética poblacional mediante inferencia bayesiana para 6 <i>loci</i> de microsatélites	99
FIGURA 25. Digestión enzimática por BspHI en la mutación c.367G>A, para la primera reacción de amplificación de 196 pb, de que involucra la región codificante 214 a 409 pb del gen MC1R	100
FIGURA 26. Digestión enzimática por MspI en la mutación g.299084751C>T (p.Pro192Leu) del gen NR6A1	101
FIGURA 27. Digestión enzimática por BsiHKA1 en la mutación c.1843C>T del gen RYR1	102

ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS

CCC	Cerdo Criollo Costero
AmelY	Gen de Amelogenina ubicado en el cromosoma Y
RC	Región Control Mitocondrial
MC1R	Gen Receptor de Melanocortina 1
NR6A1	Gen Receptor Nuclear de la subfamilia 6 grupo A miembro 1
RYR1	Gen Receptor de Rianodina 1 (Gen Halotano)
BSB	Bahía Samborombón
CO	Corrientes
FAO	<i>Food and Agriculture Organization</i>
EEI	Especie Exótica Invasora
SNP	Polimorfismo de Nucleótido Simple
RFLP	Polimorfismo de Longitud de Fragmentos de Restricción
STR	Repeticiones cortas en tándem
AFLP	Polimorfismos de Longitud de Fragmentos Amplificados
ADNmt	ADN mitocondrial
A	Linaje Asiático para marcador RC
E1	Linaje Europeo 1 para marcador RC
E1A	Linaje Europeo clado A para marcador RC
E1C	Linaje Europeo clado C para marcador RC
E2	Linaje Europeo 2 para marcador RC
NE	Linaje Cercano Oriente para marcador RC
HY1	Linaje Europeo y Asiático para marcador AmelY
HY2	Linaje Europeo para marcador AmelY
HY3	Linaje Africano para marcador AmelY
PSS	Síndrome de Estrés Porcino
PSE	Carne pálida, suave y exudativa
Gen A	Gen Agouti
Gen Br	Gen Brindle
Ea.	Estancia
Pdo.	Partido
Establ.	Establecimiento
N-BSB	Norte Bahía Samborombón
C-BSB	Centro Bahía Samborombón
S-BSB	Sur Bahía Samborombón
CS-BA	Costa Sur Buenos Aires
F_{ST}	Reducción en la heterocigosidad de una subpoblación respecto a la población total
F_{IS}	Reducción en la heterocigosidad de los individuos dentro de su subpoblación
F_{IT}	Reducción en heterocigosidad de un individuo en relación a la población total
F	Coefficiente de Endogamia
N_{em}	Número efectivo de migrantes
N_a	Número de alelos por <i>locus</i>
N_e	Número efectivo de alelos por <i>locus</i>
H_O	Heterocigosidad observada
H_E	Heterocigosidad esperada
H_d	Diversidad haplotípica
π	Diversidad nucleotídica
K	<i>Clusters</i>
NJ	<i>Neighbor Joining</i>
MV	Máxima Verosimilitud
AMOVA	Análisis de la Varianza Molecular
BAPS	Análisis Bayesiano de Estructura Poblacional

RESUMEN

VARIABILIDAD GENÉTICA EN CERDOS CRIOLLOS COSTEROS (*SUS SCROFA* LINNAEUS, 1758) DEL ÁREA DE BAHÍA SAMBOROMBÓN, BUENOS AIRES, Y SU POTENCIALIDAD COMO RECURSO GENÉTICO EN PRODUCCIONES PORCINAS LOCALES

PALABRAS CLAVE: cerdo criollo costero, variabilidad genética, marcadores mitocondriales, marcadores nucleares, recurso genético, Bahía Samborombón.

Los cerdos criollos americanos descienden de las razas importadas desde la Península Ibérica en el siglo XV, por los colonizadores europeos. Estos cerdos criollos se expandieron por todo el continente, adaptándose a ambientes muy diversos, y posiblemente recibiendo influencias de otros orígenes. Con la intensificación de la agricultura a mediados del siglo XX, las razas mejoradas reemplazaron en gran medida a los cerdos criollos y, las pocas que perduraron, son mantenidas actualmente por comunidades rurales en áreas marginales donde aún juegan un importante papel socioeconómico y cultural. Tal es el caso de los cerdos criollos costeros (CCC) de Bahía Samborombón (Buenos Aires, Argentina), los cuales llegaron en 1536 a la provincia de Buenos Aires por el Río de la Plata y, se los reconoce como una raza localmente adaptada, debido a que han estado el tiempo suficiente para poder adaptarse genéticamente al ambiente. No obstante, el desplazamiento de los cerdos criollos por razas mejoradas y, la ausencia de investigaciones y consecuente información sobre ellos, están provocando que dicha raza sufra una gran inestabilidad, pudiendo ocasionar la erosión de su material genético. En este contexto, el objetivo de este trabajo de tesis fue caracterizar y estimar la diversidad genética, determinar el origen filogenético, y evaluar la introgresión de acervos genéticos de jabalíes y razas modernas en los cerdos criollos costeros de Bahía Samborombón.

Se colectaron $N = 172$ muestras de CCC de 35 puntos geográficos correspondientes a Bahía Samborombón y, para la comparación, se tomaron $N = 72$ muestras de cerdos cimarrones de otras localidades de la provincia de Buenos Aires, Corrientes, Chaco, Formosa, y Santiago del Estero. A dichas muestras se le extrajo el ADN genómico para el posterior análisis con el marcador mitocondrial región control, y marcadores nucleares como microsatélites, gen de Amelogenina Y, gen MC1R, gen NR6A1 y gen halotano.

En los CCC se encontró, mediante el marcador RC, una alta diversidad haplotípica y nucleotídica ($H_d = 0,709 \pm 0,034$; $\pi = 0,00428 \pm 0,00055$), valor que concordó con los obtenidos para el gen AmelY ($H_d = 0,508$; $\pi = 0,00100$) y en los 6 *loci* de microsatélites ($N_a = 7,167 \pm 0,543$; $N_e = 3,151 \pm 0,331$; $H_o = 0,597 \pm 0,016$; $F_{Wright} = 0,073$). Paralelamente, el marcador RC junto al AmelY confirmaron que la mayoría (90,2%) de los CCC tienen origen europeo, mientras que un pequeño porcentaje de (9,8%) tienen ascendencia asiática, lo que corresponde al cruzamiento con razas mejoradas actuales. Con RC y los microsatélites, se pudo apreciar que la población de CCC de Bahía Samborombón no se restringe a dicha área, sino que se extiende a lo largo de la costa sur bonaerense. Los marcadores MC1R y NR6A1, confirmaron la presencia de acervo génico de jabalí en la población de CCC, en estado de hetero u homocigosis, 6% y 21,4% respectivamente, lo que refleja en una mayor diversidad en dicha población. Por último, el estudio del gen halotano, asociado al Síndrome de Estrés Porcino, arrojó un 6,6% de ejemplares CCC portadores del alelo perjudicial, indicando también la introgresión del acervo de razas actuales mejoradas en los CCC.

Estos resultados nos reflejan el origen de la población de CCC de Bahía Samborombón y, fundamentalmente, la gran diversidad genética de dichos ejemplares, dada por adaptación *per se* de la especie en el sitio desde su origen y, por la introgresión de genes

de las estirpes de jabalí y razas domésticas, acontecidas de manera natural o intencionalmente por el hombre. Esta primera caracterización genética nos brinda un punto de partida para la valoración de dicha raza y un sustento científico que avala su uso como recurso zoogenético en producciones porcinas locales.

ABSTRACT

GENETIC VARIABILITY IN COSTAL CREOLE PIG (*SUS SCROFA* LINNAEUS, 1758) FROM THE BAHÍA SAMBOROMBÓN AREA, BUENOS AIRES, AND ITS POTENTIALITY AS A GENETIC RESOURCE IN LOCAL SWINE PRODUCTIONS

KEYWORDS: costal creole pig, genetic variability, mitochondrial markers, nuclear markers, genetic resource, Bahía Samborombón

Creole American pigs are descendants of foreign races, introduced from the Iberic Peninsula by European colonizers in the XV century. These pigs expanded throughout the continent, adapting to very heterogeneous environments and, possibly, being influenced by individuals of other origins. With the intensification of agriculture in the middle of the XX century, improved races replaced native pigs almost completely; the few remaining creole races are kept by rural communities in marginal areas, where they still play an important socioeconomic and cultural role. Such is the case for the Costal Creole Pigs (CCC for the abbreviation in Spanish) from Bahía Samborombón (Buenos Aires, Argentina), which arrived to the Buenos Aires Province through the Río de la Plata river in 1536; they are recognized as a locally-adapted race, as they have been long enough in this environment to be able to genetically adapt to it. However, these populations have suffered displacements due to the presence of improved races; in addition to the absence of information and research on such populations, these races are suffering a great instability, which might lead to the loss of native genetic material. For this reason, the aim of this thesis was to characterize and estimate the genetic diversity, determine phylogenetic origin and evaluate the introgression of wild boar and modern race gene pools, in the Costal Creole Pigs from Bahía Samborombón.

To that end, N=172 CCC samples were collected from 35 geographic points belonging to Bahía Samborombón. For comparison, N=72 samples were taken from wild pigs from other localities in Buenos Aires, Corrientes, Chaco, Formosa and Santiago del Estero. Genomic DNA was extracted from each sample for the posterior analysis with the mitochondrial marker, control region, and nuclear markers such as microsatellites, Amelogenine Y, MC1R, NR6A1 and halothane genes.

For CCC, a high haplotypic and nucleotide diversity were found through the control region marker ($Hd = 0,709 \pm 0,034$; $\pi = 0,00428 \pm 0,00055$), in concordance with the values obtained for the AmelY gene ($Hd = 0,508$; $\pi = 0,00100$) and with those obtained for the 6 *loci* microsatellite ($Na = 7,167 \pm 0,543$; $Ne = 3,151 \pm 0,331$; $Ho = 0,597 \pm 0,016$; $F_{wright} = 0,073$). Additionally, the control region and AmelY markers confirmed that most (90,2%) CCC pigs are of European origin, while a small percentage (9,8%) have Asian ascendancy, which indicates crossing with modern improved races. Markers RC and microsatellite, indicated that the CCC population of Bahía Samborombón extends along the southern coast of Buenos Aires. Markers MC1R and NR6A1 confirmed the presence of wild boar genetic pool in the CCC population, either in heterozygosis (6%) or homozygosis (21,4%), which reflects a greater diversity in this population. Finally, the halothane gene, associated to the Porcine Stress Syndrome, showed 6,6% of CCC individuals carried the deleterious allele, further indicating the introgression of modern improved races in the CCC population.

These results give us a view of the origins for the CCC population in Bahía Samborombón and, fundamentally, the great genetic diversity of these individuals, given by the founding Iberic races and the posterior species adaptation to the environment *per se*, but also to the introgression of genes from wild boars and modern domestic races, be it naturally

occurring or intentionally man-made. This first genetic characterization provides us with a starting point to value this race, as well as scientific proof of its role as a porcine genetic resource to be used in local porcine production.

1. INTRODUCCIÓN

1.1 CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA DE *SUS SCROFA*

La especie *Sus scrofa* (Linnaeus, 1758) está compuesta por mamíferos no rumiantes que han dado origen a una especie doméstica, el cerdo. Pertenece al orden Artiodactyla que agrupa a los ungulados con un número par de dedos (Figura 1), y al suborden Suiformes, comúnmente llamados Suinos, el cual incluye a los cerdos en la familia Suidae y los pecaríes en la familia Tayassuidae (Oliver, 1993; Wilson y Reeder, 2005). La familia Suidae es la más diversa, y consta de tres subfamilias (Babyrousinae, Phacochoerinae y Suinae) y seis géneros, con aproximadamente 20 especies reconocidas (Groves y Grubb, 1993; Groves, 2007). Dentro del género *Sus*, se reconocen 16 especies, *S. scrofa*, *S. celebensis*, *S. verrucosus*, *S. barbatus*, *S. philippensis*, *S. cebifrons*, *S. nigripes*, *S. ussuricus*, *S. moupinensis*, *S. chirodontus*, *S. leucomystax*, *S. riukiuanus*, *S. taevanus*, *S. davidi*, *S. cristatus*, y *S. vittatus* (Groves y Grubb, 1993; Keuling *et al.*, 2018), las cuales se distribuyen principalmente en Asia, y en menor medida en Eurasia y África (Groves, 2007). En el caso de *S. scrofa*, tiene una distribución nativa amplia que incluye Europa, Asia y norte de África (Rosell *et al.*, 2001).

Reino	Animalia	Linnaeus, 1758
Phylum	Chordata	Lankester, 1877
Subphylum	Vertebrata	Haeckel, 1866
Clase	Mammalia	Linnaeus, 1758
Subclase	Theria	Parker y Haswell, 1897
Orden	Artiodactyla	Owen, 1848
Familia	Suidae	Gray, 1821
Subfamilia	Suinae	Gray, 1821
Género	<i>Sus</i>	Linnaeus, 1758
Especie	<i>Sus scrofa</i>	Linnaeus, 1758

FIGURA 1. Clasificación taxonómica de la especie *S. scrofa*. Tomado de Wilson y Reeder, 2005.

La domesticación de *S. scrofa* ha sido lenta y progresiva a lo largo de los años, pero hasta el momento no hay un consenso sobre la misma (Revidatti, 2009). Registros zooarqueológicos sugiere que los cerdos fueron domesticados por primera vez hace 9000 años en el Cercano Oriente a partir del jabalí, mientras que evidencia más reciente a nivel arqueológico y molecular sugieren una segunda domesticación independiente en el Lejano Oriente (Epstein, 1984; Giuffra *et al.*, 2000). Inicialmente, Darwin en 1868 estableció dos formas de cerdos domésticos, una europea (*S. scrofa*) y otra asiática (*Sus indicus*), basados en diferencias fenotípicas. Estudios recientes a nivel molecular, sostienen la validez de esta diferenciación, dado a que pertenecen a distintos linajes que parten de un mismo ancestro hace 500.000 años, teniendo consecuentemente domesticaciones independientes, en al menos 9 sitios (Larson *et al.*, 2005).

Asimismo, los clados basales de *S. scrofa* habrían surgido en las islas tropicales del sudeste de Asia, y a partir de allí ocurrió una dispersión de los cerdos de este a oeste, primero hacia la India, luego al este de Asia, llegando posteriormente a Eurasia (Larson *et al.*, 2005).

La domesticación más temprana registrada para los cerdos se propone para el suroeste de Asia, en el sitio arqueológico Çayönü Tepesi (Turquía) y posiblemente en los valles altos del Éufrates (Cafer Höyük y Nevalı Çori) (Ervynck *et al.*, 2001; Ottoni *et al.*, 2013). Estos animales domésticos se habrían dispersado hacia el oeste mediante acción humana, alejándose de estos centros. Una vez introducidos en Anatolia Occidental (centro-oeste de Turquía), los porcinos domésticos adquirieron una impronta mitocondrial derivada del jabalí local, probablemente como resultado conjuntamente del proceso de mestizaje, del pequeño tamaño poblacional y de la deriva genética, resultando en una disminución de la frecuencia del linaje mitocondrial propio de Anatolia del Este (Ottoni *et al.*, 2013).

A partir de este sitio, se dispersaron hacia el oeste ingresando a Europa Central y Europa Occidental durante el Neolítico (Larson *et al.*, 2007). Es aquí donde ocurren dos procesos en simultáneo. Por un lado, comienza la domesticación de jabalíes europeos en varios centros independientes como Alemania e Italia (Larson *et al.*, 2011). Por el otro, el reemplazo de los animales con linaje del Cercano Oriente por los de linaje europeo. Es llamativa la velocidad del proceso, donde el periodo comprendido entre la incorporación inicial de ejemplares silvestres europeos de jabalí en las poblaciones domésticas y la sustitución casi total de los linajes de cerdos del Cercano Oriente, comenzó 3.900 años a/C y en solo 500 años, la frecuencia de haplotipos europeos con respecto a los de Cercano Oriente aumentó de 5% a 95% (Larson *et al.*, 2007).

Desde el comienzo de la edad de Bronce (1.700 años a/C), los cerdos domésticos con origen en el jabalí europeo se introdujeron en Anatolia siguiendo una migración inversa a la que aconteció milenios antes durante el Neolítico. En esta ocasión, los cerdos no tomaron las características genéticas de las poblaciones locales. En el siglo V d/C, los haplotipos de cerdos domésticos europeos reemplazaron completamente los linajes endémicos (denominados Y1 y Arm1T) propios de Anatolia (Ottoni *et al.*, 2013).

Posteriormente, muchas de estas formas domésticas retornaron al estado silvestre dando lugar a la forma o morfotipo cimarrón, cuyo fenotipo intermedio entre jabalí y cerdo doméstico han llevado a confusiones taxonómicas generando descripciones erróneas de nuevas subespecies. Por ello, muchos autores remarcan que la sistemática actual de la subespecie es complicada debido a la diversidad de cruas existentes (Rosell *et al.*, 2001).

1.2 VARIACIÓN MORFOLÓGICA DE *SUS SCROFA*

Actualmente se pueden diferenciar tres morfotipos en las poblaciones de la especie *S. scrofa*: el jabalí euro-asiático, el cerdo doméstico y el cerdo cimarrón (Figura 2) (Mayer y Brisbin, 2008).

El jabalí euro-asiático es el primer morfotipo en aparecer dentro de la especie *S. scrofa*, siendo el antecesor de la mayoría de las razas de cerdos domésticas. Los cerdos domésticos son aquellos ejemplares que sufrieron cambios genéticos a lo largo de las generaciones, debido a una selección artificial ejercida por el humano. Los ejemplares cimarrones, son cerdos domésticos asilvestrados, producto de la liberación intencional o no, e incluyen tanto individuos recién liberados como aquellos con más de una generación en silvestría (Mayer y Brisbin, 2008). Estos últimos tienen una mayor variabilidad morfológica debido a su multiplicidad de orígenes, número de generaciones que se encuentra en silvestría y, a los cruzamientos con los jabalíes euroasiáticos (Mayer y Brisbin, 2008).

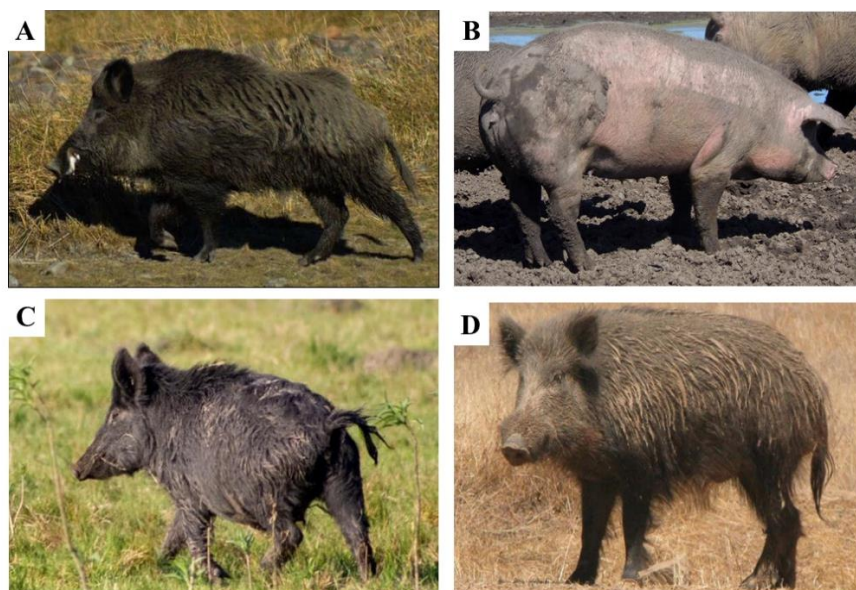


FIGURA 2. Morfotipos de la especie *S. scrofa*. (A) Jabalí euroasiático; (B) Cerdo doméstico de raza Yorkshire; (C y D) Cerdo cimarrón.

Dentro de esta gran variación en la especie, producto del cruzamiento entre los distintos morfotipos, varios autores señalan la presencia de otro morfotipo conocido como “mestizo o híbrido”, los cuales son cerdos provenientes de la cruce de jabalíes euroasiáticos con cerdos domésticos, dando origen a individuos que en apariencia se asemejan mayormente al jabalí (Rosell *et al.*, 2001; Mapston, 2007; Revidatti, 2009).

Por lo tanto, a causa de la gran variación fenotípica en los ejemplares silvestres de la especie *S. scrofa*, se han desarrollado múltiples técnicas para diferenciarlos, los cuales se basan en caracteres morfológicos y/o morfométricos, técnicas citogenéticas y análisis de genética molecular (Rosell *et al.*, 2001).

Con lo que respecta a las características morfológicas o fenotípicas, el jabalí euroasiático se puede diferenciar de un ejemplar cimarrón o mestizo, en base a su forma y apariencia. El patrón, así como la magnitud de las diferencias dependerá de la pureza del jabalí, como así también del número de generaciones en vida silvestre que tenga el ejemplar doméstico asilvestrado o híbrido (Tabla 1; Figura 2).

TABLA 1. Cuadro comparativo de las diferencias fenotípicas más relevantes entre los morfotipos silvestres de *S. scrofa*, jabalí euroasiático y cerdo cimarrón (tomado de Rosell *et al.*, 2001; Mapston, 2007).

CARACTERÍSTICAS	JABALÍ EUROASIÁTICO	CERDO CIMARRÓN
CABEZA	Estrecha con un perfil recto (forma de cuña).	Ancha con un perfil cóncavo.
COLA	Recta, larga y con pelos largos en su parte distal.	Parcial o totalmente enroscada.
HOCICO	Estrecho, recto y largo.	Corto y grueso.
OREJAS	Puntiagudas, erectas y sostenidas.	Amplias y ligeramente pendulares.
CUERPO	Triangular.	Tubular.
PATAS	Largas.	Engrosadas.
PELO	Puntas partidas y lanilla bajo pelaje.	Ralo, no partido ni lanilla.
COLOR PEZUÑA	Pezuñas negras.	Pezuñas blancas.
COLOR TROMPA	Negro.	Negro y puede presentar manchas rosadas.
COLOR PELO	Negro, gris y variantes de color pardo.	Presencia manchas o aparición de otros colores.
COLOR CRÍA	Rayadas con bandas de color pardo (claro y oscuro).	Con o sin rayas.

Uno de los caracteres más empleados para la distinción entre los morfotipos es el color del pelaje. En cerdos cimarrones tanto el color como el patrón del mismo son variables, predominando el negro sólido, aunque también se encuentran ejemplares marrones, rojos, blancos, manchados, fajados, e inclusive existen ejemplares con patrones ruanos (Mapston, 2007). En cambio, los jabalíes adultos presentan coloración de tonos pardos con las extremidades y orejas más oscuras, prácticamente negras, y con pelo grisáceo en la cabeza y especialmente alrededor del hocico, pudiendo ser la línea de la espalda o cresta un tono más oscuro (Rosell *et al.*, 2001). Asimismo, la cría de los jabalíes, conocido comúnmente como jabato, tienen un patrón de rayas longitudinales a lo largo del cuerpo de color pardo, donde se alternan franjas claras con oscuras (Mapston, 2007).

Otra característica relevante para la distinción de los morfotipos de la especie *S. scrofa* es la morfología del cráneo, en donde varía la perspectiva lateral desde una forma plana o recta, y más delgados en el jabalí euroasiático, hasta cóncava y más robustos en el cerdo doméstico, siendo variable en el cimarrón (Mayer y Brisbin, 2008; Owen *et al.*, 2014; VerCauteren *et al.*, 2019). Existe variación en el ángulo occipital del cráneo, en donde en cerdo doméstico toma valores de 180°, mientras que en el jabalí es mucho menor (Mayer y Brisbin, 2008). Morfologías intermedias entre estos, indicarían el mestizaje del ejemplar (Figura 3).

La morfometría geométrica apoya esta distinción con una mayor resolución que la biometría tradicional (Owen *et al.*, 2014). Específicamente las regiones craneales más relevantes para la distinción de los morfotipos mediante esta técnica son el área parietal, nasal, cigomática, y basicráneo, en comparación a otras regiones menos informativas como la orbital, hilera de los dientes, entre otros (Owen *et al.*, 2014).

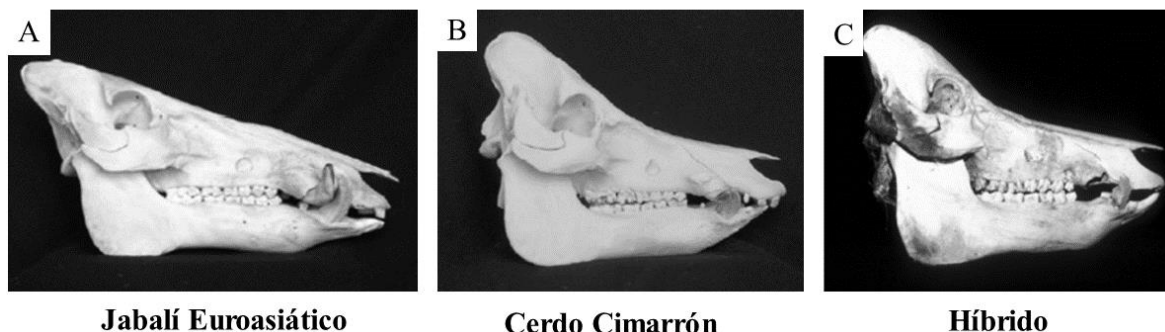


FIGURA 3. Patrones craneales en los morfotipos de la especie *S. scrofa*. Modificado de VerCauteren *et al.*, 2019.

Por último, otra característica morfológica empleada para la diferenciación de los ejemplares silvestres es el tamaño corporal, el cual depende del morfotipo y del ambiente donde se encuentre (Rosell *et al.*, 2001). Por ejemplo, en jabalí en condiciones de silvestría, los machos pueden llegar a superar los 100 kg de peso *in vivo*, aunque en otras regiones solo pueden llegar hasta los 70 kg (Rosell *et al.*, 2001), aunque se han reportado animales de entre 250 a 300 kg (McIlroy y Saillard, 1989). En el caso del cerdo cimarrón, esta característica depende directamente de la raza que lo ha originado, del grado de cruce que tenga, del ambiente en donde se encuentre y del tiempo que lleva en silvestría. Se han reportado casos de ejemplares cimarrones adultos de 100 hasta 300 kg en ambientes muy favorables (Mapston, 2007). Entonces, en términos generales, los cerdos cimarrones suelen alcanzar tamaños mayores a los jabalíes euroasiáticos, por lo que puede ser una medida útil para discernir entre jabalíes y cerdos cimarrones.

Paralelamente, se han desarrollado diversas técnicas complementarias tales como las técnicas citogenéticas y de genética molecular, con el fin de tener una resolución más minuciosa sobre el morfotipo en cuestión (Rosell *et al.*, 2001).

En cuanto a las técnicas citogenéticas, se sabe que los morfotipos difieren en su número cromosómico, en donde el jabalí euroasiático tiene $2x = 2n = 36$, el cerdo doméstico $2x = 2n = 38$, y aquellos híbridos o mestizos 37 o 38 ($2x = 2n = 37$ o $2x = 2n = 38$, respectivamente) (Rosell *et al.*, 2001). Entonces, en una población de cerdos silvestres, se pueden encontrar ejemplares con los tres cariotipos, contribuyendo al gran polimorfismo cromosómico intrapoblacional observado (Arroyo Nombela *et al.*, 1990).

Sumado a esto, actualmente existen técnicas de genética molecular, basadas en marcadores moleculares, que incluyen segmentos o genes del ADN nuclear o ADN mitocondrial, como también tecnologías de última generación en donde está implicado todo el genoma, como *high throughput* o SNPs, que permiten una distinción de objetiva, precisa, eficaz, y sobre todo, de alta resolución, de los distintos morfotipos de la especie, como también de aquellos ejemplares híbridos o mestizos (Larson *et al.*, 2005; Fontanesi *et al.*, 2014; Iacolina *et al.*, 2018).

1.3 CARACTERÍSTICAS BIOLÓGICAS DE *SUS SCROFA*

La especie muestra un marcado dimorfismo sexual, que suele ser visible a partir de los dos años de edad. Las hembras suelen ser un 20-40% más pequeñas, con el hocico más afinado en la punta y colmillos menos prominentes, mientras que a los machos los colmillos le sobresalen del hocico, poseen la piel más gruesa y dura alrededor de la espalda, lo que evita que se produzcan lesiones importantes durante los combates en la época de celo (Rosell *et al.*, 2001).

De los cinco sentidos, el que poseen más desarrollado es el olfato, que tiene una gran importancia en la exploración del medio y en la comunicación intraespecífica, así como en la función defensiva (Rosell *et al.*, 2001).

Es una especie muy prolífica debido a tres factores principales: la precocidad a la que alcanza la madurez sexual (ocho a diez meses en el caso de las hembras, y dos años en los machos), su gestación relativamente corta (115 - 118 días), y la elevada media de crías por camada (promedio de 8 crías) (Briedermann, 1971; Rosell *et al.*, 2001).

Muestran una actividad sexual cíclica, marcada por un período de anestro estival y un posterior reinicio de actividad del ovario con ciclos de 21 días. En Argentina, generalmente la época de celo de los morfotipos silvestres es en otoño (Ballari *et al.*, 2019). No obstante, algunos autores tienden a considerar que además del período principal de nacimientos, se pueden producir partos prácticamente durante todo el año, lo cual está condicionado estrictamente a los factores ambientales, entre los que destaca la disponibilidad de alimento (Mauget, 1980; Durio *et al.* 1995; Maillard y Fournier, 2000).

De hábitos omnívoros, oportunistas y generalistas, con una tendencia al consumo de alimentos abundantes, digeribles y nutritivos, inclusive pueden alimentarse de carroña en épocas de escases (Seward *et al.*, 2004). Estos hábitos, unido a su gran plasticidad ecológica, permite que estos animales utilicen fuentes de alimentos de lo más diversas en función de su disponibilidad. La dieta de este suido está compuesta mayoritariamente (70 - 80%) por material de origen vegetal y, por lo tanto, tiene un claro rol de consumidor primario (Groot Bruinderink *et al.*, 1994; Ballari *et al.*, 2015; Keuling *et al.*, 2018). Esto incluye semillas, tallos, frutos, hojas, brotes, bulbos, tubérculos y raíces (Ballari *et al.*, 2015; Keuling *et al.*, 2018). También presenta una ingesta de materia animal que, si bien es menor (20%), parece constituir un complemento nutricional indispensable (Rosell *et al.*, 2001; Ballari *et al.*, 2015; Keuling *et al.*, 2018). Con lo que respecta a sus presas de invertebrados, se incluyen las lombrices de tierra, insectos, caracoles y babosas, mientras que la de vertebrados suelen ser

principalmente micromamíferos (roedores), peces, anfibios, reptiles y aves, generalmente huevos, larvas o formas juveniles (Keuling *et al.*, 2018).

En cuanto al comportamiento social, viven en grupos familiares, conocido como piaras, formados por 2 a 20 individuos, incluso se han reportados piaras de 40 a 70 ejemplares (Mapston, 2007; Keuling *et al.*, 2018). La estructura social de las poblaciones tiene como unidad básica el grupo matriarcal, que se compone de una o más hembras acompañadas de crías y juveniles. Los estrechos vínculos que se establecen entre los integrantes de estos grupos se ponen de manifiesto en fenómenos como la adopción de camadas, en caso de muerte de la madre, por parte de otra hembra integrante del grupo (Delcroix *et al.*, 1985; Janeau *et al.*, 1988). Además de estos núcleos básicos, se construyen también agregaciones de jóvenes machos que abandonan sus grupos matriarcales por la presión de machos adultos (Keuling *et al.*, 2018). Las épocas en las que se produce un mayor número de nacimientos y cópulas y, con los consecuentes combates entre machos, son los de mayor dinamismo en cuanto a la estructura social (Rosell *et al.*, 2001). Cuando se altera la estructura natural del grupo, por ejemplo, por la caza de algunos de sus integrantes, las unidades sociales pueden volver a formarse, pero por individuos que no necesariamente están relacionados (Keuling *et al.*, 2018). No es una especie territorial, por lo que piaras vecinas se pueden superponer parcialmente, haciendo que individuos de distintos grupos interactúen regularmente (Keuling *et al.*, 2018).

La mayoría de las poblaciones silvestres de *S. scrofa* presentan actividad crepuscular y nocturna (Rosell *et al.*, 2001; Keuling *et al.*, 2018). Esta especie tiene una amplia área de acción (*home range*) de entre 4 y 400 km², movimiento que está sujeto en mayor medida a la disponibilidad de alimentos, y en menor medida, la presencia de predadores (Rosell *et al.*, 2001; Keuling *et al.*, 2018). Cuando la demanda energética se incrementa, o la disponibilidad

de recursos disminuye (por ejemplo, en período de lactancia o en la estación invernal), el movimiento, y por ende la magnitud del *home range*, aumenta (Keuling *et al.*, 2018).

La longevidad depende, como en los otros caracteres, del alimento y sitio en el que se encuentren. Se han reportado casos de hasta 12 años en vida silvestre, mientras que en cautiverio han llegado a vivir hasta 25 años (Keuling *et al.*, 2018).

1.4 DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE *SUS SCROFA*

La distribución nativa de la especie abarca Europa, Asia y el norte de África, y actualmente se encuentra en todos los continentes incluyendo islas oceánicas, exceptuando la Antártida (Figura 4), lo que la hace una de las especies de mamíferos con mayor distribución mundial (Rosell *et al.*, 2001; Barrios-Garcia y Ballari, 2012). Esta dispersión a lo largo del mundo es debido a la gran cantidad de introducciones mediadas por el hombre a lo largo de los años.

La dispersión de la especie comenzó temprano en la historia de la humanidad, como consecuencia principalmente del proceso de domesticación y, posteriormente, fue arribando a los distintos continentes mediante los colonizadores ya que era un recurso alimenticio idóneos para largos viajes por el mar (Barrios-Garcia y Ballari, 2012). En la actualidad, la gran cantidad de movimientos de animales de esta especie no está sólo dada por su valor alimenticio, sino que también posee un valor cinegético, convirtiéndose en un recurso importantes para algunas economías regionales i.e. La Pampa, Argentina (Barrios-Garcia y Ballari, 2012).



FIGURA 4. Distribución geográfica de la especie *S. scrofa*. Modificado Tomado de Rosell *et al.*, 2001; Barrios-García y Ballari, 2012 y actualizado con datos de Ballari *et al.*, 2019.

Además del movimiento ejercido por los seres humanos, la plasticidad ecológica de la especie *S. scrofa*, junto con su elevado potencial reproductor, son las bases donde se sustenta su capacidad de aprovechar los cambios en sus hábitats en aquellos sitios de introducción. También posee la capacidad de tolerar la presencia humana, permitiéndole ocupar ambientes altamente antropizados e incluso establecerse en la periferia de áreas urbanas. Por eso, muchas veces se los denomina “especie ubiquista”, dada su capacidad de colonizar una amplia variedad de ambientes que van desde hábitats semidesérticos hasta selvas tropicales, incluyendo bosques templados, praderas y junglas, hasta en tierras agrícolas, como también se han reportado ejemplares en elevaciones de más de 2400 m desde el nivel del mar (Spitz, 1999; Rosell *et al.*, 2001; Palomo y Gisbert, 2002).

1.5 INTRODUCCIÓN DE *SUS SCROFA* EN SUDAMÉRICA

Los cerdos domésticos llegaron a América en 1493, durante el segundo viaje de Cristóbal Colón, a la Isla Española (actualmente Haití y República Dominicana). Estos primeros ejemplares procedían de la isla La Gomera (Islas Canarias), y a partir de allí, se expandieron por las nuevas colonias del Caribe y norte de Sudamérica (Donkin, 1985; Río Moreno, 1996; Zadik, 2005).

En el caso de la costa atlántica de Sudamérica, los primeros cerdos llegan al puerto de San Vicente en el actual Estado de San Pablo (Brasil), en 1532. Estos provenían principalmente de la Península Ibérica, Islas Canarias e islas de Cabo Verde, escalas previas de los conquistadores portugueses y españoles antes de arribar a Sudamérica (Wernicke, 1938; Donkin, 1985; Crosby, 2003).

Los cerdos domésticos fueron unos de los principales recursos alimenticios durante la colonización europea de Sudamérica a fines del siglo XV (Donkin, 1985; Zadik, 2005; Diamond, 2006; de Oliveira, 2012). Muchos de ellos, fueron liberados intencionalmente o se escaparon de los establecimientos donde se encontraban, formando así poblaciones asilvestradas las cuales se esparcieron rápidamente por todo el territorio, encontrándose datos que indican que su expansión fue 20 veces más rápida en Sudamérica que en otros continentes (de Oliveira, 2012; Lewis *et al.*, 2017). Esta gran expansión no solo se atribuye a las capacidades de la especie *per se*, sino también a la acción del hombre en cuanto a la contribución activa en su diseminación (de Oliveira, 2012).

Posteriormente, en el siglo XX se introdujeron jabalíes en muchos países latinoamericanos, como ser Argentina, Brasil, Uruguay y Chile, con fines exclusivamente cinegéticos, lo que potenció aún más la dispersión de los cerdos silvestres (de Oliveira,

2012). Estas introducciones ocurrieron a lo largo del siglo, resultando en un aumento exponencial de los focos de introducción de jabalíes en distintos países de Sudamérica (de Oliveira, 2012).

Estimaciones de densidades poblacionales exclusivamente de jabalíes han reportado que se encuentran en un 11,6% del territorio sudamericano. Asimismo, Uruguay es el país sudamericano con mayor invasión de jabalíes en su superficie (99,7%), mientras que le siguen Argentina (41,9%), Chile (8,9%), Brasil (7,5%) y Paraguay (7,3%) (Salvador y Fernández, 2017). También se han reportado en Perú, Ecuador, Venezuela y Colombia (Keuling y Leus, 2019; Global Invasive Species Database, 2021).

1.6 INTRODUCCIÓN DE *SUS SCROFA* EN ARGENTINA

En el caso de Argentina, en 1536 durante la primera fundación de Buenos Aires, llegan los primeros cerdos al Río de la Plata, mediado por Pedro de Mendoza. En 1541 se abandonan los asentamientos, a causa de los sucesivos ataques de la población indígena, lo que conllevó a la liberación de los ejemplares domésticos. Esto originó la formación de las primeras poblaciones de cerdos asilvestrados o cimarrones, las cuales ocuparon rápidamente las planicies y serranías de la actual provincia de Buenos Aires (Cardiel, 1930; Sánchez Labrador, 1936; Morris, 1956; Giberti, 1985; Iriart, 1997; Schmidl, 2010). Estos primeros ejemplares pertenecían a razas ibéricas hispánicas (Negra lampiña, Rubia andaluza, Gallega, Manchado de Jabugo y Perigordina), portuguesas (Bizarra y Alentejana), y a razas locales de Islas Canarias, islas de Cabo Verde y de los asentamientos portugueses de Río de Janeiro, escalas previas en el viaje al Río de La Plata (Freitas y Rosado, 2014).

Estas introducciones ocurrieron reiteradas veces, donde para fines del siglo XVI, el número de cerdos era tan alto que en la reunión del Cabildo de Buenos Aires efectuada el 16

de junio de 1590, se acordó que los vecinos cumplieren con la ordenanza de tener a los cerdos encerrados en un corral (Carpinetti *et al.*, 2016). Estos ejemplares domésticos de a poco fueron diferenciándose en dos poblaciones, una mansa y relativamente bien nutrida, que vivía cerca de las ciudades en contacto con los humanos (el cerdo doméstico), y otra de cría libre que habitualmente se la denominó cerdo cimarrón, habituado a la vida silvestre y cuya caza daba origen a verdaderas fiestas campestres, sumado a que muchos de ellos se solían cazar con lazo para engordarlos, previamente a su consumo (Revidatti, 2009; Carpinetti *et al.*, 2016).

A mediados del siglo XVIII la población de cerdos cimarrones se había dispersado hacia el sur y llegaba hasta el actual partido de Balcarce, provincia de Buenos Aires (Carpinetti *et al.*, 2016). Tan grande fue el crecimiento de esta población, y sus consecuentes daños, que en 1865 en el Código Rural de Buenos Aires se incluyeron disposiciones en su contra por estimárselos equiparables a fieras (Revidatti, 2009).

Durante los siguientes siglos, las poblaciones de cerdos cimarrones se fueron expandiendo a través del territorio argentino, especialmente en la costa Atlántica, márgenes de los ríos Paraná y Uruguay, desembocadura del Río Negro y Río Colorado, y las mesetas del interior de la provincia de Río Negro (Villarino, 1783; Cardiel, 1930; Hudson, 1956; Maeder, 1981; Musters, 1997), reconociéndose en la actualidad poblaciones establecidas en las provincias de Buenos Aires, Corrientes, Chaco, Formosa, Santa Fe, y Río Negro (Revidatti, 2009; Acosta *et al.*, 2019).

En 1909 fue introducido el jabalí euroasiático en la provincia de La Pampa (Argentina), con fines cinegéticos (Navas, 1987; Sagua *et al.*, 2018). A partir de este foco y otras introducciones posteriores en las provincias de Neuquén y Entre Ríos, el jabalí ha tenido una gran expansión geográfica, tanto natural como impulsada por el hombre, situación

que posibilitó la cruce entre estos ejemplares y los cerdos cimarrones, conduciendo a una interrelación compleja entre los distintos morfotipos de la especie (Navas, 1987; Novillo y Ojeda, 2008; Sagua *et al.*, 2018).

En la actualidad, se encuentran poblaciones silvestres de la especie *S. scrofa* en casi todas las provincias del país, exceptuando Jujuy, Tucumán y Santa Cruz (Figura 5), por lo que existen múltiples zonas de superposición e hibridación entre los morfotipos (Ballari *et al.*, 2019).

La distribución actual abarca las siguientes ecoregiones argentinas: Altos Andes, Chaco Seco, Chaco Húmedo, Esteros del Iberá, Delta e Islas del Paraná, Espinal, Pampa, Campos y Malezales, Monte de Sierras y Bolsones, Monte de Llanuras y Mesetas, Estepa Patagónica y Bosque Patagónico (Ballari *et al.*, 2019). Asimismo, habita en 47 áreas protegidas de distintos niveles de administración (municipales, provinciales y parques nacionales), siendo verdaderamente un problema para la conservación de la biodiversidad en nuestro país (Ballari *et al.*, 2019).

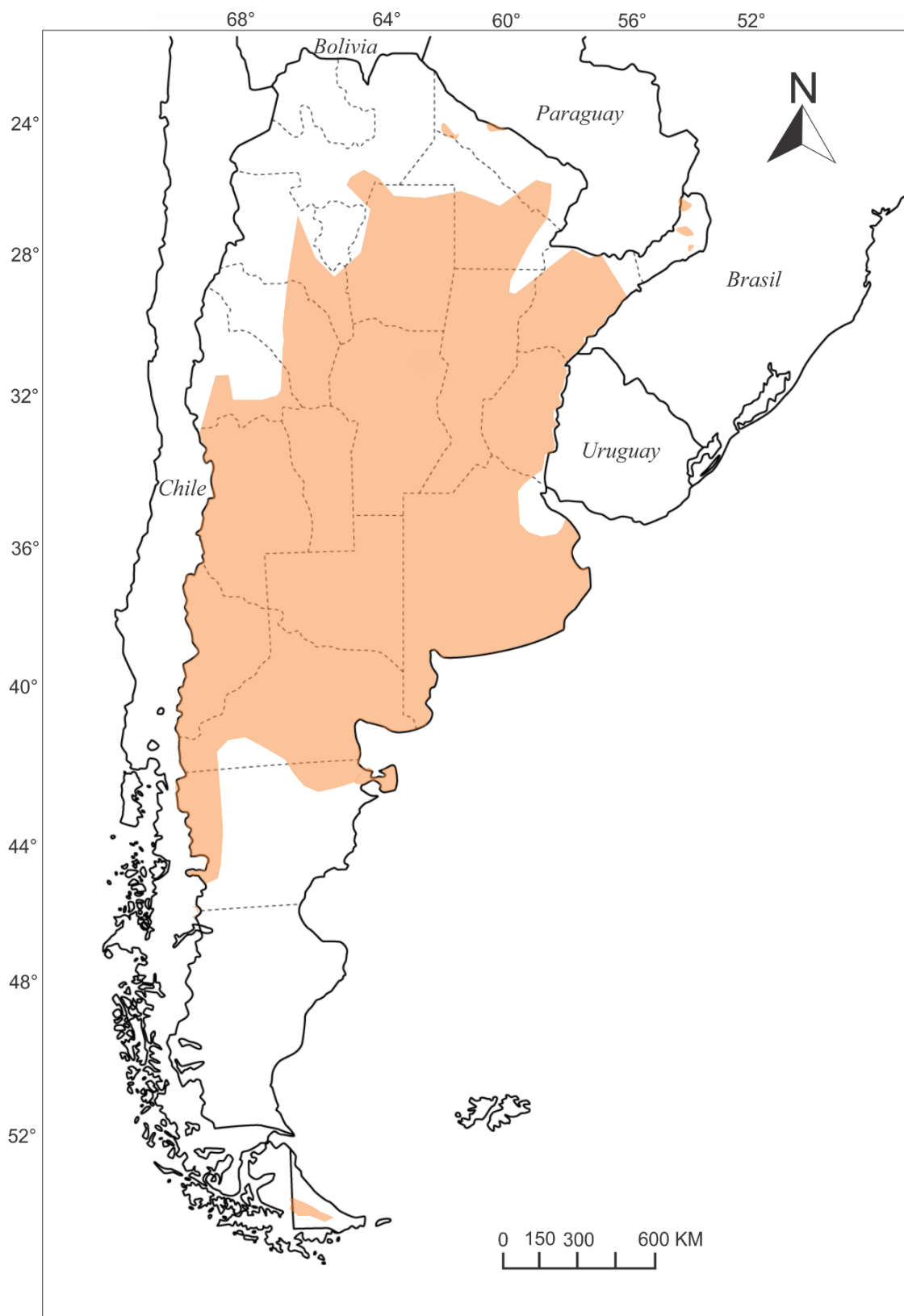


FIGURA 5. Distribución geográfica de las formas silvestres de la especie *S. scrofa* en Argentina. Modificado de Ballari *et al.*, 2019 y D'Agostino *et al.*, 2020.

1.7 IMPACTO DE *SUS SCROFA* EN LOS AGROECOSISTEMAS

Las especies exóticas invasoras (EEI) son definidas como toda especie introducida por el ser humano de manera voluntaria o accidental, que se ha dispersado y establecido fuera de su área de distribución natural y constituye una amenaza para la biodiversidad, tanto para ecosistemas, hábitats o especies, y conduciendo a daños económicos y/o ambientales (Convenio sobre la Diversidad Biológica, 1992). El éxito de las EEI es resultado de la conjunción de factores intrínsecos de la especie (tasa de reproducción, masa corporal, abundancia, tamaño del área de distribución natural), y extrínsecos, o del hábitat que invaden (disponibilidad de nichos vacantes y recursos alimenticios, clima, entre otros) (Williamson, 1996; Mack *et al.*, 2000).

Las poblaciones silvestres de *S. scrofa* de Argentina son consideradas como EEI, donde los daños registrados sobre el ganado, las actividades agrícolas y el medio ambiente en la mayoría de áreas invadidas, sumado a su rápida capacidad de expansión, ha llevado a esta especie a formar parte de la lista de especies invasoras de Argentina con el nivel más alto de riesgo e impacto (Categoría A) (Novillo y Ojeda 2008; Cuevas *et al.* 2010, 2012; Lizarralde, 2016). Se ha estimado una pérdida económica de US\$ 2.293.673.994 en el período de 1995 a 2019 (Duboscq-Carra *et al.*, 2021).

En su rango de introducción, las principales consecuencias de la especie sobre las comunidades nativas están relacionadas a la destrucción del hábitat, con la depredación, y por la competencia con otros animales por los recursos disponibles (Avila y De Angelo, 2020). En la Reserva Natural Iberá (Corrientes), se han observado cerdos cimarrones alimentándose de la cría de carpinchos (*Hydrochoerus hydrochaeris*), como también en

Bahía Samborombón se ha registrado que se alimentan de peces pequeños, cangrejos y raíces de juncos nativos del lugar (Figura 6) (Revidatti, 2009; Avila y De Angelo, 2020).

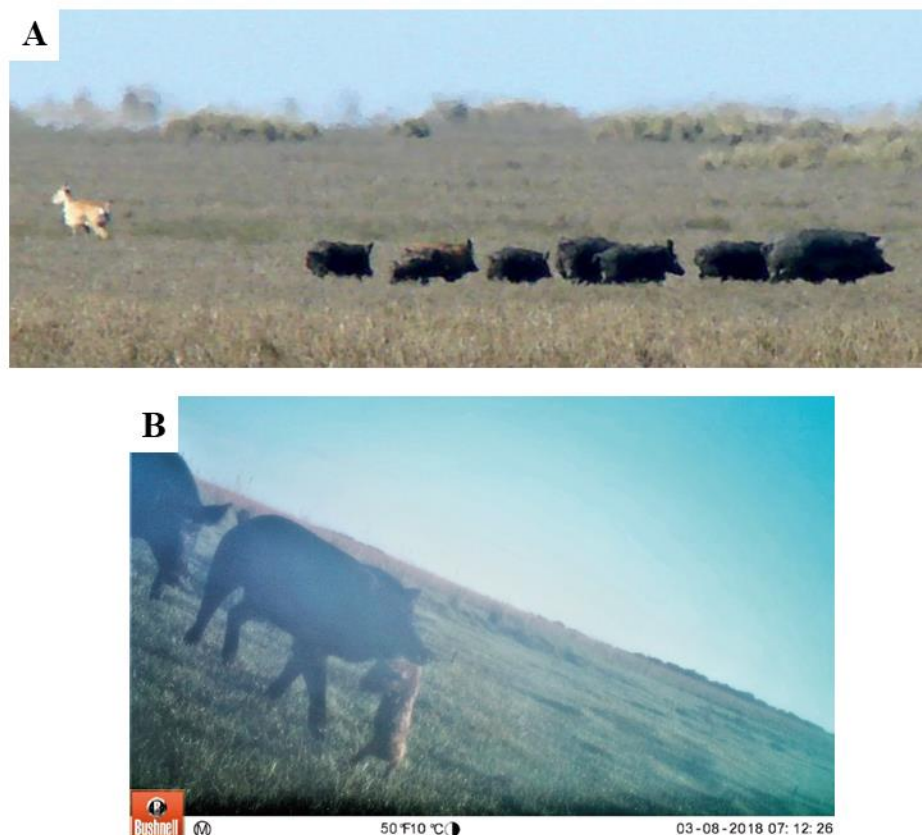


FIGURA 6. Impactos en la fauna silvestre por los cerdos criollos. (A) Piara de CCC interactuando con el venado de las pampas (*Ozotoceros bezoarticus*) en la Reserva Natural Bahía Samborombón (Imagen cedida por Bruno Carpinetti); (B) Cerdos asilvestrados en la Reserva Natural Iberá transportando en su boca a una cría de carpincho (*Hydrochoerus hydrochaeris*) (Avila y De Angelo, 2020).

En el caso de los establecimientos ganaderos, en aquellos sitios donde la densidad poblacional de cerdos silvestres es alta, es común observar a los cerdos cimarrones interactuando con el ganado, usando los bebederos o consumiendo su alimento (Figura 7). Con respecto a la agricultura, se ha visto que generan una pérdida en el rendimiento en los cultivos, principalmente en cereales como maíz, sorgo, trigo, avena, cebada y centeno, debido a que se alimentan de ellos, y/o los destruyen debido al volteo u hozadas (Marcos *et al.*, 2021). Otros de los daños frecuentes son las rupturas de los silos bolsa (com. pers.

Nicolás Smolins) y de la infraestructura de los establecimientos, como también los accidentes de tránsito ocasionados por la gran densidad poblacional (Marcos *et al.*, 2021).

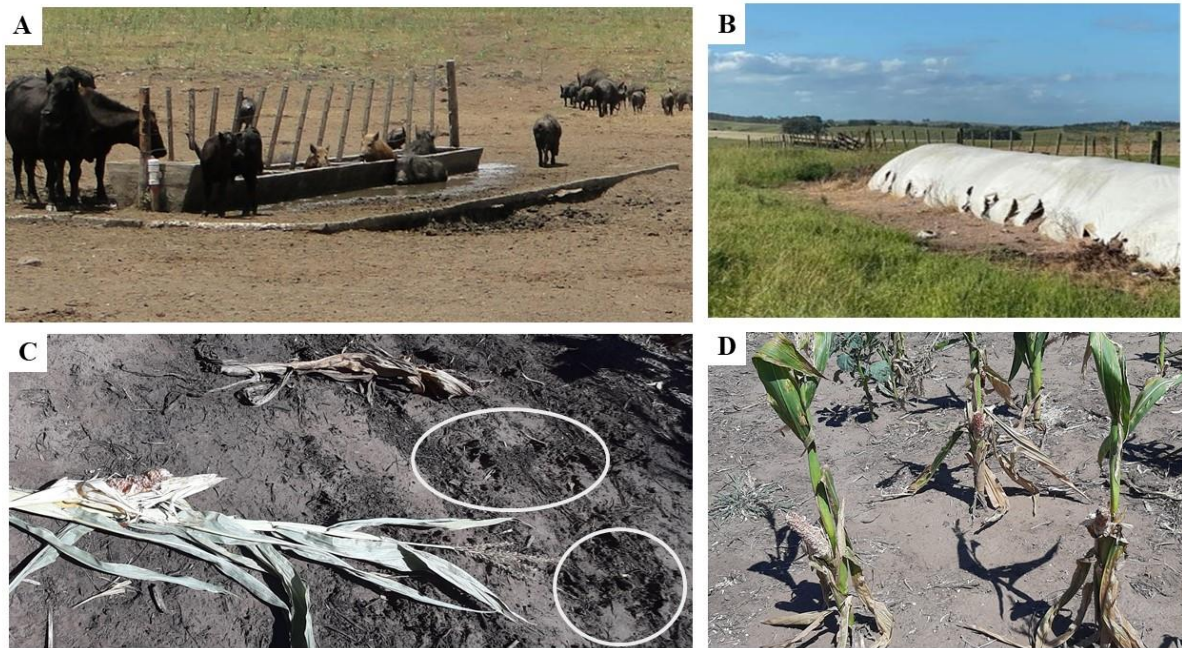


FIGURA 7. Impactos en la agricultura y ganadería por acción de CCC. (A). Piara interactuando con el ganado vacuno (Imagen cedida por Bruno Carpinetti); (B). Silobolsa deteriorado; (C). Aplastamiento del cultivo de maíz (en círculo se resaltan las huellas de CCC). (D). Desgranado de mazorcas de maíz.

1.8 CERDOS CIMARRONES EN BAHÍA SAMBOROMBÓN

La población de cerdos cimarrones de Bahía Samborombón, Buenos Aires, se encuentra establecida desde las primeras épocas de la conquista española, siendo descendientes directos de los primeros cerdos traídos al país (Acosta *et al.*, 2019). Dicha población comprende más de 500 años de adaptación al ambiente, y constituyen un reservorio genético con vínculo directo con aquellas razas traídas originalmente por los conquistadores españoles.

En los últimos trabajos de censo poblacional, han estimado un tamaño que supera los 10.000 ejemplares, con una densidad poblacional de 7,78 individuos/km² (Merino y Carpinetti, 2003; Pérez Carusi *et al.*, 2009). Esta población se encuentra en continuo

crecimiento, facilitado por sus aptitudes adaptativas mencionadas previamente como ser: dieta omnívora, plasticidad de adaptación a diversos ambientes y alta tasa reproductiva, sumado a las condiciones ecológicas favorables que le ofrece el área como clima, cuencas hidrográficas, vegetación y ausencia de depredadores naturales (Iriondo, 1995; Merino y Carpinetti, 2003; Abba *et al.*, 2009).

Por otro lado, en la región de Bahía Samborombón en 1973, se introdujeron jabalíes provenientes de La Pampa en la Reserva Natural “El Destino” ubicada al norte de dicha área, partido de Magdalena, contribuyendo al aumento de la diversidad de la especie en la zona (Giménez-Dixon, 1991; com. pers. Pedro Roca). Algunos de ellos se escaparon del mencionado establecimiento y se mezclaron con la población cimarrona, lo que conllevó al cruzamiento entre los distintos morfotipos silvestres de la especie. En la Figura 8 se puede visualizar dos jabalíes cazados en la zona de Punta Indio hace aproximadamente 25 años.



FIGURA 8. Jabalíes cazados en la década del 90 en el partido de Punta Indio, norte de Bahía Samborombón. (Imágenes cedidas por un poblador de la zona).

Asimismo, en la década del 90, en la Ea. Punta Indio ubicada sobre el Río Samborombón al norte de la región, su propietario eliminó casi en su totalidad los cerdos cimarrones que se encontraban en sus 700 ha, y posteriormente llevó a su establecimiento 6 jabalíes de la provincia de La Pampa, 1 macho y 5 hembras, los cuales posteriormente se liberaron; al presente dominan los ejemplares con fenotipo de jabalí (Figura 9) (com. pers. Alberto Rodríguez).

Estas traslocaciones de jabalíes a la zona de Bahía Samborombón fueron recurrentes a través de los años, lo que hizo que sea cada vez más frecuente la visualización de ejemplares con morfología semejante al jabalí euroasiático, como también que aumente el número de ejemplares con fenotipos intermedios o híbridos. Esto puede verse reflejado en la morfología de los cráneos (Figura 10). Consecuentemente, se manifestó un gradiente de fenotipos en la región de Bahía Samborombón, con ejemplares fenotípicamente similares al jabalí euroasiático, en la parte norte, y ejemplares más similares a los cerdos cimarrones, en la región sur.



FIGURA 9. Ejemplares de jabalíes visualizados actualmente en la región norte de Bahía Samborombón. (A) Ejemplar de jabalí encontrado en la Ea. Luis Chico (Imágenes cedidas por Matías Mora); (B) Ejemplares de jabalíes en la Ea. Punta Indio (Imagen cedida por Bruno Carpinetti).

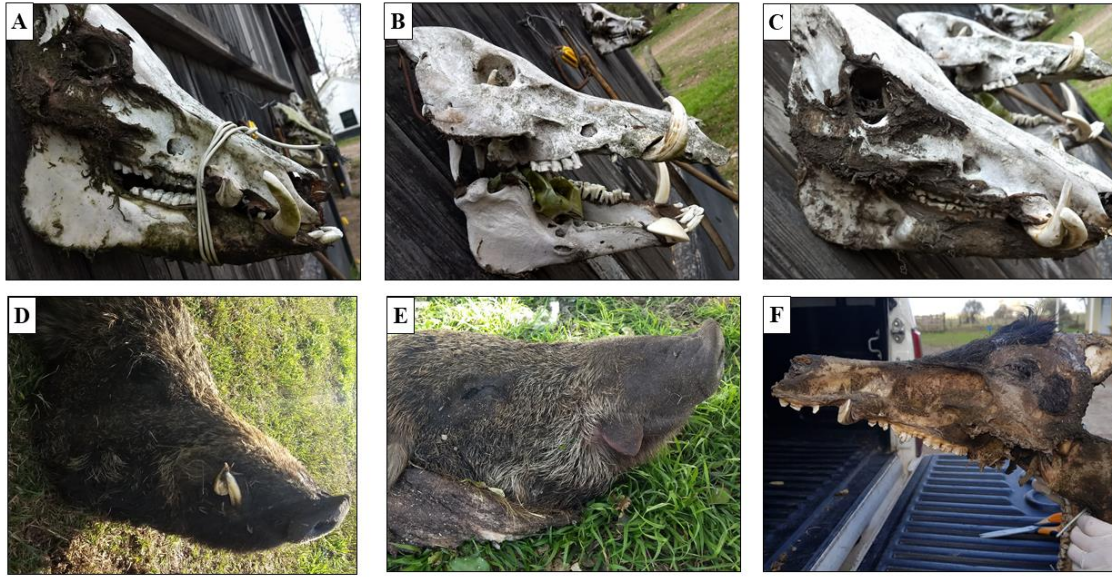


FIGURA 10. Diversidad de cráneos en cerdos cimarrones de Bahía Samborombón. Los mismos pertenecen a (A, B, C) Ea. Rincón de López; (D, E) Ea. Ensenada de San Martín (F); Ea. Santa Lucía. Los mismos tienen semejanza a (A y D) cimarrón; (E y F) jabalí euroasiático; (B y C) híbrido.

Debido a las características *per se* de la especie, y a las condiciones ecológicas favorables del área de Bahía Samborombón, sumado a las introducciones periódicas de jabalíes, como también a la cruce intencional o no con ejemplares domésticos de la región, contribuyeron al aumento exponencial de la densidad poblacional, como también al incremento de la diversidad contemplada en la heterogeneidad fenotípica en los ejemplares silvestres.

A pesar de la gran variación morfológica observada, los cerdos cimarrones de la región de Bahía Samborombón se los considera como raza criolla válida, denominada “Cerdos Criollos Costeros” o CCC (FAO, 2021). Estos se encuentran en un estado de cautiverio, semicautiverio, o incluso en silvestría (Carpinetti *et al.*, 2016; Acosta *et al.*, 2019; Acosta *et al.*, 2021).

Desde su introducción al país, han tenido una evolución como recurso zoogenético que puede dividirse en tres etapas (Revidatti, 2009; Carpinetti *et al.*, 2016).

La primera etapa inicia desde su introducción durante la conquista española, con ejemplares que se aparearon libremente, modelándose en función de la selección natural, y en menor medida, a prácticas culturales ejercidas por las sociedades que los “criaron”. De aquí arribaron a la formación de los denominados genéricamente “cerdos criollos”, término que deriva de la palabra crío o criar, con la cual los conquistadores se referían a sus hijos nacidos de mujeres indígenas (Morner, 1967).

La segunda etapa se extiende desde mediados del siglo XIX a mediados del siglo XX, cuando estos animales sufren un proceso de desvalorización, a causa de la introducción de otras razas mejoradas, generando una disminución del número de animales de esta agrupación (Martínez, 2008).

La tercera etapa inició a mediados del siglo XX y continúa hasta la actualidad, donde se ha comenzado la revalorización, planes de conservación y utilización productiva de los cerdos criollos, a pesar que sigan ingresando y utilizando en mayor medida las razas mejoradas (Martínez, 2008).

En Argentina hay dos grandes poblaciones de cerdos criollos, una ubicada en la región Nordeste Argentina (Figura 11), que incluye las provincias de Corrientes, Chaco, Formosa y Misiones, mientras que la otra se encuentra en la costa atlántica bonaerense, de allí deriva su nombre “cerdo criollo costero” (Revidatti, 2009; Carpinetti *et al.*, 2016; Tejerina, 2017). En la provincia de Corrientes, tiene la particularidad de tener un panorama similar al de los CCC de la costa Bonaerense, en donde los cerdos, conocidos como “cerdo caracolero correntino”, se encuentran en estado de semicautiverio y/o en silvestría (Revidatti, 2009; Tejerina, 2017).

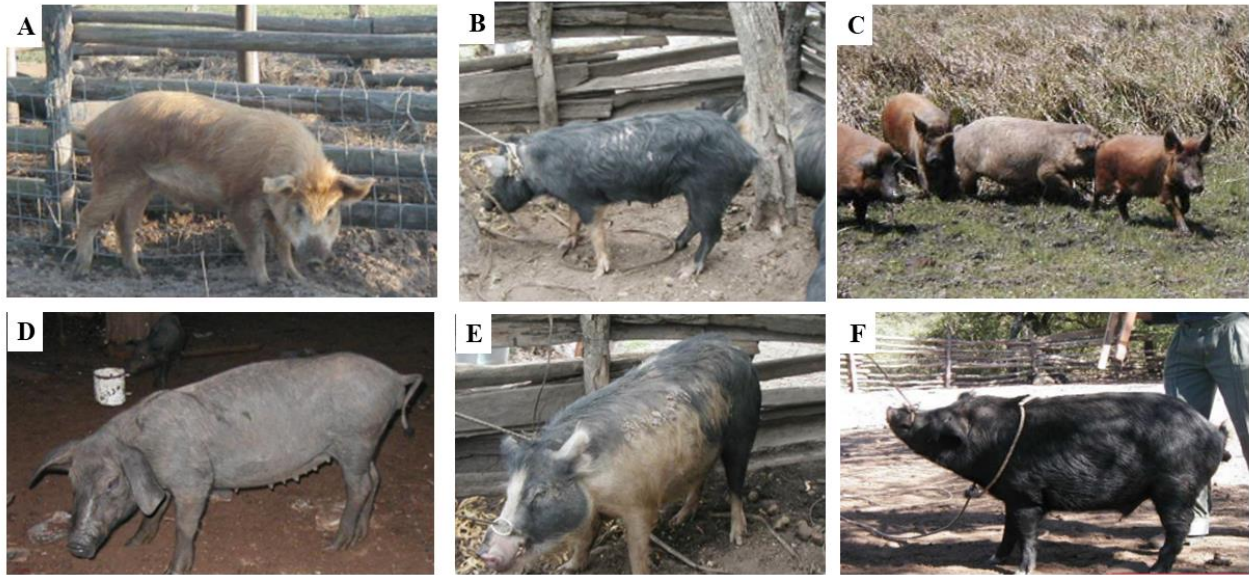


FIGURA 11. Cerdos criollos del Nordeste Argentino. (A; B) Cerdo caracolero de Corrientes; (C) Cerdo caracolero de Corrientes en estado de silvestría; (D) Cerdo criollo de Misiones; (E) Cerdo criollo de Formosa; (F) Cerdo criollo de Chaco. Tomado de Tejerina, 2017.

1.9 CERDO CRIOLLO COSTERO COMO RECURSO GENÉTICO

Se ha observado que los cerdos criollos, a lo largo de Latinoamérica, muestran un buen comportamiento reproductivo, medido en base a los indicadores de producción intensiva como precocidad sexual y alta viabilidad de los lechones al destete; sin embargo, su crecimiento es lento y su período de lactancia es largo en comparación a las razas mejoradas (Linares *et al.*, 2011). Con respecto a la calidad de sus cortes cárnicos, tomando en cuenta criterios como la ternura y el valor nutricional, el cerdo criollo tiene mayor valor económico aventajando a los cerdos hipermagros (Linares *et al.*, 2011). En general, el rendimiento productivo de los cerdos criollos es bajo con respecto a las razas comerciales, pero adquieren gran relevancia en aquellas zonas en donde las condiciones son subóptimas como los establecimientos precarios extensivos o de traspatio (Revidatti, 2009).

Los CCC son animales rústicos, con gran habilidad materna y buena calidad de carne, las cuales son características productivas favorables que pueden ser aprovechadas por los

productores porcinos locales (Giménez-Dixon, 1991; Abba *et al.*, 2009; Español, 2019; Acosta *et al.*, 2019).

No obstante, las poblaciones silvestres de *Sus scrofa* pueden actuar como reservorios de enfermedades infecciosas tanto para los animales domésticos como para la fauna autóctona, como también pueden ser fuente potencial de enfermedades zoonóticas (Carpinetti *et al.*, 2014). De esta manera, las interacciones entre especies y/o entre morfotipos dentro de esta especie, pueden resultar en la diseminación potencial de patógenos con relevancia epidemiológica (Vengust *et al.*, 2006). Argentina fue declarada libre de fiebre aftosa, peste porcina clásica, peste porcina africana y síndrome reproductivo y respiratorio porcino, sin embargo, las especies exóticas como es el caso del CCC, podrían potencialmente diseminar dichas enfermedades (Carpinetti *et al.*, 2017). Hasta el momento, no se han detectado en los CCC la presencia de ninguna de ellas (Carpinetti *et al.*, 2017). En el caso de enfermedades endémicas, se han detectado en los CCC la presencia de anticuerpos contra *Leptospira interrogans* y contra el virus de la enfermedad de Aujeszky (Carpinetti *et al.*, 2017). Por ello, es fundamental realizar controles epidemiológicos rutinarios en las poblaciones silvestres, en función de disminuir y prevenir daños en la salud pública y productiva.

En simpatría a esta población de CCC en el área de Bahía Samborombón, se encuentran establecimientos porcinos extensivos o semi-extensivos, los cuales tienen como práctica habitual la utilización de los CCC en sus producciones, con el objetivo de incorporar en sus planteles domésticos dichas características, a un bajo costo (Carpinetti *et al.*, 2016; Acosta *et al.*, 2019). Carpinetti y colaboradores (2016), han confirmado que el CCC es un recurso genético local que forma parte de la cultura popular bonaerense de la costa del Río de La Plata, ya que, según los testimonios, se lo ha utilizado de manera productiva desde el

principio de la colonización española hasta la actualidad. Paradójicamente, nunca se le ha reconocido su valor zootécnico ni sus cualidades productivas. Aunque la introducción de razas mejoradas se inició en 1900 (Carrazzoni, 1997), los productores los siguen utilizando y prefiriendo en muchos casos, debido a lo mencionado anteriormente, como también por su alta capacidad de adaptación al medio, pudiendo crecer y reproducirse dentro de las producciones, sin grandes inversiones para el mantenimiento de las mismas (Carpinetti *et al.*, 2016).

Cabe resaltar que, en los últimos 10 años, debido a la crisis económica que sufrió nuestro país, el número de producciones porcinas de la zona se han reducido de manera drástica, lo que no sólo llevó al cierre de muchas de ellas, sino que también aquellas que perduraron, son netamente extensivas, familiares y precarias. Un ejemplo es La Cooperativa de Pescadores, ubicada en la zona costera del partido de Castelli, la cual poseía un plantel porcino con más de 100 madres, tuvo que cerrar, debido a la imposibilidad de sustentarlo económicamente.

Este tipo de producciones familiares extensivas que permanecieron a pesar de la crisis económica, suelen ser de nivel socio económico bajo, y se caracterizan por tener un número reducido de madres (menos de diez), con mínimas o nulas posibilidades de inversión en infraestructura, alimentación, asesoramiento técnico y veterinario, como también incapacidad de adquirir las mejores líneas porcinas (Giménez-Dixon, 1991; Carpinetti *et al.*, 2016; Acosta *et al.*, 2019; Acosta *et al.*, 2021). Los cerdos de sus establecimientos provienen de aquellos CCC que han sido cazados en el área, debido a que son un recurso abundante y a un costo bajo en la zona, o bien de compras de razas comerciales a algún vecino (Figura 12).

Generalmente las hembras CCC se utilizan como reproductoras con machos domésticos, debido a su menor agresividad en comparación con los machos silvestres (Carpinetti *et al.*, 2016; Acosta *et al.*, 2021). En cambio, los machos CCC se utilizan principalmente para la elaboración de chacinados u obtención de grasa durante la época invernal (Giménez-Dixon, 1991).

Los CCC se encuentran contenidos en instalaciones precarias, o bien libres, deambulando alrededor de la casa y se los encierra sólo por la noche, siendo común encontrar juntos animales de todas las edades (lotes de cerdos recién destetados, en recría, cachorras, cerdas adultas y padrillos). Esta práctica no tiene épocas de apareamiento claramente definidas. Las pariciones y la cría de lechones son totalmente a campo sin ningún tipo de reparo artificial. El manejo sanitario es prácticamente nulo, y la mano de obra es netamente familiar, no existiendo contratación de mano de obra especializada. La carne y grasa son los productos que se obtienen, siendo su destino el autoconsumo o la comercialización local de los excedentes, como por ejemplo mediante chacinados (Revidatti, 2009; Acosta *et al.*, 2021).

Los CCC suelen salir del corral donde residen al medio silvestre, ya sea de manera accidental o voluntaria, formando así parte de la población silvestre. Esto conlleva a un mayor flujo entre ambos tipos de poblaciones (Carpinetti *et al.*, 2016; Acosta *et al.*, 2019). Esta íntima asociación entre los distintos morfotipos de la especie *S. scrofa* en la zona de estudio, tanto en la toma de ejemplares del estado silvestre para el ingreso en las producciones, como la liberación de estos al medio, contribuye aún más al flujo génico entre las formas de la especie, generando que alelos benéficos o no, característicos de las razas domésticas sean transmitidos a la población silvestre, y viceversa.

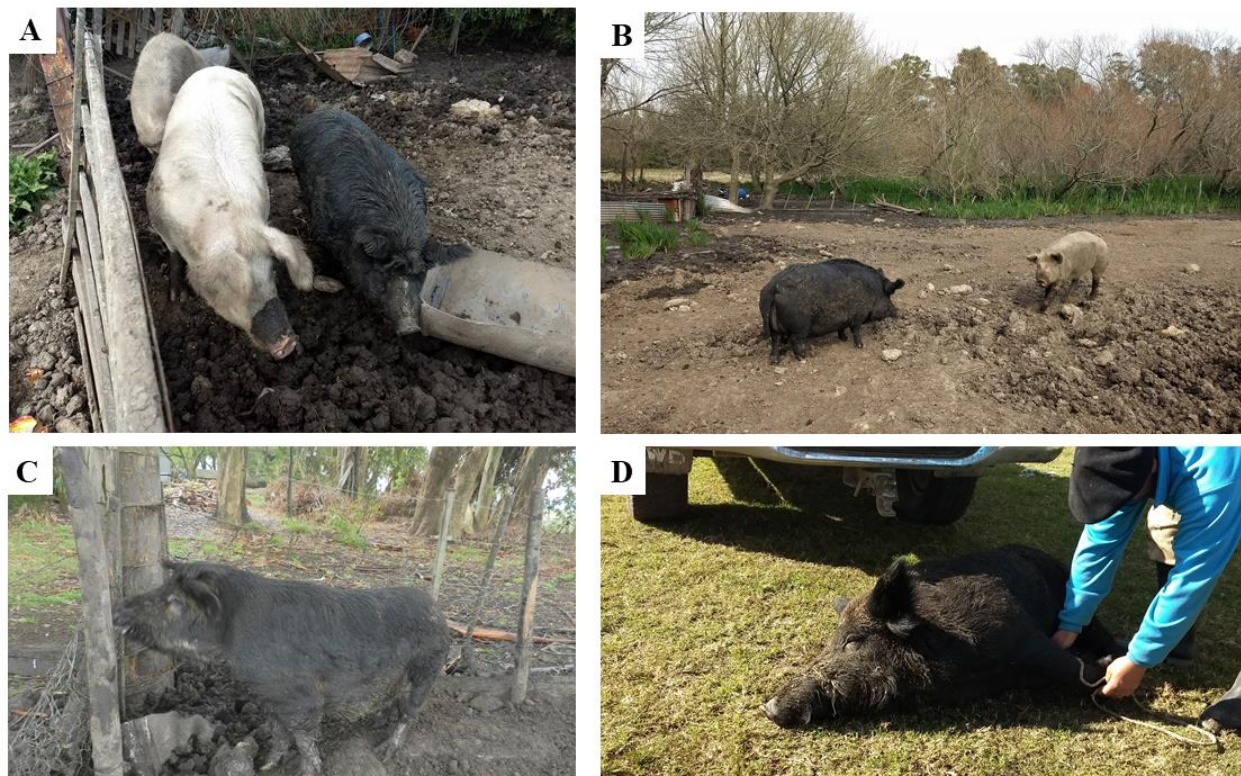


FIGURA 12. Cerdos criollos costeros en producciones porcinas extensivas/familiares en Bahía Samborombón. (A; B). Cerda CCC en el Establ. Las Tahonas (Pdo. de Punta Indio) junto a otras cerdas de raza Yorkshire; (C). Hembra CCC en el Establ. La Dorita (Pdo. de Punta Indio); (D). Macho CCC en Ea. Ensenada de San Martín (Pdo. de Castelli).

La necesidad de caracterizar y conservar los recursos genéticos animales, y en este caso al CCC, se ha convertido en una prioridad a escala nacional e internacional (FAO, 2010) y todos los estamentos coinciden en que la conservación debe estar unida a un desarrollo sostenible de dichos recursos y a una utilización racional y adecuada a su entorno medio-ambiental con fines a un reparto justo de los beneficios (Revidatti, 2009). De hecho, uno de los grandes problemas que existen en la actualidad en especies productivas como el cerdo, es la gran erosión genética de muchas razas, que conducen a la pérdida de viabilidad, fertilidad y resistencia a enfermedades y, por ende, a la ocurrencia de enfermedades recesivas

(Keller y Waller, 2002; FAO, 2007). Se estima que aproximadamente el 8% de las razas productivas se extinguieron, mientras que el 21% se encuentra en peligro de extinción.

Por ello, es fundamental centrar los esfuerzos en la recuperación y conservación de las razas porcinas locales, para el mantenimiento de la variabilidad genética que, producto de los sistemas de producción intensivos en las últimas décadas, redujeron drásticamente a las razas autóctonas como la variabilidad. Además, son parte de la biodiversidad del planeta, y por ello deben ser manejadas, utilizadas y conservadas para el desarrollo agropecuario sostenible (Hurtado *et al.*, 2005). La FAO (*Food and Agriculture Organization*), junto a otros proyectos de investigación como el *Global Plan of Action for Animal Genetic Resources*, fijaron una serie de marcadores moleculares para cuantificar la diversidad genética en especie productivas como *S. scrofa*, y en consecuencia conservar la misma, con el fin de evitar la pérdida de diversas razas locales en las distintas partes del mundo (FAO, 2011). En la actualidad son escasos los estudios de caracterización y valorización zoogenética en cerdos criollos de Argentina, siendo nulos para aquellos localizados en Buenos Aires (Revidatti *et al.*, 2009).

Por todo lo mencionado, es fundamental considerar la formación de un centro genético porcino local, orientado a caracterizar zootécnicamente al CCC, a valorizar sus productos y a producir reproductores evaluados genética y sanitariamente, contribuyendo así al desarrollo económico y social de la costa bonaerense (Carpinetti *et al.*, 2016).

Para llevar a cabo la caracterización zoogenética de los CCC y evaluar si son un recurso genético porcino efectivo, es primordial emplear marcadores moleculares que evalúen y cuantifiquen de manera eficiente y objetiva la variabilidad genética, como también, que nos brinden indicadores productivos válidos.

1.10 MARCADORES MOLECULARES APLICADOS A *SUS SCROFA*

Los marcadores moleculares son herramientas necesarias en muchos campos de la biología como evolución, ecología, biomedicina, ciencias forenses, y estudios de diversidad genética en las poblaciones (Alcántara, 2007). Estos permiten superar las limitantes que tienen los caracteres morfológicos, los cuales muestran un bajo grado de polimorfismo, son dependientes del ambiente y de la etapa del desarrollo del individuo, y la manifestación de un carácter o fenotipo dado puede depender de la expresión de varios genes (Schulman, 2007).

Los marcadores que detectan diferencias en el ADN pueden clasificarse en dos grupos, aquellos que identifican la variante en la secuencia de nucleótidos (polimorfismo de secuencia) y aquellos que identifican diferencias en el largo de la secuencia (polimorfismos de longitud). Dentro del primer grupo podemos citar a las sustituciones de nucleótidos simples (SNPs), polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLPs) y los marcadores mitocondriales y cloroplásticos; mientras que dentro de los segundos podemos mencionar a los microsatélites (STRs) y los polimorfismos de longitud de fragmentos amplificados (AFLP) (Jeffreys y Flavell, 1977; Litt y Luty, 1989; Schlötterer, 2004). Por otra parte, los marcadores moleculares, de acuerdo a la región del genoma en la que se encuentren (codificante o no), o si corresponden al genoma nuclear o al citoplasmático, evolucionan a diferentes tasas y pueden ser sensibles (o no) a la acción de diversos procesos evolutivos como la selección natural, lo que limita su uso a la resolución de cierto tipo de problemas taxonómicos, filogenéticos y/o evolutivos.

1.10.1 MARCADORES MITOCONDRIALES

Las mitocondrias son orgánulos que tienen su propio genoma que consta de una molécula de ADN circular doble cadena y haploide (ADNmt), y tiene un sistema de replicación, transcripción y traducción autónomo, independiente del genoma nuclear (Hecht y Dzapo, 1995).

En el caso de la especie *S. scrofa*, el genoma mitocondrial consta de aproximadamente 16.679 nucleótidos en donde se encuentra la información genética para dos ARN ribosomales, 22 ARN de transferencia y 13 genes codificantes de proteínas (Ghivizzani *et al.*, 1993; Hecht y Dzapo, 1995; Ursing y Arnason, 1998).

El ADNmt se hereda de manera no-Mendeliana, a través del oocito desde donde el organismo se desarrolla, denominándose este tipo de herencia uniparental y en este caso, herencia materna (Birky, 1995). Cabe resaltar que, en algunos casos, se ha observado heteroplasmia en la especie *S. scrofa*, lo que hace que la herencia mitocondrial no esté ligada en su totalidad a la madre (Ursing y Arnason, 1998). El ADNmt no recombina, lo que, sumado a las características nombradas previamente, hace que los genes o regiones del ADNmt sean muy usados para inferir linajes o relaciones filogenéticas.

Debido a que la mitocondria carece de una maquinaria de reparación de mutaciones, su ADN tiene una tasa de evolución cinco a diez veces mayor que el nuclear, lo que lo hace un buen marcador para estudios de variabilidad genética y divergencia entre poblaciones domésticas y silvestres de especies animales (Brown *et al.*, 1979). Otra ventaja es que por cada célula hay muchas mitocondrias, y a su vez, muchas moléculas de ADNmt por cada mitocondria, lo que facilita la obtención e identificación de variantes moleculares en el laboratorio (Fajardo *et al.*, 2006).

Las diferencias entre las secuencias de los marcadores mitocondriales se generan a partir de sustituciones de nucleótidos simples (SNPs) y cada variante se le llama haplotipo.

En la especie *S. scrofa*, la región mitocondrial más grande y no codificante corresponde a la región control (RC) la cual comienza en la posición 15.434 y se extiende hasta la posición 16.679 del genoma en cuestión (Ursing y Arnason, 1998). En esta región se encuentran los elementos regulatorios de la transcripción y traducción, y se ha demostrado, además, que una sección en particular, conocida como *D-loop*, que sirve como señal para el inicio de la duplicación de la cadena liviana del ADNmt (Hecht y Dzapo, 1995). La RC al no ser ADN codificante, se encuentra menos conservada que el resto de los genes mitocondriales, donde la tasa de mutación estimada para mamíferos es de $1,3 \times 10^{-8}$ por nucleótido por año (Pesole *et al.*, 1999; Huo *et al.*, 2014).

A lo largo de los años se han estudiado distintos fragmentos de RC, con el fin de evaluar tanto la variabilidad genética como las relaciones filogenéticas de las poblaciones de *S. scrofa* (Giuffra *et al.*, 2000; Kim *et al.*, 2002; Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005; Fang y Andersson, 2006; Ramírez *et al.*, 2009; Scandura *et al.*, 2011; Alexandri *et al.*, 2012; Kusza *et al.*, 2014). Con este fin, se han identificado diferentes clados filogenéticos: E1, propio del continente europeo, el cual se subdivide en E1A, que comprende Italia, Francia, Alemania, y Austria, y el E1C, que abarca la Península Ibérica y Europa central, E2, restringido a la Península Itálica, la isla de Cerdeña y Croacia, NE, Cercano Oriente, y A, asiático (Giuffra *et al.*, 2000; Kim *et al.*, 2002; Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005; Fang y Andersson, 2006; Ramírez *et al.*, 2009; Scandura *et al.*, 2011; Alexandri *et al.*, 2012; Kusza *et al.*, 2014).

1.10.2 MARCADORES NUCLEARES

1.10.2.1 POLIMORFISMO EN CROMOSOMA Y

Los marcadores moleculares del cromosoma Y son importantes para la identificación de especie e individuos, debido a su gran polimorfismo (gran variabilidad genética entre individuos), resultante de variaciones en la secuencia del genoma (alelos) en regiones no codificantes, determinadas por el número de veces que se presenta un alelo con respecto al número total de alelos en una población para un *locus* en particular (frecuencia génica), lo que refleja el grado de heterogeneidad y su poder de discriminación. El cromosoma Y, por no recombinarse, transmite los polimorfismos en forma ligada de generación en generación en individuos de sexo masculino como haplotipo, permitiendo el seguimiento de la herencia del linaje paterno en un contexto evolutivo, posibilitando realizar estimaciones de flujo génico entre poblaciones, así como la identificación de individuos dentro de las poblaciones (Rojas *et al.*, 2011).

Uno de los genes más empleados para realizar estudios evolutivos, de genética de poblaciones o sexado, es el gen de amelogenina, localizado en ambos cromosomas sexuales X (AmelX) e Y (AmelY) (Macé y Crouau-Roy, 2008). Amelogenina es una proteína hidrofóbica producida por los ameloblastos durante el desarrollo del esmalte dental, y constituyen el 90% del compuesto de los mismos. En la especie *S. scrofa*, se ha visto que ambos cromosomas sexuales llevan una copia del gen de amelogenina, pero la secuencia en el cromosoma Y tiene una delección con respecto al gen que se encuentra en el cromosoma X, lo que genera una secuencia exclusiva para los machos de la especie (Fontanesi *et al.*, 2008). Esto lo convierte en una herramienta adecuada para el sexado como para evaluar la herencia patrilineal (Fontanesi *et al.*, 2008). En muchos estudios, indican que el gen de

AmelY como herencia patrilineal es el equivalente a la región control mitocondrial en herencia matrilineal, fundamentalmente porque no recombina y por su gran diversidad genética (Macé y Crouau-Roy, 2008).

Estudios previos sobre el origen evolutivo de *S. scrofa*, mediante el gen AmelY, ha demostrado la identificación de tres haplogrupos: HY1, HY2 y HY3. En el HY1 se encuentran frecuentemente ejemplares domésticos y jabalíes con ascendencia europea y asiática, en HY2 jabalíes europeos, cerdos domésticos, y jabalíes africanos y, por último, en HY3, predominan las razas de cerdos domésticos africanos (Ramírez *et al.*, 2009; Acosta *et al.*, 2019).

1.10.2.2 MARCADORES MICROSATÉLITES

Los microsatélites (SSRs o STRs, por sus acrónimos en inglés *Simple Sequence Repeats* o *Short Tandem Repeats*) son secuencias de ADN formado por repeticiones de 1 a 6 nucleótidos de manera consecutiva o en *tándem*, llegando a longitudes que van desde los 100 pb hasta los 300 pb, aproximadamente (Ellegren, 2004). La variación en el número de repeticiones, crea los diferentes alelos (Litt y Luty, 1989). Estos segmentos pueden originarse por intercambio no recíproco durante la meiosis, o por deslizamiento de la polimerasa durante la replicación del ADN (Litt y Luty, 1989; Schlötterer, 2000; Ellegren, 2004).

Los microsatélites son los marcadores moleculares más empleados en la genética de poblaciones, debido a que son altamente polimórficos, abundantes y están distribuidos por todo el genoma, su comportamiento es neutro y de herencia codominante (Ellegren, 2004).

A partir de la información brindada por los microsatélites, se puede no sólo caracterizar genéticamente a los ejemplares de la especie *S. scrofa*, sino que también se

pueden realizar estimativas de flujo génico, y/o estructuración de la variabilidad genética poblacional, así como identificar procesos demográficos tales como cuellos de botella y/o expansiones poblacionales, entre otros.

1.10.2.3 MARCADORES DE POLIMORFISMO DE LONGITUD DE FRAGMENTOS DE RESTRICCIÓN

La técnica de RFLPs (Polimorfismos de Longitud de Fragmentos de Restricción, o su acrónimo en inglés *Restriction Fragment Length Polymorphism*), nos permite detectar fragmentos de diferentes longitudes en base a la combinación de enzimas de restricción y la técnica PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa o en inglés *Polimerase Chain Reaction*).

En esta técnica, las endonucleasas (enzimas de restricción), reconocen y cortan en secuencias específicas en las cadenas de nucleótidos (Meselson y Yuan, 1968). La aparición de determinadas mutaciones puntuales en estas secuencias de reconocimiento enzimática, pueden eliminar o crear nuevos sitios de reconocimiento de la enzima, generando en consecuencia fragmentos de distintas longitudes. Esto resulta en una excelente herramienta para determinar polimorfismos de secuencias en el ADN de interés. Esta se implementa en combinación con la reacción en cadena de la polimerasa (PCR-RFLP), a fin de aumentar las copias de un gen de interés, para la posterior visualización y caracterización de los alelos que posee (Mullis y Faloona, 1987).

En *S. scrofa*, la técnica PCR-RFLP es empleada con distintas finalidades, como el caso de alelos de genes productivos o los relacionados con ciertas patologías, por ejemplo: el gen RYR1 (o gen Halotano), gen de Rendimiento Napole (gen PRKAG3, que codifica la subunidad gama 3 de la Proteína Kinasa Activada por AMP) y gen MC4R (Receptor de Melanocortinina 4), para detectar el origen especie específico de muestras carnes sin

identificación previa, entre otros (Le Roy *et al.*, 1990; Kim *et al.*, 2000; Milan *et al.*, 2000; Fajardo *et al.*, 2006 y 2008; Acosta *et al.*, 2021). También se han empleado estas técnicas para identificar los distintos morfotipos sea jabalí euroasiático, híbrido o doméstico, como en el caso de los genes MC1R (Receptor de Melanocortina 1) que codifica la coloración del animal, y del gen NR6A1 (Receptor Nuclear subfamilia 6 grupo A miembro 1), que codifica para el número de vertebrae (Koutsogiannouli *et al.*, 2010; Fontanesi *et al.*, 2014; Ribani *et al.*, 2019).

1.10.2.3.1 GEN MC1R

La pigmentación en los mamíferos se basa en la producción de melanina en los melanocitos por acción de la Hormona Melanocito Estimulante al unirse a su receptor específico denominado MC1R. Cuando la MSH se une al melanocito, este produce eumelanina que es la responsable de los pigmentos negro y marrón. Si la MSH no se une al melanocito, este produce feo-melanina que es responsable de los pigmentos colorados y amarillos (Fajardo *et al.*, 2008; Koutsogiannouli *et al.*, 2010; Ribani *et al.*, 2019).

Uno de los genes que controla el color de pelo es el gen de extensión (gen E), que está localizado en el cromosoma 6 de los cerdos, y lleva la información para la síntesis del Receptor 1 de la Hormona Melanocito Estimulante (MC1R) en los melanocitos. Para el gen E (MC1R) se han detectado fundamentalmente tres variantes genéticas (alelos) que dan origen a tres receptores diferentes en la membrana del melanocito:

Receptor E^D (negro dominante) es el responsable del pelaje negro, la hormona se une al receptor E^D y el melanocito fabrica eumelanina (pigmentos negro y marrón); Receptor e (colorado recesivo) es el responsable del pelaje colorado, la hormona no se puede unir al

receptor e y entonces el melanocito fabrica feomelanina (pigmentos colorado y amarillo); Receptor E^+ ("wild type", salvaje o ancestral), es el responsable de muchos pelajes diferentes, negro, gris, negro-parduzco, marrón, marrón oscuro, marrón rojizo. Esta gran variedad de pelajes ocurre por la interacción del receptor E^+ (salvaje o ancestral) con otros genes de pelaje como el gen Agouti (A) o la variante Brindle (Br, barcino o atigrado). Cuando el receptor E^+ no está bloqueado por otro gen, el melanocito fabrica eumelanina (pigmentos negro y marrón) y si está bloqueado fabrica feomelanina (pigmentos rojo y amarillo), etc. A diferencia del receptor E^+ (salvaje o ancestral), los receptores E^D (negro) y e (colorado), no interactúan con los genes A o Br y, por lo tanto, son los responsables de los colores negro y colorado, respectivamente. A su vez, se encuentra la variante alélica E^P el cual codifica para cerdos de color blanco y moteado. El grado de dominancia es el siguiente: $E^+ = E^D > E^P = e$, con E^D con sus dos variantes E^{D1} y E^{D2} (Fajardo *et al.*, 2008; Koutsogiannouli *et al.*, 2010; Ribani *et al.*, 2019).

Debido al gran polimorfismo del gen MC1R, y la cercana relación entre las mutaciones del MC1R y las variaciones en el color del fenotipo del individuo, varios estudios a lo largo del mundo lo han empleado como herramienta para identificar jabalíes euroasiáticos puros, cerdos domésticos y las cruza respectivas (Kijas *et al.*, 1998; Fajardo *et al.*, 2008; Koutsogiannouli *et al.*, 2010; Fontanesi *et al.* 2014, Ribani *et al.*, 2019), mediante la técnica PCR-RFLP. Para esto, los autores sugieren que los jabalíes poseen una única variante requerida para la expresión del "tipo-silvestre" del color del pelaje conocido como E^+ , mientras que está ausente en la mayoría de las razas de cerdos domésticos. Basado en esta premisa, el MC1R es considerado como una buena alternativa a los marcadores mitocondriales para discriminar entre jabalíes euroasiáticos puros de cerdos domésticos, hasta incluso híbridos (Fajardo *et al.*, 2008).

1.10.2.3.2 GEN NR6A1

Los jabalíes se pueden diferenciar de los cerdos domésticos a partir de caracteres morfológicos y genéticos, siendo uno de los más relevantes el número de vertebras (Fontanesi *et al.*, 2014). Los jabalíes puros tienen 19 vertebras torácicas y lumbares, mientras que los cerdos domésticos tienen 21-23 (King y Roberts, 1960). Esta variación está asociada al incremento en la longitud de los animales domésticos, lo que implica un aumento en la masa muscular y en el número de mamas (de 2 a 6 más), con el consecuente incremento en el tamaño de la camada de los cerdos domésticos (Mikawa *et al.*, 2007; Rubin *et al.*, 2012).

Mikawa y colaboradores (2007), sugirieron que una sustitución en p.Pro192Leu del gen NR6A1 (Receptor Nuclear subfamilia 6 grupo A miembro 1), ubicado en el cromosoma 1 de la especie *S. scrofa*, es el causante de una mutación de un *loci* de carácter cuantitativo (QTL, *Quantitative Trait Loci*) que afecta el número de vertebras en los cerdos. Los jabalíes llevan solo el alelo silvestre (p.192Pro), mientras que las razas comerciales tienen fijado el alelo mutante (Rubin *et al.*, 2012). Por lo tanto, este polimorfismo puede ser empleado potencialmente para distinguir jabalíes de cerdos comerciales, e incluso de aquellos ejemplares híbridos, mediante la técnica específica PCR-RFLP (Rubin *et al.*, 2012; Fontanesi *et al.*, 2014).

1.10.2.3.3 GEN HALOTANO

En las últimas décadas, el consumo de carne porcina comenzó a incrementarse de manera exponencial, conjuntamente con una demanda de carne magra, lo que llevó a la producción de nuevas líneas genéticas porcinas, con el fin de obtener en menor tiempo una

carne de mejor calidad. De esta manera, se han generado cerdos con una mayor masa muscular en relación al contenido graso (Cameron, 1990; Bonelli y Schifferli, 2001). Sin embargo, esta mejora genética trajo aparejada la presencia de rasgos no deseados, como el síndrome de estrés porcino (PSS) o hipertermia maligna (MH).

El PSS es un síndrome hereditario monogénico autosómico recesivo, producido por una mutación en el gen del receptor de rianodina 1 (RYR1), conocido comúnmente como gen halotano. Dicha mutación ocasiona en el cerdo un desorden neuromuscular debido a que se expresa tanto en las células cerebelares de Purkinje, como en músculo esquelético (Smith y Bampton, 1977; Fujii *et al.*, 1991; Bonelli y Schifferli, 2001). Los ejemplares portadores del alelo deletéreo, poseen una transición de C por T en el nucleótido 1843 (sustitución de Cys por Arg), lo que genera una proteína anormal (Smith y Bampton, 1977; Fujii *et al.*, 1991; Bonelli y Schifferli, 2001). En el músculo esquelético, RYR1 codifica un canal de calcio del retículo sarcoplasmático que, en condición homocigota recesiva, genera su hiperactivación provocando consecuentemente la aparición de diversas patologías en el cerdo, como ser: rigidez muscular, hipertermia, arritmias cardíacas, muerte súbita, entre otras (Ilie *et al.*, 2014; Salas y Mingala, 2017). El PSS puede manifestarse en cualquier condición que le genere estrés físico al cerdo como, por ejemplo: el transporte para la comercialización, vacunación, castración, parto y temperaturas altas (Mitchell y Heffron, 1982; Ilie *et al.*, 2014). Asimismo, el PSS no solo afecta el bienestar animal sino también la calidad del producto cárnico, generando una carne pálida, suave y exudativa (PSE) para el consumo fresco, como también carnes oscuras, duras y secas, imposibilitando incluso el uso como productos estacionados, lo que conlleva a una carne de baja calidad para los cánones del mercado actual (Ghio y Lucero de la Sota, 2014; Ilie *et al.*, 2014). Por lo tanto, la presencia

de cerdos con PSS acarrea graves perjuicios económicos, siendo de gran preocupación para la industria porcina mundial.

En Argentina, el aumento de la demanda de carne magra hacia fines del siglo pasado, condujo al uso masivo de razas tales como Pietrain y Landrace Belga, o híbridos comerciales en bases a estas, que permitieran cumplir dichos requerimientos del mercado. Esto trajo aparejado una gran expresión del PSS en las producciones, siendo Argentina uno de los países latinoamericanos con mayor incidencia del mismo (Lloveras *et al.*, 2008; Carduza *et al.*, 2009; Ghio y Lucero de la Sota, 2014).

En Europa, se han realizado varios estudios en búsqueda del alelo deletéreo del gen RYR1 en poblaciones silvestres de *S. scrofa* (Müller *et al.*, 2000; Ernst *et al.*, 2003; Kuryl *et al.*, 2004; Zinovieva *et al.*, 2013; Klimas *et al.*, 2018), y se ha encontrado sólo en jabalíes provenientes de los bosques de la ciudad de Gdańsk (Polonia) (Borman *et al.*, 2016). En Latinoamérica, se han hecho estudios similares en cerdos domésticos criollos encontrándose en muy baja frecuencia ejemplares portadores de dicho alelo en Colombia (Rodríguez, 2004; Hernández *et al.*, 2008; Sarabia *et al.*, 2011). En Argentina, sólo se realizaron estudios en cerdos domésticos, en los cuales se ha detectado la presencia del alelo deletéreo, tanto en condición homocigota como heterocigota (Marini *et al.*, 2012; Figueroa, 2020).

2. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS

HIPÓTESIS 1

Los cerdos criollos costeros de Bahía Samborombón, Buenos Aires, son originarios de las razas ibéricas y, debido a las introducciones recurrentes de ejemplares de diferentes orígenes (razas domésticas y jabalíes), les confirieron una alta diversidad genética, convirtiéndolos en un importante recurso genético para ser empleado en las producciones porcinas a campo.

OBJETIVO GENERAL

Caracterizar y estimar la variabilidad genética, y determinar el origen filogenético de los cerdos criollos costeros de la región de Bahía Samborombón, Buenos Aires.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- I. Determinar la variabilidad genética de los cerdos criollos costeros de Bahía Samborombón, mediante los marcadores moleculares región control, gen de amelogenina y microsatélites.
- II. Estimar y comparar los índices de variabilidad genética de las poblaciones de cerdos criollos costeros con otras poblaciones de cerdos cimarrones del país, con énfasis en la población de Corrientes, a través de los marcadores moleculares región control, gen de amelogenina y microsatélites.
- III. Evaluar el grado de estructuración genético poblacional entre los cerdos criollos costeros de la Bahía Samborombón, con respecto a las poblaciones de cerdos cimarrones que se encuentran en la costa sur de Buenos Aires y en Corrientes.

- IV. Determinar el origen y las relaciones filogenéticas de las poblaciones de cerdos criollos costeros de la región de Bahía Samborombón y de otras poblaciones de cerdos cimarrones del país, mediante los marcadores moleculares región control y gen de Amelogenina.
- V. Explorar preliminarmente las relaciones genéticas que hay entre los cerdos criollos costeros de Bahía Samborombón, con respecto a las poblaciones de cerdos criollos y cimarrones de los países limítrofes Chile y Brasil.
- VI. Determinar la frecuencia de los morfotipos domésticos, híbridos y jabalíes en la población de cerdos criollos costeros de Bahía Samborombón, a través de los marcadores moleculares MC1R y NR6A1.

HIPÓTESIS 2

Los cerdos criollos costeros de Bahía Samborombón, Buenos Aires, no presentan el alelo deletéreo del gen RYR1 que produce el Síndrome de Estrés Porcino, debido a que no hibridaron con razas modernas, por lo que se los considera como un recurso genético ventajoso para el uso en producciones porcinas a campo.

OBJETIVO GENERAL

Explorar en la población de cerdos criollos costeros de Bahía Samborombón, la presencia de ejemplares portadores del alelo deletéreo del gen RYR1 causante del Síndrome de Estrés Porcino.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- I. Detectar la presencia de cerdos criollos costeros portadores del alelo deletéreo del gen RYR1.
- II. Determinar si hay una asociación entre la coloración y la presencia del alelo deletéreo del gen RYR1 en los cerdos criollos costeros.

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 ÁREA DE ESTUDIO

El área de estudio comprende la región de Bahía Samborombón, Buenos Aires, que integra los partidos de Magdalena, Punta Indio, Chascomús, Castelli, Dolores, Tordillo, General Lavalle y el Partido de La Costa (Figura 13). Esta área conforma el límite oriental de la región denominada Pampa Deprimida o Depresión del Salado, extendiéndose sobre el margen occidental del estuario del Río de la Plata, a 60 Km al sureste de la ciudad de La Plata (Soriano *et al.*, 1992). Posee una superficie aproximada de 250.000 hectáreas, y la zona comprende una línea de costa de 230 km, con una franja terrestre de un ancho variable entre 2 a 30 km (Volpato, 2004). Fue declarada “Humedal de importancia internacional” por la Convención RAMSAR, lo que implica que el país se compromete a su conservación y uso racional. Como humedal definimos a todo ecosistema donde existe agua con niveles fluctuantes, con un tipo de suelo, flora y fauna diferente a los ambientes terrestres adyacentes. Son sistemas intermedios entre ambientes permanentemente inundados y ambientes normalmente secos (Niering, 1985).

Las áreas protegidas que se encuentran dentro del área de estudio son: la Reserva Natural Provincial Bahía Samborombón que comprende unas 9.380 ha, la Reserva Natural Integral Rincón de Ajó con 2.311 ha, Reserva de Biosfera Parque Costero del Sur con 23.500 ha, y la Reserva Natural Punta Rasa con 522 ha. Además de estas áreas administradas por la provincia de Buenos Aires, se encuentra el Parque Nacional Campos del Tuyú con 3.040 ha bajo la Administración de Parques Nacionales (Pérez Carusi, 2015).

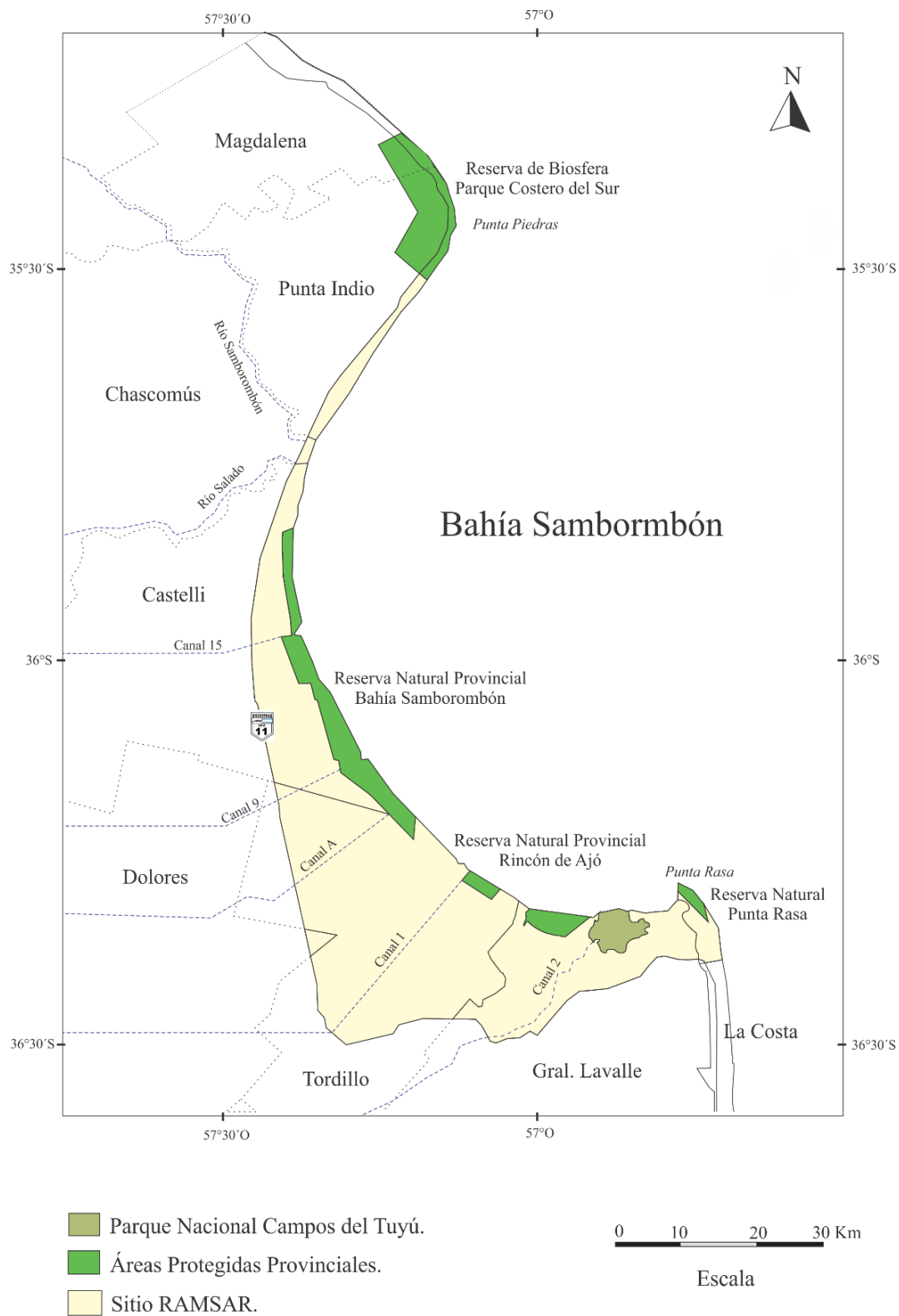


FIGURA 13. Mapa de la región de Bahía Samborombón (Buenos Aires, Argentina). Se detallan los partidos provinciales, las áreas protegidas y los canales que la atraviesan.

Bahía Samborombón se caracteriza por su relieve casi plano, con pendientes de hasta 0,1%, y una predominancia de suelos con drenaje deficiente, lo que determina la ocurrencia de anegamientos frecuentes, hecho que limita severamente su uso agrícola (Rodríguez, 1996). El área involucra un sistema ambiental complejo, donde el agua del Río de La Plata, tiene un papel determinante en la estructuración del ecosistema, el cual es un ambiente de marismas y pantanos salobres intermareal con una dinámica de inundación periódica (Cagnoni, 1999).

En lo referente a las características geomorfológicas y geológicas del área, se pueden diferenciar dos subáreas principales: los cordones litorales de conchilla, de origen marino, que corren paralelos o subparalelos a la costa y representan las zonas “altas”, y la costa subreciente actual, que conforma la planicie aluvial del Río de la Plata, con un relieve plano y de pendiente casi nula, conformada principalmente por cangrejales surcados por canales de marea y las depresiones inundables de origen eólico (Frenguelli, 1950; Fidalgo *et al.*, 1973; Tricart, 1973).

Los suelos dominantes en las zonas bajas (cangrejales y depresiones inundables) son de tipo aluvial, sódico salinos, *humic gley* y semipantanosos de textura arcillosas, mal drenados, con permeabilidad lenta, elevada proporción de salinidad y alcalinidad. Las zonas poseen suelos de tipo rendzina, arenosos, bien drenados, permeables, con bajos tenores de alcalinidad y salinidad, y ricos en calcio por el aporte de la conchilla. Hacia el sur, también se encuentran suelos formados a partir de sedimentos arenosos provenientes del mar (Fidalgo *et al.*, 1973; Sánchez *et al.*, 1976).

La amplitud de las mareas en la región es inferior a los 2 metros, aunque por la acción de los vientos, especialmente del sudeste, puede alcanzar valores hasta seis veces mayores e inundar gran parte del área (Fernández *et al.*, 2004).

El clima es templado y húmedo con un promedio anual de precipitaciones de 900 mm, con una mayor concentración en otoño y primavera. La temperatura media anual es de 15°C, siendo las medias para el verano e invierno de 21° C y 9°C, respectivamente. Los vientos dominantes provienen del este con velocidades medias de 11 a 16 km/h (Vervoost, 1967).

Dentro de las características climáticas del área de estudio se presenta un fenómeno conocido como sudestada, la cual se caracteriza por vientos regulares a fuertes del sector sudeste con velocidades mayores a los 35 km/h, precipitaciones persistentes y temperaturas bajas. Las sudestadas se presentan con mayor frecuencia durante el período de junio a octubre, en tanto en junio es el mes en el cual se producen las de mayor intensidad (Merino, 2003). El efecto de este fenómeno climático es determinante para un área con muy poca pendiente como Bahía Samborombón, que se inunda en casi un 75% de su superficie, provocando movimientos de la fauna, hacia zonas más altas pudiendo causar severos daños y pérdidas a los productores locales (Merino, 2003; Fernández *et al.*, 2004).

La vegetación es de carácter azonal, ya que se encuentra condicionada por las características edáficas, en contraposición a la vegetación estable (climática) que corresponde a flechillares y pajonales de paja colorada (Cabrera, 1971; Cagnoni y Faggi, 1993). La vegetación predominante es de naturaleza herbácea (Cagnoni y Faggi, 1993). Los pastizales de la zona pueden ser clasificados en función de diferencias en la topografía del terreno, lo que determina zonas afectadas en mayor o menor intensidad por los anegamientos y la salinidad. En las lomas se encuentra la única formación arbórea autóctona, conocida como talaes donde predomina el tala (*Celtis ehrenbergiana*) y el coronillo (*Scutia buxifolia*), con un estrato arbustivo formado por sombra de toro (*Jodina rhombifolia*) (Parodi, 1940). En dichos bosques habitan numerosas especies forrajeras, algunos de las

cuales producen forraje en la época invernal, cuando el alimento escasea y, por ello, resultan claves tanto para los herbívoros domésticos como silvestres. En los sitios donde se acumula agua en forma temporaria o casi permanente encontramos, respectivamente, pastizales de media loma o de bajo dulce, en los que es frecuente observar plantas que toleran la inundación, como la cortadera (*Cortaderia selloana*) y la paja colorada (*Paspalum quadrifarium*), entre otras (Marino, 2008).

En general, en la vecindad de las costas de la bahía, de los ríos o de las lagunas, la salinidad en el suelo es elevada y allí encontramos los pastizales de bajo salino, conocidos con el nombre de cangrejales, peladares o estepas y también espartillares o pajonales, de acuerdo a sus especies dominantes (Vervoost, 1967; Cagnoni y Faggi, 1993; Isacch *et al.*, 2006).

Con lo que respecta a la fauna, Bahía Samborombón es un sitio de desove de peces de alto valor comercial y deportivo, como es el caso de las lisas (*Liza* spp.), las corvinas (*Argyrosomus regius*) y los pejerreyes (*Odontesthes bonariensis*) (Lasta, 1995; Volpato, 2004). Alberga una de las últimas poblaciones del venado de las pampas (*Ozotoceros bezoarticus*) que se encuentra en peligro de extinción (Merino, 2008). A su vez, esta zona es un punto de concentración de aves acuáticas y migratorias como patos (*Anas* spp.), chorlos (*Pluvialis* spp.), gaviotas (*Larus* spp.) y playeros (*Pluvialis squatarola*). Más de 100.000 ejemplares llegan anualmente a la Bahía para alimentarse y descansar (Volpato, 2004). Asimismo, existen poblaciones de mamíferos exóticos como el ciervo axis (*Axis axis*) (Fernández *et al.*, 2004).

La principal actividad que se desarrolla es la ganadería, mayormente dedicada a la cría (95%), y sólo un 5% dedicada a la invernada o conjunción de ambas. La cría de bovinos ha sido siempre la actividad predominante de la Depresión del Río Salado, caracterizándose

por su carácter extensivo sustentado en el aprovechamiento de pastizales naturales, con una escasa participación de pasturas, verdeos y otras fuentes de alimentación y con escasa adopción de tecnología (Vázquez *et al.*, 2008). La agricultura está poco desarrollada y sólo involucra el 0,8% de la superficie debido a las limitantes edáficas (Merino, 2003; Pérez Carusi, 2015).

3.2 MUESTREO DE LAS POBLACIONES DE CERDOS

Se ha llevado a cabo una colecta de N = 172 muestras de tejido muscular, auditivo, craneal o cuero de cerdos criollos costeros de la región de Bahía Samborombón (Tabla 2; Figura 14 y 15). Siempre que se pudo se tomó información sobre el sexo y coloración de los individuos.

Las muestras de CCC utilizadas en esta investigación fueron obtenidas principalmente por integrantes del Organismo Provincial de Desarrollo Sostenible de la provincia de Buenos Aires (OPDS), máximo organismo de conservación y manejo de la fauna a nivel provincial de Argentina, enmarcado dentro del “Proyecto piloto para el control de las poblaciones de cerdo silvestre (*S. scrofa*) en el ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016” (Anexo I), como también por cazadores legales del área, habilitados por el mencionado organismo, los cuales siguieron las pautas establecidas por la *American Society of Mammalogists* para el uso de animales silvestres en investigación, tanto para la captura como para el sacrificio de los mismos (Sikes, 2016).

Todas las muestras fueron transportadas en tubos Falcon de 50 ml con alcohol étílico a 96% desde los sitios de muestreos hasta el Centro de Bioinvestigaciones (UNNOBA). Una vez ingresadas, en los casos que fue necesario, se limpiaron con pinceles, pinzas, agua

destilada y alcohol etílico 96%, para su posterior conservación en tubos de acuerdo el tamaño de la muestra (Falcon de 15 ml o *Eppendorfs* de 1,5 ml), en alcohol etílico a 96% a -20°C.

A modo comparativo, se han colectado N = 76 muestras de CCC de otras regiones del país, tanto aledañas a la zona de estudio, como también de otras provincias donde existen este tipo de cerdos (Corrientes, Chaco, Formosa, Santiago del Estero).



FIGURA 14. Colecta de muestras de cerdos criollos costeros en la región de Bahía Samborombón. (A). Guardaparques de la reserva Bahía Samborombón colectando muestras bajo el programa de la OPDS. (B). Cazadores legales de la Ea. Don Miguel (Tordillo, Buenos Aires) despostando un ejemplar. (C). Toma de muestra de un cráneo de CCC en la Ea. Santa Lucia (Tordillo, Buenos Aires). (D). Toma de muestra de huesos y cuero de un ejemplar de CCC atropellado sobre la Ruta Provincial 11 (Punta Indio, Buenos Aires).

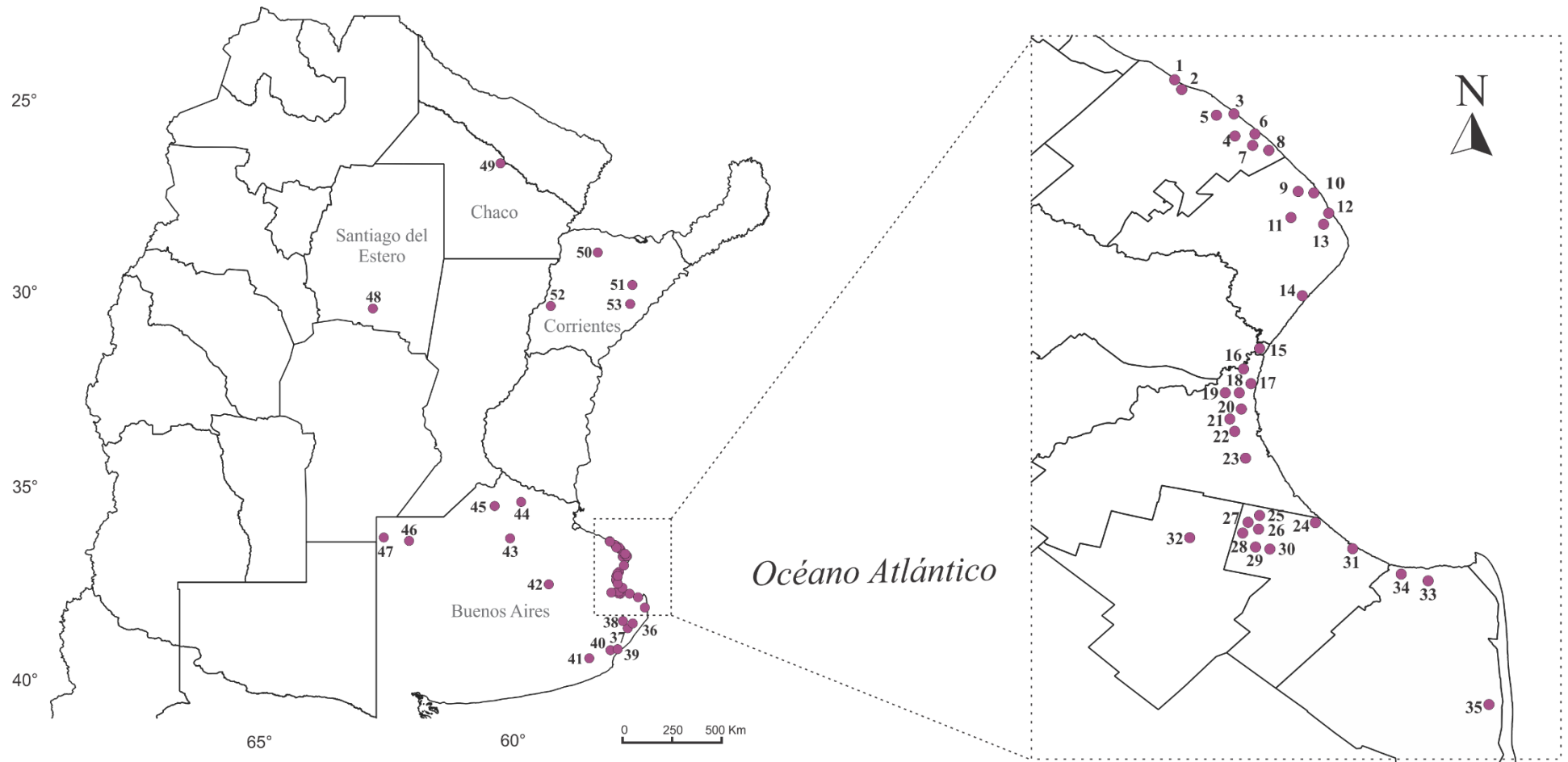


FIGURA 15. Mapa de los sitios de colecta de ejemplares de cerdos cimarrones en las provincias de Buenos Aires, Corrientes, Chaco y Santiago del Estero. En el lado derecho se puede ver en detalle los sitios de colecta del área de estudio (Bahía Samborombón, Buenos Aires). Los números corresponden a los identificadores (ID) de cada sitio de colecta, tal como está indicado en la tabla 2.

TABLA 2. Muestras de cerdos cimarrones colectados en este estudio (N = 248). Se indica el número de identificación (ID) de cada muestra, así como el sitio de colecta, su posición geográfica (latitud y longitud) y el sexo de cada individuo.

ID de colección/ (ID Mapa)	Localidad	Partido /Departamento	Provincia	Ubicación Geográfica		Sexo/Coloración
				Latitud	Longitud	
792 (1)	Boca Arroyo Espinillo- Atalaya	Magdalena	Buenos Aires	-34.9839361	-57.60958055	-/negro
945 (2)	Boca Arroyo Espinillo	Magdalena	Buenos Aires	-34.992194	-57.60127	Macho/negro
47 (3)	Cárcel de Magdalena, sobre la costa del río	Magdalena	Buenos Aires	-35.0821	-57.467714	-/negro
944 (4)	Ea. "El Santuario"	Magdalena	Buenos Aires	-35.139738	-57.442590	Hembra/negro
2804 (5)	Magdalena	Magdalena	Buenos Aires	-35.1793890	-57.348806	Macho
794 (6)	Ea. "San Isidro"	Magdalena	Buenos Aires	-35.147075	-57.23374827	Hembra/negro
793 (7)	Ea. "El Destino"	Magdalena	Buenos Aires	-35.1340806	-57.3872	-/negro
48 (8)	Ea. "El 12"	Magdalena	Buenos Aires	-35.1793890	-57.348806	-/negro
919 (9)	Ea. "El Pancho", Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.293182	-57.252418	Hembra
943 (10)	Ea. "El Bagual", Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.297218	-57.223994	Macho/negro
349 (11)	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.365415	-57.287301	Macho
350 (11)	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.365415	-57.287301	Macho
351 (11)	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.365415	-57.287301	Hembra
352 (11)	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.365415	-57.287301	Macho
353 (11)	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.365415	-57.287301	Macho
920 (12)	Ea. "Las Colinas", Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.3541667	-57.18944444	Macho/negro
861 (12)	Ea. "Las Colinas", Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.3541667	-57.18944444	-
860 (13)	Ea. "La Polaca", Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.35325666	-57.18274478	Hembra
928 (13)	Ea. "La Polaca", Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.35325666	-57.18274478	Macho
888 (14)	Ea. "Dos de Abril", Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.5819444	-57.25583333	Macho/negro
886 (14)	Ea. "Dos de Abril", Bahía Samborombón	Punta Indio	Buenos Aires	-35.5819444	-57.25583333	-/negro
862 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-
863 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-/negro
864 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-/negro
865 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-/negro
866 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-/negro
867 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-

868 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-
869 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-
870 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-
871 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-
872 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-
873 (15)	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón	Chascomús	Buenos Aires	-35.7427778	-57.37805556	-
881 (16)	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.7846718	-57.41879936	-
882 (16)	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.7846718	-57.41879936	-
883 (16)	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.7846718	-57.41879936	-
884 (16)	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.7846718	-57.41879936	-
885 (16)	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.7846718	-57.41879936	-
1140 (17)	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.840195	-57.40924	Hembra/negro
1141 (17)	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.840195	-57.40924	Macho/negro
1142 (17)	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.840195	-57.40924	Macho/negro
1143 (17)	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.840195	-57.40924	Macho
1144 (17)	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.840195	-57.40924	Macho
1145(17)	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.840195	-57.40924	Macho
816 (18)	Ea. "El Tala", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.8507222	-57.43058611	-
817 (19)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.8507222	-57.44319105	Macho/negro
2303 (20)	Ea. "La Porteña", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.89563100	-57.424771	-
2304 (20)	Ea. "La Porteña", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.89563100	-57.424771	-/macho
2305 (20)	Ea. "La Porteña", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.89563100	-57.424771	-
880 (21)	Ea. "El Principio", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9344444	-57.44555556	Hembra/negro
818 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	-
819 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	-
820 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	-
821 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	-

874 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	Hembra/negro
875 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	Macho/negro
876 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	Hembra /Pintado
877 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	Macho/negro
878 (22)	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	Hembra/negro
929 (22)	Ea. "Ensenada de San Martín", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	-
930 (22)	Ea. "Ensenada de San Martín", Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-35.9575	-57.44319105	-
1134 (23)	Canal San José, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-36.031742	-57.413138	Macho/negro
1135 (23)	Canal San José, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-36.031742	-57.413138	Hembra
1136 (23)	Canal San José, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-36.031742	-57.413138	Macho/negro
1137 (23)	Canal San José, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-36.031742	-57.413138	Macho
1138 (23)	Canal San José, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-36.031742	-57.413138	Macho
1139 (23)	Canal San José, Bahía Samborombón	Castelli	Buenos Aires	-36.031742	-57.413138	Hembra
938 (24)	Canal 9, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1347222	-57.29472222	Macho
939 (24)	Canal 9, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1347222	-57.29472222	Macho/colorado
940 (24)	Canal 9, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1347222	-57.29472222	Macho/negro
941 (24)	Canal 9, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1347222	-57.29472222	Macho/ negro
942 (24)	Canal 9, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1347222	-57.29472222	Macho/colorado
601 (25)	Canal 2, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1902778	-57.37444444	Hembra
602 (25)	Canal 2, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1902778	-57.37444444	Macho/colorado
603 (25)	Canal 2, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1902778	-57.37444444	Macho/colorado
604 (25)	Canal 2, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1902778	-57.37444444	Hembra/colorado
605 (25)	Canal 2, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1902778	-57.37444444	Hembra/colorado
606 (25)	Canal 2, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.1902778	-57.37444444	Hembra/colorado
922 (26)	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.224444	-57.388333	Macho/negro
923 (26)	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.224444	-57.388333	Hembra/negro

924 (26)	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.224444	-57.388333	Macho/negro
925 (26)	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.224444	-57.388333	Hembra/negro
926 (26)	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.224444	-57.388333	Macho/negro
927 (26)	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.224444	-57.388333	-
921 (27)	Ea. "Don Miguel", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.216667	-57.406111	-
879 (27)	Ea. "Don Miguel", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.216667	-57.406111	Hembra/negro
887 (28)	Ea. "Santa Lucía", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.277778	-57.385556	-
340 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho/negro
341 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho/negro
342 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Hembra/negro
343 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Hembra/negro
344 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho/negro
345 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Hembra/negro
346 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Hembra
347 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
348 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
403 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Hembra
404 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Hembra
405 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
406 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
407 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
408 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
409 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
410 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
411 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
412 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
413 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
414 (29)	Ea. "Malele", Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.283333	-57.345833	Macho
55 (30)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.282442	-57.136383	-

56 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-
57 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-
58 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-
62 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-
63(31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-
64 (30)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
69 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
70 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
71 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
72 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
73 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
74 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
75 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Hembra/negro
81 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
82 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
83 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Hembra/negro
84 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
2902 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho
2903 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho
2904 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
2905 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
2906 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
2907 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
2908 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Hembra/negro
2909 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
2910 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
2911 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Hembra
2912 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Hembra
2913 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro

100 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
101 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Hembra/negro
102 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
103 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Macho/negro
104 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Hembra
139 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	Hembra/negro
140 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
141 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
142 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
145 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
147 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
148 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
150 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
152 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
153 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
154 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-/negro
415 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-
416 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-
417 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.28244200	-57.116383	-
1132 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.4033	-57.234589	-
1133 (31)	Canal 1, Bahía Samborombón	Tordillo	Buenos Aires	-36.4033	-57.234589	-
1146 (32)	Canal 9, Bahía Samborombón	Dolores	Buenos Aires	-36.251945	-57.567821	Macho/negro
1147 (32)	Canal 9, Bahía Samborombón	Dolores	Buenos Aires	-36.251945	-57.567821	Hembra
1148 (32)	Canal 9, Bahía Samborombón	Dolores	Buenos Aires	-36.251945	-57.567821	Macho
1149 (32)	Canal 9, Bahía Samborombón	Dolores	Buenos Aires	-36.251945	-57.567821	Macho
1150 (32)	Canal 9, Bahía Samborombón	Dolores	Buenos Aires	-36.251945	-57.567821	Macho
1151 (32)	Canal 9, Bahía Samborombón	Dolores	Buenos Aires	-36.251945	-57.567821	Macho/negro
1152 (32)	Canal 9, Bahía Samborombón	Dolores	Buenos Aires	-36.251945	-57.567821	Hembra
1153 (32)	Canal 9, Bahía Samborombón	Dolores	Buenos Aires	-36.251945	-57.567821	Macho/bayo

625 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	-/negro
626 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	-/negro
627 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	Hembra/negro
628 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	Hembra
932 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	Macho
933 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	Macho
934 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	Macho/negro
935 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	Hembra
936 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	Hembra/negro
937 (33)	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.3713361	-56.90737222	Macho/negro
396 (34)	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.384719	-57.164595	Macho/negro
397 (34)	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.384719	-57.164595	Macho/negro
398 (34)	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.384719	-57.164595	Macho/negro
399 (34)	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.384719	-57.164595	Macho/negro
146 (35)	Paraje Pavón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.7139	-56.7389	-/negro
149 (35)	Paraje Pavón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.7139	-56.7389	-/negro
151 (35)	Paraje Pavón	Gral. Lavalle	Buenos Aires	-36.7139	-56.7389	-
400 (36)	Gral. Madariaga	Gral. Madariaga	Buenos Aires	-36.985935	-57.097947	-/negro
401 (36)	Gral. Madariaga	Gral. Madariaga	Buenos Aires	-36.985935	-57.097947	-
402 (36)	Gral. Madariaga	Gral. Madariaga	Buenos Aires	-36.985935	-57.097947	-
68 (37)	Gral. Madariaga	Gral. Madariaga	Buenos Aires	-37.016667	-57.133333	-/negro
143 (37)	Gral. Madariaga	Gral. Madariaga	Buenos Aires	-37.016667	-57.133333	-/negro
144 (37)	Gral. Madariaga	Gral. Madariaga	Buenos Aires	-37.016667	-57.133333	-/negro
822 (38)	Reserva Natural Laguna Salada Grande	Gral. Madariaga	Buenos Aires	-36.881205	-57.016211	Macho/negro

823 (38)	Reserva Natural Laguna Salada Grande	Gral. Maradiaga	Buenos Aires	-36.881205	-57.016211	Macho/negro
1131 (39)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.713333	-57.412409	-/negro
250 (40)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.677778	-57.500000	Macho/negro
251 (40)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.677778	-57.500000	Macho/negro
252 (40)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.677778	-57.500000	Macho/negro
253 (40)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.677778	-57.500000	Hembra/negro
254 (40)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.677778	-57.500000	Hembra/negro
255 (40)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.677778	-57.500000	Hembra/negro
256 (40)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.677778	-57.500000	Hembra/negro
257 (40)	Mar Chiquita	Mar Chiquita	Buenos Aires	-37.677778	-57.500000	-/negro
791 (41)	Balcarce	Balcarce	Buenos Aires	-37.8776611	-58.11466389	-/negro
65 (42)	Las Flores	Las Flores	Buenos Aires	-36.05000000	-59.116667	-
624 (43)	Chivilcoy	Chivilcoy	Buenos Aires	-34.913458	-60.073158	-
623 (44)	Paraje Beladrich	Arrecifes	Buenos Aires	-34.01257	-59.800865	-
913 (45)	Río Arrecifes	Capitán Sarmiento	Buenos Aires	-34.1125084	-60.4552487	Hembra
914 (45)	Río Arrecifes	Capitán Sarmiento	Buenos Aires	-34.1125084	-60.4552487	Macho
915 (46)	Pichincha	Gral. Villegas	Buenos Aires	-34.9743056	-62.57200806	-
916 (46)	Pichincha	Gral. Villegas	Buenos Aires	-34.9743056	-62.57200806	-
931 (46)	Pichincha	Gral. Villegas	Buenos Aires	-34.9743056	-63.31736667	-
917 (47)	Santa Regina	Gral. Villegas	Buenos Aires	-34.8912972	-63.31736667	Hembra
918 (48)	Ramírez Velazco	Quebrachos	Santiago del Estero	-29.22985	-63.468705	-
634 (49)	Villa Rio Bermejito	Castelli	Chaco	-25.6387583	-60.28080556	-
635 (49)	Villa Rio Bermejito	Castelli	Chaco	-25.6387583	-60.28080556	-
1130 (50)	Cerrito	Esteros del Iberá	Corrientes	-27.842958	-57.905286	-
1106 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1107 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1108 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1109 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1110 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-

1111 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1112 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1113 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1114 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1115 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1116 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1117 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1118 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1119 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1120 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1121 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1122 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1123 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1124 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1125 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1126 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1127 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1128 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
1129 (51)	Rincón del Socorro	Mercedes	Corrientes	-28.6463722	-57.04794167	-
44 (52)	Maruchas, Rio Corrientes	Goya	Corrientes	-29.166700	-59.0668	-
45 (52)	Maruchas, Rio Corrientes	Goya	Corrientes	-29.166700	-59.0668	-
46 (52)	Maruchas, Rio Corrientes	Goya	Corrientes	-29.166700	-59.0668	-
354 (53)	Loma Alta	La Cruz	Corrientes	-29.1182997	-57.1017083	-
355 (53)	Loma Alta	La Cruz	Corrientes	-29.1182997	-57.1017083	-
356 (53)	Loma Alta	La Cruz	Corrientes	-29.1182997	-57.1017083	-
357 (53)	Loma Alta	La Cruz	Corrientes	-29.1182997	-57.1017083	-
358 (53)	Loma Alta	La Cruz	Corrientes	-29.1182997	-57.1017083	-
359 (53)	Loma Alta	La Cruz	Corrientes	-29.1182997	-57.1017083	-

3.3 EXTRACCIÓN DE ADN GENÓMICO

A partir de cada muestra, se extrajo entre 50 a 100 ng/ μ L de ADN genómico mediante el protocolo de extracción con Fenol-Cloroformo (Sambrook y Russell, 2006). Posteriormente, dependiendo de la cantidad de pellet observado, se diluyó el ADN en un volumen de 50 a 100 μ L de solución *Buffer* Tris-EDTA (*Buffer* TE), y fue conservado a -20°C en condiciones de esterilidad. El protocolo detallado puede consultarse en el Anexo II.

La eficiencia de la extracción del ADN genómico fue verificada en un gel de agarosa 1% m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y observado bajo luz ultravioleta.

3.4 ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA A PARTIR DE MARCADORES MOLECULARES

3.4.1 MARCADOR MITOCONDRIAL REGIÓN CONTROL

Para el subset de N = 193 de CCC, se amplificó mediante PCR un fragmento de 734 pb de la región control del genoma mitocondrial entre los sitios nucleotídicos 15.390 y 16.124 utilizando el *primer forward* Ss.L-Dloop 5'-CGCCATCAGCACCCAAAGCT-3' y *reverse* PrR: 5'-ACCATTGACTGAATAGCACCT-3' desarrollados por Kusza y colaboradores (2014) (Anexo III).

La reacción para cada muestra se realizó en un volumen final de 20 μ L conteniendo 25-100 ng de ADN molde, 1,5 mM de MgCl₂, 0,2 μ M de cada *primer*, 0,2 mM de cada dNTP, 1x *Buffer* de reacción, 0,5U de Taq T-Plus DNA polimerasa y agua esterilizada ultrapura hasta completar el volumen final. El programa de ciclado consistió en un primer paso de desnaturalización a 94°C por 5 min, 30 ciclos a 94°C por 45 s, 62°C a 45 s, 74°C a 45 s, y una extensión final a 74°C por 5 min.

Todas las reacciones de PCR fueron realizadas en conjunto con un control negativo (agua destilada) y positivo. Este último proviene de ADN genómico extraído en ejemplares de jabalíes (N° de ID muestra: 2502 y 2503), proveniente de la provincia de Entre Ríos, Argentina, desarrollado en el laboratorio del Centro de Bioinvestigaciones. La PCR se llevó a cabo en un termociclador Gene Pro (BIOER).

La eficiencia de la amplificación fue verificada sembrando el ADN junto con un *Buffer* de siembra en proporciones 1:1, así como un marcador de peso molecular 100 pb, en un gel de agarosa 1% m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y observado bajo luz ultravioleta.

Los productos de la amplificación que tuvieron una concentración mayor a 20 ng/μl fueron purificados usando 10U de la enzima Exonucleasa I y 1U de fosfatasa alcalina termosensible, e incubados en un termobloque Gene Pro (BIOER) a 37°C por 15 minutos y luego a 85°C por 15 minutos para detener la reacción (Werle *et al.*, 1994). A estos productos purificados, se les realizó posteriormente una secuenciación estándar mediante la empresa MacroGen® (Corea del Sur).

3.4.2 MARCADOR NUCLEAR GEN DE AMELOGENINA EN CROMOSOMA Y

Para determinar el polimorfismo del gen AmelY, se amplificó por PCR un fragmento de 543 pb para el subset de N = 72 mediante los *primers* AmelY-proFW 5'-GCGTTACATGCATATTGCCTTG-3' y AmelY-E1Rv 5'-TCAAGGATGCTGGAGCTTTT-3' (Ramírez *et al.*, 2009) (Anexo III). Las condiciones del ciclado consistieron en un primer paso de desnaturalización a 94°C por 5 min, 30 ciclos a 94°C por 45 s, 55°C a 45 s, 74°C a 45 s, y una extensión final a 74°C por 5 min. Todas las

reacciones de PCR fueron realizadas en conjunto con un control positivo (proviene de ADN genómico extraído en ejemplares de jabalíes machos (N° de ID muestra: 2505 y 2507) proveniente de la provincia de Entre Ríos, Argentina, generado en el Centro de Bioinvestigaciones) y negativo (agua destilada). La PCR se llevó a cabo en un termociclador Gene Pro (BIOER).

La eficiencia de amplificación, como la purificación y secuenciación de las muestras, siguieron el mismo procedimiento detallado en la sección 3.4.1.

3.4.3 ANÁLISIS DE DATOS DE SECUENCIAS DE LOS MARCADORES RC Y AMELY

Las secuencias obtenidas para ambos marcadores moleculares (RC y AmelY) fueron visualizadas y editadas manualmente mediante BioEdit v.7.0.5 (Hall, 1999), resultando en tamaños de fragmentos finales de 638 y 525 pb para CR y AmelY, respectivamente.

Los haplotipos, haplotipos privativos, diversidades nucleotídicas (π) y haplotípicas (Hd), como también el número de sitios polimórficos fueron calculados usando el programa DnaSP 5.10.1 (Librado y Rozas, 2009).

Para realizar el análisis filogenético, como así también la red haplotípica, se tomaron 147 y 32 secuencias de RC y AmelY, respectivamente, de la base de datos de ácidos nucleicos *GenBank* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), las cuales incluyeron jabalíes, cerdos cimarrones y cerdos domésticos de Europa, Chile y Argentina. En el caso de jabalíes de Argentina, se usaron aquellas secuencias provenientes de centros de introducción de la especie, localizados en las provincias de La Pampa, Neuquén, y Entre Ríos (Sagua *et al.*,

2018). Como *outgroup* se emplearon las secuencias de *Babyrousa babyrussa* en el caso de RC, y de *Babyrousa babyrussa* y *Sus barbatus* para el gen AmelY.

Se generó un alineamiento múltiple para el set completo de secuencias, mediante el algoritmo ClustalW en el *software* MEGA v.6 (Tamura *et al.*, 2013). Este alineamiento fue utilizado para hacer los árboles filogenéticos, mediante las metodologías de reconstrucción filogenética probabilísticas Bayesiana y Máxima verosimilitud (MV), como también por la metodología de distancia *Neighbor Joining* (NJ). Para las filogenias MV y NJ, la confianza de los nodos fue asignada con un *bootstrap* de 1000 réplicas a través del *software* MEGA v.6 (Felsenstein, 1985). Para el análisis bayesiano, se determinó el mejor modelo mutacional que se ajustaba a los datos mediante el cálculo de probabilidad posterior, realizado con el *software* JModelTest v2.1.4 (Hasegawa *et al.*, 1985; Darriba *et al.*, 2012). La información fue posteriormente convertida en formato BEAST XML mediante BEAUti 1.7.5 (Drummond *et al.*, 2012). Para la reconstrucción de los árboles RC y AmelY, se emplearon los siguientes parámetros: reloj relajado como modelo de sustitución de cada nodo del árbol. El reloj relajado asume tasas de sustitución independientes en cada rama del árbol. La longitud de la cadena de Markov Monte Carlos fue de 50.000.000 de generaciones muestreando cada 1.000 generaciones, realizado en BEAST (Drummond *et al.*, 2012). De los 50.000 árboles generados en BEAST, el 25% de los primeros árboles muestreados fueron descartados como *burn-in* mediante el programa TreeAnnotator v1.7.5 (Drummond *et al.*, 2012). Luego, se empleó el FigTree v1.4.0 para visualizar y editar el árbol filogenético consenso final (Rambaut, 2012).

Las relaciones entre los haplotipos fueron obtenidas mediante el algoritmo *Median Joining* a través del *software* PopART v1.7 (Bandelt *et al.*, 1999; Leigh y Bryant, 2015).

Se realizó adicionalmente un análisis de relaciones haplotípicas exclusivamente con poblaciones de cerdos criollos y cimarrones localizados en los países limítrofes como Brasil y Chile. Para ello, se estudiaron 362 pb de RC, y se emplearon secuencias de *GenBank* de cerdos asilvestrados de Chile y Brasil, donde las de Brasil corresponden tanto a los *porco monteiros* como a razas localmente adaptadas similares a los CCC de Argentina. Se calculó el número de haplotipos como también las relaciones haplotípicas mediante los *softwares* DnaSP 5.10.1 y PopART v1.7, respectivamente (Bandelt *et al.*, 1999; Librado y Rozas, 2009; Leigh y Bryant, 2015).

Para evaluar la posible expansión poblacional en los CCC de Bahía Samborombón mediante el marcador RC, se realizó el test de neutralidad D de Tajima's y FS de Fu's con el programa Arlequin 3.5 (Excoffier y Lischer, 2010).

Por último, a partir de los datos de RC se realizaron dos estudios de estructura poblacional: el primero es mediante una inferencia bayesiana, a través del *software* BAPS (Corander *et al.*, 2008); y otro es a partir de la varianza molecular, conocido comúnmente como AMOVA, a través del *software* Arlequín (Excoffier y Lischer, 2010).

Con respecto al análisis de la estructura poblacional mediante el *software* BAPS v.6.0, se realizó para encontrar grupos o *clusters* (K) homogéneos de poblaciones entre los sitios estudiados, como también para detectar mezcla en individuos. Para esto se definieron *a priori* cinco poblaciones, denominadas Norte de Bahía Samborombón (N-BSB), Centro de Bahía Samborombón (C-BSB), Sur de Bahía Samborombón (S-BSB), Costa Sur de Buenos Aires (CS-BA) y Corrientes (CO). Los cálculos fueron realizados testeando el número de *cluster* (K) de 2 a 10, con 100 réplicas para cada K.

En el caso del AMOVA, éste permite estimar los índices de la estructura genética usando información del contenido alélico de los haplotipos y sus frecuencias reflejando la correlación de la diversidad haplotípica a diferentes niveles jerárquicos de subdivisión (Excoffier *et al.*, 1992). En este caso, se hicieron dos estudios de AMOVA. En el primero se partió de los ejemplares de la costa bonaerense, los cuales se dividieron *a priori* en los mismos 4 grupos definidos anteriormente para la provincia de Buenos Aires (N-BSB, C-BSB, S-BSB y CS-BA). El segundo consta de dos grupos, uno con todas las muestras de Bahía Samborombón, y otro con todas las de Corrientes. A partir de estos grupos se puede determinar el índice de fijación de Wright (F_{ST}) entre las subpoblaciones analizadas. Posteriormente, a partir del valor de F_{ST} , se determinó de manera indirecta el número efectivo de migrantes (N_{em}), bajo la fórmula:

$$F_{ST} \cong \frac{1}{1 + 4N_{em}}$$

Entonces,

$$N_{em} = \frac{1}{4} \left(\frac{1}{F_{ST}} - 1 \right)$$

Si el valor de N_{em} es mayor a 1, indica que el flujo génico es suficiente para prevenir la diferenciación sustancial de las subpoblaciones por acción de la deriva génica (Slatkin y Barton, 1989).

3.4.4 MARCADORES MICROSATÉLITES

Para los análisis genéticos de estos marcadores, se seleccionó un set de 6 *loci*, a partir de la lista de microsatélites recomendada por la FAO (2011), los cuales fueron ampliamente

utilizados para la caracterización molecular zoogenética porcina (Revidatti *et al.*, 2014; Delgado-Acevedo *et al.*, 2021; Revidatti *et al.*, 2021). La selección se realizó en base a su grado de polimorfismo, y considerando que una menor cantidad de nucleótidos por unidad de repetición determina un mayor nivel de polimorfismo, todos los *loci* elegidos fueron dinucleótidos (formados por unidades repetitivas de dos nucleótidos cada una). En la Tabla 3 se listan los microsatélites utilizados en este trabajo. Los mismos fueron aplicados para el subset de N = 34 ejemplares, pertenecientes a Bahía Samborombón y Corrientes (Anexo III).

TABLA 3. Lista de microsatélites empleados en este estudio. En la tabla se puede observar para cada *locus* su nombre, localización cromosómica (LC), secuencia de los *primers forward* y *reverse*, temperatura de *annealing* (Ta), número de acceso a *GenBank* y el rango alélico.

LOCUS	LC	PRIMER FORWARD (5' a 3')	PRIMER REVERSE (5' a 3')	Ta (°C)	Nº ACCESO GENBANK	RANGO ALÉLICO (pb)
S0026	16	AACCTTCCCTTCCCAATCAC	CACAGACTGCTTTTACTCC	55	L30152	92-100
SW632	7	TGGGTTGAAAGATTTCCTAA	GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA	55	AF225099	159-177
SWr1941	13	AGAAAGCAATTTGATTGCATAATC	ACAAGGACCTACTGTATAGCACAGG	55	AF253904	214-254
SW936	15	TCTGGAGCTAGCATAAGTGCC	GTGCAAGTACACATGCAGGG	55	AF225107	90-110
S0155	1	TGTTCTCTGTTTCTCCTCTGTTG	TGTTCTCTGTTTCTCCTCTGTTG	55	-	146-162
S0226	2	GCACTTTTAACTTTTCATGATACTCC	GGTTAACTTTTNCCTCAATACA	55	L29230	180-212

Para amplificar los 6 *loci* de microsatélites, se hicieron reacciones siguiendo la técnica de PCR anidada descrita por Schuelke (2000). Este método permite reducir los costes de amplificación y posterior análisis de secuenciación, conocido comúnmente como genotipado, mediante el uso de tres *primers*: un *primer* directo del *locus* de interés al que se le añade en el extremo 5' la secuencia del *primer* universal M13 (5' -TGTAACACGACGGCCAGT- 3'), el *primer* M13 marcado en el extremo 5' con el fluoróforo 6-FAM que permitirá su detección en el secuenciador automático, y el *primer reverso* del *locus* de interés. En el Anexo IV se detalla la técnica descrita por Schuelke (2000).

La reacción para cada muestra se realizó en un volumen final de 14 µL conteniendo 25-100 ng de ADN molde, 1,8 µL de MgCl₂, 0,9 µL de dNTPs, 1,7 µL *buffer* de reacción,

0,3 μ L del *primer forward*, 0,9 μ L del *primer reverse*, 0,9 μ L de *primer* M13 marcado con el fluoróforo 6-FAM, 0,15 μ L de Taq T-Plus DNA polimerasa resistente a inhibidores y agua esterilizada ultrapura hasta completar el volumen final. En todas las reacciones se incluyó un control negativo (agua destilada) para verificar que no haya contaminación. La concentración del *primer forward* es inferior con respecto a los otros *primers*, con el fin de que actúe en la reacción como reactivo limitante y, como consecuencia, sea más eficiente el pegado del *primer forward* marcado con M13-6-FAM. Las condiciones de termociclado fueron: 94°C por 5 min, 30 ciclos a 94°C por 30 s, 55°C por 45 s, 74° 45 s, y 8 ciclos a 94°C 30 s, 53° por 45 s, 74°C por 45 s, con una extensión final a 74°C por 10 min. Cabe aclarar que antes de iniciar los últimos 8 ciclos, se colocó el *primer* M13 marcado con el fluoróforo 6-FAM a cada tubo individual, manteniendo condiciones de oscuridad ambiental, con el fin de aumentar la eficiencia del pegado y amplificación del mismo. La PCR se llevó a cabo en un termociclador Gene Pro (BIOER).

Para verificar la amplificación de ADN se realizaron electroforesis en gel de agarosa al 2% m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y observado bajo luz ultravioleta.

En aquellas muestras donde el *locus* de microsatélite fue amplificado correctamente, y tuvo una concentración mayor o igual a 20 ng/ μ L, se enviaron a la empresa MacroGen® (Corea del Sur) para realizar su genotipado mediante secuenciación por electroforesis capilar (CES), por su sigla en inglés *Capillary Electrophoresis Sequencing*, en un ABI 3730xl.

3.4.4.1 ANÁLISIS DE LOS *LOCI* DE MICROSATÉLITES

Los electroferogramas obtenidos para los 6 *loci* de microsatélites en el set de 34 muestras, fueron analizados inicialmente con el *software* Peak Scanner™ v1.0 (*Applied Biosystems*), con el fin de detectar los alelos de cada individuo.

Para todos los análisis se separaron las muestras de Bahía Samborombón (BSB; N = 22) de las de Corrientes (CO; N = 12), con el fin de evaluar si se comportan como unidades evolutivas independientes, o si bien, son grupos que están genéticamente relacionados.

Posteriormente, se procedió al análisis de diversidad genética y estructura poblacional mediante diversos programas que se detallan a continuación.

Para los análisis de diversidad genética, primero se testeó el equilibrio Hardy-Weinberg para los 6 *loci* de microsatélites, con el programa Genalex (Peakall y Smouse, 2012), bajo la hipótesis nula que se encuentran en equilibrio H-W. Posteriormente, con el programa Genalex, se calcularon los siguientes índices de diversidad para cada población (BSB y CO): frecuencias alélicas, porcentaje de *loci* polimórficos, número de alelos por *locus* (N_a), número efectivo de alelos por *locus* (N_e), número de alelos raros y números de alelos privativos, heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e) e índice F.

En el caso del análisis de la estructura poblacional, se realizaron dos estudios, uno a través de la varianza molecular, AMOVA, y otro a través de una inferencia bayesiana conocido como STRUCTURE.

Para el análisis AMOVA, se utilizó el *software* Arlequin (Excoffier y Lischer, 2010), para dos grupos definidos *a priori* (Bahía Samborombón vs. Corrientes), con el fin de describir la variación genética dentro y entre los grupos, testeando su significancia estadística. Para ello se realizaron 10000 permutaciones y se usó un nivel de significancia del 0,05, partiendo de la hipótesis nula de ausencia de estructuración de la población. A partir de allí se determinaron los índices F de Wright: F_{ST} , F_{IT} , y F_{IS} (Wright, 1951). El índice F_{ST} toma valores entre 0 y 1, en donde 0 indica que no existe divergencia entre las poblaciones estudiadas, mientras que 1, refleja la fijación de alelos alternos en las distintas subpoblaciones en cuestión. Ahora bien, dentro de ese rango, los valores que van de 0 a 0,05 indican poca

diferenciación genética, de 0,05 a 0,15 moderada diferenciación genética, 0,15 y 0,25 alta diferenciación genética y, por último, valores mayores a 0,25 nos indica una alta diferenciación genética (Fontdevila y Moya, 2007). En el caso de F_{IT} , toma valores de -1 a 1, e indica la reducción en heterocigosidad de un individuo en relación a la población total, debido a la existencia de cruzamientos no al azar entre todos los individuos. Por último, el índice F_{IS} , su rango va de -1 a 1, y refleja la reducción en la heterocigosidad a nivel de los individuos debido a la existencia de cruzamientos no al azar dentro de su subpoblación (Fontdevila y Moya, 2007).

El análisis bayesiano de estructura poblacional, se realizó mediante el *software* Structure v2.3.4 (Pritchard *et al.*, 2000), y calcula el número más probable de grupos o *clusters a posteriori*. Este fue seteado bajo los siguientes parámetros: 1.000.000 cadenas de Markov y un *burnin* de 10.000, bajo el modelo de ancestralidad *admixture*, el cual asume que los individuos pueden tener una ancestralidad mezclada, y se consideró que las frecuencias alélicas son independientes entre las poblaciones (*Independent frequency model*). Estos datos fueron asignados para un rango de K grupos de 1 a 8, y con 10 iteraciones o réplicas por cada K. El valor óptimo de K se calculó mediante el método ΔK descrito por Evanno *et al.*, (2005), a través del *software online* Structure Harvester (Earl y vonHoldt, 2012). Las corridas múltiples del *software* Structure se analizaron con el *software* CLUMPP v1.1.12 (Jakobsson y Rosenberg, 2007), y con estos resultados, se construyó el gráfico de barras de cada individuo empleando el programa DISTRUCT v1.1 (Rosenberg, 2004).

3.5 DETECCIÓN DE HÍBRIDOS

3.5.1 GEN MC1R

Para la detección de los alelos del gen MC1R se realizó una PCR-RFLP, en el subset de N = 114 muestras de CCC, usando dos pares de *primers* específicos de Fontanesi y col., 2014 (Anexo III). El primer par fue MC1R_1F 5'- CTGCACTCGCCCATGTACTA-3' y MC1R_1R 5'-AGCAGAGGCTGGACACCAT -3', y amplifica un fragmento de 196 pb entre los nucleótidos 214 y 409 de la región codificante del gen, mientras que el segundo par *primers* MC1R_2F 5'-GCGGGTACTGTACGTCCACAT -3' y MC1R_2R 5'-CCCAGCAGAGGAGGAAGAC-3', amplifica un fragmento de 154 pb entre los sitios 619 y 772.

La reacción tuvo un volumen final de 20 µL, conteniendo 200 ng de ADN molde, 2 mM MgCl₂, 0,3 µM de cada *primer*, 0,3 mM de cada dNTP, 1X *buffer* de reacción, 0,5U de Taq T-Plus DNA polimerasa y agua ultrapura hasta completar el volumen final. Todas las reacciones fueron realizadas en conjunto a un control negativo (agua ultrapura). Las condiciones del termociclado comenzaron con un paso de desnaturalización a 94°C por 7 min, 35 ciclos a 94°C por 35 s, 61°C a 35 s, 74°C a 35 s, y una extensión final a 74°C por 7 min. Para ambos fragmentos del gen MC1R se emplearon las mismas condiciones de PCR.

Los fragmentos de ADN amplificados fueron confirmados por electroforesis en un gel de agarosa 1,5 % m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y visualizado bajo luz UV.

Posteriormente, los productos amplificados fueron digeridos con dos enzimas de restricción, BspHI para la primera región, y BstUI para la segunda región. La reacción con

BspHI, se realizó en un volumen final de 30 µL, incluyendo 15 µL (~ 0,1 – 0,5 µg de DNA) del producto de PCR, 1 µL de la endonucleasa BspHI (PagI, Thermo Fisher Scientific), 3 µL del *Buffer* O 10X, y agua ultrapura hasta completar el volumen final. Las muestras fueron incubadas en un termobloque Gene Pro (BIOER) a 37°C por 60 min y a 80°C por 20 min para inactivar a la enzima. Para la reacción con la endonucleasa BstUI, se hizo en un volumen final de 30 µL, incluyendo 15 µL (~ 0,1 -0,5 µg de DNA) del producto de PCR, 1 µL de la endonucleasa BstUI (BSh1236I, Thermo Fisher Scientific), 2 µL Buffer R 10X, y agua ultrapura hasta completar el volumen final. Las muestras fueron incubadas a 37°C por 40 min y a 65°C por 20 min para detener la reacción.

Los productos de la digestión enzimática fueron observados en un gel de agarosa 2 % m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y visualizado bajo luz UV.

En la primera reacción se incluye el sitio de digestión c.367G>A, el cual diferencia los alelos E⁺ de los alelos E^{D2} y E^P, pero no el alelo E^{D1}, aquí la enzima BspHI, la cual reconoce la secuencia 5'-TCATGA-3', digiere los alelos E^{D2} y E^P, mientras que los fragmentos que contienen los alelos E⁺ y E^{D1} no son digeridos. En la segunda reacción se encuentra el sitio de digestión c.729G>A, aquí la endonucleasa BstUI distingue la secuencia 5'-CGCG-3', donde los alelos E^{D1} y e no son distinguidos, mientras que todos los otros alelos son digeridos en dos fragmentos (Tabla 4).

TABLA 4. Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción para secuencias exónicas del gen MC1R. MC1R (1) indica el primer fragmento, mientras con MC1R (2) el segundo. Se visualiza las enzimas endonucleasas con los respectivos fragmentos obtenidos en base al genotipo del individuo.

GEN	NOMBRE <i>PRIMERS</i>	PCR/RFLP
MC1R (1)	MC1R_1F/MC1R_1R	BSpHI (c.367G= 196 pb en E ⁺ , E ^{D1} , y e; c.367A= 154 + 42 pb en E ^{D2} y E ^P
MC1R (2)	MC1R_2F/MC1R_2R	BStUI (c.729A= 154 pb en E ^{D1} y e; c.729G= 109 + 47 pb en E ⁺ , E ^{D2} , y E ^P

A partir de los resultados obtenidos mediante la técnica PCR-RFLP, se pueden distinguir el genotipo del jabalí euroasiático (E^+/E^+), genotipos domésticos mediante la presencia de los alelos (E^{D1} , E^{D2} , E^P y e), como también la presencia de ejemplares híbridos (combinación de alelos E^+ con los otros alelos presentes en cerdos domésticos E^{D1} , E^{D2} , E^P y e). Cabe resaltar que, en base a la metodología aplicada, no se pueden disociar los alelos E^{D1} y e , como el E^{D2} y E^P , de aquí a la nomenclatura de los alelos juntos $E^{D1}e$ y $E^{D2}E^P$. Como estos alelos sólo distinguen razas de cerdos domésticos, y el mismo no es un propósito de este estudio.

A partir de estos datos, se identificó la proporción de ejemplares de CCC de Bahía Samborombón con las distintitas combinaciones genéticas.

3.5.2 GEN NR6A1

Para la detección de los alelos del gen NR6A1 se realizó una PCR-RFLP. Se amplificó un fragmento 203 pb del gen NR6A1, en el subset de $N = 117$ muestras de CCC, mediante los *primers* NR6A1-F 5'-GGTATCCTGAGCACCCAGTC-3' y NR6A1-R 5'-ACCTGGAGGACAGTGTGGAG-3' (Fontanesi *et al.*, 2014) (Anexo III). La reacción tuvo un volumen final de 20 μ L, conteniendo 100 ng de ADN molde, 1,5 mM $MgCl_2$, 0,2 μ M de cada *primer*, 0,2 mM de cada dNTP, 1X *buffer* de reacción, 0,5U de Taq T-Plus DNA polimerasa y agua ultrapura hasta completar el volumen final. Todas las reacciones fueron realizadas en conjunto con un control negativo (agua ultrapura). El programa de ciclado consistió en un primer paso de desnaturalización a 94°C por 7 min, 30 ciclos a 94°C por 30 s, 61°C a 30 s, 74°C a 30 s, y una extensión final a 74°C por 5 min.

Los fragmentos de ADN amplificados fueron confirmados por electroforesis en un gel de agarosa 1,5 % m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y visualizado bajo luz UV.

Posteriormente se realizó la digestión enzimática en un volumen final de 30 µL, incluyendo 10 µL (~ 0,1 - 0,5 µg de DNA) del producto de PCR, 1 µL de la enzima MspI (CutSmart, New England BioLabs), 3 µL del *Buffer* NE 10X, y agua ultrapura hasta completar el volumen final. Las muestras fueron incubadas a 37°C por 60 min, y los productos de la digestión enzimática se observaron en un gel de agarosa 2 % m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y visualizado bajo luz UV.

El polimorfismo del gen NR6A1 g.299084751C>T o p.Pro192Leu, puede visualizarse mediante el corte del alelo *wild type* por la enzima MspI (Tabla 5).

TABLA 5. Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción para secuencia exónica del gen NR6A1. Se observan los fragmentos obtenidos en base al genotipo del individuo mediante la endonucleasa MspI.

GEN	PRIMERS	PCR/RFLP
NR6A1	NR6A1-F/NR6A1-R	MspI (g.299084751C= 180 + 23 pb; g.299084751T= 203 pb)

A partir de los resultados obtenidos de la PCR-RFLP, se calcularon las frecuencias genotípicas y alélicas del gen NR6A1 en la población silvestre de CCC de Bahía Samborombón.

3.6 GEN HALOTANO

Para la detección de los genotipos del gen halotano (RYR1), se realizó una PCR-RFLP. Se amplificó un fragmento de 659 pb del gen, en el subset de N = 106 muestras de CCC, mediante los *primers* ryr1-F 5'-TCCAGTTTGCCACAGGTCCTACCA-3' y ryr1-R:

5'-ATTCACCGGAGTGGAGTCTCTGAG-3' (Otsu *et al.*, 1992) (Anexo III). La reacción tuvo un volumen final de 20 µL, conteniendo 100 ng de ADN molde, 1,5 mM MgCl₂, 0,2 µM de cada *primer*, 0,2 mM de cada dNTP, 1X *buffer* de reacción, 0,5U de Taq T-Plus DNA polimerasa y agua ultrapura hasta completar el volumen final. Todas las reacciones fueron realizadas en conjunto a un control negativo (agua ultrapura). El programa de ciclado consistió en un primer paso de desnaturalización a 94°C por 10 min, 30 ciclos a 94°C por 45 s, 61°C a 45 s, 74°C a 45 s, y una extensión final a 74°C por 10 min.

Los fragmentos de ADN amplificados fueron confirmados por electroforesis en un gel de agarosa 1% v/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y visualizado bajo luz UV.

Se prosiguió con la digestión enzimática, la cual se realizó en un volumen final de 30 µL, incluyendo 10 µL (~ 0,1 – 0,5 µg de DNA) del producto de PCR, 1 µL de la endonucleasa Alw211 (BsiHKAI, Thermo Fisher Scientific) y 2 µL del *Buffer* O 10X, y agua ultrapura hasta completar el volumen final. Las muestras fueron incubadas a 37°C por 20 min y 65°C por 10 min para detener la reacción.

Los productos de la digestión enzimática fueron observados en un gel de agarosa 2 % m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y visualizado bajo luz UV.

Los cerdos con el alelo recesivo (h) tienen una mutación c.1843C>T que genera un sitio de reconocimiento para la enzima BsiHKAI, lo que permite visualizar dicho alelo en un gel de agarosa. En el caso del genotipo dominante (HH), se van a observar dos bandas, una de 524 pb y otra de 135 pb (esta última corresponde al control positivo del sitio de clivaje). El genotipo recesivo (hh) se manifiesta con tres bandas, de 358, 166 y 135 pb, debido a la combinación de la enzima de restricción BsiHKAI y el control positivo. Por último, el

genotipo heterocigota (Hh) se manifiesta con cuatro bandas, 524, 358, 166 y 135 pb (Tabla 6). Los productos de la reacción enzimática fueron observados en un gel de agarosa 2 % m/v, teñido con bromuro de etidio (10mg/ml), y visualizado bajo luz UV.

TABLA 6. Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción para secuencia exónica del gen RYR1. Se puede visualizar los fragmentos obtenidos en base al genotipo del individuo mediante la endonucleasa BsiHKAI.

GEN	PRIMERS	PCR/RFLP
RYR1	ryr1-F/ryr1-R	BsiHKAI (c.1843C= 524 + 135 pb; c.1843T= 358 + 166 + 135 pb)

A partir de los resultados obtenidos de la PCR-RFLP, se calcularon las frecuencias genotípicas y alélicas del gen RYR1 en la población de CCC de Bahía Samborombón.

Para determinar si hay una posible asociación entre el color del CCC y la presencia/ausencia del alelo deletéreo del gen RYR1, se realizó un test estadístico chi cuadrado (χ^2), con un nivel de significancia de $\alpha = 0,05$, a través del software RStudio (RStudio team, 2020), bajo la hipótesis nula que no hay asociación entre dichas variables.

4. RESULTADOS

4.1 REGIÓN CONTROL

4.1.1 SECUENCIACIÓN DE LAS MUESTRAS

Se logró amplificar por PCR un fragmento de 734 pb del marcador molecular RC en 193 muestras de cerdos criollos de Argentina. En el Anexo III se puede ver el detalle de las muestras empleadas en este estudio y, en el Anexo V, el cromatograma de la secuenciación estándar del fragmento estudiado de RC, obtenido por la empresa MacroGen®. Posteriormente, debido a la edición manual de cada secuencia, quedó una extensión final de 638 pb del marcador molecular en cuestión.

4.1.2 ESTIMACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA

Se analizaron 132 secuencias de CCC correspondientes al área de estudio de Bahía Samborombón, y se enmarcaron dentro de 24 haplotipos. Dentro de ellos se encontraron 27 sitios variables, de los cuales 25 son sitios polimórficos, y 2 con gaps (*missing data*). Asimismo, tienen una diversidad haplotípica de $H_d = 0,709 \pm 0,034$, una diversidad nucleotídica (por sitio) $\pi = 0,00428 \pm 0,00055$, y un número promedio de diferencias nucleotídicas $K = 2,71513$.

Si evaluamos el análisis de estos CCC en conjunto con los provenientes de otras regiones de la costa bonaerense ($N = 152$), se puede observar que los mismos se agruparon en 28 haplotipos, con 30 sitios variables, de los cuales 28 son sitios polimórficos y 2 son gaps (*missing data*). La diversidad haplotípica es de $H_d = 0,738 \pm 0,031$, la diversidad nucleotídica

(por sitio) $\pi = 0,00597 \pm 0,00068$, con un número promedio de diferencias nucleotídicas $K = 3,78207$.

El análisis en conjunto de las 193 secuencias de cerdos criollos de las provincias de Buenos Aires, Corrientes y Chaco, se agruparon en 36 haplotipos, con 34 sitios variables, de los cuales 31 son sitios polimórficos y 3 son gaps (*missing data*) (Tabla 7). La diversidad haplotípica es de $Hd = 0,781 \pm 0,020$, la diversidad nucleotídica (por sitio) $\pi = 0,00581 \pm 0,00059$, con un número promedio de diferencias nucleotídicas $K = 3,67919$.

TABLA 7. Sitios de diversidad nucleotídica para los 36 haplotipos de RC obtenidos en este estudio. Los números indican la posición nucleotídica variable, y los puntos indican igualdad de base. Adicionalmente, se muestran el número de ejemplares dentro de cada haplotipo. Con asterisco (*) se resaltan los haplotipos detectados en la región de Bahía Samborombón.

HAPLOTIPOS		SITIOS POLIMÓRFICOS																																NÚMERO DE EJEMPLARES			
		33	66	70	88	93	95	103	110	116	124	132	137	160	220	258	273	280	285	288	302	307	369	378	384	418	429	430	431	432	433	435	436		440	604	
H1*		A	C	C	T	C	A	T	G	C	C	C	A	T	T	C	A	C	C	G	C	A	C	T	T	C	C	A	C	C	T	A	A	-	G	4	
H2*		.	-	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	C	A	C	T	T	C	C	A	C	C	T	A	A	-	.	51	
H3*		C	-	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	2
H4*		.	-	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	36
H5*		.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	2
H6*		C	T	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1
H7*		.	T	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	9
H8*		.	T	-	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1
H9*		.	-	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	C	2
H10*		.	.	.	.	T	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	2
H11*		.	-	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	16
H12*		.	-	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	10
H13*		.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	9
H14*		.	-	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	4
H15*		.	-	.	C	.	.	A	A	-	T	T	G	C	C	T	G	.	T	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	7	
H16*		.	-	.	C	.	.	A	A	-	T	T	G	.	C	.	G	.	T	.	T	.	T	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	2	
H17*		.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	3
H18*		.	-	.	C	.	.	A	A	-	T	T	G	C	C	.	G	.	T	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1	
H19*		.	-	.	C	.	.	A	A	-	T	T	G	.	C	T	G	.	T	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1	
H20*		.	-	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	T	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1	
H21*		C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1
H22*		.	-	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	T	C	A	G	G	C	C	C	.	5	
H23*		C	-	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	A	T	C	A	G	G	C	C	-	.	1
H24*		.	-	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1
H25		.	-	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	2	
H26		.	-	.	C	.	.	A	A	-	T	T	G	.	C	T	G	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1		
H27		.	-	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	2	
H28		.	-	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	2	
H29		.	-	.	C	.	C	A	A	-	T	T	G	C	.	.	G	T	T	.	T	.	T	G	.	.	.	.	T	.	.	.	-	.	1		
H30		.	-	.	C	.	C	A	A	-	T	T	G	C	.	.	G	T	T	.	T	.	T	.	.	.	.	T	.	.	.	-	.	1			
H31		.	-	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1		
H32		.	-	.	C	.	C	A	A	-	T	T	G	C	C	T	G	.	T	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1			
H33		.	-	.	.	.	C	A	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1		
H34		.	-	.	.	.	C	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1			
H35		.	-	.	.	.	C	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	7			
H36		.	-	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	-	.	1				
		TOTAL																																193			

4.1.3 ANÁLISIS FILOGENÉTICO Y RELACIONES HAPLOTÍPICAS

El set total de secuencias empleadas en el análisis filogenético (N = 341), donde 193 corresponden a este estudio y 148 a *GenBank*, se agruparon en 104 haplotipos (Anexo VI). De estos haplotipos, 36 (H1 a H36) contienen secuencias de cerdos criollos, de los cuales 30 son reportados por primera vez, mientras que los 6 restantes ya fueron reportados en países del oeste europeo (Francia, Reino Unido, Alemania, Portugal, Península Ibérica).

Los árboles filogenéticos realizados mediante las metodologías NJ, MV e inferencia bayesiana, mostraron la misma topología, por lo que se muestra solo ésta última (Figura 16). El modelo mutacional al que mejor se ajustó nuestro set de secuencias fue el HKI + G (Hasegawa *et al.*, 1985). El árbol filogenético mostró la existencia de subdivisión en subclados reportados previamente como E1A, E1C, E2, NE y A. Las muestras de Argentina se encontraron dentro de los subclados E1A, E1C y A.

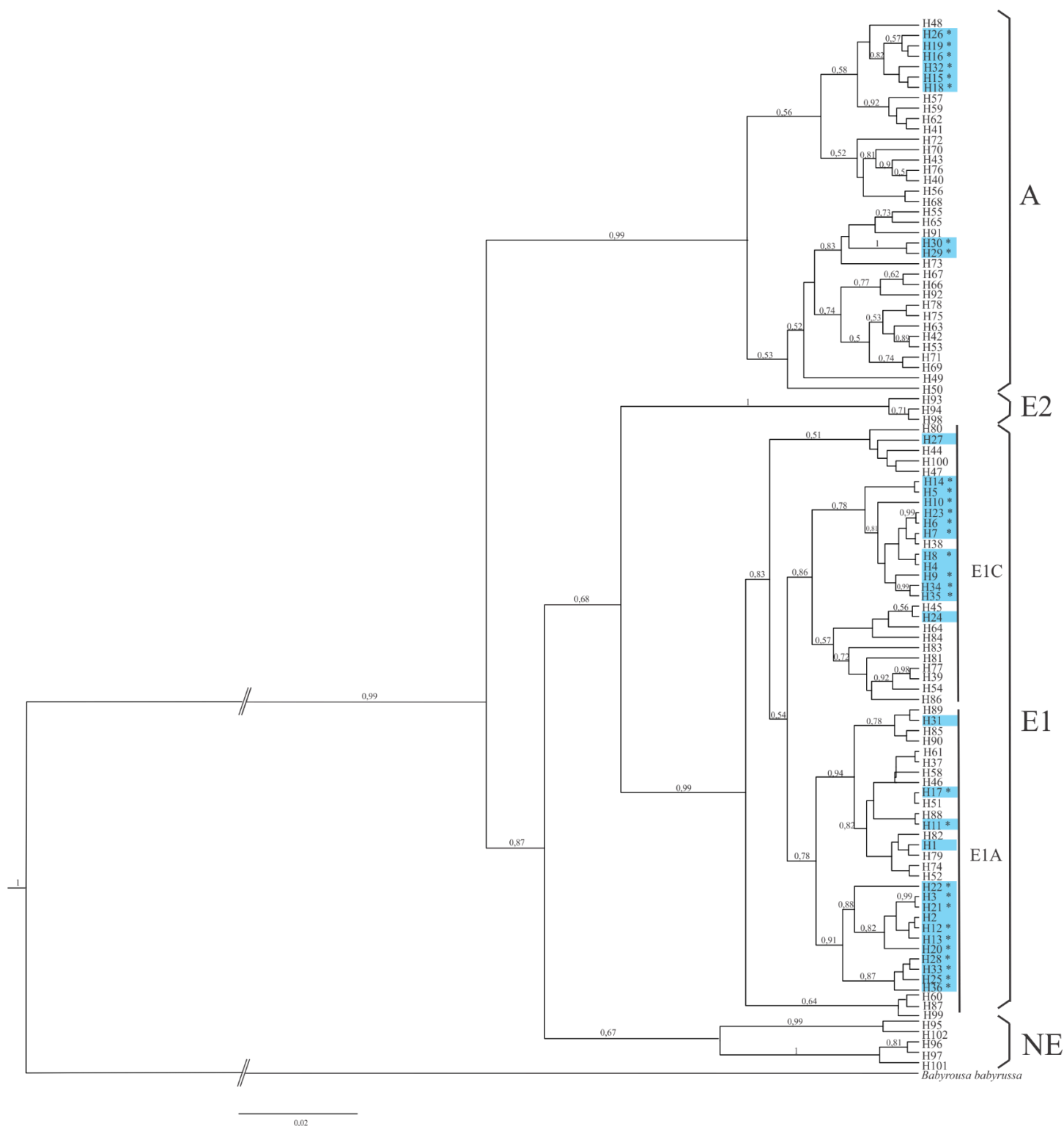


FIGURA 16. Árbol filogenético obtenido mediante inferencia bayesiana para los 638 pb del marcador RC. Con color se identifican los haplotipos encontrados en los cerdos cimarrones de Argentina y, con asterisco aquellos haplotipos que son exclusivos de este trabajo. También se identifican clados y subclados reportados previamente para *S. scrofa*: E1 (subdividido en E1A y E1C), E2, NE y A. En los nodos se muestran los valores de probabilidad posterior mayores a 0,5.

En el subclado E1A, encontramos al mayor número de muestras de nuestro estudio (N = 109 secuencias), los cuales corresponden a los haplotipos H1, H2, H3, H11, H12, H13, H17, H20, H21, H22, H25, H28, H31, H33, y H36, conteniendo secuencias de las provincias de Buenos Aires, Corrientes y Chaco. En el subclado E1C encontramos N = 69 secuencias, descritas en los haplotipos H4, H5, H6, H7, H8, H9, H10, H14, H23, H24, H27, H34 y H35, que incluye secuencias de las provincias de Buenos Aires y Corrientes. Por último, en el clado A, encontramos N = 15 secuencias, correspondiente a los haplotipos H15, H16, H18, H19, H26, H29, H30, H32, compuesto solo por secuencias de la provincia de Buenos Aires.

Del total de secuencias de Buenos Aires, 63,1% se encontraron en E1A, 27,1% en E1C y 9,8% en A. En Corrientes el 80% colapsó con E1C y el 20% con el clado E1A. Por último, en Chaco el 100% de las muestras estuvieron dentro del subclado E1A. En el Anexo VI se detalla la distribución de los haplotipos en los diferentes clados.

En el caso de la población de la Bahía Samborombón (N = 132), el 68% (N = 85) se encontró en el subclado E1A, mientras que 29,7% (N = 39) en el E1C y 2,3% (N = 3) en A (Figura 17).

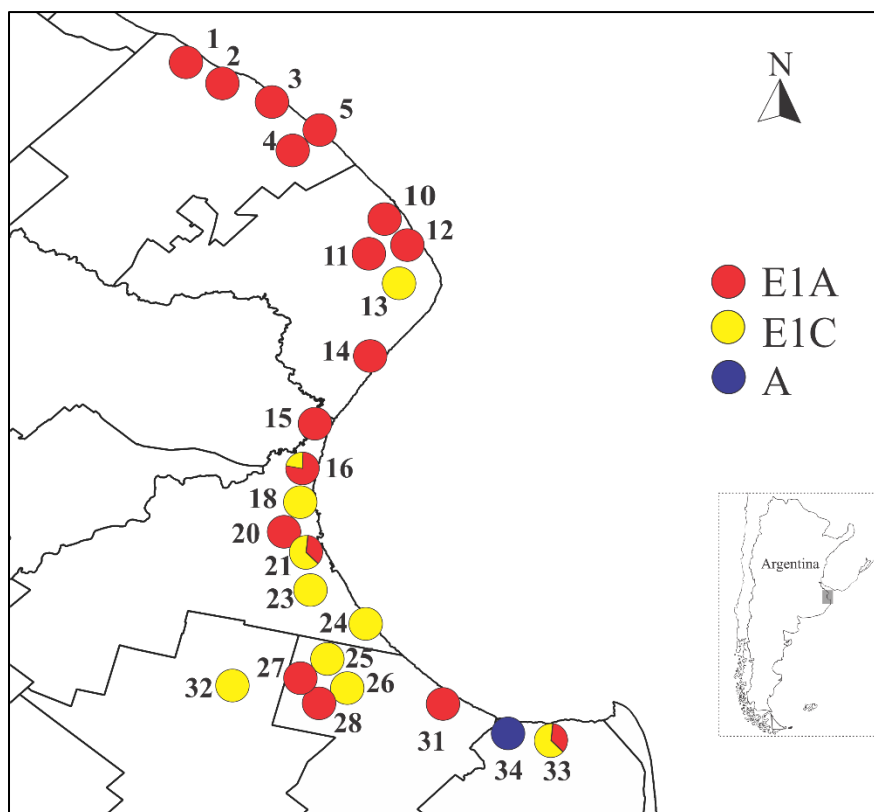


FIGURA 17. Haplogrupos (E1A, E1C y A) hallados en los sitios de muestreos de Bahía Samborombón.

La red haplotípica *Median Joining* soporta la asociación sugerida por los árboles filogenéticos, en donde se puede ver la relación entre los haplotipos de cerdos criollos con jabalíes de Argentina, como también con los ejemplares pertenecientes a los otros subclados ubicados en distintos sitios del mundo (Figura 18). Los clados mayores E1 y A, se diferencian por 14 mutaciones. Asimismo, se observa que el clado asiático, el haplotipo más frecuente es el H15, en el subclado E1A es el H2, y en el subclado E1C es el H4. Con respecto a la topología de la red, en el clado europeo se pueden distinguir mayormente dos estructuras “tipo estrella”, con H2 y H4 como haplotipos centrales de las mismas, lo que sugiere una posible expansión y diversificación de haplotipos a partir de ellos.

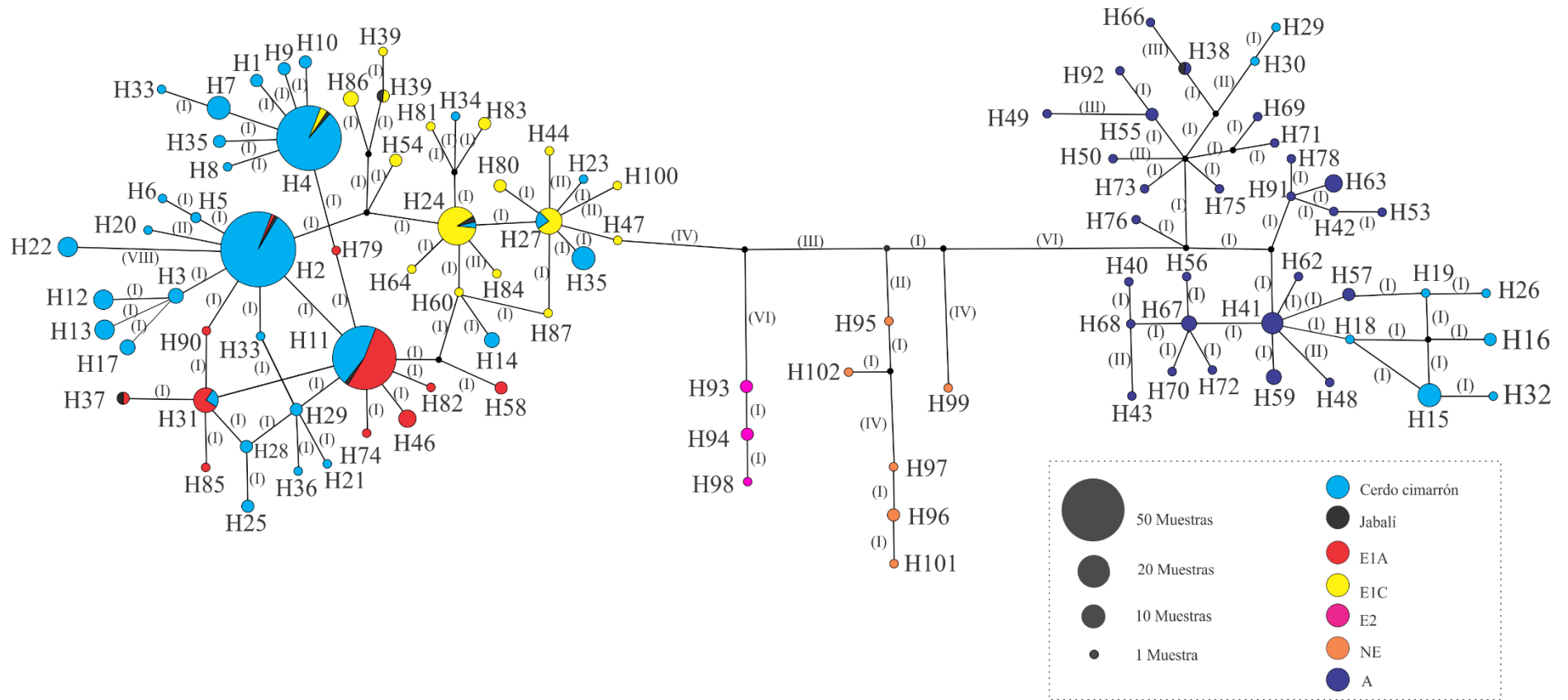


FIGURA 18. Red haplotípica *Median Joining* para los 103 haplotipos obtenidos en este estudio. En celeste y negro se identifican los cerdos criollos y jabalíes de Argentina, respectivamente, en el contexto de los subclados previamente identificados como E1A, E1C, E2, NE, y A. El tamaño de los círculos es proporcional a la frecuencia de los haplotipos, y los números romanos entre los haplotipos indican el número de mutaciones que los separan.

El subset de N = 58 secuencias correspondientes a los cerdos criollos y cimarrones de Brasil y Chile, junto a los cerdos cimarrones de este estudio, se obtuvieron 38 haplotipos (Tabla 8). Dentro de estos, se vieron haplotipos compartidos por los cerdos cimarrones de Argentina y los *porcos monteiros* de Brasil, como también haplotipos exclusivos para cada país, teniendo Chile sólo haplotipos exclusivos.

TABLA 8. Lista de secuencias de ejemplares de Chile, Brasil y Argentina empleados en el análisis de 362 pb de RC. En la misma se encuentra el ID (tanto el ID interno de este trabajo como el número de acceso a *GenBank*), el país de origen, número de haplotipo que le fue asignado en este estudio con su correspondiente clado (E: Europeo; A: Asiático) y cita bibliográfica.

ID	PAÍS	HAPLOTIPO EN ESTE		BIBLIOGRAFÍA
		ANÁLISIS	CLADO	
H1	Argentina	HAP1	E	Este estudio
H17	Argentina	HAP1	E	Este estudio
H5	Argentina	HAP1	E	Este estudio
MG837541	Brasil	HAP1	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
H10	Argentina	HAP2	E	Este estudio
H14	Argentina	HAP2	E	Este estudio
H23	Argentina	HAP2	E	Este estudio
H4	Argentina	HAP2	E	Este estudio
H6	Argentina	HAP2	E	Este estudio
H7	Argentina	HAP2	E	Este estudio
H8	Argentina	HAP2	E	Este estudio
H9	Argentina	HAP2	E	Este estudio
MG837535	Brasil	HAP2	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
H11	Argentina	HAP3	E	Este estudio
H12	Argentina	HAP4	E	Este estudio
H13	Argentina	HAP4	E	Este estudio
H2	Argentina	HAP4	E	Este estudio
H21	Argentina	HAP4	E	Este estudio
H3	Argentina	HAP4	E	Este estudio
MG837539	Brasil	HAP4	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
H15	Argentina	HAP5	A	Este estudio
MG837537	Brasil	HAP5	A	Este estudio
H16	Argentina	HAP6	A	Este estudio
H18	Argentina	HAP7	A	Este estudio
H19	Argentina	HAP8	A	Este estudio
H20	Argentina	HAP9	E	Este estudio
H22	Argentina	HAP10	E	Este estudio
H24	Argentina	HAP11	E	Este estudio
H25	Argentina	HAP12	E	Este estudio
MG837531	Brasil	HAP12	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
H26	Argentina	HAP13	E	Este estudio
H27	Argentina	HAP14	E	Este estudio
H28	Argentina	HAP15	E	Este estudio
MG837540	Brasil	HAP15	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
H29	Argentina	HAP16	E	Este estudio

H30	Argentina	HAP17	A	Este estudio
H31	Argentina	HAP18	A	Este estudio
H32	Argentina	HAP19	A	Este estudio
H33	Argentina	HAP20	E	Este estudio
H34	Argentina	HAP21	E	Este estudio
H35	Argentina	HAP22	E	Este estudio
H36	Argentina	HAP23	E	Este estudio
JQ668030	Chile	HAP24	E	Aravena <i>et al.</i> , 2015
JQ668032	Chile	HAP24	E	Aravena <i>et al.</i> , 2015
JQ668031	Chile	HAP25	E	Aravena <i>et al.</i> , 2015
JQ668033	Chile	HAP26	A	Aravena <i>et al.</i> , 2015
JQ668034	Chile	HAP27	E	Aravena <i>et al.</i> , 2015
MG837527	Brasil	HAP28	A	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837528	Brasil	HAP29	A	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837529	Brasil	HAP30	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837530	Brasil	HAP31	A	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837532	Brasil	HAP32	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837533	Brasil	HAP33	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837534	Brasil	HAP34	A	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837536	Brasil	HAP35	A	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837538	Brasil	HAP36	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837542	Brasil	HAP37	E	Silva <i>et al.</i> , 2020
MG837543	Brasil	HAP38	E	Silva <i>et al.</i> , 2020

La red haplotípica *Median Joining* entre estos ejemplares se puede visualizar en la Figura 19, y en la misma se ven dos grupos separados por 6 mutaciones, correspondientes a los clados reportados previamente como europeo (E) y asiático (A). Cabe resaltar que en ambos grupos se encuentran haplotipos de los 3 países latinoamericanos estudiados.

Con respecto a los haplotipos que comparten secuencias de Argentina y Brasil, tres de ellos HAP1, HAP2 y HAP5, contienen secuencias de CCC de la región de Bahía Samborombón, como de los *porcos monteiros*. Asimismo, el HAP4 contiene secuencias de CCC como también de cerdos asilvestrados criollos de Brasil, y estos 3 haplotipos HAP1, HAP2 y HAP3 tienen forma de estrella, lo que podría indicar no sólo que la población se encuentra en expansión, sino que estos pueden pertenecer a haplotipos ancestrales los cuales fueron generando a los otros a través de las generaciones.

Por último, se visualiza una gran introgresión de razas de cerdos mejoradas, observado por la gran cantidad de haplotipos dentro del clado A. Con respecto a Chile, los haplotipos reportados tienen una sola mutación de diferencia con respecto a los haplotipos centrales dichos previamente (HAP1, HAP2, HAP5).

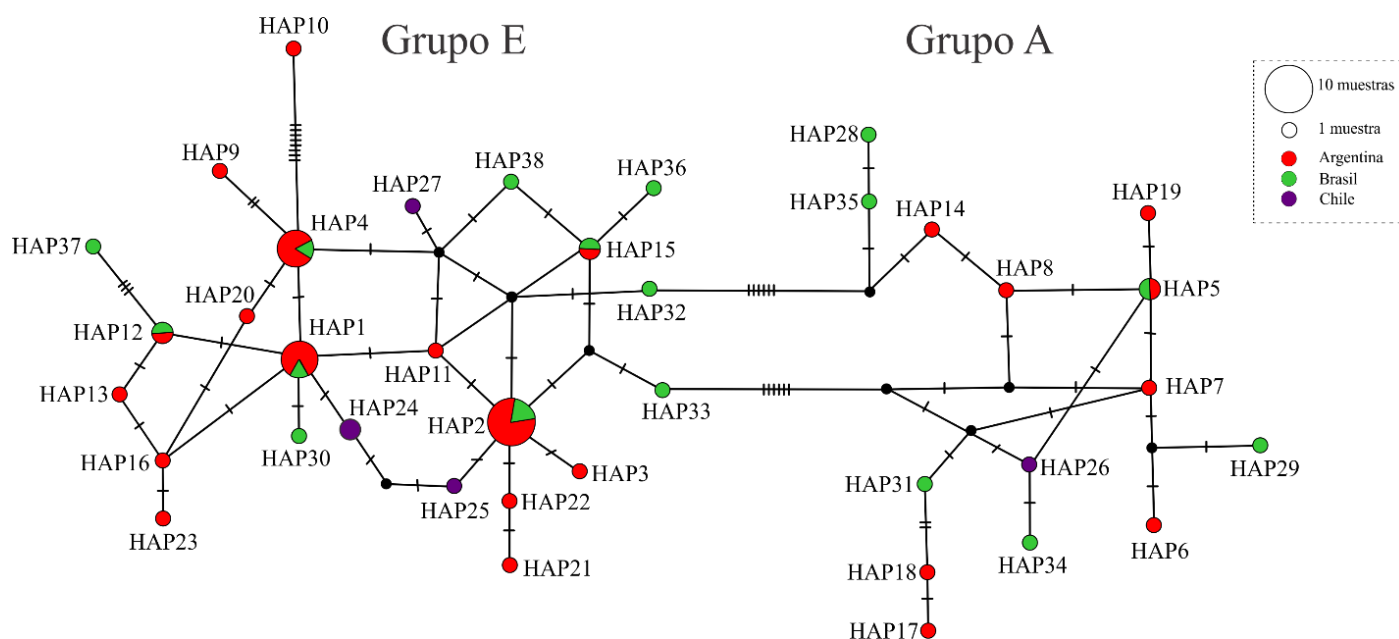


FIGURA 19. Red haplotípica *Median Joining* para los 362 pb del marcador molecular CR, en ejemplares de Argentina, Chile y Brasil. En el mismo se puede ver como los haplotipos reportados para los cerdos de estos países se aglomeran con los clados europeo (E) y asiático (A) reportados previamente. El tamaño de los círculos es proporcional a la frecuencia de los haplotipos, y las líneas transversales que se encuentran entre los haplotipos representan el número de mutaciones que los separan.

Los test de neutralidad de D de Tajima's y FS Fu's dieron -1,09937 y -3,362, respectivamente, pero no significativo para los ejemplares de Bahía Samborombón ($p > 0.1$), indicando que a partir de estas secuencias no se puede determinar si tienen una expansión poblacional estadísticamente significativa.

4.1.4 ESTRUCTURA GENÉTICO POBLACIONAL

Con respecto al análisis de estructura poblacional mediante la inferencia bayesiana (BAPS), se detectaron 4 *clusters* (K), soportados por un valor de probabilidad posterior de 1 y de logaritmo (probabilidad marginal) de partición óptima de -663.3419, en donde los 4 están presentes en las muestras de la costa atlántica bonaerense estudiada tanto en las regiones norte, centro y sur de Bahía Samborombón, como en la costa sur de Buenos Aires, mientras que aquellos pertenecientes a la provincia de Corrientes solo tuvieron 2 (Figura 20; Anexo VI). No se encontraron ejemplares mezcla, donde tengan en su constitución genética más de un *cluster*. Entonces, si bien los ejemplares estudiados de Bahía Samborombón son más diversos a los de Corrientes, debido a la presencia de 4 y 2 *clusters*, respectivamente, se puede ver que hay baja diferenciación entre ambas regiones, debido a que comparten los *clusters*, por lo que las mayores diferencias van a estar asociadas a los individuos.

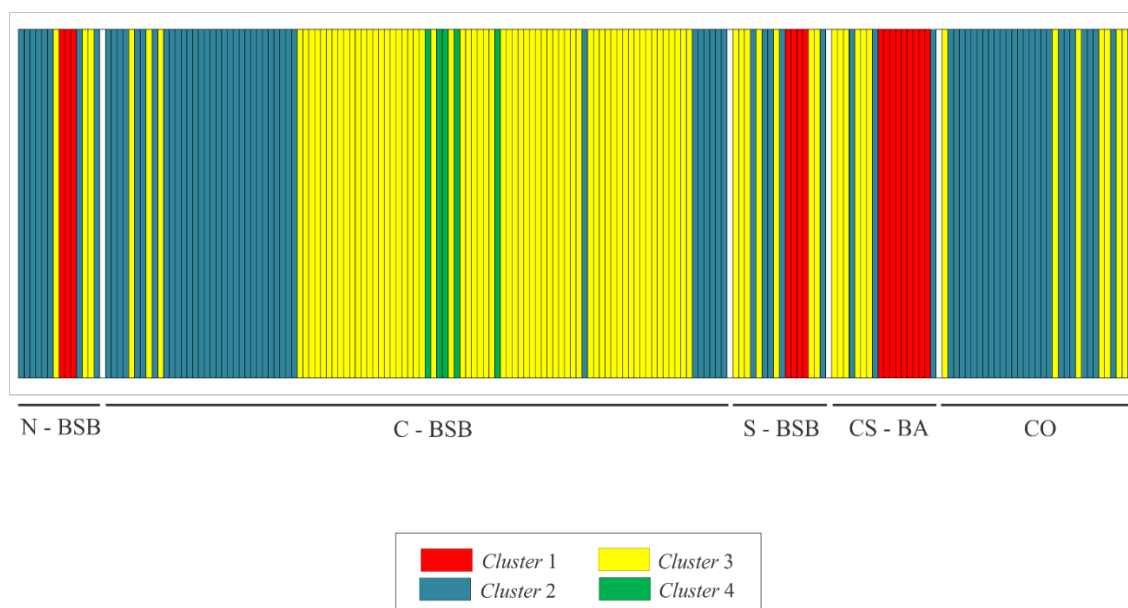


FIGURA 20. Estructura poblacional mediante el análisis bayesiano (BAPS), con el marcador RC. En el mismo se puede observar los *clusters* a los que pertenece cada individuo de acuerdo a su localización geográfica, norte (N-BSB), centro (C-BSB) y sur (S-BSB) de Bahía Samborombón, Costa Sur de Buenos Aires (CS-BA) y Corrientes (CO). Con color se distinguen los *clusters* y con líneas verticales los individuos.

El análisis de AMOVA, para los 4 grupos definidos *a priori* en la costa atlántica de Buenos Aires (N-BSB, C-BSB, S-BSB, CS-BA), arrojó un $F_{ST} = 0,094$, con un nivel de significancia $p = 0,00000$, lo que indica que hay poca diferenciación genética entre los grupos previamente clasificados. Esto sugiere que los ejemplares pertenecientes tanto al área de estudio, como a los otros puntos de la costa sur bonaerense, podrían ser una única población (Tabla 9). A partir de los niveles jerárquicos, se puede observar que el mayor porcentaje de la variación (90,6%) está dentro de los individuos, mientras que el menor porcentaje entre las poblaciones (9,4%).

TABLA 9. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) en el estudio realizado con RC para los grupos N-BSB, C-BSB, S-BSB, CS-BA.

FUENTE DE VARIACIÓN	SUMA DE CUADRADOS	COMPONENTES DE LA VARIANZA	PORCENTAJE DE VARIACIÓN
Entre poblaciones	4,435	0,04272 Va	9,4
Dentro de los individuos	62,139	0,41152 Vb	90,6
Total	66,574	0,45424	

En el caso del análisis de AMOVA para los grupos Bahía Samborombón y Corrientes (Tabla 10), el F_{ST} indicó una moderada diferenciación entre los sitios ($F_{ST} = 0,112$, $p = 0,00000$). A partir de los niveles jerárquicos, se puede observar que el mayor porcentaje de la variación (88,83%) está dentro de los individuos, mientras que el menor porcentaje entre las poblaciones (11,17%).

TABLA 10. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) en el estudio realizado con RC para los grupos Bahía Samborombón y Corrientes.

FUENTE DE VARIACIÓN	SUMA DE CUADRADOS	COMPONENTES DE LA VARIANZA	PORCENTAJE DE VARIACIÓN
Entre poblaciones	3,137	0,05170 Va	11,17
Dentro de los individuos	66,619	0,41123 Vb	88,83
Total	69,756	0,46293	

El valor de N_m estimado indirectamente para el primer grupo fue de 2,408, mientras que para el segundo fue de 1,988; en ambos casos fue mayor a 1, lo que indica que el flujo génico entre las poblaciones definidas *a priori* es suficiente como para que no se diferencien y actúen como unidades evolutivas independiente.

4.2 GEN DE AMELOGENINA EN CROMOSOMA Y

4.2.1 SECUENCIACIÓN DE LAS MUESTRAS

Se logró amplificar mediante PCR un fragmento de 543 pb del marcador molecular AmelY en 72 muestras de cerdos criollos de Argentina. En el Anexo III se puede ver en detalles las muestras empleadas en este estudio y en el Anexo VIII, se puede observar el formato del cromatograma de secuenciación del fragmento estudiado de AmelY, otorgado por la empresa MacroGen®. Posteriormente, debido a la edición manual individual de las secuencias, quedó una extensión de 510 pb del marcador molecular en cuestión.

4.2.2 ESTIMACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA

Para el área de estudio se analizaron 51 ejemplares de CCC. Estos ejemplares se agruparon dentro de 4 haplotipos, con 2 sitios variables, de los cuales 1 es polimórfico, y el otro es un gap (*missing data*). Asimismo, se encontró una diversidad haplotípica de $H_d = 0,508$, una diversidad nucleotídica (por sitio) $\pi = 0,00100$, y un número promedio de diferencias nucleotídicas de $K = 0,50824$.

Con el fin de visualizar si hay diferencias entre los ejemplares de Bahía Samborombón, y los de la costa sur bonaerense, se añadieron 3 muestras ($N = 54$) al estudio, y se agruparon dentro de los mismos 4 haplotipos reportados previamente para la región de

estudio. No se hallaron diferencias en los valores de H_d , π y número promedio de diferencias nucleotídicas de K .

En el caso de los ejemplares pertenecientes a otros sitios de Argentina, se analizaron 72 muestras, las cuales se agruparon dentro de los mismos 4 haplotipos reportados previamente para la región de Bahía Samborombón. La única diferencia que se halló fue en la diversidad haplotípica de $H_d = 0,5076$, la diversidad nucleotídica (por sitio) $\pi = 0,00101$ y en el número promedio de diferencias nucleotídicas de $K = 0,5053$ (Tabla 11).

TABLA 11. Sitios de diversidad nucleotídica para los 4 haplotipos del gen *AmelY* reportados en este estudio. Los números indican la posición nucleotídica variable, y los puntos indican igualdad de base. Adicionalmente, se muestra el número de ejemplares en cada haplotipo.

HAPLOTIPOS	SITIOS POLIMÓRFICOS		NÚMEROS DE EJEMPLARES
	106	205	
A1	-	G	43
A2	-	A	22
A8	A	A	5
A9	A	.	2
TOTAL			72

4.2.3 ANÁLISIS FILOGENÉTICO

El árbol filogenético bayesiano para las $N = 104$ secuencias (72 de Argentina y 32 de *Genbank*), se puede observar en la Figura 21 y las secuencias empleadas en este análisis se pueden ver en el Anexo IX. El modelo evolutivo que mejor se ajustó a los datos fue HKI + I (Kimura, 1981). Las 104 secuencias empleadas en este estudio se agruparon en 9 haplotipos, de los cuales en 4 se encuentran secuencias de Argentina. Dentro de los haplotipos hallados en Argentina, dos de ellos (A8 y A9) corresponden a haplotipos exclusivos del país, mientras que los otros dos (A1 y A2), ya fueron reportados en los continentes europeo, asiático y africano.

El árbol filogenético separó los haplogrupos previamente reportados para este marcador conocidos como HY1, HY2 y HY3 (Ramírez *et al.*, 2009). En este caso, los haplotipos se encontraron dentro de los haplogrupos HY1 y HY2, donde el HY1 contiene N = 27 secuencias, mientras que el HY2, contiene N = 45. En el caso de Bahía Samborombón, de las 51 muestras estudiadas, el 52% se ubicó dentro del haplogrupo HY2, mientras que el 49% en el HY1.

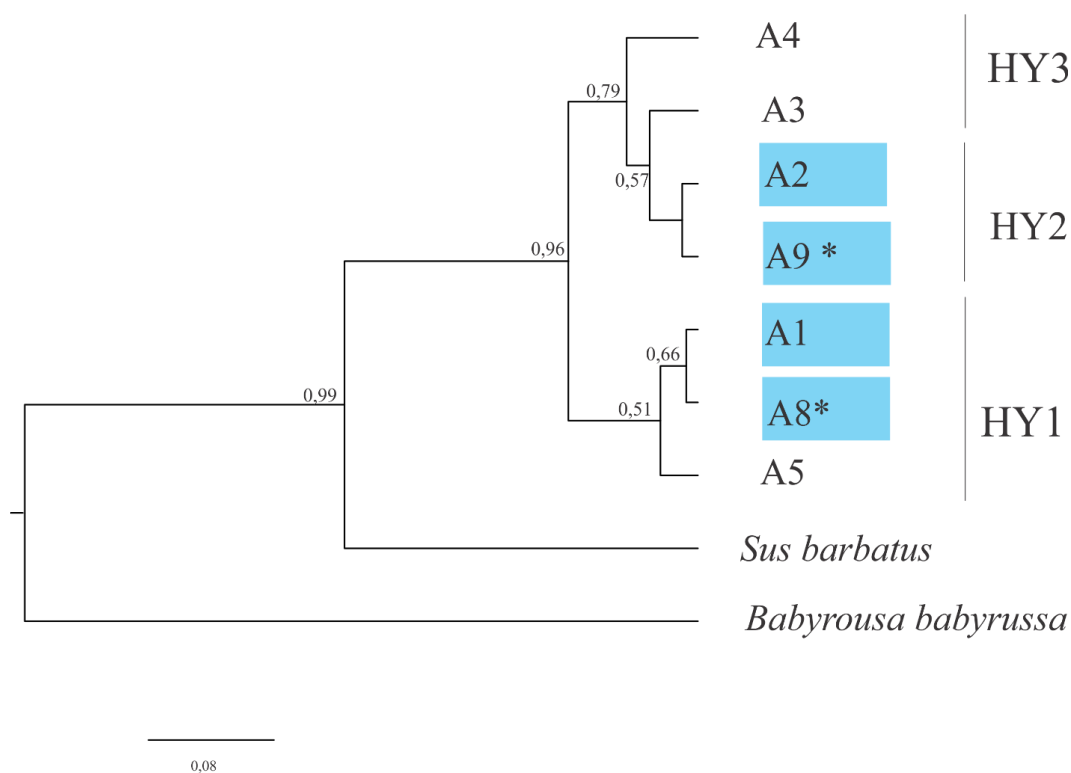


FIGURA 21. Árbol filogenético mediante la inferencia bayesiana para los 510 pb del marcador AmelY. Con color se pueden observar los haplotipos encontrados en Argentina, con asterisco aquellos que son exclusivos de este trabajo. Asimismo, se pueden observar los distintos clados reportados para este marcador en la especie *S. scrofa*, denominados como HY1, HY2 y HY3.

4.3 MICROSATÉLITES

4.3.1 ESTIMACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA

Se genotiparon 6 *loci* de microsatélites en 34 muestras de cerdos criollos de Bahía Samborombón y Corrientes (Anexo III; Anexo X).

En el testeo del equilibrio Hardy-Weinberg, bajo la hipótesis nula de que el *locus* de interés está en equilibrio, arrojó tanto *locus* en equilibrio como otros que no (Tabla 9). En los casos donde la diferencia estadística no es significativa (ns), no se rechaza la hipótesis nula, por lo que se podría decir que no hay evidencias que indiquen que ese *locus* no se encuentra en equilibrio H-W; mientras que en donde hay diferencia estadísticamente significativa, se rechaza la hipótesis, y el *locus* no se encuentra en dicho equilibrio H-W. En la tabla 12, se puede observar la significancia para cada *loci* en los dos grupos analizados.

TABLA 12. Significancia estadística de la prueba chi cuadrado para testear el equilibrio H-W. En el mismo se puede observar la significancia estadística (*) o no (ns) para cada *loci* en los grupos de Bahía Samborombón (BSB) y Corrientes (CO), con un $p < 0,05$.

LOCUS	BSB	CO
SW632	*	ns
S0155	ns	*
S0226	ns	*
SW936	ns	Ns
S0026	ns	*
SWr1941	ns	Ns

El 100% de los *loci* estudiados resultaron polimórficos en ambas poblaciones (Figura 22). Los índices de diversidad calculados para cada *locus* de microsatélites en los grupos BSB y CO, como también para los grupos BSB y CO: número promedio de alelos por *locus* (N_a), número efectivo de alelos por *locus* (N_e), heterocigosidad observada (H_o),

heterocigosidad esperada (H_E) y el índice de Fijación de Wright (F), para cada grupo analizado, se presentan en la tabla 13 y 14.

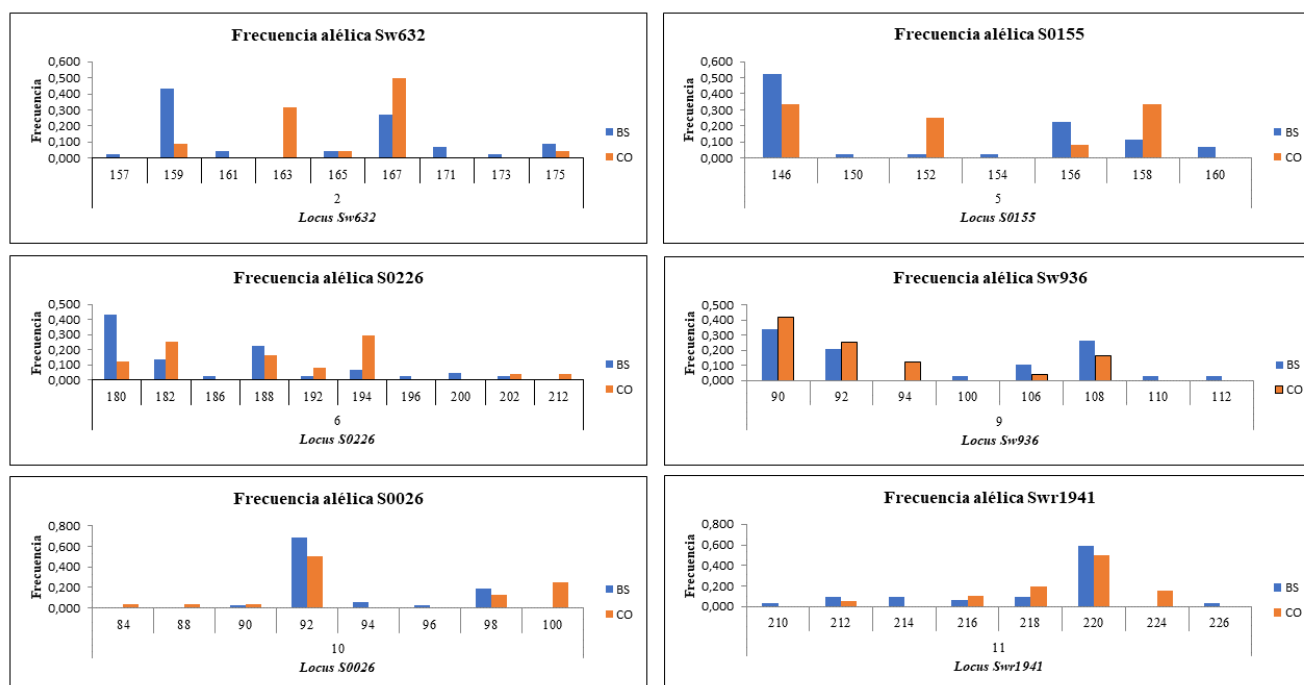


FIGURA 22. Frecuencias alélicas para cada *locus* analizado en las regiones de Bahía Samborombón (BSB) y Corrientes (CO). En el eje X se observan los alelos encontrados para el *locus* en cuestión, y en el eje Y, la frecuencia de los alelos en cada región estudiada.

TABLA 13. Índices de diversidad calculados para cada uno de los 6 *loci* de microsatélites, en las dos poblaciones estudiadas (Bahía Samborombón, BSB; Corrientes, CO). N= número promedio de muestras incluidas en los análisis, Na= número de alelos por *locus*, Ne= número efectivo de alelos por *locus*, Ho= Heterocigosidad observada, He= Heterocigosidad esperada, F= índice de fijación de Wright.

GRUPO	LOCUS	N	Na	Ne	Ho	He	F _{Wright}
BSB	SW632	22	8,000	3,585	0,636	0,721	0,117
	S0155	22	7,000	2,907	0,636	0,656	0,030
	S0226	22	9,000	3,767	0,545	0,735	0,257
	SW936	19	7,000	4,102	0,579	0,756	0,234
	S0026	16	5,000	1,947	0,625	0,486	-0,285
	SWr1941	16	7,000	2,599	0,563	0,615	0,086
CO	SW632	11	5,000	2,750	0,455	0,636	0,286
	S0155	12	4,000	3,429	0,667	0,708	0,059
	S0226	12	7,000	4,966	0,500	0,799	0,374
	SW936	12	5,000	3,556	0,500	0,719	0,304
	S0026	12	6,000	3,000	0,667	0,667	0,000
	SWr1941	10	5,000	3,077	0,700	0,675	-0,037

TABLA 14. Índices de diversidad calculados para los dos grupos a partir de 6 *loci* de microsatélites. Los datos se muestran por grupos Bahía Samborombón (BSB) y Corrientes (CO). N= número promedio de muestras incluidas en los análisis, Na= número de alelos por *locus*, Ne= número efectivo de alelos por *locus*, Ho= Heterocigosidad observada, He= Heterocigosidad esperada, F= índice de fijación de Wright. SE=error estándar.

GRUPO		N	Na	Ne	Ho	He	F _{Wright}
BSB	Media	19,500	7,167	3,151	0,597	0,662	0,073
	SE	1,204	0,543	0,331	0,016	0,041	0,080
CO	Media	11,500	5,333	3,463	0,581	0,701	0,164
	SE	0,342	0,422	0,323	0,044	0,023	0,072
TOTAL	Media	15,500	6,250	3,307	0,589	0,681	0,119
	SE	1,346	0,429	0,226	0,022	0,023	0,053

Complementariamente se encontraron 8 alelos privativos, donde 4 de ellos pertenecen a Bahía Samborombón, mientras que los 4 restantes se localizan en Corrientes. Asimismo, se encontraron 17 alelos raros, bajo el criterio de exclusión del $\leq 0,05$. En la tabla 15, se pueden observar los alelos raros y en la tabla 16 los alelos privativos para cada *locus* estudiado en cada población.

TABLA 15. Lista de alelos raros encontrados para cada *locus* en cada población estudiada (Bahía Samborombón, BSB; Corrientes; CO). Se muestra el *locus*, el alelo y la frecuencia del mismo dentro de la población.

GRUPO	LOCUS	ALELO	FRECUENCIA
BSB	SW632	157	0,023
	SW632	161	0,045
	SW632	173	0,023
	S0155	150	0,023
	S0155	154	0,023
	S0226	186	0,023
	S0226	196	0,023
	S0226	200	0,045
	SW936	100	0,026
	SW936	110	0,026
	SW936	112	0,026
	S0026	96	0,031
	SWr1941	210	0,031
	SWr1941	226	0,031
CO	S0226	212	0,042
	S0026	84	0,042

S0026	88	0,042
-------	----	-------

TABLA 16. Lista de alelos privativos encontrados para cada *locus* en cada población estudiada (Bahía Samborombón, BSB; Corrientes; CO). Se muestra el *locus*, el alelo y la frecuencia del mismo dentro de la población.

GRUPO	LOCUS	ALELO	FRECUENCIA
BSB	SW632	171	0,068
	S0155	160	0,068
	S0026	94	0,063
	SWr1941	214	0,094
CO	SW632	163	0,318
	SW936	94	0,125
	S0026	100	0,25
	SWr1941	224	0,15

4.3.2 ESTRUCTURA GENÉTICO POBLACIONAL

El análisis de AMOVA permitió conocer la partición de la variación genética en los diferentes niveles jerárquicos de subdivisión poblacional (individuo, subpoblación y población total o metapoblación), los cuales fueron establecidos *a priori* a partir de criterios no genéticos. En la tabla 17 se pueden ver los valores de análisis de varianza molecular. A partir de los tres niveles jerárquicos, se puede observar que el mayor porcentaje de variación (79,229%) se encuentra dentro de los individuos, siendo el de menor valor la variación entre poblaciones (5,103%).

TABLA 17. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) en el estudio realizado en promedio para los 6 *loci* de microsatélites.

FUENTE DE VARIACIÓN	SUMA DE CUADRADOS	COMPONENTES DE LA VARIANZA	PORCENTAJE DE VARIACIÓN
Entre poblaciones	5,964	0,114	5,103
Entre individuos dentro de poblaciones	73,156	0,350	15,668
Dentro de los individuos	55,00	1,770	79,229
Total	134,12	2,234	

En este caso los valores fueron $F_{IS} = 0,165$, $F_{ST} = 0,051$, y $F_{IT} = 0,207$.

Con respecto al F_{ST} obtenido en este estudio, 0,051, puede verse una moderada diferenciación genética entre las poblaciones de Bahía Samborombón y Corrientes, por lo que no habría estructuración genética entre los grupos analizados.

En el caso del valor de F_{IS} nos indica la deficiencia de heterocigotas en promedio, en cada subpoblación, y puede tomar valores mayores a 0, los que indican que hay déficit de heterocigotas o endogamia local, valores menores a 0, lo que indica un exceso de heterocigotas en la subpoblación, o bien tomar el valor de 0, que es cuando la población se encuentra en equilibrio (Fontdevila y Moya, 2007). En este caso, el valor de F_{IS} es de 0,165, lo que indica que hay un déficit de heterocigotas dentro de las poblaciones Bahía Samborombón y Corrientes.

Por último, el F_{IT} nos indica la deficiencia de heterocigotas en promedio en la población total (conjunto de subpoblaciones). También puede tomar valores mayores a 0, lo que indica que hay un déficit de heterocigotas en la población total, o valores menores a 1, lo que indica que hay un exceso de heterocigotas en la población total (Fontdevila y Moya, 2007). En este caso, el $F_{IT} = 0,207$, indicando un déficit de heterocigotas en la población total.

En el caso del análisis de la estructura poblacional mediante inferencia bayesiana, se pudo establecer el número de *clusters* genéticos (k), es decir, el número de poblaciones desde el punto de vista genético. En la Figura 23 se puede ver el gráfico de Δk respecto a k a partir del cual, de acuerdo a Evanno *et al.* (2005), es posible identificar a $k = 3$ como número real de *clusters* genéticos a nivel global ya que presentó el mayor valor de Δk . En la Figura 24 se muestra la representación gráfica de los 3 *clusters*, donde cada color representa un *cluster* genético. Como puede verse en dichos gráficos, la diversidad está en los individuos

(ejemplares mezcla constituidos por los 3 *clusters*), pero no hay diferencias entre poblaciones.

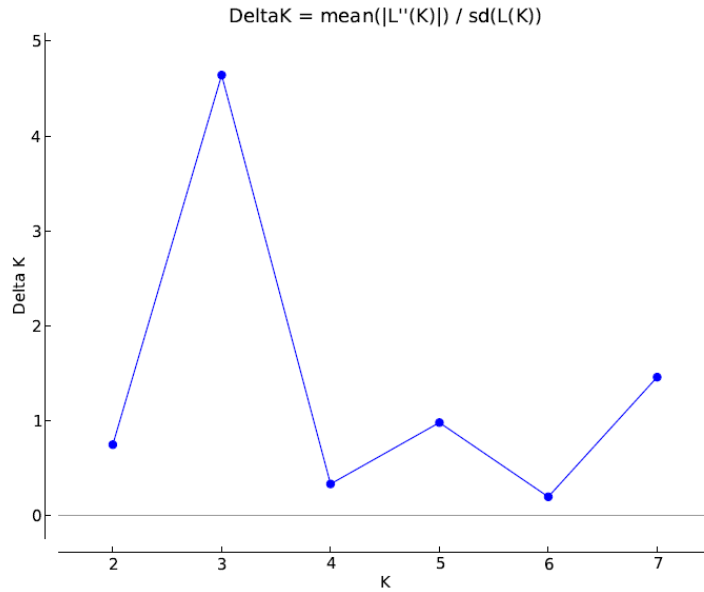


FIGURA 23. Representación gráfica de los valores de Δk calculado para los diferentes valores de k .

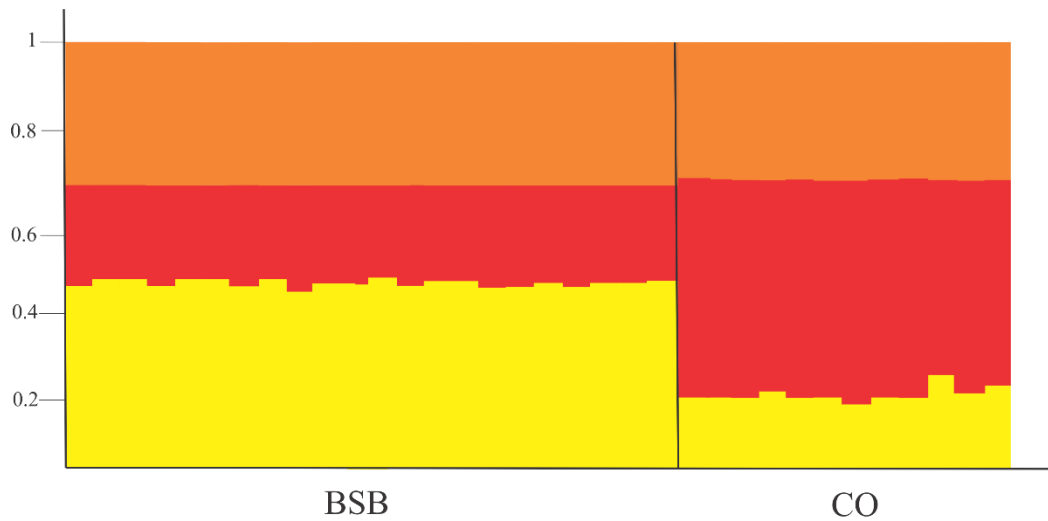


FIGURA 24. Determinación de la estructura genética poblacional mediante inferencia bayesiana para 6 *loci* de microsatélites. Se observan los 3 *clusters* representados mediante los colores amarillo, rojo y naranja, para cada individuo, en Bahía Samborombón (BSB; N = 22) y Corrientes (CO; N = 12).

4.4 DETECCIÓN DE MORFOTIPOS

4.4.1 GEN MC1R

Se amplificó de manera correcta ambos fragmentos de 196 y 154 pb del gen MC1R, para el subset de N = 114 CCC de Bahía Samborombón (Anexo III). Posteriormente, fue exitosa la incubación con las enzimas BSpHI y BStUI, pudiéndose así diferenciar los alelos, y por ende el genotipo de cada ejemplar estudiado (Figura 25; Anexo XI). En el mismo se encontraron los siguientes genotipos: 96 ejemplares $E^{D1}e/ E^{D1}e$, 6 $E^{D1}e/E^{D2}E^P$, 5 $E^{D2}E^P/E^{D2}E^P$, 5 $E^+/E^{D1}e$, 2 $E^+/E^{D2}E^P$. Estos resultados indican que, si bien la mayor proporción de CCC analizados son de procedencia doméstica (94%), en la población de estudio existen ejemplares portadores del alelo E^+ (6%).

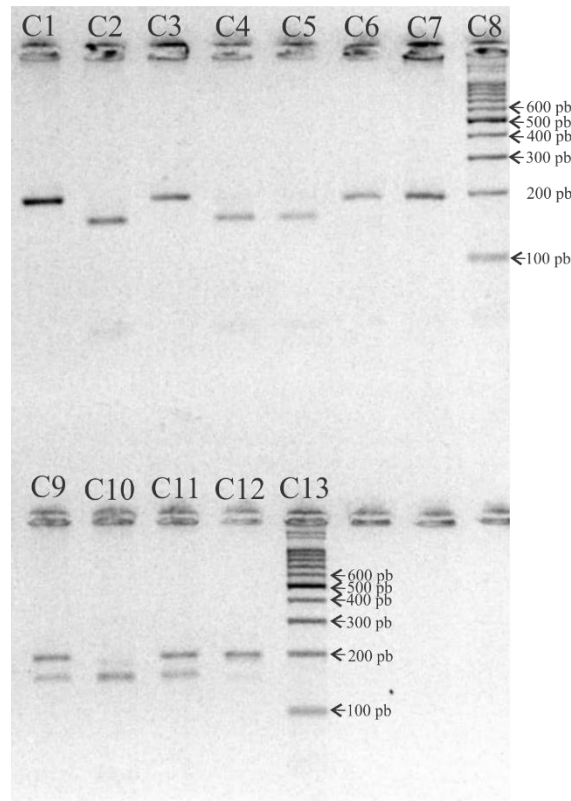


FIGURA 25. Digestión enzimática por BspHI en la mutación c.367G>A, para la primera reacción de amplificación de 196 pb, de que involucra la región codificante 214 a 409 pb del gen MC1R. En las calles se puede observar la ausencia de digestión enzimática (C1, C3, C6, C7, C12), mientras que en las calles (C2, C4, C5, C10) se ve el corte de ambos fragmentos. En las calles C9 y C11 se ven los ejemplares heterocigotas y en las calles C8 y C13 se puede observar el marcador de peso molecular.

4.4.2 GEN NR6A1

Se logró amplificar de manera correcta el fragmento de 203 pb de del gen NR6A1, en el subset de N = 117 muestras de cerdos cimarrones (Anexo III). Posteriormente, fueron incubadas con la enzima endonucleasa MspI para obtener el genotipo de cada individuo (Figura 26; Anexo XI). Para el set completo de datos, se identificaron las siguientes frecuencias genotípicas: $f_{(TT)} = 0,786$, $f_{(TC)} = 0,119$, y $f_{(CC)} = 0,095$. Las frecuencias alélicas fueron de $f_{(T)} = 0,8455$ y $f_{(C)} = 0,1545$. Si bien el mayor porcentaje de CCC analizados son de

procedencia doméstica (78,6%), en la población de Bahía Samborombón existen también ejemplares híbridos (11,9%) y jabalíes puros (9,5%).

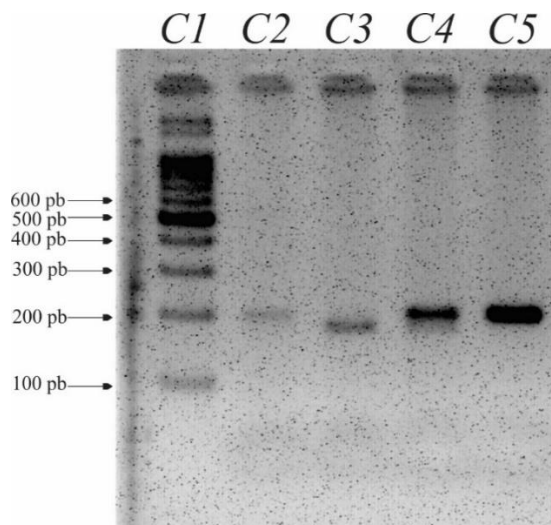


FIGURA 26. Digestión enzimática por MspI en la mutación g.299084751C>T (p.Pro192Leu) del gen NR6A1. En C2 y C5, se pueden ver los individuos homocigotas dominantes (TT) mediante las bandas de 203 pb, en C3 se observa un ejemplar homocigota recesivo (CC) por la banda de 180 pb, mientras que en C4 se visualiza un ejemplar heterocigota (TC) mediante las bandas de 203 pb y 180 pb. En C1 se observa el marcador de peso molecular de 100 pb.

4.5 GEN HALOTANO

Se logró amplificar de manera exitosa el fragmento de 659 pb correspondiente al gen halotano, en el subset de 106 muestras de CCC (Anexo III). Posteriormente, se logró discernir el genotipo de cada individuo mediante la incubación con la enzima endonucleasa BsiHKA (Figura 27; Anexo XI).

Para el set completo de datos, se identificaron 7 cerdos de genotipo heterocigotas (Hh; 6,6%) y 99 ejemplares homocigotas dominantes (HH; 93,4%). No se han encontrado ejemplares homocigotas recesivos (hh). Las frecuencias alélicas fueron de $p_{(H)}=0,965$ y

$q_{(h)}=0,035$. Estos resultados indican que, si bien la frecuencia es baja, la población de CCC no está libre del alelo deletéreo del gen halotano que codifica para el PSS.



FIGURA 27. Digestión enzimática por BsiHKAI en la mutación c.1843C>T del gen RYR1. En C2 y C4, se pueden ver los individuos homocigotas dominantes (HH) mediante las bandas de 524 pb y 135 pb, mientras que en C3 y C5, se observan los ejemplares heterocigotas (Hh), por las bandas de 524, 358, 166 y 135 pb. En C1 se observa el marcador de peso molecular de 100 pb.

Con lo que respecta a la coloración de los CCC en el subset analizado, se encontraron mayormente ejemplares negros ($N = 98$), pero, en una menor proporción, se visualizaron CCC rojos ($N = 5$), moteado ($N = 2$) y bayo ($N = 1$) (Tabla 2). Para estos, sólo un ejemplar moteado presentó el alelo deletéreo. Los seis restantes, fueron de color negro. El análisis estadístico Chi-cuadrado ($\chi^2_{\alpha=0,05}$) para el estudio de asociación entre las variables color y el alelo deletéreo RYR1, fue de $p = 0,087$, por lo que no se puede rechazar la hipótesis nula, lo que indicaría que no hay asociación entre dichas variables.

5. DISCUSIÓN

En las últimas décadas del siglo pasado, los grandes cambios económicos y sociales condujeron a que la mayor parte de la producción porcina mundial se apoyase en un número reducido de razas selectas, explotadas en sistemas de producción con alta tecnificación y altos insumos, muy agresivos para el medio e insostenibles para los países en desarrollo (Pérez Pineda, 2005). Consecuentemente, se ha advertido la gran erosión genética que estos tipos de sistemas producen en los porcinos (Pérez Pineda, 2005; Figueroa, 2020), como es el caso de los cerdos ibéricos, los cuales presentan una mayor diversidad que las razas comerciales europeas (Martínez *et al.*, 2000), o como es el caso en Asia, donde las razas locales o indígenas tienen una mayor diversidad que las comerciales de dicho continente (Megens *et al.*, 2008; Kim y Choi, 2002; Fang *et al.*, 2009).

En la actualidad, se ha comenzado a tomar conciencia sobre los daños ecosistémicos que estos sistemas de producción generan, propiciando así medidas a favor de la conservación de los recursos genéticos locales, como es el caso de los cerdos criollos, con vistas a su utilización racional y al reparto equitativo de los beneficios producidos por ellos (FAO, 2010).

Las poblaciones de cerdos criollos, al igual que otras razas conocidas bajo dicha denominación, representan un grupo indefinido, que ha carecido a lo largo de la historia de un reconocimiento expreso de identidad, produciendo una desvalorización implícita y un desplazamiento por razas exóticas mejoradas, manteniéndose sólo en sitios marginales (Tejerina, 2017). En Argentina, tanto en la zona de Bahía Samborombón como en la región Nordeste, este tipo de cerdos de bajos rendimientos productivos, en comparación con las razas comerciales o selectas, adquiere relevancia sólo en aquellas producciones porcinas

familiares, tradicionales y/o de traspatio, debido a su gran adaptabilidad y resistencia al medio (Revidatti *et al.*, 2009; Acosta *et al.*, 2021). Dichas producciones carecen del capital económico para realizar grandes inversiones en alimentación, sanidad e infraestructura (Linares *et al.* 2011). Debido a que estos ejemplares criollos se asocian y adaptan en base al medio donde se crían, la FAO (2001) propuso que podrían considerarse como “razas adaptadas localmente”, por haber estado en esta región durante un tiempo suficiente para adaptarse genéticamente a sus sistemas de producción tradicionales.

De acuerdo a la clasificación del estado de riesgo de las razas domésticas reconocidas por la FAO (2021), los cerdos criollos costeros se incluyen en la categoría “desconocido”, ya que no hay información disponible que permita evaluar objetivamente el *status* de la población, siendo ésta la situación más inestable y riesgosa para una raza. A pesar de esto, algunos trabajos exploratorios en estos cerdos han demostrado que poseen características únicas en términos de adaptación, rusticidad y calidad de productos, lo que podría demostrar que la población funciona como un interesante reservorio de diversidad genética, en comparación a las razas mejoradas de cerdos (Martínez *et al.*, 2005; Carpinetti *et al.*, 2016). Por consiguiente, la cuantificación de esta diversidad, así como las relaciones genéticas con otras razas, representa un gran paso hacia el desarrollo de programas de conservación (Martínez *et al.*, 2005).

Son escasos los estudios sobre las razas de cerdos criollos de Latinoamérica (Linares *et al.*, 2011). Dichos estudios se basan principalmente en la caracterización morfológica y productiva, siendo muy pocos los que se centran en la cuantificación de la variabilidad genética. En Argentina, se han realizado algunos estudios sobre las poblaciones de cerdos criollos de la región del Noroeste, mientras que, en el caso de los cerdos criollos costeros, sólo se ha evaluado preliminarmente la diversidad genética de

algunos caracteres productivos (Revidatti *et al.*, 2009; Español, 2019; Rodriguez *et al.*, 2022).

En este estudio se presentan los primeros resultados sobre la variabilidad genética y origen filogenético, como también la introgresión de acervos genéticos de jabalíes y razas modernas, de la población más grande y antigua de cerdos criollos de Argentina, centrándose en Bahía Samborombón, Buenos Aires.

5.1 VARIABILIDAD GENÉTICA MEDIANTE RC, AMELY Y MICROSATÉLITES

Los marcadores empleados en este trabajo se seleccionaron con el objetivo de lograr captar la mayor variabilidad genética posible. Por un lado, se realizaron análisis con el marcador mitocondrial RC, el cual es haploide y de herencia materna. Estos resultados fueron complementados con los marcadores autosómicos AmelY, de herencia paterna, y un conjunto de 6 *loci* de microsatélites los cuales están distribuidos por todo el genoma.

La diversidad haplotípica (H_d) de la población de la costa bonaerense ($H_d = 0,738 \pm 0,031$) es apenas inferior a la diversidad calculada para todo el set de ejemplares cimarrones incluidos en el estudio ($H_d = 0,781 \pm 0,020$), lo que refleja que no hay un gran aumento en la diversidad haplotípica cuando aumentamos el número de ejemplares analizados. Estos valores son inferiores con respecto a los reportados para jabalíes de Argentina ($H_d = 0,827 \pm 0,017$), razas de cerdos domésticas europeas ($H_d = 0,827 \pm 0,017$), cerdos cimarrones europeos ($H_d = 0,791 \pm 0,089$) y jabalíes europeos ($H_d = 0,912 \pm 0,007$), tanto de la Península Ibérica ($H_d = 0,920 \pm 0,01$) como los pertenecientes a Europa central ($H_d = 0,890 \pm 0,07$) (Alves *et al.*, 2010; van Asch *et al.*, 2012; Sagua *et al.*, 2018).

De la misma manera, la diversidad nucleotídica de los CCC fue inferior ($\pi = 0,00428 \pm 0,00055$), en comparación al set completo de datos ($\pi = 0,00581 \pm 0,00059$).

Estos valores son inferiores a los reportados en las poblaciones de jabalí reportadas de Argentina ($\pi = 0,007 \pm 0,001$), como para los cerdos domésticos ($\pi = 0,016 \pm 0,008$), cerdos cimarrones ($\pi = 0,009 \pm 0,005$), y jabalíes de Europa ($\pi = 0,012 \pm 0,006$) (Alves *et al.*, 2010; van Asch *et al.*, 2012; Sagua *et al.*, 2018).

La menor diversidad genética observada en los CCC de Argentina, en comparación con las poblaciones originarias de Europa, puede ser consecuencia del efecto fundador de los pocos ejemplares que arribaron al país en el siglo XV y que, posteriormente, originaron la población (Giménez-Dixon, 1991; Acosta *et al.*, 2019). Por otra parte, al tratarse de cerdos domésticos, era esperable visualizar una reducción en diversidad genética en comparación a las estirpes silvestres, debido a que están sujetas a planes de mejoramiento genético, donde su objetivo es expresar (o no) ciertos caracteres de interés, por lo que deben encontrarse en homocigosis (FAO, 2011). En el caso de la menor diversidad de la población de CCC, en comparación al análisis en los jabalíes de Argentina, puede deberse a que este último incluyó poblaciones con distintos orígenes y alejadas geográficamente, por lo que, al combinar la información disímil, hizo que su variabilidad genética sea mayor (Sagua *et al.*, 2018). A pesar de esto, la diversidad genética de los CCC es lo suficientemente alta como para que no desaparezca la población en silvestría, lo que puede deberse a las recurrentes introducciones de ejemplares de la especie con distintos acervos genéticos

Comparando estos resultados con otras poblaciones de cerdos silvestres de Brasil, hallamos una diversidad haplotípica superior en los CCC, ya sea en comparación con el *porco monteiro do Pantanal* $Hd = 0,016 \pm 0,016$, como también con aquellos cerdos cimarrones de Brasilia (*porco monteiro de Brasilia*) donde el $Hd = 0,333 \pm 0,215$, y suinos locales amansados como criollos $Hd = 0,693 \pm 0,693$ (Silva *et al.*, 2020). El mismo escenario se visualizó al comparar los índices de la diversidad nucleotídica, donde en los

CCC fue mayor ($\pi = 0,00428 \pm 0,00055$) con respecto a los *porcos monteiros do Pantanal* $\pi = 0,00045 \pm 0,00044$, *porco monteiro de Brasilia* $\pi = 0,00184 \pm 0,00119$, raza local adaptada de Brasil $\pi = 0,01149 \pm 0,00157$ (Silva *et al.*, 2020). Teniendo en cuenta que estas poblaciones tienen un origen y antigüedad similar y, actualmente se encuentran en condiciones similares de silvestría/semicautiverio, podemos inferir que la diversidad genética de los CCC es elevada, sobre todo si tenemos en cuenta que tiene solo 500 años de desarrollo en nuestro país. Esto puede deberse a que en Bahía Samborombón se han reportado como un “sumidero”, donde ocurren recurrentes introducciones de ejemplares domésticos y de otras estirpes silvestres, sumado al flujo génico bidireccional que hay con las producciones porcinas de la zona (Giménez-Dixon, 1991; Acosta *et al.*, 2021).

En el caso de la diversidad genética hallada para el marcador AmelY, se puede observar que la mayor diversidad está contenida dentro de los CCC de Bahía Samborombón ($H_d = 0,508$ y $\pi = 0,00100$), en comparación a los cerdos cimarrones de otras locaciones del país, lo que coincide con lo observado a partir del marcador RC.

Los resultados obtenidos con los microsatélites concuerdan con estos datos, donde *a priori* se puede observar que los 6 *loci* analizados resultaron polimórficos, reflejando preliminarmente la alta diversidad de los cerdos estudiados (Figura 22).

En el caso del testeo del equilibrio Hardy-Weinberg en los CCC, se encontró sólo un *locus* (SW632) fuera del mismo, mientras que, para las muestras de cerdos cimarrones de CO, se detectaron tres (S0155, S0226, S0026) (Tabla 12). Los *loci* que no se encuentran en equilibrio reflejan la presencia de uno o varios procesos microevolutivos actuando sobre dicho *locus*, ya sea selección natural, deriva génica o flujo génico, como también la presencia de mutaciones, apareamiento diferencial o la presencia de alelos nulos en ese

locus (Fontdevila y Moya, 2007). Este valor de equilibrio H-W es menor al encontrado en cerdos criollos de la región del NEA Argentina, en donde se halló un 54% de sus *loci* en dicho estado (Revidatti, 2009). Esta diferencia puede deberse a que la población del NEA se encuentra mayormente en cautiverio, donde los animales están sujetos a planes de manejo y la consecuente selección, a diferencia de los CCC, que están en mayor medida en silvestría (Fontdevila y Moya, 2007; Acosta *et al.*, 2019).

El número promedio de alelos por *locus* fue mayor en BSB ($N_a = 7,167$) en comparación a CO ($N_a = 5,333$), indicando una mayor diversidad en los CCC (Tabla 13). Caso contrario ocurre cuando comparamos este valor de BSB con el de los cerdos criollos del NEA ($N_a = 9,25$), reflejando la mayor diversidad en dicha población. Estas diferencias pueden ser explicadas por la elevada cantidad de *loci* incluidos en el trabajo del NEA (24 *loci*), siendo entonces el déficit de alelos consecuencia del número de *loci* en cuestión, y no a que la población sea menos diversa (Revidatti, 2009). Por el contrario, la población de BSB, tuvo un valor superior de N_a con respecto a razas de cerdos del tronco ibérico, el Cerdo Negro Canario que osciló entre 3,4 para la variedad Dorado Gaditano y 5,84 en el Negro entrepelado (Martínez *et al.*, 2003; Martínez *et al.*, 2006; Martínez *et al.*, 2007). También son superiores a razas criollas del Uruguay (Kelly *et al.*, 2004; Castro *et al.*, 2007), mientras que son muy similares a otros cerdos Criollos americanos como el Pelón Mexicano (7,07) y el Criollo Cubano (8,2) (Canul Solis *et al.*, 2004; Canul Solis *et al.*, 2005; Pérez Pineda, 2005).

Estos datos se corresponden con los valores obtenidos para el número efectivo de alelos (N_e), los cuales nos reflejan una superioridad de los CCC en comparación a los cerdos criollos de Corrientes (Tabla 14), debido a que, por un lado, tiene un valor mayor de N_a , y por el otro, tiene valores similares de N_e . De manera concordante, el número de

alelos efectivos de los CCC es superior a las razas comerciales y/o locales de otras partes del mundo, como es el caso del cerdo Mangaliça ($N_e = 1,99$), Meishan ($N_e = 2,66$), Large Black y Berkshire ($N_e = 3,27$), entre otros (Revidatti *et al.*, 2021). Esta diferencia puede deberse al mejoramiento genético en las razas, sobre todo en aquellas razas comerciales de gran rendimiento, donde se busca la homogeneidad de caracteres productivos reduciendo, en consecuencia, la diversidad de los ejemplares.

Por otra parte, los valores de N_e son similares a los obtenidos en los cerdos criollos del NEA, los cuales tuvieron 3,93 para la zona húmeda y un 3,35 para la zona seca (Revidatti *et al.*, 2014). Estos resultados ratifican los índices de variabilidad obtenidos previamente, resaltando la gran diversidad de dicha población.

Se encontraron 8 alelos privativos (frecuencia mayor o igual a 0,05), donde el 50% de ellos pertenecen a los ejemplares de CCC de Bahía Samborombón, y el 50% restante a los ejemplares de Corrientes (Tabla 16). La presencia de alelos privados es de gran utilidad para la diferenciación genética de cada población, llegando en muchos casos a evolucionar de manera independiente, haciéndolas una herramienta útil para la determinar la distancia genética entre poblaciones (Forbes *et al.*, 1995).

Por otra parte, se encontraron 17 alelos raros (frecuencia menor o igual a 0,05), de los cuales 14 pertenecían a Bahía Samborombón y los otros 3 a Corrientes (Tabla 15). Estos valores obtenidos, sobre todo el de los CCC de BSB, se condicen con la diferencia obtenida para el valor medio y el número efectivo de alelos, apoyando la gran diversidad genética mencionada, en comparación a los cerdos de Corrientes. De todas maneras, no podemos descartar que exista un sesgo debido a las diferencias en el número de muestras analizadas ($N = 22$ BSB y $N = 12$ CO), donde no todos los alelos hallados en los ejemplares están representados.

Uno de los índices más usados para calcular la diversidad genética es la heterocigosidad (H), definido como la frecuencia media de individuos heterocigotos por *locus* (Fontdevila y Moya, 2007). En nuestro trabajo, en todos los casos de la evaluación del índice Heterocigosidad observada (H_O) y Heterocigosidad esperada (H_E), tanto de las poblaciones por separado, BSB y CO, como también la población total, se observó una menor H_O que H_E (Tabla 13). Asimismo, cuando comparamos las heterocigosidades observadas entre CO y BSB, se observan valores similares (0,581 y 0,597, respectivamente), e inferiores al obtenido en el estudio de razas criollas del NEA ($H_O = 0,702$) mencionado previamente (Revidatti *et al.*, 2014). También son ligeramente inferiores con respecto a cerdos de la Península Ibérica ($H_O = 0,663$), razas británicas como Berkshire y Large Black ($H_O = 0,64$), razas comerciales como Duroc, Pietrain, Large White y Landrace ($H_O = 0,708$), y jabalíes de España, Portugal, Italia y Polonia ($H_O = 0,648$). En contraste, los CCC tuvieron valores similares o superiores a la raza Mangaliça ($H_O = 0,424$) y Meishan ($H_O = 0,584$) (Revidatti *et al.*, 2021), como también con los cerdos criollos de la región del NEA ($H_O = 0,604$ y $H_O = 0,549$) (Revidatti *et al.*, 2014). Por último, fueron superiores en comparación a los reportados en razas españolas Negro de los Pedroches, Negro Canario y Chato Murciano, con medias entre 0,480 y 0,538 para H_O (Martínez *et al.*, 2003; Vega Pla *et al.*, 2004; Martínez *et al.*, 2007), como también con los hallados en razas locales portuguesas con valores de H_O entre 0,545 y 0,576 (Vicente *et al.*, 2008). Estas diferencias en los valores de heterocigosidad pueden deberse, como se dijo previamente, a diferencias en las presiones de selección, flujo génico y/o al sesgo en el número de muestras analizadas. Más allá de dichas diferencias, los valores obtenidos son en mayor medida similares o superiores a razas comerciales y locales de cerdos, donde

algunas de ellas corresponden incluso a razas originarias de los criollos, lo que da apoyo a la gran diversidad genética de los cerdos estudiados.

El último índice de diversidad evaluado fue el coeficiente de endogamia (F_{Wright}), el cual tomó un mayor valor en la población de Corrientes ($F = 0,164$) en comparación a la de Bahía Samborombón ($F = 0,073$) (Tabla 14), esto puede deberse a que esta última es una población que se encuentra mayormente en silvestría y, sufre recurrentes introducciones de animales, silvestres y domésticos, lo que reduce la probabilidad apareamiento entre individuos emparentados (Merino y Carpinetti, 2003; Acosta *et al.*, 2021). Igualmente, ambos valores F , son notablemente menores a los reportados para los cerdos criollos ($F = 0,194$), los cerdos ibéricos ($F = 0,271$), razas comerciales como Duroc, Pietrain, Large White y Landrace ($F = 0,18$), raza Mangaliça ($F = 0,185$), razas británicas como Bershire y Large Black ($F = 0,236$) (Revidatti *et al.*, 2021). Esta característica le da gran relevancia a los CCC en términos de variabilidad, y también, conlleva a expresar en menor probabilidad patologías debido a la condición de homocigosis.

Por lo tanto, se ha encontrado una superioridad en la variabilidad genética de los cerdos criollos costeros, en todos los índices de diversidad analizados, para los tres marcadores moleculares estudiados (región control, gen de Amelogenina y microsatélites), confirmando parcialmente la hipótesis I (ver apartado II Hipótesis y Objetivos). Esto refleja no sólo la gran diversidad de dichos animales, sino que también los sugiere como un recurso zoogenético porcino válido y señala la importancia de su conservación como fuente de variación para el empleo *a posteriori* de su material genético para cualquier mejorador o bien, para el uso en producciones porcinas a campo, debido a la mejor adaptación de estos animales a un ambiente productivo adverso.

5.2 ESTRUCTURA GENÉTICO POBLACIONAL MEDIANTE RC Y MICROSATÉLITES

Cuando se aplican métodos moleculares en la genética de poblaciones, es fundamental tener conocimientos previos contexto-específicos de la región a estudiar, para poder sugerir *a priori* estructuras alternativas consideradas plausibles para el set de datos a estudiar (Corander *et al.*, 2008).

El análisis de BAPS, arrojó la presencia de 4 *clusters*, partiendo de la división *a priori* en 5 grupos (N-BSB, C-BSB, S-BSB, CS-BA y Co), en donde todos ellos se encuentran representados en los ejemplares de toda la costa bonaerense muestreada, mientras que en Co sólo hay dos (Figura 20; Anexo VI), lo que señala una baja diferenciación dentro de cada población. La diferencia entre ellos puede deberse a la distancia que hay entre ambas poblaciones (más de 1.000 km). Cuando nos centramos en la costa bonaerense, abarcando tanto Bahía Samborombón como la costa sur, observamos que no hay una estructura genético poblacional significativa, debido a que los ejemplares muestreados en distintas zonas geográficas comparten todos los *clusters*, lo que podría indicar que se trata de una única población. Este escenario se repite cuando nos centramos en la región de Corrientes, donde no hay una estructura genética poblacional entre los ejemplares muestreados en los distintos puntos, reflejando la presencia de una única población.

Los valores del análisis de estructura poblacional mediante el AMOVA, para la población muestreada en la costa bonaerense ($F_{ST} = 0,09404$) soporta lo detectado por el análisis BAPS, reflejando poca diferenciación genética entre los grupos costeros definidos *a priori* (N-BSB, C-BSB, S-BSB y CS-BA) (Tabla 9). El resultado del AMOVA fue superior ($F_{ST} = 0,11169$) cuando sumamos las localidades de Corrientes, indicando una

moderada diferenciación genética con respecto a la población de Buenos Aires, dato también concordante con lo observado a partir del BAPS (Tabla 10). Esto fue sugerido por el análisis de AMOVA a partir del set de datos de microsatélites, donde el mayor porcentaje de variación (79,229%) estuvo contenido entre los individuos dentro de las poblaciones (Tabla 17), indicando una baja diferenciación entre los sitios de Buenos Aires y Corrientes. Paralelamente, se halló una moderada diferenciación genética ($F_{ST} = 0,05103$) entre los ejemplares de Bahía Samborombón y Corrientes, indicando que no hay una estructuración diferencial entre dichas regiones. Por último, estos resultados fueron apoyados el análisis de *clusters* bayesianos mediante los marcadores microsatélites, para los dos grupos de poblaciones analizadas (BSB y CO), donde se asignaron 3 *clusters* genéticos (Figura 24), presentes en ambas poblaciones, indicando la baja diferenciación entre los ejemplares de ambos sitios.

Entonces, la baja diferenciación de los ejemplares de CCC de los sitios de Bahía Samborombón con respecto a los cerdos de la costa sur bonaerense, puede deberse al *home range* de la especie (4 a 400 km²), y al flujo génico facilitado por los cambios ambientales estacionales, fluctuando entre épocas secas a inundaciones, característico de un humedal, forzando así el desplazamiento de los animales (Pérez Carusi, 2015; Ballari *et al.*, 2019). Paralelamente, el hombre tiene un rol fundamental en el movimiento de estos animales a distintos sitios, a causa del valor comercial del cerdo, ya sea como recurso alimenticio o cinegético, aumentando así la homogeneidad de toda la población. Por último, la poca diferenciación entre los ejemplares de Buenos Aires y Corrientes, a pesar de la gran distancia que los separa, puede deberse a la presencia de poblaciones en regiones intermedios entre ambas provincias, como las de Santa Fe y Entre Ríos (Ballari *et al.*, 2019).

Por último, estos resultados son apoyados por el parámetro $N_e m$ (número efectivo de migrantes), con valores superiores a 1 en todos los casos, reflejando que hay un flujo génico suficiente entre los sitios muestreados, para que estos ejemplares no se diferencien y formen una única población, sobre todo con lo que respecta a los CCC de Bahía Samborombón y los cerdos de la costa sur bonaerense.

En conclusión, en base a los estudios de estructura genético poblacional, como así también la determinación de flujo génico mediante el método indirecto, se puede determinar que los ejemplares de cerdos criollos costeros no se limitan a la región de Bahía Samborombón, sino que también se distribuyen por la costa atlántica sur de la provincia de Buenos Aires. Adicionalmente, se pudo cotejar la similaridad de dichos ejemplares con aquellos localizados en la provincia de Corrientes.

Por último, el valor del test D de Tajima's (-1,09937; $p > 0,1$) y FS de Fu's (-3,362; $p > 0,1$) para la población CCC de Bahía Samborombón, sugiere una tendencia a la expansión poblacional, lo que concuerda con datos censados en otros trabajos (Merino y Carpinetti, 2003; Pérez Carusi, 2015). Esto puede deberse a las características intrínsecas *per se* de la especie, como ser: elevado potencial reproductor, plasticidad ecológica y alta capacidad para tolerar la presencia humana, como también a las condiciones ecológicas favorables del humedal (temperatura, humedad, alimentos, ausencia de depredadores), que les brindan un ambiente óptimo para desarrollarse y reproducirse sin grandes inconvenientes (Carpinetti, 2016; Merino y Carpinetti, 2003; Neiff y Poi de Neiff, 2006).

5.3 RELACIONES FILOGENÉTICAS Y FILOGEOGRÁFICAS MEDIANTE RC Y AMELY

Estudios filogenéticos previos para el marcador RC, han identificado diferentes clados en base a su frecuencia en distintas regiones del continente Europeo: E1, propio del

continente europeo y que se subdivide en E1A, que comprende Italia, Francia, Alemania, y Austria, y en E1C, que abarca la Península Ibérica y Europa central, E2, restringido a la Península Itálica, la isla de Cerdeña y Croacia, NE, Cercano Oriente, y A, asiático (Giuffra *et al.*, 2000; Kim *et al.*, 2002; Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005; Fang y Andersson, 2006; Ramírez *et al.*, 2009; Scandura *et al.*, 2011; Alexandri *et al.*, 2012; Kusza *et al.*, 2014).

En este trabajo se hallaron 30 haplotipos exclusivos de Argentina, lo que indica una gran diversificación de la especie en nuestro país con respecto a las poblaciones originarias (Anexo VI).

De los 24 haplotipos hallados en Bahía Samborombón, hay dos más frecuentes (H2 y H4), los cuales ya fueron reportados previamente en otros trabajos europeos, donde el H2 pertenece al subclado E1A, mientras que el H4 al subclado E1C (Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005). Ambos haplotipos (H2 y H4) forman parte del centro de la estructura en estrella observada en la red haplotípica (Figura 18), lo que indicaría que pertenecen a ejemplares originarios y, a partir de ellos, se fueron generando las otras variantes. Asimismo, en ambos haplotipos se encuentran ejemplares de jabalíes de Argentina, donde en el H2 se encontró en jabalíes del sur de la provincia de Buenos Aires, mientras que en H4 corresponde a jabalíes de las provincias de Córdoba, La Pampa y San Luis (Sagua *et al.*, 2018). Sumado a eso, los haplotipos H11 y H24, también son haplotipos compartidos con jabalíes de Argentina, donde el primero se encuentra mayormente en La Pampa, y el segundo en la zona cordillerana de la provincia de Neuquén (Sagua *et al.*, 2018). Estos resultados refuerzan la información sobre la introducción y consecuente hibridación de ejemplares de jabalíes o descendientes de estos con los CCC de Bahía Samborombón, situación que pudo haber sido favorecida por la acción humana, al buscar un fenotipo más

“salvaje” a los CCC para fomentar la actividad cinegética en el área. Si bien cabe aclarar que la actividad cinegética en el área está prohibida desde la década de 1980, actualmente se están realizando actividades de control de la población de CCC, bajo el nombre de “proyecto piloto para el control del cerdo silvestre” del OPDS, debido al alto impacto en la biodiversidad y en los agroecosistemas (Merino y Carpinetti 2003; Anexo I).

Para poder evaluar el origen filogenético de la población de CCC de Bahía Samborombón, como también de otros ejemplares de cerdos criollos pertenecientes a otras regiones de Argentina, se emplearon dos marcadores, región control y gen de Amelogenina, utilizados en este trabajo para distinguir entre linajes europeos y asiáticos, y linaje africano o europeo, respectivamente (Giuffra *et al.*, 2000; Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005; Ramírez *et al.*, 2009; Acosta *et al.*, 2019).

El árbol filogenético con RC soporta parcialmente los datos históricos, debido a que se han encontrado en mayor medida ejemplares de origen europeo, como también algunos de origen asiático. A su vez, era de esperarse que las secuencias de los ejemplares colapsen solamente con el subclado E1C, debido a que su origen histórico indica que provienen de la Península Ibérica, pero, en contraposición, se han encontrado en mayor proporción en el clado E1A (Alves *et al.*, 2003; Alves *et al.*, 2010; Fang y Andersson, 2006; Kim *et al.*, 2002; Kusza *et al.*, 2014; Larson *et al.*, 2005; Watanobe *et al.*, 2003). Para ser más específico, a partir de todas las secuencias analizadas, se han encontrado el mayor número (N = 109) en el subclado E1A, mientras que en el subclado E1C, se han encontrado menos ejemplares (N = 69). En la región de Bahía Samborombón, al ser la población más antigua del país, en donde los ejemplares que arribaron provenían de razas ibéricas, se esperaría que todas, o en su defecto, la mayoría de los ejemplares pertenezcan al subclado E1C, pero

contrariamente, el 68% de las secuencias analizadas corresponden a E1A, 29,7% a E1C y 2,3% a A (Figura 17).

La presencia de ejemplares con linaje asiático en Bahía Samborombón y sur de la costa bonaerense, puede deberse a la introducción de algunas razas europeas en el siglo XVIII y XIX que poseían una contribución indirecta asiática. Posiblemente algunos ejemplares con esta constitución genética, se podrían haber mixturado con los ejemplares originales (Alves *et al.*, 2003; Giuffra *et al.*, 2000; Kim *et al.*, 2002). Otra posible explicación podría ser el cruzamiento de ejemplares de CCC con razas modernas cerdos domésticos, introducidas a fines del siglo XIX e inicios del XX, principalmente las razas Landrace, Large White, Hampshire y Duroc. Estudios previos con los marcadores moleculares Citocromo B y RC, indican que provienen de un linaje asiático (Alves *et al.*, 2003; Giuffra *et al.*, 2000; Kim *et al.*, 2002). Asimismo, muchas razas europeas sufrieron una mixtura con ejemplares asiáticos, haciendo que sea más frecuente la aparición de haplotipos con esta ascendencia (Larson *et al.*, 2011). Estos datos sugieren que algunos CCC fueron cruzados, intencionalmente o no, con razas domésticas en la región.

En el caso de los cerdos cimarrones y/o locales de países limítrofes de Argentina, como Chile y Brasil, los escenarios son un poco diferentes. En el caso de Chile, parecería que los primeros ejemplares provienen del segundo viaje del colonizador Capitán Cook, en 1773, donde primero arribó a Nueva Zelanda, liberando algunos ejemplares, y posteriormente llegó con algunos cerdos a bordo a Tierra del Fuego (Chile), donde permaneció tres días (Kippis, 1795). Aunque la liberación de cerdos en TDF no está documentada, es posible que algunos fueran introducidos por Cook (Aravena *et al.*, 2015). Posteriormente, a finales del siglo XIX, introdujeron cerdos domésticos provenientes de Europa, y los liberaron en esta región, convirtiéndose en una población cimarrón (Vera,

1897). Asimismo, existen reportes que indican eventos de introducción sucesivos después de esa fecha, fundamentalmente debido al incremento en la producción porcina en la zona (Fuentes, 1923; Skewes, 1990). Estos datos pueden verse reflejados en los resultados obtenidos en este estudio, en donde ninguno de los ejemplares de cerdos asilvestrados de Chile comparten un haplotipo con los CCC de Argentina ni con ejemplares de Brasil. A pesar de esto, 4 de los 5 haplotipos obtenidos en este país, tienen ascendencia europea. A su vez, se ha encontrado un haplotipo asiático, lo que indicaría una posible introgresión de la estirpe doméstica, debido a la gran producción porcina del lugar (Aravena *et al.*, 2015).

En el caso de Brasil, el escenario es similar al de nuestro país, debido a que este país era considerado como escala, previo al arribo de que los colonizadores españoles al Río de la Plata. Los cerdos asilvestrados, conocidos como *porcos monteiros*, son cerdos localmente adaptados que habita el pantanal brasileiro, originada a partir de los primeros cerdos domésticos traídos por los colonizadores españoles en la región de Corumbá (estado de *Mato Grosso do Sul*), en el siglo XVIII (Desbiez *et al.*, 2010; Silva *et al.*, 2020). En nuestro estudio, estos datos se condicen con lo observado, debido a que se han encontrado ejemplares de *porcos monteiros* pertenecientes al linaje europeo, como también se ha observado haplotipos que comparten con los cerdos cimarrones de Argentina, reflejando el posible origen común. De los haplotipos compartidos, 3 de ellos (HAP1, HAP2 y HAP4) de linaje europeo, tienen forma de estrella, lo que indica una posible expansión a partir de estos (Figura 19). Asimismo, también se encontró, en menor proporción, ejemplares de linaje asiático, los cuales podrían indicar una posible introgresión con razas mejoradas de cerdos domésticos.

Un estudio previo realizado por Ramírez *et al.*, 2009, reportó la presencia del linaje africano en un ejemplar de cerdo asilvestrado ubicado en la provincia de Entre Ríos,

Argentina. Esto no se condice con lo hallado en este estudio, en donde la totalidad de las secuencias colapsan con los haplogrupos HY1 y HY2, indicando una ascendencia europea y asiática, resultados concordantes con los obtenidos por el marcador RC. El hecho de no haber encontrado ejemplares con linajes africanos puede deberse a que, si bien dicho sitio fue una parada estratégica para los colonizadores que utilizaban la escala de las Isla de Cabo Verde, para aprovisionarse, ocurrió hace más de 500 años y, subsecuentemente en la zona, ingresaron ejemplares con otros acervos genéticos, pudiendo estas últimas haber desplazado a dichos animales.

5.4 INTROGRESIÓN DE VARIANTES GÉNICAS DE JABALÍES EN CERDOS CRIOLLOS COSTEROS

En la especie *S. scrofa* el color del pelaje está codificado por el gen MC1R y tiene cinco alelos, los cuales tienen la particularidad de presentar una asociación al morfotipo de la especie, donde el alelo silvestre o *wild type* (E^+), está asociado al jabalí euroasiático puro, los alelos E^{D1} y E^{D2} se encuentra mayormente en ejemplares cimarrones, mientras que E^P y e , se los hallan en razas comerciales domésticas (Kijas *et al.*, 1998).

Estudios recientes en Europa, advirtieron que la integridad genética del jabalí se habría visto amenazada por la presencia de alelos de cerdos domésticos (Goedbloed *et al.* 2013; Ribani *et al.*, 2019). Esto señala que las poblaciones nativas de jabalí euroasiáticas han sufrido una introgresión del acervo doméstico, por lo que se hallan, en proporciones bajas, ejemplares heterocigotos para el gen en cuestión (Koutsogiannouli *et al.*, 2010; Goedbloed *et al.* 2013; Frantz *et al.*, 2013; Fontanesi *et al.*, 2014; Canu *et al.*, 2016; Ribani *et al.*, 2019). En contraste, en ninguna raza de cerdo doméstico comercial se detectó la presencia del alelo E^+ (Koutsogiannouli *et al.*, 2010; Fontanesi *et al.*, 2014).

En este trabajo se buscó determinar la presencia de jabalíes o híbridos en la población de CCC de Bahía Samborombón, ya que, si bien se trata de una población con origen doméstico, registros previos indican la introducción de jabalíes en la zona norte (Giménez-Dixon, 1991; com. pers. Alberto Rodríguez). Se halló un 6% de ejemplares portadores del alelo E^+ , en combinación con los alelos $E^{D1}e$ y $E^{D2}E^P$, tanto en la zona norte como centro/sur de la Bahía, pero no se encontró ningún homocigota para el alelo *wild type* E^+ (Anexo XI). Esto confirma parcialmente la hipótesis I de este trabajo (ver apartado II Hipótesis y Objetivos) donde se postula la presencia de ejemplares de jabalíes. Estos ejemplares heterocigotas pueden ser híbridos provenientes de la cruce de jabalíes puros (E^+E^+) con cerdos domésticos, o bien, ser jabalíes con la introgresión doméstica dicha previamente.

Si bien son escasos los trabajos que indagaron en razas comerciales la presencia de jabalíes en su acervo génico, todos ellos concuerdan en la ausencia del alelo E^+ en dichos animales (Fajardo *et al.*, 2008; Koutsogiannouli *et al.*, 2010; Fontanesi *et al.*, 2014). Estos datos han sido refutados por la investigación de Ribani y col. (2019), quienes han encontrado la presencia del alelo E^+ en 9 razas locales, de 12 estudiadas, y lo atribuyen al cruzamiento intencional o accidental con jabalíes de la zona. Por ende, este trabajo es uno de los pocos a nivel mundial que detectan la presencia del alelo E^+ en una población doméstica.

Para confirmar los resultados obtenidos con este marcador, se realizó un estudio con el gen NR6A1, el cual codifica el número de vértebras, característica distintiva que diferencia a los jabalíes euroasiáticos puros (alelo *wild type* C) de las razas comerciales de cerdos (alelo T) (King y Roberts, 1960; Fontanesi *et al.*, 2014). No obstante, como en el caso del gen MC1R, se han descubierto algunas excepciones en la región nativa de la

especie, donde jabalíes han tenido una constitución heterocigota (CT), e incluso, han reportado un ejemplar con constitución genética TT, y a esto lo adjudican a la cercanía con producciones domésticas (Fontanesi *et al.*, 2014; Ribani *et al.*, 2019). Cabe resaltar, que siempre la frecuencia del alelo *wild type* C fue mayor en jabalíes (Fontanesi *et al.*, 2014).

Las frecuencias encontradas en nuestro estudio (14,6% ejemplares homocigotas CC, 11,1% heterocigotas TC y 74,3% homocigotas TT) confirman lo hallado para el gen MC1R, señalando la presencia de ejemplares de jabalíes o híbridos en la población de CCC de Bahía Samborombón. Estos datos también concuerdan con lo encontrado por Ribani y col. (2019), donde 8 de las 12 razas analizadas poseían el alelo C.

Por lo tanto, a partir de los resultados de los genes MC1R y NR6A1, se puede estimar que la población de CCC de Bahía Samborombón tiene en su acervo genético alelos de jabalíes. Cabe resaltar que el empleo en conjunto de ambos genes, aumentó la resolución y especificidad a estos resultados (Canu *et al.*, 2016), hecho que se ve reflejado en el mayor número de ejemplares de jabalíes e híbridos detectados por el gen NR6A1 en comparación al MC1R (Anexo XI).

Estos datos demuestran una introgresión bidireccional de alelos de silvestres y domésticos en ambas estirpes, ya sea intencionales por acción del hombre o naturalmente debido a que están en sitios superpuestos, generando un cambio evolutivo en el genoma de la especie *S. scrofa*, donde los ejemplares domésticos sufren una “*de domesticación*”, cuando su genoma está incorporando características de los silvestres, mientras que los jabalíes se están “domesticando” debido al proceso inverso (Ribani *et al.*, 2019).

En base a estos datos y, al consiguiente proceso de “*de domesticación*” de los CCC debido al contacto y cruzamiento con jabalíes, se pueden dilucidar las ventajas adaptativas (o *fitness* biológico) y valoración como recurso genético que le confieren a la población de

estudio. En primer lugar, le brinda una mayor variabilidad genética, debido a que ingresan nuevas variantes o alelos. En segundo lugar, se ha observado una mejor adaptación de sus descendientes al medio silvestre, en comparación a los parentales, contribuyendo positivamente a los CCC que se encuentran en condiciones exclusivas de silvestría (Waithman *et al.*, 1999). Esto puede explicarse por el aumento del vigor híbrido en respuesta a una mayor heterocigosidad en la población, incrementando asimismo la tasa de supervivencia hasta la edad reproductiva y la consiguiente reproducción (McCann *et al.*, 2014; Iacolina *et al.*, 2018). Por último, debido a la gran diversidad de fenotipos y, por ende, coloraciones de los CCC, la introgresión de alelos de jabalíes podría ayudar al camuflaje de estos animales en encuentran en silvestría (Iacolina *et al.*, 2018).

5.5 INTROGRESIÓN DE VARIANTE GÉNICA DELETÉREA DE RAZAS DOMÉSTICAS MEJORADAS EN CERDOS CRIOLLOS COSTEROS

En este estudio se reporta por primera vez la presencia del alelo deletéreo del gen RYR1, asociado al síndrome de estrés porcino (PSS), en una población silvestre de cerdos de Argentina. El PSS se produjo como consecuencia de la selección de caracteres que generaban carnes magras y, a pesar de los esfuerzos del comercio porcino por erradicarlo, actualmente existen a lo largo del mundo cerdos domésticos y silvestres portadores del alelo deletéreo (Cameron, 1990; Bonelli y Schifferli, 2001; Sánchez *et al.*, 2006; Hernández *et al.*, 2008; Marini *et al.*, 2012; Soma *et al.*, 2014; Figueroa, 2020; Shuiming, 2020).

Argentina no escapa a este panorama, ya que ha reportado la presencia del mismo en las principales provincias productoras de cerdos del país, como Buenos Aires, Chaco,

Córdoba, Santa Fe y Tucumán, tanto en producciones intensivas como extensivas (Marini *et al.*, 2012; Figueroa, 2020).

En general, se espera que ejemplares silvestres de la especie, tanto jabalíes como cerdos cimarrones, incluidos los CCC, no porten el alelo deletéreo para el gen RYR1, debido a su condición de silvestría y a la baja frecuencia que se encuentra en la actualidad en las poblaciones domésticas (Müller *et al.* 2000; Ernst *et al.*, 2003; Kuryl *et al.*, 2004; Zinovieva *et al.*, 2013; Klimas *et al.*, 2018). Por otra parte, dado el origen ibérico de la población de CCC de la costa bonaerense (Acosta *et al.*, 2019), razas que no portan dicho alelo deletéreo, se espera no haya ejemplares portadores del mismo. No obstante, en este estudio se halló un 6,6% de animales portadores que, si bien el valor es bajo, indica que la población de CCC no escapa a este síndrome, y podría estar actuando como reservorio génico del alelo deletéreo. Existe un único trabajo que reporta la presencia del alelo en una población silvestre de la especie, específicamente de jabalí en Gdańsk (Polonia) (Borman *et al.*, 2016). Este trabajo indicó una alta e inesperada frecuencia de dicho alelo, siendo el 65% y 28%, la proporción de individuos enfermos (hh) y portadores (Hh), respectivamente, valores más altos a los encontrados en este trabajo (Borman *et al.*, 2016). Si bien este trabajo es uno de los pocos en reportar el alelo en una población silvestre, la baja proporción hallada en los ejemplares de Bahía Samborombón, puede resultar en una problemática no tan relevante para dicha población, fundamentalmente por dos aspectos, una es que se hallan en condición heterocigota, por lo que el alelo deletéreo recesivo está enmascarado por el alelo normal, y dos, es que en caso de hallarse en condición de homocigosis recesiva, los ejemplares al estar en silvestría, no sufren las condiciones de estrés que padece el cerdo que se encuentra en total confinamiento, por lo que la expresión de dicha patología podría ser inferior.

De la misma manera, se ha encontrado en este estudio un bajo porcentaje del alelo deletéreo en comparación a los resultados obtenidos en cerdos comerciales en la región central de Argentina, donde en la provincia de Buenos Aires se ha reportado un 13% y 3% de ejemplares heterocigotas y homocigotas recesivos, respectivamente, mientras que, para las provincias de Córdoba, Santa Fe, Chaco y Tucumán, se reportó un 31% y 4,2% de heterocigotas y homocigotas recesivos, respectivamente (Marini *et al.*, 2012; Figueroa, 2020). Por último, recientemente se han analizados razas de cerdos comerciales e híbridas como también criollas de la región Noreste de Argentina, y se han encontrado un 29,87% y 44,83%, respectivamente, de ejemplares heterocigotas portadores de dicho alelo (Rodriguez *et al.*, 2022). Estos valores son superiores con respecto a nuestra población de estudio, sobre todo en el caso de los cerdos criollos, los cuales tienen el mismo origen ibérico y se encuentran en las mismas condiciones de silvestría/semicautiverio que las de la costa bonaerense.

Por ende, a partir de estos resultados, podemos corroborar que existe el flujo bidireccional de ejemplares cimarrones de CCC y domésticos en la zona, indicando que hay una introgresión de genes de razas mejoradas en la población de CCC de la costa bonaerense, lo que refuta nuestra hipótesis II (ver sección II Hipótesis y Objetivos). Por otro lado, si bien la población de CCC de Bahía Samborombón no está libre del alelo para PSS, los valores son inferiores a los encontrados en ejemplares utilizados en la actualidad en las producciones porcinas a gran escala, ya sean razas comerciales u híbridas como cerdos criollos (Marini *et al.*, 2012; Figueroa, 2020; Rodriguez *et al.*, 2022). Estos resultados les brindan un valor productivo a los CCC, no solo porque la frecuencia de dicho alelo es menor a las encontradas en otras poblaciones, sino también porque al utilizar estos

ejemplares como reproductores junto a razas no portadoras, hará que en las siguientes generaciones disminuya la frecuencia hasta lograr que sea casi imperceptible.

Con respecto a la coloración de los CCC, el pelaje oscuro ha sido tradicionalmente asociado a ejemplares silvestres, tanto jabalíes como cerdos cimarrones, mientras que aquella coloración disímil podría ser un indicio de hibridación reciente con ejemplares domésticos (Rosell *et al.*, 2001; D'Alessandro *et al.*, 2007). En nuestro trabajo no se encontró una asociación estadísticamente significativa entre el patrón de coloración y la presencia de individuos portadores del alelo responsable del PSS, por lo que no puede ser tomado como una variable para determinar fenotípicamente una hibridación y por consiguiente dicha patología.

5.6 CONSIDERACIONES FINALES Y PERSPECTIVAS A FUTURO

La presente tesis doctoral se realizó con el objetivo de generar un aporte al conocimiento del estado actual de cerdos criollos costeros de Bahía Samborombón, Buenos Aires, población inexplorada genéticamente. En este sentido, los datos recolectados permitieron acercarnos a una primera caracterización genética de dicha población, con una puesta en valor como potencial recurso zoogenético.

Los índices de diversidad genética, medidos a través de los marcadores región control, gen de amelogenina y microsatélites, revelan una ventaja de dichos ejemplares, comparados con otras razas criollas y originarias, así como también con otras estirpes de la especie, ya sean jabalíes o diferentes razas de cerdos. Paralelamente, el gran grado de cruzamiento entre CCC y jabalíes en la zona, incrementa aún más su variabilidad, otorgándole también caracteres morfológicos que contribuyen positivamente a la

supervivencia y reproducción en estado de silvestría. Estos datos confirmaron la totalidad de la hipótesis I de este trabajo (ver sección II Hipótesis y Objetivos). Por último, la presencia de ejemplares portadores del alelo deletéreo del gen halotano, refleja el cruzamiento con ciertas razas modernas, pero, debido a la baja frecuencia encontrada, el riesgo de su manifestación en dicha población puede considerarse despreciable. Estos resultados nos permitieron refutar la hipótesis II de este trabajo (ver sección II Hipótesis y Objetivos),

Por ende, en base a los resultados obtenidos, los cuales sugieren la potencialidad de los cerdos criollos costeros como recurso genético, proponemos continuar esta caracterización mediante investigaciones que se focalicen en el estudio de caracteres morfológicos y genes relacionados a la productividad (como los genes RN, CAST, SOX 6, MC4R), a fin de complementar estos resultados y darles un valor productivo concreto, con alcance regional y/o provincial, para su uso en producciones locales. Esto no sólo permitiría promover el empleo de los cerdos criollos costeros en producciones porcinas con bajo potencial económico, sino que también promovería su conservación como recurso zogenético, constituyendo un reservorio de variación genética para ser empleado *a posteriori* por mejoradores y/o productores porcinos.

6. BIBLIOGRAFÍA

- Abba, A. M., Merino, M. L., Vizcaíno, S. F. (2009). Mamíferos del Parque Costero del Sur: caracterización general y un ejemplo de trabajo. *Parque Costero del Sur. Naturaleza, conservación y patrimonio cultural*, 172-199.
- Acosta, D. B., Figueroa, C. E., Fernández, G. P., Carpinetti, B. N., Merino, M. L. (2019). Genetic diversity and phylogenetic relationships in feral pig populations from Argentina. *Mammalian Biology*, 99(1): 27-36.
- Acosta, D. B., Español, L. Á., Figueroa, C. E., Marini, S. J., Mac Allister, M. E., Carpinetti, B. N., Fernández, G. P., Merino, M. L. (2021). Wild pigs (*Sus scrofa*) population as reservoirs for deleterious mutations in the RYR1 gene associated with Porcine Stress Syndrome. *Veterinary and Animal Science*, 11: 100160.
- Alcántara, M. R. (2007). Breve revisión de los marcadores moleculares. *Ecología molecular*, 541-566.
- Alexandri, P., Triantafyllidis, A., Papakostas, S., Chatzinikos, E., Platis, P., Papageorgiou, N., Larson, G., Abatzopoulos, T. J., Triantaphyllidis, C. (2012). The Balkans and the colonization of Europe: the post-glacial range expansion of the wild boar, *Sus scrofa*. *Journal of Biogeography*, 39(4): 713–723.
- Alves, P. C., Óvilo, C., Rodríguez, M. C., Silió, L. (2003). Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Animal Genetics*, 34: 319-324.
- Alves, P. C., Pinheiro, I., Godinho, R., Vicente, J., Gortazar, C., Scandura, M. (2010). Genetic diversity of wild boar populations and domestic pig breeds (*Sus scrofa*) in South-western Europe. *Biological Journal of the Linnean Society*, 101(4): 797-822.
- Aravena, P., Skewes, O., Gouin, N. (2015). Mitochondrial DNA diversity of feral pigs from Karukinka Natural Park, Tierra del Fuego Island, Chile. *Genetics and Molecular Research*, 14(2): 4245-4257.
- Arroyo Nombela, J. A., Murcia, R. C., Abaigar, T., Vericad, J. R. (1990). Cytogenetic analysis (GTG, CBG and NOR bands) of a wild boar population (*Sus scrofa scrofa*) with a polymorphism in the South-East of Spain. *Genetics Selection Evolution*, 1-9.

- Avila, A. B., de Angelo, C. D. (2020). Primer registro fotográfico de la acción depredadora de cerdos asilvestrados sobre crías de carpinchos en la Reserva Natural Iberá. *Notas sobre mamíferos sudamericanos*, 1-6.
- Ballari, S. A., Cuevas, M. F., Ojeda, R. A., Navarro, J. L. (2015). Diet of wild boar (*Sus scrofa*) in a protected area of Argentina: the importance of baiting. *Mammal Research*, 60: 81-87.
- Ballari, S. A., Cirignoli, S., Winter, M., Cuevas M. F., Merino, M. L., Monteverde, M., Barrios-García, M. N., Sanguinetti, J., Lartigau, B., Kin, M. S., Relva, M. A. (2019). *Sus scrofa*. En: SAyDS–SAREM (eds.) Categorización 2019 de los mamíferos de Argentina según su riesgo de extinción. Lista Roja de los mamíferos de Argentina. Versión digital: <http://cma.sarem.org.ar>.
- Bandelt, H. J., Forster, P., Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1): 37-48.
- Barrios-Garcia, M. N., Ballari, S. A. (2012). Impact of wild boar (*Sus scrofa*) in its introduced and native range: a review. *Biological Invasions*, 14(11): 2283-2300.
- Birky, C. W. (1995). Uniparental inheritance of mitochondrial and chloroplast genes; Mechanisms and evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 92: 11331-11338.
- Bonelli, A. M., Schifferli, R. C. (2001). Síndrome Estrés Porcino. *Archivos de Medicina Veterinaria*, 33(2): 125-135.
- Borman, A., Stojek, W., Kwaczyńska, A., Schultka, R., Leszkowicz, E., Kamyczek, M., Glac, W., Ciepielewski, Z., Kłos, G., Tokarski, J., Świergiel, A. H. (2016). Unexpected high frequency of the stress-susceptibility conferring RYR1 T allele in a city forest wild boar population. *Animal Science Papers and Reports*, 34(4): 405-410.
- Briedermann, L. (1971). Ermittlungen zur Aktivitätsperiodik des Mitteleuropäischen Wildschweines (*Sus scrofa* L.). *Der Zoologische Garten*, 40: 302–327.
- Brown, W. M., George, M. J., Wilson, A. C. (1979). Rapid evolution of mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, 76:67-71.

- Burgos-Paz, W., Souza, C. A., Megens, H. J., Ramayo-Caldas, Y., Melo, M., Lemús-Flores, C., Pérez-Enciso, M. (2013). Porcine colonization of the Americas: a 60k SNP story. *Heredity*, 110(4): 321-330.
- Cabrera, A. L. (1971). Fitogeografía de la República Argentina. *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* 14(1-2): 1-42.
- Cagnoni, M. A., Faggi, A. (1993). La vegetación de la Reserva de Vida Silvestre Campos del Tuyú. *Parodiana*, 8: 101-112.
- Cagnoni, M. A. (1999). Espartillares de la costa bonaerense de la república argentina. Un caso de humedales costeros. En: Malvárez A. I. (ed.). Tópicos sobre humedales subtropicales y templados de Sudamérica. Pp. 51-67.
- Cameron, N. D. (1990). Genetic and phenotypic parameters for carcass traits, meat and eating quality traits in pigs. *Livestock Production Science*, 26(2): 119-135.
- Canul Solis, M., Sierra, A., Martínez, A., Ortíz, J., Delgado, J., Vega, J., Pérez, F. (2004). Variabilidad genética del cerdo pelón mexicano en un centro de conservación y rescate en el estado de Yucatán. V Simposio Iberoamericano sobre la conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos. Puno, Perú.
- Canul Solis, M., Sierra, M. A., Martínez, O. J., Delgado J., Vega Pla, J. V., Pérez, G. F. (2005). Caracterización genética del cerdo pelón mexicano mediante marcadores moleculares. *Archivos de Zootecnia*, 54: 267-272.
- Cardiel, J. (1930). Diario del Viaje y Misión al Río del Sauce por fines de Marzo de 1748. En: Furlong Cardiff, P. G., Outes, F. F. (eds.). Publicaciones del Instituto de Investigaciones Geográficas de la Facultad de Filosofía y Letras. Buenos Aires, Argentina. Pp. 245-87.
- Carduza, F. J., Sánchez, G., Grigioni, G. M., Irurueta, M., Almada, C. A., Cossu, M. E., Picallo, A. B., Basso, L., Vidales, S. (2009). Manual de Procedimiento: Determinación de los parámetros de calidad física y sensorial de la carne porcina. Ediciones INTA. Buenos Aires, Argentina, 82pp.
- Carpinetti, B., Castresana, G., Rojas, P., Grant, J., Marcos, A., Monterubbianesi, M., Borrás, P. (2014). Vigilancia epidemiológica en poblaciones de cerdos silvestres (*Sus scrofa*). Implicancias para la salud pública, la producción animal y la conservación de la biodiversidad. *SNS*, 6: 67-76.

- Carpinetti, B. N., Di Guirolamo, G., Delgado, J. V., Martínez, R. D. (2016). El cerdo criollo costero: valioso recurso zoogenético local de la provincia de Buenos Aires Argentina. *Archivos de zootecnia*, 65(251): 403-407.
- Carpinetti, B., Castresana, G., Rojas, P., Grant, J., Marcos, A., Monterubbianesi, M., Sanguinetti, H. R., Serena, M. S., Echeverría M. G., Garciarena M., Aleksa, A. (2017). Determinación de anticuerpos contra patógenos virales y bacterianos seleccionados en la población de cerdos silvestres (*Sus scrofa*) de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Argentina. *Analecta Veterinaria*, 37.
- Carrazzoni, J. A. (1997). Crónicas del campo argentino (Nuestras raíces agropecuarias). Serie de la Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria. 403pp.
- Castro, G., Mc Mannus, C., Llambi, S., Rezende, S., Fernández, G., Pena, B., Gagliardi, R. (2007). Caracterización genética preliminar del cerdo mamellado uruguayo. Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos. Quevedo, Ecuador.
- Corander, J., Marttinen, P., Sirén, J., Tang, J. (2008). Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. *BMC Bioinformatics*, 9: 539.
- Crossby, A. W. (2003). The Columbian Exchange: Biological and Cultural Consequences of 1492, 1oed. Greenwood Publishing Group. 124pp.
- Cuevas, M. F., Novillo, A., Campos, C., Dacar, M. A., Ojeda, R. (2010). Food habits and impact of rooting behavior of the invasive wild boar, *Sus scrofa*, in a protected area of the Monte Desert, Argentina. *Journal of Arid Environment*, 74: 1582–1585.
- Cuevas, M. F., Mastrantonio, L., Ojeda, R., Jaksic, F. M. (2012). Effects of wild boar disturbance on vegetation and soil properties in the Monte Desert Argentina. *Mammalian Biology*, 77: 299-306.
- D'Agostino, R. L., Udrizar Sauthier, D. E., Baldi, R. (2020). Ingreso de *Sus scrofa* al noreste del Chubut (República Argentina): nuevos registros y problemática de conservación. *Notas sobre Mamíferos Sudamericanos*, 1(1): 1-8.
- D'Alessandro, E., Fontanesi, L., Liotta, L., Davoli, R., Chiofalo, V., Russo, V. (2007). Analysis of the MC1R gene in the Nero Siciliano pig breed and usefulness of this locus for breed traceability. *Veterinary Research Communications*, 31: 389–392.

- Darriba, D., Taboada, G. L., Doallo, R., Posada, D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8): 772-776.
- de Oliveira, C. H. S. (2012). Ecologia e manejo de javali (*Sus scrofa* L.) na América do Sul. Tesis Doctoral para el programa de Pós-graduação em Ecologia da Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil.
- Delcroix, I., Signoret, J. P., Mauget, R. (1985). L'élevage en commun des jeunes au sein du groupe social chez le sanglier. *Journées Recherche Porcine en France*, 17: 167-174.
- Delgado-Acevedo, J., Zamorano, A., De Young, R. W., Campbell, T. A. (2021). Genetic population structure of wild pigs in southern Texas. *Animals*, 11(1): 168.
- Desbiez, A. L. J., Bodmer, R. E., Tomas, W. M. (2010). Mammalian densities in a neotropical wetland subject to extreme climatic events. *Biotropica*, 42: 372–378.
- Diamond, J. (2006). Armas, germes e aço: os destinos das sociedades humanas. (8º ed.). Editora Record. 758pp.
- Donkin, R. A. (1985). The peccary with observations on the introduction of pigs to the New World. *American Philosophical Society*, 75(5): 1–152.
- Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D., Rambaut, A. (2012). Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*, 29(8): 1969-1973.
- Duboscq-Carra, V., Fernandez, R., Haubrock, P., Dimarco, R., Angulo, E., Ballesteros-Mejia, L., Diagne, C., Courchamp, F., Nuñez, M. (2021). Economic impact of invasive alien species in Argentina: a first national synthesis. *NeoBiota*, 67: 329-348.
- Durio, P., Gallo, U., Macchi, E., Perrone, A. (1995). Structure and monthly birth distribution of a wild boar population living in mountainous environment. *Journal of Mountain Ecology*, 3: 202-203.
- Earl, D. A., VonHoldt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation genetics resources*, 4(2): 359-361.
- Ellegren, H. (2004). Microsatellites: Simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*, 5: 435-445.
- Epstein, H., Bitchat, M. (1984). Pig. En: Maspon I. L. (ed.). Evolution of Domesticated animals. Longman. Pp. 145–162.

- Ernst, M., Kuciel, J., Urban, T. (2003). Analysis of genetic variation of eight candidate genes in two wild boar subspecies. *Czech Journal of Animal Science*, 48: 533-539.
- Ervynck, A., Dobney, K., Hongo, H., Meadow, R., (2001). Born free? New evidence for the status of *Sus scrofa* at neolithic Çayönü Tepesi (Southeastern Anatolia, Turkey). *Paléorient*, 27: 47-73.
- Español, L. A. (2019). Caracterización de cerdos criollos costeros (*Sus scrofa*) de Bahía Samborombón, mediante el uso de marcadores moleculares asociados a calidad de carne. Tesis de licenciatura en la Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, 14(8): 2611-2620.
- Excoffier, L., Smouse, P. E., Quattro, J. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2): 479-491.
- Excoffier, L., Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resource*, 10: 564-567.
- Fajardo, V., González, I., López Calleja, I., Martín, I., Hernández, P. E., García, T., Martín, R. (2006). PCR-RFLP authentication of meats from red deer (*Cervus elaphus*), fallow deer (*Dama dama*), roe deer (*Capreolus capreolus*), cattle (*Bos taurus*), sheep (*Ovis aries*) and goat (*Capra hircus*). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 54(4): 1144-1150.
- Fajardo, V., González, I., Martín, I., Rojas, M., Hernández, P. E., García, T., Martín, R. (2008). Differentiation of European wild boar (*Sus scrofa scrofa*) and domestic swine (*Sus scrofa domestica*) meats by PCR analysis targeting the mitochondrial D-loop and the nuclear melanocortin receptor 1 (MC1R) genes. *Meat Science*, 78(3): 314e322
- Fang, M., Andersson, L. (2006). Mitochondrial diversity in European and Chinese pigs is consistent with population expansions that occurred prior to domestication. *Proceedings of the Royal Society of London*, 273(1595): 1803–1810.

- FAO. (2007). The Global Action Plan for Animal Genetic Resources and the Interlaken Declaration. Comission on Genetic Resources for Food and Agriculture Organization of the United Nations. Roma, Italia. 88pp.
- FAO. (2010). La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura, Rischkowsky B. Pilling D (Efs.). Roma, Italia. 556pp.
- FAO. (2011). Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. 100pp.
- FAO. (2021). Domestic animal diversity information system (DAD-IS). <https://www.fao.org/dad-is/en/>. Accedido el 10 de diciembre de 2021.
- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*. 39(4): 783-791.
- Fernández, G. J., Beade, M. S., Pujol, E. M., Mermoz, M. E. (2004). Plan de manejo de la Reserva de Vida Silvestre “Campos del Tuyú”, General Lavalle, Provincia de Buenos Aires. Estrategias para la conservación y recuperación del venado de las pampas en la Reserva de Vida Silvestre “Campos del Tuyú”. 144pp.
- Fidalgo, F., De Francesco, F. O., Colado, U. R. (1973). Sobre ingresiones marinas cuaternarias en los partidos de Castelli, Chascomús y Magdalena, Prov. de Buenos Aires. Vº Congreso Geológico Argentino. Argentina.
- Figueroa, C. E. (2020). Variabilidad genética en los planteles de los productores porcinos del norte de la provincia de Buenos Aires. Tesis doctoral en la Universidad Nacional de Rosario, Facultad de Ciencias Veterinarias, Santa Fe, Argentina.
- Figueroa, C. E., Acosta, D. B., Mac Allister, M. E., Merele, M., Fernádes, G. P., Carpinetti, B. N., Winter, M., Abate, S., y M. L. Merino. (2022). Patterns of genetic variation on wild pig (*Sus scrofa*) populations over a complete range of the species in Argentina. *Mammalia*.
- Fontanesi, L., Scotti, E., Russo, V. (2008). Differences of the porcine amelogenin X and Y chromosome genes (AMELX and AMELY) and their application for sex determination in pigs. *Molecular Reproduction and Development: Incorporating Gamete Research*, 75(11): 1662-1668.

- Fontanesi, L., Ribani, A., Scotti, E., Utzeri, V. J., Veličković, N., Dall'Olio, S. (2014). Differentiation of meat from European wild boars and domestic pigs using polymorphisms in the MC1R and NR6A1 genes. *Meat science*, 98(4): 781-784.
- Forbes, D. L., Orford, J. D., Carter, R. W. G., Shaw, J., Jennings, S. C. (1995). Morphodynamic evolution, self-organization, and instability of coarse-clastic barriers on paraglacial coasts. *Marine Geology*, 126(1-4): 63-85.
- Fontdevila, A., Moya, A. (2007). Introducción a la genética de poblaciones. 343pp.
- Frantz, A. C., Zachos, F. E., Kirschning, J., Cellina, S., Bertouille, S., Mamuris, Z., Burke, T. (2013). Genetic evidence for introgression between domestic pigs and wild boars (*Sus scrofa*) in Belgium and Luxembourg: a comparative approach with multiple marker systems. *Biological Journal of the Linnean Society*, 110(1): 104-115.
- Freitas, A. B., Rosado, M. M. (2014). A introdução dos suínos no Brasil. En: Silva O. L. (ed.). Las Razas Porcinas Iberoamericanas. Un Enfoque Etnozootécnico. Instituto Federal Baiano, Campus Valencia, Salvador, Brasil. Pp. 39–54.
- Frenguelli, J. (1950). Rasgos generales de la morfología y de la geología de la Provincia de Buenos Aires. Min. Obras Públicas, Lab. Ensayo de Materiales. 72 pp.
- Fuentes, A. (1923). Tierra del Fuego y los Canales Magallánicos. 412pp.
- Fujii, J., Otsu, K., Zorzato, F., De Leon, S., Khanna, V. K., Weiler, J. E., O'Brien, P. J., MacLennan, D. H. (1991). Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science*, 253(5018): 448-451.
- Ghivizzani, S. C., Mackay, S. L. D., Madsen, C. S., Laipis, P. J., Hauswirth, W. W. (1993). Transcribed Heteroplasmic Repeated Sequences in the Porcine Mitochondrial DNA D-loop Region. *Journal of molecular Evolution*, 37: 36-47.
- Ghio, M., Lucero de la Sota, M. N. (2014). Actualización sobre el mejoramiento genético porcino en el mundo y en la república argentina. Tesis de licenciatura en la Universidad Nacional de La Pampa, Facultad de Agronomía, La Pampa, Argentina.
- Giberti, H. C., (1985). Historia económica de la ganadería argentina. Hyspamérica, Buenos Aires, Argentina. 272pp.
- Giuffra, E. J. M. H., Kijas, J. M. H., Amarger, V., Carlborg, Ö., Jeon, J. T., Andersson, L. (2000). The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. *Genetics*, 154 (4): 1785–1791.

- Giménez-Dixon, M. (1991). Estimación de parámetros poblacionales del venado de las Pampas (*Ozotoceros bezoarticus celer*, Cabrera 1943 –Cervidae-) en la costa de la Bahía Samborombón (Provincia de Buenos Aires) a partir de datos obtenidos mediante censos aéreos. Tesis Doctoral, Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Buenos Aires, Argentina.
- Global Invasive Species Database. (2021). Species profile: *Sus scrofa*. <http://www.iucngisd.org/gisd/speciesname/Sus+scrofa> Accedido el 23 de noviembre del 2021.
- Goedbloed, D. J., Megens, H. J., Van Hooft, P., Herrero-Medrano, J. M., Lutz, W., Alexandri, P., Prins, H. H. T. (2013). Genome-wide single nucleotide polymorphism analysis reveals recent genetic introgression from domestic pigs into Northwest European wild boar populations. *Molecular ecology*, 22(3): 856-866.
- Gongora, J., Cuddahee, R. E., Nascimento, F. F. D., Palgrave, C. J., Lowden, S., Ho, S. Y., Larson, G. (2011). Rethinking the evolution of extant sub-Saharan African suids (Suidae, Artiodactyla). *Zoologica Scripta*, 40(4): 327-335.
- Groot Bruinderink, G. W. T. A., Hazebroek, E., Van Der Voot, H. (1994). Diet and condition of wild boar, *Sus scrofa scrofa*, without supplementary feeding. *Journal of Zoology*, 233(4): 631-648.
- Groves, C. P., Grubb, P. (1993). The Eurasian Suids *Sus* and *Babirusa*. En Oliver W. L. R. (ed.). Pigs, Peccaries, and Hippos. Gland, Suiza. Pp107-108.
- Groves, C. P. (2007). Current views on taxonomy and zoogeography of the genus *Sus*. En Albarella U., Dobney K., Ervynck A., Rowley-Conwy P. (eds). Pigs and humans 10000 years on interaction. Nueva York, Estados Unidos. Pp16-17.
- Guirao-Rico, S., Ramírez, O., Ojeda, A., Amills, M., Ramos-Onsins, S. E. (2018). Porcine Y-chromosome variation is consistent with the occurrence of paternal gene flow from non-Asian to Asian populations. *Heredity*, 120(1): 63-76.
- Hall, T. A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Research*, 41(41): 95-98.
- Hartl, D. L., Clark, A. G. (1989). Principles of population genetics (Second Edition). 682pp.

- Hasegawa, M., Kishino, H., Yano, T. A. (1985). Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal Molecular Evolution*, 22(2): 160-174.
- Hecht, W., Dzapo, V. (1995). The pig mitochondrial genome. *Ibex JME*, 3: 19-20.
- Hernández, D. Y., Terranova, A. M. P., Muñoz Flórez, J. E. (2008). Detección de una mutación puntual en el gen receptor Ryanodina (Ryr1) en cerdos criollos colombianos. *Acta Agronómica*, 57(4): 275-278.
- Hudson, W. H. (1956). Días de ocio en la Patagonia. Continente, Buenos Aires, Argentina. 156pp.
- Hurtado, E., González, C., Vecchionacce, H. (2005). Estudio morfológico del cerdo criollo del estado Apure, Venezuela. *Revista Computarizada de Producción Porcina*, 11(3).
- Huo, J. H., Wei, Q. P., Wan, M. C., Liu, L. X., Hu, L. F., Zhou, Q. Y., Xiong, L. G., Yang, Q., Wu, Y. P. (2014). Population phylogenomic analysis and origin of mitochondrial DNA in Chinese domestic pig. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(2): 892-895.
- Iacolina, L., Brajković, V., Canu, A., Šprem, N., Cubric-Curik, V., Fontanesi, L., Saarma, U., Apollonio, M., Scandura, M. (2016). Novel Y-chromosome short tandem repeats in *Sus scrofa* and their variation in European wild boar and domestic pig populations. *Animal genetics*, 47(6): 682-690.
- Iacolina, L., Pertoldi, C., Amills, M., Kusza, S., Megens, H. J., Bâlțeanu, V. A., Stronen, A. V. (2018). Hotspots of recent hybridization between pigs and wild boars in Europe. *Scientific reports*, 8(1): 1-10.
- Ilie, D. E., Băcilă, V., Cean, A., Czișter, L. T., Neo, S. (2014). Screening of RYR1 genotypes in swine population by a rapid and sensitive method. *Romanian Biotechnological Letters*, 19(2): 170-9178.c
- Iriart, R. (1997). Evolución Histórica de la Pampa Deprimida. En: Berbeglia C. E. (ed.). Propuesta para una antropología Argentina IV. Biblos. Buenos Aires, Argentina. Pp. 351–368.
- Iriondo, M. (1995). La Pampa. En: Argollo, J. P. (ed.), Climas cuaternarios en América del Sur. Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération. La Paz, Bolivia. Pp. 283–306.

- Isacch, J. P., Costa, C. S. B., Rodríguez-Gallego L., Conde D., Escapa M., Gagliardini, D.A., Iribarne, O.O. (2006). Distribution of saltmarsh plant communities associated with environmental factors along a latitudinal gradient on the south-west Atlantic coast. *Journal of Biogeography*, 33:888–900.
- Jakobsson, M., Rosenberg, N. A. (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*, 23(14): 1801-1806.
- Janeau, G., Dardaillon, M., Spitz, F. (1988). Influence de la mortalité précoce des femelles sur l'organisation sociale du sanglier (*Sus scrofa*). *Cahiers d'Ethologie Appliquée*, 8(3): 429-436.
- Jeffreys, A. J., Flavell, L. A. (1977). A physical Map of the DNA Regions Flanking the Rabbit beta-Globin Gene. *Cell*, 12: 429-439.
- Keller, L. F., Waller, D. M. (2002). Inbreeding effects in wild populations. *Trends in ecology & evolution*, 17(5): 230-241.
- Keuling, O., Podgórski, T., Monaco, A., Melletti, M., Merta, D., Albrycht, M., Genov, P. V., Gethöffer, F., Vetter, S. G., Jori, F., Scalera, R., Gongora, J. (2018). Eurasian Wild Boar *Sus scrofa* (Linnaeus, 1758). En: Melletti M., Meijaard E. (eds.). *Ecology, Conservation and Management of Wild Pigs and Peccaries*. Cambridge: Cambridge University Press. Pp. 202-233.
- Keuling, O., Leus, K. (2019). *Sus scrofa*. *The IUCN Red List of Threatened Species* <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.20193.RLTS.T41775A44141833.en> Accedido el 22 de marzo del 2022.
- Kelly, L. A., Crop, A., Vadell, A., Nicolini, P., Monteverde, S., Amills, M., Sanchez, A. (2004). El cerdo pampa rocha como recurso zoogenéticos en Uruguay. Marcadores moleculares. *Veterinaria*, 39(155-156): 15-16.
- Kijas, J. M. H., Wales, R., Törnsten, A., Chardon, P., Moller, M., Andersson, L. (1998). Melanocortin receptor 1 (MC1R) mutations and coat color in pigs. *Genetics*, 150(3): 1177-1185.
- King, J. W. B., Roberts, R. C. (1960). Carcass length in the bacon pig; its association with vertebrae numbers and prediction from radiographs of the young pig. *Animal Science*, 2(1): 59-65.

- Kim, K. I., Lee, J. H., Li, K., Zhang, Y. P., Lee, S. S., Gongora, J., Moran, C. (2002). Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Animal Genetics*, 33(1): 19–25.
- Kim, K. S., Larsen, N., Short, T., Plastow, G., Rothschild, M. F. (2000). A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mammalian Genome*, 11: 131-135.
- Kimura, M., Crow, J. F. (1964). The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49(4): 725.
- Kimura, M. (1981). Estimation of evolutionary distances between homologous nucleotide sequences. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 78(1): 454-458.
- Kippis, A. (1795). Historia de la vida y viajes del Capitán Jaime Cook. Tomo II. Imprenta Real Madrid. 51pp.
- Klimas, R., Klimienė, A., Mickeikienė, I., Morkūnienė, K. (2018). Analysis of the stress (RYR1) gene and osteochondrosis in wild boars in Lithuania. *Medycyna Weterynaryjna*, 74(12): 782-786.
- Koutsogiannouli, E. A., Moutou, K. A., Sarafidou, T., Stamatis, C., Mamuris, Z. (2010). Detection of hybrids between wild boars (*Sus scrofa scrofa*) and domestic pigs (*Sus scrofa f. domestica*) in Greece, using the PCR-RFLP method on melanocortin-1 receptor (MC1R) mutations. *Mammalian Biology*, 75(1): 69-73.
- Kuryl, J., Zurkowski, M., Urbanski, P., Wyszynska-Koko, J. (2004). Distribution of the polymorphic variants of genes RYR1, LEP, GH, MYOG, MYF5, and GDF8 in wild boars from North – East of Poland. *Animal Science Papers and Reports*, 22: 271-278.
- Kusza, S., Podgorski, T., Scandura, M., Borowik, T., Jávora, A., Sidorovich, V., Jedrzejewska, B. (2014). Contemporary genetic structure, phylogeography and past demographic processes of wild boar *Sus scrofa* population in Central and Eastern Europe. *PLoS One*, 9(3): 1–11.
- Larson, G., Dobney, K., Albarella, U., Fang, M., Matisoo-Smith, E., Robins, J., Rowley-Conwy, P. (2005). Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science*, 307(5715): 1618–1621.

- Larson, G., Albarella, U., Dobney, K., Rowley-Conwy, P., Schibler, J., Tresset, A., Vigne, J. D., Edwards, C. J., Schlumbaum, A., Dinu, A., Bălăşescu, A., Dolman, G., Tagliacozzo, A., Manaseryan, N., Miracle, P., Wijngaarden-Bakker, L.V., Masseti, M., Bradley, D.G., Cooper A. (2007). Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(39): 15276-15281.
- Larson, G., Cucchi, T., Dobney, K. (2011). Genetic Aspects of Pig Domestication. En: Rothschild M. F., Ruvinsky A. (eds.). *The Genetics of the Pig*, 2nd Edition. Chippenham, United Kingdom. Pp.14-15.
- Lasta, C. (1995). La Bahía Samborombón: zona de desove y cría de peces. Tesis doctoral en la Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Buenos Aires, Argentina.
- Leigh, J. W., Bryant, D. (2015). Popart: full feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9): 1110-1116.
- Le Roy, P., Naveau, J., Elsen, J. M., Sellier, P. (1990). Evidence for a new major gene influencing meat quality in pigs. *Genetic Research*, 55(1):33-40.
- Lewis, J. S., Farnsworth, M. L., Burdett, C. L., Theobald, D. M., Gray, M., Miller, R. S. (2017). Biotic and abiotic factors predicting the global distribution and population density of an invasive large mammal. *Scientific Reports*, 7(1): 1-12.
- Librado, P., Rozas, J. (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11): 1451-1452.
- Linares, V., Linares, L., Mendoza, G. (2011). Caracterización etnozootécnica y potencial carnívor de *Sus scrofa* "cerdo criollo" en Latinoamérica. *Scientia Agropecuaria*, 2(2): 97-110.
- Litt, M., Luty, J. A. (1989). A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *American Journal of Human Genetics*, 44: 397-401
- Lizarralde, M. (2016). Especies exóticas invasoras (EEI) en Argentina: categorización de mamíferos invasores y alternativas de manejo. *Mastozoología neotropical*, 23(2): 267-277.

- Lloveras, M. R., Goenaga, P. R., Irurueta, M., Carduza, F., Grigioni, G., García, P., Améndola, C. (2008). Meat quality traits of commercial hybrid pigs in Argentina. *Meat Science*, 79: 3-9.
- Macé, M., Crouau-Roy, B. (2008). A highly polymorphic insertion in the Y-chromosome amelogenin gene can be used for evolutionary biology, population genetics and sexing in Cetacea and Artiodactyla. *BMC genetics*, 9(1): 1-9.
- Mack, R. N., Simberloff, D. W., Lonsdale, M., Evans, H., Clout, M., Bazzaz, F. A. (2000). Biotic invasions: Causes, epidemiology, global consequences, and control. *Ecological Applications*, 10: 689-710.
- Maeder, E. J. A. (1981). Historia económica de Corrientes en el período virreinal 1776-1810. Academia Nacional de la Historia, Buenos Aires, Argentina. 468pp.
- Mapston, M. (2007). Cimarron hogs in Texas. *Texas FARMER Collection*. 26pp.
- Marcos, A., Carpinetti, B., Ferro, N., Aronowicz, T., Dassa, L. (2021). Percepción del impacto de cerdos cimarrones (jabalíes) sobre la producción agropecuaria de Argentina. *Revista Veterinaria*, 31(2): 131-136.
- Martínez, A. M., Delgado J. V., Vega Pla J. L., Escribano, F., Cabello, A. (2003). Negro de los Pedroches, the molecular definition of a new variety of the iberian pig breed. *Archivos de Zootecnia*, 52: 219-223.
- Martínez, A. M., Pérez-Pineda, E., Vega-Pla, J. L., Barba, C., Velázquez, F. J., Delgado, J. V. (2005). Caracterización Genética del Cerdo Criollo Cubano con Microsatélites. *Revista Archivos de Zootecnia*, 54: 369-375.
- Martínez, A. M., Quiroz, J., Marques, J. R., Delgado, J. V. (2007). Estudio de la diversidad genética del cerdo Negro Canario con microsatélites de ADN. *Archivos de zootecnia*, 56(1): 425-428.
- Martínez, J., Altamirano, A., Morales, I., Fuentes M., Mascorro, G. (2006). Caracterización Morfoestructural del cerdo del Istmo de Tehuantepec. VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos zoogenéticos. Cochabamba, Bolivia.
- Martínez, R. D. (2008). Caracterización genética y morfológica del bovino Criollo argentino de origen patagónico. Tesis doctoral en la Universitat de Valencia, Valencia, España.
- Marini, S. J., Vanzetti, L. S., Borelli, V. S., Villareal, A. O., Denegri, G. D., Cottura, G. A., Panichelli, D., Silva, P., Campagna, D., Spiner, N., Brunori, J. C., Franco, R. (2012).

- RYR1 gene variability and effect on meat pH in Argentinean hybrids swines. *InVet*, 14(1): 19-23.
- Marino, G. (2008). Buenas prácticas ganaderas para conservar la vida silvestre de las pampas: una guía para optimizar la producción y conservar la biodiversidad de los pastizales de la Bahía Samborombón. 107pp.
- Maillard, D., Fournier, P. (2000). Wild boar (*Sus scrofa*) birth chronology in a Mediterranean habitat from 1989 to 1994: effect of yearly food availability. 3rd International Wild Boar Symposium. Upsala, Suecia.
- Mauget, R. (1980). Régulations écologiques, comportementales et physiologiques (function de reproduction), de l'adaptation du sanglier, *Sus scrofa* L., au milieu. Tesis doctoral.
- Mayer, J. J., Brisbin. I. L. (1991). Wild Pigs in the United States: the history, comparative morphology and current status. Athens: University of Georgia Press. 313pp.
- Mayer, J. J., Brisbin I. L. (2008). Wild Pigs in the United States: Their History, Comparative Morphology, and Current Status. University of Georgia Press. 3pp.
- Merino, M. L. (2003). Dieta y uso de hábitat del venado de las pampas, *Ozotoceros bezoarticus celer* Cabrera 1943 (Mammalia-Cervidae) en la zona costera de Bahía Samborombón, Buenos Aires, Argentina. Implicancias para su conservación. Tesis doctoral en la Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Buenos Aires, Argentina.
- Merino, M. L., Carpinetti, B. N. (2003). Cimarron pig *Sus scrofa* populations estimates in Bahía Samborombón Conservation Area, Buenos Aires province, Argentina. *Mastozoología Neotropical*, 10: 269–275.
- Meselson, M., Yuan, H. (1968). DNA restriction enzyme from *E. coli*. *Nature*, 217:1110-1114.
- McIlroy, J. C., Saillard, R. J. (1989). The effect of hunting with dogs on the numbers and movements of cimarrón pigs, *Sus scrofa*, and the subsequent success of poisoning exercises in Namadgi-National-Park, ACT. *Wildlife Research*, 16(3): 353-363.
- McCann, B. E., Malek, M. J., Newman, R. A., Schmit, B. S., Swafford, S. R., Sweitzer, R. A., Simmons, R. B. (2014). Mitochondrial diversity supports multiple origins for invasive pigs. *The Journal of Wildlife Management*, 78(2): 202-213.

- Mikawa, S., Morozumi, T., Shimanuki, S. I., Hayashi, T., Uenishi, H., Domukai, M., Okumura, N., Awata, T. (2007). Fine mapping of a swine quantitative trait *locus* for number of vertebrae and analysis of an orphan nuclear receptor, germ cell nuclear factor (NR6A1). *Genome Research*, 17: 586–593.
- Milan, D., Jeon, J., Looft, C., Amarger, V., Robic, A., Thelander, M., Rogel Gaillard, C., Paul, S., Iannuccelli, N., Rask, L., Roone, H., Lundstrom, K., Reinsch, N., Gellin, J., Kalm, E., Le Roy, P., Chardon, P., Andersson, L. (2000). A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science*, 288: 1248–1251.
- Mitchell, G., Heffron, J. J. A. (1982). Porcine stress syndromes. *Advances in Food Research*, 28: 167-230.
- Mooney, H. A., Mack, R. N., McNeely, J. A., Neville, L., Schei, P. J., Waage, J. (2005). *Invasive Alien species: A new synthesis*. 368pp.
- Morner, M. (1967). *Race Mixture in the History of Latin America*. Little, Brown & Comp. Inc. Boston.178pp.
- Morris, I. (1956). *Una narración fiel de los peligros y desventuras que sobrellevó Isaac Morris*, Buenos Aires, Argentina.172pp.
- Müller, E., Moser, G., Bartenschlager, H., Geldermann, H. (2000). Trait values of growth, carcass and meat quality in Wild boar, Meishan and Pietrain pigs as well as their crossbred generations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 117: 189-202.
- Mullis, B. K., Faloona, F. A. (1987). Specific Synthesis of DNA *in Vitro* via a Polymerase-Catalysed Chain Reaction. *Methods in Enzymology*, 155: 335-350.
- Musters, G. C. (1997). *Vida entre los patagones*. El Elefante Blanco.310pp.
- Navas, J. R. (1987). Los vertebrados exóticos introducidos en Argentina. *Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales Bernardino Rivadavia*, 14 (2): 7–38.
- Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 70(2): 3321-3323.
- Neiff, J. J., Poi de Neiff, A. S. G. (2006) Situación ambiental en la ecorregión Iberá. En: Brown A., Martinez Ortiz U., Acerbi M., Corcuera J. (eds.). *La situación ambiental Argentina*. Fundación Vida Silvestre Argentina, Buenos Aires. Pp. 177–184.

- Niering, W. A. (1985). Wetlands. The Audubon Society Nature Guides. Alfred A. Knopf, Inc. New York. 638pp.
- Novillo, A., Ojeda, R. A. (2008). The exotic mammals of Argentina. *Biological Invasions*, 10(8): 1333–1345.
- Okumura, N., Ishiguro, N., Nakano, M., Hirai, K., Matsui, A., Sahara, M. (1996). Geographic population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*), with reference to those of domestic pigs. *Biochemical genetics*, 34(5): 179-189.
- Okumura, N., Kurosawa, Y., Kobayashi, E., Watanobe, T., Ishiguro, N., Yasue, H., Mitsuhashi, T. (2001). Genetic relationship amongst the major non-coding regions of mitochondrial DNAs in wild boars and several breeds of domesticated pigs. *Animal Genetics*, 32(3): 139-147.
- Oliver, W. L. (1993). Pigs, peccaries, and hippos: status survey and conservation action plan IUCN. 202pp.
- Otsu, K., Phillips, M. S., Khanna, V. K., De Leon, S., MacLennan, D. H. (1992). Refinement of diagnostic assays for a probable causal mutation for porcine and human hyperthermia. *Genomics*, 13(3): 835-837.
- Otoni, C., Girdland Flink, L., Evin, A., Geörg, C., De Cupere, B., Van Neer, W., Bartosiewicz, L., Linderholm, A., Barnett, R., Peters, J., Decorte, R., Waelkens, M., Vanderheyden, N., Ricaut, F. X., Canan, Ç., Çevik, O., Hoelzel, A.R., Mashkour, M., Karimlu, A. F. M., Seno, S. S., Daujat, D., Brock, F., Pinhasi, R., Hongo, H., Perez-Enciso, M., Rasmussen, M., Frantz, L., Megens, H. J., Crooijmans, R., Groenen, M., Arbuckle, B., Benecke, R., Vidarsdottir, U. S., Burger, J., Cucchi, C., Dobney, K., Larson, G. (2013). Pig domestication and human-mediated dispersal in western Eurasia revealed through ancient DNA and geometric morphometrics. *Molecular Biology and Evolution*, 30(4): 824-832.
- Owen, J., Dobney, K., Evin, A., Cucchi, T., Larson, G., Vidarsdottir, U. S. (2014). The zooarchaeological application of quantifying cranial shape differences in wild boar and domestic pigs (*Sus scrofa*) using 3D geometric morphometrics. *Journal of Archaeological Science*, 43: 159-167.

- Palomo, L. J., Gisbert, J. (2002). Atlas de los mamíferos terrestres de España. Dirección General de Conservación de la Naturaleza. SECEM-SECEMU, Madrid, Spain. 590pp.
- Parodi, L. R. (1940). La distribución geográfica de los talaes en la Provincia de Buenos Aires. *Darwiniana*, 4(1): 33-56.
- Peakall, R., Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*, 28(19): 2537-2539.
- Pérez Carusi, L.C., Beade, M. S., Minarro, F., Vila, A. R., Giménez-Dixon, M., Bilenca, D. N. (2009). Relaciones espaciales y numéricas entre venados de las pampas (*Ozotoceros bezoarticus celer*) y chanchos cimarrones (*Sus scrofa*) en el Refugiode Vida Silvestre Bahía Samborombón, Argentina. *Ecolgía Austral*, 19(1): 63–71.
- Pérez Carusi, L. C. (2015). Estudio de las interacciones entre venados de las pampas (*Ozotoceros bezoarticus*) y ungulados introducidos (ganado vacuno y chanchos cimarrones) en el Refugio de Vida Silvestre Bahía Samborombón, Argentina: implicancias para su conservación. Tesis doctoral en la Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Buenos Aires, Argentina.
- Pérez Pineda, E. (2005). Caracterización genética del cerdo Criollo Cubano utilizando marcadores moleculares. Tesis doctoral en la Universidad de Córdoba, Andalucía, España.
- Pesole, G. C., Gissi, A. D. C., Saccone, C. (1999). Nucleotide substitution rate of mammalian mitochondrial genomes. *Journal of molecular Evolution*, 48: 427-34.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2): 945-959.
- Rambaut, A. (2012). FigTree v.1.4.0. Available: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.
- Ramírez, O., Ojeda, A., Tomas, A., Gallardo, D., Huang, L. S., Folch, J. M., Galman-Omitogun, O. (2009). Integrating Y-chromosome, mitochondrial, and autosomal data to analyze the origin of pig breeds. *Molecular Biology and Evolution*, 26(9): 2061-2072.

- Revidatti, M. A., Capellari, A., Prieto, P. N., Delgado, J. V. (2005). Recurso genético porcino autóctono en el nordeste de la República Argentina. *Archivos de Zootecnia*, 54(205): 97-100.
- Revidatti, M. A. (2009). Caracterización de cerdos criollos del Nordeste Argentino. Tesis doctoral en la Universidad de Córdoba, Andalucía, España.
- Revidatti, M. A., Delgado Bermejo, J. V., Gama, L. T., Periat, V. L., Ginja, C., Alvarez, L. A., Consortium, B. (2014). Genetic characterization of local Criollo pig breeds from the Americas using microsatellite markers. *Journal of Animal Science*, 92(11): 4823-4832.
- Revidatti, M. A., Gama, L. T., Martin Burriel, I., Cortés Gardyn, O., Cappello Villada, J. S., Carolino, M. I., Cañón, F. J., Ginja, C., Sponenberg, P., Vicente, A. P., Zaragoza, P., Delgado, J. V., Martínez, A., BioPig Consortium. (2021). On the origins of American Criollo pigs: A common genetic background with a lasting Iberian signature. *PloS one*, 16(5): e0251879.4
- Ribani, A., Utzeri, V. J., Geraci, C., Tinarelli, S., Djan, M., Veličković, N., Doneva, R., Dall'Olio S., Nanni Costa, L., Schiavo, G., Bovo, S., Usai, G., Gallo, M., Radović, Č., Savić, R., Karolyi, D., Salajpal, K., Gvozdanović K., Djurkin-Kušec, I., Škrlep, M., Čandek-Potokar M., Ovilo, C., Fontanesi, L. (2019). Signatures of de-domestication in autochthonous pig breeds and of domestication in wild boar populations from MC1R and NR6A1 allele distribution. *Animal genetics*, 50(2): 166-171.
- Río Moreno, J. L. (1996). El cerdo. Historia de un elemento esencial de la cultura castellana en la conquista y colonización de América (siglo XVI). *Anuario de Estudios Americanos*, 53(1): 13–35.
- Rodríguez, M. B. (1996). Ficha informativa de los Humedales Ramsar. Bahía Samborombón Argentina. Ministerio de Asuntos Agrarios de la Provincia de Buenos Aires, Subsecretaria de Pesca y Recursos Naturales. Dirección de Administración y Conservación de Recursos Naturales. Departamento Áreas Protegidas y Difusión Conservacionista. 11pp.

- Rodríguez, C. J. G. (2004). Crecimiento y Calidad de la Canal en Cerdo Pelón Mexicano y Cruzas con Razas Comerciales. Tesis de Maestría en la Universidad Autónoma de Nayarit, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Nayarit, México.
- Rodriguez, V. R., Maffioly, J. I., Zdanovicz, L. A., Fabre, R. M., Barrandeguy, M. E., García, M. V., Lagadari, M. (2022). Genetic diversity of meat quality related genes in Argentinean pigs. *Veterinary and Animal Science*, 15: 100237.
- Rojas, K. M., Roa, M., Briceño, I., Guaneme, C., Gómez, A. (2011). Polimorfismos de 17 marcadores STR del cromosoma-Y en una muestra poblacional del altiplano cundiboyacense. *Colombia Médica*, 42(1): 88-97.
- Rosell, C., Fernández-Llario, P., Herrero, J. (2001). El jabalí (*Sus scrofa* LINNAEUS, 1758). *Galemys*, 13(2): 1-25.
- Rosenberg, N. A. (2004). DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure. *Molecular ecology notes*, 4(1): 137-138.
- RStudio Team (2020). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC, Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>
- Rubin, C. J., Megens, H. J., Martinez Barrio, A., Maqbool, K., Sayyab, S., Schwochow, D., Wang, C., Carlborg, Ö., Jern, P., Jørgensen, C. B., Archibald, A. L., Fredholm, M., Groenen, M. A., Andersson, L. (2012). Strong signatures of selection in the domestic pig genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109: 19529–19536.
- Sagua, M. I., Figueroa, C. E., Acosta, D. B., Fernández, G. P., Carpinetti, B. N., Birochio, D., Merino, M. L. (2018). Inferring the origin and genetic diversity of the introduced wild boar (*Sus scrofa*) populations in Argentina: an approach from mitochondrial markers. *Mammal Research*, 163(4): 467–476.
- Sambrook, J., Russell, D. W. (2006). Rapid isolation of yeast DNA. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2006(1): 631-632.
- Sánchez Labrador, J. (1936). Los indios pampas, puelches, patagones. Viau y Zona, Buenos Aires, Argentina. 251pp.
- Sánchez, D. R., Villagómez, D. A., Galindo, J., Ayala, M. A., Taylor, J., Guerrero, L. A., Merlos, M. (2006). Influencia del gen halotano sobre la productividad en cerdas de

- razas puras e híbridas y en sementales de raza pura. *Revista Computarizada de Producción Animal*, 13(1): 43-47.
- Sánchez, R. O., Ferrer, J. A., Duymovich, O.A., Hurtado, M. A. (1976). Estudio pedológico integral de los partidos de Magdalena y Brandsen (Prov. Buenos Aires). *Anales del LEMIT*. 128 pp.
- Salas, R. C. D., Mingala, C. N. (2017). Genetic factors affecting pork quality: halothane and Rendement Napole genes. *Animal biotechnology*, 28(2): 148-155.
- Salvador, C. H., Fernández, F. (2017). Biological Invasion of Wild Boar and Cimarron Pigs *Sus scrofa* (Suidae) in South America: Review and Mapping with Implications for Conservation of Peccaries (Tayassuidae). En: Meijaard E., Melletti M. (eds.). *Ecology, Conservation and Management of Wild Pigs and Peccaries*. Cambridge University Press, Cambridge. Pp. 313–324.
- Sarabia, A. A. G., Flores, C. L., Martínez, K. M., Carpena, J. G. R., Benítez, M. G. O., Serrano, A. B. (2011). Diversidad genética en cerdos criollos mexicanos con genes candidatos asociados a características productivas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 46(1): 44-50.
- Scandura, M., Iacolina, L., Apollonio, M. (2011). Genetic diversity in the European wild boar *Sus scrofa*: phylogeography, population structure, and wild x domestic hybridization. *Mammal Review*, 41: 125-137.
- Schmidl, U. (2010). *Viaje al Río de la Plata*. Emecé, Buenos Aires, Argentina. 6pp.
- Schlötterer, C. (2000). Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. *Chromosoma*, 109: 365-371.
- Schlötterer, C. (2004). The evolution of molecular markers — just a matter of fashion?. *Genetics*, 5: 63–69.
- Schuelke, M. (2000). An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature biotechnology*, 18(2): 233-234.
- Schulman, A. H. (2007). Molecular markers to assess genetic diversity. *Euphytica*, 158:313-321.
- Serena, M. S., Artuso, M. C., Pérez, A., Echeverría, M. G., Laksman, Y., Arocena, G., Carpinetti, B. N. (2015). Vigilancia epidemiológica de las principales virosis que

- afectan a las poblaciones de cerdos silvestres (*Sus scrofa*) en distintas zonas de la República Argentina. XI Congreso Argentino de Virología, Buenos Aires, Argentina.
- Seward, N. W., VerCauteren, K. C., Witmer, G. W., Engeman, R. M. (2004). Cimarron swine impacts on agriculture and the environment. *Sheep & Goat Research Journal*, 12.
- Shuiming, Z. (2020). Detection on the halothane gene in fengqiao breeding pigs of Jiaying by PCR-RFLP technique. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 37(24): 11437-11438.
- Skewes, O. (1990). Status des Wildschweins, *Sus scrofa* L., en Chile. Dokumentation einer Fremdansiedlung von Europäischen Wild. Tesis doctoral en la Universität Göttingen.
- Sikes, R. S. (2016). Animal care and use committee of the American Society of Mammalogists. Guidelines of the American Society of Mammalogists for the use of wild mammals in research and education. *Journal of Mammalogy*, 97(3): 663–688.
- Silva, E. C., McManus, C., Piovezan, U., Faria, D. A., Souza, C. A., Caetano, A. R., Paiva, S. R. (2020). Phylogeography of feral Monteiro pig in the Brazilian Pantanal Ecosystem. *Genetica*, 148(3): 183-193.
- Smith, C., Bampton, P. R. (1977). Inheritance of reaction to halothane an aesthesia in pigs. *Genetic Research*, 29(3): 287-292.
- Slatkin, M., Barton, N. H. (1989) A comparison of three indirect methods for estimating the average level gene flow. *Evolution* 43: 1349–68.
- Soma, P., van Marle-Köster, E., Frylinck, L. (2014). Frequency of the malignant hyperthermia gene in the South African pig industry. *South African Journal of Animal Science*, 44(4): 384-387.
- Soria-Boix, C., Donat-Torres, M. P., Urios, V. (2017). Contacts in the last 90,000 years over the Strait of Gibraltar evidenced by genetic analysis of wild boar (*Sus scrofa*). *PloS one*, 12(7): e0181929.
- Soriano, A., León, R. J. C., Sala, O. E., Lavado, R. S., Deregibus, V. A. (1992). Río de la Plata Grasslands. En: Coupland R. T. (Eds.), Natural Grasslands. Introduction and Western Hemisphere. Amsterdam, The Netherlands: Elsevier. Pp. 367-407.
- Spitz, F. (1999). *Sus scrofa*. En: Mitchell-Jones A. J., Amori G., Bogdanowicz W., Kryštufek B., Reijnders P. J. H, Spitzenberger F., Stubbe M., Thissen J. B. M.,

- Vohralík V., Zima J. (eds). The Atlas of European Mammals, Academic Press, London, UK. Pp. 239-249.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. (2013). MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12): 2725-2729.
- Tejerina, E. R. (2017). Situación de las razas locales y desarrollo sustentable. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste. <https://ppryc.files.wordpress.com/2017/08/clase-2-situacion-de-las-razas-locales-tejerina.pdf> Accedido el 23 marzo del 2022.
- Tricart, J. (1973). Geomorfología de la pampa Deprimida. Colección Científica XII. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Buenos Aires. 202pp.
- UNESCO. (2021). UNESCO. Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura <http://www.unesco.org/new/es/culture> Accedido el 15 de diciembre del 2021.
- Ursing, B. M., Arnason U. (1998). The Complete Mitochondrial DNA Sequence of the Pig (*Sus scrofa*). *Journal of molecular Evolution*, 47: 302-306.
- Vega Pla, J. L., Martínez, A. M., Peinado, B., Poto, A., Delgado, J. V. (2004). Empleo de técnicas moleculares en el apoyo a la conservación del cerdo Chato Murciano. *Archivos latinoamericanos de producción animal*, 12(1): 45-48.
- Vervoost, F. (1967). Las comunidades vegetales de la Depresión del Salado (Provincia de Buenos Aires). La vegetación de la República Argentina. Serie Fitogeografía 7. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Buenos Aires. 262 pp.
- van Asch, B., Pereira, F., Santos, L. S., Carneiro, J., Santos, N., Amorim, A. (2012). Mitochondrial lineages reveal intense gene flow between Iberian wild boars and South Iberian pig breeds. *Animal genetics*, 43(1): 35-41.
- Vázquez, P., Rojas, M., Burges, J. (2008). Caracterización y tendencia de la ganadería bovina en la Cuenca del Salado. *Veterinaria Argentina*, 248(25): 572-584.
- Vengust, G., Valencak, Z., Bidovec, A. (2006). A serological survey of selected pathogens in wild boar in Slovenia. *Journal of Veterinary Medicine Series B*, 53:24-7.
- Vera, R. (1897). La Colonia de Magallanes i Tierra del Fuego (1843-1897). Imprenta de La Gaceta, Santiago. 505pp.

- VerCauteren, K. C., Beasley, J. C., Ditchkoff, S. S., Mayer, J. J., Roloff, G. J., Strickland, B. K. (2019). Invasive wild pigs in North America: ecology, impacts, and management. CRC Press. 99pp.
- Vicente, A. A., Carolino, M. I., Sousa, M. C. O., Ginja, C. Silva, F. S., Martínez, A. M., Vega Pla, J. L., Carolino, N. Gama, L. T. (2008). Genetic diversity in native and commercial breeds of pigs in Portugal assessed by microsatellites. *Journal of Animal Science*, 86: 2496–2507.
- Villarino, B. (1783). Diario del piloto de la Real Armada Don Basilio Villarino del reconocimiento que hizo del río Negro en la costa oriental de Patagonia el año de 1782. Imprenta del Estado. Colección de Obras y Documentos relativos a la Historia Antigua y Moderna de las Provincias del Río de la Plata, Buenos Aires, Argentina. 1138pp.
- Volpato, G. (2004). Una aproximación a la valoración del humedal de Bahía de Samborombón. *FACES*, 10(19): 105-116.
- Waithman, J. D., Sweitzer, R. A., Van Vuren, D., Drew, J. D., Brinkhaus, A. J., Gardner, I. A., Boyce, W. M. (1999). Range expansion, population sizes, and management of wild pigs in California. *The Journal of wildlife management*, 298-308.
- Watanobe, T., Ishiguro, N., Nakano, M. (2003). Phylogeography and population structure of the Japanese wild boar *Sus scrofa leucomystax*: mitochondrial DNA variation. *Zoological science*, 20(12): 1477-1489.
- Wernicke, E. (1938). Rutas y Etapas de la Introducción de los Animales Domésticos en las Tierras Americanas. *Anales de la Sociedad Argentina de Estudios Geográficos*, 6: 77–83.
- Werle, E., Schneider, C., Renner, M., Völker, M., Fiehn, W. (1994). Convenient single-step, one tube purification of PCR products for direct sequencing. *Nucleic Acids Research*, 22: 4354-4355.
- Williamson, M. (1996). Biological invasions. Chapman and Hall, USA COX GW. 2004. Alien species and evolution: The evolutionary ecology of exotic plants, animals, microbes, and interacting native species. Island Press, USA. 244pp.
- Wright, S. (1951). The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*, 15: 323-354.

- Wilson, D. E., Reeder, D. M. (2005). Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference (3rd edition). 142pp.
- Zadik, B. J. (2005). The Iberian Pig in Spain and the Americas at the Time of Columbus. Tesis doctoral en la Universidad de California, Berkeley, Estados Unidos.
- Zinovieva, N. A., Kostyunina, O. V., Ekonomov, A. V., Shevnina, M. S., Doms kij, I. A., Gladyr, E. A., Brem, G. (2013). Polymorphism of genes associated with the quantitative trait *loci* in wild boar (*Sus scrofa* L., 1758) in Russia. *Agricultural Biology*, 2: 77-82.

7. ANEXOS

ANEXO I. Disposición del proyecto piloto para el control de los cerdos silvestres en la región de Bahía Samborombón en 2019. A continuación, se adjunta la disposición y los anexos correspondientes (1, 1A, 1B, 1C, 1D; y 2).



GOBIERNO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

2019 - Año del centenario del nacimiento de Eva María Duarte de Perón

Disposición

Número: DI-2019-3-GDEBA-DPRNYOATOPDS

LA PLATA, BUENOS AIRES

Viernes 26 de Abril de 2019

Referencia: Disposición: Proyecto piloto para el control del cerdo silvestre

VISTO el expediente 2145-12341/16, Las Leyes N° 10.907, N° 11.689, N° 11.723, N° 12.016, N° 14.989,
los Decretos N° 242/18, N° 279/18, y

CONSIDERANDO:

Que es responsabilidad del Estado de la provincia de Buenos Aires velar por la preservación del medio ambiente bonaerense;

Que la Ley N° 10.907 determina que debe entenderse como reservas naturales las que por definición o imperativo legal, se substraen de la libre intervención humana, a fin de garantizar su existencia a perpetuidad de uno o más elementos naturales o la naturaleza en su conjunto, siendo este Organismo la autoridad de aplicación de dicha norma legal en virtud de lo establecido en su artículo 15, texto según Ley N° 13.757;

Que el artículo 2° de la Ley N° 10.907 establece que “En virtud del interés público, el Poder Ejecutivo velará por la integridad, defensa y mantenimiento de los ambientes naturales y sus recursos. Dispondrá medidas de protección, conservación, administración y uso de dichos ambientes y sus partes”;

Que la Ley N° 14.989, designa al Organismo Provincial para el Desarrollo Sostenible (OPDS) como

autoridad de aplicación en materia ambiental en su carácter de entidad autárquica de derecho público, en la órbita de la Jefatura de Gabinete de Ministros, otorgando entre otras, la misión de intervenir en la conservación, protección y recuperación de las áreas protegidas, y de la fauna silvestre, del uso racional y recuperación de suelos, de protección y preservación de la biodiversidad, diseñando e implementando políticas a esos fines;

Que el Venado de las Pampas (*Ozotoceros bezoarticus celer*) es considerado el cérvido más amenazado de la República Argentina, siendo el único cérvido autóctono presente en la Bahía Samborombón y que ha sido incluido en la lista de especies en peligro de extinción En Peligro (E) para la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) y en el apéndice I de la Convención Internacional para el Tráfico de Especies Silvestres de Flora y Fauna (CITES), de la cual Argentina es uno de los países firmantes (ratificada mediante Ley N° 22.344) todo lo cual demuestra un esfuerzo internacional para su protección y conservación;

Que el Venado de las Pampas, constituye una valiosa especie autóctona, siendo hasta fines del siglo XIX como uno de los animales más típicos y abundantes de la provincia, y ha sido declarado Monumento Natural Provincial por la Ley N° 11.689, reglamentada por el Decreto N° 2846/97;

Que organismos nacionales e internacionales tales como la Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable de la Nación (SAyDS), la Universidad de Buenos Aires (UBA), la Universidad Nacional de La Plata (UNLP), la Fundación Vida Silvestre Argentina (FVS), Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA), el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) entre otros han formulado recomendaciones para su protección;

Que el artículo 2° de la reglamentación aprobada como Anexo por Decreto N° 2846/97, Reglamentario de la Ley N° 11.689, declara una amplia zona de veda total y permanente para la caza del Venado de las Pampas;

Que la Ley N° 12.016 establece una amplia zona de protección sobre territorios de dominio privado, bajo la figura de Refugio de Vida Silvestre, dentro del marco establecido por el Artículo 10 inc. e) de la Ley N° 10.907, constituyendo una amplia zona del territorio provincial donde se veda de manera total la caza, conformando un gran corredor de biodiversidad;

Que en la zona existe una Especie Exótica Invasora (EEI), denominada Jabalí Europeo o Cerdo silvestre (*Sus scrofa*) que constituye una seria amenaza para el Venado de las Pampas. La mencionada EEI, es una de las principales causas de retracción poblacional del Venado de las Pampas, desplazando al mismo de sus hábitats naturales; generando, además, un aumento en las pérdidas económicas en la producción agrícola y ganadera de la región;

Que existe información científica de índole poblacional y de carácter sanitario que ponen de manifiesto la problemática existente y los potenciales riesgos para la salud y la conservación de la biodiversidad (Merino *et al* 2003; Pérez Carusi *et al* 2009; Petrakovsky *et al* 2013, Paes *et al* 2013, Carpinetti *et al* 2014; Carpinetti *et al* 2016, entre otros);

Que el Cerdo silvestre, es una Especie Exótica Invasora (EEI) incluida en la Estrategia Nacional sobre Especies Exóticas Invasoras de Argentina, (ENEI) coordinada por Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sustentable de la Nación (MAyDS);

Que por Resolución N° 4172/16, el Director Ejecutivo de este Organismo Provincial resolvió declarar al Cerdo Silvestre, como Especie Exótica Invasora (EEI) dentro de las áreas que conforman el Sistema de Áreas Naturales Protegidas de la Provincia de Buenos Aires, declaradas en el marco de la Ley N° 10.907 ya su vez encomendó a la Dirección de Áreas Naturales Protegidas formular Programas de Control Poblacional de la especie para aquellas reservas que presenten la problemática detallada ut supra;

Que el Decreto N° 279/18 lista y categoriza a las especies susceptibles de caza en el ámbito de la provincia de Buenos Aires, de acuerdo a lo establecido por el Código Rural (Ley N° 10.081), incluyendo al Jabalí europeo, (*Sus scrofa*) en las categorías de Especie Plaga y Caza Comercial;

Que recientemente el Ministerio de Agroindustria autorizó mediante la Resolución N° 152/18 y la Resolución N° 952/18, la caza plaguicida en los partidos de Patagones y Tordillo respectivamente;

Que han tomado intervención Asesoría General de Gobierno; Que la presente medida se dicta en uso de las facultades conferidas por la Ley N° 14.989 y el Decreto N° 242/18;

Por ello;

EL DIRECTOR PROVINCIAL DE RECURSOS NATURALES Y
ORDENAMIENTO AMBIENTAL TERRITORIAL DEL
ORGANISMO PROVINCIAL PARA EL DESARROLLO
SOSTENIBLE DISPONE

ARTÍCULO 1°. Aprobar el “Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo Silvestre en el Ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016” que se desarrollará en la forma establecida en los Anexos 1, 1A, 1B, 1C y 1D (IF2019-10443765-GDEBA-DPRNYOATOPDS) y Anexo 2 (IF-2019-10444490-GDEBA-DPRNYOATOPDS) que integran la presente.

ARTÍCULO 2°. Autorizar al personal de la Dirección de Áreas Naturales Protegidas (DANP) a realizar actividades de control poblacional sostenido de Jabalí Europeo o Cerdo silvestre (*Sus scrofa*), en el ámbito del territorio contenido dentro del Sistema de Áreas Naturales Protegidas de la provincia de Buenos Aires de acuerdo a la Ley N° 10.907.

ARTÍCULO 3°. Designar al Dr. Bruno Carpinetti, como Coordinador Técnico del “Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo Silvestre en el Ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016”, cuyas funciones son detalladas en el Anexo 2.

ARTÍCULO 4°. Designar al Guardaparque Gabriel Castresana como Coordinador Operativo de “Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo Silvestre en el Ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016”, cuyas funciones son detalladas en el Anexo 2.

ARTÍCULO 5°. La Dirección de Áreas Naturales Protegidas realizará la evaluaciones mediante estudios biológicos y ecológicos poblacionales siguiendo una metodología de monitoreo, evaluando el alcance de la intervención sobre la población de la especie exótica invasora en cuestión pudiendo discontinuarlo si existieren razones de índole técnica que así lo indicasen.

ARTÍCULO 6°. La Dirección Provincial de Recursos Naturales y Ordenamiento Ambiental Territorial, dictará las capacitaciones correspondientes referidas a las acciones de control de las poblaciones bajo el desarrollo de buenas prácticas ambientales.

ARTÍCULO 7°. Crear en el ámbito de la Dirección de Áreas Naturales Protegidas, el Registro de Controladores Poblacionales de Cerdos Silvestres.

ARTÍCULO 8°. Registrar, comunicar, notificar al Ministerio de Agroindustria, al SENASA y a la Dirección de Áreas Naturales Protegidas y al personal del Servicio de Guardaparques Provinciales, dar al Boletín Oficial. Cumplido, archivar.

Digitally signed by YASKY Marcelo Date: 2019.04.26 12:48:27 ART

Location: Provincia de Buenos Aires

Marcelo Yasky Director Provincial

Dirección Provincial de Recursos Naturales y Ordenamiento Ambiental Territorial
Organismo Provincial para el Desarrollo Sostenible



GOBIERNO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

2019 - Año del centenario del nacimiento de Eva María Duarte de Perón

Informe

Número: IF-2019-10443765-GDEBA-DPRNYOATOPDS

LA PLATA, BUENOS AIRES

Viernes 26 de Abril de 2019

Referencia: Anexo 1 A -D

ANEXO 1

“Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo silvestre (*Sus scrofa*) en el ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016”

Pautas

Estipular las pautas y formas a cumplimentar, para la autorización de los propietarios de campos y/o arrendatarios, administradores o terceros interesados en llevar adelante control poblacional, dentro del presente Proyecto y accedan en un todo a las condiciones establecidas por este Organismo Provincial para esta experiencia de control.

LUGAR:

Reserva Natural Bahía Samborombón, territorio comprendido en el marco de la Ley N° 12.016.

EJECUCIÓN DEL PRESENTE:

El desarrollo del presente será de manera continua de acuerdo a los informes semestrales de situación que se vayan presentando, la Autoridad de Aplicación se reserva la suspensión del mismo de manera unilateral.

EVALUACIÓN:

La Dirección de Áreas Naturales Protegidas de este Organismo Provincial para el Desarrollo Sostenible, diseñará el sistema de evaluación ex ante y ex post del desarrollo de actividades de control poblacional, que podrá ser monitoreada por los Guardaparques. La información obtenida deberá ser remitida a dicha Dirección, para su posterior análisis y confección de los respectivos informes.

METODOLOGÍA:

Los propietarios y/o arrendatarios, administradores o terceros autorizados por el dueño interesado en realizar el control poblacional deberá solicitar por nota su interés cumplimentando los requisitos contenidos en el, ANEXO 1A.

El Coordinador Técnico del Proyecto, evaluará la documentación presentada y emitirá informe según corresponda de los materiales y métodos a utilizar según la zona geográfica y sus características. Dicho informe será elevado a la Dirección de Áreas Naturales Protegidas La Dirección de Áreas Naturales Protegidas del OPDS autorizará al propietario y/o arrendatarios, administradores o terceros autorizados por el dueño a realizar la actividad de control poblacional, siendo este último, el responsable de tramitar ante las autoridades correspondientes las guías, permisos y los seguros de vida correspondientes.

El control poblacional será llevado a cabo por Controladores Poblacionales de Cerdos Silvestres, quienes recibirán capacitación brindada por parte del personal de la Dirección Provincial de Recursos Naturales y Ordenamiento Ambiental Territorial de acuerdo al Artículo 6° de la presente Disposición.

El plazo de vigencia para esta experiencia piloto para cada propietario será de un (1) año a partir de la autorización otorgada, pudiendo ser renovado por periodos similares, de manera automática, previo informe del responsable Técnico del Proyecto. A los efectos de la presente, la Dirección de Áreas Naturales Protegidas podrá disponer de personal propio para encomendar la tarea de Veedores quienes estarán autorizados a acompañar en tal carácter las actividades de control poblacional. Sus funciones se establecerán en el ANEXO 2.

Las actividades de control, podrán ser fiscalizadas por el Servicio de Guardaparques y/o Veedores pertenecientes a la Dirección de Áreas Naturales Protegidas (DANP). Los Guardaparques y/o Veedores, de la DANP podrán efectuar toma de datos de los ejemplares producto del control poblacional. Los predios que estén autorizados, podrán ser inspeccionados sin previo aviso por personal de la Dirección de Áreas Naturales Protegidas. Para realizar el control poblacional, el propietario deberá dar aviso de la misma al Coordinador Operativo del Proyecto con al menos 72 horas de anticipación a la actividad de control poblacional, con el fin de coordinar la fiscalización. El propietario que tenga la intención de controlar la población de Cerdo silvestre en su predio, podrá solicitar la presencia del Servicio de Guardaparques quienes podrán realizar control circunstancial, si la capacidad operativa así lo permitiera. Por cada partida de control poblacional, el propietario deberá completar una PLANILLA DE CONTROLADORES POBLACIONALES DE CERDOS SILVESTRES, (ANEXO 1B, y 1 D), la cual será suministrada por la Dirección de Áreas Naturales Protegidas. El propietario deberá entregar al Coordinador Operativo del Proyecto quien elevará a la Dirección de Áreas Naturales Protegidas un Acta con carácter de Declaración Jurada, previa a la autorización de la actividad de control, ANEXO 1C.

Pautas para el desarrollo del Control Poblacional:

Todos los participantes del control poblacional (Guardaparques y Controladores Poblacionales De Cerdos Silvestres) deberán cumplimentar de manera obligatoria las capacitaciones que a tal fin brindará la Dirección Provincial de Recursos Naturales y Ordenamiento Ambiental Territorial. Una vez realizada la capacitación correspondiente y habiendo cumplimentado los requisitos de los anexos que forman parte de la presente, los controladores serán autorizados mediante un Acto Administrativo de la Dirección de Áreas Naturales Protegidas, siendo incorporados al Registro de Controladores Poblacionales que a tal fin se crea.

Los participantes no deberán estar en mora o ser reincidentes respecto de las infracciones a la Ley N° 10.907, Para los casos en que sea necesario el sacrificio de animales, el mismo deberá llevarse a cabo cumpliendo con los parámetros internacionales descriptos en las **DIRECTRICES DE LA SOCIEDAD AMERICANA DE MASTOZOLOGIA PARA EL USO DE MAMÍFEROS SALVAJES EN INVESTIGACIÓN** (ref: *"GUIDELINES OF THE AMERICAN SOCIETY OF MAMMALOGISTS FOR THE USE OF WILD MAMMALS IN RESEARCH (WILLIAM L. GANNON, * ROBERT S. SIKES, AND THE ANIMAL CARE AND USE COMMITTEE OF THE AMERICAN SOCIETY OF MAMMALOGISTS)*).

El producto del control poblacional, podrá, comercializarse siguiendo las pautas que a tal fin establezcan las autoridades Provinciales y Nacionales comerciales en lo relacionado con la salubridad, inscripciones comerciales, administrativas, etc., debiendo el interesado tramitar ante cada repartición las autorizaciones correspondientes.

La manipulación de los productos que se pudieran obtener como parte del control, deberán observar en todo momento el cumplimiento de normas de bioseguridad vigentes. Se evitará siempre que las condiciones del ambiente así lo permitan, dejar restos de animales controlados en el campo. Todos los terceros interesados en participar del presente deberán contar con una cobertura de seguros de vida vigente al momento del inicio de la actividad. La no presentación de esta conllevará a la no prosecución del trámite.

ANEXO 1A

"Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo Silvestre en el Ámbito de la Reserva

Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016”

DATOS DEL INTERESADO

Establecimiento:

Apellido y nombres del Propietario:

Teléfono (fijo y celular, consignar característica telefónica):

e-mail:

Ubicación del establecimiento:

Superficie del establecimiento:

Superficie destinada al control:

En caso que el propietario delegue el control en un administrador, arrendatario o tercero, deberá expresarlo en esta nómina, detallando todos sus datos personales.

ANEXO 1B

“Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo Silvestre en el Ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016”

A completar una por cada integrante

Fecha:

Establecimiento:

Hora de inicio de actividad:..... Hora de finalizada la actividad:

Apellido y nombres del Guardaparque / Veedor:.....

Firma:

Controladores Poblacionales de Cerdo Silvestre.

Apellido:.....

Nombres:.....

DNI:.....

Función:.....

Nº de licencia de caza:.....

Firma:.....

ANEXO 1C

“Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo Silvestre en el Ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016”

DECLARACIÓN JURADA

Fecha:/...../.....

Organismo Provincial para el Desarrollo Sostenible

Dirección de Áreas Naturales Protegidas

Provincia de Buenos Aires

El que suscribe,, con DNI / LE /CI

.....,CUIT..... como propietario del establecimiento

..... Sitio en

..... del Partido de

....., Provincia de Buenos Aires, manifiesta el conocimiento, aceptación y cumplimiento de los puntos que se detallan:

1. Dar cumplimiento a la Ley N° 10.907 y modificatorias y el Decreto Reglamentario N° 218/94 en lo que pudiera corresponder, así como las directivas del personal de este Organismo encargados del manejo de las Áreas Naturales Protegidas de la provincia de Buenos Aires.
 2. Podrá ser acompañado por un Guardaparque o Veedor en las partidas de Control Poblacional, el que podrá efectuar extracción de muestras y toma de datos.
 3. Al cabo de diez (10) partidas, la Dirección de Áreas Naturales Protegidas podrá evaluar los resultados e impactos, a efectos de determinar la viabilidad o no de continuar con la actividad.
 4. Plazo de vigencia de la autorización un (1) año a partir de la autorización otorgada, pudiendo ser renovado por períodos similares, de manera automática, previo informe del responsable Técnico del Proyecto.
 5. La publicación científica o de divulgación técnica, en relación a la experiencia de la actividad de control, podrá ser autorizada solamente por la autoridad de aplicación.
- Asimismo, declaro que las capturas de mamíferos exóticos invasores se realizarán exclusivamente en el sector conocido como:
- perteneciente/s al establecimiento citado en esta misma Declaración Jurada.
-
- Firma y aclaración.

ANEXO 1D

“Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo Silvestre en el Ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Ley 12.016”

Ejemplares

Fecha: / /

Establecimiento:

Hora de inicio / Finalización de la actividad de Control (de 00:00 a 23:59):

Número de Controladores de Cerdo silvestre:

Apellido y Nombres del Guardaparques o Veedor:

Apellido y Nombres del responsable de la partida de Control Poblacional:

Planilla N°: Número total de planillas:

IMPORTANTE: Completar el siguiente cuadro con la cantidad de ejemplares obtenidos para cada categoría de edad en la salida de Control poblacional.

	ADULTO	ADULTO		JUVENIL		LECHÓN	LECHÓN	
	Macho	Hembra		Macho	Hembra	Macho	Hembra	Total
Cantidad								

Digitally signed by YASKY Marcelo Date: 2019.04.26 12:48:27 ART

Location: Provincia de Buenos Aires

Marcelo Yasky Director Provincial

Dirección Provincial de Recursos Naturales y Ordenamiento Ambiental Territorial

Organismo Provincial para el Desarrollo Sostenible



GOBIERNO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

2019 - Año del centenario del nacimiento de Eva María Duarte de Perón

Informe

Número: IF-2019-10444490-GDEBA-DPRNYOATOPDS

LA PLATA, BUENOS AIRES

Viernes 26 de Abril de 2019

Referencia: Anexo 2

ANEXO 2

“Proyecto Piloto para el Control de las Poblaciones de Cerdo Silvestre (*Sus scrofa*) en el Ámbito de la Reserva Natural Bahía Samborombón”, Ley 12.016.

Funciones del Coordinador Técnico del Proyecto,

Serán funciones del Coordinador Técnico:

1. Evaluar la documentación presentada y emitir informes según corresponda, de los métodos a utilizar según la zona geográfica y sus características. Dicho informe será elevado a la Dirección de Áreas Naturales Protegidas.
2. Evaluar los pedidos de renovación de los proyectos emitiendo informes a tal fin.
3. Participar de las acciones de control evaluando el desarrollo de las mismas.
4. Coordinar y representar a la Dirección en las reuniones relativas a la evaluación del proyecto y todo lo relacionado con la temática de invasiones biológicas en el ámbito de la Bahía Samborombón.
5. Publicar datos totales y parciales del Proyecto Piloto.

Funciones del Coordinador Operativo del Proyecto,

Serán funciones del Coordinador Operativo:

1. Recepcionar y coordinar las acciones control poblacional.
2. Fiscalizar el desarrollo de las acciones de control poblacional.
3. Relevar y tomar datos de los productos obtenidos durante el control.
4. Emitir las actas correspondientes a cada salida de control.
5. Visitar, relevar los establecimientos involucrados.
6. Coordinar las tareas de control circunstancial cuando algún propietario así lo solicitare.

Digitally signed by YASKY Marcelo Date: 2019.04.26 12:48:27 ART

Location: Provincia de Buenos Aires

Marcelo Yasky Director Provincial

Dirección Provincial de Recursos Naturales y Ordenamiento Ambiental Territorial

Organismo Provincial para el Desarrollo Sostenible

ANEXO II. Protocolo de extracción de ADN genómico a partir de una muestra de tejido. Modificado de Sambrook y Russell (2006).

Extracción de DNA genómico – Protocolo con Fenol-Cloroformo

Todo material a utilizar deberá ser previamente esterilizado.

1. Añadir 600 µl de tampón de lisis LCE^a en un microtubo de 1,5ml previamente identificado.
2. Colocar aproximadamente 20mg de tejido y disgregarlo adentro del tubo.
3. Añadir 11µl de Proteinasa K (10mg/ml).
4. Invertir los tubos cuidadosamente para homogeneizar.
5. Colocar en baño maría a 37°C *overnight* (invertir los tubos eventualmente para homogeneizar).
6. Añadir 1 volumen de fenol tamponado (600µl). Invertir varias veces el tubo delicadamente para homogeneizar.
7. Centrifugar por 12 minutos a 10.000 rpm.
8. Transferir el sobrenadante a un tubo nuevo previamente rotulado, sin pipetear el pellet.
9. Añadir un Volumen de Clorofane^b. Invertir varias veces el tubo delicadamente para homogeneizar.
10. Centrifugar por 12 minutos a 10.000 rpm.
11. Transferir el sobrenadante a un tubo nuevo previamente rotulado.
12. Añadir un volumen de Clorofil^c.
13. Centrifugar durante 12 minutos a 10.000 rpm.
14. Transferir el sobrenadante a un tubo nuevo previamente rotulado, cuantificando el volumen final obtenido.
15. Añadir:
 - i. 10% de volumen de NaCl 5M.
 - ii. 2 veces el volumen de Etanol absoluto frío.
16. Invertir gentilmente el tubo y mantener a -20°C *overnight*.
17. Centrifugar por 15 minutos a 10.000 rpm.
18. Descartar el sobrenadante, invirtiendo el tubo con cuidado para no despegar el pellet.
19. Lavar el pellet 3 veces con etanol 70%
 - i. Añadir 500µl de etanol 70% frío.
 - ii. Centrifugar por 5 minutos a 10.000 rpm.
 - iii. Remover el sobrenadante.
20. Secar el pellet en la estufa a 60°C y eluir en 50-100 µl de TE^d de acuerdo al tamaño del pellet observado.

^a Compuesto por TRIS-HCL 50 mM, EDTA 10 mM, NaCl 200 mM, SDS 1%, β -mercapto etanol 1%, agua destilada.

^b Compuesto por 1 Clorofil: 1 Fenol.

^c Compuesto por 24 Cloroformo: 1 Alcohol Isoamílico.

^d Compuesto por TRIS-HCL 10 mM, EDTA 1 mM, agua destilada.

ANEXO III. Muestras analizadas en este estudio para cada marcador molecular (RC, AmelY, STR's, MC1R, NR6A1, RYR1). Se indica el ID interno de cada muestra con su respectiva localidad y se remarcan con una X los ejemplares analizados.

ID INTERNO	LOCALIDAD, PROVINCIA	RC	AmelY	STR's	MC1R	NR6A1	RYR1
68	Gral. Madariaga, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
65	Las Flores, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
55	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
56	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	-
57	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	-
58	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	-
62	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	-
63	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	-
64	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	X
69	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
70	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
71	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
72	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
73	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	X	X
74	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
75	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
81	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
82	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
83	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
84	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
2902	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	-
2903	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	-
2904	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	X
2905	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	X
2906	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	X
2907	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	X
2908	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
2909	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
2910	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	X
2911	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-

2912	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
2913	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
100	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
101	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
102	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	X	X
103	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	X	X
104	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
139	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
140	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
141	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	-	-	X
142	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
145	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
147	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	X	X
148	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
150	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
152	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
153	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
154	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	X	X
47	Cárcel de Magdalena, Buenos Aires	X	X	-	-	-	X
48	Ea. "El 12", Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
2303	Ea. "La Porteña", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
2304	Ea. "La Porteña", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
2305	Ea. "La Porteña", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
143	Gral. Madariaga, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
144	Gral. Madariaga, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
2804	Magdalena, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
250	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
251	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
252	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
253	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
254	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
255	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
256	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
257	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
44	Maruchas, Río Corrientes, Corrientes	X	X	X	-	-	-
45	Maruchas, Río Corrientes, Corrientes	X	-	-	-	-	-

46	Maruchas, Río Corrientes, Corrientes	X	-	X	-	-	-
146	Paraje Pavón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
149	Paraje Pavón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
151	Paraje Pavón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
340	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
341	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
342	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
343	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
344	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
345	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
346	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	X	-
347	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
348	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
349	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	X	-	-	-	-	-
350	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	-	-	-	-	-	-
351	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	-	-	-	-	-	-
352	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	-	-	-	-	-	-
353	Establ. Griffin, Verónica, Bahía Samborombón	-	X	-	-	-	-
354	Loma Alta, Corrientes	X	X	X	-	-	-
355	Loma Alta, Corrientes	X	X	X	-	-	-
356	Loma Alta, Corrientes	X	X	-	-	-	-
357	Loma Alta, Corrientes	X	X	-	-	-	-
358	Loma Alta, Corrientes	X	X	X	-	-	-
359	Loma Alta, Corrientes	X	-	-	-	-	-
396	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
397	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
398	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
399	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
400	Gral. Madariaga, Buenos Aires	X	-	-	-	-	X
401	Gral. Madariaga, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
402	Gral. Madariaga, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
403	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
404	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
405	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
406	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
407	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-

408	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	-
409	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	-
410	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
411	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
412	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
413	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
414	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
415	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
416	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
417	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
601	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
602	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	-
603	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
604	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	X	X	X	X
605	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
606	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
1106	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	-	-	-	-
1107	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	X	-	-	-
1108	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	-	-	-	-
1109	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	X	-	-	-
1110	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1111	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1112	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	X	-	-	-
1113	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	-	-	-	-
1114	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1115	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1116	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1117	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1118	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1119	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1120	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	X	-	-	-
1121	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	X	-	-	-
1122	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	-	-	-	-
1123	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1124	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1125	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-

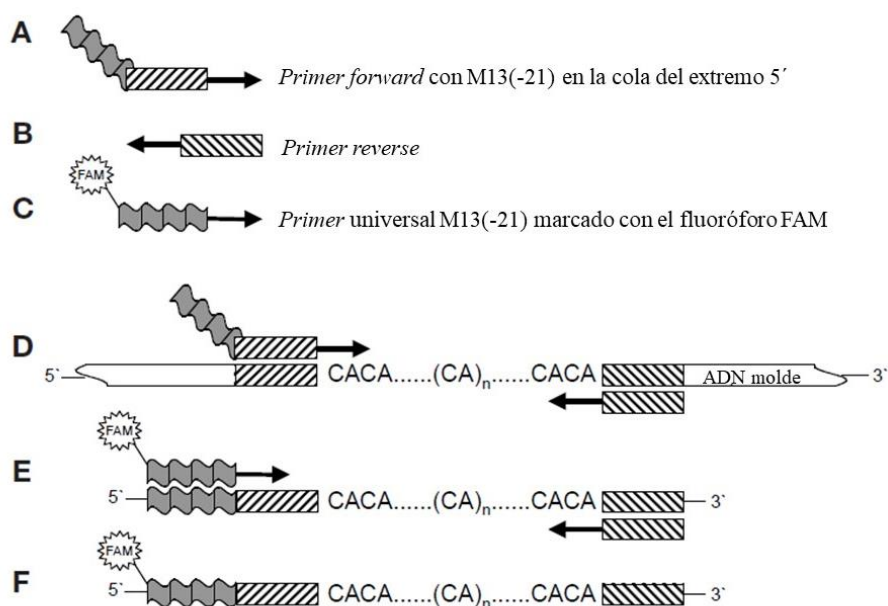
1126	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	-	-	-	-
1127	Rincón del Socorro, Corrientes	X	-	-	-	-	-
1128	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	X	-	-	-
1129	Rincón del Socorro, Corrientes	X	X	X	-	-	-
623	Beladrich, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
624	Chivilcoy, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
625	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
626	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	X	X	X	X
627	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
628	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	X	X	X	-
634	Villa Rio Bermejito, Chaco	-	-	-	X	X	-
635	Villa Rio Bermejito, Chaco	X	-	-	X	X	-
791	Balcarce, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
792	Boca Arroyo Espinillo- Atalaya, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
793	Ea. "El Destino", Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
794	Ea. "San Isidro", Buenos Aires	X	-	X	X	X	X
816	Ruta 11, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
817	Verónica, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	X	X	X
818	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
819	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
820	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
821	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
822	Reserva Natural Laguna Salada Grande, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
823	Reserva Natural Laguna Salada Grande, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
860	Ea. "La Polaca", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
861	Ea. "Las Colinas", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
862	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
863	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
864	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
865	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
866	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
867	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
868	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-

869	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
870	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
871	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
872	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
873	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
874	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
875	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
876	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	X	-	X
877	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
878	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
879	Ea. "Don Miguel", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
880	Ea. "El Principio", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
881	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	X	X	-
882	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	X	X	-
883	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
884	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
885	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
886	Ea. "Dos de Abril", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	X	X	X	X
887	Ea. "Santa Lucía", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
888	Ea. "Dos de Abril", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
913	Río Arrecifes, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
914	Río Arrecifes, Buenos Aires	X	X	-	-	-	-
915	Pichincha, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
916	Pichincha, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
917	Santa Regina, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
918	Santiago del Estero	-	-	-	-	-	-
919	Ea. "El Pancho", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
920	Ea. "Las Colinas", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
921	Ea. "Don Miguel", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
922	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
923	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	X	X	X	X
924	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
925	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
926	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
927	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
928	Ea. "La Polaca", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-

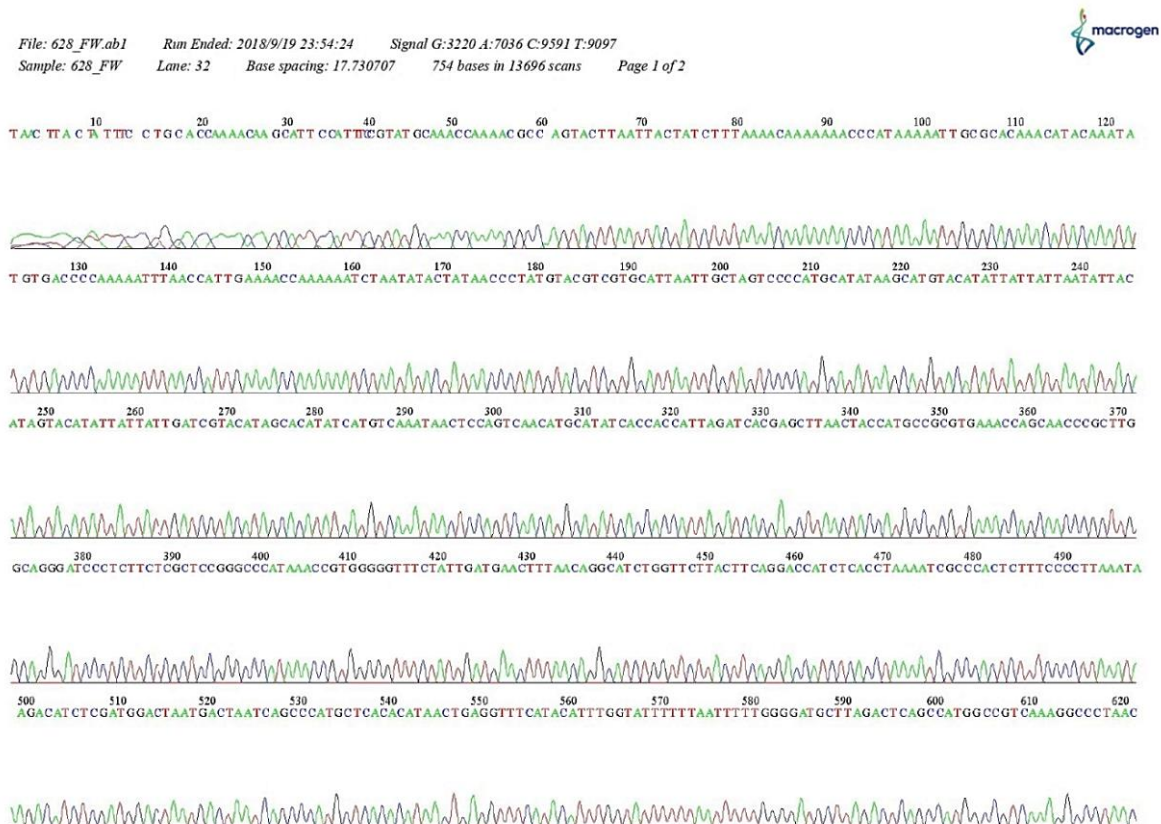
929	Ea. "Ensenada de San Martín", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
930	Ea. "Ensenada de San Martín", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
931	Pichincha, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
932	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
933	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
934	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
935	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	X
936	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
937	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
938	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
939	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
940	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
941	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
942	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	X
943	Ea. "El Bagual", Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
944	Ea. "El Santuario"	X	-	-	-	-	X
945	Boca Arroyo Espinillo, Buenos Aires	X	-	X	X	X	X
1130	Cerrito, Corrientes	-	-	-	-	-	-
1131	Mar Chiquita, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
1132	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
1133	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
1134	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
1135	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
1136	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
1137	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	-
1138	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
1139	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
1140	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
1141	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
1142	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	X	X
1143	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	X	X	X	-

1144	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	X	X	X	-
1145	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	X	X	-
1146	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	X	X	X
1147	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	-
1148	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
1149	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	-	-	-
1150	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	-	X	X	-
1151	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	-	-	X	X	X
1152	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	-	-	-	-
1153	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	X	X	X	X	X	X
TOTAL		193	72	34	114	117	108

ANEXO IV. Esquema de la incorporación de la marca fluorescente 6-FAM a los amplicones de microsatélites mediante PCR (modificada de Schuelke, 2000). Los rectángulos con rayas representan los *primers* específicos del *locus* de microsatélite, mientras que las cajas grises muestran los *primers* del M13(-21), donde aquellos que no están unidos al *primer* del *locus* microsatélite, tienen la marca fluorescente 6-FAM en el extremo 5'. (A) *Primer forward* específico del *locus* de microsatélite junto a la secuencia del *primer forward* del M13; (B) *Primer reverse* del microsatélite específico; (C) *Primer* M13(-21) marcado en su extremo 5' con 6-FAM; (D) En los primeros 30 ciclos de amplificación por PCR, el *primer forward* del microsatélite con el M13 unido es incorporado dentro de los productos de PCR; (E) Estos productos después son target del *primer* universal M13(-21) marcado con 6-FAM, y es incorporado durante los últimos 8 ciclos; (F) Amplicón final marcado con fluoróforo 6-FAM para ser analizado mediante un sistema de detección láser por electroforesis capilar.



ANEXO V. Cromatograma producto de una secuenciación estándar para el marcador molecular RC brindado por la empresa MacroGen® (Corea del Sur). En la parte superior se puede observar los datos más relevantes como ser: el número de muestra (ID: 628), la fecha que se realizó la secuenciación, el número de pares de bases detectados (754); mientras que en la parte inferior se visualiza el cromatograma propiamente dicho, en donde cada pico con su respectivo color corresponde a un nucleótido (A: verde, T: rojo; G: negro y C: azul) y la altura de éstos a la probabilidad de dicha identidad. Finalmente, el conjunto de estos picos ordenados corresponde a la secuencia de ADN del fragmento de interés.



ANEXO VI. Lista de secuencias de este trabajo y de *GenBank* empleadas en el análisis del marcador molecular RC. En la misma se encuentra el ID (tanto el ID interno como el número de acceso a *GenBank*), el origen de la muestra, morfotipo (doméstico, jabalí o C, este último incluye CCC y cimarrones), número de haplotipo que le fue asignado en este estudio con su correspondiente subclado, *cluster* asignado por BAPS y, por último, la cita bibliográfica de las secuencias externas.

Nº DE ACCESO A <i>GENBANK</i>	ID	ORIGEN	MORFOTIPO	HAPLOTIPO	SUBCLADO	BIBLIOGRAFÍA	CLUSTER BAPS
-	624	Buenos Aires, Argentina	C	H1	E1A	Este estudio	-
-	357	Corrientes, Argentina	C	H1	E1A	Este estudio	3
-	358	Corrientes, Argentina	C	H1	E1A	Este estudio	3
-	877	Buenos Aires, Argentina	C	H1	E1A	Este estudio	3
-	625	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	101	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	103	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	104	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	139	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	140	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	141	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	143	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	144	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	147	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	148	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	153	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	154	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	2903	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	2904	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	2905	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	2909	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	2910	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	2912	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	340	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	342	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	343	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	344	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	345	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	346	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	348	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	400	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	402	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	403	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3

-	404	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	405	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	406	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	407	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	408	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	410	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	411	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	414	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	415	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	416	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	417	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	57	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	63	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	70	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	74	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	75	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	82	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	879	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	936	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	-
-	1132	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	932	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
-	84	Buenos Aires, Argentina	C	H2	E1A	Este estudio	3
MH319777	H2	Argentina	Jabalí	H2	E1A	Sagua <i>et al.</i> , 2018	-
AY884763	LDomLargeWhite08 - Large White	Francia	Doméstico	H2	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
-	626	Buenos Aires, Argentina	C	H3	E1A	Este estudio	3
-	627	Buenos Aires, Argentina	C	H3	E1A	Este estudio	3
-	628	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1108	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1112	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	-
-	1113	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1114	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1117	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1118	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1119	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1122	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1124	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1115	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1126	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1127	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	44	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	45	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2

-	601	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	606	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	823	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	874	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	878	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	888	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	923	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	924	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	925	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	926	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	933	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	934	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	938	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	939	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	940	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	941	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	942	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1135	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1111	Corrientes, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1151	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
-	1153	Buenos Aires, Argentina	C	H4	E1C	Este estudio	2
MH319779	H4	Argentina	Jabalí	H4	E1C	Sagua <i>et al.</i> , 2018	-
AY232865	-	-	Doméstico	H4	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
-	1106	Corrientes, Argentina	C	H5	E1C	Este estudio	3
-	1125	Corrientes, Argentina	C	H5	E1C	Este estudio	3
-	1129	Corrientes, Argentina	C	H5	E1C	Este estudio	3
-	1107	Corrientes, Argentina	C	H6	E1C	Este estudio	2
-	1109	Corrientes, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	2
-	1110	Corrientes, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	2
-	1123	Corrientes, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	2
-	936	Buenos Aires, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	3
-	603	Buenos Aires, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	2
-	604	Buenos Aires, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	2
-	605	Buenos Aires, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	2
-	922	Buenos Aires, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	2
-	937	Buenos Aires, Argentina	C	H7	E1C	Este estudio	2
-	1112	Corrientes, Argentina	C	H8	E1C	Este estudio	2
-	1115	Corrientes, Argentina	C	H9	E1C	Este estudio	2
-	1116	Corrientes, Argentina	C	H9	E1C	Este estudio	2
-	1120	Corrientes, Argentina	C	H10	E1C	Este estudio	2
-	1121	Corrientes, Argentina	C	H10	E1C	Este estudio	2

-	1128	Corrientes, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	2913	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	356	Corrientes, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	359	Corrientes, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	47	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	68	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	791	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	792	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	-
-	794	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	913	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	-
-	914	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	-
-	931	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	-
-	944	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	943	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	945	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	1140	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
-	1141	Buenos Aires, Argentina	C	H11	E1A	Este estudio	2
MH319776	H1	Argentina	Jabalí	H11	E1A	Sagua <i>et al.</i> , 2018	-
DQ379031	BK01 – Berkshire	Reino Unido	Doméstico	H11	E1A	Fang y Andersson, 2006	-
AY884783	-	Reino Unido	Doméstico	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884746	LDomDUroc02 – Duroc	Reino Unido	Doméstico	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884754	LDomGermBunte01 - German Bunte	Alemania	Doméstico	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884759	LDomGermBunte01 - German Bunte	Alemania	Doméstico	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AB041489	Wat01PietD – Pietrain	Europa	Doméstico	H11	E1A	Watanobe <i>et al.</i> , 2003	-
AY884766	DomPietrain05 – Pietrain	Francia	Doméstico	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884755	LDomPortBisaro01 - Portugal Bisaro	Portugal	Doméstico	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY232891	B – Basque	Iberia	Doméstico	H11	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY884783	-	Reino Unido	Doméstico	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884758	LDomHampshire02 – Hampshire	Alemania	Doméstico	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY232892	MG - Hungarian Mangalitza	Hungría	Doméstico	H11	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY232867	IB26 - Iberian Blond	Iberia	Doméstico	H11	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY232856	IB15 - Iberian Red	Iberia	Doméstico	H11	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY232891	B – Basque	Iberia	Doméstico	H11	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY884626	-	Alemania	Jabalí	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
DQ379253	SM9	Francia	Jabalí	H11	E1A	Fang y Andersson, 2006	-
AY884679	GI141	Armenia	Jabalí	H11	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
-	145	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	146	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	149	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	2902	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	2906	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3

-	2907	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	2908	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	71	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	72	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	73	Buenos Aires, Argentina	C	H12	E1A	Este estudio	3
-	150	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	152	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	2911	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	347	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	349	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	409	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	413	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	55	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	83	Buenos Aires, Argentina	C	H13	E1A	Este estudio	3
-	151	Buenos Aires, Argentina	C	H14	E1C	Este estudio	2
-	2303	Buenos Aires, Argentina	C	H14	E1C	Este estudio	2
-	2304	Buenos Aires, Argentina	C	H14	E1C	Este estudio	2
-	46	Corrientes, Argentina	C	H14	E1C	Este estudio	2
-	250	Buenos Aires, Argentina	C	H15	A	Este estudio	1
-	251	Buenos Aires, Argentina	C	H15	A	Este estudio	1
-	252	Buenos Aires, Argentina	C	H15	A	Este estudio	1
-	255	Buenos Aires, Argentina	C	H15	A	Este estudio	1
-	256	Buenos Aires, Argentina	C	H15	A	Este estudio	1
-	257	Buenos Aires, Argentina	C	H15	A	Este estudio	1
-	399	Buenos Aires, Argentina	C	H15	A	Este estudio	1
-	253	Buenos Aires, Argentina	C	H16	A	Este estudio	1
-	254	Buenos Aires, Argentina	C	H16	A	Este estudio	1
-	354	Corrientes, Argentina	C	H17	E1A	Este estudio	3
-	355	Corrientes, Argentina	C	H17	E1A	Este estudio	3
-	864	Buenos Aires, Argentina	C	H17	E1A	Este estudio	3
-	886	Buenos Aires, Argentina	C	H17	E1A	Este estudio	3
-	396	Buenos Aires, Argentina	C	H18	A	Este estudio	1
-	397	Buenos Aires, Argentina	C	H18	A	Este estudio	1
-	398	Buenos Aires, Argentina	C	H19	A	Este estudio	1
-	401	Buenos Aires, Argentina	C	H20	E1A	Este estudio	3
-	412	Buenos Aires, Argentina	C	H21	E1A	Este estudio	3
-	56	Buenos Aires, Argentina	C	H22	E1A	Este estudio	4
-	58	Buenos Aires, Argentina	C	H22	E1A	Este estudio	4
-	62	Buenos Aires, Argentina	C	H22	E1A	Este estudio	4
-	64	Buenos Aires, Argentina	C	H22	E1A	Este estudio	4
-	81	Buenos Aires, Argentina	C	H22	E1A	Este estudio	4

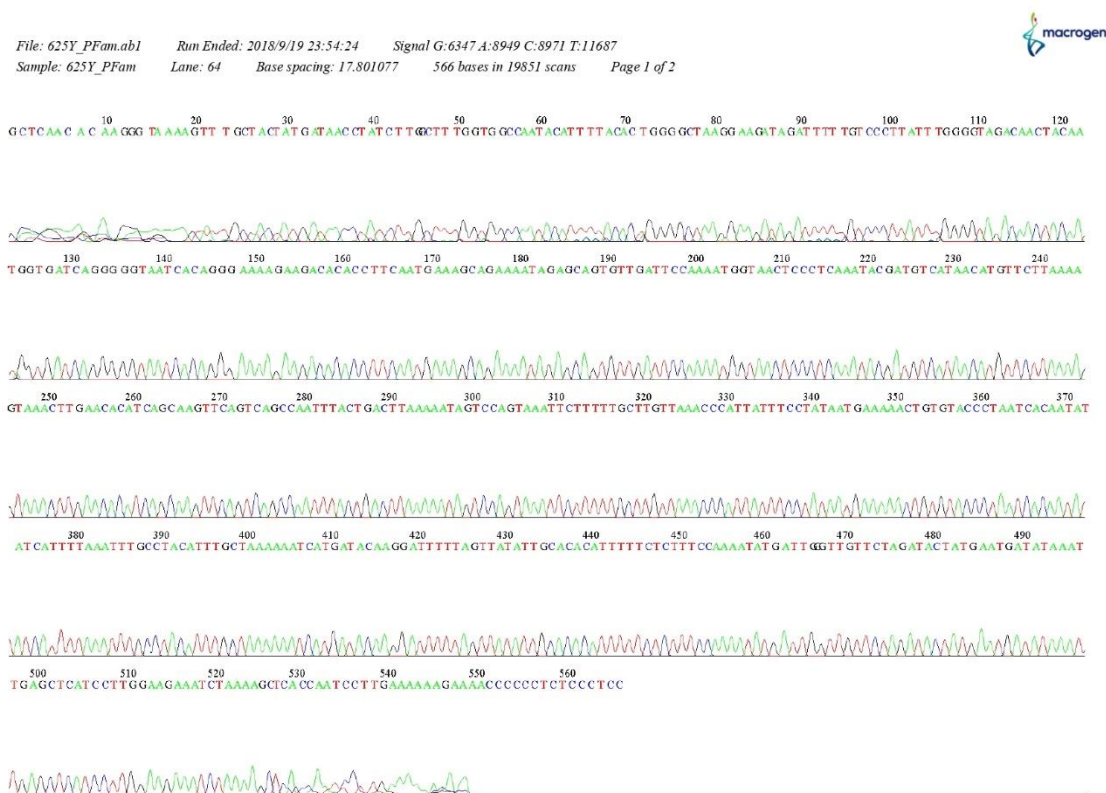
-	602	Buenos Aires, Argentina	C	H23	E1C	Este estudio	2
-	65	Buenos Aires, Argentina	C	H24	E1C	Este estudio	-
MH319780	H5	Argentina	Jabalí	H24	E1C	Sagua et al., 2018	-
HM747216	ALH21 – Bisaro	Portugal	Doméstico	H24	E1C	Alves et al., 2003	-
HM747217	ALH22 – Alentejano	Portugal	Doméstico	H24	E1C	Alves et al., 2003	-
AY884780	-	Reino Unido	Doméstico	H24	E1C	Larson et al., 2005	-
AY884765	DomIberiaBlack - Negro Ibérico	España – Península Ibérica	Doméstico	H24	E1C	Larson et al., 2005	-
DQ379021	LB01-1 - Large Black	Reino Unido	Doméstico	H24	E1C	Fang y Andersson, 2006	-
DQ379019	MW01-1 - Middle White	Reino Unido	Doméstico	H24	E1C	Fang y Andersson, 2006	-
DQ152844	RE01-2 – Retinto	España	Doméstico	H24	E1C	Fang y Andersson, 2006	-
AY232844	IB3 - Black hairless	España	Doméstico	H24	E1C	Alves et al., 2003	-
AY232857	IB16 - Iberian Red	Iberia	Doméstico	H24	E1C	Alves et al., 2003	-
AY884770	DomMidWhite01 - Middle White	Reino Unido	Doméstico	H24	E1C	Larson et al., 2005	-
AY884765	DomIberiaBlack - Negro Ibérico	España – Península Ibérica	Doméstico	H24	E1C	Larson et al., 2005	-
AY232845	-	España	Doméstico	H24	E1C	Alves et al., 2003	-
HM747217	ALH22 – Alentejano	Portugal	Doméstico	H24	E1C	Alves et al., 2003	-
HM747202	H25	Portugal	Jabalí	H24	E1C	Alves et al., 2003	-
-	635	Chaco, Argentina	C	H25	E1A	Este estudio	-
-	880	Buenos Aires, Argentina	C	H25	E1A	Este estudio	3
-	822	Buenos Aires, Argentina	C	H26	A	Este estudio	3
-	860	Buenos Aires, Argentina	C	H27	E1C	Este estudio	1
-	928	Buenos Aires, Argentina	C	H27	E1C	Este estudio	1
AB041484	Wat01KagBerkD – Berkshire	Europa	Doméstico	H27	E1C	Watanobe et al., 2003	-
DQ379077	NI01-1 - Negro Iberico	España	Doméstico	H27	E1C	Fang y Andersson, 2006	-
AY884778	LDomDuroc03 – Duroc	Alemania	Doméstico	H27	E1C	Larson et al., 2005	-
AY232873	SWB6	España	Jabalí	H27	E1C	Alves et al., 2003	-
AY232864	IB23 - Iberian pig	Península Ibérica	Doméstico	H27	E1C	Alves et al., 2003	-
DQ379081	LR11-2 – Landrace	Europa	Doméstico	H27	E1C	Fang y Andersson, 2006	-
-	872	Buenos Aires, Argentina	C	H28	E1A	Este estudio	2
-	1142	Buenos Aires, Argentina	C	H28	E1A	Este estudio	2
-	915	Buenos Aires, Argentina	C	H29	A	Este estudio	-
-	916	Buenos Aires, Argentina	C	H30	A	Este estudio	-
-	920	Buenos Aires, Argentina	C	H31	E1A	Este estudio	1
AB041486	Wat01Okay1D – Berkshire	Europa	Doméstico	H31	E1A	Watanobe et al., 2003	-
AY884747	-	Dinamarca	Doméstico	H31	E1A	Larson et al., 2005	-
AY884764	DomHungaryMang – Mangalitzá	Hungría	Doméstico	H31	E1A	Larson et al., 2005	-
DQ152853	MA01 - Mangalica	Hungría	Doméstico	H31	E1A	Fang y Andersson, 2006	-
HM747198	H3	Portugal	Jabalí	H31	E1A	Alves et al., 2010	-
DQ379232	S4	Francia	Jabalí	H31	E1A	Fang y Andersson, 2006	-
-	1131	Buenos Aires, Argentina	C	H32	A	Este estudio	1

-	1133	Buenos Aires, Argentina	C	H33	E1A	Este estudio	3
-	1134	Buenos Aires, Argentina	C	H34	E1C	Este estudio	2
-	1136	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1137	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1138	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1139	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1143	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1147	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1148	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1149	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1150	Buenos Aires, Argentina	C	H35	E1C	Este estudio	2
-	1144	Buenos Aires, Argentina	C	H36	E1A	Este estudio	3
MH319778	H3	Argentina	Jabalí	H37	E1A	Sagua et al., 2018	-
JQ668030	-	Chile	Cimarrón	H37	E1A	Aravena et al., 2015	-
JQ668032	-	Chile	Doméstico	H37	E1A	Aravena et al., 2015	-
MH319782	H6	Argentina	Jabalí	H38	A	Sagua et al., 2018	-
JQ668031	-	Chile	Jabalí	H38	A	Aravena et al., 2015	-
MH319782	H7	Argentina	Jabalí	H39	E1C	Sagua et al., 2018	-
JQ668034	-	Chile	Doméstico	H39	E1C	Aravena et al., 2015	-
JQ668033	-	Chile	Doméstico	H40	A	Aravena et al., 2015	-
AB041474	Wat01MeiD – Meishan	East Asia	Doméstico	H41	A	Watanobe et al., 2003	-
DQ379105	JZ-1 – Jiaozhou	China	Doméstico	H41	A	Fang y Andersson, 2006	-
AB041490	Wat01LW1D - Large White	Europa	Doméstico	H41	A	Watanobe et al., 2003	-
AF276923	-	China	Doméstico	H41	A	Kim et al., 2002	-
AF276925	-	China	Doméstico	H41	A	Kim et al., 2002	-
DQ152871	YSH-3 – Yushan	China	Doméstico	H41	A	Fang y Andersson, 2006	-
DQ152879	BM – Bamei	China	Doméstico	H42	A	Fang y Andersson, 2006	-
AF276936	-	Reino Unido	Doméstico	H43	A	Kim et al., 2002	-
HM747218	-	Portugal	Doméstico	H44	E1C	Alves et al., 2003	-
AY232848	-	España	Doméstico	H45	E1C	Alves et al., 2003	-
AY232846	IB5 - Iberian pig	Península Ibérica	Doméstico	H45	E1C	Alves et al., 2003	-
AY232847	IB6 - Iberian pig	Península Ibérica	Doméstico	H45	E1C	Alves et al., 2003	-
DQ379085	BL01-1 - British Lop	Reino Unido	Doméstico	H46	E1A	Fang y Andersson, 2006	-
DQ379089	CR01-1 – Creole	Francia	Doméstico	H46	E1A	Fang y Andersson, 2006	-
AB041492	Wat01LW2D - Large White	Europa	Doméstico	H46	E1A	Watanobe et al., 2003	-
AF276937	-	Reino Unido	Doméstico	H46	E1A	Kim et al., 2002	-
DQ152847	BB01-3 - Bunte Bentheimer	Alemania	Doméstico	H47	E1C	Fang y Andersson, 2006	-
AF276933	-	Corea	Doméstico	H48	A	Kim et al., 2002	-
AF276922	-	China	Doméstico	H49	A	Kim et al., 2002	-
AF276928	-	China	Doméstico	H50	A	Kim et al., 2002	-
DQ152843	HA02-1 – Hampshire	Alemania	Doméstico	H51	E1A	Fang y Andersson, 2006	-

AB041488	Wat01HampD – Hampshire	Europa	Doméstico	H51	E1A	Watanobe <i>et al.</i> , 2003	-
AY884781	DomGermanyAngler - Angler	Alemania	Doméstico	H51	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884758	Sattleschwein	Alemania	Doméstico	H52	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884777	LDomHampshire02 – Hampshire	Reino Unido	Doméstico	H52	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
DQ152886	LDomHampshire01	China	Doméstico	H53	A	Fang y Andersson, 2006	-
AY232861	HZ-3 – Huzhu	Iberia	Doméstico	H54	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY232843	IB20 - Iberian Red	España	Doméstico	H54	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY232842	IB2 - Blond Alentejano	España	Doméstico	H54	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
DQ152889	IB1 - Blond Alentejano	China	Doméstico	H55	A	Fang y Andersson, 2006	-
AF276930	-	China	Doméstico	H56	A	Kim <i>et al.</i> , 2002	-
AB041475	-	Este Asia	Doméstico	H57	A	Okumura, 2001	-
DQ152883	YM-4 – Yimeng	China	Doméstico	H57	A	Fang y Andersson, 2006	-
DQ379098	LA01 – Laconie	Francia	Doméstico	H58	E1A	Fang y Andersson, 2006	-
AY884769	LDomPietrain03 – Pietrain	Alemania	Doméstico	H58	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
DQ379165	LW-1 – Laiwu	China	Doméstico	H59	A	Fang y Andersson, 2006	-
DQ379169	Min-1 – Min	China	Doméstico	H59	A	Fang y Andersson, 2006	-
DQ152880	YM – Yimeng	China	Doméstico	H59	A	Fang y Andersson, 2006	-
AB041495	Wat01Kan2D – Landrace	Europa	Doméstico	H60	E1C	Watanobe <i>et al.</i> , 2003	-
AY884761	-	Reino Unido	Doméstico	H61	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
DQ152870	LP-3 – Leping	China	Doméstico	H62	A	Fang y Andersson, 2006	-
DQ379181	-	China	Doméstico	H63	A	Fang y Andersson, 2006	-
AY884715	-	USA	Doméstico	H63	A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884767	-	Reino Unido	Doméstico	H63	A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AB015091	-	-	Doméstico	H63	A	Okumura <i>et al.</i> , 1996	-
DQ379083	-	España	Doméstico	H64	E1C	Fang y Andersson, 2006	-
AB041480	-	Este de Asia	Doméstico	H65	A	Okumura <i>et al.</i> , 2001	-
DQ152875	XX-1 – Xiangxi	China	Doméstico	H65	A	Fang y Andersson, 2006	-
AF276929	-	China	Doméstico	H66	A	Kim <i>et al.</i> , 2002	-
DQ152872	-	China	Doméstico	H67	A	Fang y Andersson, 2006	-
AB041478	-	Este de Asia	Doméstico	H67	A	Okumura <i>et al.</i> , 2001	-
AB015092	-	Japón	Doméstico	H68	A	Okumura <i>et al.</i> , 1996	-
AF276932	-	China	Doméstico	H68	A	Kim <i>et al.</i> , 2002	-
DQ379146	TC-1 TongCheng	China	Doméstico	H68	A	Fang y Andersson, 2006	-
AB041479	-	Este de Asia	Doméstico	H69	A	Okumura <i>et al.</i> , 2001	-
AF276931	-	China	Doméstico	H70	A	Kim <i>et al.</i> , 2002	-
DQ152881	QB-3 – Quanbei	China	Doméstico	H71	A	Fang y Andersson, 2006	-
DQ152884	SG-3 – Sanggao	China	Doméstico	H72	A	Fang y Andersson, 2006	-
DQ152877	SX-4 - Shengxian spotted	China	Doméstico	H73	A	Fang y Andersson, 2006	-
AY884751	-	Suiza	Doméstico	H74	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
DQ152869	-	China	Doméstico	H75	A	Fang y Andersson, 2006	-

AF276927	-	China	Doméstico	H76	E1C	Kim <i>et al.</i> , 2002	-
AB015093	-	México	Doméstico	H77	E1C	Okumura <i>et al.</i> , 1996	-
DQ152868	-	China	Doméstico	H78	A	Fang y Andersson, 2006	-
AY232849	IB8 - Black Hairless	España	Doméstico	H79	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY884775	-	Finlandia	Doméstico	H80	E1C	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
HM747196	-	Austria	Jabalí	H80	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2010	-
AY884753	-	España	Doméstico	H81	E1C	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884768	-	Islas Canarias, Norte de África	Doméstico	H82	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY232869	SWB2	España	Jabalí	H83	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY232868	SWB1	España	Jabalí	H83	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY884616	GL52	España	Jabalí	H84	E1C	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884633	GL71	Francia	Doméstico	H85	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884698	GL22	Portugal	Doméstico	H86	E1C	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
HM747201	H6	Portugal	Jabalí	H87	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2010	-
KF258879	BEL097 - H3	Europa central	Jabalí	H88	E1A	Kusza <i>et al.</i> , 2014	-
AY884669	GL112	Holanda	Jabalí	H88	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
HM747219	ALH24 – Bisaro	Portugal	Doméstico	H89	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY232872	SWB5	España	Jabalí	H90	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003	-
AY884634	GL72	Japón	Doméstico	H91	A	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AB041467	-	Japón	Jabalí	H92	A	Okumura <i>et al.</i> , 2001	-
AY884717	GL245	Italia	Jabalí	H93	E2	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884718	GL246	Italia	Jabalí	H93	E2	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884719	GL247	Italia	Jabalí	H94	E2	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AB015095	EWB3	Italia	Jabalí	H94	E2	Okumura <i>et al.</i> , 2001	-
AY884619	GL55 - H79	Turquía	Jabalí	H95	NE	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884622	GL59	-	Jabalí	H96	NE	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884710	GL236	Armenia	Jabalí	H96	NE	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884693	GL193	Armenia	Jabalí	H97	NE	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884716	GL244	Italia	Jabalí	H98	E2	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
AY884725	GL254	Irán	Jabalí	H99	NE	Larson <i>et al.</i> , 2005	-
DQ379244	mitS3	Francia	Jabalí	H100	E1C	Fang <i>et al.</i> , 2006	-
DQ872958	GL793	Irán	Jabalí	H101	NE	Larson <i>et al.</i> , 2007	-
JX894184	WBTR515 - H114	Turquía	Jabalí	H102	NE	Otoni <i>et al.</i> , 2013	-
GQ338961	-	-	<i>Babyrousa babyrussa</i>	-	<i>Outgroup</i>	Gongora <i>et al.</i> , 2011	-

ANEXO VII. Cromatograma producto de una secuenciación estándar para el marcador molecular gen de Amelogenina (AmelY) realizado por la empresa MacroGen® (Corea del Sur). En este caso se puede ver el resultado de la secuenciación para la muestra 625 en el gen Amelogenina. Los otros datos que se indican ya fueron explicados en el anexo V.



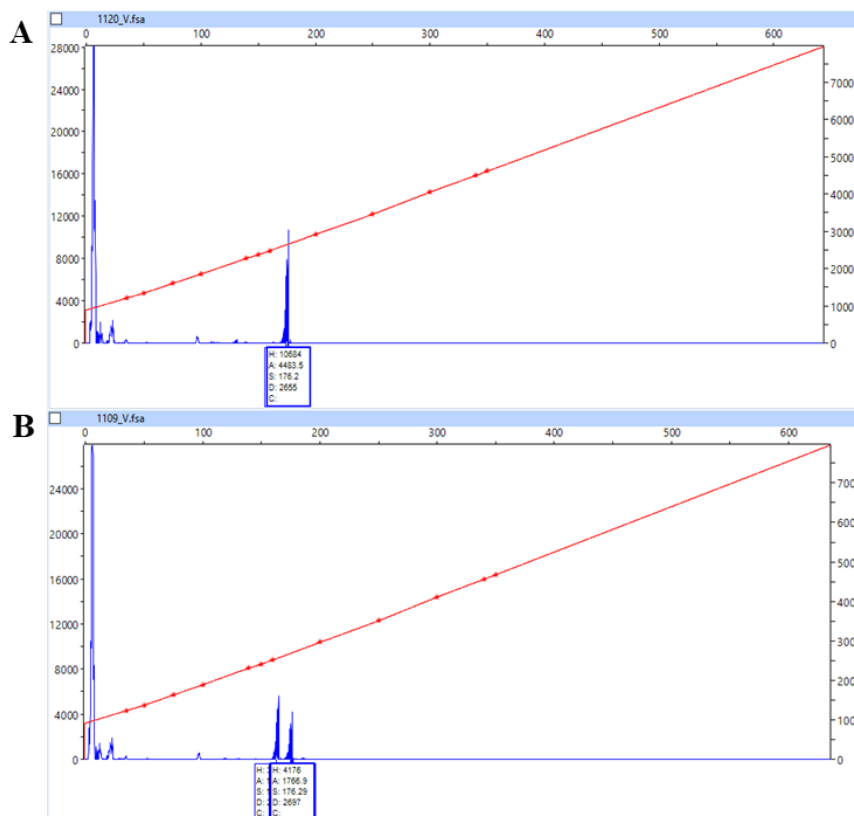
ANEXO VIII. Lista de secuencias de este trabajo y de *GenBank* empleadas en el análisis del marcador molecular AmelY. En la misma se encuentra el ID (tanto el ID interno de este trabajo como el número de acceso a *GenBank*), el origen, morfotipo (doméstico o C, donde éste incluye tanto CCC como cimarrones), número de haplotipo que le fue asignado en este estudio con su correspondiente haplogrupo y cita bibliográfica.

N° ACCESO A GENBANK	ID	ORIGEN	MORFOTIPO	HAPLOTIPO	HAPLOGRUPO	BIBLIOGRAFÍA
MF542228	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542224	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542223	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542222	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542221	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542220	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542219	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542218	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542217	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542216	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542215	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542214	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542213	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542211	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542210	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542207	-	-	Doméstico	A1	HY1	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
EU549798	-	-	Doméstico	A1	HY1	Ramírez <i>et al.</i> , 2009
-	939	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	937	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	928	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	922	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	920	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	823	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	64	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	62	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	58	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	56	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	412	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	410	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	408	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	398	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	353	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	344	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio

-	2910	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	2907	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	252	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	251	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	141	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
-	1153	Buenos Aires, Argentina	C	A1	HY1	Este estudio
MF542227	-	-	Cimarrón	A2	HY2	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542212	-	-	Cimarrón	A2	HY2	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
KU664549		Marruecos	Doméstico	A2	HY2	Soria-Boix <i>et al.</i> , 2017
EU549797	-	-	Doméstico	A2	HY2	Ramírez <i>et al.</i> , 2009
-	943	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	942	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	941	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	933	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	932	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	926	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	914	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	888	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	877	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	625	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	602	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	57	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	47	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	44	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	414	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	409	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	399	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	397	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	358	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	357	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	355	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	354	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	347	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	2906	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	2905	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	2904	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	2903	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	2902	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1129	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1128	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1126	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio

-	1122	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1121	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1120	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1113	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1112	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1150	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1108	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1107	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1106	Corrientes, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	103	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1136	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
-	1137	Buenos Aires, Argentina	C	A2	HY2	Este estudio
MF542226	-	-	Doméstico	A3	HY3	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542225	-	-	Doméstico	A3	HY3	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542206	-	-	Doméstico	A3	HY3	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542205	-	-	Doméstico	A3	HY3	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542204	-	-	Doméstico	A3	HY3	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
MF542203	-	-	Doméstico	A3	HY3	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
EU549799	-	-	Doméstico	A3	HY3	Guirao-Rico <i>et al.</i> , 2018
KX519699	-	-	Doméstico	A4	HY3	Iacolina <i>et al.</i> , 2016
KX519698	-	-	Doméstico	A5	HY1	Iacolina <i>et al.</i> , 2016
EU549796	-	-	<i>Sus barbatus</i>	-	Outgroup	Ramírez <i>et al.</i> , 2009
EU549705	-	-	<i>Babryrousa babyrussa</i>	-	Outgroup	Ramírez <i>et al.</i> , 2009
-	63	Buenos Aires, Argentina	C	A8	HY1	Este estudio
-	413	Buenos Aires, Argentina	C	A8	HY1	Este estudio
-	407	Buenos Aires, Argentina	C	A8	HY1	Este estudio
-	405	Buenos Aires, Argentina	C	A8	HY1	Este estudio
-	340	Buenos Aires, Argentina	C	A8	HY1	Este estudio
-	411	Buenos Aires, Argentina	C	A9	HY2	Este estudio
-	356	Corrientes, Argentina	C	A9	HY2	Este estudio

ANEXO IX. Electroferograma de *locus* S0155 de microsatélites realizado por la empresa MacroGen® y visualizado mediante el software Peak Scanner™ v1.0 (Applied Biosystems). En el eje Y indica la intensidad de señal del fluoróforo, mientras que el eje X indica los pares de bases del fragmento de interés. La línea diagonal roja es el marcador interno de peso estándar 350 ROX (máximo tamaño de detección de 350 pb). (A) Genotipado para la muestra 1120, el cual es un ejemplar homocigoto visualizado a través del único pico de 176 pb; (B) Genotipado de la muestra 1109, el cual es un ejemplar heterocigoto visualizado mediante las bandas de 164 y 176 pb. El valor final de pb de cada alelo se calcula restando 18 pb al valor en pb que arroja el programa, correspondiente a la secuencia del *primer* del M13.



ANEXO X. Alelos obtenidos para cada uno de los 6 *loci* de microsatélites estudiados en los 36 ejemplares pertenecientes a Bahía Samborombón y Corrientes. El número de cada alelo se corresponde al número de repeticiones del microsatélite.

ID DE COLECCIÓN	LOCALIDAD, PROVINCIA	LOCI DE MICROSATÉLITES											
		SW632		S0155		S0226		SW936		S0026		SWr1941	
		1	2	1	2	1	2	1	2	1	2	1	2
398	Bahía Samborombón, Buenos Aires	165	167	146	160	180	194	90	92	0	0	0	0
399	Bahía Samborombón, Buenos Aires	161	161	146	158	180	180	90	108	0	0	210	216
408	Bahía Samborombón, Buenos Aires	157	159	146	156	180	180	108	108	92	98	212	216
409	Bahía Samborombón, Buenos Aires	167	167	146	156	182	196	0	0	92	98	0	0
602	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	167	158	160	180	188	108	108	92	92	220	220
604	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	156	158	180	180	108	110	0	0	220	220	
625	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	171	146	146	180	180	92	92	90	92	220	220
626	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	159	146	146	182	194	92	108	92	94	220	220
628	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	167	146	146	188	194	90	90	0	0	212	220
794	Bahía Samborombón, Buenos Aires	167	175	146	146	188	188	90	90	92	98	214	220
886	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	167	146	146	188	188	92	92	92	92	0	0
920	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	159	146	160	180	200	90	106	92	92	220	220
922	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	167	146	156	182	200	90	106	92	98	218	220
923	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	159	146	156	180	188	92	108	92	92	212	220
939	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	159	146	156	180	180	90	106	0	0	214	220
943	Bahía Samborombón, Buenos Aires	167	171	146	146	182	202	90	90	92	98	0	0
945	Bahía Samborombón, Buenos Aires	167	175	146	146	188	188	90	90	92	98	214	220
1136	Bahía Samborombón, Buenos Aires	171	173	150	156	180	186	0	0	92	92	220	220
1137	Bahía Samborombón, Buenos Aires	165	167	154	156	182	192	0	0	0	0	220	226
1143	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	159	156	156	182	188	106	112	92	92	0	0
1144	Bahía Samborombón, Buenos Aires	167	175	152	158	180	180	92	108	92	94	0	0
1153	Bahía Samborombón, Buenos Aires	159	175	146	158	180	180	100	108	92	96	218	218
1129	Rincón del Socorro, Corrientes	165	167	146	158	188	194	90	90	92	100	220	224
1107	Rincón del Socorro, Corrientes	163	167	146	146	194	194	92	92	92	98	218	218
1109	Rincón del Socorro, Corrientes	0	0	146	158	182	182	90	90	92	100	218	220
1112	Rincón del Socorro, Corrientes	167	167	152	152	188	194	92	106	92	98	220	220
1120	Rincón del Socorro, Corrientes	167	167	158	158	188	194	92	108	92	92	0	0
1121	Rincón del Socorro, Corrientes	163	167	146	152	194	202	90	90	92	98	220	220
1128	Rincón del Socorro, Corrientes	163	163	146	158	182	182	90	90	92	100	218	220
46	Maruchas, Río Corrientes, Corrientes	163	163	146	158	180	188	94	94	92	92	0	0
44	Maruchas, Río Corrientes, Corrientes	159	175	156	156	182	182	94	108	92	92	212	216
354	Loma Alta, Corrientes	167	167	152	158	192	192	90	92	84	90	220	224
355	Loma Alta, Corrientes	159	163	146	152	180	180	92	108	88	100	220	224
358	Loma Alta, Corrientes	167	167	152	158	194	212	90	108	100	100	216	220

ANEXO XI. Genotipos encontrados para las muestras empeladas con los marcadores moleculares MC1R, NR6A1 y RYR1. En el gen MC1R, se pueden discriminar los alelos E+, E^{D1}e, E^{D2}E^P, en NR6A1 los alelos C y T y, por último, en el gen RYR1 los alelos H y h.

ID DE COLECCIÓN	LOCALIDAD, PROVINCIA	MC1R	NR6A1	RYR1
68	Gral. Madariaga, Buenos Aires	-	-	HH
64	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
69	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
70	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
71	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TC	HH
72	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	ED1e/ED1e	TC	HH
73	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	TT	HH
74	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
75	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
81	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
82	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
83	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TC	HH
84	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TC	HH
2904	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
2905	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
2906	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
2907	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
2908	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
2909	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
2910	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
2913	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
100	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
101	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TC	HH
102	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	TT	HH
103	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	TT	HH
139	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	CC	HH
140	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/E ^{D2} E ^P	TC	HH
141	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
142	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
145	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH

147	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	TT	HH
148	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D2}E^P/E^{D2}E^P$	CC	HH
150	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
152	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
153	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
154	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	TT	HH
47	Cárcel de Magdalena, Buenos Aires	-	-	HH
48	Ea. "El 12", Buenos Aires	-	-	HH
2304	Ea. "La Porteña", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
143	Gral. Madariaga, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	Hh
144	Gral. Madariaga, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
251	Mar Chiquita, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
252	Mar Chiquita, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	Hh
253	Mar Chiquita, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
257	Mar Chiquita, Buenos Aires	-	-	Hh
146	Paraje Pavón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
149	Paraje Pavón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
340	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^+/E^{D1}e$	TC	HH
341	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
342	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TC	HH
343	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TC	HH
344	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
345	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^+/E^{D1}e$	TC	HH
346	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^+/E^{D1}e$	TC	-
347	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	-
348	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TC	-
396	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
397	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D2}E^P$	TT	HH
398	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	HH
399	Ea. "La Encantada" (Canal 2), Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^+/E^{D1}e$	CC	HH
400	Gral. Madariaga, Buenos Aires	-	-	HH
403	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	CC	-
404	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	CC	-
405	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	-
407	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	-
408	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	$E^{D1}e/E^{D1}e$	TT	-

409	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TC	-
410	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
411	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	CC	-
412	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	CC	-
413	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D2} E ^P	CC	-
414	Ea. "Malele", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
415	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
416	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
417	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
601	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
602	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D2} E ^P /E ^{D2} E ^P	TT	-
603	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D2} E ^P /E ^{D2} E ^P	TT	-
604	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
605	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D2} E ^P /E ^{D2} E ^P	TT	HH
606	Canal 2, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D2} E ^P /E ^{D2} E ^P	TT	-
625	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
626	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D2} E ^P	TT	HH
627	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
628	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
791	Balcarce, Buenos Aires	E ⁺ /E ^{D2} E ^P	TT	HH
792	Boca Arroyo Espinillo- Atalaya, Buenos Aires	E ⁺ /E ^{D2} E ^P	CC	HH
793	Ea. "El Destino", Buenos Aires	-	-	HH
794	Ea. "San Isidro", Buenos Aires	E ⁺ / E ^{D1} e	TT	HH
817	Verónica, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
822	Reserva Natural Laguna Salada Grande, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
823	Reserva Natural Laguna Salada Grande, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
863	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
864	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
865	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
866	Ea. "Barón de Montijo", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	Hh
874	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
875	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	Hh
876	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	-	Hh

877	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
878	Ea. "Ensenada de San Martin", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
879	Ea. "Don Miguel", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	Hh
880	Ea. "El Principio", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
881	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
882	Ea. "Rincón de López", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
886	Ea. "Dos de Abril", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
888	Ea. "Dos de Abril", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
920	Ea. "Las Colinas", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
922	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
923	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
924	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D2} E ^P	TT	HH
925	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
926	Ea. "El Gato", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
928	Ea. "La Polaca", Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
932	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
933	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
934	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
935	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	-	HH
936	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
937	Parque Nacional Campos del Tuyú, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
938	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D2} E ^P	TC	-
939	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
940	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
941	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
942	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
943	Ea. "El Bagual", Bahía Samborombon, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	CC	HH
944	Ea. "El Santuario"	-	-	HH
945	Boca Arroyo Espinillo, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
1131	Mar Chiquita, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
1132	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-

1133	Canal 1, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
1134	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
1135	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
1136	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
1137	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
1139	Canal San José, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
1140	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
1141	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
1142	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	-	TT	HH
1143	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
1144	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	CC	-
1145	Canal aliviador del Salado, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
1146	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
1147	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
1150	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	-
1151	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
1153	Canal 9, Bahía Samborombón, Buenos Aires	E ^{D1} e/ E ^{D1} e	TT	HH
TOTAL		114	117	108