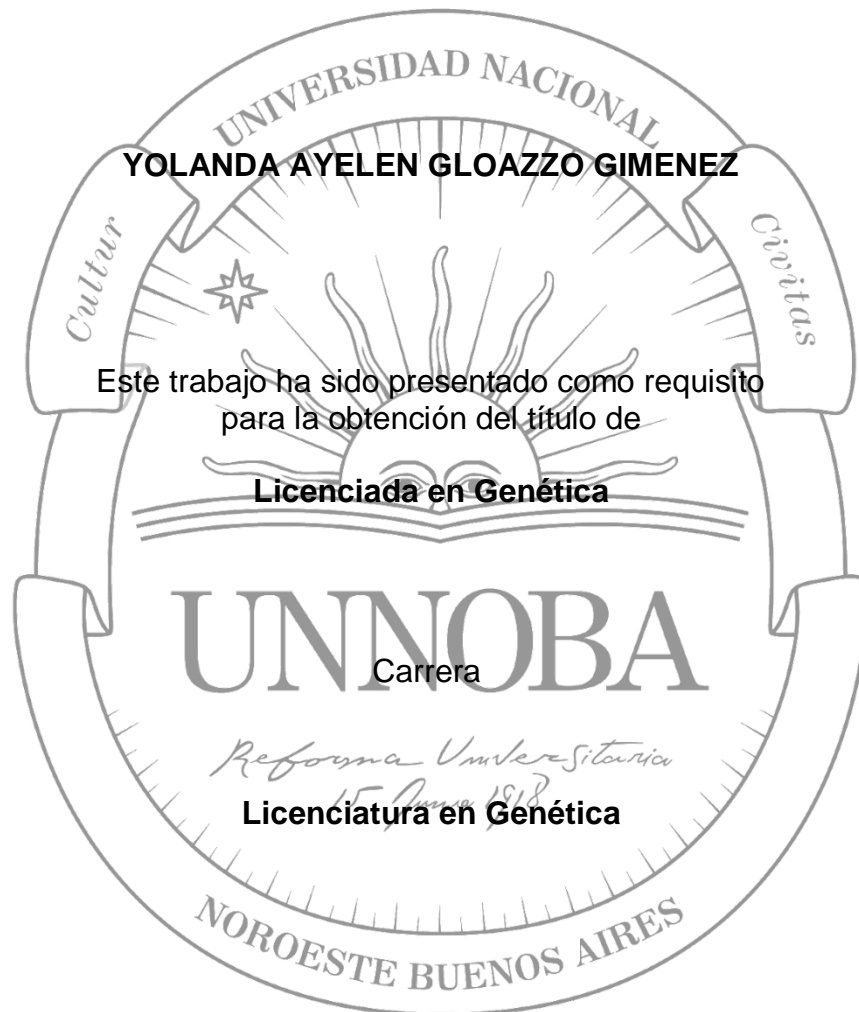


CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LOS CERDOS SILVESTRES (*Sus SCROFA* LINNAEUS, 1758) DE LA ZONA NÚCLEO AGRÍCOLA DE BUENOS AIRES Y SANTA FE (ARGENTINA)

Trabajo Final de Grado
de la alumna



**Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales.
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.**

Pergamino, 09/08/2024

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LOS CERDOS SILVESTRES (*Sus SCROFA* LINNAEUS, 1758) DE LA ZONA NÚCLEO AGRÍCOLA DE BUENOS AIRES Y SANTA FE (ARGENTINA)

Trabajo Final de Grado

de la alumna

YOLANDA AYELEN GLOAZZO GIMENEZ

Aprobada por el Tribunal Evaluador

Msc. Agustín A. Baricalla
Evaluador/a

Ing. Agr. Susana M. Pistorale
Evaluador/a

Msc. Ángel N. Patitucci
Evaluador/a

Diana Belén Acosta
Co-Director/a

Mariano Lisandro Merino
Director/a

**Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales,
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires**

Pergamino, 09/08/2024

AGRADECIMIENTOS

En principio quiero darles las gracias infinitas a mis padres, Yolanda y Luis. Quiero agradecerles por todo lo que han hecho por mí. Son mi pilar fundamental, mi fuente de confianza e inspiración. Gracias por confiar y creer en mí desde siempre. Mama, no puedo olvidar tus llamadas antes de cada examen, tus palabras de aliento me daban las fuerzas que necesitaba para seguir adelante. Papá, gracias por ese 'dale que vos podés' que siempre me repetías, me impulsaba a dar lo mejor de mí. Sin su amor, apoyo y sacrificio, nada de esto hubiera sido posible. ¡Lo logramos, papás! Juntos alcanzamos la meta. Los amo.

A mis hermanas, Milene y Johana, mis confidentes y las personas que siempre están ahí para mí, sin importar las circunstancias. Agradezco de todo corazón su amor, paciencia y comprensión. Me siento muy afortunada de tenerlas en mi vida.

A mis sobrinxs: Ludmila, Aluminé, Paloma, Dafne, Kyanna y Pedro, por su amor tan puro que hace que todo sea mucho más lindo y fácil. Son mis pequeños tesoros y los quiero más que a nada en el mundo.

A mis tíxs y primxs: Regi, Ricardo, Inés, Mariano, Andrea, Pablo, Javier, Blanqui, Inés y Meli. Desde pequeña, he sentido su apoyo en cada paso que eh dado y han estado ahí celebrando cada uno de mis logros. Estaré eternamente agradecida por la familia que tengo, sé que siempre podré recurrir a ustedes.

A mi tío Franco y mis padrinxs Oscar y Clarita, los llevo presentes siempre en mi corazón. Agradezco las enseñanzas que me transmitieron y el amor que me brindaron. Sé que hoy estarían muy felices y celebrando conmigo.

A mi abuela Dorita, sé que desde el cielo estás observándome con orgullo y alegría, te extrañamos un montón por acá. Tu recuerdo siempre está en mi corazón y me inspira a ser cada día mejor persona.

A la gran abuela Martina, ejemplo de mujer fuerte, luchadora y llena de sabiduría, espero poder visitarte pronto para celebrar juntas este logro.

A Nanny, Karu, Belaunzaran y Juani amiguitxs de toda la vida. Son parte de cada etapa importante de mi vida. De cerca o de lejos pero siempre presentes siendo mi gran apoyo emocional.

A mi amigo Viyuto, que siempre se pone feliz de verme en Germania y quién fue primordial en este trabajo.

A Maga, nuestra amistad nació en las aulas de la universidad. Desde que la conozco que me hace reír un montón. Gracias por traerme un poco de rebeldía a mi vida, por tener las palabras justas, por enseñarme sobre el feminismo y ser mi sostén. Sos una de mis personas favoritas. Y como olvidarme de Berna, nuestro amigo el RockStar, gran persona y amigo que admiramos un montón. Siempre tendré el recuerdo de los tres mirando Hannah Montana.

A Carola, mi gran compañera, siempre presente en los momentos muy importantes, hemos llorado y reído hasta que nos dolía la panza. Una gran amiga que siempre creyó en mí. Las palabras no me alcanzan para esta amistad. Sos una excelente mujer y me siento muy orgullosa de vos. ¡Qué suerte tuve de conocerte! Y por supuesto, gracias a Timy, mi sobrino gatuno, un increíble compañero de juegos y nuestro peludito terapeuta.

A Aldi, la persona más bondadosa y fuerte que conozco. Deseo que todo el amor que das te vuelva siempre.

A Ni y Agus, mi pareja favorita. Gracias por abrirme las puertas de su casa, por ser tan únicos, por cuidarnos a todas y por cumplir nuestros caprichos. Estar lejos de casa por momentos ha sido difícil, pero ahí estaban ustedes ayudando con sus consejos y amistad a que todo sea más llevadero y divertido.

A Majo, que me ha cuidado como su verdadera sobrina, gracias por estar siempre, ser confidente y por tus palabras de aliento.

A Miley Cyrus, mi artista favorita. Desde la infancia hasta la adultez, su música ha estado siempre presente. No solo es una artista para mí, sino que también una eterna compañera, enseñándome a ser más auténtica y valiente a través de su rebeldía y espíritu libre.

A Niki y el Colo, grandes compañeros con los que tuve el placer de transitar la carrera, rivales en el Counter-Strikes y hoy impresionantes colegas.

A Martín y Vanney, dos maravillosas personas que conocí el último tiempo, desde entonces grandes amigos con los que compartí lindos momentos y han estado firmes apoyándome. Y gracias a Florencia, mamá de Martin, por sus ricos raviolos y canelones.

A Mariano y Gabi, por confiar en mí y dejarme ser parte del gran grupo de mamíferos. Gracias a esta oportunidad no solo adquirí una gran cantidad de conocimientos, sino que también pude conocer personas realmente asombrosas.

A Diana, no me alcanzan las palabras para agradecerle todo el apoyo que me brindó durante este camino. Más allá de su rol como mi directora, ha sido mi mentora, amiga, confidente y un ejemplo a seguir. Su pasión por la investigación, el esfuerzo y el amor que le pone a todo me han

dejado una huella en el corazón. Gracias a su guía, he aprendido no solo sobre la investigación, sino también sobre la importancia de la perseverancia, la responsabilidad y el trabajo duro. Estoy segura de que me convertiré en una gran profesional gracias a ella. Pero, sobre todo, gracias por enseñarme la importancia de confiar en mí misma. Te admiro y quiero un montón.

A Charly, por su predisposición a compartir sus conocimientos y por su paciencia que han sido fundamentales para mi aprendizaje y crecimiento.

A Mati, Vir y Emi, mis compañeros de laboratorio que han sido muy importantes en este camino. Cada día en el laboratorio estaba lleno de risas y buen humor. Gracias por su apoyo, por ayudarme en este trabajo, por escucharme y siempre alentarme.

A cada una de las personas que son parte del CeBio, tuve el honor de compartir mis días con grandes profesionales. Quiero hacer una mención especial para Mari Crespo, de quién aprendí sobre la militancia, la lucha por nuestros derechos y quién fue la impulsora de grandes ideas a la hora de salir a defender lo nuestro.

A Dario Carabajal, Ariel Corsico, Ibarra, Pato y mi cuñado Saul, quienes me ayudaron con la recolección de muestras para este trabajo.

A las mujeres científicas argentinas que son una gran inspiración para muchas y que gracias a su lucha rompieron barreras abriéndonos las puertas para que las mujeres seamos parte del fascinante mundo de la ciencia.

A la Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA) y sus docentes, por haberme abierto las puertas al conocimiento y permitirme alcanzar mi desarrollo profesional. ¡Aguante la educación pública! Gracias a ella, hoy puedo decir con orgullo que soy una profesional.

Este trabajo va dedicado a todas aquellas mujeres víctimas de violencia de género:

A las que ya no están, por las que nunca se hizo justicia, y por las que siguen luchando. Dedico este trabajo con la esperanza de que sirva como un pequeño homenaje a su dolor, a su valentía y a su fuerza. Que sea un recordatorio de que no están solas, que estamos aquí para escucharlas, para creerles y para apoyarlas. Y que sea también un llamado a la acción, un compromiso para seguir luchando por un mundo más justo para todas.

ÍNDICE

1.	INTRODUCCIÓN	10
1.1.	<i>SUS SCROFA</i>	10
1.2.	CARACTERÍSTICAS BIOLÓGICAS DE <i>SUS SCROFA</i>	13
1.3.	<i>SUS SCROFA</i> EN AMÉRICA Y ARGENTINA	14
1.4.	<i>SUS SCROFA</i> COMO ESPECIE EXÓTICA INVASORA	16
1.5.	LA HIBRIDACIÓN ENTRE JABALÍES Y CERDOS DOMÉSTICOS	18
1.6.	LA PRODUCCIÓN PORCINA EN ARGENTINA	19
1.7.	<i>SUS SCROFA</i> EN EL NOROESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES	21
1.8.	MARCADORES MOLECULARES APLICADOS A <i>SUS SCROFA</i>	23
1.8.1.	MARCADORES MITOCONDRIALES	23
1.8.2.	MARCADORES DE POLIMORFISMO DE LONGITUD DE FRAGMENTOS DE RESTRICCIÓN ..	24
2.	HIPÓTESIS Y OBJETIVOS	26
3.	MATERIALES Y MÉTODOS	27
3.1.	ÁREA DE ESTUDIO	27
3.2.	MUESTREO DE LAS POBLACIONES	27
3.4.	EXTRACCIÓN DE ADN GENÓMICO	31
3.4.1.	MARCADOR MITOCONDRIAL REGIÓN CONTROL	31
3.4.2.	GEN NR6A1	34
4.	RESULTADOS	37
4.1.	REGIÓN CONTROL	37
4.1.1.	ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA	38
4.1.2.	ANÁLISIS FILOGENÉTICO Y RELACIONES HAPLOTÍPICAS	41
4.1.3.	DETECCIÓN DE MORFOTIPOS	44
4.1.3.1.	GEN NR6A1	44
5.	DISCUSIÓN	47
6.	CONCLUSIÓN	53
7.	BIBLIOGRAFÍA	54
8.	ANEXOS	63

RESUMEN

En Argentina se han reportado la introducción de 27 especies exóticas invasoras de mamíferos, entre ellas *Sus scrofa* compuesta por jabalíes, cerdos asilvestrados y domésticos. El jabalí es el antepasado de los cerdos domésticos y asilvestrados actuales, único caso en la actualidad en el cual las nuevas razas y su antecesor conviven en silvestría en un mismo hábitat. En Argentina, los primeros cerdos domésticos arribaron en el Río de la Plata en épocas de colonización, los cuales fueron liberados al medio, dando origen a la primera población silvestre. Posteriormente, a principios del siglo XX, fue introducido el jabalí euroasiático en la provincia de La Pampa, con fines cinegéticos. A partir de este foco y otros posteriores, el jabalí ha tenido una gran expansión geográfica en el país, tanto natural como mediada por el hombre. Esto facilitó la cruce entre ejemplares de jabalíes y cerdos silvestres, dando lugar a la hibridación y al posible aumento del *fitness*, generando en consecuencia un aumento del carácter de invasor y, por ende, del impacto sobre la biodiversidad y las actividades agropecuarias de la región en donde se encuentran.

En la región núcleo agrícola del noroeste de Buenos Aires y sur de Santa Fe, en la última década, se ha detectado la presencia de cerdos silvestres, principalmente en la cuenca de río Arrecifes, los partidos de Lincoln, General Villegas y General Pinto, provincia de Buenos Aires, así como en la zona de Rufino, región sur de la provincia de Santa Fe. El origen de estas poblaciones es desconocido, así como su grado de hibridación con cerdos domésticos y sus relaciones filogeográficas con otras poblaciones de Argentina. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue caracterizar genéticamente a la población de cerdos silvestres de esta zona agrícola (n=45) mediante los marcadores moleculares región control y NR6A1.

Para el marcador región control, se determinó una alta diversidad nucleotídica ($\pi=0,01025 \pm 0,00200$) y haplotípica ($Hd=0,908 \pm 0,00112$) en comparación con estudios previos realizados en poblaciones de Argentina. Además, se hallaron un total de 19 nuevos haplotipos que no fueron reportados en estudios anteriores. En cuanto al origen filogenético, el 80,5% de los ejemplares presentan un origen europeo y el 19,4% restantes presentan un origen asiático. Así mismo, se determinó que la multiplicidad de orígenes de dichos ejemplares es mayor con respecto a otras poblaciones de Argentina.

Para el caso del gen nuclear NR6A1 que codifica para el número de vertebras, los jabalíes poseen el alelo C considerado *wild type*, mientras que los cerdos domésticos presentan el alelo mutado T, proveniente de una mutación sin sentido (p.Pro192Leu). Las frecuencias que se observaron fueron del 33% para homocigotos CC, el 17% para heterocigotos CT y el 50% para

homocigotos TT. Estos datos sugieren una alta proporción de individuos homocigotos para el alelo mutante (T), indicando una procedencia doméstica, y en menor proporción homocigotos para el alelo *wild type* (C), con origen en los jabalíes, siendo el primer trabajo en reportar jabalíes “puros” en Argentina.

Con base a estos resultados se pudo caracterizar por primera vez la diversidad genética y el origen filogenético con región control presente en la población de cerdos silvestres del noroeste de la Provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe. Además, se logró establecer el grado de hibridación con cerdos domésticos en dicha población con el gen NR6A1, lo que le otorgaría un potencial adaptativo y, por lo tanto, un aumento de sus capacidades como invasor.

1. INTRODUCCIÓN

1.1. *SUS SCROFA*

Sus scrofa (Linnaeus 1758) es nativo de Eurasia y norte de África y, desde la colonización europea, ha podido establecerse en todos los continentes excepto en Antártida, lo que la convierte en la especie de mayor distribución mundial (Barrios-García y Ballari, 2012). Esta capacidad no sólo viene dada por las características de la especie *per se* para su expansión, sino también debido a que a lo largo de la historia el hombre se ha encargado de su diseminación mundial. Tal es así que, desde los inicios de la colonización europea, hasta la actualidad, dichos ejemplares se han dispersado por todos los continentes, con diversos fines, por ejemplo: para producciones domésticas, coto de caza, recurso alimenticio, entre otros (Rosell *et al.*, 2001; Ballari *et al.*, 2019). Ya en el lugar colonizado, *Sus scrofa* es capaz de adecuarse al nuevo sitio debido a sus características biológicas que incluyen su notable adaptabilidad, su elevado potencial reproductivo, su dieta omnívora y su amplia tolerancia a diversas condiciones climáticas (Rosell *et al.*, 2001; Ballari *et al.*, 2015).

El jabalí es el antepasado común de todos los cerdos domésticos y asilvestrados actuales y es el único caso en la actualidad en el cual las nuevas variedades o razas y su antecesor conviven en silvestría en un mismo hábitat (Larson *et al.*, 2005; Carpinetti y Merino, 2023). En el presente, la especie *S. scrofa* presenta tres morfotipos (Figura 1): el jabalí euroasiático, los cerdos domésticos y los cerdos asilvestrados, ferales o cimarrones (Larson *et al.*, 2005; Mayer y Brisbin, 2008; Carpinetti y Merino, 2023). Estos últimos corresponden a cerdos domésticos que retornaron al medio silvestre, mostrando un fenotipo “intermedio” entre los otros dos morfotipos (Larson *et al.*, 2005).

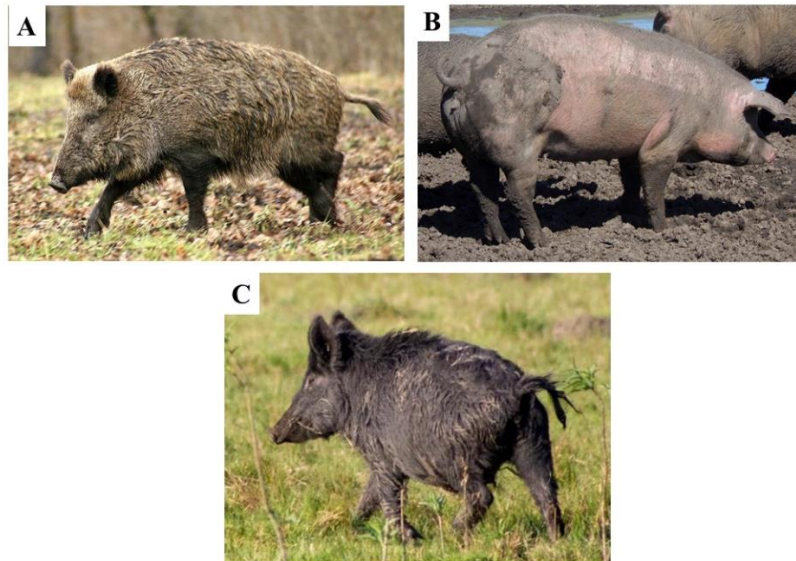


FIGURA 1. Morfotipos de la especie *Sus scrofa*. A. Jabalí euroasiático; B. Cerdo doméstico de la raza Yorkshire; C. Cerdo asilvestrado. Tomado de Acosta, 2022.

El color del pelaje es uno de los caracteres fenotípicos más distintivos que permite diferenciar a los tres morfotipos de la especie *Sus scrofa*. Los jabalíes presentan una coloración pardo castaño oscuro, el pelo de la cabeza y el hocico suele ser grisáceo, sus extremidades y orejas son más oscuras casi por completo negras, siendo la línea de la espalda o cresta un tono más oscuro. Además, las crías del jabalí, conocidas comúnmente como jabatos, presentan un patrón de rayas longitudinales características a lo largo del cuerpo de color pardo, las cuales se alternan franjas claras con oscuras (Figura 2). En el caso de los cerdos asilvestrados, el color del pelaje varía ampliamente, incluyendo el negro, marrón, rojo, blanco y manchado (Rosell *et al.*, 2001; Yamamoto, 2017; Carpinetti y Merino, 2023), esto se debe a su multiplicidad de orígenes, el número de generaciones que se encuentra en silvestría y, a los posibles cruzamientos con jabalíes puros o cerdos domésticos (Figura 2) (Mayer y Brisbin, 2008).



FIGURA 2. A. Cerdas asilvestradas con sus crías. Autor: por Bruno Carpinetti; B. Jabalí hembra con su jabato. Tomado de Yamamoto, 2017.

Otra forma de poder diferenciarlos es observando la forma del cuerpo, como se puede visualizar en la Figura 3, el jabalí es de mediano tamaño, su cuerpo es más bien grueso y redondo, las patas traseras son más pequeñas que las delanteras dando lugar a que el cuerpo adopte una forma triangular. Por el contrario, el cerdo asilvestrado presenta una forma corporal tubular, ya que los músculos de las extremidades posteriores están más desarrollados (Mayer y Brisbin, 2008).

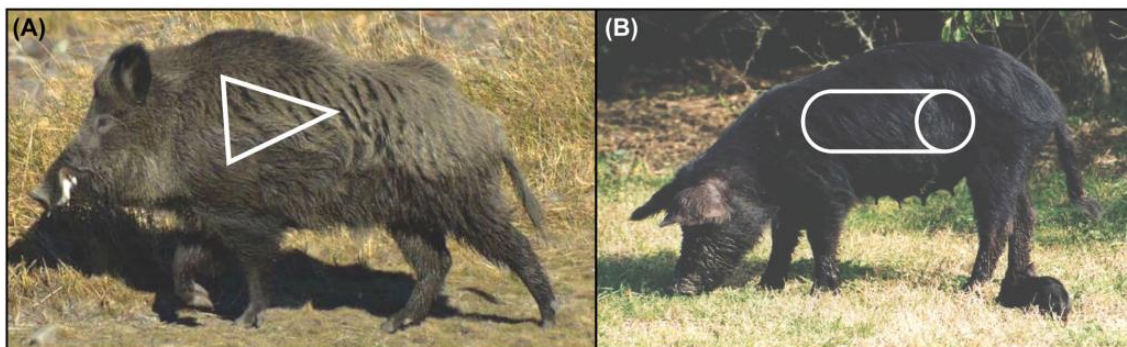


FIGURA 3. Forma corporal de los distintos morfotipos. A. Jabalí de la provincia de Neuquén. B. Jabalí de la costa de la provincia de Buenos Aires. Las figuras geométricas perfilan la forma corporal característica de cada morfotipo. Tomado de Figueroa *et al.*, 2022.

El tamaño corporal, es otra característica morfológica que ayuda a poder diferenciar entre los diferentes morfotipos. En el caso del jabalí adulto llegan a superar los 100 kg de peso, dependiendo de la latitud y del alimento disponible en condiciones naturales (Rosell *et al.*, 2001). Los datos de masa corporal reportados para cerdos asilvestrados están entre los 140-145 kg, si bien se han reportado casos en donde estos cerdos llegan a pesar 327 kg, Mayer (2021) cuenta que en principio se sabía que el ejemplar con ese tamaño corporal era un cerdo doméstico que se escapó y se había asilvestrado (Mayer, 2021).

Otra característica morfológica significativa es el cráneo (Figura 4), Razmaité y colaboradores (2023) afirma que la morfología craneal también puede ser utilizada como herramienta para discriminar entre los distintos morfotipos. En primer lugar, los cráneos de los jabalíes son delgados y con hocicos más rectos, mientras que los cerdos domésticos tienen hocicos profundamente cóncavos y son más robustos. En cuanto a los cerdos asilvestrados, sus cráneos pueden presentar formas intermedias entre el jabalí y el cerdo doméstico y esto es esperable, ya que es el mismo escenario de lo que sucede con el color del pelaje ya mencionado (Owen *et al.*, 2014; Constantinescu *et al.*, 2014).

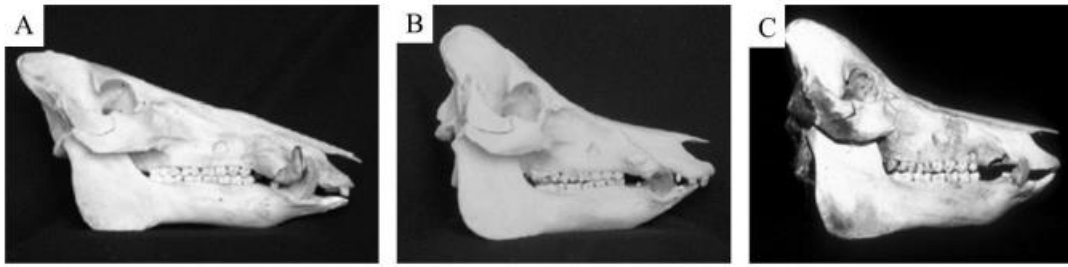


FIGURA 4. Patrones craneales en los morfotipos de la especie *Sus scrofa*. A. Jabalí euroasiático, B. Cerdos domésticos, C. Híbrido. Tomado de VerCauteren *et al.*, 2019.

Además de la morfología, se ha comprobado que el uso de herramientas genéticas colabora con la diferenciación de morfotipos (Rosell *et al.*, 2001). Tal es así que Gustavsson (1973) indicó que dentro de la especie *S. scrofa* se pueden observar tres cariotipos diferentes, los jabalíes euroasiáticos tienen $2n= 2x = 36$, el cerdo doméstico $2n= 2x = 38$, y los híbridos o mestizos presentan un cariotipo $2n= 2x = 37$ o 38 .

Para Rosell y colaboradores (2001), los criterios anatómicos, morfológicos y cariotípicos no son suficientes para diferenciar claramente entre las variedades silvestres y domésticas de cerdos. En el mismo sentido, Costa (2022) reporta que la utilidad de las técnicas de genética molecular permiten obtener una caracterización más precisa y detallada de los distintos morfotipos de la especie.

1.2. CARACTERÍSTICAS BIOLÓGICAS DE *SUS SCROFA*

Esta especie es de hábitos oportunistas y generalistas, su dieta se basa principalmente de material vegetal, por ejemplo, pastos, brotes de hierbas, raíces y bulbos que desentierra hozando (Barrios-García y Ballari, 2012). Por otra parte, consumen material animal, pero en menor medida en comparación con el material vegetal, sin embargo, esta ingesta es indispensable. Por lo general, se alimentan desde pequeños mamíferos hasta larvas de insectos, lombrices, artrópodos, huevos y carroña (Ballari y Barrios-García, 2014). Por lo tanto, al ser un animal omnívoro, sumado con su gran plasticidad ecológica, puede acceder a distintas fuentes de alimentos en función de su disponibilidad (Rosell *et al.*, 2001; Rosell y Herrero, 2007; Somervill, 2009; Ballari y Barrios-García, 2014).

El dimorfismo sexual que presenta esta especie es muy marcado, las hembras suelen ser de menor tamaño y peso que los machos. Además, las hembras, tienen el hocico más afinado

en la punta y sus colmillos menos prominentes a comparación de los machos, los cuales se los puede distinguir ya que sus colmillos sobresalen del hocico. Los machos presentan una piel más gruesa y dura alrededor de la espalda, esto les proporciona un tipo de escudo ya que evita que se produzcan lesiones importantes durante los combates en la época de celo (Rosell *et al.*, 2001; Somervill, 2009).

Es una especie precoz, las hembras quedan preñadas en su primer o segundo año de vida, cuando alcanzan los 30 kg aproximadamente. La gestación es de unos 120 días y el tamaño de camada se encuentra entre 4-6 crías para jabalíes, mientras que en los cerdos domésticos o cerdos asilvestrados el tamaño de camada se ve aumentado, llegando a ser hasta 14 (Rosell *et al.*, 2001; Rosell y Herrero, 2007).

Sus scrofa es típicamente nocturna, hace uso de su agudo olfato para la búsqueda de su alimento, por lo tanto, este es el sentido más desarrollado que poseen. Su periodo de actividad ocurre entre la puesta y la salida del sol, aunque esto puede cambiar si la perturbación humana es baja, esto ocurre por ejemplo en los espacios protegidos, por lo tanto, en este caso, se puede apreciar una actividad en pleno día de estos animales (Rosell *et al.*, 2001; Rosell y Herrero, 2007; Carpinetti y Merino, 2023).

La organización social de las poblaciones de *S. scrofa* tiene como unidad básica el grupo matriarcal el cual se compone de una o diversas hembras con sus crías, también existen grupos de machos jóvenes y machos adultos solitarios (Rosell y Herrero, 2007).

1.3. *SUS SCROFA* EN AMÉRICA Y ARGENTINA

La historia de los cerdos domésticos (*Sus scrofa domestica*) en América, comienza con el segundo viaje de Cristóbal Colón en 1493 a la Isla Español (actualmente Haití y República Dominicana). Los primeros ejemplares llegaron por medio de las Islas Canarias y desde allí se expandieron a Sudamérica (Rio Moreno, 1996; Zadik, 2005; Somervill, 2009).

En el caso de Argentina, Giberti (1970) sostiene que los primeros cerdos domésticos llegaron al Río de la Plata con Pedro de Mendoza durante la primera fundación de Buenos Aires en 1536. La hambruna y los ataques indígenas obligaron a los colonos a abandonar el asentamiento en 1541, dando origen a la primera población asilvestrada (Schmidl, 2010). Seguidamente, en el siglo XX ocurrieron varios eventos importantes de introducción del jabalí europeo (*Sus scrofa scrofa*), que se describirán a continuación: el primer evento data en 1906, el jabalí euroasiático fue introducido en la estancia San Huberto (actual reserva provincial "Parque Luro") de la provincia de La Pampa, con fines de caza. Posteriormente, los jabalíes en

cautiverio escaparon y comenzaron a dispersarse por el territorio argentino (Navas, 1987). En el segundo evento aproximadamente entre 1903 y 1916, algunos jabalíes fueron introducidos desde la Península Ibérica en la Isla Victoria del Lago Nahuel Huapi, actual provincia de Neuquén (Morales 1917; Biedma 2003). El tercer evento de introducción del que se tiene registro fue en 1924 y 1926, otros ejemplares fueron introducidos a la Provincia de Río Negro, estos provenían de Uruguay (Daciuk, 1978). Finalmente, se tiene registro de que en 1931 una pareja de cerdos junto con sus lechones escapó y se extendieron por el Parque Nacional Nahuel Huapi (Río Negro) y el Parque Nacional Los Alerces (Chubut), aconteciendo ser los primeros individuos que se dispersaron en la Patagonia (Daciuk, 1978; Carpineti *et al.*, 2016). En términos generales, el jabalí ha extendido su área de distribución de forma natural y por la actividad humana, dando lugar al contacto entre los dos morfotipos de poblaciones silvestres y a la posibilidad de cruzamiento entre ellas (Sagua *et al.*, 2018; Acosta *et al.*, 2019; Figueroa *et al.*, 2022).

En la actualidad, los morfotipos silvestres de la especie se encuentran en gran parte del centro de Argentina desde Chubut y Río Negro en el sur, hasta Córdoba y San Luis en el norte y desde los Andes hacia el Océano Atlántico, es decir, se encuentran en casi todas las provincias del país, excepto Jujuy, Tucumán y Santa Cruz (Figura 5) (Ballari *et al.*, 2019). En la actualidad, se ha observado la presencia de esta especie en 10 de las 16 ecorregiones del país: Chaco árido, Espinal, Altoandino, Esteros del Iberá, Monte de llanuras y mesetas, Monte de colinas y valles, bosques patagónicos, Pampa, estepa patagónica, Paraná Sabana inundada, lo que demuestra la gran plasticidad de la especie (Ballari *et al.*, 2015).

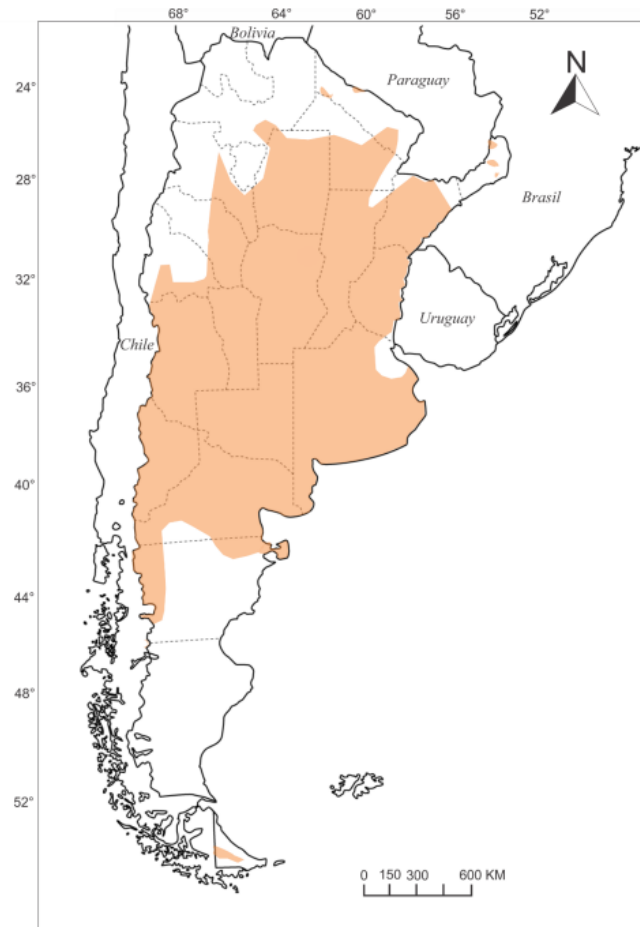


FIGURA 5. Distribución geográfica de *Sus scrofa* en Argentina. Modificado de Ballari *et al.*, 2019 y D' Agostino *et al.*,2020.

1.4. *SUS SCROFA* COMO ESPECIE EXÓTICA INVASORA

El Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB 1992), define a las especies exóticas invasoras (EEI) como toda especie introducida por el ser humano que se ha dispersado y establecido fuera de su área de distribución normal y constituye una amenaza para la biodiversidad. Las EEI resultan interesantes no solo por las características que poseen de amplia distribución y ciclos de vida, sino también a que se adaptan fácilmente y como consecuencia aumenta el tamaño de su población y su distribución geográfica, por esta razón se convierten en invasores exitosos. En Argentina se estima que hay 27 especies de mamíferos exóticos invasores, dentro de las cuales se encuentra *Sus scrofa*. Debido a todo lo mencionado, esta especie forma parte de la lista de especies invasoras de Argentina con el nivel más alto de riesgo de impacto (Categoría A) (Lizarralde, 2016; 2018).

Esta especie tiene un carácter de ‘ingeniero de ecosistemas’, esto quiere decir que, puede controlar de manera directa o indirecta la disponibilidad de recursos para otras especies ya que modifica las variables del estado físico del ecosistema (Jones *et al.*, 1994; Sanguinetti y Pastore, 2016; Marcos *et al.*, 2020). Los jabalíes tienen un alto impacto en las comunidades de plantas, afectando la cobertura vegetal, el crecimiento de estas, su reproducción, dispersión y depredación de semillas, esto da lugar a una alta tasa de reemplazo de especies, así como también promueven el establecimiento y crecimiento de plantas invasoras (Cuevas *et al.*, 2012; Barrios-García y Simberloff, 2013). Los impactos que se han reportados en las comunidades animales tienen que ver más con la competencia por los recursos con otros animales y la destrucción de hábitats (Barros-García y Ballari, 2012). La falta de depredadores proporciona a las EEl más recursos disponibles para su crecimiento y reproducción, esto les permite competir con las especies nativas (Skewes *et al.*, 2012). El único predador que esta especie tiene en nuestro país, además del hombre, es el puma (*Puma concolor*), por otro lado, las crías pueden ser predadas por zorros y algunas aves de gran tamaño (Carpinetti y Merino, 2023).

Sus scrofa también es considerada una especie de alta relevancia sanitaria para el humano y de los animales domésticos, justamente debido a su gran distribución geográfica y a que las poblaciones se encuentran en constante crecimiento, aumenta el contacto con el ganado doméstico y, además, hay que tener en cuenta que es una fuente de alimento de pobladores rurales. (Carpinetti *et al.*, 2014). Es así, que esta especie es reservorio de muchas enfermedades virales, bacterianas y parasitarias. Dichas enfermedades se pueden transmitir por contacto directo con la especie, a través de sus fecas o por consumo de comida contaminada o carne cruda. Las enfermedades informadas en Argentina son la brucelosis, leptospirosis, tuberculosis y triquinosis, entre otras (Cohen *et al.*, 2010; Barrios- García y Ballari, 2012; Cifuentes, 2016; Carpinetti *et al.*, 2014; Abate *et al.*, 2017). En un reciente estudio llevado a cabo por Barandiaran y colaboradores (2021), han determinado que existe una propagación de tuberculosis entre el jabalí y los cerdos domésticos. Los investigadores mencionan que como el jabalí se encuentra coexistiendo con cerdos domésticos y ganado vacuno, su interacción suele ser intensa y, por lo tanto, el jabalí puede actuar como reservorio de esta enfermedad.

Por otro lado, en aquellos lugares con un ambiente más productivo, son capaces de causar daños significativos, que se traducen en altos costos económicos (Figura 6). Se consideran una plaga de cultivos, ya que destruyen grandes cantidades de cosechas. También pueden depredar al ganado, lo que representa pérdidas económicas importantes para los ganaderos. Además, compiten con el ganado por los recursos de forraje y agua (Ballari y Barrios-García, 2014; Morandi *et al.*, 2023).



FIGURA 6. Daños en la agricultura por acción de los cerdos asilvestrados. A, B y C. Volteo de las plantas de maíz y daño a la mazorca de maíz; D. Destrucción de silobolsa, Autor: Cristina Galetto; E. Huellas de cerdos asilvestrados. Las imágenes fueron tomadas en Santa Regina (Buenos Aires).

1.5. LA HIBRIDACIÓN ENTRE JABALÍES Y CERDOS DOMÉSTICOS

La hibridación entre individuos de diferentes subespecies y la introgresión genética, son fuentes importantes de diversificación, las cuales podrían aumentar la invasividad de especies exóticas (Rieseberg y Carney, 1998; Mallet, 2005; Iacolina, 2019). Los híbridos de jabalíes y cerdos domésticos, por ejemplo, pueden adaptarse a ambientes que antes resultaban inaccesibles para ellos, lo que permite expandir su distribución (Iacolina, 2019).

Rius y Darling (2014) afirman que la hibridación da lugar a nuevas combinaciones alélicas y en consecuencia a nuevos fenotipos. Eso puede tener beneficios tanto a corto plazo como a largo plazo. A corto plazo, el mayor beneficio es la heterosis, explicado como la superioridad fenotípica de los híbridos sobre sus padres. Esta heterosis aumenta la frecuencia de heterocigotos, enmascarando aquellas mutaciones perjudiciales y, evitando la depresión por endogamia. Esta heterosis es la que podría mejorar la aptitud de la población. El beneficio a largo plazo es el aumento de la variación genética de la población y esto da como resultado la capacidad para responder a presiones selectivas, sobre todo para aquellos hábitats colonizados que son nuevos o desafiantes. Es así como entonces se debe tener en cuenta la presencia de otro morfotipo denominado 'híbrido' (Revidatti, 2009; Rius y Darling, 2014; Iacolina *et al.*, 2019). Es importante mencionar que han reportado por primera vez la presencia de híbridos entre jabalíes y cerdos asilvestrados en Argentina, como también el cruzamiento efectivo entre

ejemplares asilvestrados y razas modernas de domésticos. Dichos cruzamientos efectivos podrían ser muy favorecedor para la potencialidad de la especie como exótica invasora en el país (Acosta *et al.*, 2022; 2023).

1.6. LA PRODUCCIÓN PORCINA EN ARGENTINA

La cría de cerdos en Argentina se concentra principalmente en el norte de la provincia de Buenos Aires, el centro de Córdoba, el sur de Santa Fe y Entre Ríos. Esta región es comúnmente denominada como la "zona núcleo agrícola", debido a que es la región donde los cultivos agrícolas desarrollan su mejor potencial de rendimiento (Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca, 2021). La superficie se encuentra principalmente ocupada por cultivos como la soja, trigo y maíz, en menor medida se encuentran los cultivos como girasol, lino, sorgo, legumbres y forrajeras. Por otro lado, también se encuentra presente la producción de carne bovina que suele competir por el uso del suelo con la agricultura. Otras de las actividades pecuarias que se desarrollan en esta zona, es la producción porcina (Nava, 2006).

En el último tiempo, la producción porcina y el consumo de carne de cerdo en Argentina han experimentado un crecimiento significativo (Coordinación general de sistemas de gestión sanitaria, Dirección de Ejecución Sanitaria y Control de Gestión, Dirección Nacional de Sanidad Animal, 2022) (Figura 7). Treboux y Terré (2023) detallan que el consumo de carne de cerdo está ganando popularidad en la Argentina, desplazando en ocasiones a la carne bovina, que tradicionalmente ha sido la más consumida en el país. En consecuencia, el sector de la producción porcina en Argentina continúa exhibiendo una gran dinámica, con un crecimiento interrumpido en el último tiempo y conjuntamente la producción local viene experimentando un notable incremento.

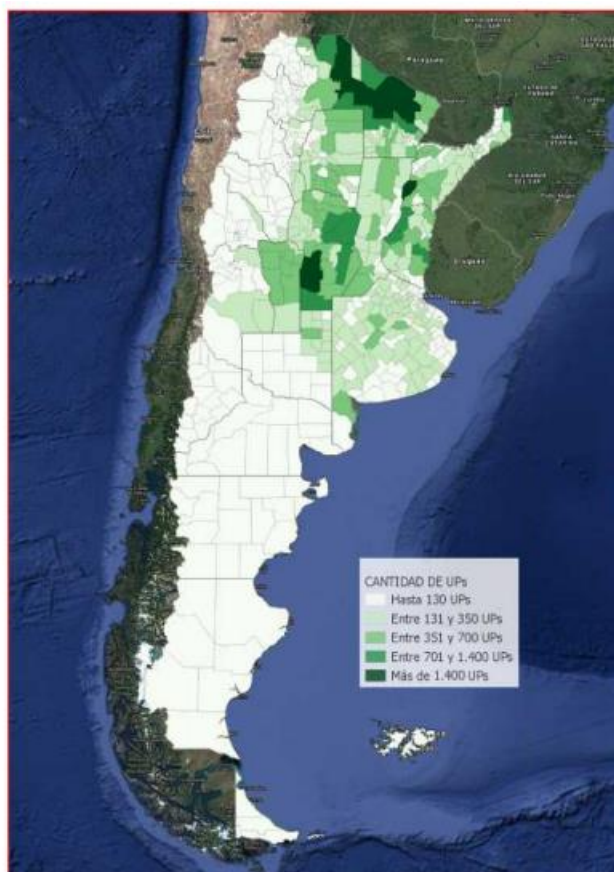


FIGURA 7. Distribución de las unidades productivas por departamentos y partidos en la República Argentina. Coordinación general de sistemas de gestión sanitaria, Dirección de Ejecución Sanitaria y Control de Gestión, Dirección Nacional de Sanidad Animal (2022). Caracterización de existencias porcinas. SENASA.

El sistema de producción se define como el conjunto de recursos humanos, naturales, financieros y tecnológicos, para desarrollar las funciones necesarias con el fin de lograr el objetivo propuesto. Por lo tanto, de acuerdo con los factores de la producción como lo pueden ser: la tierra, capital y mano de obra, los sistemas de producción se pueden clasificar en intensivos, extensivos, semi-intensivos y de traspatio (Cometto y Suárez, 2014).

Los sistemas intensivos generalmente son de alta productividad, con altas inversiones iniciales en instalaciones ya que los cerdos permanecen durante todo su ciclo de vida en confinamiento (Figura 8) (Ballina y Bencomo, 2010; Cometto y Suárez, 2014). Los sistemas extensivos demandan bajas inversiones iniciales y, por lo tanto, los niveles de producción son más bajos. En este tipo de producción, los cerdos bajo este sistema se encuentran en el medio natural, permaneciendo libre en todas las etapas de su vida (Ballina y Bencomo, 2010; Cometto y Suárez, 2014). En los sistemas semi-intensivos, se combinan los dos tipos de producción nombrados anteriormente, en el cual los animales gozan varias horas al aire libre, mientras que

en otras épocas se mantienen en espacios cerrados sometidos a una alimentación intensiva (Ballina y Bencomo, 2010; Cometto y Suárez, 2014). Los sistemas de traspatio (Figura 8), son uno de los tipos de producciones más extremos dentro de los extensivos, en donde la crianza se caracteriza por ser rudimentaria, donde se aprovecha la rusticidad y los bajos requerimientos nutricionales que son las que caracterizan a estas poblaciones. Este tipo de producción es la que más se utiliza para la economía familiar, los cerdos no mantienen costos elevados de alimentación, ya que se pueden alimentar de subproductos agrícolas y restos de la alimentación humana. Este tipo de sistema trascendió desde la domesticación del cerdo para el aprovechamiento de su carne, siendo el sistema con mayor presencia ante los sistemas extensivos, ya que la forma de manejo de la explotación es muy precaria y no hay ningún control en cuanto al comportamiento reproductivo de los cerdos (Morales *et al.*, 2014; Castro, 2019) (Figura 8).



FIGURA 8. Tipos de sistemas de producción porcina. A. Sistema de producción extensivo; B. Sistema de producción intensivo; C. Sistema de producción semi-intensivo; D. Sistema de producción traspatio. Tomado de Cometto y Suárez, 2014.

1.7. *SUS SCROFA* EN EL NOROESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Dentro de la región núcleo agrícola, comprendida en el noroeste de Buenos Aires y sur de Santa Fe, principalmente en la cuenca de río Arrecifes, los partidos de Lincoln, General Villegas y General Pinto, en la provincia de Buenos Aires, así como en la zona de Rufino, en porción sur de la provincia de Santa Fe, predomina la cría de cerdos domésticos para autoconsumo, la cual

se caracteriza por utilizar el sistema de crianza de traspatio, dando prioridad al consumo familiar (INDEC, 2021).

Paralelamente, en dicha región se ha detectado en la última década la presencia de ejemplares de cerdos asilvestrados, donde el origen de estas poblaciones es desconocido, así como sus relaciones filogeográficas con otras poblaciones de Argentina. Debido a su reciente formación, el estudio de estas nos brindaría un buen material de partida para analizar los mecanismos de formación de estas poblaciones silvestres, mediante herramientas moleculares, donde caracterizar la diversidad genética y detectar el grado de hibridación, son cruciales para evaluar el éxito invasor en la región (Sagua *et al.*, 2018; Acosta *et al.*, 2019; Figueroa *et al.*, 2022).

Los productores locales de la localidad de Germanía (Partido de General Pinto) y el sur de Santa Fe nos han informado de que hacen uso de cerdos asilvestrados (Figura 9) para el consumo propio o para la cruce con otros cerdos (Com. pers. Darío Carabajal). Carpinetti *et al.*, 2016 afirma que, en Bahía Samborombón, el producto final que se consume es el lechón, el cual puede ser puro o producto del cruzamiento entre una hembra de morfotipo asilvestrado con un macho de raza mejorada. Por otro lado, a partir de los cerdos asilvestrados o la cruce con los mismos, los productores fabrican distintos tipos de chacinados (chorizos, jamones, etc.), característicos por su bajo contenido en grasa y sabor particular.



FIGURA 9. Cerdos asilvestrados empleados en producciones porcinas de traspatio del noroeste de la provincia de Buenos Aires. En el mismo se pueden observar ejemplares domésticos junto a cerdos silvestres, como así también las condiciones de infraestructura de las producciones de traspatio de la región.

1.8. MARCADORES MOLECULARES APLICADOS A *SUS SCROFA*

Un marcador molecular es una secuencia específica de ADN o ARN que puede ser identificada y utilizada para distinguir entre diferentes individuos, especies, o poblaciones. Existen varios tipos de marcadores moleculares, incluyendo RFLP (Polimorfismos de Longitud de Fragmentos de Restricción), AFLP (Polimorfismos de Longitud de Fragmentos Amplificados), SSR (Repeticiones de Secuencias Simples), y SNP (Polimorfismos de Nucleótido Único), cada uno con sus propias aplicaciones y ventajas específicas. Los marcadores moleculares se utilizan en diversas áreas de la biología y la medicina, como la genética, la biotecnología, la ecología, y la evolución. A diferencia de los caracteres morfológicos, estos presentan varias ventajas ya que pueden ser detectados en todos los tejidos, son estables y no se ven alterados por el medio ambiente (Levitus *et al.*, 2010; Agrawal y Shrivastava, 2013).

La caracterización de las poblaciones mediante marcadores moleculares permite conocer su estructura genética, la diversidad presente y las relaciones entre las diferentes subpoblaciones (Revidatti, 2009).

Investigaciones anteriores han demostrado que los marcadores moleculares son una herramienta valiosa para estudiar la variabilidad genética, la filogenia y el origen de las poblaciones de *Sus scrofa* a nivel mundial, así como también determinar el grado de hibridación entre los distintos morfotipos de la especie (Alvez *et al.*, 2003; Fontanesi *et al.*, 2014). Los mismos pueden ayudar a proporcionar información sobre la historia evolutiva de la especie, así como su variabilidad genética actual. Los marcadores más utilizados para *S. scrofa* son los neutrales como la región control mitocondrial, citocromo b, microsatélites, entre otros, mientras que, entre los marcadores no neutros empleados se encuentran los genes NR6A1, MC1R, entre otros (Alves *et al.*, 2003; Fontanesi *et al.*, 2014; Sagua *et al.*, 2018; Ribani *et al.*, 2019; Acosta *et al.*, 2019, 2021, 2023; Figueroa *et al.*, 2022; 2024).

1.8.1. MARCADORES MITOCONDRIALES

El ADN mitocondrial (ADNmt) es una molécula de ADN es circular doble cadena que se encuentra en las mitocondrias. Este ADNmt es haploide y altamente variable, lo que significa que puede presentar diferencias entre individuos. Estas diferencias se deben a mutaciones que ocurren durante la replicación del ADNmt, como así también al ambiente oxidante mitocondrial. Su herencia es exclusivamente por vía materna, esto significa que todo el genoma se comporta como un *locus* único y no recombinante, es decir, que todos los sitios comparten una genealogía común. El análisis de secuencias de ADNmt se puede utilizar para inferir linajes o relaciones

filogenéticas. Es fácil de amplificar en el laboratorio ya que aparece en múltiples copias en la célula lo que a su vez facilita la obtención e identificación de variantes moleculares. Las diferencias en las secuencias de ADN mitocondrial se deben a cambios en un solo nucleótido, llamados SNPs. Cada variante de SNPs se denomina haplotipo (Alves *et al.*, 2003; Galtier *et al.*, 2009).

Con lo que respecta a *S. scrofa*, durante años se han realizado varios estudios de diferentes fragmentos de la región control del ADN mitocondrial (CR) (Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005, 2007; Kusza *et al.*, 2014), estos permitieron identificar cuatro grupos filogenéticos de *S. scrofa*, denominados clados mitocondriales: E1 (ampliamente distribuido en el continente europeo) y E2 (restringido a la península italiana, Cerdeña y Croacia), uno asiático (A) que incluye razas de cerdos domésticos de China y Japón y el clado NE que comprende cerdos del Cercano Oriente. En particular, el clado E1 se encuentra compuesto de la mayoría de las secuencias de jabalíes europeos y razas de cerdos domésticos del mismo continente, este a su vez se subdivide en E1-A (Italia, Francia, Alemania y Austria) y E1-C (España, Portugal, Polonia y Hungría). Dichos estudios se realizaron posteriormente en áreas de distribución exóticas de Latinoamérica, tal es el caso de Brasil, Chile y Argentina (Aravena *et al.*, 2015; Silva *et al.*, 2020).

Sagua y colaboradores (2018) por primera vez en Argentina caracterizaron las relaciones filogenéticas entre los jabalíes de Argentina con los de Uruguay, Europa, Asia y el Cercano Oriente. Al analizar secuencias de ADN mitocondrial, los investigadores pudieron determinar el origen europeo de las poblaciones locales de jabalíes y de esta manera se pudo obtener información sobre la historia de esta especie en el país. Otro estudio importante, que también se desarrolló en el país, es el de Acosta y colaboradores (2019) en el cual caracterizaron poblaciones antiguas de cerdos asilvestrados, mediante la región control mitocondrial (CR) y el gen de la amelogenina (Amely), y determinaron también que la mayor proporción de ejemplares era de origen europeo, mientras que otros eran asiáticos. Posteriormente, Figueroa *et al.* 2023, corroboró dichos resultados empleando un rango mayor de distribución de los ejemplares silvestres de la especie.

1.8.2. MARCADORES DE POLIMORFISMO DE LONGITUD DE FRAGMENTOS DE RESTRICCIÓN

Los RFLP (Polimorfismo de longitud de fragmento) son marcadores genéticos que se basan en las diferencias en la longitud de los fragmentos de ADN producto de la digestión con enzimas de restricción. Por lo tanto, la base molecular de esta técnica son las sustituciones,

inserciones, deleciones, duplicaciones e inversiones de los nucleótidos en el genoma (Agrawal y Shrivastava, 2013; Al-Samarai y Al-Kazaz, 2015).

En el caso de *S. scrofa*, esta técnica que ha utilizado en numerosos estudios para poder hacer la distinción del origen de las carnes (jabalí vs. cerdos domésticos), es decir, nos ayuda a determinar los distintos morfotipos: jabalí, híbrido o doméstico, tal como el caso del gen NR6A1 (Receptor Nuclear subfamilia 6 grupo A miembro 1), el cual codifica para el número de vertebras (Fontanesi *et al.*, 2014; Ribani *et al.*, 2019).

Los diferentes morfotipos difieren en cuanto al número de vertebras, los jabalíes tienen 19 vertebras torácicas y lumbares, mientras que los cerdos domésticos tienen entre 21-23 vertebras. El aumento de número de vertebras en los cerdos domésticos se debe a que estos poseen un aumento en el tamaño corporal para la producción de carne y mayor número de pezones, por lo que aumenta la reproducción potencial de las cerdas. La secuencia del gen NR6A1 posee una mutación sin sentido (C > T), esta mutación produce la sustitución de una prolina presente en los jabalíes, por una leucina presente en los cerdos domésticos (p.Pro192Leu) (Fontanesi *et al.*, 2014; Ribani *et al.*, 2019; Lorenzini *et al.*, 2020; Koseniuk *et al.*, 2021).

En 2023, Acosta y colaboradores reportaron por primera vez la hibridación entre jabalíes y cerdos ferales en Argentina. Para confirmar este hallazgo, los investigadores utilizaron marcadores moleculares nucleares MC1R y NR6A1, el marcador región control mitocondrial y microsatélites. Por lo tanto, esto podría explicar el aumento del vigor híbrido en la población aumentando la tasa de supervivencia, así como también los cambios morfológicos y de pelaje confiriéndoles un mayor potencial adaptativo y, por ende, un aumento de su potencial invasor.

2. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS

HIPÓTESIS

Los cerdos silvestres del noroeste de la provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe tienen una gran variabilidad genética, observada mediante los marcadores moleculares región control y NR6A1, debido a su alta diversidad de orígenes e hibridación entre los distintos morfotipos de la especie.

OBJETIVO GENERAL

Caracterizar genéticamente a la población de cerdos silvestres de la zona núcleo agrícola del noroeste de la provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe mediante los marcadores moleculares región control y NR6A1.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- 1.** Determinar la variabilidad genética de los cerdos silvestres del noroeste de la provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe mediante el marcador molecular mitocondrial región control.
- 2.** Caracterizar filogeográficamente y filogenéticamente a la población de cerdos silvestres del noroeste de la provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe, mediante el marcador molecular mitocondrial región control.
- 3.** Establecer la hibridación presente en los cerdos silvestres que se encuentran en el noroeste de la provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe, mediante el marcador molecular nuclear NR6A1.

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. ÁREA DE ESTUDIO

El área de estudio se enmarca en las localidades de la provincia de Buenos Aires, Germania e Ingeniero Balbín (Partido de Gral. Pinto); Pichincha y Santa Regina (Partido de Gral. Villegas); Gral. Viamonte (Partido de Los Toldos) y Cuenca del Río Arrecifes (Capitán Sarmiento); por último, Rufino en la porción sur de la provincia de Santa Fe (Tabla I). Dicha región se encuentra dentro de la zona núcleo agrícola del país, región más fértil de toda Argentina, donde predominan los cultivos de maíz, soja y girasol. Por último, hay una pequeña proporción destinada a la ganadería vacuna y porcina (Nava, 2006).

El noroeste de la Provincia de Buenos Aires se la conoce bajo la denominación de Pampa Arenosa, se extiende en una superficie de aproximadamente 50.000 Km². Esta región es una zona de baja densidad poblacional, pero de gran importancia económica debido a su actividad agropecuaria. La fertilidad de sus tierras permite el cultivo de los principales granos pampeanos, como la soja, el maíz, el trigo y el girasol. La precipitación media anual es de aproximadamente 850 mm por año⁻¹ y la temperatura media anual es de 16 °C, la región experimenta una alternancia entre periodos secos y húmedos. La región noroeste de la provincia de Buenos Aires es una importante productora de granos, en una superficie que representa solo el 11,2% de la superficie provincial, produce entre un quinto y un cuarto del total de su producción en el territorio bonaerense de tales cultivos. En las últimas dos décadas (2000-2018), la superficie sembrada en la región se duplicó. Esto se debe en gran parte a la adopción de la siembra directa, una técnica que permite sembrar sin labrar el suelo. La siembra directa ha permitido una mayor productividad, pero también ha desplazado la actividad ganadera. Como resultado de este desplazamiento, se ha perdido gran parte de la rotación agrícola-ganadera que era tradicional en la región. La rotación agrícola-ganadera es un sistema de producción que combina cultivos con ganadería, y tiene muchos beneficios, como la mejora de la fertilidad del suelo y la reducción de la erosión del suelo (Kruse y Ainchil, 2017; Bona, 2021).

3.2. MUESTREO DE LAS POBLACIONES

Se colectaron un total de 45 muestras de tejido muscular y tejido epidérmico (cuero) de cerdos silvestres (Figura 10) del noroeste de la Provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe y, de forma complementaria, muestras de la provincia de La Pampa, especialmente de su región norte (Figura 11, Tabla I). Todas las muestras fueron obtenidas de fuentes autorizadas, ya sea de cazadores o de colaboradores, 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 estos. Además, todas muestras obtenidas en este estudio se depositaron en el Banco de Muestras de tejido del Centro de Bioinvestigaciones (Sikes, 2016).

Las muestras fueron transportadas desde los sitios de muestreo en tubos Falcón de 50 ml con alcohol etílico al 96% hasta el Centro de Bioinvestigaciones de la UNNOBA. Una vez en el laboratorio, en los casos que fue necesario, se limpiaron con pinceles, pinzas, agua destilada y alcohol etílico al 96%. Luego, se conservaron en tubos de acuerdo con el tamaño de la muestra: tubos Falcón de 15 ml para muestras grandes o tubos *Eppendorf* de 1,5 para muestras pequeñas. La conservación se realizó en alcohol etílico al 96% a $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$.



FIGURA 10. Colecta de muestras de cerdos asilvestrados del noroeste de la Provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe. A. Tejido de cráneos; B. Productor de la localidad de Germania junto a un ejemplar de jabalí; C. Tejido de cuero (Santa Regina, Gral. Villegas)

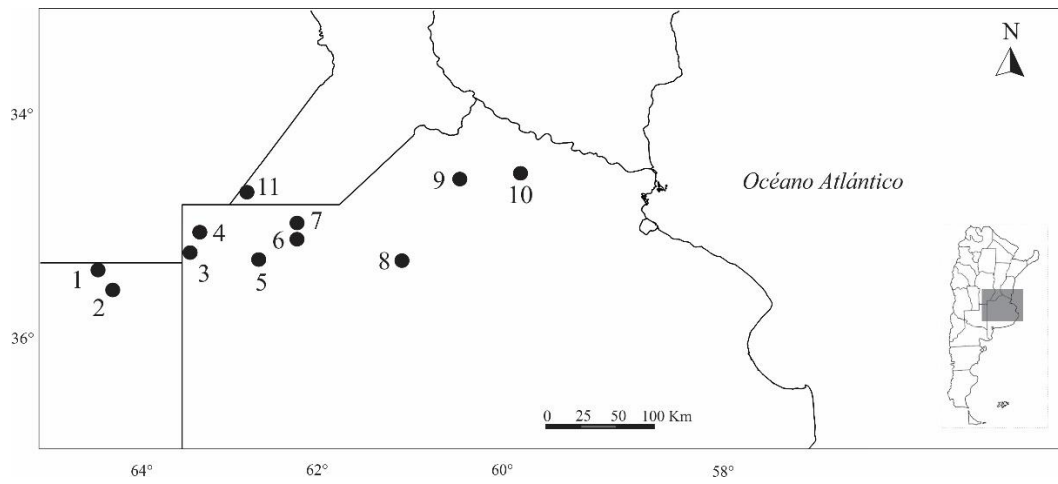


FIGURA 11. Sitios de muestreo de este estudio, comprendido en el noroeste de la provincia de Buenos Aires, sur de Santa Fe, y norte de La Pampa. Los números corresponden al número de identificación (ID) del sitio de muestreo (ver Tabla I).

TABLA I. Muestras de cerdos asilvestrados colectados en el presente estudio (N=45). Se indica el número de identificación (ID) de cada muestra y sitio de muestreo en el mapa, con su respectiva localidad y provincia, junto con sus coordenadas geográficas (latitud y longitud).

ID MUESTRAS	ID MAPA	LOCALIDAD	PARTIDO/DEPARTAMENTO	PROVINCIA	LATITUD	LONGITUD
913	9	Cuenca Río Arrecifes	Capitán Samiento	Buenos Aires	-34.11250847-	-604.552.487
914	9	Cuenca Río Arrecifes	Capitán Samiento	Buenos Aires	-3.411.250.847	-604.552.487
915	5	Pichincha	General Villegas	Buenos Aires	-349.743.056	-6.257.200.806
916	5	Pichincha	General Villegas	Buenos Aires	-349.743.056	-6.257.200.806
917	3	Santa Regina	General Villegas	Buenos Aires	-348.912.972	-6.331.736.667
931	5	Pichincha	General Villegas	Buenos Aires	-348.912.972	-6.331.736.667
1411	10	Ea. Taquini – Río Arrecifes	Capitán Samiento	Buenos Aires	-34.051.495	-59.796.339
1412	10	Ea. Taquini – Río Arrecifes	Capitán Samiento	Buenos Aires	-34.051.495	-59.796.339
1413	5	Pichincha	General Villegas	Buenos Aires	-349.743.056	-6.257.200.806
1414	5	Pichincha	General Villegas	Buenos Aires	-349.743.056	-6.257.200.806
1415	8	General Viamonte	General Viamonte	Buenos Aires	-34.971.675	-61.055.385
1495	7	Ingeniero Balbín/Germania	General Pinto	Buenos Aires	-34.577.623	-62.171.544
1496	7	Ingeniero Balbín/Germania	General Pinto	Buenos Aires	-34.577.623	-62.171.544
1497	7	Ingeniero Balbín/Germania	General Pinto	Buenos Aires	-34.577.623	-62.171.544
1498	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.577.623	-62.710.424
1499	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.577.623	-62.710.424
1500	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.577.623	-62.710.424
1501	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.577.623	-62.710.424
1502	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.577.623	-62.710.424
1503	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.577.623	-62.710.424
1504	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.577.623	-62.710.424
1505	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.577.623	-62.710.424
1882	4	Santa Regina	General Villegas	Buenos Aires	-346.753.056	-631.694.805
1883	4	Santa Regina	General Villegas	Buenos Aires	-346.753.056	-631.694.805
1885	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1886	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1887	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1891	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1892	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1893	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1894	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1895	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1896	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1897	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1898	11	Rufino	General Lopez	Santa Fe	-34.251.503	-62.724.377
1757	2	Alta Italia	Realicó	La Pampa	-352.864	-64.116.454
1758	2	Alta Italia	Realicó	La Pampa	352.864	-64.116.454
1759	2	Alta Italia	Realicó	La Pampa	352.864	-64.116.454
1760	2	Alta Italia	Realicó	La Pampa	352.864	-64.116.454
1761	2	Alta Italia	Realicó	La Pampa	352.864	-64.116.454
1762	2	Alta Italia	Realicó	La Pampa	352.864	-64.116.454
1520	1	Alta Italia, Campo de Delfino	Realicó	La Pampa	352.864	-64.116.454
1521	1	Alta Italia, Campo de Delfino	Realicó	La Pampa	352.864	-64.116.454
2206	6	Laguna La Salada, Coronel Granada	General Pinto	Buenos Aires	-34,726266	-62.170.236
2207	6	Laguna La Salada, Coronel Granada	General Pinto	Buenos Aires	34,726266	62.170.236

3.4. 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). En el caso de muestras de cuero seco se procedió a incubarlas más de un día con proteinasa K (10 mg/ml) y *Buffer* LCE, y donde no se pudo obtener ADN, se recurrió al uso de nitrógeno líquido y mortero, para una disgregación más efectiva del tejido (Figura 12).

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, y fue conservado a -20°C en condiciones de esterilidad. 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.

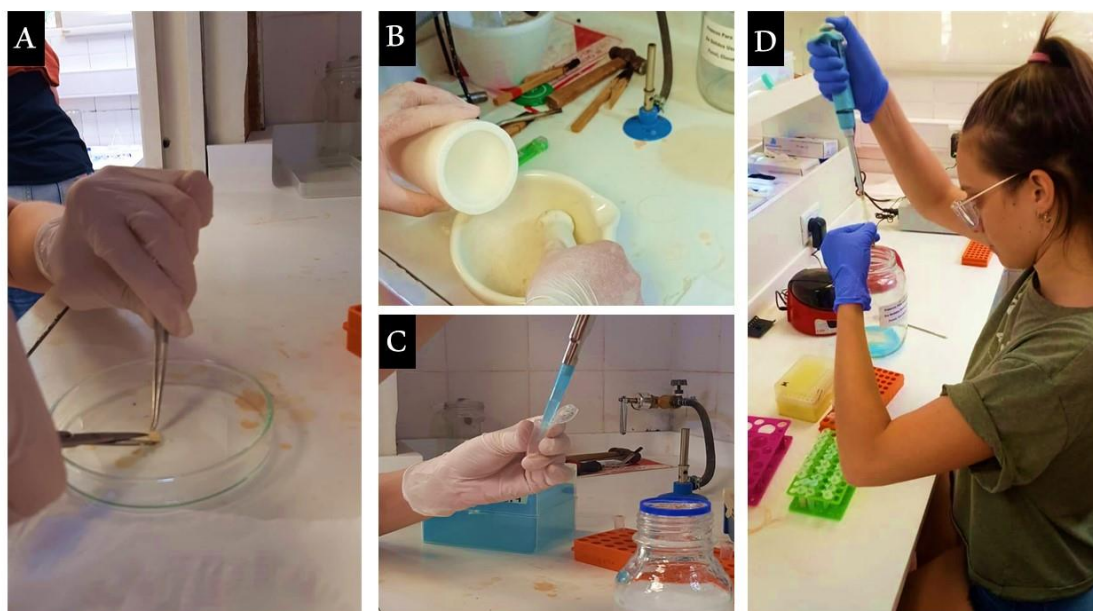


FIGURA 12. Extracción de ADN genómico a partir de muestras de tejido de cerdos asilvestrados. A. Disgregación de tejido con pinzas y tijeras; B. Disgregación de tejido con mortero y nitrógeno líquido; C y D. Extracción convencional protocolo Fenol-Cloroformo (Sambrook y Russell, 2006).

3.4.1. MARCADOR MITOCONDRIAL REGIÓN CONTROL

Para un total de 45 muestras se amplificó un fragmento de 734 pb de la región control del genoma mitocondrial. Este fragmento se encuentra entre los sitios nucleotídicos 15.390 y 16.124 del genoma mitocondrial (Figura 13). Los *primers* utilizados fueron desarrollados por Kusza y colaboradores (2014), los mismos se detallan en la Tabla II. La Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) para cada muestra se realizó en un volumen final de 20 μ L. Los detalles de los

reactivos y volúmenes utilizados en la reacción de PCR se pueden visualizar en la Tabla III. Los pasos del programa de ciclado se visualizan en la Tabla IV.

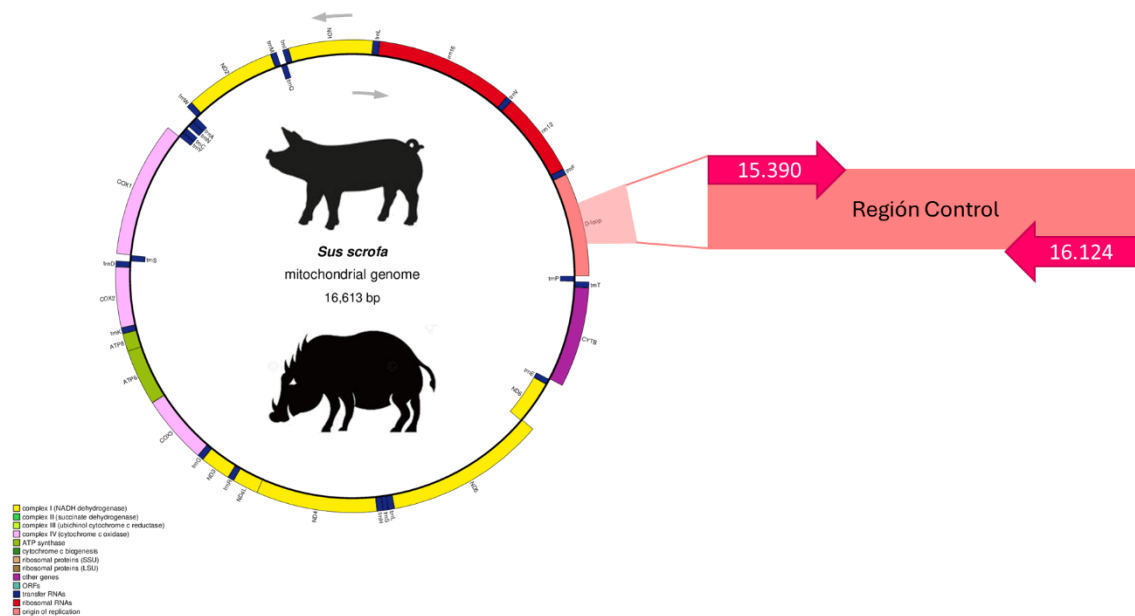


FIGURA 13. Representación del genoma mitocondrial de *Sus scrofa*. Se resalta en rosa el fragmento amplificado correspondiente a la Región Control Mitocondrial (15.390 - 16.124 pb).

TABLA II. Secuencias de *primers* utilizados para el marcador Región Control.

Nombre <i>Primer</i>	Secuencia 5' a 3'
Ss.L-Dloop 5' Fw	CGCCATCAGCACCCAAAGCT
PrR: 5' Rv	ACCATTGACTGAATAGCACCT

TABLA III. Condiciones de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) para el marcador Región Control Mitocondrial.

Reactivos	Concentración
ADN molde	25-100 ng
MgCl ₂	1,5 mM
<i>Primers (reverse y forward)</i>	0,2 mM
dNTP	0,2 mM
<i>Buffer de reacción</i>	1X
Taq T Plus	0,5 U
dH ₂ O	-

TABLA IV. Programa de ciclado para el marcador Región Control. Los tiempos se indican en segundos (s) y minutos (m).

Pasos	Temperatura	Tiempo	
Desnaturalización inicial	94°C	5 min	
Desnaturalización	94°C	5 min	X30
<i>Annealing</i>	62°C	45 s	
Extensión	74°C	45 s	
Extensión Final	74°C	5 min	

En el caso de muestras en las que fue difícil obtener el fragmento de interés, se realizaron ajustes en las concentraciones de MgCl₂ y de ADN, con el objetivo de optimizar el proceso de PCR. Todas las reacciones de PCR fueron realizadas en conjunto con un control negativo (agua ultrapura). 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 (Productos Biológicos®), en un gel de agarosa 1% m/v, teñido con bromuro de etidio (10 mg/ml) y observado bajo luz ultravioleta. A los productos amplificados correctamente, se les realizó posteriormente una purificación y secuenciación estándar en la empresa Macrogen® (Corea del Sur).

Las secuencias obtenidas para el marcador RC fueron analizadas y corregidas manualmente utilizando el *software* BioEdit v.7.0.5 (Hall, 1999). Como resultado de este proceso, se obtuvieron un total de 39 secuencias óptimas para analizar. De éstas, 36 presentan un tamaño de 654 pb, mientras que los 3 restantes poseen un tamaño de 446 pb. En este contexto, resulta crucial destacar que la investigación se basará en dos conjuntos de datos con secuencias de tamaños específicos, para ver si hay diferencias entre ellas. Entonces, el primer *subset* (*subset 1*) comprenderá un total de 36 secuencias, mientras que el segundo *subset* (*subset 2*) presentará 39 secuencias (Anexo 3).

Para analizar la variabilidad genética del marcador RC, se comenzó por realizar un alineamiento múltiple con el *software* Mega v.6 empleando el algoritmo ClustalW (Tamura *et al.*, 2013) para ambos *subset*. Luego, se utilizó el programa DnaSP 5.10.1 (Librado y Rozas, 2009), con el cuál se calcularon los números de haplotipos, diversidad nucleotídica (π), diversidad haplotípica (Hd) y, por último, los sitios polimórficos para ambos *subset*.

A continuación, todos los análisis bioinformáticos realizados se aplicaron al *subset1*, debido a la mayor cantidad de información que contienen estas secuencias.

Para determinar las relaciones filogenéticas, se tomaron 24 secuencias de la base de datos de ácidos nucleicos *GenBank* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Estas secuencias abarcaban cerdos domésticos, jabalíes y cerdos ferales pertenecientes a los distintos clados reportados previamente en la bibliografía: E1-A, E1-C, E2, NE y A. Además, se sumaron

secuencias pertenecientes a distintas provincias de Argentina, las cuales fueron tomadas de las investigaciones realizadas por Sagua *et al.* 2018, Acosta *et al.*, 2019 y Figueroa *et al.* 2022. Por último, como *outgroup* se empleó la secuencia de facóquero oriental (*Phacochoerus aethiopicus*). Luego se realizó un alineamiento múltiple utilizando el algoritmo ClustalW del *software* Mega v.6 (Tamura *et al.*,2013). A partir del alineamiento obtenido, se empleó el programa DnaSP 5.10.1 (Librado y Rosas, 2009) para obtener los haplotipos y a partir de esa información se construyeron los árboles filogenéticos. Estos últimos fueron efectuados empleando tres métodos: reconstrucción filogenética probabilísticas Bayesiana, Máxima Verosimilitud (MV) y, por último, la metodología de distancia *Neighbor Joining* (NJ). Para los dos últimos métodos mencionados, MV y NJ se asignó un *bootstrap* de 1.000, utilizando el *software* Mega v.6 (Felsenstein, 1985). En el caso del análisis bayesiano, primero se calculó el mejor modelo mutacional que se ajustó a nuestros datos, con el programa JModelTest v2.1.10 (Wang *et al.*, 2022). Se procedió a convertir esta información en formato BEAST XML, con el programa BEAUti v1.7.5 (Drummond *et al.*, 2012). Luego, se realizó la reconstrucción del árbol filogenético, para lo que se utilizaron los parámetros de reloj estricto como modelo de sustitución de cada nodo del árbol. En el caso de la cadena de *Markov Chain Monte Carlo* del programa BEAST v1.7.5 (Drummond *et al.*, 2012), la longitud de la cadena fue de 10.000.000 generaciones muestreando cada 1.000 generaciones. Con TreeAnnotator v1.7.5 (Drummond *et al.*, 2012) se generó un árbol consenso y, para finalizar, se visualizó y edito el árbol filogenético final con el programa FigTree v1.3.1 (Rambaut, 2012).

Por último, para visualizar las relaciones entre haplotipos, se procedió a utilizar el algoritmo *Median Joining* mediante el software PopART v1.7 (Bandelt *et al.*,1999; Leigh y Bryant, 2015), con las mismas secuencias empleadas en las inferencias filogenéticas.

3.4.2. 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 *subset1* de N = 36 muestras de cerdos silvestres, mediante los *primers* diseñados por Fontanesi (2014) (Tabla V). Los detalles de los reactivos utilizados en la reacción de PCR se pueden visualizar en la Tabla VI, el volumen final de la reacción fue de 20 µL. Todas las reacciones fueron realizadas en conjunto con un control negativo (agua ultrapura). El programa de ciclado se encuentra detallado en la Tabla VII.

TABLA V. Secuencias de *primers* empleados para el marcador nuclear NR6A1.

Nombre Primer	Secuencia 5' a 3'
NR6A1-F 5'	GGTATCCTGAGCACCCAGTC
NR6A1-R 5'	ACCTGGAGGACAGTGTGGAG

Tabla VI. Condiciones de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) para el marcador nuclear NR641.

Reactivos	Concentración
ADN molde	25-100 ng
MgCl ₂	1,5 mM
Primers (<i>reverse y forward</i>)	0,2 mM
dNTP	0,2 mM
<i>Buffer</i> de reacción	1X
Taq T Plus	0,5 U
dH ₂ O	-

TABLA VII. Programa de ciclado para el marcador nuclear NR6A1. Los tiempos se indican en segundos (s) y minutos (m).

Pasos	Temperatura	Tiempo	
Desnaturalización inicial	94°C	7 min	
Desnaturalización	94°C	30 s	X30
<i>Annealing</i>	61°C	30 s	
Extensión	74°C	30 s	
Extensión Final	74°C	5 min	

Los fragmentos de ADN amplificados fueron confirmados por electroforesis en un gel de agarosa 2% 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 VIII).

TABLA VIII. Polimorfismos 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	NOMBRE PRIMERS	PCR/RFLP
NR6A1	NR6A1F/NR6A1-R	MspI (g.299084751C= 180 + 23 pb; g.299084751T= 203 pb)

Una vez que se obtuvieron de los resultados de la PCR-RFLP, se realizaron los cálculos pertinentes para obtener las frecuencias genotípicas y alélicas del gen NR6A1 en la población de cerdos silvestres del noroeste de la Provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe (Figura 14).

A $FG = \frac{\text{número de individuos con determinado genotipo}}{\text{total de individuos de la población}}$

B $p = f(AA) + 1/2 f(Aa)$ $q = f(aa) + 1/2 f(Aa)$

FIGURA 14. Cálculos de frecuencias genéticas en una población. A. Frecuencias genotípicas; B. Frecuencias alélicas. Tomado de Catanesi *et al.*, 2021.

4. RESULTADOS

4.1. REGIÓN CONTROL

Se amplificó de manera óptima el fragmento de 734 pb del marcador molecular RC en las 45 muestras (Figura 15). En el Anexo 1 se muestra el cromatograma de las secuencias estándar del fragmento estudiado brindado por la empresa Macrogen, mientras que en el Anexo 2 se pueden visualizar los detalles de las muestras.

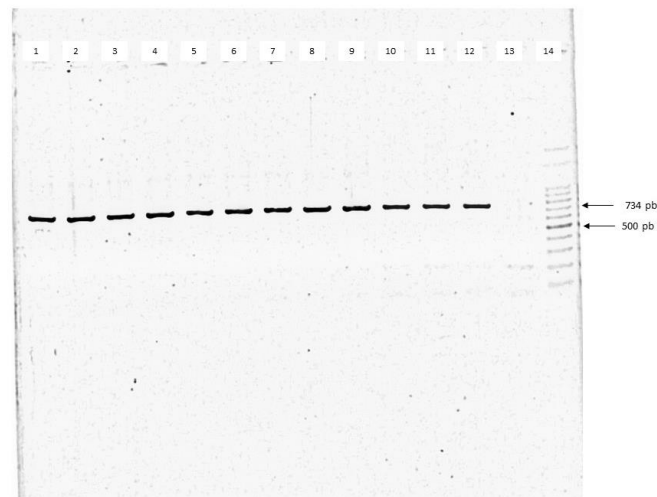


FIGURA 15. Amplificación del fragmento de 734pb del marcador Región Control. Los números indican las calles donde fueron sembradas las muestras. Desde la calle 1 hasta la calle 12 se pueden visualizar las bandas que corresponden para dicho marcador. En la calle 13 se sembró el control negativo. En la calle 14 se observa el marcador de peso molecular (*Ladder* 100 pb-Productos Biológicos®).

4.1.1. ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA

El análisis de variabilidad genética obtenido para el *subset 1*, reveló una notable diversidad genética, caracterizada por 25 haplotipos. Estos haplotipos se componen de 48 sitios variables (Tabla IX). La diversidad haplotípica es de $Hd = 0,908 \pm 0,00112$, la diversidad nucleotídica (por sitio) es de $\pi = 0,01025 \pm 0,00200$ con un número promedio de diferencias nucleotídicas de $K = 6,41905$.

Para el *subset 2*, se determinaron un total de 24 haplotipos, los cuales presentan de 43 sitios polimórficos (Tabla X). Se obtuvo una diversidad haplotípica de $Hd = 0,799 \pm 0,00225$ y una diversidad nucleotídica de $\pi = 0,01367 \pm 0,00284$, con un número promedio de diferencias nucleotídicas de $K = 5,77058$.

Al integrar el análisis de las secuencias del *subset 1* junto con las de Argentina, obteniendo un $N = 115$, se pudieron identificar un total de 103 haplotipos. Estos haplotipos presentan 88 sitios variables. La diversidad haplotípica es de $Hd = 0,978 \pm 0,00004$ y la diversidad nucleotídica (por sitio) es de $\pi = 0,01259 \pm 0,00090$, y el número promedio de diferencias nucleotídicas de $K = 7,31320$.

Por último, en el análisis de secuencias del *subset1* en conjunto con las de Argentina y los distintos clados, se obtuvo un $N = 143$ (Anexo 2). Se pudieron agrupar en un total de 106 haplotipos, los cuales presentan 123 sitios polimórficos. Por otro lado, la diversidad haplotípica es de $Hd = 0,974 \pm 0,00005$ y la diversidad nucleotídica (por sitio) es de $\pi = 0,01321 \pm 0,00083$ con un número promedio de diferencias nucleotídicas de $K = 7,63800$.

TABLA IX. Sitios de diversidad nucleotídica para el *subset1* (N =36) con 654 pb. Los números indican la posición nucleotídica variable, y los puntos la igualdad de base. Asimismo, se puede observar la frecuencia de los haplotipos en la población.

HAPLOTIPOS	SITIOS POLIMÓRFICOS																																	NÚMERO DE EJEMPLARES																							
	13	14	16	21	22	23	25	35	38	39	40	41	42	43	44	60	66	79	89	90	96	104	105	111	112	113	114	115	117	124	126	134	139		162	275	282	2887	304	371	380	433	422	443	465	515	541	556	557								
H1	A	A	A	A	-	G	A	T	-	C	T	T	T	A	A	A	-	T	T	G	C	T	A	G	A	A	A	A	C	-	C	C	A	T	A	C	C	C	C	T	C	G	C	G	G	T	A	G	4								
H2	A	A	1		
H3	C	.	A	.	A	T	T	G	C	G	T	T	T	T	.	T	C	G	.	1					
H4	A	A	.	C	.	A	.	A	T	T	.	C	G	T	T	T	T	.	T	.	.	.	A	A	C	G	.	1							
H5	A	A	1			
H6	A	A	T	A	1				
H7	G	C	T	G	A	.	G	A	-	A	G	-	.	C	.	A	A	.	T	T	T	.	.	.	T	T	G	C	G	T	T	T	T	.	T	C	G	.	1						
H8	G	C	T	G	?	.	G	A	-	-	A	.	.	T	.	G	A	A	.	T	.	.	.	?	.	.	G	G	-	A	1					
H9	A	C	1				
H10	A	.	.	.	-	A	A	A	-	1			
H11	A	.	.	.	-	A	A	1				
H12	.	.	.	G	A	.	.	.	-	A	.	A	-	A	1				
H13	.	.	.	G	A	.	.	.	-	A	A	2			
H14	.	.	.	A	-	A	1			
H15	.	.	.	G	A	.	.	.	-	A	1			
H16	A	.	.	.	-	A	4			
H17	A	.	.	.	-	C	G	1	
H18	A	.	.	.	-	A	2			
H19	A	.	.	.	-	3			
H20	-	A	.	A	1
H21	C	.	.	-	A	1		
H22	A	.	.	.	-	T	A	1			
H23	A	.	.	.	-	A	.	A	C	.	A	.	A	T	T	G	C	C	T	T	T	T	.	T	C	G	.	1				
H24	A	.	.	.	-	C	.	A	.	A	T	T	G	C	G	T	T	T	T	G	T	1					
H25	A	.	.	.	-	C	.	A	.	A	T	T	G	C	G	T	T	T	T	.	T	2				
TOTAL																																	36																								

TABLA X. Sitios de diversidad nucleotídica para el *subset2* (N=39) con 446 pb. Los números indican la posición nucleotídica variable, y los puntos la igualdad de base. Asimismo, se puede observar la frecuencia de los haplotipos en la población

HAPLOTIPOS	SITIOS POLIMÓRFICOS																																					NÚMERO DE EJEMPLARES																		
	13	14	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50																			
H1	A	A	A	A	-	G	A	A	T	C	-	T	T	T	A	-	T	A	T	T	T	G	C	T	A	G	A	A	A	A	C	-	C	C	A	T	A	C	C	C	C	T	C	9												
H2	A	A	3										
H3	A	T	A	T	-	.	C	.	A	.	A	-	T	T	G	C	G	T	T	T	T	.	T	1										
H4	A	A	C	T	A	T	A	.	C	.	A	.	A	-	T	T	.	C	G	T	T	T	T	.	T	1							
H5	A	1								
H6	A	1							
H7	G	C	T	G	A	.	G	.	A	A	-	T	G	T	-	.	C	.	A	A	.	T	T	T	-	T	T	G	C	G	T	T	T	T	.	T	1								
H8	G	C	T	G	?	.	G	.	A	A	-	T	G	T	A	A	.	T	.	.	.	?	.	.	G	G	-	1							
H9	1						
H10	A	1					
H11	A	1					
H12	G	A	1					
H13	G	A	2				
H14	A	1				
H15	G	A	1			
H16	A	4			
H17	1			
H18	A	1		
H19	A	1		
H20	A	G	T	1
H21	A	2	
H22	A	1	
H23	1
H24	A	1
																																						39																		

4.1.2. ANÁLISIS FILOGENÉTICO Y RELACIONES HAPLOTÍPICAS

Se realizó el análisis filogenético utilizando un total de 143 secuencias, 36 pertenecen a este estudio y 107 obtenidas de *GenBank*. Estas secuencias se agruparon en 106 haplotipos. Las secuencias de este estudio se hallaron en 22 haplotipos (H1 a H22), de los cuales 19 representan haplotipos reportados por primera vez. Es importante mencionar que 3 de los 22 haplotipos ya habían sido reportados en Argentina y en países europeos como Península Ibérica, Armenia, Reino Unido, Países Bajos y Portugal (Anexo 2).

Con respecto a los árboles filogenéticos, las tres metodologías arrojaron la misma topología, por lo que en la Figura 16 se muestra el árbol filogenético obtenido con inferencia bayesiana. El mismo revela una clara división en subclados E1A, E1C, E2, NE y A. El modelo mutacional que mejor se ajustó al *subset1* fue el HKY+I+G (*Hasegama-Kishino-Yano + Invariable sites + Gamma distribution*). Las muestras de este estudio se hallaron en los subclados europeo E1A y asiático A.

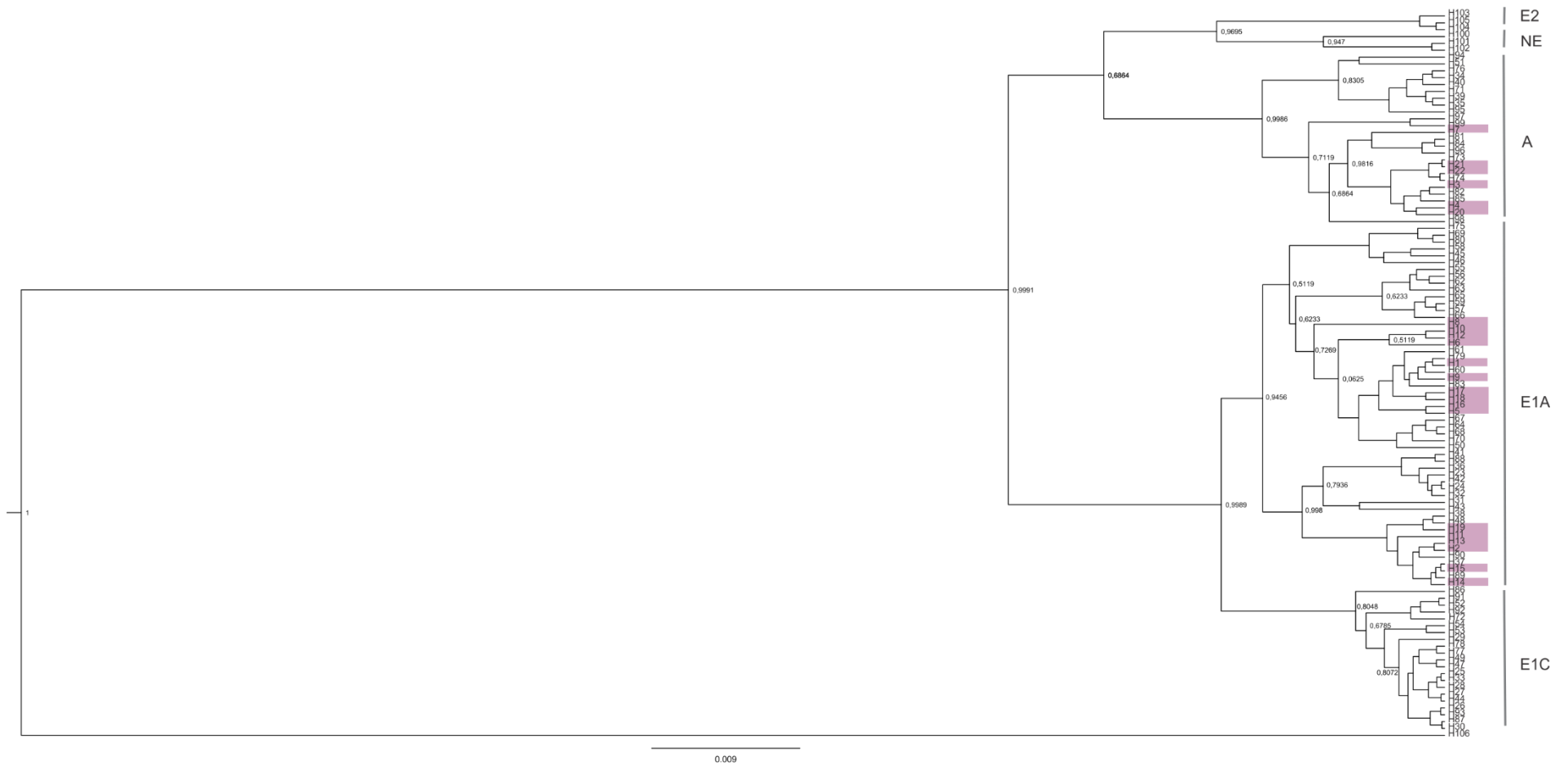


FIGURA 16. Arbol filogenético generado mediante inferencia bayesiana para los 654 pb del marcador molecular Region Control. Se indican los clados y subclados previamente reportados para *S. scrofa*: E1 (subdividido en E1A y E1C), E2, NE y A. En violeta se visualizan los 22 haplotipos compuestos por secuencias de este estudio. En los nodos se muestran los valores de probabilidad posterior mayores a 0,5.

Teniendo en cuenta que las secuencias de este estudio comprendían un total de N=36, el 80,5% (N=29) de las secuencias se identificaron dentro del subclado E1A. Estas secuencias se distribuyeron entre los haplotipos H1, H2, H5, H6, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, H18 y H19. Algunos haplotipos, ya habían sido reportados en trabajos previos, y provenían de las provincias de Buenos Aires, Santa Fe, La Pampa, Corrientes y La Rioja (Acosta *et al.*, 2019; Figueroa *et al.*, 2022). Por otro lado, el 19,4% (N=7) de las secuencias se encontraron dentro del clado A, las cuales corresponden a los haplotipos H3, H4, H7, H20, H21, H22. Alguno de estos haplotipos, ya habían sido reportados para las provincias de Buenos Aires, Entre Ríos y Santa Fe (Acosta *et al.*, 2019; Figueroa *et al.*, 2022). En el Anexo 2 se puede visualizar detalladamente la distribución de los haplotipos en los diferentes clados.

El análisis de haplotipos por *Median Joining* (Figura 17, Anexo 2) para el subset 1 más la secuencias de GenBank (N=143), revela dos haplotipos centrales: el Hap 15 y el Hap 1. Ambos, presentan una estructura “tipo estrella” y están conformados por secuencias que pertenecen a este estudio y por secuencias pertenecientes al subclado E1A. Estos haplotipos se los suele denominar “ancestrales” de los cuales surgen nuevos haplotipos y están separados entre ellos por una única mutación. En general, se observan que las secuencias de este estudio se encuentran principalmente en el subclado E1A, con menor presencia en el clado A, concordante a lo obtenido en los análisis filogenéticos.

Empezando con los haplotipos dentro del subclado E1A, el Hap 1 comparte secuencias propias con secuencias de la Provincia de Buenos Aires, lo que sugiere que estos ejemplares podrían provenir de la costa bonaerense (Anexo 2). De este haplotipo derivan los Hap 5, 16, 17, 18 (secuencias de este estudio) que son los más cercanos y presentan solo una mutación de diferencia. A su vez, se originan otros haplotipos como el Hap 60, 79 y 83, los cuales incluyen ejemplares de La Pampa, Buenos Aires y Río Negro, respectivamente. Por otro lado, el Hap 15 contiene secuencias de este estudio junto con secuencias de Corrientes y La Rioja. De este haplotipo derivan los haplotipos 11, 12, 13, 14, 19 (secuencias de este estudio) y 23 (de Buenos Aires), todos ellos diferenciados por una sola mutación. Finalmente, el Hap 3 que pertenece al clado A, incluye secuencias de este estudio y de Entre Ríos, y se diferencia del haplotipo 20 por una mutación y del haplotipo 4 por tres mutaciones, ambos contienen secuencias de este estudio (Figura 17, Anexo 2). Estos datos indicarían la multiplicidad de orígenes que presenta la población en estudio.

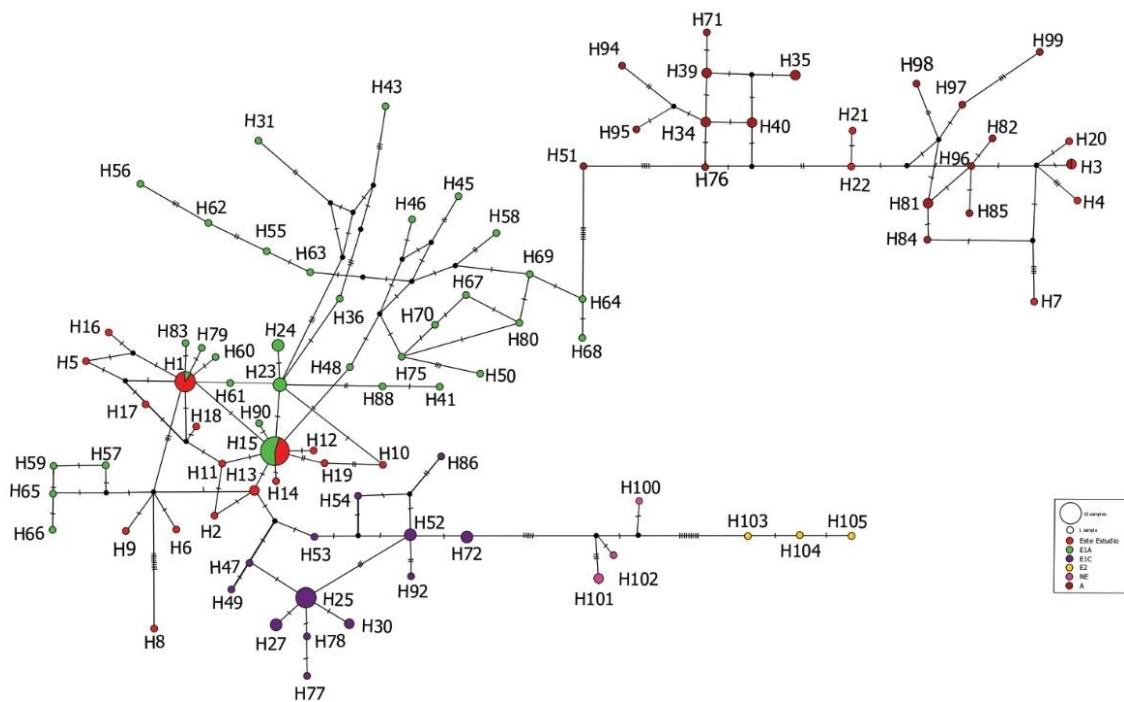


FIGURA 17. Red haplotípica *Median Joining* en el que se puede visualizar los 105 haplotipos que se obtuvieron para el *Subset 1*. El tamaño de los círculos refleja la frecuencia de los haplotipos y las líneas transversales indican la cantidad de mutaciones que separan a los distintos haplotipos. Con color, se detallan los distintos clados.

4.1.3. DETECCIÓN DE MORFOTIPOS

4.1.3.1. GEN NR6A1

Se logró amplificar de manera correcta el fragmento de 203 pb de del gen NR6A1, en las muestras de cerdos silvestres. Posteriormente, fueron incubadas con la enzima endonucleasa *MspI* para obtener el genotipo de cada individuo (Figura 18, Anexo 3).

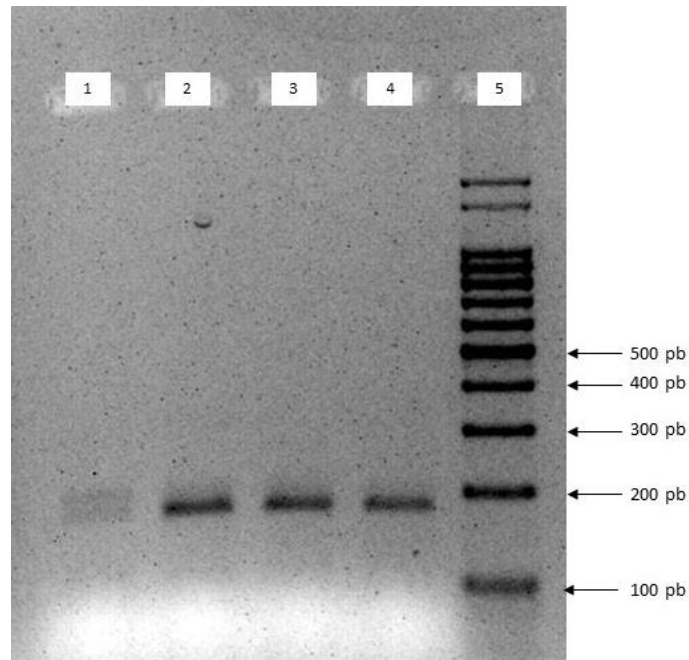


FIGURA 18. Digestión enzimática para la mutación g.299048751C>T (p. Pro192Leu) por la enzima MspI del gen NR6A1. Desde la calle 2 hasta la calle 4 se puede visualizar individuos homocigotos (CC) recesivos por la banda de 180pb. En la calle 1 se observa un individuo heterocigoto (TC) por las bandas de 203 pb y 180 pb. En la Calle 5 se presenta el marcador molecular (*Ladder* 100 pb-Productos Biológicos®).

Para el set completo de datos, se identificaron las siguientes frecuencias genotípicas: $f_{(TT)} = 0,5$; $f_{(TC)} = 0,17$, y $f_{(CC)} = 0,33$. Las frecuencias alélicas fueron de $f_{(T)} = 0,585$ y $f_{(C)} = 0,415$. Estos resultados indican la presencia de ejemplares de jabalíes puros, híbridos y asilvestrados en la zona de estudio.

Por otro lado, en la figura 19 se puede visualizar la gran diversidad morfológica que existe en los ejemplares presentes en la zona de muestreo.

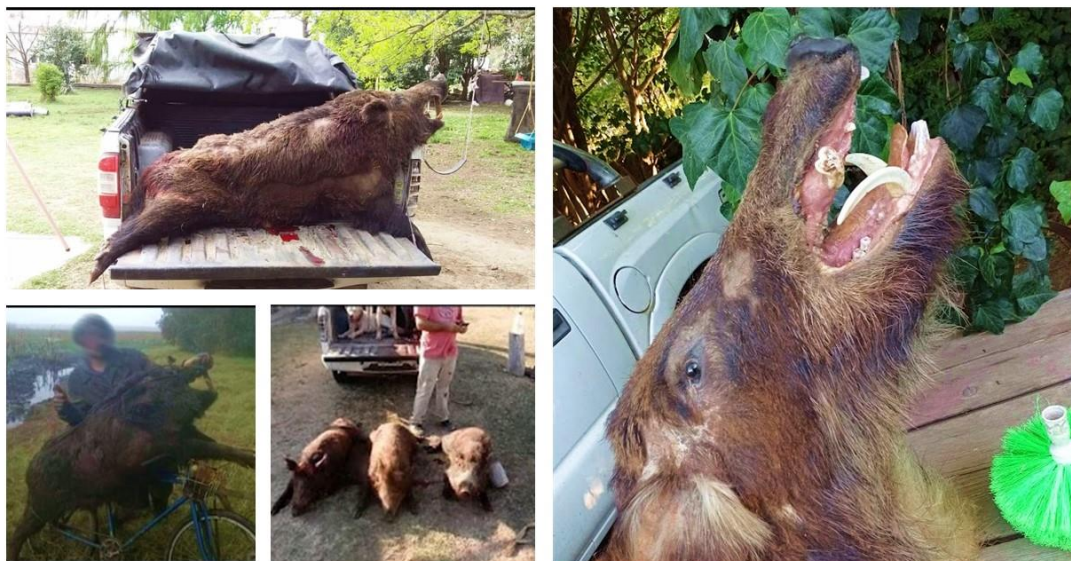


FIGURA 19. Cerdos silvestres cazados en la localidad de Rufino, Santa Fe (Imágenes cedidas por un cazador de la zona). En la imagen se puede apreciar la notable variedad morfológica en la especie.

5. DISCUSIÓN

En los últimos tiempos, la preocupación por los cerdos silvestres como especie exótica invasora ha crecido exponencialmente en Argentina (Morandi *et al.*, 2023). Se ha demostrado que dichos ejemplares provocan grandes disturbios ecosistémicos, como también impactan negativamente en la ganadería y la agricultura. Por otro lado, las poblaciones de cerdos silvestres revisten de importancia para los pequeños productores, quienes encuentran en estas poblaciones un valioso recurso genético, ya que conserva una importante diversidad genética y presenta características deseables como una mayor resistencia a enfermedades y al estrés ambiental, además de que manifiestan una gran capacidad para adaptarse a diversos hábitats (Scarpa *et al.*, 2003). Sumado a todo esto, una de las características más deseables del jabalí es su carne, debido a que presenta menos contenido de grasa intramuscular y un mayor sabor (Sales y Kotrba, 2013).

En esta investigación se trabajó por primera vez con una población de cerdos silvestres que corresponde al noroeste de Buenos Aires y sur de Santa Fe, de reciente aparición. Por lo tanto, se logró caracterizar genéticamente mediante los marcadores región control y el marcador nuclear NR6A1, determinar la proporción de morfotipos en la población y el origen filogenético, adquiriendo una importancia fundamental como base para dar respuestas a decisiones de manejo para su control.

En el estudio del marcador región control se identificaron 22 haplotipos para los cerdos silvestres estudiados. Dentro de esos 22, 19 de ellos se registraron por primera vez, mientras que, los restantes ya han sido reportados en Argentina y en otros países como: Península Ibérica, Alemania, Reino Unido, Países Bajos y Portugal (Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005; Fang y Anderson, 2006; Acosta *et al.*, 2019; Figueroa *et al.*, 2022). Para el análisis de la variabilidad genética, se optó por dividir las secuencias en dos subconjuntos: el *subset 1* (36 secuencias) y el *subset 2* (39 secuencias). Esta decisión se basó en la diferencia de longitud entre algunas secuencias. El objetivo de esta estrategia fue determinar si el análisis de ambos subconjuntos presentaba diferencias significativas en cuanto a los sitios polimórficos y la diversidad nucleotídica. El análisis de los dos *subsets* de secuencias reveló una diferencia notable en la diversidad haplotípica. Para el *subset 1*, con menos secuencias, pero de mayor longitud, presento una diversidad haplotípica de $Hd = 0.908 \pm 0.00112$. Mientras, que el *subset 2* con más secuencias, pero de menor longitud, tuvo un $Hd = 0.799 \pm 0.00225$. Esta aparente contradicción podría explicarse por el fragmento que se eliminó, ya que este contiene una cantidad importante de SNPs que se pierden en el *subset 2*. Por ello, se prosiguió al análisis únicamente con el *subset 1*.

Centrándonos en la variabilidad genética que se obtuvo para el *subset 1* y comparándolo con varios estudios realizados en Argentina, los resultados de diversidad haplotípica ($Hd = 0,908 \pm 0,00112$) y diversidad nucleotídica ($\pi = 0,01025 \pm 0,00200$) de la población en estudio, revelan valores notablemente mayores. Por ejemplo: Sagua y colaboradores (2018), estudiaron poblaciones de jabalíes salvajes y obtuvieron una diversidad haplotípica de $Hd = 0,827 \pm 0,017$ con una diversidad nucleotídica de $\pi = 0,007 \pm 0,001$. Por otro lado, Acosta y colaboradores (2019) trabajaron con población de cerdos ferales y obtuvieron un $Hd = 0,710 \pm 0,033$ con una diversidad nucleotídica de $\pi = 0,00612 \pm 0,00078$. Figueroa y colaboradores (2022) obtuvieron un valor de $Hd = 0,893 \pm 0,012$ y un $\pi = 0,00959 \pm 0,00054$, su población de estudio abarcaba cerdos silvestres de casi toda su distribución en Argentina y, la inclusión de poblaciones ausentes en los estudios anteriores, dando lugar a que la diversidad de haplotipos sea mayor que las reportadas anteriormente. Aun así, la diversidad haplotípica encontrada en el presente trabajo es mayor. En otro estudio realizado por Figueroa y colaboradores (2024), evaluaron la diversidad haplotípica en poblaciones de cerdos domésticos dentro de la misma región de estudio de este trabajo, y obtuvieron un $Hd = 0,840 \pm 0,031$ y la diversidad nucleotídica estimada fue de $\pi = 0,010 \pm 0,001$.

Este escenario se comparte también con las poblaciones de Latinoamérica, donde por ejemplo en Brasil, Silva y colaboradores (2020), estudiaron tres poblaciones de cerdos silvestres y obtuvieron índices de diversidad menores. Para la población de Porco Monteiro del Pantanal obtuvieron un $Hd = 0,016 \pm 0,016$, para Porco Monteiro de Brasilia fue de $Hd = 0,333 \pm 0,215$ y, por último, para la población de cerdos adaptados localmente obtuvieron un valor de $Hd = 0,693 \pm 0,693$. En Chile, Aravena y colaboradores (2015) muestrearon dos poblaciones de cerdos ferales de Timaukel y Vicuña (Tierra del Fuego), encontraron 5 haplotipos, aunque su estudio no proporciona datos sobre diversidad haplotípica. De estos 5 haplotipos, sólo uno corresponde a cerdos ferales. Esta baja diversidad genética puede deberse a que no hay conectividad entre los dos sitios de muestreo y que han evolucionado independientemente desde su introducción. En comparación, este estudio identificó un total de 19 haplotipos nuevos, para un set de datos semejante, lo que también corrobora la alta diversidad genética hallada en este estudio.

La diversidad haplotípica ($Hd = 0,908$) de los cerdos silvestres del noroeste de Buenos Aires y sur de Santa Fe, son relativamente similares a los obtenidos en poblaciones nativas de jabalíes de Europa, por ejemplo: Scandura y colaboradores (2008) estudiaron poblaciones de cerdos silvestres en países de Europa (desde España hasta Polonia) y obtuvieron un $Hd = 0,902$. Alves y colaboradores (2010) estudiaron poblaciones de jabalíes de la Península Ibérica y el Centro de Europa, con lo que obtuvieron una diversidad haplotípica $Hd = 0,93$.

Al comparar los resultados obtenidos en este trabajo con los mencionados anteriormente, tanto en Argentina, Brasil y Europa, se observa que la diversidad haplotípica es considerablemente mayor. Como se puede apreciar, la diversidad haplotípica obtenida en la población estudiada fue superior tanto para los cerdos silvestres como para los jabalíes. Esto se podría atribuir a la una posible multiplicidad de orígenes de los ejemplares que forman parte de la población de estudio, como también a la posible participación de los distintos morfotipos de la especie en la creación de la población. Keller y Waller (2002) y Rius y Darling (2014), sostienen que las múltiples introducciones son características muy comunes en las especies invasoras, por lo tanto, si estas introducciones provienen de diferentes áreas de origen, se presenta un potencial significativo para afectar la variación adaptativa. Esto se debe a que la mezcla de poblaciones fuente divergentes puede introducir nuevos alelos en la invasión, lo que podría tener un fuerte impacto en los rasgos fenotípicos, especialmente aquellos determinados por genes de gran efecto o variantes genéticas ocultas. Además, esta mezcla ofrece oportunidades únicas para que ocurran interacciones genéticas entre alelos previamente aislados, lo que puede tener consecuencias en los fenotipos y la aptitud de los genotipos resultantes.

Con lo que respecta al origen filogenético de la especie *S. scrofa* en base al marcador región control, se han identificado cuatro clados mitocondriales: E1 (distribuido en el continente europeo), el cual se subdivide en E1-A (Italia, Francia, Alemania y Austria) y E1-C (España, Portugal, Polonia y Hungría); E2 (corresponde a la península italiana, Cerdeña y Croacia), un clado asiático (A) y por último el clado NE (Cercano oriente). (Giuffra *et al.*, 2000; Kim *et al.*, 2002; Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005; Fang y Andersson, 2006; Kusza *et al.*, 2014). En el caso de la población de estudio, se observó que las secuencias se agruparon principalmente en el subclado E1A y en menor medida en el clado A. Centrándonos en los 22 haplotipos que incluyen las secuencias de este estudio, se destacan dos con una mayor frecuencia: H1 y H15. El haplotipo H1, perteneciente al subclado E1A, fue previamente registrado en Argentina por Figueroa y colaboradores (2022), todos los especímenes provienen de Buenos Aires. Por otro lado, el H15, también del subclado E1A, ha sido identificado en varios estudios europeos (Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005, 2006; Fang y Andersson, 2006), así como en investigaciones realizadas en Argentina; por ende, los ejemplares asociados a este haplotipo provienen de La Pampa, Santa Fe, Buenos Aires, Corrientes y La Rioja (Acosta *et al.*, 2019 y Figueroa *et al.*, 2022). Es importante resaltar que en este último haplotipo se encuentran los tres morfotipos de la especie (Anexo 2).

El haplotipo H23 incluye especímenes tanto de Argentina (Buenos Aires) como de Francia. Asimismo, el H52 contiene cerdos silvestres de Corrientes (Argentina) y de la Península Ibérica. Por último, el H72 presenta individuos de España y de la provincia de Buenos Aires,

Argentina (Alves *et al.*, 2003; Larson *et al.*, 2005; Fang y Andersson, 2006; Acosta *et al.*, 2019; Figueroa *et al.*, 2022). Por otro lado, los haplotipos H1 y H15 en la red haplotípica adoptan una estructura de tipo estrella, por lo que se podría argumentar que estos haplotipos representan ancestros de los cuales emergen nuevas variantes. En ambos haplotipos, se encuentran ejemplares de la provincia de Buenos Aires, aunque el H1 es compartido por ejemplares de Santa Fe y el H15 con ejemplares Corrientes, La Rioja, Santa Fe y La Pampa. Por otro lado, el H3 es compartido por ejemplares de Buenos Aires y Entre Ríos.

Según Navas (1987), el jabalí europeo fue introducido en La Pampa a principios del siglo veinte, proveniente de Francia. Por lo tanto, basándonos en la información del árbol filogenético, se podría inferir que los cerdos silvestres del área de estudio pueden tener sus orígenes en ejemplares provenientes de principalmente de Francia, Alemania e Italia, así como también en Asia. Estos hallazgos respaldarían lo mencionado por Navas (1987). Además, la dispersión de estos jabalíes por varias provincias de Argentina, como Santa Fe, Buenos Aires, Córdoba, Neuquén, San Luis, Rio Negro y Buenos Aires, apoya los datos históricos sobre su escape y dispersión en la región central del país (Navas, 1987; Amieva, 1993; Sagua *et al.*, 2018).

Por otra parte, varios investigadores (Sagua *et al.*, 2018; Figueroa *et al.*, 2022; Acosta *et al.*, 2023) coinciden en que la presencia de material genético asiático en algunos ejemplares de cerdos asilvestrados podría atribuirse a la hibridación entre jabalíes y cerdos domésticos tanto en poblaciones silvestres como en establecimientos de cría de porcinos extensivos. Por otro lado, Alves y colaboradores (2003) identificaron la presencia de ADN mitocondrial asiático en cerdos Pietran y Jabugo Negro Manchado, lo que sugiere una histórica hibridación con razas asiáticas para obtener estas variedades de cerdos domésticos. En otras palabras, la introducción de cerdos con material genético asiático en la cría de estas razas mejoradas podría explicar la presencia de este material genético en esta población. Scandura y colaboradores (2008) también plantean que el origen asiático de las poblaciones silvestres podría explicarse por la hibridación entre jabalíes y cerdos domésticos, tanto en el pasado como en la actualidad. Por consiguiente, los ejemplares analizados en este estudio que se encuentran en el clado asiático podrían haber surgido de la hibridación con animales domésticos presentes en la zona.

Por otra parte, en este estudio se determinó mediante el gen NR6A1, la proporción de morfotipos (jabalíes, híbridos y domésticos) dentro de la población en estudio. Hallándose, un 33% de jabalíes “puros” (CC), un 17% de híbridos (CT) y, un 50% de ascendencia doméstica (TT). Recordemos que los jabalíes y cerdos domésticos tienen variaciones en el número de vértebras debido a diferencias en tamaño y reproducción. Una mutación en el gen NR6A1 (p.Pro192Leu) ayuda a distinguir entre jabalíes euroasiáticos (con el alelo *wild type* C) y razas comerciales de

cerdos (con el alelo T) (Fontanesi *et al.*, 2014; Ribani *et al.*, 2019). Estos resultados sugieren una alta proporción de individuos de procedencia doméstica y, en menor medida, procedencia jabalí “puro”. Sumado a esto, los datos señalan la presencia de ejemplares híbridos en la población investigada. Los valores obtenidos en cuanto a jabalíes “puros” en este trabajo son más altos que los hallados por Acosta y colaboradores (2023) donde obtuvieron un 9,5% en poblaciones silvestres de Bahía Samborombón.

En la región nativa de los jabalíes, Fontanesi y colaboradores (2014) determinaron que, si bien el 92,5% de los jabalíes eran homocigotas para el alelo *wild type* (CC), también el 6,96% era heterocigotas (CT) e inclusive un solo ejemplar era homocigota para el alelo salvaje (TT). Por lo tanto, el porcentaje de ejemplares homocigotas para el alelo *wild type* es mayor que el reportado para este estudio, lo cual era esperable, ya que en la región nativa se encuentran una mayor proporción de ejemplares puros. Sin embargo, el porcentaje homocigotos para el alelo mutante (TT) y heterocigotos (CT) fue menor, en comparación con este trabajo, esto da indicios de la introgresión de genes domesticados en jabalíes europeos. En otro estudio realizado por Ribani y colaboradores (2019) para una población de jabalíes, el norte de Italia, Cerdeña y el sureste de Europa, el porcentaje de homocigotas TT fue de: 0,04%, 1,44% y 0,49%, respectivamente. Por otro lado, encontraron un mayor porcentaje de ejemplares heterocigotas, siendo del 3,92% para el norte de Italia, de 21,12% para Cerdeña y el 13% para el sureste de Europa. Estos datos indican un menor porcentaje de homocigotas para el alelo T, pero los porcentajes de ejemplares heterocigotas son aún mayores, lo cual coincide con lo que encontraron Fontanesi y colaboradores (2014). Los resultados de este estudio en donde se encontraron un alto porcentaje de ejemplares homocigotas para el alelo T y heterocigotas, demuestra que la mayoría de estos ejemplares silvestres podrían tener ascendencia doméstica, como también podría darse un mayor cruzamiento entre cerdos domésticos y jabalíes en comparación con la región nativa de los jabalíes. Por otro lado, investigadores reflejan que ya no existen poblaciones nativas puras de jabalíes por lo que, aquellos ejemplares introducidos en el país podrían ya haber ingresado con el alelo doméstico (T) (Koutsogiannouli *et al.*, 2010; Frantz *et al.*, 2013; Goedbloed *et al.*, 2013; Fontanesi *et al.*, 2014; Canu *et al.*, 2016; Ribani *et al.*, 2019). Dichos autores afirman que la introgresión bidireccional de alelos silvestres y domésticos es un componente clave de las fuerzas evolutivas que modelan continuamente el genoma de *S. scrofa*, impulsadas tanto por la actividad humana como por procesos naturales. Además, describen un proceso de "de-domesticación", donde los cerdos domésticos están en proceso de volverse más salvajes al incorporar genes silvestres, mientras que los jabalíes están experimentando un

proceso de "domesticación", tendiendo hacia un estado más domesticado (Fontanesi *et al.*, 2014; Ribani *et al.*, 2019).

Por ejemplo, durante conversaciones con habitantes del pueblo de Germania, contaron que un residente del lugar introdujo ejemplares de jabalíes, provenientes de La Pampa, los cuales luego escaparon y comenzaron a cruzarse con los cerdos domésticos, generando así la hibridación que se observa predominantemente en esa región (Figura 11) (Ariel Corsico. Com. Pers.).

De acuerdo con lo expuesto anteriormente, la introgresión entre el jabalí y el cerdo doméstico suele estar asociada con actividades humanas, como traslado de animales o prácticas de cría en libertad (Canu *et al.*, 2014). Algunos estudios sugieren que la introgresión del cerdo doméstico en la población de jabalíes silvestres da lugar a genotipos mezclados y esto podría mejorar la aptitud y aumentar las tasas de reproducción, lo que da como resultado un incremento en el potencial de "invasividad" de esta especie (Largiadèr, 2007; Fulgione *et al.*, 2016).

Es evidente que la especie *S. scrofa* representa una amenaza para la economía y la salud en Argentina. Los datos económicos junto con testimonios de los dueños de campos de la región en estudio, deja en claro que se necesitan medidas urgentes para controlar la población de cerdos silvestres y de esa forma disminuir los daños que ocasionan (Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sustentable, 2018; Morandi *et al.*, 2023). Una observación interesante es que justamente como no hay medidas desde los distintos estamentos del estado, para controlar estas poblaciones silvestres, los propietarios de los campos optan por contratar cazadores que les ayudan a disminuir las poblaciones, por consiguiente, los daños y pérdidas en sus cultivos. Por lo general, los cazadores se quedan con el animal ya que representa un buen recurso genético, que podría ser empleado en su propia producción de traspatio. Es así que lo usan para autoconsumo en fresco o producen chacinados que venden a los habitantes del pueblo.

Lizarralde *et al.*, (2018) reconoce la importancia del conocimiento de la estructura genética de las EEI, debido a que contiene una gran información para generar estrategias de mitigación y manejo. Sumado a esto, poder comparar la variación genética tanto dentro como entre poblaciones invasoras les proporciona a los investigadores herramientas para comprender como estas especies se propagan, se hibridan y compiten con las especies nativas.

En términos generales, poder esclarecer las consecuencias genéticas de las introducciones de especies invasoras, ayudaran a una gestión eficaz de dichas especies y a generar un control sustentable y amigables con el medio ambiente.

6. CONCLUSIÓN

Este trabajo presenta la primera caracterización genética de la población de cerdos asilvestrados del noroeste de la Provincia de Buenos Aires y sur de Santa Fe.

Los resultados obtenidos en este trabajo a partir del marcador molecular región control confirman que la población de cerdos silvestres del noroeste de Buenos Aires y sur de Santa Fe presenta una alta variabilidad genética, reflejada en los valores de diversidad haplotípica y nucleotídica, alto número de haplotipos y la presencia de 19 nuevos haplotipos que no fueron reportados en estudios anteriores de Argentina.

Por otro lado, se pudo determinar que los ejemplares de la población de este estudio tienen un origen europeo y asiático, aunque este último en menor medida.

Al mismo tiempo, se confirma que la población presenta híbridos entre cerdos jabalíes, cerdos domésticos o asilvestrados, como así también ejemplares puros de jabalíes, gracias a la utilización del gen nuclear NR6A1.

Los resultados en su totalidad permiten demostrar la hipótesis planteada en el trabajo y sugiere una alta capacidad de adaptación y posible expansión poblacional contribuyendo a su éxito como especie exótica invasora.

Por el contrario, se considera que es una gran oportunidad para que los productores locales puedan explotar esta diversidad genética, ya que es un recurso que abunda en la región, siempre y cuando sea en condiciones controladas, de modo que los animales queden contenidos en la producción y no puedan dispersarse.

En definitiva, este estudio es un aporte valioso que ayuda a comprender la diversidad genética de los cerdos silvestres del noroeste de Buenos Aires y sur de Santa Fe, en Argentina. Esta información podrá ser aprovechada para futuras investigaciones en otras nuevas poblaciones silvestres en el país o para el desarrollo de estrategias de manejo que sean adecuadas y amigables con el ambiente.

7. BIBLIOGRAFÍA

- Abate, S. (2017). El jabalí como reservorio silvestre de tuberculosis en el noreste de la Patagonia Argentina. *X Jorn Intern de Vet Práct, Mar del Plata, Argentina*.
- 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, 27–36.
- Acosta, D. B. (2022). 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 [Tesis de Doctorado, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario].
- Acosta, D. B., Figueroa, C. E., Fernández, G. P., Mac Allister, M. E., Carpinetti, B. N., Perez-Gianmarco, L., Merino, M. L. (2023). Evidence of hybridization between wild boars and feral pigs (*Sus scrofa*) from Argentina: implications for the success of the invasion process. *Biological Invasions*, 26(2), 385-398.
- Agrawal, P. K., Shrivastava, R. (2013). Molecular markers. *Advances in Biotechnology*. New Delhi: Springer India, 25-39.
- Al-Samarai, F. R., Al-Kazaz, A. A. (2015). Molecular Markers: An Introduction and Applications. *European Journal of Molecular Biotechnology*, 9(3), 118–130.
- Alves, E., Vilo, C. O., 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(5), 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.
- Amieva, E.O. (1993). El Parque Luro: su origen, su historia, su presente. *Fondo Editorial Pampeano, Santa Rosa, La Pampa*.
- 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.
- Ballari, S. A., Barrios-García, M. N. (2014). A review of wild boar *Sus scrofa* diet and factors affecting food selection in native and introduced ranges. *Mammal Review*, 44(2), 124-134.

- Ballari, S. A., Cuevas, M. F., Cirignoli, S., Valenzuela, A. E. (2015). Invasive wild boar in Argentina: using protected areas as a research platform to determine distribution, impacts and management. *Biological Invasions*, 17, 1595-1602.
- 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.
- Ballina, G., Bencomo, A. (2010). Manejo sanitario eficiente de los cerdos. *Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO). Programa Especial para la Seguridad Alimentaria (PESA). Instituto Nicaragüense de Tecnología Agropecuaria (INTA)*.
- Bandelt, H. J., Forster, P., Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 16(1), 37-48.
- Barandiaran, S., Marfil, M. J., Capobianco, G., Pérez Aguirreburualde, M. S., Zumárraga, M. J., Eirin, M. E., Cuerda, M. X., Winter, M., Martínez Vivot, M., Perez, A. M., La Sala, L. F. (2021). Epidemiology of Pig Tuberculosis in Argentina. *Frontiers in Veterinary Science*, 8, 693082.
- Barrios-García, M. N., Ballari, S. A. (2012). Impact of wild boar (*Sus scrofa*) in its introduced and native range: a review. *Biological invasions*, 14, 2283-2300.
- Barrios-García, M. N., Simberloff, D. (2013). Linking the pattern to the mechanism: How an introduced mammal facilitates plant invasions. *Austral Ecology*, 38(8), 884-890.
- Biedma, J. M. (2003) Crónica histórica del Lago Nahuel Huapi. Caleuche, Buenos Aires.
- Bona, L. (2021). Tendencias recientes en los cultivos de exportación y la producción ganadera en la provincia de Buenos Aires. Una mirada desde sus regiones productivas. *Ciencia, Docencia y Tecnología*, 32(62), 2.
- Canu, A., Costa, S., Iacolina, L., Piatti, P., Apollonio, M., Scandura, M. (2014). Are captive wild boar more introgressed than free-ranging wild boar? Two case studies in Italy. *European Journal of Wildlife Research*, 60, 459-467.
- Canu, A., Vilaça, S. T., Iacolina, L., Apollonio, M., Bertorelle, G., Scandura, M. (2016). Lack of polymorphism at the MC1R wild-type allele and evidence of domestic allele introgression across European wild boar populations. *Mammalian Biology*, 81(5), 477-479.

- Carpinetti, B. N., 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., 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. N., Merino, M. L. (2023). Jabalíes y cerdos asilvestrados en la Argentina. Publicación Científica on line de la Universidad Nacional Arturo Jauretche.
- Castro, A. (2019). Impacto económico del mercado porcino peruano sobre el mercado porcino ecuatoriano. [Tesis pregrado, Universidad Católica de Santiago de Guayaquil].
- Catanesi, C. I., Villegas Castagnasso, E. (2021). Elementos de Genética para estudiantes de Ciencias Biológicas. *Libros de Cátedra*.
- Cifuentes, S. (2016). Leptospirosis en jabalí (*Sus scrofa*) en una zona de la Patagonia noreste. *XXIX Jorn Argent Mastozoología*.
- Cohen, M., Costantino, S. N., Calcagno, M. A., Blanco, G. A., Pozio, E., Venturiello, S. M. (2010). Trichinella infection in wild boars (*Sus scrofa*) from a protected area of Argentina and its relationship with the presence of humans. *Veterinary Parasitology*, 169(3-4), 362-366.
- Cometto, Y. P., Suárez Lorences, S. R. (2014). Planificación de un sistema mixto para una unidad económica de producción porcina en la Región Semiárida Pampeana.
- Constantinescu, R., Coşier, V., Cocan, D., Mireşan, V. (2014). Comparison of craniometric features between domestic pig (*Sus scrofa* forma domestica) and wild boar (*Sus scrofa*) from Transylvania region.
- Coordinación general de sistemas de gestión sanitaria, Dirección de Ejecución Sanitaria y Control de Gestión, Dirección Nacional de Sanidad Animal (2022). *Caracterización de existencias porcinas*. SENASA.
- Cuevas, M. F., Mastrantonio, L., Ojeda, R. A., Jaksic, F. M. (2012). Effects of wild boar disturbance on vegetation and soil properties in the Monte Desert, Argentina. *Mammalian Biology*, 77(4), 299–306.
- D'Agostino, R. L., Sauthier, D. E. U., Baldi, R. (2020). Ingreso de *Sus scrofa* al noreste del Chubut (República Argentina): nuevos registros y problemática de conservación. *Notas sobre Mamíferos Sudamericanos*, 2.

- Daciuk, J. U. A. N. (1978). Estado actual de las especies de mamíferos introducidos en la Subregión Araucana (Rep. Argentina) y grado de coacción ejercido en algunos ecosistemas surcordilleranos. In *Anales de Parques Nacionales*, 14, 105-130.
- 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.
- 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 B: Biological Sciences*, 273(1595), 1803-1810.
- Frantz, A. C., Zachos, F. E., Kirschning, J., Cellina, S., Bertouille, S., Mamuris, Z., Koutsogiannouli E.A., 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.
- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *evolution*, 39(4), 783-791.
- Figueroa, C. E., Acosta, D. B., Mac Allister, M. E., Merele, M., Fernández, G. P., Carpinetti, B. N., Winter, M., Abate, S., Barandiaran, S., Merino, M. L. (2022). Patterns of genetic variation on wild pig (*Sus scrofa*) populations over a complete range of the species in Argentina. *Mammalia*, 86(4), 359-372.
- Figueroa, C. E., Mac Allister, M. E., Acosta, D. B., Fernández, G. P., Merino, M. L. (2024). Genetic characterization of domestic pigs in the core zone of swine production of Argentina. *Tropical Animal Health and Production*, 56(1), 20.
- 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.
- Fulgione, D., Rippa, D., Buglione, M., Trapanese, M., Petrelli, S., Maselli, V. (2016). Unexpected but welcome. Artificially selected traits may increase fitness in wild boar. *Evolutionary Applications*, 9(6), 769-776.
- Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S., Hurst, G. D. D. (2009). Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: A reappraisal. *Molecular ecology*, 18(22), 4541-4550.
- Giberti, H. C. 1970. Historia económica de la ganadería argentina. Editorial Solar/Hachete. Buenos Aires. 217pp

- 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.
- 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.
- Gustavsson, I., Hageltorn, M., Zech, L., Reiland, S. (1973). Identification of the chromosomes in a centric fusion/fission polymorphic system of the pig (*Sus scrofa* L.).
- 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.
- Iacolina, L., Corlatti, L., Buzan, E., Safner, T., Šprem, N. (2019). Hybridisation in European ungulates: an overview of the current status, causes, and consequences. *Mammal Review*, 49(1), 45-59.
- INDEC, 2021. Censo Nacional Agropecuario 2018: resultados preliminares, ganadería / 1a (Instituto Nacional de Estadística y Censos, Ciudad Autónoma de Buenos Aires).
- Jones, C.G., Lawton, J.H., Shachak, M., (1994). Organisms as ecosystem engineers. *Oikos* 69, 373–386.
- Keller, L. F., Waller, D. M. (2002). Inbreeding effects in wild populations. *Trends in ecology & evolution*, 17(5), 230-241.
- 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.
- Kruse, E., Ainchil, J. (2017). Comportamiento hidrológico en grandes llanuras: caso de estudio Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Argentina. *AUGMDOMUS*, 5.
- Kusza, S., Podgórski, T., Scandura, M., Borowik, T., Jávora, A., Sidorovich, V. E., Bunevich, A. N., Kolesnikov, M., Jędrzejewska, 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).
- Koseniuk, A., Smołucha, G., Natonek-Wiśniewska, M., Radko, A., Rubiś, D. (2021). Differentiating pigs from wild boars based on nr6a1 and mc1r gene polymorphisms. *Animals*, 11(7), 2123.
- 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.
- Largiadèr, C. R. (2007). Hybridization and introgression between native and alien species. *Biological Invasions*, 275-292.
- Larson, G., Dobney, K., Albarella, U., Fang, M., Matisoo-Smith, E., Robins, J., Lowden, S., Finlayson, H., Brand, T., Willerslev, E., Rowley-Conwy, F., Andersson, L., Cooper, A. (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., Bălăçescu, A., B., Dolman, G., Tagliacozzo, A., Manaseryan, N., Miracle, P., Van Wijngaarden-Bakker, L., 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.
- Leigh, J. W., Bryant, D. (2015). Popart: full feature *software* for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9), 1110-1116.
- Levitus, G., Echenique, V., Rubinstein, C., Hopp, E., & Mroginski, L. (2010). Biotecnología y mejoramiento vegetal II. *Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina*, 258, 650.
- Librado, P., Rozas, J. (2009). DnaSP v5: a *software* for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451-1452.
- Lizarralde, M. (2016). Especies exóticas invasoras (EEI) en Argentina: categorización de mamíferos invasores y alternativas de manejo. *Mastozoología Neotropical*, 23(2), 267-277.
- Lizarralde, M. S., Fasanella, M., Poljak, S., Gabrielli, M., Sánchez, J. (2018). Evolutionary Genetics of Invasive Mammal Species Introduced in Argentina. *Natural Science*, 10(07), 221–231.
- Lorenzini, R., Fanelli, R., Tancredi, F., Siclari, A., Garofalo, L. (2020). Matching STR and SNP genotyping to discriminate between wild boar, domestic pigs and their recent hybrids for forensic purposes. *Scientific Reports*, 10(1), 3188.
- Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sustentable. (2018). Fortalecimiento de la gobernanza para la protección de la biodiversidad mediante la formulación e implementación de la Estrategia Nacional sobre Especies Exóticas Invasoras (ENEEI). Buenos Aires.
- Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca. (2021). Anuario Porcino 2021. (MAgyP: Argentina).

- Mallet, J. (2005). Hybridization as an invasion of the genome. *Trends in ecology & evolution*, 20(5), 229-237.
- Marcos, A., Carpinetti, B., Ferro, N., Aronowicz, T., Dassa, L. (2020). Percepción del impacto de cerdos asilvestrados sobre la producción agropecuaria de argentina. *Revista veterinaria*, 31(2), 131–136.
- Mayer, J. J., Brisbin, I. L. (2008). Wild pigs in the United States: their history, comparative morphology, and current status. *University of Georgia Press*.
- Mayer, J. J. (2021). Body mass variation in an introduced wild pig population with changing ancestry (No. SRNL-STI-2021-00110). *Savannah River Site (SRS), Aiken, SC (United States). Savannah River National Lab.(SRNL)*.
- Morales, E. B. (1917) Lagos, selvas y cascadas. Descripciones geográficas. Peuser, Buenos Aires.
- Morandi, M., Zalba, S., Belfer, L., Nowak, C. G., Cuevas, Y. (2023). Las especies exóticas invasoras y la economía. *Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible (MAyDS) y la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO)*.
- Morales, R., Rebatta, M., Lucas, J., Mateo, J., Ramos, D. (2014). Caracterización de la crianza no tecnificada de cerdos en el parque porcino del distrito de Villa el Salvador, Lima-Perú. *Salud y Tecnología Veterinaria*, 2(1), 39-48.
- Navas, J. R. (1987). Los vertebrados exóticos introducidos en Argentina. *Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia"*.
- Nava, O. (2006). Zonificación Agroeconómica y Sistemas Productivos predominantes. *Secretaría de Agricultura*.
- Owen, J., Dobney, K., Evin, A., Cucchi, T., Larson, G., Strand Vidarsdottir, U. (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(1), 159–167.
- Rambaut, A. (2012). FigTree v.1.4.0. Available: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.
- Razmaitė, V., Šiukščius, A., Marašinskienė, Š. (2023). Cranial Morphology of Lithuanian Indigenous Wattle Pigs and Their Hybrids with Wild Boar. *Animals*, 13(9), 1453.
- Revidatti, M. A. (2009). *Caracterización de cerdos criollos del nordeste argentino* [Tesis de Doctorado, Departamento de Genética, Universidad de Córdoba].
- 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, Savić, R., Karolyi, D., Salajpal, K.,

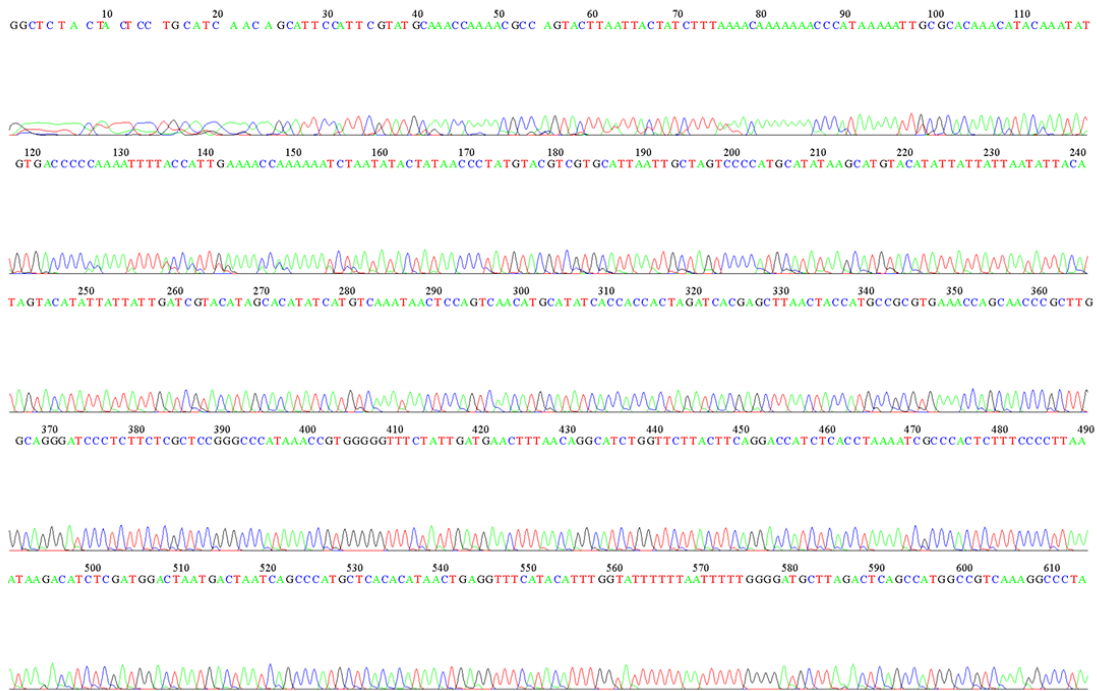
- Gvozdanović, K., Djurkin-Kušec, I., Škrlep, M., Čandek-Potokar, M., Ovilo, C., Fontanesi, L. (2019). Signatures of de-domestication in autochthonous pig breeds and of domestication in wild boar populations from MC1R and NR6A1 allele distribution. *Animal genetics*, 50(2), 166–171.
- Rieseberg, L. H., Carney, S. E. (1998). Plant hybridization. *The New Phytologist*, 140(4), 599-624.
- Rio 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.
- Rius, M., Darling, J. A. (2014). How important is intraspecific genetic admixture to the success of colonising populations?. *Trends in ecology and evolution*, 29(4), 233-242.
- Rosell, C., Fernández-Llario, P., Herrero, Y. J. (2001). El jabalí (*Sus scrofa* LINNAEUS, 1758). *Galemys*, 13(2), 1-25.
- Rosell, C., Herrero, J. (2007). *Sus scrofa* Linnaeus, 1758. *Atlas y libro rojo de los mamíferos de España. Dirección General para la Biodiversidad-SECEM-SECEMU*, Madrid, 348-351.
- 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*, 63(4), 467–476.
- Scandura, M., Iacolina, L., Crestanello, B., Pecchioli, E., Di Benedetto, M. F., Russo, V., Davoli R., Apollonio M., Bertorelle, G. (2008). Ancient vs. recent processes as factors shaping the genetic variation of the European wild boar: are the effects of the last glaciation still detectable?. *Molecular ecology*, 17(7), 1745-1762.
- Scarpa, R., Drucker, A. G., Anderson, S., Ferraes-Ehuan, N., Gomez, V., Risopatron, C. R., Rubio-Leonel, O. (2003). Valuing genetic resources in peasant economies: the case of 'hairless' creole pigs in Yucatan. *Ecological Economics*, 45(3), 427-443.
- Schmidl, U. (2010). *Viaje al Río de la Plata*. Emecé, Buenos Aires, Argentina. 6pp.
- Sales, J., Kotrba, R. (2013). Meat from wild boar (*Sus scrofa* L.): A review. *Meat science*, 94(2), 187-201.
- Sambrook, J., Russell, D. W. (2006). Rapid isolation of yeast DNA. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2006(1), 631-632.
- Sanguinetti, J., Pastore, H. (2016). Abundancia poblacional y manejo del jabalí (*Sus scrofa*): una revisión global para abordar su gestión en la Argentina. *Mastozoología neotropical*, 23(2), 305-323.

- 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.
- Skewes, O., Moraga, C. A., Arriagada, P., Rau, J. R. (2012). El jabalí europeo (*Sus scrofa*): Un invasor biológico como presa reciente del puma (*Puma concolor*) en el sur de Chile. *Revista chilena de historia natural*, 85(2), 227-232.
- Somervill, B. A. (2009). *Animal Invaders: Wild Boar*. Cherry Lake Publishing.
- 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.
- Treboux, J., Terré, E. Bolsa de Comercio de Rosario. (2 de junio de 2023). *La cadena porcina se encamina a un récord productivo en 2023 por treceavo año consecutivo*. <https://www.bcr.com.ar/es/mercados/investigacion-y-desarrollo/informativo-semanal/noticias-informativo-semanal/la-cadena-1>. Accedido el 18-02-2024.
- 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.
- Wang, Q. H., Wu, R. X., Li, Z. L., Niu, S. F., Zhai, Y., Huang, M., Li, B. (2022). Effects of Late Pleistocene Climatic Fluctuations on the Phylogeographic and Demographic History of Japanese Scad (*Decapterus maruadsi*). *Frontiers in Marine Science*, 9, 878506.
- Yamamoto, D. (2017). *Wild boar*. Reaktion Books
- Zadik, B. J. (2005). *The Iberian Pig in Spain and the Americas at the time of Columbus*. [Tesis de Doctorado, University of California].

8. ANEXOS

ANEXO 1. Cromatograma que refleja el resultado de secuenciación estándar del marcador molecular RC provisto por la empresa Macrogen (Corea del Sur). En la sección superior se puede visualizar información detallada acerca de la secuencia como el ID de la muestra (1411), la fecha de la secuenciación y el número de pares de bases detectados (1379). Por otro lado, la región inferior muestra el cromatograma propiamente dicho, donde cada pico de color representa un nucleótido (verde: adenina; rojo: timina; negro: guanina; azul: citosina). La altura de cada pico indica la probabilidad de que ese nucleótido sea el correcto en esa posición.

File: 1411_P_RC.ab1 Run Ended: 2024/11/17 8:20:59 Signal G:1088 A:4065 C:3693 T:4439
Sample: 1411_P_RC Lane: 62 Base spacing: 16.503765 1379 bases in 16485 scans Page 1 of 2



ANEXO 2. En la siguiente lista se detallan las secuencias utilizadas en el análisis del marcador molecular RC, tanto las empleadas en este estudio como las obtenidas de *Gen Bank*. Cada entrada incluye su ID, el origen de las muestras (indicando si es doméstico, jabalí o cerdo feral), el número de haplotipo asignado junto con su respectivo subclado. Y por último la referencia bibliográfica de las secuencias externas.

N° DE ACCESO A GENBANK	ID	ORIGEN	MORFOTIPO	HAPLOTIPO	SUBCLADO	BIBLIOGRAFIA
-	1411	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H1	E1A	Este estudio
-	1495	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H1	E1A	Este estudio
-	1497	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H1	E1A	Este estudio
-	1891	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H1	E1A	Este estudio
-	1893	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H1	E1A	Este estudio
-	1894	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H1	E1A	Este estudio
-	1896	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H1	E1A	Este estudio
MZ408986	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H1	E1A	Figueroa <i>et al.</i> , 2022
-	1412	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H2	E1A	Este estudio
-	1413	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H3	A	Este estudio
MZ408997	-	Entre Ríos, Argentina	Jabalí	H3	A	Figueroa <i>et al.</i> , 2022
-	1414	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H4	A	Este estudio
-	1415	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H5	E1A	Este estudio
-	1496	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H6	E1A	Este estudio
-	1500	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H7	A	Este estudio
-	1505	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H8	E1A	Este estudio
-	1520	La Pampa, Argentina	Cerdo Silvestre	H9	E1A	Este estudio
-	1521	La Pampa, Argentina	Cerdo Silvestre	H10	E1A	Este estudio
-	1757	La Pampa, Argentina	Cerdo Silvestre	H11	E1A	Este estudio
-	1758	La Pampa, Argentina	Cerdo Silvestre	H12	E1A	Este estudio

-	1759	La Pampa, Argentina	Cerdo Silvestre	H13	E1A	Este estudio
-	1760	La Pampa, Argentina	Cerdo Silvestre	H13	E1A	Este estudio
-	1761	La Pampa, Argentina	Cerdo Silvestre	H14	E1A	Este estudio
-	1882	La Pampa, Argentina	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Este estudio
-	1885	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Este estudio
-	1887	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Este estudio
-	1897	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Este estudio
-	913	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Este estudio
-	914	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Este estudio
-	931	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Este estudio
MN539117	-	Corrientes, Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Acosta <i>et al.</i> , 2019
MZ408981	-	La Rioja, Buenos Aires, Argentina	Jabalí, Cerdo Feral	H15	E1A	Figueroa <i>et al.</i> , 2022
DQ379031	BK01 - Berkshire	Reino Unido	Cerdo Doméstico	H15	E1A	Fang y Andersson, 2006
AY232891	B-Basque	Iberia	Cerdo Doméstico	H15	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003
AY884679	G1141	Armenia	Jabalí	H15	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005
AY884669	GL112	Países Bajos	Cerdo Silvestre	H15	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2006
HM747216	ALH21- Bisaro	Portugal	Cerdo Doméstico	H15	E1A	Alves <i>et al.</i> , 2003
-	1886	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H16	E1A	Este estudio
-	1892	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H17	E1A	Este estudio
-	1895	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H18	E1A	Este estudio
-	1898	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H19	E1A	Este estudio
-	2206	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H20	A	Este estudio
-	915	Santa Fe, Argentina	Cerdo Silvestre	H21	A	Este estudio
-	916	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H22	A	Este estudio
-	917	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H22	A	Este estudio
MN539114	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H23	E1A	Acosta <i>et al.</i> , 2019

MZ408982	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H23	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
AY884763	LDomLargeWhite08 - Large White	Francia	Cerdo Domestico	H23	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005
MN539115	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H24	E1A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MZ409003	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H24	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MN539116	-	Corrientes, Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H25	E1C	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539122	-	Corrientes, Argentina	Cerdos Ferales	H25	E1C	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MZ408980	-	La Rioja, Rio Negro, Buenos Aires, Argentina	Jabalí, Cerdo Silvestre	H25	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
AY232865	-	-	Cerdo Doméstico	H25	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003
MN539118	-	Corrientes, Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H26	E1C	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539119	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H27	E1C	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539120	-	Corrientes, Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H28	E1C	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539121	-	Corrientes, Argentina	Cerdo Silvestre	H29	E1C	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539123	-	Corrientes, Argentina	Cerdo Silvestre	H30	E1C	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539124	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H31	E1A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539125	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H32	E1A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539126	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H33	E1C	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539127	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H34	A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MZ409006	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H34	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MN539128	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H35	A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MZ409007	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H35	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MN539129	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H36	E1A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539130	-	Corrientes, Argentina	Cerdo Silvestre	H37	E1A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539131	-	Corrientes, Argentina	Cerdo Silvestre	H38	E1A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MN539133	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H39	A	Acosta <i>et al.</i> ,2019
MZ409009	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H39	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022

MN539132	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H40	A	Acosta <i>et al.</i> , 2019
MZ409008	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H40	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MN539134	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H41	E1A	Acosta <i>et al.</i> , 2019
MN539135	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H42	E1A	Acosta <i>et al.</i> , 2019
MN539136	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Doméstico	H43	E1A	Acosta <i>et al.</i> , 2019
MN539137	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H44	E1C	Acosta <i>et al.</i> , 2019
MZ409004	-	Corrientes, Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H44	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408955	-	Buenos Aires, Argentina	Jabalí	H45	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408956	-	Chaco, Argentina	Jabalí	H46	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408957	-	Santiago del Estero, Argentina	Jabalí	H47	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408958	-	La Rioja, Argentina	Jabalí	H48	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408959	-	La Rioja, Argentina	Jabalí	H49	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408960	-	Entre Ríos, Argentina	Jabalí	H50	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408961	-	Entre Ríos, Argentina	Jabalí	H51	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408962	-	Corrientes, Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H52	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
AY232857	IB16- Iberian Red	Iberia	Cerdo Doméstico	H52	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003
MZ408963	-	Neuquén, Argentina	Jabalí	H53	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408964	-	Neuquén, Argentina	Jabalí	H54	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408965	-	Río Negro, Buenos Aires, Argentina	Jabalí	H55	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408966	-	Río Negro, Argentina	Jabalí	H56	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408967	-	La Pampa, Argentina	Jabalí	H57	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408968	-	Río Negro, Argentina	Jabalí	H58	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408969	-	Río Negro, Argentina	Jabalí	H59	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408970	-	La Pampa, Argentina	Jabalí	H60	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408971	-	Río Negro, Buenos Aires Argentina	Jabalí, Cerdo Silvestre, Argentina	H61	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022

MZ408972	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H62	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408973	-	La Pampa, Argentina	Jabalí	H63	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408974	-	Río Negro, Buenos Aires, Argentina	Jabalí	H64	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408975	-	Río Negro, Argentina	Jabalí	H65	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408976	-	Río Negro, Buenos Aires, Argentina	Jabalí	H66	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408977	-	Río Negro, Buenos Aires, Argentina	Jabalí	H67	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408978	-	Río Negro, Argentina	Jabalí	H68	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408979	-	Buenos Aires, Argentina	Jabalí	H69	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408983	-	Chaco, Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H70	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408984	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H71	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408985	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H72	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
DQ379077	N101-1 - Negro Ibérico	España	Doméstico	H72	E1C	Fang y Andersson, 2006
AY232873	SWB6	España	Jabalí	H72	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003
MZ408987	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H73	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408988	-	Santiago del Estero, Buenos Aires Argentina	Cerdo Silvestre	H74	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408989	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H75	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408990	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H76	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408991	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H77	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408992	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H78	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408993	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H79	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408994	-	Río Negro, Buenos Aires, Argentina	Jabalí	H80	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408995	-	Entre Ríos, Argentina	Jabalí	H81	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408998	-	Entre Ríos, Argentina	Jabalí	H82	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ408999	-	Río Negro, Argentina	Jabalí	H83	E1A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ409000	-	Entre Ríos, Argentina	Jabalí	H84	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022

MZ409001	-	Entre Ríos, Argentina	Jabalí	H85	A	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ409002	-	Neuquén, Argentina	Jabalí	H86	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ409005	-	Corrientes, Buenos Aires	Cerdo Silvestre	H87	E1C	Figuroa <i>et al.</i> , 2022
MZ409010	-	Buenos Aires, Argentina	Cerdo Silvestre	H88	E1A	Aravena <i>et al.</i> , 2015
JQ668030	-	Chile	Jabalí	H89	E1A	Aravena <i>et al.</i> , 2015
AY884751	-	Suecia	Cerdo Doméstico	H90	E1A	Larson <i>et al.</i> , 2005
AY232846	IB5- Iberian pig	Península Ibérica	Cerdo Doméstico	H91	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003
AY232869	SWB2	España	Jabalí	H92	E1C	Alves <i>et al.</i> , 2003
JQ668031	-	Chile	Jabalí	H93	E1C	Aravena <i>et al.</i> , 2015
AF276930	-	China	Cerdo Doméstico	H94	A	Kim <i>et al.</i> , 2002
DQ379169	Min-1 - Min	China	Cerdo Doméstico	H95	A	Fang y Andersson, 2006
DQ152875	XX-1 - Xiangxi	China	Cerdo Doméstico	H96	A	Fang y Andersson, 2006
AB041478	-	Este de Asia	Cerdo Doméstico	H97	A	Okumura <i>et al.</i> , 2001
DQ152868	-	China	Cerdo Doméstico	H98	A	Fang y Andersson, 2006
AB041467	-	Japón	Jabalí	H99	A	Okumura <i>et al.</i> , 2001
AY884619	GL55 - H79	Turquía	Jabalí	H100	NE	Larson <i>et al.</i> , 2005
AY884710	GL236	Armenia	Jabalí	H101	NE	Larson <i>et al.</i> , 2005
AY884693	GL193	Armenia	Jabalí	H102	NE	Larson <i>et al.</i> , 2005
AY884718	GL246	Italia	Jabalí	H103	E2	Larson <i>et al.</i> , 2005
AY884719	GL247	Italia	Jabalí	H104	E2	Larson <i>et al.</i> , 2005
AY884716	GL244	Italia	Jabalí	H105	E2	Larson <i>et al.</i> , 2005
AB046876	-	-	<i>Phacochoerus aethiopicus</i>	H106	Outgroup	Okumura <i>et al.</i> , 2001

ANEXO 3. Genotipos de las muestras analizadas con el marcador molecular NR6A1 y subclado correspondiente a RC, para cada muestra analizada en este estudio. Asimismo, se puede visualizar las muestras empeladas para cada *subset* de RC.

ID MUESTRAS	LOCALIDAD, PROVINCIA	NR6A1	SUBCLADO RC	SUBSET RC
913	Cuenca del Río Arrecifes, Capitán Sarmiento, Buenos Aires	CT	E1A	1 y 2
914	Cuenca del Río Arrecifes, Capitán Sarmiento, Buenos Aires	CC	E1A	1 y 2
915	Pichincha, Gral. Villegas, Buenos Aires	CT	A	1 y 2
916	Pichincha, Gral. Villegas, Buenos Aires	CT	A	1 y 2
917	Santa Regina, Gral. Villegas, Buenos Aires	CC	A	1 y 2
931	Pichincha, Gral. Villegas, Buenos Aires	CC	E1A	1 y 2
1411	Ea. Tranquini-Cuenca del Río Arrecifes, Capitán Sarmiento, Buenos Aires	CC	E1A	1 y 2
1412	Ea. Tranquini-Cuenca del Río Arrecifes, Capitán Sarmiento, Buenos Aires	CC	E1A	1 y 2
1413	Pichincha, Gral. Villegas, Buenos Aires	CT	A	1 y 2
1414	Pichincha, Gral. Villegas, Buenos Aires	CC	A	1 y 2
1415	Gral. Viamonte, Los Toldos, Buenos Aires	TT	E1A	1 y 2
1495	Ingeniero Balbín/ Germania, Gral. Pinto, Buenos Aires	TT	E1A	1 y 2
1496	Ingeniero Balbín/ Germania, Gral. Pinto, Buenos Aires	CC	E1A	1 y 2
1497	Ingeniero Balbín/ Germania, Gral. Pinto, Buenos Aires	TT	E1A	1 y 2
1500	Rufino, Gral. López, Santa Fe	CT	A	1 y 2
1505	Rufino, Gral. López, Santa Fe	TT	E1A	1 y 2
1882	Santa Regina, Gral. Villegas, Buenos Aires	CC	E1A	1 y 2
1885	Rufino, Gral. López, Santa Fe	CC	E1A	1 y 2
1886	Rufino, Gral. López, Santa Fe	CT	E1A	1 y 2
1887	Rufino, Gral. López, Santa Fe	TT	E1A	1 y 2

1891	Rufino, Gral. López, Santa Fe	CC	E1A	1 y 2
1892	Rufino, Gral. López, Santa Fe	TT	E1A	1 y 2
1893	Rufino, Gral. López, Santa Fe	TT	E1A	1 y 2
1894	Rufino, Gral. López, Santa Fe	TT	E1A	1 y 2
1895	Rufino, Gral. López, Santa Fe	TT	E1A	1 y 2
1896	Rufino, Gral. López, Santa Fe	TT	E1A	1 y 2
1897	Rufino, Gral. López, Santa Fe	TT	E1A	1 y 2
1898	Rufino, Gral. López, Santa Fe	CC	E1A	1 y 2
1757	Alta Italia, Realicó, La Pampa	TT	E1A	1 y 2
1758	Alta Italia, Realicó, La Pampa	TT	E1A	1 y 2
1759	Alta Italia, Realicó, La Pampa	TT	E1A	1 y 2
1760	Alta Italia, Realicó, La Pampa	TT	E1A	1 y 2
1761	Alta Italia, Realicó, La Pampa	TT	E1A	1 y 2
1520	Alta Italia, Realicó, La Pampa	TT	E1A	1 y 2
1521	Alta Italia, Realicó, La Pampa	CC	E1A	1 y 2
2206	Laguna La Salada, Coronel Granada, Gral. Pinto, Buenos Aires	TT	A	1 y 2
1499	Rufino, Gral. López, Santa Fe	-	-	2
1501	Rufino, Gral. López, Santa Fe	-	-	2
1883	Santa Regina, Gral. Villegas, Buenos Aires	-	-	2