

Review [Revisión]



Genes y mutaciones en características morfológicas, comportamiento productivo, reproductivo, calidad de la canal y carne en razas porcinas - avances en el mejoramiento genético †

[Genes and mutations in morphological characteristics, productive and reproductive behavior, and carcass and meat quality in pig breeds - advances in genetic improvement]

Dany Alejandro Dzib-Cauich^{*1}, Víctor Manuel Meza-Villalvazo²,
Amada Isabel Osorio-Teran³, José Abad-Zavaleta², Nubia Noemi Cob-Calan¹
and Wilber Hernández-Montiel^{*3}

¹Departamento de Posgrado e Investigación, Instituto Tecnológico Superior de Calkiní. Av. Ah Canul S/N por carretera Federal, 24900 Calkiní, Campeche, México.

Email: dadzib@itescam.edu.mx, ncalan@itescam.edu.mx

²Instituto de Biotecnología, Universidad del Papaloapan, Circuito Central No. 200, Parque Industrial, Tuxtepec 68301, Oaxaca, México. Email:

meza1077@hotmail.com, joseabadz@hotmail.com

³Instituto de Agroingeniería, Universidad del Papaloapan, Av. Ferrocarril s/n, Ciudad Universitaria, Campus Loma Bonita 68400, Oaxaca, México. Email:

aosorio@unpa.edu.mx, wmontiel@unpa.edu.mx

*Corresponding author

SUMMARY

Background. The pig (*Sus scrofa domesticus*) is one of the most important livestock species due to its high productive efficiency, rapid growth rate, high prolificacy, and favourable feed conversion. Its ability to convert inputs into high biological value protein positions it as a key component in food security. Traits such as morphology, productive and reproductive performance, as well as carcass and meat quality, are influenced by gene expression and the presence of specific polymorphisms or mutations. **Objective.** To review and analyse the available scientific evidence on single nucleotide polymorphisms (SNPs) in genes associated with morphological traits, productive and reproductive performance, as well as carcass and meat quality in pig breeds. **Methodology.** The study was conducted through a literature search using keywords and genes associated with commercially relevant productive traits in pig breeds. The search was carried out in PubMed, Mendeley, ScienceDirect, Springer, and Google Scholar. A total of 116 articles were retrieved for data analysis, covering the period from 2000 to 2024. **Main findings.** Genomic tools have enabled the understanding of the molecular mechanisms that influence productive traits in pigs. In this review, the genes *TRIB3*, *BMP2*, *CSTB*, *COL21A1*, and *MSTN* were found to be related to productive traits, while among reproductive traits, the genes *BMPR1B*, *ESR2*, *LEPR*, *PRL*, and *GNRHR* stand out, and the genes *TRIB3*, *BMP2*, *COL21A1*, *MSTN*, *CTSF*, and *CSTB* are related to growth, backfat, daily weight gain, and meat quality. Likewise, the studies report two SNPs, *rs320706814* and *rs1112937671*, which show significant effects on carcass length and backfat. **Implications.** These findings contribute to the optimisation of genetic selection programmes, improvement of productive efficiency, and preservation of genetic variability in pig populations. An in-depth exploration of gene networks is essential for enhancing the understanding of these traits. **Conclusion.** This review identifies key SNPs and genes that may contribute to the genetic selection of pigs exhibiting traits associated with improved productive efficiency. The use of molecular markers enables the more accurate selection of desirable traits, thereby reducing the generation interval and promoting sustainability in pig production.

Key words: Breeding; diversity; trait; gene; SNPs.

† Submitted April 30, 2025 – Accepted August 29, 2025. <http://doi.org/10.56369/tsaes.6307>



Copyright © the authors. Work licensed under a CC-BY 4.0 License. <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

ISSN: 1870-0462.

ORCID = D.A. Dzib-Cauich: <http://orcid.org/0000-0001-7961-2867>; V.M. Meza-Villalvazo: <https://orcid.org/0000-0002-9870-9442>; A.I. Osorio-Terán: <https://orcid.org/0000-0002-6192-6566>; J. Abad-Zavaleta: <https://orcid.org/0000-0002-4130-8023>; N.N. Cob-Calan: <https://orcid.org/0000-0002-9340-8325>; W. Hernández-Montiel: <https://orcid.org/0000-0001-6325-0873>

RESUMEN

Antecedentes. El cerdo (*Sus scrofa* f. *domestica*) constituye una de las especies de mayor relevancia zootécnica, debido a su elevada eficiencia productiva, rápida tasa de crecimiento, alta prolificidad y conversión alimenticia favorable. Su capacidad para transformar insumos en proteína de alto valor biológico lo posiciona como un pilar fundamental en la seguridad alimentaria. Rasgos como la morfología, el comportamiento productivo y reproductivo, así como la calidad de la canal y de la carne, están influenciados por la expresión génica y por polimorfismos o mutaciones específicas.

Objetivo. Revisar y analizar la evidencia científica disponible sobre polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) en genes involucrados en las características morfológicas, el comportamiento productivo y reproductivo, así como en la calidad de la canal y de la carne en razas porcinas. **Metodología.** El estudio se desarrolló mediante la búsqueda de palabras clave y de genes asociados a las características productivas de interés comercial en razas porcinas. La búsqueda se realizó en Pubmed, Mendeley, Science Direct, Springer, y en el motor de búsqueda de Google académico. Para el análisis de los datos se obtuvo un total de 116 artículos y el rango de búsqueda que se consideró fue del año 2000 hasta 2024. **Principales hallazgos.** Las herramientas genómicas han hecho posible la comprensión de los mecanismos moleculares con efecto sobre los rasgos productivos en los cerdos. En la presente revisión se encontraron los genes *TRIB3*, *BMP2*, *CSTB*, *COL21A1* y *MSTN* relacionados con las características productivas, mientras que los reproductivos destaca los genes *BMP1B*, *ESR1*, *ESR2*, *LEPR*, *PRL*, *GNRHR* y los genes *TRIB3*, *BMP2*, *COL21A1*, *MSTN*, *CTSF* y *CSTB* están relacionados con el crecimiento, la grasa dorsal, la ganancia diaria de peso y la calidad de carne. Así mismo, los estudios informan dos SNPs como rs320706814 y rs1112937671, los cuales muestran los efectos significativos sobre la longitud de la canal y la grasa dorsal. **Implicación.** Estos hallazgos permiten optimizar programas de selección genética, mejorar la eficiencia productiva y mantener la variabilidad genética en poblaciones porcinas. Es importante el escudriño de la red genes para la comprensión para estos rasgos. **Conclusión.** Esta revisión identifica los principales SNPs y genes que pueden contribuir en la selección genética de cerdos con la expresión de actitudes de mejoras en la eficiencia productiva, para la selección más precisa de rasgos deseables mediante marcadores moleculares, acortando los días en la selección y promoviendo la sostenibilidad en la producción porcina.

Palabras clave: Mejoramiento; diversidad; rasgo; gen; SNPs

INTRODUCCIÓN

La selección natural es un fenómeno impulsado por el medio ambiente en el que los individuos con genotipos específicos muestran una capacidad diferencial para contribuir al acervo genético de la siguiente generación en respuesta a presiones ambientales (Falconer 1996). Por el contrario, la selección artificial, o crianza selectiva, es un proceso impulsado por el hombre utilizado para fijar caracteres productivos, influyendo así en la selección de la siguiente generación en el contexto de la evolución (Driscoll *et al.*, 2009). El mejoramiento genético ha sido una estrategia clave para mejorar la productividad ganadera mediante el desarrollo de animales con alto potencial productivo (Tirados, 2001). Sin embargo, los métodos de selección clásicos basados en caracteres fenotípicos visibles, como la selección individual, a veces pueden producir respuestas contrarias a las esperadas (Ellen *et al.*, 2014). Dentro de una unidad de producción, al seleccionar verracos y cerdas para reemplazo, no solo se debe considerar raza, edad y fertilidad (Serenius y Stalder, 2004), si no también es importante tomar en cuenta la conformación, el peso, el número de los pezones y la movilidad (Rohrer y Nonneman, 2017).

Los avances en biotecnología han contribuido en el camino para descubrir la estructura genética necesaria que ayude a realizar la selección genética basada en la expresión de genes únicos o múltiples en cerdos con alto valor genético (Murray, 1999), estos avances han demostrado que la variación de rasgos está influenciada por un gran número de genes, así mismo

los métodos de evaluación genómica proporcionan predicciones más precisas del valor genético de las razas de cerdos al utilizar datos de genotipo (Salek *et al.*, 2021). Estos avances en tecnologías de próxima generación mediante secuenciación son factibles para una alta diversidad en especies de genoma (Elshire *et al.*, 2011). Por ejemplo, el análisis de polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) mediante secuenciación genómica en razas nativas y líneas comerciales ha facilitado la identificación de nuevos genes asociados a procesos de selección, estos genes son significativos para la domesticación de las especies, influyendo en diversos caracteres morfológicos y fisiológicos (Bovo *et al.*, 2020). Así mismo, es importante considerar las mutaciones, ya que estas pueden actuar como una fuente de microevolución en las especies, impulsadas por modificaciones ambientales repetidas (Nosil *et al.*, 2021).

Dentro de la seguridad alimentaria la porcicultura, adquiere mayor importancia ya que esta se ha visto obligada a mejorar e incrementar sus niveles de producción para proveer proteína animal de calidad que satisfaga la demanda poblacional, de acuerdo con datos de la FAO se estima que para el 2030 el consumo per cápita de carne será de 34.4kg en el mundo (OECD/FAO 2021), para alcanzar estas metas, es necesario utilizar cerdos de diversas razas que ofrezcan importantes variaciones genéticas sobre las variables productivas y reproductivas de interés (Millar y Connell, 2010), por ejemplo, los rasgos de calidad de la carne de cerdo pueden tener orígenes multifactoriales (Rodríguez *et al.*, 2022), al considerar

las asociaciones genéticas entre la fertilidad, los rasgos de la canal y las características de producción (Serenius *et al.*, 2004). Por lo que el objetivo del presente estudio fue revisar y analizar la evidencia científica sobre los avances en el mejoramiento genético de los genes y mutaciones tipo SNPs involucrados en las características morfológicas, comportamiento productivo, reproductivo y la calidad de la canal y de la carne en razas porcinas.

METODOLOGÍA

Para llevar a cabo la presente revisión sistemática se realizó una búsqueda exhaustiva en las siguientes bases de datos seleccionadas: PubMed, Mendeley, Science Direct, Springer y Google académico de estudios publicados del 2000 al 2024, bajo el enfoque y metodología de síntesis (Prieto y Rumbo-Prieto, 2018). Como motores de búsqueda se utilizaron los siguientes encabezados y palabras claves en inglés: (Conformation OR depth of body AND Leg strength), (Number of Suckling Piglets OR Suckling Piglets AND Number of Piglets Born Alive OR Live-Born Piglets), (Litter Size OR Prolificacy and Sows OR Pig), (Carcass Size, Carcass Weight and Quality Meat) combinando con (Gene and Mutation OR SNP OR Polymorphism OR Genetic Variation OR QTL). A partir de dichos parámetros, fueron identificados 1505 artículos científicos, tomando a consideración si los estudios se realizaron después del año 2000 hasta 2024, la búsqueda fue realizada hasta 28 de febrero del 2025.

El criterio de inclusión se limitó a temas que trataran sobre mejoramiento genético, genes, polimorfismos de un solo nucleótido y mutaciones con efecto sobre las características morfológicas, el comportamiento productivo y reproductivo, así como en la calidad de la canal y de la carne en razas porcinas, importantes para la selección, obteniendo un total de 116 artículos científicos. La extracción de artículos, así como su organización, se basó en los siguientes parámetros: autor, año, título, revista, resumen, número, volumen, páginas, raza, rasgos (morfológicos, productivos, reproductivo y calidad de la carne y la canal), genes, SNP y modelo, la información fue organizada en el programa Microsoft Office Excel®, dispuestos según el rasgo.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Características morfológicas

De acuerdo con la revisión de los artículos sobre las características morfológicas, los resultados sugieren que los mecanismos moleculares son importantes para el desempeño productivo en diversas razas porcinas, ya que se observó que estos actúan regulando los

rasgos morfológicos importantes como la calidad de las patas delanteras, calidad de las patas traseras, solidez de las patas, profundidad del cuerpo, postura trasera, patas traseras débiles, incluyendo el síndrome de piernas abiertas.

Conformación fenotípica

Dentro de la conformación fenotípica, los rasgos morfométricos clave incluyen el peso corporal, la longitud corporal, la circunferencia torácica, la distancia de las orejas a la cola, la altura a la cruz, la altura a la región lumbar, la longitud y el ancho de la cabeza, la longitud de las orejas y el número de pezones (Ritchil *et al.*, 2014; Yakubu *et al.*, 2022). La revisión realizada sobre estos aspectos, mostro únicamente dos genes *VRTN* y *PPARD*, asociados a la conformación general a través de la regulación del desarrollo óseo y muscular en razas porcinas (Le *et al.*, 2017), lo que sugiere que los estudios de genotipado para estos rasgos están mayormente enfocados en la búsqueda de genes asociados con los rasgos productivos y reproductivos, por lo que estos rasgos tienen un mayor potencial de investigación en la identificación de SNPs y genes.

Fuerza de las patas

La fuerza de las patas se considera un rasgo esencial en las cerdas reproductoras y desempeña un papel importante en su longevidad, lo que contribuye a mejorar el bienestar animal (Belkova y Rozkot, 2022; Pfeiffer *et al.*, 2019). Además, pueden existir correlaciones genéticas significativas entre la calidad de los nuevos dedos y el número de lechones nacidos vivos en la primera camada, lo que sugiere que las cerdas con dedos alineados y mejores puntuaciones generales en las patas tienden a tener más lechones nacidos vivos, lo que reduce la mortalidad por aplastamiento de los lechones (Pfeiffer *et al.*, 2019). En las búsquedas de la información de los SNPs en genes asociados a la fuerza en las patas se obtuvo un mayor número de genes (**Tabla 1**), dentro de los que se encontraron genes para los rasgos de síndrome de piernas abiertas, calidad de las patas delanteras, calidad de las patas traseras, solidez de las patas, postura y patas traseras débiles. Dichos resultados muestran la importancia en el estudio de estos rasgos para la selección de las futuras reproductoras. Un fuerte desequilibrio de ligamiento entre los genes *CALCR* y *COL1A2* y el haplotipo *-ACGACC-* se ha asociado significativamente ($p < 0.01$) con la acción general de las piernas y varios rasgos importantes de fuerza de las piernas (Fan *et al.*, 2009). Así mismo, se ha observado que la expresión de los genes *RAB32*, *HOMER1*, *JMY* e *ITGA1* puede conducir a problemas relacionados con el síndrome de piernas abiertas (Hao *et al.*, 2017).

Tabla 1. SNPs y genes relacionados con caracteres de conformación y fuerza de patas en cerdos. SSC: cromosoma *Sus scrofa*.

ID SNP	Posición (SSC:bp)	Nombre del gen	Raza	Rasgo	Referencia
ASGA0001519	1:21382287	<i>RAB32</i>	Duroc, Landrace, Yorkshire	PSL	Hao <i>et al.</i> (2017)
ALGA0014296	2:89825751	<i>HOMER1, JMY</i>	Landrace × Yorkshire	PSL	Hao <i>et al.</i> (2017)
MARC0006026	16:33866754	<i>ITGA1</i>	Duroc, Landrace, Yorkshire	PSL	Hao <i>et al.</i> (2017)
rs325197091	2:88206745	<i>HOMER1</i>	Tianzhong	PSL	Xu <i>et al.</i> , (2018)
rs81303888	3:97726517	<i>LRPPRC</i>	Landrace	CPD	Le <i>et al.</i> (2017)
rs81327648	6:54949995	<i>WRAP73</i>	Duroc	CPT	Le <i>et al.</i> (2017)
ss86352253	6:	<i>APOE</i>	Large White × Landrace	FL	Fan <i>et al.</i> (2009)
ss86352454	2:	<i>ADAMTS2, COL9A1</i>	Large White × Landrace	BD	Fan <i>et al.</i> (2009)
ss86352507	2:	<i>FGFR4</i>	Large White × Landrace	PT	Fan <i>et al.</i> (2009)
ss86352249	15:	<i>IHH, GNAS</i>	Large White × Landrace	PTD	Fan <i>et al.</i> (2009)

pb, pares de base; PSL, síndrome de piernas abiertas; CPD, calidad de las patas delanteras; CDT, calidad de las patas traseras; FL, solidez de las patas; BD, profundidad del cuerpo; PT, postura trasera; PTD, patas traseras débiles

Comportamiento productivo

El comportamiento productivo se considera como una de las características importante que determinan el éxito en los sistemas de producción rasgos como la ganancia de peso de la camada, número total de pezones, número de pezones no funcionales, número de pezones, número de pezones derechos y el número máximo de pezones en un lado, están influenciados por la variabilidad genómica. Si bien es conocido que la ganancia de peso permite reducir el tiempo en cada una de las etapas como lechón-transición-engorda, las características de los pezones y glándula mamaria juegan un papel relevante, particularmente durante las primeras semanas de vida.

Genes asociados con la ganancia diaria de peso

En el análisis de la información sobre este rasgo se encontró que el gen *CSTB* (cistatina B) está fuertemente asociado con el aumento de peso diario (Zumbo *et al.*, 2020). Así mismo un estudio realizado por Cai *et al.* (2022), demostró que los genes *MRAP2*, *LEPROT*, *PMAIP1*, *ENSSSCG00000036234*, *BMP2*, *ELFN1*, *LIG4* y *FAM155A* están asociados con el rasgo de ganancia diaria de peso en las razas Duroc, Landrace y Yorkshire. Por su parte Fontanesi *et al.* (2010), analizaron las importancia del gen *TRIB3* (homólogo 3 de Tribbles), y como este presenta un efecto sobre el crecimiento en los cerdos de las razas Large White y Duroc, dicho estudio mostro un SNP en

la posición 132pb dando como resultado un cambio de T > C y una mutación en la posición 146 pb resultando un cambio de C > T, estas variantes en este gen están asociadas con el tejido adiposo y el musculo esquelético, demostrando estar directamente involucrado con los rasgos de productividad. En cerdos cruzados de cuatro vías, el análisis GWAS (estudio de asociación del genoma completo) utilizando la secuenciación de fragmentos amplificados de locus específicos (SLAF-seq) se identificaron varios genes asociados a rasgos de crecimiento, incluidos *ATP5O*, *GHRHR*, *TRIM55*, *EIF2AK1*, *PLEKHA1*, *BRAP*, *COL11A2*, *HMGAI*, *NHLRC1*, *SGSM1*, *NFATC2*, *MAML1* y *PSD3* (Wang *et al.*, 2022b).

Número de pezones y producción de leche

Las glándulas mamarias pasan por una serie de etapas de desarrollo morfológicamente distintas, de modo que, al momento del nacimiento, cada glándula mamaria consta del pezón, una almohadilla de grasa organizada y dos conductos galactóforos separados, cada uno con algunas ramificaciones que se extienden hacia la almohadilla de grasa (Hurley, 2019). El número de pezones (NT) se correlaciona con el número de glándulas mamarias inducidas y mantenidas, al menos hasta la formación del pezón (Rohrer y Nonneman, 2017). Un estudio realizado por King *et al.*, (2003), demostró que un QTL cromosómico significativo ($p < 0.05$) ubicado cerca del

gen *SLIT2* en el brazo corto del cromosoma porcino 8 (SSC8) controla el número de pezones. Por otro lado, se estima que la heredabilidad (h^2) del número total de pezones funcionales varía de 0.36 a 0.42 alrededor de las 3 semanas de edad y a los 100 kg de peso vivo (Chalkias *et al.*, 2013). Mientras tanto, a los 100 kg de peso vivo, el h^2 de las ubres no funcionales es moderado (0.29) para las hembras y bajo (0.03) para los machos (Chalkias *et al.*, 2013). Un estudio realizado por Smith *et al.* (2022), informa que los genes *NUCB2*, *ANGPTL4* y *ACE* están asociados con el desarrollo temprano de la glándula mamaria en cerdas. Sin embargo, en la revisión y análisis de la información en cuanto a este rasgo se encontró que los pezones no funcionales pueden estar determinados por un lento crecimiento (Chalkias *et al.*, 2013), así mismo se encontró que el desarrollo de los pezones en las cerdas mejora durante la segunda camada (Farmer *et al.*, 2012). Por lo que, podemos decir que un mayor número de pezones mejora la productividad de las cerdas al aumentar la producción de leche.

Por otro lado se encontró que los SNPs de los genes *ANO3*, *MUC15*, *DISP3*, *FBXO6*, *CLCN6*, *HLA-DRA*,

SLA-DRB1, *SLA-DQB1* y *SLA-DQA1* están involucrados en el metabolismo de la lactosa, la inmunidad del calostro, la producción de proteína y grasa de la leche, así como en la interconversión de tetrahidrofolato (forma activa del ácido fólico), la termogénesis, la vía de señalización de la oxitocina y la vía de señalización de *cGMP-PKG* (Shi *et al.*, 2021), de acuerdo con la revisión de estos genes, podemos decir que estos están fuertemente asociados con la capacidad de producción de leche en las diferentes razas de cerdos, como se muestra en la **Tabla 2**. Además, se encontró que los genes *DPF3* y *NRP1*, están asociados con el número máximo de pezones en un flanco en cerdas de la raza Duroc (Li *et al.*, 2021), mientras que los genes *HEG1* y *XYLT1* están asociados con el NT en cerdas de la raza Yorkshire (Wei *et al.*, 2024). En la raza Duroc existe un efecto del 10 % del gen *VRTN*, asociado al número total de pezones (NT), representando el 100 % de la heredabilidad aditiva genómica (Bian *et al.*, 2021). Además, el SNP S7_97595973, localizado en el gen *ABCD4*, revela el 8.92 % de la varianza genética para los rasgos del número total de pezones (Hong *et al.*, 2021).

Tabla 2. SNPs y Genes con efecto en número de tetas. SSC: Cromosoma *Sus scrofa*.

ID SNP	Posición (SSC:bp)	Nombre del gen	Raza	Rasgo	Referencia
	7:103208408	<i>VRTN</i>	Large White	TN	Rohrer y Nonneman, (2017)
INRA0027601	7:96278617	<i>DPF3</i>	American Duroc	TN	Li <i>et al.</i> (2021)
S7_97595288	7: 97578184	<i>ABCD4</i>	Large White	TN	Hong <i>et al.</i> (2021)
S7_97578184	7:97690890	<i>VRTN</i>	Large White	TN	Hong <i>et al.</i> (2021)
S7_97595973	7:97595964	<i>ABCD4</i>	Large White	TN	Hong <i>et al.</i> (2021)
ASGA0019540	4:	--	Landrace	TN	Lopes <i>et al.</i> (2014)
ALGA0120076	12:	--	Landrace	TN	Lopes <i>et al.</i> (2014)
rs692640845	7:	<i>VRTN</i>	Duroc Canadienses	NFT	Zhuang <i>et al.</i> (2020)
MARC0029355	2:	<i>ANO3</i> , <i>MUC15</i>	Yorkshire	LWG	Shi <i>et al.</i> (2021)
WU_10.2_6_65751151	6:	<i>DISP3</i> , <i>FBXO6</i> , <i>CLCN6</i>	Yorkshire	LWG	Shi <i>et al.</i> (2021)
MARC0058875	7:	<i>HLA-DRA</i> , <i>SLA-DRB1</i> , <i>SLA-DQB1</i> , <i>SLA-DQA1</i>	Yorkshire	LWG	Shi <i>et al.</i> (2021)
ASGA0089631	10:56237188	<i>NRP1</i>	American Duroc	SLR	Li <i>et al.</i> (2021)
MARC0038565	7:97652632	<i>VRTN</i> , <i>SYNDIGIL</i>	American Duroc	MAX	Li <i>et al.</i> (2021)

pb, pares de bases; TN, Número total de pezones; NFT, Número de pezones no funcionales; LWG, Ganancia de peso de la camada; NT, Número de pezones; SLR, Número de pezones derechos; MAX, Número máximo de pezones en un lado.

Peso al nacimiento de los lechones

El análisis sistemático sobre este rasgo mostró que el peso al nacer se considera un rasgo poco relevante. Sin embargo, el peso de la camada y la suma de todos los lechones pueden presentar una h^2 más alta, que varía de 0.3 a 0.4 (Knol *et al.*, 2022). El peso al nacer y el índice de masa corporal de los lechones nacidos vivos muestran una correlación positiva con la supervivencia al destete ($p < 0.01$) (Rootwelt *et al.*, 2012). Mientras que la uniformidad de la camada (PU) está representada por el coeficiente de variación del peso al nacimiento (CVB) dentro de la camada, así como en el intervalo entre nacimientos (Wang *et al.*, 2017), estos pueden influir directamente en el rendimiento general de la camada (Tian *et al.*, 2016). Un estudio realizado por Klein *et al.* (2018), señala que las estimaciones de h^2 para los rasgos de calidad de la camada fueron 0.09 para la igualdad de la camada, 0.14 para la vitalidad de los lechones y 0.21 para el peso promedio al nacer de los lechones. Mientras que un estudio realizado por Tian *et al.* (2016), en cerdos Large White, informan que la h^2 para el CVB fue de 0.06, mientras que la h^2 para el peso total de la camada al nacer para esta raza fue de 0.17 que es ligeramente superior al CVB, mostrando una relación con la PU.

Con respecto a los genes asociados al peso al nacimiento de los lechones, se encontró que el gen

GLPIR influye en la homeostasis de la glucosa plasmática, mientras que los genes *AACS*, *APOB*, *OSBPL10* y *LRPIB* están implicados en el metabolismo y el transporte lipídicos materno-fetal durante la gestación (Wang *et al.*, 2016). Un estudio realizado por Teixeira *et al.* (2021), mediante análisis de RNA-seq identificó seis genes (*DEGs*): *IBSP*, *COL6A6*, *HBE1*, *HBZ*, *HBB* y *NEUROD*, que están directamente involucrados en la transición del desarrollo embrionario al fetal, incluyendo la osificación, el desarrollo del músculo esquelético, la organización de la matriz extracelular, el desarrollo del sistema cardiovascular, la diferenciación de eritrocitos y el desarrollo del sistema neuronal (Tabla 3). Así mismo Wang *et al.*, 2016), señalan la importancia del estudio de los genes ya estos pueden afectar la ingesta materna de nutrientes, el metabolismo energético y el transporte de nutrientes materno-fetal y como estos pueden influir en el desarrollo placentario y el crecimiento fetal. Lo que en última instancia resulta en variaciones de peso al nacimiento de los lechones ya que los factores genéticos fetales representan el 31% de la variación normal en peso y longitud al nacer (Lunde *et al.*, 2007). Otros genes identificados son *SLC25A24*, *PRMT6* y *STXBP3* los cuales presentan posibles efectos sobre el peso al nacimiento de los lechones en cerdos de la raza Yorkshire y Landrace de acuerdo con estudios realizado por Li *et al.* (2020).

Tabla 3. SNP y genes candidatos asociados con los cuatro rasgos de peso al nacer. SSC: cromosoma *Sus scrofa*.

ID SNP	Posición (SSC:bp)	Nombre del gen	Raza	Rasgo	Referencia
MARC0040730	1:108275560	<i>SMAD7</i> , <i>LIPG</i> , <i>ACAA2</i>	Large White	PU	Wang <i>et al.</i> (2017)
WU_10.2_3_11397857	3:11397857	<i>GTF2IRD1</i>	Large White	PU	Wang <i>et al.</i> (2017)
ASGA0013487	3:12121767	<i>LOC102157744</i>	Large White	PU	Wang <i>et al.</i> (2017)
MARC0019308	9: 25110615	<i>UBTF1</i>	Large White	PU	Wang <i>et al.</i> (2017)
ASGA0001774	1:26631978	<i>TNFAIP3</i>	DLY	BW	Zhang <i>et a.</i> (2021)
ALGA0021159	3:115678132	---	DLY	BW	Zhang <i>et a.</i> (2021)
ASGA0091894	10:15367300	<i>MAP1LC3C</i>	DLY	BW	Zhang <i>et a.</i> (2021)
ALGA0040570	7:	<i>GLPIR</i>	Pig of Suzhong	BWV	Wang <i>et al.</i> (2016)
ASGA0062412	14:	<i>AACS</i>	Pig of Suzhong	BWV	Wang <i>et al.</i> (2016)
ASGA0016323	3:	<i>APOB</i>	Pig of Suzhong	BWV	Wang <i>et al.</i> (2016)
ALGA0109619	13:	<i>OSBPL10</i>	Pig of Suzhong	BWV	Wang <i>et al.</i> (2016)
ASGA0068602	15:	<i>LRPIB</i>	Pig of Suzhong	BWV	Wang <i>et al.</i> (2016)
rs81476258	6:68258924	<i>EPHB2</i>	Duroc	LWB	Zhang <i>et al.</i> (2019)
rs332491771	14:1176591	<i>SEMA4D</i>	Duroc	LWB	Zhang <i>et al.</i> (2019)
rs81330557	6: 469 860	<i>SPATA33</i>	Yorkshire	LWB	Zhang <i>et al.</i> (2023)
rs81293800	8:38814862	<i>GABRA2</i> , <i>GABRA4</i>	Yorkshire	LWB	Zhang <i>et al.</i> (2023)

pb, pares de bases; PU, Uniformidad de la camada; BW, Peso corporal; BWV, Variabilidad del peso al nacer; LWB, Peso de la camada al nacer; DLY, Duroc $\times$ (Landrace $\times$ Yorkshire).

Como es bien sabido el acceso al calostro lo antes posible después del nacimiento es fundamental para la supervivencia de los lechones. Por lo tanto, se espera que los lechones con mayor tamaño al nacimiento posean mayores reservas corporales que puedan favorecer la vida del lechón hasta la ingesta de calostro dentro de la primera hora después del nacimiento. Así mismo, es importante mencionar que la ingesta de calostro se ve influenciada positivamente por el peso corporal y la raza porcina, al respecto Declerck *et al.* (2017), mencionan que el consumo promedio de calostro por lechón es de 371 ± 144 g. Además del consumo de calostro la vitalidad de los lechones se correlaciona negativamente con el tamaño de la camada (-0.68) y la tasa de mortalidad (-0.65) (Schodl *et al.*, 2019).

Reproductivo

La reproducción es clave en los sistemas de producción, por lo que rasgos como el número total de lechones lactantes, número de nacidos vivos, número total de nacidos y el tamaño de camada y la expresión de sus genes (Tabla 4) son considerados como los componentes que determina la eficiencia reproductiva y en paralelo el éxito de las granjas. Una alta capacidad reproductiva permite obtener un mayor número de crías por parto y por año, lo que resulta en una mayor eficiencia de la producción porcina. Este proceso está regulado por múltiples factores fisiológicos, ambientales y genéticos, que intervienen desde el inicio de la pubertad hasta el parto y la lactancia.

Genes vinculados a la reproducción

A través de los años se han producido cambios en la fertilidad de los cerdos como resultado de la domesticación. Sin embargo, aún no se comprenden completamente la variación genética (Li *et al.*, 2017), dada su participación en el desarrollo embrionario, es esencial una comprensión más profunda de la variación genética para mejorar la calidad embrionaria y, en consecuencia, la fertilidad (Jurisicova y Acton, 2004). Lan *et al.* (2023) señala que los genes *GLP1R*, *NFYA*, *NANOG*, *COX7A2*, *BMP1B*, *FOXPI*, *SLC29A1*, *CNTNAP4* y *KIT* desempeñan un papel importante en la morfogénesis esquelética, la condrogénesis, la obesidad y el desarrollo embrionario y fetal. Por otro lado, en cerdos nativos Puławska, un SNPs en el gen *PRL* (prolactina) está asociado con un mayor cuidado maternal en cerdas homocigotas (genotipo Ins/Ins 2.47 ± 0.48), mientras que las cerdas con genotipo Del/Del (3.54 ± 0.61 puntos) exhiben un menor cuidado maternal (Babicz *et al.*, 2017). El manejo y la nutrición juegan un papel crucial en las interacciones genotipo-ambiente, se cree que existe una relación entre las dietas de alimentación que dan como resultado una ingesta energética que excede las necesidades de mantenimiento y la mortalidad

embrionaria (Leal *et al.*, 2019). La arginina puede regular la activación del genoma cigótico (ZGA) bajo restricción nutricional en embriones porcinos al promover la síntesis de poliaminas (Zhang *et al.*, 2022).

En los cerdos de la raza Taihu, la activación alterada por el gen *ESR1* (receptor de estrógeno tipo I) regula la expresión del gen *BMP1B* (receptor de proteína morfogenética ósea tipo 1B) (Li *et al.*, 2017). El haplotipo específico de Taihu puede afectar la expresión de ARNm y proteína en el endometrio, aumentando el número de glándulas endometriales, con un aumento estimado del tamaño de la camada de 0.4~1 en los cerdos Taihu debido al efecto del gen *BMP1B* (Zhang *et al.*, 2018). Un estudio realizado por Derks *et al.* (2019), en las razas Landrace y Duroc identificaron una mutación causal g.43952776 la que corresponde a un cambio de T > G, estas mutaciones causan dos variantes del sitio de empalme (que afectan a los genes *POLR1B* y *TADA2A*), un cambio de marco (URB1) y una variante sin sentido (PNKP), lo que resulta en una pérdida completa de la función en estos genes y con ello la reducción de la fertilidad en estas razas.

Tamaño de la camada

El tamaño de la camada (prolificidad) es un rasgo deseable en producción, ya que aumenta el número de lechones disponibles para la venta. Sin embargo, un aumento del tamaño de la camada se asocia con una disminución del peso al nacer de los lechones y, en consecuencia, a una mayor tasa de mortalidad de los lechones (Klein *et al.*, 2018). A medida que aumenta el tamaño de la camada, también debe aumentar el número de ubres para proporcionar nutrición a todos los lechones (Chalkias *et al.*, 2013; Rohrer y Nonneman, 2017). Sin embargo, la h^2 de los efectos maternos puede ser insignificante, y la varianza de los efectos ambientales suele ser permanente (0 a 18% de la variación fenotípica). Por lo que, no existe un efecto materno sobre el tamaño de la camada (Pérez y Gianola, 1992). Por otro lado, se ha demostrado que la depresión endogámica, basada en el coeficiente de endogamia, resulta en una reducción de -12.33 ± 2.29 lechones nacidos por camada, lo que resulta en una disminución de -1.23 lechones nacidos por cada 10% de aumento en la endogamia (Vitezica *et al.*, 2018).

La prolificidad está vinculada a la tasa de ovulación; sin embargo, una correlación entre la mortalidad embrionaria y la tasa de ovulación sugiere un posible efecto de regresión (Bolet *et al.*, 1986). En cerdos de las razas Landrace Finnish y Large White, los rasgos de prolificidad están correlacionados (0.13) genéticamente con la esperanza de vida productiva y la prolificidad a lo largo de la vida (Serenius y Stalder, 2004). Un estudio realizado por Ding *et al.* (2022),

identificó 10 genes candidatos (*CAVI*, *DAB2*, *FGF12*, *FHOD3*, *DYNC2H1*, *GRHL1*, *TCTN3*, *PYROXD2*, *MMP8*, *MMP13* y *PGR*), junto con 13 SNPs pleiotrópicos que influyen en múltiples características de camada en cerdos Duroc.

En cerdos italianos de la raza Large White, se identificaron dos marcadores polimórficos con frecuencias alélicas menores que oscilaron entre 0.10 en el gen *AFP* (Alpha-fetoprotein) y 0.48 para el gen *RBP4* (Retinol Binding protein 4), así como los genes *BMPR1B*, *CXCL10*, *ESR2*, *GNRHR* y *MAN2B2* asociados con las características del tamaño de la camada (Dall'Olio *et al.*, 2010). Por otro lado, un estudio realizado por Terman y Kumalska (2012), identificaron dos alelos diferentes del gen *ESR* con la frecuencia del alelo A de 0.71 y el alelo B de 0.29, además reportan las diferencias significativas ($p < 0,01$) para el genotipo BB presentando un mayor tamaño de camada en esta raza. Así mismo, en un estudio realizado por Zhao *et al.* (2019), identificaron ocho genes *INHBA*, *LEPR*, *HDHD2*, *CTNND2*, *RNF216*, *HMX1*, *PAPPA2* y *NTN1* que están relacionados con las características de la camada ya que estos genes están involucrados en el metabolismo y la tasa de ovulación de los cerdos. Mientras que un estudio de genotipado en cerdos de la raza Landrace y Large White identificó los genes *FBXL7*, *ALDH1A2*, *LEPR* y *DDX* los cuales se encuentran asociados con rasgos de camada en diferentes paridades, teniendo un efecto en la progresión del desarrollo embrionario (Wu *et al.*, 2018b).

Calidad de la canal y de la carne

La calidad de la canal y de la carne es un criterio clave en la industria porcina, ya que determina en gran medida el valor comercial del animal y la aceptación de los productos por parte del consumidor. Este conjunto de características incluye variables como la profundidad del músculo del lomo, el porcentaje de carne magra, el crecimiento, la canal, altura del cuerpo, la longitud del cuerpo, y la proporción ósea, huesos de las piernas y el espesor de la grasa dorsal. Por lo que se espera que una mayor eficiencia en el rendimiento.

Genes asociados con el tamaño de la canal

En la industria porcina, los esfuerzos se centran en mejorar el rendimiento de la canal para satisfacer las demandas del mercado, atendiendo las preferencias tanto por carnes marmoleadas como carnes magras. La longitud de la canal es un mal indicador de la cantidad de chuletas de lomo de igual grosor que se pueden obtener a partir de un lomo de cerdo deshuesado (Becerril *et al.*, 2009). Además, el SNP rs320706814, ubicado aproximadamente 123 kb del gen *BMP2* (Bone Morphogenetic Protein 2), es la mutación causal candidata más fuertemente asociada con la longitud de la canal en cerdos Duroc × (Landrace × Yorkshire) (Li *et al.*, 2021). Los genes *DOK7*, *ARAPI* y *SLC13A3* (Tabla 5), se han asociado previamente con la profundidad del músculo de lomo en la raza Duroc (Ding *et al.*, 2022).

Tabla 4. SNP y genes candidatos asociados a las características de la camada. SSC: cromosoma *Sus scrofa*.

ID SNP	Posición (SSC:bp)	Nombre del gen	Raza	Rasgo	Referencia
rs81356596	2:29795889	--	Yorkshire	TNSP	Uzzaman <i>et al.</i> (2018)
rs81447100	13:88653330	--	Erhualian	NBA	Ma <i>et al.</i> (2018)
rs81330557	6:469860	<i>SPATA33</i>	Yorkshire	NBA	Zhang <i>et al.</i> , (2023)
--	1:84060730	<i>FOXO3</i>	Yorkshire, Landrace	NBA	Wu <i>et al.</i> (2018a)
--	1:113925836	<i>ALDH1A2</i>	Yorkshire	NBA	Wu <i>et al.</i> (2018b)
--	16:5197665 y	<i>FBXL7</i>	Yorkshire	TNB, NBA	Wu <i>et al.</i> (2018b)
--	16:5206457				
ASGA0100031	1: 96673697	<i>HDHD2</i>	Yorkshire, Landrace	TNB, NBA	Zhao <i>et al.</i> (2022)
rs80979178	14:21826839	<i>CLCN3</i>	Yorkshire	TNB	Zhang <i>et al.</i> (2023)
rs81393707	6:147556506	<i>CLIC1</i>	Yorkshire	TNB	Zhang <i>et al.</i> (2023)
rs81393705	6:147582955	<i>ZFYVE9</i>	Yorkshire	TNB	Zhang <i>et al.</i> (2023)
rs336638152	5:9006723	<i>TXN2</i>	Duroc	LS	Zhang <i>et al.</i> (2019)
rs81318862	6:76074229	<i>ENSSSCG00000003546</i>	Duroc	LS	Zhang <i>et al.</i> (2019)
rs329711941	6:77726418	<i>ZDHHC18</i>	Duroc	LS	Zhang <i>et al.</i> (2019)

pb, pares de bases; TNSP, Número total de lechones lactantes; NBA, Número de nacidos vivos; TNB, número total de nacidos; LS, Tamaño de camada.

Tabla 5. SNPs y genes candidatos asociados a los caracteres de crecimiento y canal. SSC: cromosoma *Sus scrofa*.

ID SNP	Posición (SSC: inicio - final)	Nombre del gen	Raza	Rasgo	Referencia
--	8: 2113824-2538785	<i>DOK7</i>	Duroc	LMD	Ding <i>et al.</i> (2022)
--	9: 7165800-7643984	<i>ARAP1</i>	Duroc	LMD	Ding <i>et al.</i> (2022)
--	17: 48234481-48714245	<i>SLC13A3</i>	Duroc	LMP	Ding <i>et al.</i> (2022)
rs331255072	7:30302467	<i>HMGAI</i>	Bama Xiang	GRO	Gong <i>et al.</i> (2019)
rs339529341	X:121189410	<i>AFF2</i>	Bama Xiang	CARC	Gong <i>et al.</i> (2019)
--	7:31539932-31541378	<i>FKBP5</i>	Large White × Min pig	BH, BL y BR	Zong <i>et al.</i> , (2023)
rs0700777	7:30235367	<i>HMGAI</i>	Hybrid pigs	LB	Xie <i>et al.</i> , (2023)
g.219AA	--	<i>TBC1D1</i>	Large White	BFT	Fontanesi <i>et al.</i> (2011)

LMD, Profundidad del músculo del lomo; LMP, Porcentaje de carne magra; GRO, Crecimiento; CARC, Canal; BH, altura del cuerpo; BL, Longitud del cuerpo; BR, Proporción ósea; LB, Huesos de las piernas; BFT, Espesor de la grasa dorsal.

Genes relacionados con el metabolismo de la grasa y carne

Diversos genes participan en la regulación del metabolismo de la grasa, en la presente revisión se encontró que las regiones genómicas de *SSC4*, *SSC8* y *SSC16* están asociadas con el metabolismo de los ácidos grasos en un cruce de Iberian × Landrace (Ramayo *et al.*, 2012), mientras que *SSC5* está relacionada con la composición de ácidos grasos en la grasa perirrenal y dorsal en un jabalí japonés cruzado con Large White (Nii *et al.*, 2006), las regiones *SSC1* y *SSC15* están asociadas con puntos de fusión más altos de la grasa, mientras que *SSC2* está relacionada con puntos de fusión más bajos (Liu *et al.*, 2007). Por otro lado, una mutación en el gen *MSTN* (miostatina porcina) se asocia con aumentos significativos en la profundidad muscular y disminuciones en la profundidad de la grasa, lo que sugiere que el alelo deletéreo se mantiene en una frecuencia moderada (frecuencia alélica, $q = 0.22$) debido a la ventaja de la heterocigosidad (Matika *et al.*, 2019). Wang *et al.* (2022a), señalan que el gen *COL21A1* (Collagen Type XXI Alpha 1 Chain) codifica proteínas que desempeñan un papel importante en la deposición de grasa dorsal del cerdo al influir en la remodelación de la matriz extracelular (ECM). Se ha identificado el SNP rs1112937671 en el gen *COL21A1*, tiene un efecto significativo en el espesor de la grasa dorsal con niveles de genómica de Bonferroni del 1% y el 10%, respectivamente en cerdos cruza de machos (Duroc × Saba) con hembras (Yorkshire × (Landrace × Saba) (Wang *et al.*, 2022a).

En cerdos Large White, una mutación puntual (G > C) en el gen *CTSF* (cathepsina F porcina) está asociada con la calidad de la carne (Russo *et al.*, 2003), mientras que los genes *TNC*, *ITGA5*, *ITGA11*, *THBS3* y *CD44* juegan un papel clave en la regulación de la variabilidad de la pérdida por goteo en la carne de

cerdo de la raza Duroc (Zhao *et al.*, 2019). Así mismo en la presente revisión se encontró, que la alta expresión de los genes *ACACA*, *ACP* y *FASN* en el músculo *Longissimus dorsi* se asocia con un aumento de los ácidos grasos araquidónico y eicosapentaenoico ácidos grasos esenciales y de alto valor biológico en cerdos Landrace × Yorkshire (Lemus *et al.*, 2020). Por otro lado, en los cerdos Pelón mexicano, los genes *ACACA* y *SREBP1* mostraron una menor expresión en el músculo *Longissimus dorsi* y la grasa dorsal ($p < 0.001$), lo que se correlaciona con un menor contenido de grasa en la canal, lo cual podría ser una característica importante dentro de la industria cárnica (Dzib *et al.*, 2021).

CONCLUSIONES

La revisión de análisis de genes y mutaciones en características morfológicas, comportamiento productivo y reproductivo, calidad de la canal y carne en razas porcinas mostró, la importancia de su identificación y el efecto directo que estos genes tienen sobre las variables de interés productivo, por lo que los resultados pueden considerarse para la selección de las futuras generaciones de razas de cerdos. La aplicación de herramientas de genotipado ha permitido la generación de información similar a la evolución, con una visión de selección más precisa basada en marcadores genéticos, con el potencial de optimizar caracteres clave en la industria porcina. Además, sigue siendo esencial mejorar y refinar los métodos de selección, así como conservar las razas nativas como recursos genéticos valiosos, fomentando la resiliencia en respuesta a los cambios evolutivos sutiles impulsados por la selección humana.

Funding. This research received no external funding.

Conflict of interest. The authors declare no conflicts of interest.

Compliance with ethical standards. It does not apply.

Data availability. Data is available from Dr. D. Dzib-Cauich and W. Hernandez-Montiel (corresponding author: upon request)

Author contribution statement (CRediT). **D.A. Dzib-Cauich** – Conceptualization, investigation, writing review and editing., **W. Hernandez-Montiel** – Conceptualization, investigation, Methodology, writing – original draft, writing review and editing., **N.N. Cob-Calan** – Visualization., **V. Meza-Villalvazo** – Conceptualization, visualization., **A. Osorio-Terán** – Conceptualization, visualization, writing review and editing., **J. Abad-Zavaleta** – Conceptualization, visualization.

REFERENCES

- Babicz, M., Szyndler, M., Kasprzyk, A. and Kropiwek, K., 2017. Analysis of maternal traits in native Puławska sows of known Genoty Pe (INS/DEL) at the PRL locus. *Annals of Animal Science*, 17, pp. 131-142. <https://doi.org/10.1515/aoas-2016-0069>
- Becerril, M., Lemus, C., Herrera, J.G., Huerta, M., Alonso, M., Ramirez, R.; Mota, D. and Ly, J., 2009. Studies on growth of Pelón Mexicano pigs: Effect of rearing conditions on carcass traits and meat quality. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 8, pp. 202-207. <http://dspace.uan.mx:8080/jspui/handle/123456789/171>
- Belkova, J. and Rozkot, M., 2022. Gilt rearing impacts on sow performance and longevity – a review. *Journal of Swine Health and Production*, 30, pp. 10-16. <https://doi.org/10.54846/jshap/1254>
- Bian, C., Prakapenka, D., Tan, C., Yang, R., Zhu, D., Guo, X. and Hu, X., 2021. Haplotype genomic prediction of phenotypic values based on chromosome distance and gene boundaries using low-coverage sequencing in Duroc pigs. *Genetics Selection Evolution*, 53, pp. 1-19. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00661-y>
- Bolet, G., Martinat, F., Locatelli, A., Gruand, J., Terqui, M. and Berthelot, F., 1986. Components of prolificacy in hyperprolific Large White sows compared with the Meishan and Large White breeds. *Genetics Selection Evolution*, 18, pp. 333-342. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-18-3-333>
- Bovo, S., Ribani, A., Muñoz, M., Alves, E., Araujo, J. P., Bozzi, R., Čandek, M., Charneca, R., Di Palma, F., Etherington, G., Fernandez, A.I., García, F., García, J., Karolyi, D., Gallo, M., Margeta, V., Martins, J.M., Mercat, M.J., Moscatelli, G., Nuñez, Y., Quintanilla, R., Radović, Č., Razmaite, V., Riquet, J., Savić, R., Schiavo, G., Usai, G., Utzeri, V., Zimmer, C., Ovilo, C. and Fontanesi, L., 2020. Whole-genome sequencing of European autochthonous and commercial pig breeds allows the detection of signatures of selection for adaptation of genetic resources to different breeding and production systems. *Genetics Selection Evolution*, 52, pp. 1-19. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00553-7>
- Cai, Z., Christensen, O.F., Lund, M.S., Ostensen, T. and Sahana, G., 2022. Large-scale association study on daily weight gain in pigs reveals overlap of genetic factors for growth in humans. *BMC Genomics*, 23, pp. 1-13. <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08373-3>
- Chalkias, H., Rydhmer, L. and Lundeheim, N., 2013. Genetic analysis of functional and non-functional teats in a population of Yorkshire pigs. *Livestock Science*, 152, pp. 127-134. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2013.01.003>
- Dall'Olio, S., Fontanesi, L., Tognazzi, L., Russo, V., 2010. Genetic structure of candidate genes for litter size in Italian Large White pigs. *Veterinary Research Communications*, 34, pp. S203–S206. <https://link.springer.com/article/10.1007/s11259-010-9380-7>
- Declerck, I., Sarrazin, S., Dewulf, J. and Maes, D., 2017. Sow and piglet factors determining variation of colostrum intake between and within litters. *Animal* 11: 1-8. <https://doi.org/10.1017/S1751731117000131>
- Derks, M.F. L., Gjuvsland, A.B., Bosse, M., Lopes, M.S., Van Son, M., Harlizius, B., Tan, B.F., Hamland, H., Grindflek, E., Groenen, M.A. M. and Megens, H.J., 2019. Loss of function mutations in essential genes cause embryonic lethality in pigs. *PLoS Genetics*, 15, pp. 1-22. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008055>
- Ding, R., Zhuang, Z., Qiu, Y., Wang, X., Wu, J., Zhou, S., Ruan, D., Xu, C., Hong, L., Gu, T., Zheng, E., Cai, G., Huang, W., Wu, Z. and Yang, J.,

2022. A composite strategy of genome-wide association study and copy number variation analysis for carcass traits in a Duroc pig population. *BMC Genomics*, 23, pp. 1-16. <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08804-1>
- Driscoll, C. A., Macdonald, D.W. and O'Brien, S.J., 2009. From wild animals to domestic pets, an evolutionary view of domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106, pp. 89-109. <https://doi.org/10.1073/pnas.090158610>
- Dzib, C.D.A., Sierra, V.Á.C., Lemus, F.C., Bugarín, P.J.O., Grageola, N.F.G., Segura, C.J.C. and Moo, H.V.M., 2021. Effects of moringa oleifera and brosimum alicastrum partial feed substitution in intramuscular fat and adipose tissues and on the expression of lipogenic genes of Mexican hairless pigs. *Austral Journal of Veterinary Sciences*, 53, pp. 153-160. <https://doi.org/10.4067/S0719-81322021000300153>
- Ellen, E.D., Bas, T., Albers, G.A.A., Bolhuis, J.E., Camerlink, I., Duijvesteijn, N., Knol, E.F., Muir, W.M., Peeters, K., Reimert, I., Sell, E., van Arendonk, J.A.M., Visscher, J. and Bijma, P., 2014. The prospects of selection for social genetic effects to improve welfare and productivity in livestock. *Frontiers in Genetics*, 5, pp. 1-14. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00377>
- Elshire, R.J., Glaubitz, J.C., Sun, Q., Poland, J.A., Kawamoto, K., Buckler, E.S. and Mitchell, S. E., 2011. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. *PLoS ONE* 6: 1-10. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019379>
- Falconer, D.S., 1996. Introduction to Quantitative Genetics. In D. S. Falconer (Ed.), *Principles of Plant Genetics and Breeding* (3rd ed.). <https://doi.org/10.1002/9781118313718.ch4>
- Fan, B., Onteru, S.K., Mote, B.E., Serenius, T., Stalder, K.J. and Rothschild, M.F., 2009. Large-scale association study for structural soundness and leg locomotion traits in the pig. *Genetics Selection Evolution*, 41, pp. 1-9. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-14>
- Farmer, C., Palin, M.F., Theil, P.K., Sorensen, M.T. and Devillers, N., 2012. Milk production in sows from a teat in second parity is influenced by whether it was suckled in first parity. *Journal of Animal Science*, 90, pp. 3743-3751. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5127>
- Fontanesi, L., Colombo, M., Tognazzi, L., Scotti, E., Buttazzoni, L., Dall'Olio, S., Davoli, R. and Russo, V., 2011. The porcine TBC1D1 gene: Mapping, SNP identification, and association study with meat, carcass and production traits in Italian heavy pigs. *Molecular Biology Reports*, 38, pp. 1425-1431. <https://doi.org/10.1007/s11033-010-0247-3>
- Fontanesi, L., Colombo, M., Scotti, E., Buttazzoni, L., Bertolini, F., Dall'Olio, S., Davoli, R. and Russo, V., 2010. The porcine tribbles homolog 3 (TRIB3) gene: Identification of a missense mutation and association analysis with meat quality and production traits in Italian heavy pigs. *Meat Science*, 86, pp. 808-813. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.07.001>
- Fontanesi, L., Scotti, E., Buttazzoni, L., Dall'Olio, S., Davoli, R., and Russo, V., 2010. A single nucleotide polymorphism in the porcine cathepsin K (CTSK) gene is associated with back fat thickness and production traits in Italian Duroc pigs. *Molecular Biology Reports* 37: 491-495. <https://doi.org/10.1007/s11033-009-9678-0>
- Gong, H., Xiao, S., Li, W., Huang, T., Huang, X., Yan, G., Huang, Y., Qiu, H., Jiang, K., Wang, X., Zhang, H., Tang, J., Li, L., Li, Y., Wang, C., Qiao, C., Ren, J., Huang, L. and Yang, B., 2019. Unravelling the genetic loci for growth and carcass traits in Chinese Bamaxiang pigs based on a 1.4 million SNP array. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 136, pp.1-12. <https://doi.org/10.1111/jbg.12365>
- Hao, X., Plastow, G., Zhang, C., Xu, S., Hu, Z., Yang, T., Wang, K., Yang, H., Yin, X., Liu, S., Wang, Z., Wang, Z. and Zhang, S., 2017. Genome-wide association study identifies candidate genes for piglet splay leg syndrome in different populations. *BMC Genetics*, 18, pp. 1-8. <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0532-4>
- Hong, Y., Ye, J., Dong, L., Li, Y., Yan, L., Cai, G., Liu, D., Tan, C. and Wu, Z., 2021. Genome-Wide Association Study for Body Length, Body Height, and Total Teat Number in Large White Pigs. *Frontiers in Genetics*, 12, pp.1-10. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.650370>

- Hurley, W.L., 2019. Review: Mammary gland development in swine: Embryo to early lactation. *Animal*, 13, pp. S11-S19. <https://doi.org/10.1017/S1751731119000521>
- Juriscova, A. and Acton, B.M., 2004. Deadly decisions: The role of genes regulating programmed cell death in human preimplantation embryo development. *Reproduction*, 128, pp. 281–291. <https://doi.org/10.1530/rep.1.00241>
- King, A.H., Jiang, Z., Gibson, J.P., Haley, C.S. and Archibald, A.L., 2003. Mapping quantitative trait loci affecting female reproductive traits on porcine chromosome 8. *Biology of Reproduction*, 68, pp. 2172–2179. <https://doi.org/10.1095/biolreprod.102.012955>
- Klein, S., Brandt, H.R. and König, S., 2018. Genetic parameters and selection strategies for female fertility and litter quality traits in organic weaner production systems with closed breeding systems. *Livestock Science*, 217, pp. 1–7. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.09.004>
- Knol, E.F., Van, D. and Zak, L.J., 2022. Genetic aspects of piglet survival and related traits: a review. *Journal of Animal Science*, 100, pp. 1–9. <https://doi.org/10.1093/jas/skac190>
- Lan, Q., Deng, Q., Qi, S., Zhang, Y., Li, Z., Yin, S., Li, Y., Tan, H., Wu, M., Yin, Y., He, J. and Liu, M., 2023. Genome-wide association analysis identified variants associated with body measurement and reproduction traits in shaziling pigs. *Genes*, 14, pp. 522. <https://doi.org/10.3390/genes14020522>
- Le, H.T., Nilsson, K., Norberg, E. and Lundeheim, N., 2015. Genetic association between leg conformation in young pigs and sow reproduction. *Livestock Science*, 178, pp. 9–17. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2015.05.025>
- Le, T.H., Christensen, O.F., Nielsen, B. and Sahana, G., 2017. Genome-wide association study for conformation traits in three Danish pig breeds. *Genetics Selection Evolution*, 49, pp. 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0289-2>
- Leal, D.F., Muro, B.B.D., Nichi, M., Almond, G.W., Viana, C.H. C., Vioti, G., Carnevale, R.F. and Garbossa, C. A. P., 2019. Effects of post-insemination energy content of feed on embryonic survival in pigs: A systematic review. *Animal Reproduction Science*, 205, pp. 70–77. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2019.04.005>
- Lemus, A.G., Lemus, F.C., Bugarín, P.J.O., Grageola, Ñ.F., Ayala, V.M.A., Duifhuis, R.T., Moo, H.V.M. and Dzib, C.D., 2020. Effect of diets with avocado meal on lipids in muscle, antioxidants and gene expression in finished pigs. *Revista Bio Ciencias*, 7, pp. 1–18. <https://doi.org/10.15741/revbio.07.e968>
- Li, J., Peng, S., Zhong, L., Zhou, L., Yan, G., Xiao, S., Ma, J. and Huang, L., 2021. Identification and validation of a regulatory mutation upstream of the BMP2 gene associated with carcass length in pigs. *Genetics Selection Evolution*, 53, pp. 1–13. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00689-0>
- Li, W., Zhang, M., Li, Q., Tang, H., Zhang, L., Wang, K., Zhu, M., Lu, Y., Bao, H., Zhang, Y., Li, Q., Wu, K. and Wu, C., 2017. Whole-genome resequencing reveals candidate mutations for pig prolificacy. *Proceedings: Biological Sciences*, 284, pp. 1–9. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2017.2437>
- Li, Y., Li, B., Yang, M., Han, H., Chen, T., Wei, Q., Miao, Z., Yin, L., Ran Wang, R., Shen, J., Li, X., Xu, X., Fang, M. and Zhao, S., 2020. Genome-Wide Association Study and Fine Mapping Reveals Candidate Genes for Birth Weight of Yorkshire and Landrace Pigs. *Frontier in Genetic*, 11, pp. 1–10. <http://dx.doi.org/10.3389/fgene.2020.00183>
- Li, Y., Pu, L., Shi, L., Gao, H., Zhang, P., Wang, L. and Zhao, F., 2021. Revealing New Candidate Genes for Teat Number Relevant Traits in Duroc Pigs Using Genome-Wide Association Studies. *Animals*, 11, pp. 1–11. <https://doi.org/10.3390/ani11030806>
- Liu, G., Jennen, D.G. J., Tholen, E., Juengst, H., Kleinwächter, T., Hölker, M., Tesfaye, D., Ün, G., Schreinemachers, H.J., Murani, E., Ponsuksili, S., Kim, J.J., Schellander, K. and Wimmers, K., 2007. A genome scan reveals QTL for growth, fatness, leanness and meat quality in a Duroc-Pietrain resource population. *Animal Genetics*, 38, pp. 241–252. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01592.x>
- Lopes, M.S., Bastiaansen, J.W.M., Harlizius, B., Knol, E.F. and Bovenhuis, H., 2014. A genome-

- wide association study reveals dominance effects on number of teats in pigs. *PLoS ONE*, 9, pp. 1-8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0105867>
- Lunde, A., Melve, K.K., Gjessing, H.K., Skjærven, R. and Irgens, L. M., 2007. Genetic and environmental influences on Birth Weight, Birth Length, Head Circumference, and Gestational Age by Use of Population-based Parent-Offspring Data. *American Journal of Epidemiology*, 165, pp. 734-741. <https://doi.org/10.1093/aje/kwk107>
- Ma, X., Li, P.H., Zhu, M.X., He, L.C., Sui, S.P., Gao, S., Su, G.S., Ding, N.S., Huang, Y., Lu, Z.Q., Huang, X.G. and Huang, R.H., 2018. Genome-wide association analysis reveals genomic regions on Chromosome 13 affecting litter size and candidate genes for uterine horn length in Erhualian pigs. *Animal*, 12, pp. 1-9. <https://doi.org/10.1017/S1751731118000332>
- Matika, O., Robledo, D., Pong, R., Bishop, S.C., Riggio, V., Finlayson, H., Lowe, N.R., Hoste, A.E., Walling, G.A., del Pozo, J., Archibald, A.L., Woolliams, J.A. and Houston, R.D., 2019. Balancing selection at a premature stop mutation in the myostatin gene underlies a recessive leg weakness syndrome in pigs. *PLoS Genetics*, 15, pp.1-15. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1007759>
- Millar, J. and Connell, J., 2010. Strategies for scaling out impacts from agricultural systems change: The case of forages and livestock production in Laos. *Agriculture and Human Values*, 27, pp. 213-225. <https://doi.org/10.1007/s10460-009-9194-9>
- Murray, J.D., 1999. Genetic modification of animals in the next century. *Theriogenology*, 51, pp. 149-159. [https://doi.org/10.1016/S0093-691X\(98\)00238-6](https://doi.org/10.1016/S0093-691X(98)00238-6)
- Nii, M., Hayashi, T., Tani, F., Niki, A., Mori, N., Fujishima, N., Komatsu, M., Aikawa, K., Awata, T. and Mikawa, S., 2006. Quantitative trait loci mapping for fatty acid composition traits in perirenal and back fat using a Japanese wild boar x Large White intercross. *Animal Genetics*, 37, pp. 342-347. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01485.x>
- Nosil, P., Feder, J.L. and Gompert, Z., 2021. Biodiversity, resilience and the stability of evolutionary systems. *Current Biology*, 31, pp. R1149-R1153. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.01.022>
- OECD/FAO 2021. Perspectivas Agrícolas 2021 2030,<https://www.oecd.org/es/publications/ocde-fao-perspectivas-agricolas-2021-2030_47a9fa44-es.html> Accessed on: June 15, 2025 <https://doi.org/10.1787/47a9fa44-es>.
- Perez, E. M. and Gianola, D., 1992. Estimates of genetic parameters for litter size in six strains of Iberian pigs. *Livestock Production Science*, 32, pp. 283-293. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(12\)80007-8](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(12)80007-8)
- Pfeiffer, C., Fuerst, B., Schodl, K. and Knapp, P., 2019. Genetic analysis of feet and leg conformation and proportion of crushed piglets in austrian large white and landrace sows. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*, 67, pp. 1213-1219. <https://doi.org/10.11118/actaun201967051213>
- Prieto, M.S. and Rumbo-Prieto, J.M., 2018. The systematic review: Plurality of approaches and methodologies. *Enfermería Clínica*, 28, pp. 387-393. <https://doi.org/10.1016/j.enfcli.2018.08.008>
- Ramayo, C.Y., Mercadé, A., Castelló, A., Yang, B., Rodríguez, C., Alves, E., Díaz, I., Ibáñez, N., Noguera, J.L., Pérez, M., Fernández, A.I. and Folch, J. M., 2012. Genome-wide association study for intramuscular fatty acid composition in an Iberian x Landrace cross. *Journal of Animal Science*, 90, pp. 2883-2893. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4900>
- Ritchie, C.H., Hossain, M.M. and Bhuiyan, A.K.F.H., 2014. Phenotypic and morphological characterization and reproduction attributes of native pigs in Bangladesh. *Animal Genetic Resources*, 54, pp. 1-9. <https://doi.org/10.1017/S207863361400006X>
- Rodriguez, V.R., Maffioly, J.I., Zdanovicz, L.A., Fabre, R.M., Barrandeguy, M.E., García, M.V. and Lagadari, M., 2022. Genetic diversity of meat quality related genes in Argentinean pigs. *Veterinary and Animal*

- Science*, 15, pp. 1-10.
<https://doi.org/10.1016/j.vas.2022.100237>
- Rohrer, G.A. and Nonneman, D.J., 2017. Genetic analysis of teat number in pigs reveals some developmental pathways independent of vertebra number and several loci which only affect a specific side. *Genetics Selection Evolution*, 49, pp. 1-11.
<https://doi.org/10.1186/s12711-016-0282-1>
- Rootwelt, V., Reksen, O. and Framstad, T., 2012. Production traits of litters in 2 crossbred duroc pig lines. *Journal of Animal Science*, 90, pp. 152-158.
<https://doi.org/10.2527/jas.2011-3851>
- Russo, V., Davoli, R., Nanni, L., Fontanesi, L., Baiocco, C., Buttazzoni, L., Galli, S. and Virgili, R., 2003. Association of the CTSB, CTSF and CSTB genes with growth, carcass and meat quality traits in heavy pigs. *Italian Journal of Animal Science*, 2, pp. 67-69.
<<https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.4081/ijas.2003.11675917>> Accessed on: Dicembre 28, 2024
- Salek, S., Jafarikia, M., Sargolzaei, M., Sullivan, B. and Miar, Y., 2021. Genomic Prediction of Average Daily Gain, Back-Fat Thickness, and Loin Muscle Depth Using Different Genomic Tools in Canadian Swine Populations. *Frontiers in Genetics*, 12, pp. 1-13.
<https://doi.org/10.3389/fgene.2021.665344>
- Schodl, K., Revermann, R., Winckler, C., Fuerst, B., Leeb, C., Willam, A., Knapp, P. and Pfeiffer, C., 2019. Assessment of piglet vitality by farmers-validation of a scoring scheme and estimation of associated genetic parameters. *Animals*, 9, pp. 1-9.
<https://doi.org/10.3390/ani9060317>
- Serenius, T. and Stalder, K.J., 2004. Genetics of length of productive life and lifetime prolificacy in the Finnish Landrace and Large White pig populations. *Journal of Animal Science*, 82, pp. 3111-3117.
<https://doi.org/10.2527/2004.82113111x>
- Serenius, T., Sevon, M.L., Kause, A., Mäntysaari, E.A. and Mäki, A., 2004. Genetic associations of prolificacy with performance, carcass, meat quality, and leg conformation traits in the Finnish Landrace and Large White pig populations. *Journal of Animal Science*, 82, pp. 2301-2306.
<https://doi.org/10.2527/2004.8282301x>
- Shi, L., Li, Y., Liu, Q., Zhang, L., Wang, L., Liu, X., Gao, H., Hou, X., Zhao, F., Yan, H. and Wang, L., 2021. Identification of SNPs and Candidate Genes for Milk Production Ability in Yorkshire Pigs. *Frontiers in Genetics*, 12, pp. 1-11.
<https://doi.org/10.3389/fgene.2021.724533>
- Smith, S., Stone, A., Oswalt, H., Vaughan, L., Ferdous, F., Scott, T. and Dunn, H. W., 2022. Evaluation of early post-natal pig mammary gland development and human breast cancer gene expression. *Developmental Biology*, 481, pp. 95-103.
<https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2021.10.004>
- Teixeira, S. A., Marques, D. B. D., Costa, T. C., Oliveira, H. C., Costa, K. A., Carrara, E. R., da Silva, W., Guimarães, J. D., Neves, M. M., Ibelli, A. M. G., Cantão, M. E., Ledur, M. C., Peixoto, J. O., and Guimarães, S. E. F., 2021. Transcription landscape of the early developmental biology in pigs. *Animals*, 11, pp. 1-19.
<https://doi.org/10.3390/ani11051443>
- Terman A. and Kumalska M., 2012. The Effect of a SNP in ESR Gene on the Reproductive Performance Traits in Polish Sows¹. *Russian Journal of Genetics*, 12, pp. 1260-1263.
<https://link.springer.com/article/10.1134/S1022795412120137>
- Tian, Z., Li-gang, W., Hui-bi, S., Hua, Y., Long-chao, Z., Xin, L., Lei, P., Jing, L., Yue-bo, Z., Ke-bin, Z. and Li-xian, W., 2016. Heritabilities and genetic and phenotypic correlations of litter uniformity and litter size in Large White sows. *Journal of Integrative Agriculture*, 15, pp. 848-854.
[https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(15\)61155-8](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(15)61155-8)
- Tirados, S.P., 2001. Livestock Genetic Improvement in the Second Half of the 20th Century. *Archivos de Zootecnia*, 50, pp. 517-546.
<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=49519206>
- Uzzaman, M.R., Park, J.E., Lee, K.T., Cho, E.S., Choi, B.H. and Kim, T.H., 2018. A genome-wide association study of reproductive traits in a Yorkshire pig population. *Livestock Science*, 209, pp. 67-72.
<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.01.005>
- Vitezica, Z.G., Reverter, A., Herring, W. and Legarra, A., 2018. Dominance and epistatic genetic variances for litter size in pigs using genomic models. *Genetics Selection Evolution*, 50, pp.

- 1-8. <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0437-3>
- Wang, H., Wang, X., Li, M., Sun, H., Chen, Q., Yan, D., Dong, X., Pan, Y. and Lu, S., 2022b. Genome-Wide Association Study of Growth Traits in a Four-Way Crossbred Pig Population. *Genes*, 13, pp. 1-22. <https://doi.org/10.3390/genes13111990>
- Wang, H., Wang, X., Yan, D., Sun, H., Chen, Q., Li, M., Dong, X., Pan, Y. and Lu, S., 2022a. Genome-wide association study identifying genetic variants associated with carcass backfat thickness, lean percentage and fat percentage in a four-way crossbred pig population using SLAF-seq technology. *BMC Genomics*, 23, pp. 1-13. <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08827-8>
- Wang, X., Liu, X., Deng, D., Yu, M. and Li, X., 2016. Genetic determinants of pig birth weight variability. *BMC Genetics*, 17, pp. 42-48. <https://doi.org/10.1186/s12863-015-0309-6>
- Wang, Y., Ding, X., Tan, Z., Ning, C., Xing, K., Yang, T., Pan, Y., Sun, D. and Wang, C., 2017. Genome-wide association study of piglet uniformity and farrowing interval. *Frontiers in Genetics*, 8, pp. 1-9. <https://doi.org/10.3389/fgene.2017.00194>
- Wei, J., Sun, J., Pan, M., Wang, Y., Yuan, T., Guo, A., Han, R., Ding, X., Yu, T. and Ding, R., 2024. Revealing genes related teat number traits via genetic variation in Yorkshire pigs based on whole-genome sequencing. *BMC Genomics*, 25, pp. 1-12. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-11109-0>
- Wu, P., Wang, K., Yang, Q., Zhou, J., Chen, D., Ma, J., Tang, Q., Jin, L., Xiao, W., Jiang, A., Jiang, Y., Zhu, L., Li, M., Li, X. and Tang, G., 2018b. Identifying SNPs and candidate genes for three litter traits using single-step GWAS across six parities in landrace and large white pigs. *Physiological Genomics*, 50, pp. 1026-1035. <https://doi.org/10.1152/physiolgenomics.00071.2018>
- Wu, P., Yang, Q., Wang, K., Zhou, J., Ma, J., Tang, Q., Jin, L., Xiao, W., Jiang, A., Jiang, Y., Zhu, L., Li, X. and Tang, G., 2018a. Single step genome-wide association studies based on genotyping by sequence data reveals novel loci for the litter traits of domestic pigs. *Genomics*, 110, pp. 171-179. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2017.09.009>
- Xie, L., Qin, J., Yao, T., Tang, X., Cui, D., Chen, L., Rao, L., Xiao, S., Zhang, Z. and Huang, L., 2023. Genetic dissection of 26 meat cut, meat quality and carcass traits in four pig populations. *Genetics Selection Evolution*, 55, pp. 1-12. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00817-y>
- Xu, S., Hao, X., Zhang, M., Wang, K., Li, S., Chen, X., Yang, L., Hu, L. and Zhang, S., 2018. Polymorphisms of HOMER1 gene are associated with piglet splay leg syndrome and one significant SNP can affect its intronic promoter activity in vitro. *BMC Genetics*, 19, pp. 1-8. <https://doi.org/10.1186/s12863-018-0701-0>
- Yakubu, A., Durven, G.L. and Hagan, J., 2022. Multivariate analysis of body weight, morphometric and thermo-physiological traits of indigenous pigs under tropical conditions. *Genetics and Biodiversity Journal*, 6, pp. 91-104. <https://doi.org/10.46325/gabj.v6i1.202>
- Zhang, M., Wang, S., Liu, Y., Zhang, Y. and Wu, K., 2018. Candidate Mutations in BMPR1B Affecting Pig Prolificacy. *International Journal of Pure and Applied Zoology*, 6, pp. 45-47. <https://www.alliedacademies.org/articles/candidate-mutations-in-bmpr1b-affecting-pig-prolificacy.pdf> Accessed on: Mayo 22, 2024
- Zhang, T., Zheng, Y., Kuang, T., Yang, L., Jiang, H., Wang, H., Zhao, Y., Han, R. and Che, D., 2022. Arginine Regulates Zygotic Genome Activation in Porcine Embryos Under Nutrition Restriction. *Frontiers in Veterinary Science*, 9, pp. 1-15. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.921406>
- Zhang, Y., Lai, J., Wang, X., Li, M., Zhang, Y., Ji, C., Chen, Q. and Lu, S., 2023. Genome-wide single nucleotide polymorphism (SNP) data reveal potential candidate genes for litter traits in a Yorkshire pig population. *Archives Animal Breeding*, 66, pp. 357-368. <https://doi.org/10.5194/aab-66-357-2023>
- Zhang, Z., Chen, Z., Ye, S., He, Y., Huang, S., Yuan, X., Chen, Z., Zhang, H. and Li, J., 2019. Genome-wide association study for reproductive traits in a Duroc pig population. *Animals*, 9, pp. 1-10. <https://doi.org/10.3390/ani9100732>

- Zhao, X., Wang, C., Wang, Y., Lin, H., Wang, H., Hu, H. and Wang, J., 2019. Comparative gene expression profiling of muscle reveals potential candidate genes affecting drip loss in pork. *BMC Genetics*, 20, pp. 1-9. <https://doi.org/10.1186/s12863-019-0794-0>
- Zhao, Y.X., Gao, G.X., Zhou, Y., Li, B., El-Ashram, S. and Li, Z.L., 2022. Genome-wide association studies uncover genes associated with litter traits in the pig. *Animal*, 16, pp. 1-15. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100672>
- Zhuang, Z., Ding, R., Peng, L., Wu, J., Ye, Y., Zhou, S., Wang, X., Quan, J., Zheng, E., Cai, G., Huang, W., Yang, J. and Wu, Z., 2020. Genome-wide association analyses identify known and novel loci for teat number in Duroc pigs using single-locus and multi-locus models. *BMC Genomics*, 21, pp. 1-16. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-6742-6>
- Zong, W., Wang, J., Zhao, R., Naiqi Niu, N., Yanfang Su, Y., Hu, Z., Liu, X., Hou, X., Wang, L., Wang, L. and Zhang, L., 2023. Associations of genome-wide structural variations with phenotypic differences in cross-bred Eurasian pigs. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 14, pp. 1-20. <https://doi.org/10.1186/s40104-023-00929-x>
- Zumbo, A., Sutera, A. M., Tardiolo, G., and D'Alessandro, E., 2020. Sicilian black pig: An overview. *Animals* 10: 1-13. <https://doi.org/10.3390/ani10122326>