



Detección de la diversidad genética del gato doméstico (*Felis catus*) mediante genes asociados al pelaje en Tolú-Sucre, Colombia

Genetic diversity detection of the domestic cat (*Felis catus*) by genes associated with coat color in Tolú-Sucre, Colombia

María Teresa Martínez Bula; José Darío Zambrano Charrasquiel; Enrique Pardo Pérez

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

Resumen

Este estudio determinó la diversidad y estructura genética presente en grupos poblacionales de gatos domésticos (*Felis catus*), utilizando marcadores de pelaje en Tolú-Sucre y muestreos aleatorios entre los meses de septiembre y diciembre del año 2016, se caracterizaron fenotípicamente 242 animales adultos en cinco barrios de Tolú, atendiendo a los marcadores autosómicos de codificación morfológica: 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, flujo génico, equilibrio Hardy-Weinberg y distancia genética fueron calculados mediante el programa PopGene; la estructura genética mediante el programa FSTAT. El marcador *Manchado de blanco* mostró la mayor frecuencia mientras los genes *Non-agouti* y *Pelo largo* exhibieron los valores más bajos. Se obtuvieron valores poco significativos de variabilidad genética a nivel global y poblacional. Así mismo, se obtuvo una escasa diferenciación genética entre poblaciones y un elevado flujo génico; se observó exceso de heterocigotos a nivel poblacional y a nivel total y ausencia de equilibrio Hardy-Weinberg respecto a los marcadores *Orange* y *Manchado de blanco*.

Palabras clave: Gato, Tolú, Sucre, diversidad, heterocigosidad

Abstract

This study determined the diversity and genetic structure present in population groups of domestic cats (*Felis catus*), using markers coat in Tolú-Sucre and random sampling among the months of September and December of the year 2016, 242 adult animals were phenotypically characterized in five in five Tolú's neighborhoods, based on autosomal

markers of morphological coding: sex-linked *Orange* (*O*) locus, autosomal loci: *Non-agouti* (*a*), *Tabby blotched* (*Tb*), *Dilution* (*d*), *Long hair* (*l*), *Spotting White* (*S*) and *Dominant White* (*W*). Population genetic parameters as allele frequency, genetic diversity, gene flow, Hardy-Weinberg equilibrium and genetic distance were estimated through PopGene program; the genetic structure was assessed using the program FSTAT. The *Spotting White* marker showed the highest frequency, while the *Non-agouti* y *Long hair* gene, presented the lowest values of allele frequencies. Low significant values of genetic variability were registered at global and population level. Likewise, low genetic differentiation among populations was registered with a high gene flow; an excess of heterozygotes was observed to population level and total level as well as absence of Hardy-Weinberg equilibrium with respect to *Orange* and *Spotting White* markers.

Key words: Cat, Tolú, Sucre, diversity, heterozygosity

Introducción

El gato doméstico está presente en todos los continentes, excepto en la Antártida y en las regiones más remotas del mundo, mientras hoy en día es uno de los animales de compañía más lisonjeados en el mundo occidental, para las antiguas sociedades los gatos de las bodegas, los gatos de los hogares y los gatos de los barcos, proporcionaron una efectiva protección contra los parásitos, especialmente las plagas de los roedores, principales responsables de la pérdida económica e incremento de las enfermedades¹

Un esqueleto completo encontrado en la isla de Chipre asociado a un entierro humano fechado alrededor del año 7500 AC sugiere que los gatos fueron domesticados probablemente por las comunidades neolíticas sedentarias tempranas que habían estado creciendo cereales en ese lugar².

La 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 histórica³. Diversas investigaciones han reportado estudios genéticos en poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) utilizando marcadores que codifican la longitud, distribución, coloración del pelaje, realizadas en áreas urbanas de la costa Caribe colombiana como Montería, Lorica, Cartagena, Magangué, Sahagún y Riohacha, las cuales han revelado su estructura y variación genética⁴⁻⁹.

Determinadas variaciones fenotípicas son sencillas de estudiar a simple vista, especialmente los relacionados con la coloración del pelaje (resultado de la pigmentación por la adición a la queratina del pelo de productos químicos de naturaleza fenólica llamadas melanina), las cuales constituyen un excelente instrumento para investigar la estructura genética de las poblaciones, por su gran contenido informativo, bajo costo, fácil manipulación e identificación y rápida obtención de resultados¹⁰.

Por lo tanto, el objetivo de este estudio es analizar el grado de diversidad y estructura genética en poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) mediante marcadores que codifican para el pelaje en Tolú, Sucre.

Materiales y Métodos

Sitio de estudio. El estudio se realizó en la zona urbana de Tolú (09°31'39" N-75°34'52" O), con una altura de 7 metros sobre el nivel del mar y una temperatura que exhibe un valor medio constante durante todo el año de 28°C. Se muestrearon los barrios Calle Nueva, Cangrejo, La Esperanza, San Felipe y El Santuario.

Obtención de datos. Se realizaron muestreos aleatorios entre los meses de septiembre y diciembre del año 2016; mediante excursiones urbanas y observación directa se realizó una clasificación fenotípica de cada uno de los individuos adultos encontrados en Tolú (n=242), 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.

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}), equilibrio Hardy-Weinberg y la distancia genética entre las poblaciones, se estimaron a través del programa PopGene 1.31¹¹, 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. 2.9.3.2¹².

La elaboración del dendrograma se realizó a través del método Neighbor-Joining mediante el programa MEGA 7¹³.

Resultados

Frecuencias alélicas. Al calcular las frecuencias alélicas para cada población se obtuvo que el gen *Manchado de blanco* mostró la frecuencia alélica más alta, especialmente en las poblaciones de Cangrejo ($q= 0.901$), El Santuario ($q= 0.870$) y San Felipe ($q= 0.847$). De otro lado, el marcador *dominante blanco*, responsable de la capa blanca, no se registró en las subpoblaciones estudiadas. También los marcadores *Non-agouti* y *pelo largo* mostraron bajas frecuencias, tanto a nivel poblacional, como a nivel global (Tabla 2).

Diversidad genética. En cada una de las poblaciones, el nivel medio de variabilidad genética fue alto (Tabla 3) siendo la población de Calle Nueva la de mayor heterocigosidad ($H_e = 0.357$), por otro lado, a nivel de marcadores, las poblaciones San Felipe y a Esperanza resultaron ser las de mayores índices de diversidad génica con respecto a los genes *Dilution* y *Manchado de blanco*, sin embargo, la población San Felipe, para el marcador *Dilution* se ubicó como la zona con el mayor grado de diversidad génica a nivel global mostrando un valor de 0.497, seguido por La Esperanza ($H_e = 0.487$) para el marcador *Manchado de blanco* y Calle Nueva ($H_e = 0.480$) para el marcador antes mencionado, quien además mostró los niveles más altos de variabilidad genética en todas las poblaciones a excepción de La Esperanza. En general, el marcador *Manchado de blanco* presentó el mayor valor de diversidad genética seguido de los genes *Dilution* y *Orange* cuyo índice fue superior a los registrados por el resto de los marcadores (Tabla 4), en promedio el nivel de variabilidad genética en la población total fue de 0.326. Con relación al test de equilibrio Hardy-Weinberg (Tabla 5), a nivel global las poblaciones reportaron ausencia de equilibrio.

Diferenciación genética y flujo génico. El nivel de diferenciación genética en la población de Tolú fue muy bajo (Tabla 6), lo cual indica que aproximadamente el 7.2 % de la variación detectada se debe a diferencias entre las poblaciones, por lo tanto, las nueve poblaciones no fueron significativamente diferentes para los marcadores estudiados y sugiere que todas ellas se mantienen como una sola población.

En contraste, el elevado valor de flujo génico permite suponer que las poblaciones mantienen un grado considerable de intercambio genético, asumiéndose un total de cinco migrantes por generación, además la cifra obtenida resultó ser mayor que 4, lo que indica que las poblaciones se comportan como una metapoblación.

Estructura poblacional. Los valores negativos en cada marcador y en promedio para el estadístico F_{IS} (Tabla 7) evidencian un exceso de heterocigotos de los individuos con respecto a cada población y por lo tanto se asume ausencia de consanguinidad, con valores que oscilan entre -0.138 para el marcador *Pelo largo* y -0.488 para el gen *Manchado de blanco*; con relación al estadístico F_{IT} , en promedio se obtuvo un exceso de heterocigotos de los individuos con respecto a la población total, abarcando valores de -0.126 a -0.516 para los marcadores *Pelo largo* y *Manchado de blanco* 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 6).

Distancia Genética. La distancia genética entre las poblaciones fue baja, siendo Calle Nueva y El Santuario las poblaciones más cercanas (Tabla 8), mientras que La Esperanza y San Felipe resultaron ser las de mayor diferencia génica, cifra poco significativa, pues

apenas supera el 10 %, en este contexto, la población de San Felipe presentó los mayores valores de distancia genética en comparación con el resto de las poblaciones.

El dendrograma (Figura 1) evidencia la similaridad genética entre las poblaciones de Calle Nueva y El Santuario a las cuales se asocia la población de Cangrejo. Por otro lado, la población de San Felipe 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 del Caribe colombiano (Figura 2), en un primer clúster se agrupan las poblaciones Montería, Coveñas, San Antero, Tolú, Lórica, Santa Marta y Riohacha, las poblaciones Cartagena y Magangué se unen en un segundo clúster.

Discusión

La presencia en la presente investigación para la frecuencia del marcador *W* (*Dominante blanco*) levemente mayor al reportado en otros estudios realizados en poblaciones de gatos¹⁴, puede revelar, el nivel de intervención humana en las poblaciones de gatos, lo que conduciría a mostrar en el presente trabajo una injerencia mayor. Sin embargo, el hecho que la frecuencia del alelo *W* (*Dominante blanco*) sea tan baja en todos los estudios, podría atribuirse a efectos pleiotrópicos sobre la audición¹⁵, lo cual podría causar complicaciones en los individuos, así como la muerte a una edad precoz. Debe mencionarse que Ruiz-García y Álvarez¹⁴ plantea que la carencia del locus *White* puede ser utilizado como indicador de diversidad genética. La alta frecuencia del gen manchado de blanco, podría relacionarse con factores ambientales como elevadas temperaturas, que posiblemente estarían favoreciendo no solo la presencia, sino el aumento de individuos portadores de dicho gen¹⁶⁻¹⁸. Este unido a ciertas predilecciones humanas por ciertos fenotipos, lo que evidenciaría una posible selección artificial, no sola por este marcador, sino también por el marcador *Orange*, de tal manera que sus frecuencias fueron elevándose gradualmente¹⁴, al igual que la heterocigosidad esperada. Estudios han reportado que el gen *Orange* se ve beneficiado en ambientes urbanos, cuyas densidades poblacionales son altas¹⁹⁻²¹, pues tienden a "sociabilizar" con otros congéneres para poder co-existir y adaptarse a una mayor intromisión humana en sus vidas; lo cual 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 panmixia²².

La existencia de la gran mayoría de los marcadores estudiados en la población de gatos domésticos de Tolú, indica la gran diversidad 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

desde y hacia poblaciones del Caribe, favoreciendo el movimiento de migrantes y un considerable flujo génico.

La ausencia del equilibrio Hardy-Weinberg puede deberse a diversas causas. Como los resultados revelan un exceso de heterocigotos, podría en este caso ser atribuida a la presencia de una selección sobredominante o la ocurrencia de migraciones en las poblaciones estudiadas.

La abundancia de heterocigotos obtenidos a través de los distintos índices de fijación (F_{IS} y F_{IT}) en cada una de las subpoblaciones estudiadas, muestra que éstas presentan una estructura casi homogénea, hecho que sería atribuible a su cercanía geográfica, lo que ocasiona un aumento sustancial del flujo génico que hay entre las mismas, dado que la existencia de un alto intercambio de genes previene eventos de endogamia al interior de las poblaciones²³, provocando por lo tanto un aumento de genotipos heterocigotos, en la población.

El grado de flujo génico obtenido (Tabla 6), permite concluir que las poblaciones se encuentran suficientemente relacionadas genéticamente y se comportan como una metapoblación, situación a la cual se atribuye la aproximación de todas las poblaciones desde el punto de vista estructural²⁴.

Ruiz-García y Álvarez¹⁴, expresan que los propietarios de estas mascotas, se trasladan por toda la ciudad con éstos animales, abandonando las crías o regalándolas, así el flujo génico es alto y era de esperarse que las frecuencias alélicas de los marcadores evaluados no hayan diferido substancialmente entre los muestreos realizados en Tolú, lo cual fue corroborado por el estadístico F_{ST} , ya que todas las zonas examinadas se comportan como una sola población ($F_{ST}=0,0025$).

El valor de F_{ST} junto con el de la distancia genética ($F_{ST}= 0,052$) obtenidas para las poblaciones muestreadas, indican que las localidades no son poblaciones lo cual puede demostrarse por: el dominio de los humanos en la generación de descendientes con paternidades simultáneas, acrecentando así el flujo genético dentro de las poblaciones, reduciendo la endogamia y amplificando la panmixia; igualmente, no existen barreras que circunscriban el flujo de los gatos, por el traslado de sus dueños de un lado de la ciudad a otro, es de aclarar que el valor del F_{ST} se debe al sistema de apareamiento y no a la subdivisión poblacional²².

La distancia de Nei (1972)²⁵ presentó a Tolú 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} . Esta gran similitud genética entre las poblaciones colombianas puede corresponder a un evento fundador común, las cuales se originaron a partir de las poblaciones españolas^{16, 22}, 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 Nuevo Mundo¹⁴.

Al comparar Tolú con otras ciudades del Caribe colombiano (Figura 2), se encontró que las poblaciones Montería, Coveñas, San Antero, Tolú, Loricá, Santa Marta y Riohacha se agruparon, esta elevada homogeneidad genética hallada en estas ciudades del Caribe colombiano puede estar relacionada con el acelerado desplazamiento de los conquistadores españoles por el río Magdalena, los cuales fundaron muchas ciudades y villas en poco tiempo^{16, 22}. Además, esta gran similitud genética puede relacionarse a un evento fundador común, las cuales se originaron a partir de las poblaciones españolas¹⁶, 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 Nuevo Mundo¹⁴. Sumado a esto cabe resaltar la similitud en algunas condiciones ambientales de estas ciudades, tales como temperatura, humedad relativa entre otras.

Conclusiones

El marcador con la mayor frecuencia fue *Manchado de blanco* debido a las preferencias antrópicas por cuestiones estéticas, lo cual evidencia una posible selección artificial para dicho marcador, al ser sus rasgos morfológicos los preferidos frente a otros individuos que portan otros marcadores, de tal manera que sus frecuencias fueron aumentando progresivamente.

La diversidad genética total encontrada en Tolú fue moderada, la mayor parte de la diversidad génica se encontró dentro de las poblaciones y poca entre las poblaciones, lo cual evidencia que las poblaciones locales comparten una gran proporción de la diversidad total, razón por la cual se comportan como una sola población. Además se descubrió ausencia del equilibrio de Hardy-Weinberg para los alelos *O* (*Orange*) y *S* (*Manchado de blanco*), desviación que podría estar relacionada con una posible selección natural y artificial.

Referencias bibliográficas

1. Engels D.W. Classical Cats: The Rise and Fall of the Sacred Cat. Psychology Press, London, 1999, p. 22-27
2. Vigne JD, Guilaine J, Debue K. *et al.* Early taming of the cat in Cyprus. Science 2004; 304(5668):259.
3. Ruiz-García M, Álvarez 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 Zoológica Mexicana, 2003;89:261-286.



4. Pardo E, Morales J, Cavadía, T. Estudio de la diversidad genética de la población de gato doméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia. Bistua Revista de la Facultad de Ciencias Básicas, 2014;12(2), 35-47.
5. Montes Y, Barrios YC, Pardo, E. Análisis de la variabilidad genética de las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) mediante genes del pelaje en Cartagena, Colombia. Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales 2015;39(153):503-513.
6. Pardo E, Causil L, Rodríguez A. Estudio de la diversidad genética de gato doméstico (*Felis catus*) mediante genes asociados al color del pelaje en Lorica-Córdoba, Colombia. Archivos de Zootecnia 2015;64:389-395.
7. Pardo E, Montes Y, Cardales Y. Variabilidad genética del gato doméstico (*Felis catus*) en Magangué, Bolívar, Colombia. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú 2016;27(2):277-287.
8. Causil, L, Pardo E, Herrera Y. Evaluación de la genética del gato doméstico (*Felis catus*) mediante genes del pelaje en Sahagún, Córdoba, Colombia. Revista Tecnología en Marcha 2017;29(4):57-66.
9. Pardo E, Causil L, Muñoz B. Perfil genético de la población de gatos (*Felis catus*) en Riohacha, La Guajira, mediante genes de pelaje Revista Facultad de Ciencias Básicas 2017;13(2)128-132.
10. Devillard S, Jombart, Léger F. *et al.* 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.
11. 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.
12. Goudet J. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3.2). 2002. Available from <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>.
13. Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7 0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution 2016;33:1870–1874.
14. 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. Boletín de la Real Sociedad Española de Historia Natural 1999;95:143–168.



15. Geigy C, Heid S, Steffen F. *et al.* Does a pleiotropic gene explain deafness and blue irises in white cats? *The Veterinary Journal* 2007;173:548–553
16. Ruiz-García M, Álvarez 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. *Journal of Genetics* 2005;84:147-171
17. Shostell JM, Staudinger J, Ruiz-Garcia M. Mutant alelo frecuencias en las poblaciones de gatos domésticos en Arkansas y Tennessee. *Journal of Heredity* 2005;96:557-565.
18. Kaelin CB, Xu X, Hong LZ. *et al.* Specifying and sustaining pigmentation patterns in domestic and wild cats. *Science* 2012;337(6101):1536-1541.
19. Eizirik E, David VA, Buckley V. *et al.* Schaffer et al., Defining and mapping mammalian coat pattern genes: multiple genomic regions implicated in domestic cat stripes and spots. *Genetics* 2010;184:267–275.
20. Grahn RA, Lemesch BM, Millon LV. *et al.* Localizing the X-linked orange colour phenotype using feline resource families. *Animal Genetic* 2005;36(1):67-70.
21. Rosenfeld CS. Animal models to study environmental epigenetics. *Biological Reproduction* 2010;82(3):473-88.
22. Peña-Cruz AF, Sandoval S, Patiño A. *et al.* Genetic Analysis of the Cat Population of North and South of Cali, Colombia. *Acta Biológica Colombiana* 2015;20(1):109-116.
23. Cortés O. Análisis de la variabilidad genética en la raza bovina de lidia utilizando información molecular. 2008. Tesis doctoral. Madrid: Universidad Complutense de Madrid.
24. Ruiz-García M. Genetic profiles from coat genes of natural Balearic cat population: An eastern Mediterranean and North-African origin. *Genetics Selection Evolution* 1994;26:39-64.
25. Nei M. Genetic distance between populations. *American Naturalist* 1972;106:283-292.
- 26.- Pardo P,E., Cavadía M,T., Alvarino G.2015.Análisis de la diversidad genética de la paloma domestica (*Columba livia*) en Bogotá, Colombia utilizando genes que codifican la coloración y diseño del plumaje. *Bistua:Revista de la Facultad de Ciencias Básicas*.13(1):35-45

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

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

O: Orange; a: Non-agouti; T^b: 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.

Población	Locus						
	O	a	T ^b	d	l	s	W
Calle Nueva	0.475	0.785	0.701	0.581	0.500	0.466	---
Cangrejo	0.382	0.901	0.774	0.731	0.523	0.460	---
La Esperanza	0.396	0.812	0.692	0.664	0.421	0.478	---
San Felipe	0,423	0.847	0.794	0.698	0.385	0.440	---
El Santuario	0.464	0.870	0.724	0.606	0.671	0.471	---

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 Tolú-Sucre.

	Locus						
	O	a	T ^b	d	l	s	W
Total	0.428	0.843	0.737	0.656	0.500	0.463	0.000

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

Poblaciones	Locus							Promedio
	O	a	Tb	d	l	s	W	
Calle Nueva	0.453	0.363	0.451	0.487	0.270	0.480	0.000	0.357
Cangrejo	0.382	0.281	0.328	0.445	0.267	0.464	0.000	0.309
La Esperanza	0.358	0.416	0.271	0.413	0.183	0.487	0.000	0.304
San Felipe	0.388	0.445	0.330	0.487	0.242	0.476	0.000	0.338
El Santuario	0.379	0.377	0.387	0.415	0.242	0.468	0.000	0.324

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

Tabla 5. Heterocigosidad total para cada marcador en la población de Tolú.

Locus	O	a	Tb	d	l	s	W	Promedio
H _T	0.392	0.376	0.353	0.449	0.240	0.475	0.000	0.326

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

Tabla 6. Equilibrio de Hardy-Weinberg para los marcadores *Orange* (O) y *Manchado de blanco* (s).

Población	Locus	χ^2	Grados de libertad	P valor
Tolú	O	25.5	1	0.045
	s	9,6	1	0.000

O: Orange; s: Manchado de blanco.

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

G_{ST}	Nm
0.007	9.75

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

Marcadores	F_{IT}	F_{ST}	F_{IS}
O	-0.386	0.011	-0.385
a	-0.283	0.002	-0.297
Tb	-0.384	0.001	-0.382
d	-0.501	0.009	-0.486
l	-0.126	0.005	-0.138
s	-0.516	0.011	-0.488
W	0	0.000	0.000
Promedio	-0.313	0.005	-0.310

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.

Población	1	2	3	4	5
1	-----				
2	0,058	-----			
3	0,066	0,083	-----		
4	0,061	0,088	0,114	-----	
5	0,029	0,060	0,079	0,083	-----

1: Calle Nueva; 2: Cangrejo; 3: La Esperanza; 4: San Felipe; 5: El Santuario.

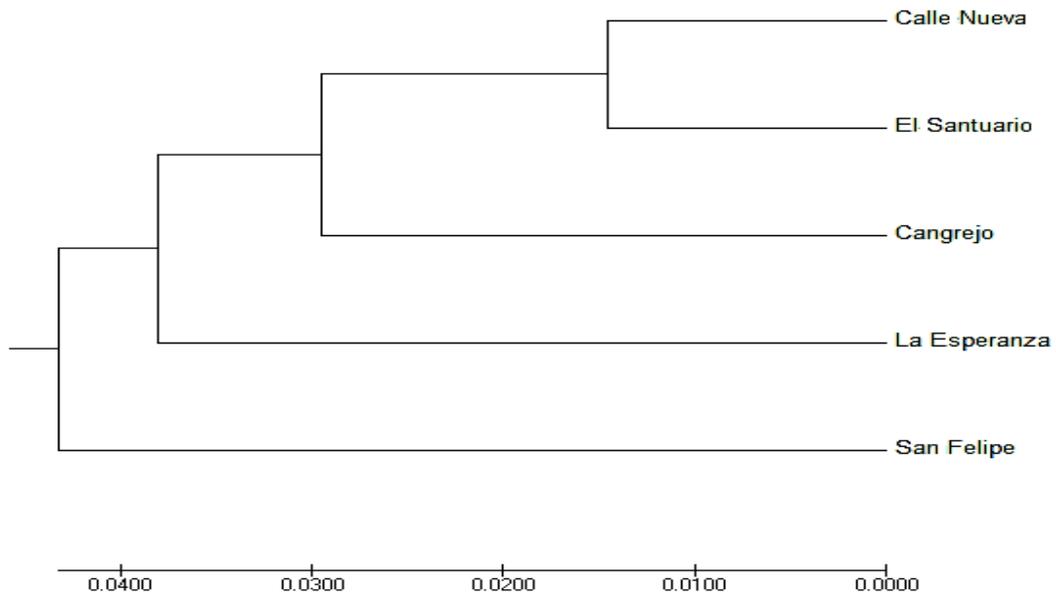


Figura 1. Árbol Neighbor-Joining obtenido a partir de las distancias genéticas de Nei (1972) para las poblaciones de Tolú usando siete marcadores morfológicos

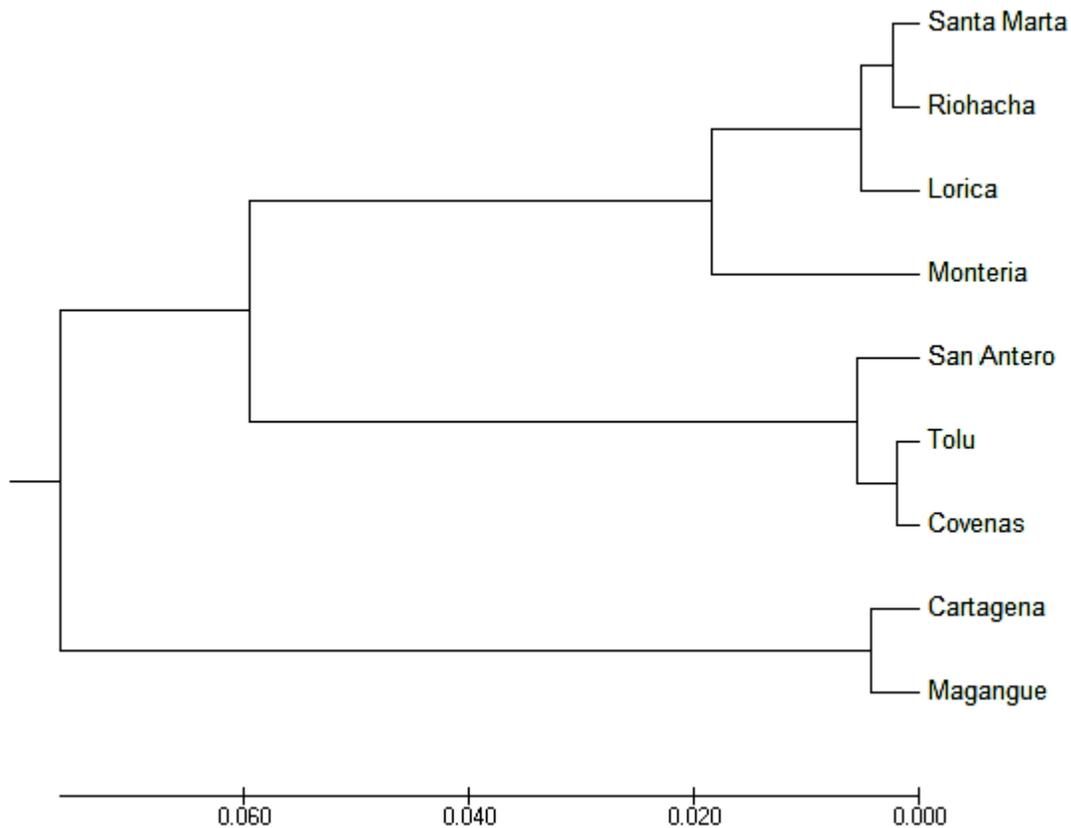


Figura 2. Árbol Neighbor-Joining obtenido para nueve poblaciones del Caribe colombiano usando siete marcadores morfológicos y la distancia genética (D) de Nei (1972).

*Para citar este artículo: María Teresa Martínez Bula; José Darío Zambrano Charrasquiél; Enrique Pardo Pérez. Genetic diversity detection of the domestic cat (*Felis catus*) by genes associated with coat color in Tolú-Sucre, Colombia. Revista Bistua. 2018 (16(2):123-137

+ Autor para el envío de correspondencia y la solicitud de las separatas: Enrique Pardo Pérez. Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Biología. Montería, Colombia. epardop@unicordoba.edu.co

Recibido: Noviembre 29 de 2017

Aceptado: Marzo 01 de 2018