



## Estudio de la diversidad genética de la población de gato doméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia.

Enrique Pardo P, Jaider Morales, Teodora Cavadia M

Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Biología.

### RESUMEN

**Objetivo.** Medir la diversidad y estructura genética en poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) mediante marcadores de pelaje en el municipio de Montería (Colombia). **Materiales y métodos.** Se realizaron muestreos aleatorios de enero a junio del año 2014, en animales adultos presentes en seis barrios de Montería, donde se caracterizó fenotípicamente cada animal; la nomenclatura utilizada está en concordancia con el COMMITTE ON STANDARDIZED GENETIC NOMENCLATURE FOR CATS (1968). Las características genéticas presentadas en este estudio son: el locus ligado al sexo Orange (O) y los loci autosómicos *Non-agouti(a)*, *Blotched tabby (Tb)*, *Dilution (d)*, *Pelo largo (l)* *Manchado de blanco (S)* y *Dominante blanco (W)*. Los parámetros genéticos poblacionales: frecuencia alélica, diversidad genética, equilibrio Hardy-Weinberg y estructura poblacional fueron calculados a través del programa PopGene 1.31; la estructura genética y la distancia genética se evaluaron mediante el programa FSTAT v. 2.9.3.2. La elaboración del dendrograma se realizó empleando el programa MEGA 5. **Resultados.** El gen *Manchado de blanco* mostró la mayor frecuencia mientras el marcador *Dominante blanco* presentó los valores más bajos de las frecuencias alélicas. Se registraron bajos niveles de variabilidad genética a nivel global y poblacional, así mismo, se obtuvo una escasa diferenciación genética entre las poblaciones, acompañado de un elevado flujo génico; se observó un exceso de homocigotos a nivel subpoblacional y a nivel poblacional, no hubo equilibrio Hardy-Weinberg en todas las poblaciones con relación a los marcadores *Orange* y *Manchado de blanco*. **Conclusiones.** Las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente, situación que puede obedecer a su cercanía geográfica, además se evidenció una posible selección natural y artificial de los marcadores *Orange* y *Manchado de blanco*.

**Palabras clave:** *Felis catus*, genes del pelaje, genética de poblaciones, diversidad genética.



## Study of genetic diversity of the population of domestic cat (*Felis catus*) in Monteria, Colombia.

### Abstract

**Objective.** To determine the diversity and genetic structure in populations of domestic cats (*Felis catus*), in Monteria (Colombia), using coat markers. **Materials and methods.** Random samplings were conducted from January to June 2014 in 443 adult animals present in six neighborhoods of Monteria, each animal was characterized phenotypically; the nomenclature used is in accordance with COMMITTEE ON STANDARDIZED GENETIC NOMENCLATURE FOR CATS (1968). The genetic characteristics presented in this study are: *Orange (O)*, sex-linked locus, autosomal loci *Non-agouti (a)*, *tabby Blotched (Tb)* *Dilution (d)* *Long hair (l)* *Spotted white (S)* and *dominant white (W)*. Population genetic parameters: allele frequencies, genetic diversity, Hardy-Weinberg equilibrium and population structure were calculated through POPGENE 1.31 program; genetic structure and genetic distance were evaluated by FSTAT v. 2.9.3.2 program. The development of the dendrogram was performed using MEGA 5 program. **Results.** The *Spotted white* gene showed the highest frequency, while the *dominant white* marker, presented the lowest values of allele frequencies. Low values of genetic variability were registered at global and population level, likewise, low genetic differentiation among populations was obtained, accompanied by a high gene flow; an excess of homozygotes was observed to subpopulations and population level. In any population Hardy-Weinberg equilibrium was found in relation to the Orange and White Spotted markers.

**Conclusions.** The populations are highly genetically related, a situation that may be due to its geographical proximity. Also evidenced a possible natural and artificial selection of Orange and Spotted white markers.

**Keywords:** *Felis catus*, coat genes, population genetics, genetic diversity.

\*Para citar este artículo:Pardo P E, Morales J, Cavadia M T, Estudio de la diversidad genética de la población de gatodoméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia..Bistua.2014.12(2):35-47

+ Autor para el envío de correspondencia y la solicitud de las separatas:Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Biología. Carrera 6 No. 76-103. Montería, Colombia.email: epardop@orreo.unicordoba.edu.co

Recibido: Noviembre 30 de 2013 Aceptado: Junio 29 de 2014

Bistua 2014 Vol12(2):35-47.Pardo P E, Morales J, Cavadia M T, Estudio de la diversidad genética de la población de gatodoméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia.

## Introducción

Los gatos domésticos pertenecen a la familia Felidae, orden Carnívora y clase Mamífera. En 1758 Karl Von Linne fue el primero en clasificar al gato con el nombre de *Felis catus*. Poseen características como cara corta, ojos frontales, fuertes y largos colmillos y eficientes molares. Sus garras retráctiles le facilitan el andar tanto en el suelo como en los árboles, además de miembros posteriores cortos y robustos, le permiten perfeccionar la cacería solitaria al acecho (Gatti 1996). Es posible que descienda del gato montés africano (*Felis libyca*) el cual es una variedad más estilizada del gato montés euroasiático (*Felis silvestris*) (Gatti 1996). Su domesticación habría comenzado en el antiguo Egipto, alrededor del año 2.000 A.C. Los romanos habrían introducido esta especie a Bretaña alrededor del año 300 D.C. Más tarde, serían los europeos los encargados de introducir al gato doméstico en el resto del mundo (Illanes et al.2007;Vella y Robinson.2005).

Actualmente existen alrededor de 50 razas y aparentemente fue en Oriente donde se empezaron a desarrollar las distintas razas de las cuales más de la mitad se han creado en este siglo por mutaciones y recombinación genética (Gatti 1996). La estrecha relación entre las grandes movilizaciones humanas y la

distribución actual de las poblaciones de gatos domésticos es lo que se conoce como la hipótesis de migración histórica (Ruiz-Garcia y Alvarez.2003). Varias poblaciones han sido analizadas desde una perspectiva de la genética de poblaciones biogeográficas en diferentes partes del mundo, utilizando las características que codifican para la longitud, distribución, coloración del pelaje y anomalías esqueléticas. La mayoría de estudios de las poblaciones de gatos se han realizado en Europa. Dado ese gran número de estudios, es sorprendente que solo algunos han incluido información sobre América Latina y específicamente de Colombia.(Ruiz-Garcia y Alvarez.2003;Ruiz-Garcia M, Alvarez y Shostell.2005;Ruiz-García, Alvarez 2008). Los marcadores fenotípicos, especialmente los relacionados con la coloración del pelaje, constituyen una valiosa herramienta a la hora de analizar la estructura genética de las poblaciones, debido a su gran contenido informativo, bajo costo, fácil manipulación e identificación y rápida obtención de resultados (Ruiz-García y Alvarez.2008;.Devillard et al. 2014;Adefenwa et al.2013). Por esta razón la presente investigación tuvo como finalidad conocer el grado de diversidad y estructura genética en poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) mediante marcadores



que codifican para el pelaje en el municipio de Montería, Córdoba, Colombia.

## MATERIALES Y METODOS

**Sitio de estudio.** El estudio se realizó en la zona urbana de Montería (8° 45' de latitud Norte y 75° 53' de longitud Oeste), está ubicada a 20 metros sobre el nivel del mar y una temperatura promedio de 28 °C. Se muestrearon los barrios Centro, La Coquera, La Floresta, La Granja, Policarpa y Sucre.

**Obtención de datos.** Se realizaron muestreos aleatorios entre los meses de enero a junio del año 2014; mediante excursiones urbanas y observación directa se realizó una clasificación fenotípica de cada uno de los individuos adultos encontrados en Montería (n=443), cada ruta se utilizó sólo una vez, a fin de evitar el remuestreo, atendiendo a la presencia o ausencia de los marcadores autosómicos: *Non-agouti(a)*; *blotched tabby (Tb)*; *dilution (d)*, *pelo largo (l)*; *manchado de blanco (S)* y *dominante blanco (W)* y el locus ligado al sexo *O (orange)* (Tabla 1), por último se tomaron registros fotográficos de cada individuo. De igual manera, se realizó una encuesta sobre sexo, edad raza, origen y preferencias antrópicas.

**Diseño estadístico.** La estimación

de las frecuencias alélicas de cada marcador a nivel poblacional y global, así como las medidas de diversidad genética establecidas por Nei correspondientes a la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ), heterocigosidad esperada de la población total ( $H_T$ ), coeficiente de diferenciación genética ( $G_{ST}$ ), flujo génico ( $N_m$ ), equilibrio Hardy-Weinberg y la distancia genética entre las poblaciones, se estimaron a través del programa PopGene 1.31(Yeh et al.1999, la estructura genética de las poblaciones, atendiendo a los índices de fijación propuestos por Wright:  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  y  $F_{ST}$ , se calculó mediante el programa FSTAT v. 2.9.3.2 (Goudet 2002).La elaboración del dendrograma que representa los valores estimados de distancia genética se realizó a través del método Neighbor-Joining empleando el programa MEGA 5 (Tamura et al.2011)

## RESULTADOS

**Frecuencias alélicas.** Al calcular las frecuencias alélicas para cada población (Tabla 2) se obtuvo que el gen *manchado de blanco* fue el más frecuente, especialmente en las poblaciones de La Coquera ( $q=0.7500$ ) y Centro ( $q=0.6620$ ). Por su parte, el marcador *dominante blanco*, responsable de la capa blanca, no se registró en las



poblaciones, encontrándose este marcador ausente en Montería. También los marcadores *pele largo* y *orange* mostraron bajas frecuencias, tanto a nivel poblacional, como a nivel global (Tabla 3).

**Diversidad genética.** En cada una de las poblaciones, el nivel medio de variabilidad genética fue alto (Tabla 4) siendo la población de La Coquera la de mayor heterocigosidad ( $H_e=0.3308$ ), por otro lado, a nivel de marcadores, las poblaciones La Coquera y La Floresta resultaron ser las de mayores índices de diversidad génica con respecto al gen *Manchado de blanco*, sin embargo, la población La Coquera, para el marcador *Manchado de blanco* se ubicó como la zona con el mayor grado de diversidad génica a nivel global mostrando un valor de 0.4318, seguido por La Floresta ( $H_e=0.4039$ ) y Centro ( $H_e=0.4000$ ) para el marcador antes mencionado, quien además mostró los niveles más altos de variabilidad genética en todas las poblaciones. En general, los marcadores *Manchado de blanco*, *Dilution* y *Tabby* presentaron los mayores valores de diversidad genética cuyos índices fueron superior a los registrados por el resto de los marcadores (Tabla 5), en promedio el nivel de variabilidad genética en la

población total fue de 0.3220. Con relación al test de equilibrio Hardy-Weinberg (Tabla 6), a nivel global las poblaciones reportaron ausencia de equilibrio.

### **Diferenciación genética y flujo génico.**

El nivel de diferenciación genética encontrado en Montería fue bajo (Tabla 7), lo cual indica que aproximadamente el 9 % de la variación detectada se debe a diferencias entre las poblaciones, por lo tanto, las seis poblaciones no fueron significativamente diferentes para los marcadores estudiados y sugiere que todas ellas se mantienen como una sola población. En contraste, el valor de flujo génico encontrado permite suponer que las poblaciones mantienen un grado considerable de intercambio genético, asumiéndose un total de tres migrantes por generación, además la cifra obtenida resultó ser mayor a 1, lo que indica que las poblaciones se comportan como una metapoblación.

### **Estructura poblacional.**

Los valores positivos en cada marcador y en promedio para el estadístico  $F_{IS}$  (Tabla 8) evidencian un exceso de homocigotos de los individuos con respecto a cada población y por lo tanto se asume consanguinidad, con valores que oscilan entre 0.0012 para el marcador



40

*Non-agouti* y 0.0082 para el gen *Dilution*; con relación al estadístico  $F_{IT}$ , en promedio se obtuvo un exceso de homocigotos de los individuos con respecto a la población total, abarcando valores de 0.1804 a 0.7350 para los marcadores *Non Agouti* y *Orange* respectivamente. Por otro lado el valor promedio de  $F_{ST}$  resultó ser bajo, lo que indica la escasa diferenciación génica existente entre las poblaciones, cabe resaltar un valor similar se registró para el coeficiente  $G_{ST}$  (Tabla 7).

#### **Distancia Genética.**

La distancia genética entre las poblaciones fue baja, siendo La Granja y Policarpa las poblaciones más cercanas (Tabla 9), mientras que La Coquera y La Floresta resultaron ser las de mayor diferencia génica, cifra poco significativa, pues no superó el 10 %, en este contexto, la población de La Coquera presentó los valores mayores de distancia genética en comparación con el resto de las poblaciones.

El dendrograma (Figura 1) evidencia la similaridad genética entre las poblaciones de La Granja y Policarpa a las cuales se asocia la población de La Floresta, también se observa la asociación entre las poblaciones de Centro y Sucre. Por otro lado, la población de La Coquera se mantuvo

alejada de las demás, pero con un valor de distancia poco significativo, que permite deducir que las poblaciones en conjunto están muy relacionadas.

A nivel de Colombia (Figura 2), la población de Leticia es la más alejada de las poblaciones reportadas, la población de Montería se une al resto de poblaciones reportadas.

#### **DISCUSIÓN**

La elevada frecuencia del gen *manchado de blanco*, podría estar relacionada con factores ambientales como las altas temperaturas, que posiblemente estarían favoreciendo no solo la presencia, sino el aumento de individuos portadores de dicho gen ((Ruiz-Garcia y Alvarez.2005;Kaelin et al.2012; Eizirik et al.2010). Este hecho unido a ciertas preferencias antrópicas por cuestiones estéticas, reflejadas en la encuesta que se realizó durante el muestreo, evidencian una posible selección artificial, no solo por este marcador, sino también por el marcador *Non-agouti*, de tal manera que sus frecuencias fueron elevándose progresivamente (Ruiz-García y Álvarez. 1999) al igual que la heterocigosidad esperada. Estudios han reportado que el gen *Non-agouti* se ve favorecido en ambientes urbanos, cuyas densidades poblacionales son altas (Rosenfeld.



41

2010), pues tienden a "sociabilizar" con otros congéneres para poder coexistir y adaptarse a una mayor injerencia humana en sus vidas; lo que permite suponer que los gatos que portan este gen, están mejor adaptados a las condiciones imperantes de este sitio, que otros que no lo portan. Además, otra posible respuesta podría ser el rápido crecimiento poblacional de gatos lo cual incrementa considerablemente el flujo genético e incrementa la panmixia (Peña-Cruz et al.2015). Se ha propuesto que la carencia del locus *White* puede ser utilizado como indicador de diversidad genética (Ruiz-García y Álvarez. 1999). En el presente estudio no se encontró el marcador *W*, resultado similar a lo reportado en estudios realizados en otras poblaciones colombianas (Ruiz-García y Álvarez. 1999), lo cual puede revelar la cantidad de intervención humana en las poblaciones de gatos, lo que conduciría a mostrar en la presente investigación una injerencia mayor. Sin embargo, el hecho que la frecuencia del alelo *W* sea muy baja o no se encuentre en todos los estudios, puede atribuirse a efectos pleiotrópicos sobre la audición (Geigy et al.2007) lo cual podría causar complicaciones en los individuos, así

como la muerte a una edad más temprana. La presencia de la gran mayoría de los marcadores estudiados en la población de gatos domésticos en Montería, demuestra la gran variedad de genes disponibles en la zona, situación que posiblemente se puede atribuir a la ubicación geográfica estratégica de dicha población, pues desde hace mucho tiempo es paso obligado de los transeúntes que vienen y van hacia Cartagena, Barranquilla o poblaciones aledañas, favoreciendo el flujo génico. Sin embargo, a nivel global las poblaciones mostraron una desviación significativa con respecto al equilibrio H-W revelando un exceso de homocigotos. El exceso de homocigotos en una población podría ser el resultado de eventos de endogamia dentro de la misma (Allendorf y Luikart.2009). Otra posibilidad es la existencia de posible estructura genética por subdivisión, expresada como efecto Wahlund, o que los marcadores analizados pueden estar siendo sometidos a selección natural.

El nivel de flujo génico (Tabla 7), permite inferir que las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente y se comportan como una metapoblación, situación a la cual se atribuye la aproximación de



42

todas las poblaciones desde el punto de vista estructural. El déficit de heterocigotos obtenidos a través de los distintos índices de fijación ( $F_{IS}$  y  $F_{IT}$ ) en cada una de las poblaciones estudiadas, conduce a la suposición de que éstas soportaron un cruzamiento entre individuos próximos emparentados en un mismo lugar de estudio (Guries y Ledig.1982) o se dio una mezcla de individuos de varias unidades panmícticas, con frecuencias alélicas diferentes (efecto Wahlund), provocando por lo tanto un aumento de genotipos homocigotos, en las poblaciones analizadas. Como señala (Ruiz-García y Álvarez.1999), los dueños de estas mascotas, se desplazan por toda la ciudad con éstos animales, dejando las crías o cediéndolas, así el flujo génico es alto y era de esperarse que las frecuencias alélicas de los genes evaluados no hayan diferido sustancialmente entre los muestreos realizados en Montería, lo cual fue confirmado por el estadístico  $F_{ST}$ , ya que todas las zonas analizadas se comportan como una sola población ( $F_{ST}=0,0799$ ).

El valor de  $F_{ST}$  junto con el de la distancia genética ( $F_{ST}= 0,0799$ ;  $I=0,0234$ ) obtenidas para las

poblaciones muestreadas, muestran que las localidades no son poblaciones lo cual puede demostrarse por el dominio de los humanos en la generación de descendientes con paternidades simultáneas, aumentando así el flujo genético dentro de las poblaciones, aumentando la endogamia y disminuyendo la panmixia; igualmente, no existen barreras que circunscriban el flujo de los gatos, por medio de sus dueños de un lado de la ciudad al otro, es de aclarar que el valor del  $F_{ST}$  se debe al sistema de apareamiento y no a la subdivisión poblacional (Peña-Cruz et al.2015). La distancia genética (Nei.1972) mostró a Montería (Tabla 9) comportándose genéticamente como una sola población, y al compararla con otras ciudades colombianas, se observa un gran parecido entre ellas; corroborando lo encontrado con el estadístico  $F_{ST}$ . Este gran parecido genético entre las poblaciones colombianas puede corresponder a un evento fundador común, las cuales se originaron a partir de las poblaciones españolas (Ruiz-García y Alvarez.2005; Peña-Cruz et al.2015), al ser una especie ausente en América hasta la inmigración de los europeos y su entrada debió estar asociada a las rutas colonizadoras de diferentes naciones europeas en el



43

Nuevo Mundo (Ruiz-García y Álvarez.1999).Al comparar las poblaciones estudiadas en Montería (Figura 1) encontramos una gran similitud genética entre ellas, comportándose estas como una metapoblación. Si se compara Montería con otras ciudades colombianas analizadas (Figura 2), se encontró que todas son semejantes genéticamente. La elevada homogeneidad genética hallada en gran parte de Colombia puede estar relacionada con el vertiginoso desplazamiento de los conquistadores españoles por el río Magdalena, los cuales establecieron muchas ciudades y villas en poco tiempo (Ruiz-García y Alvarez.2005; Peña-Cruz et al.2015)

### Referencias Bibliograficas

Adefenwa MA, Agaviezor BO, Peters SO, Wheto M, Ekundayo DO, Okpeku M, et al Novel intron 2 polymorphism in the melanophilin gene is in Hardy-Weinberg equilibrium and is not associated with coat color in goats Open Journal of Genetics. 2013; 3:195-200.

Allendorf FW, Luikart G. Conservation and the genetics of populations. 2<sup>a</sup>

Bistua 2014 Vol12(2):35-47.Pardo P E, Morales J, Cavadia M T, Estudio de la diversidad genética de la población de gatodoméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia.

ed. Massachusetts: Wiley-Blackwell; 2009.

Devillard S, Jombart T, Léger F, Pontier D, Say L, Ruetten S. How reliable are morphological and anatomical characters to distinguish European wildcats, domestic cats and their hybrids in France? Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. 2014;52(2):154-62.

Eizirik, E., V. A. David, V. Buckley-Beason, and M. E. Roelke, A. A. Schaffer et al., Defining and mapping mammalian coat pattern genes: multiple genomic regions implicated in domestic cat stripes and spots. 2010. Genetics 184: 267–275

Gatti R. El gato: Una mascota especial. Ed. Intermédica. Buenos Aires, Argentina; 1996

Geigy C, Heid S, Steffen F, Danielson K, Jaggy A, Gaillard C. Does a pleiotropic gene explain deafness and blue irises in white cats?. Vet J. 2007;173(3):548–553.

Goudet J. FSTAT, a Program to



44

estimate and test gene diversities and fixation indices version 2.9.3.2. 2002. <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>.

Guries RP, Ledig FT. Genetic Diversity and population structure in Pitch pine (*Pinus rigida* Mill.). *Evolution* 1982; 36: 387-402

Illanes J, Orellana C, Fertilio B, Leyton V, Venegas F. Análisis Macroscópico y Microscópico del Desarrollo Embrionario y Fetal en el Gato (*Felis catus*), en Relación con el Desarrollo de la Vesícula Coriónica y de la Placenta. *International Journal of Morphology* 2007; 25:467-81.

Kaelin CB, Xu X, Hong LZ, David VA, McGowan KA, Schmidt-Kuntzel A, et al. Specifying and sustaining pigmentation patterns in domestic and wild cats. *Science*. 2012; 337:1536-41.

Nei M. Genetic distance between populations. *Am Nat* 1972; 106:283-292

Peña-Cruz A, Sandoval S, Patino A, Rodríguez A, Orjuela J, Ortega A, et al., Análisis genético de la población

de gatos del norte y sur de Cali, Colombia. *Acta biol. Colomb.* 2015; 20(1):109-116.

Rosenfeld CS. Animal models to study environmental epigenetics. *Biology of reproduction.* 2010; 82(3):473-88.

Ruiz-García M, Alvarez D. A biogeographical population genetics perspective of the colonization of cats in Latin America and temporal genetic changes in Brazilian cat populations. *Genetics and Molecular Biology.* 2008; 31:772-82.

Ruiz-Garcia M, Alvarez D, Shostell J. Population genetic analysis of cat populations from Mexico, Colombia, Bolivia, and the Dominican Republic: identification of different gene pools in Latin America. *J Genet.* 2005; 84: 147–171

Ruiz-Garcia M, Alvarez D. Posible origen europeo de seis poblaciones latinoamericanas de gatos y no existencia de paralelismo con el modelo colonizador británico al utilizar genes del pelaje y microsatélites. *Acta Zool Mex.* 2003;

**Bistua 2014 Vol12(2):35-47.**Pardo P E, Morales J, Cavadia M T, Estudio de la diversidad genética de la población de gatodoméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia.



45

89:261-286

Ruiz-García M, Álvarez D. Análisis filogenético de 21 poblaciones latinoamericanas de gatos, mediante 10 loci morfológicos, utilizando métodos de matrices de distancias genéticas y de máxima parsimonia. Bol R Soc Esp Hist Nat (Sec Biol). 1999; 95(3-4):139-164.

Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA 5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony methods. Mol Biol Evol. 2011; 28 (10): 2731-2739.

Vella CM, and Robinson R. Robinson's genetics for cat breeders and veterinarians. 2005. 4th ed. Repr. Oxford: Butterworth-Heinemann.

Yeh F, Yang R, Mao J., Ye Z, Boyle T. POPGENE, the Microsoft Windows-based user-friendly software for population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Department of Renewable

Resources. University of Alberta. Edmonton, Alta; 1999.

**Tabla 1.** Descripción de los 7 genes estudiados (Ruiz-García, 1994).

Locus	Alelos	Característica
O (gen ligado al sexo)	o O	Silvestre; pigmentación naranja.  Mutante; toda la pigmentación es naranja; epistático para la detección del locus A.
A (gen autosómico)	A a	Silvestre color Agouti.  Mutante; color No-agouti; un mismo color; color negro; epistático para la observación del locus T.
T (gen autosómico)	t <sup>+</sup> t <sup>b</sup> T <sup>a</sup>	Silvestre; atigrado o "Mackerel tabby"; recesivo frente a T <sup>a</sup> , pero dominante para t <sup>b</sup> .  Mutante; clásico o "blotched tabby"; recesivo.  Mutante; Abisinio o "Abyssinian tabby"; dominante; este alelo es poco frecuente.
D (gen autosómico)	D d	Silvestre; color denso.  Mutante; color diluido; recesivo.
L (gen autosómico)	L l	Silvestre; pelo corto.  Mutante; pelo largo; recesivo.
S (gen autosómico)	s S	Silvestre; sin manchas blancas.  Mutante; manchado de blanco; dominante.
W (gen autosómico)	w W	Silvestre; color normal  Mutante; color blanco; epistático para todos los otros colores

O: Orange; a: Non-agouti; Tb: Blotched tabby; d: Dilution; l: Pelo largo; s: Manchado de blanco; W: Dominante blanco.

**Tabla 2.** Frecuencias alélicas de cada marcador en las poblaciones estudiadas.

Bistua 2014 Vol12(2):35-47.Pardo P E, Morales J, Cavadia M T, Estudio de la diversidad genética de la población de gatodoméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia.



Poblaciones	Locus						W
	O	a	Tb	d	l	s	
Centro	0.0261	0.5063	0.2314	0.3143	0.1563	0.6620	0.00
La Coquera	0.0769	0.2500	0.2570	0.5517	0.1739	0.7500	0.00
La Floresta	0.1224	0.5333	0.2906	0.3077	0.2540	0.3750	0.00
La Granja	0.0569	0.5870	0.3462	0.5714	0.2192	0.4607	0.00
Policarpa	0.0794	0.5833	0.2333	0.5532	0.1622	0.4468	0.00
Sucre	0.0000	0.5000	0.2000	0.4000	0.2857	0.6000	0.00

O: Orange; a: Non-agouti; Tb: Blotched tabby; d: Dilution; l: Pelo largo; s: Manchado de blanco; W: Dominante blanco.

**Tabla 3.** Frecuencia alélica total de cada marcador fenotípico en el municipio de Montería.

	O	a	Tb	d	l	s	W
Poblacion Total	0.0804	0.4933	0.2597	0.4497	0.2085	0.5290	0.00

O: Orange; a: Non-agouti; Tb: Blotched tabby; d: Dilution; l: Pelo largo; s: Manchado de blanco; W: Dominante blanco

**Tabla 4.** Índice de diversidad genética de Nei (1973) en cada población a través de la Heterocigosis esperada (He) para cada marcador

**Tabla 5.** Heterocigidad total para cada marcador en la población de

Poblaciones	l	s	W	Promedio
Centro	0.1551	0.4000	0.0000	0.2826
La Coquera	0.2917	0.4318	0.0000	0.3308
La Floresta	0.3243	0.4039	0.0000	0.3196
La Granja	0.1561	0.3181	0.0000	0.2756
Policarpa	0.0428	0.3142	0.0000	0.2434
Sucre	0.0769	0.3846	0.0000	0.2699

Montería.

Locus	O	a	Tb	d
Hr	0.0709	0.2880	0.3864	0.3769

Locus	l	S	W	Promedio
Hr	0.1744	0.3754	0.0000	0.2388

**Tabla 6.** Equilibrio de Hardy-Weinberg para los marcadores

Población	Locus	X <sup>2</sup>	Grados libertad	P valor
Lorica	O	32.8	1	0.042
	s		1	0.000
		17,5		

Poblaciones	O	a	Tb	d
Centro	0.0339	0.0333	0.3658	0.4083
La Coquera	0.0909	0.4308	0.4210	0.3181
La Floresta	0.1160	0.3214	0.3414	0.4107
La Granja	0.0606	0.2954	0.3977	0.4256
Policarpa	0.0857	0.3000	0.4038	0.3142
Sucre	0.0384	0.3461	0.3888	0.3846

O: Orange; s: Manchado de blanco.

47

**Tabla 7.** Coeficiente de diferenciación genética ( $G_{ST}$ ) y flujo génico ( $N_m$ ) en la población de Lorica.

$G_{ST}$	$N_m$
0.096	2.87

**Tabla 8.** Valores de los estadísticos  $F$  para cada marcador en la población global.

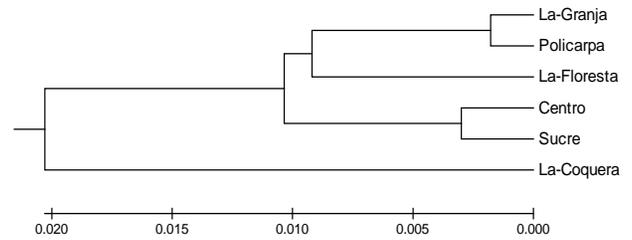
Marcadores	$F_{IT}$	$F_{ST}$	$F_{IS}$
<b>O</b>	0.7350	0.0803	0.0062
<b>a</b>	0.1804	0.0423	0.0012
<b>Tb</b>	0.6135	0.0607	0.0029
<b>d</b>	0.5564	0.0510	0.0082
<b>l</b>	0.2001	0.0231	0.0017
<b>s</b>	0.2136	0.0528	0.0017
<b>W</b>	0.3062	0.0411	0.0049
Promedio	0.3702	0.0799	0.0062

O: Orange; a: Non-agouti; Tb: Blotched tabby; d: Dilution; l: Pelo largo; s: Manchado de blanco; W: Dominante blanco.

**Tabla 9.** Matriz de distancia genética (Nei, 1972) entre las poblaciones.

	1	2	3	4	5	6
1	-----					
2	0,027	-----				
3	0,021	0,062	-----			
4	0,027	0,043	0,019	-----		
5	0,023	0,042	0,017	0,003	-----	
6	0,005	0,026	0,017	0,018	0,016	-----

1: Centro; 2: La Coquera; 3: La Floresta; 4: La Granja; 5: Policarpa; 6: Sucre.



**Figura 1.** Dendrograma Neighbor-Joining elaborado para las poblaciones del municipio de Montería usando siete marcadores genéticos y la distancia genética (D) de Nei (1972)

**Figura 2.** Dendrograma Neighbor-Joining elaborados para nueve poblaciones colombianas usando siete marcadores genéticos y la distancia genética (D) de Nei (1972).

