

# DIVERSIDAD DEL ADN MITOCONDRIAL EN GANADO CRIOLLO COLOMBIANO

## MITOCHONDRIAL DIVERSITY OF COLOMBIAN CREOLE CATTLE

Álvarez L.A.<sup>1\*</sup>, Martínez, A.<sup>2</sup>, Delgado J.V.<sup>2</sup>, Vinasco A.M.<sup>1</sup>, Muñoz J. E.<sup>1</sup>, Hernández D.Y.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grupo de investigación en Recursos Zoogenéticos. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia-Sede Palmira.

\*laalvarezf@unal.edu.co.

<sup>2</sup>Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España

**Keywords:** Genetic diversity; Haplogroups; Matrilíneal lineage; D-loop region.

**Palabras clave:** Diversidad genética; Haplogrupos; Matrilíneas; Región control.

### Abstract

The genetic diversity and study of the mitochondrial DNA (mtDNA) has provided insights about the origin and diversification of animal populations. In bovine mtDNA, several haplogroups have been identified to be structured geographically. The ancestry of the Colombian Creole Cattle (GCC) was investigated using mtDNA in 99 samples from eight Creole breeds (Blanco Orejinegro, BON; Casanareño, CAS; Costeño con Cuernos, CCC; Chino Santandereano, CHI; Caqueteño, CQ; Hartón del Valle, HV and San Martinero, SM) and 25 samples from two Colombian synthetic breeds (Lucerna, LUC and Velásquez, VEL). A DNA fragment of 1.100 kb from the mitochondrial D-loop region was amplified. The GCC showed high mitochondrial genetic diversity ( $H=0.9603\pm 0.009$ ), with 63 polymorphic sites and 52 haplotypes, being predominant the European line T3 (68.55%). The African haplogroup T1 was detected in all breeds (28.22%), however, the Eastern haplotype T2 was found only in HV and LUC (3.23%). While SM and CAS showed the higher proportion of European ancestry ( $T3>80\%$ ), the African heredity in BON and RS was important ( $T1>40\%$ ). Genetic structure among breeds was found ( $F_{ST}=0.054$ ,  $p<0.001$ ), being BON the most distant breed. As main conclusion, the GCC showed high mtDNA genetic diversity and its origin is mainly European with a lower African ancestry component.

### Resumen

El análisis de la diversidad genética del ADN mitocondrial (ADNmt) ha proporcionado avances en el esclarecimiento del origen y la diversificación de las poblaciones modernas de animales. En el ADNmt bovino se han identificado varios haplogrupos que están estructurados geográficamente. Se investigó la ancestría mediante el análisis del ADN mitocondrial del ganado criollo Colombiano (GCC), en 99 muestras pertenecientes a ocho razas bovinas criollas (Blanco Orejinegro, BON; Casanareño, CAS; Costeño con Cuernos, CCC; Chino Santandereano, CHI; Caqueteño, CQ; Hartón del Valle, HV y San Martinero, SM) y 25 muestras de dos razas compuestas Colombianas (Lucerna, LUC y Velásquez, VEL). Se amplificó y secuenció un fragmento de 1.100 kb de la región D-loop. El GCC mostró alta diversidad mitocondrial ( $H=0.9603\pm 0.009$ ), con un total de 63 sitios polimórficos y 52 haplotipos, siendo predominante la matrilinea europea T3 (68.55%). En todas las razas se detectó el haplogrupo africano T1 (28.22%), pero el T2 del cercano oriente (3.23%), solo se halló en HV y LUC. Mientras que SM y CAS presentaron la mayor proporción de ancestría europea ( $T3>80\%$ ), la herencia africana en las razas BON y RS fue importante ( $T1>40\%$ ). Se encontró estructura genética entre las razas ( $F_{ST}=0.054$ ,  $p<0.001$ ), siendo la raza BON notoriamente diferente de las demás. Se concluye que el ganado criollo colombiano tiene alta diversidad en el ADN mitocondrial y su origen es principalmente Europeo y en menor proporción Africano.

### Introducción

El análisis de la diversidad genética del ADN mitocondrial (ADNmt) ha proporcionado avances en el esclarecimiento del origen y la diversificación de las poblaciones modernas de animales. En el ADNmt bovino se han identificado varios haplogrupos que están estructurados geográficamente. En el ganado Criollo colombiano (GCC), se determinó la ancestralidad en 110 muestras de siete razas criollas colombianas en un

fragmento de 350 pb, predominó el linaje T3 del viejo mundo (65%), seguido por el T1 africano (26%) y por el T2 del Oriente Medio (9%) (Carvajal-Carmona, *et al.*, 2003). En la raza colombiana Hartón del Valle en 72 muestras se encontraron 91.7% del haplogrupo T3, 5.5% de T1 y 2.8% de T2 (Alvarez *et al.*, 2012).

El objetivo fue evaluar la diversidad mitocondrial de diez razas criollas colombianas.

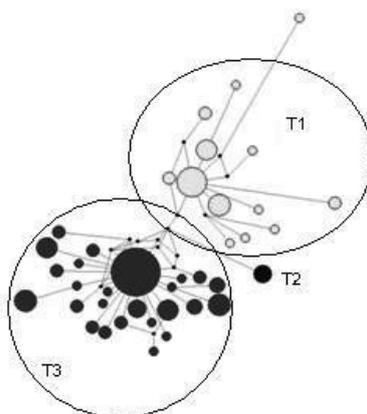
### Material y métodos

Se investigó la diversidad mediante el análisis del ADN mitocondrial del GCC, en 124 muestras de diez razas bovinas criollas y/o colombianas (Blanco Orejinegro, BON; Casanareño, CAS; Costeño con Cuernos, CCC; Chino Santandereano, CHI; Caqueteño, CQ; Hartón del Valle, HV; San Martinero, SM, Lucerna, LUC y Velásquez, VEL). Se amplificó y secuenció un fragmento de 1.100 kb de la región D-loop (Ginja, *et al* 2009). Las secuencias se editaron y alinearon con los softwares Geneious® y Mega®; los haplotipos se determinaron mediante la comparación con la secuencia consenso europea (Anderson, 1982). Se estimó la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), haplotípica (H), la diferencia promedio entre pares de nucleótidos (DNPN) y  $F_{ST}$ .

### Resultados y discusión

El GCC mostró alta diversidad genética con un total de 63 sitios polimórficos y 52 haplotipos con  $H=0.649\pm 0.125$ ,  $\pi = 0.0056 \pm 0.003$  y  $DNPN=4.44\pm 2.2$ . En el conjunto de muestras predominó la matrilinea europea T3 (68.55%), seguida de la africana T1 (28.22%) (Figura 1), lo cual concuerda con los resultados hallados previamente por Carvajal-Carmona, *et al.*, 2003. En todas las razas se detectó el haplogrupo africano, pero el T2 del cercano oriente (3.23%), sólo se halló en HV y LUC. Las razas SM y CAS presentaron la mayor proporción de ancestría europea (T3>80%) y la herencia africana fue importante en BON y RS (T1>40%).

Se encontró estructura genética entre razas ( $F_{ST}=0.054$ ,  $p<0.001$ ), siendo BON notoriamente diferente de las demás.



**Figura 1.** Red de haplotipos de ganado criollo Colombiano (*Network of haplotypes of Colombian criollo cattle*).

### Conclusiones

El ganado criollo colombiano tiene alta diversidad en el ADN mitocondrial, su origen es principalmente Europeo y en menor proporción Africano.

### Bibliografía

- Alvarez L. A., Vera V, Cárdenas H, Barreto G, Muñoz J. (2012). Assessing the genetic diversity and ancestry of Hartón del Valle cattle using mitochondrial DNA. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* (2012) 25:14-26.
- Anderson, S., de Bruijn, M., Coulson, A., Eperon, I., Sanger, F., Young, I. (1982). Complete sequence of bovine mitochondrial DNA. Conserved features of the mammalian mitochondrial genome. *Journal of molecular biology*. 153:683-717.
- Carvajal-Carmona, G., Bermudez, N., Olivera-Angel, M., Estrada, L., Ossa, J., Bedoya, G., Ruiz-Linares, L. (2003). Abundant mtDNA diversity and ancestral admixture in Colombian *criollo* Cattle (*Bos Taurus*). *Genetics*, 165: 157-1463.

Ginja, C., Penedo, MCT., Melucci, L., Quiroz, J., Martinez, Or., Revidatti, MA., Martinez-Martinez, A., Delgado, JV., Gama, LT. (2009). Origins and genetic diversity of new world creole cattle: inferences from mitochondrial and Y chromosome polymorphisms. *Animal Genetics*. 41: 128-141.