



Revista Logos, Ciencia & Tecnología
ISSN: 2145-549X
dinae.logosct@policia.gov.co
Policía Nacional de Colombia
Colombia

Estructura genética-poblacional de gatos domésticos (*Felis catus*), usando marcadores fenotípicos en Santa Marta, Colombia

Causil Vargas, Luis Alfonso; Pardo Pérez, Enrique; Muñoz Mass, Bertha Lucía

Estructura genética-poblacional de gatos domésticos (*Felis catus*), usando marcadores fenotípicos en Santa Marta, Colombia

Revista Logos, Ciencia & Tecnología, vol. 8, núm. 2, 2017

Policía Nacional de Colombia, Colombia

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=517752177016>

DOI: <https://doi.org/10.22335/rlct.v8i2.293>

Attribution — You must give appropriate credit If supplied, you must provide the name of the creator and attribution parties, a copyright notice, a license notice, a disclaimer notice, and a link to the material. CC licenses prior to Version 4.0 also require you to provide the title of the material if supplied, and may have other slight differences. More info. , provide a link to the license, and indicate if changes were made. You may do so in any reasonable manner, but not in any way that suggests the licensor endorses you or your use.

Attribution — You must give appropriate credit If supplied, you must provide the name of the creator and attribution parties, a copyright notice, a license notice, a disclaimer notice, and a link to the material. CC licenses prior to Version 4.0 also require you to provide the title of the material if supplied, and may have other slight differences. More info. , provide a link to the license, and indicate if changes were made. You may do so in any reasonable manner, but not in any way that suggests the licensor endorses you or your use.



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional.

Estructura genética-poblacional de gatos domésticos (*Felis catus*), usando marcadores fenotípicos en Santa Marta, Colombia

Domestic cats (*Felis catus*) Demographic-Genetic structure using phenotypic markers in Santa Marta, Colombia.

Gatos domésticos (*Felis catus*) Estrutura demográfica-genética usando marcadores fenotípicos em Santa Marta, Colômbia

Luis Alfonso Causil Vargas lcausil@correo.unicordoba.edu.co
Universidad de Córdoba, Colombia

 <http://orcid.org/0000-0001-9417-5618>

Enrique Pardo Pérez epardop@correo.unicordoba.edu.co
Universidad de Córdoba, Colombia

 <http://orcid.org/0000-0002-6467-5790>

Bertha Lucía Muñoz Mass
bmuñozm@correo.unicordoba.edu.co
Universidad de Córdoba, Colombia

 <http://orcid.org/0000-0002-6764-8974>

Revista Logos, Ciencia & Tecnología, vol. 8, núm. 2, 2017

Policia Nacional de Colombia, Colombia

Recepción: 17 Enero 2016
Aprobación: 12 Diciembre 2016

DOI: <https://doi.org/10.22335/rict.v8i2.293>

Redalyc: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=517752177016>

Resumen: Las variaciones en la textura y color del pelo a menudo difieren entre razas de animales, son el resultado del polimorfismo de un grupo de genes, expresados en marcadores fenotípicos, los cuales; se han convertido en una herramienta útil para el estudio de la genética de poblaciones, puesto que presentan diferentes tipos de herencia y acciones génicas. El objetivo de nuestro trabajo fue analizar la diversidad y estructura genética de las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) en Santa Marta, Colombia; mediante genes del pelaje. Metodológicamente se realizó un muestreo de gatos (420) en seis barrios de las ciudades de Santa Marta, por descripciones morfológicas se determinaron los fenotipos del pelaje y con base a ello se evaluaron los índices de variabilidad genética: frecuencias alélicas, equilibrio de Hardy Weinberg, diversidad genética, estructura poblacional, flujo génico y distancias genéticas. Se obtuvo una elevada frecuencia de Orange (O) y Manchado de blanco (S); los marcadores evidenciaron ausencia de la ley del equilibrio de Hardy – Weinberg. Las poblaciones mostraron un nivel moderado de diferenciación ($G_{ST} = 20,110$). En conclusión, Santa Marta presenta pocas diferencias en la estructura genética de gatos domésticos, y altos niveles de selección en ciertos fenotipos.

Palabras clave: Diversidad genética, equilibrio Hardy –Weinberg, flujo genético, frecuencia alélica, heterocigosidad.

Abstract: Variations on fur, color and texture frequently defer between animal race, they are the result of a group of genes polymorphism and expressed in phenotype markers which have turn into an useful tool for the population genetics research, since they represent different types of genetic inheritance and actions. The objective of our research was to evaluate the genetic diversity and structure of the domestic cats (*Felis catus*) population in Santa Marta Colombia through fur genes. Methodologically it was done cats (420) sampling around 6 neighborhood in Santa Marta city. Fur phenotype was determined by morphological descriptions and based on that the genetic variability index were evaluated: allelic frequency, Hardy-Weinberg balance, genetic diversity,

demographic structure, genetic flux, genetic distance. It was obtained a high frequency of Orange O and spotting (S) markers. Markers showed no Hardy-Weinberg balance. Population showed a moderate differentiation level ($G_{ST}=2.0,110$). In conclusion: Santa Marta. Presents a few differences in domestic cats genetic structures and high selection levels in some phenotypes

Keywords: genetic diversity, Hardy-Weinberg equilibrium, gene flow, allele frequencies, heterozygosity.

Resumo: As variações na pele, cor e textura frequentemente diferem entre raça animal, são o resultado de um grupo de genes polimorfismo e expressa em marcadores fenotípicos que se transformaram em uma ferramenta útil para a pesquisa genética populacional, uma vez que representam diferentes tipos de herança genética e ações. O objetivo de nossa pesquisa foi avaliar a diversidade genética ea estrutura da população de gatos domésticos (*Felis catus*) em Santa Marta, Colômbia, através de genes de pele. Metodologicamente foram realizados gatos (420) amostragem em torno de 6 bairros na cidade de Santa Marta. O fenótipo de pele foi determinado por descrições morfológicas e com base no índice de variabilidade genética foram avaliados: frequência alélica, equilíbrio de Hardy-Weinberg, diversidade genética, estrutura demográfica, fluxo genético, distância genética. Obteve-se uma alta frequência de marcadores Orange O e spotting (S).

Os marcadores não mostraram equilíbrio de Hardy-Weinberg. A população apresentou um nível de diferenciação moderado ($G_{ST} = 2.0,110$). Em conclusão: Santa Marta. Apresenta algumas diferenças nas estruturas genéticas dos gatos domésticos e altos níveis de seleção em alguns fenótipos

Palavras-chave: diversidade genética, equilíbrio de Hardy-Weinberg, fluxo gênico, frequência alélica, heterozigosidade.

Introducción

El gato doméstico (*Felis catus*) y el gato salvaje (*F. sylvestris*) muestran una variación morfológica significativa en fenotipos del pelaje, la mayoría de las presentaciones fenotípicas específicas se han originado a través de la selección artificial, sobre todo aquellas características que tienen un valor estético, preferidas por los seres humanos. Las variaciones en la textura y color del pelo a menudo difieren entre razas de animales; puesto que representa una de las características definitoria de los mamíferos; proporciona una regulación de la temperatura corporal, la protección de los elementos ambientales, y las ventajas adaptativas de camuflaje (Gandolfi et al., 2013)

Los marcadores genéticos del pelaje en gatos domésticos (*Felis catus*) se han convertido en una herramienta útil para el estudio de la genética de poblaciones, puesto que presentan diferentes tipos de herencia y acciones génicas como epístasis, codominancia, genes letales, ligados al sexo, que ayudan a comprender la dinámica poblacional de la especie y enriquecen la investigación (Peñuela et al., 2016).

Los análisis de estructura genética basados en frecuencias alélicas, a menudo son muy usados en estudios relacionados con genética, ecología y conservación de poblaciones (Ruiz, 2015); y los resultados de esas investigaciones ofrecen información acerca de la existencia de diferencias significativas en la composición genética de las distintas poblaciones de una especie, como por ejemplo la pérdida de diversidad genética podría disminuir el potencial de la población, y bajo cualquier presión selectiva de algún alelo, las frecuencias cambian de una generación a otra, lo que podría

ocasionar, cambio en la dinámica poblacional de la especie (Martínez-Cruz, 2011).

En Colombia y específicamente en la Costa Caribe, en las ciudades de Montería, Loricá, Cartagena, Magangué y Sahagún y Riohacha, varias investigaciones han reportado estudios genéticos en poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) utilizando marcadores morfológicos del pelaje, realizadas en áreas urbanas, las cuales han evidenciado que la estructura y variación genética de esta especie, está directamente relacionada con preferencias antrópicas, lo que ha ocasionado selección artificial de algunos genes que codifican para la coloración y diseño del pelaje (Pardo, Morales, & Cavadía, 2014; Montes-Díaz, Barrios, & Pardo-Pérez, 2015; Pardo, Causil, & Rodríguez, 2015); Pardo, Montes, & Cardales, 2016; Causil-Vargas, Pardo-Pérez, & Herrera-Benavides, 2017; Pardo Pérez, Causil Vargas, & Muñoz Mass, 2017).

La distribución de poblaciones de gatos domésticos en todo el mundo, estaría relacionada con las distintas movilizaciones antrópicas, lo que se conoce como hipótesis de migración histórica (Ruiz-García & Álvarez, 2003). Por tal motivo Santa Marta se convierte en una población estratégica para realizar este tipo de estudios; puesto que ha sido escenario de muchos eventos migratorios; como por ejemplo la migración árabe, entrando por Puerto Colombia a partir de la primera mitad del siglo XIX ubicándose especialmente en la Costa Norte del país (Barranquilla, Cartagena, Santa Marta, Montería, Sincelejo y Maicao) y poco a poco comenzaron a penetrar el interior del país (Wabgou, Vargas, & Carabalí, 2012). Se podría pensar que estas grandes movilizaciones antrópicas habrían podido afectar la dinámica genético-poblacional de gatos domésticos (*Felis catus*), por eso el objetivo de este estudio fue analizar la estructura genética de la población de gatos domésticos (*Felis catus*), usando marcadores del pelaje.

Metodología

El estudio se realizó en Santa Marta. Se escogieron aleatoriamente seis barrios: Mamatoco (11°13' 38.878" Latitud norte y 74°10'29.488" de longitud oeste) (MAM), Pescaíto (11°15' 8.66" Longitud norte y 74°12'24.936" de longitud oeste), Almendros (11°14' 26.796" Latitud norte y 74°10'54.728" de longitud oeste), El Parque (11°13' 1.079" Longitud norte y 74°11'10.971" de longitud oeste), Villa Elí (11°13' 10.217" Longitud norte y 74°11'31.445" de longitud oeste) y Concepción (11°13' 6.913" longitud norte y 74°10'58.753" de longitud oeste).

Obtención de datos

Durante los meses comprendidos entre Mayo y Junio del 2016, se realizaron muestreos en Santa Marta, mediante excursiones urbanas, de casa en casa, mediante observación directa y con ayuda de registros

fotográficos ,se hizo una clasificación fenotípica de cada uno de los individuos adultos encontrados, 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) como se muestra en la figura 1,y el marcador Orange(O) ligado al sexo que se expresa de forma homocigota o heterocigota (figura 2). De igual forma se realizó una encuesta sobre el sexo de los gatos (aunque no todos pudieron ser sexados), edad, raza y preferencias antrópicas; se eliminaron todos aquellos registros de individuos de los cuales no había seguridad de que no habían sido observados previamente; se construyó una base de datos y los resultados fueron analizados con diferentes estadísticos



Figura 1
Marcadores autosómicos
Autores

A). Agouti, responsable de pelos amarillos en la base y puntas negras o grises en la parte ventral y su forma recesiva es el Non Agouti (B). El marcador Tabby es gobernado por una serie alélica y es responsable de dibujos en el cuerpo. Manchas blancas en todo el cuerpo (D), sobre todo en abdomen, son causa de la expresión del marcador Manchado de blanco, quien es responsable que la pigmentación no sea uniforme.



Figura 2
Distintas formas de expresión del marcador ligado al sexo Orange
Autores

En Figura 2. A). Forma homocigota (O/O); tanto machos como hembras pueden expresar el fenotipo. B). Forma heterocigota (O/o) tipo Tortoiseshell, una de las dos expresiones fenotípicas de ese marcador, solo las hembras lo portan. C). Forma heterocigota (O/o) tipo Calico, expresión de tres colores en el manto (naranja, negro y blanco) cambiándose el negro por el gris (D); solo las hembras lo portan.

Diseño estadístico

Para poder hacer el estudio de la estructura genética de la población de gatos domésticos se calcularon los siguientes índices genético-poblacionales: frecuencias alélicas; la estimación de las frecuencias alélicas autosómicas recesivas (q) de cada marcador a nivel poblacional y global fueron estimadas por la raíz cuadrada de las frecuencias fenotípicas; mientras que las frecuencias alélicas dominantes (p) fueron calculadas como $1-q$, siguiendo el modelo propuesto por Ruiz-García & Álvarez, (2003). La frecuencia del alelo del marcador Orange fue calculada con el método de máxima verosimilitud (Robinson, 1987), suponiendo una relación de sexos de 1:1. De esta manera $p(O) = (2a + b) / (2N)$, donde a = número de gatos Orange (O/O y O/), b = número de hembras heterocigotas (O/o) y N = tamaño de la muestra para ese marcador (Ruiz-García & Álvarez, 2003).

El equilibrio Hardy-Weinberg fue probado mediante un chi-cuadrado; la distancia genética entre las poblaciones, el índice de diversidad genética correspondientes a la heterocigosidad esperada (H_e) y las distancias genéticas fueron calculadas siguiendo el modelo de las distancias genéticas (Nei, 1972). El coeficiente de diferenciación genética (G_{ST}) y flujo génico (N_m) se estimaron a través del programa PopGene 1.31 propuesto por Yeh, Yang, & Boyle, (1999) los índices de fijación F_{IS} , F_{IT} y F_{ST} , se calcularon mediante el programa FSTAT v. 2.9.3.2 propuesto por Goudet (2001).

Análisis

Las frecuencias alélicas para los marcadores de la población de Santa Marta (Tabla 1), que evidenciaron mayor frecuencia fueron Non-agouti ($a = 0,582$) y Manchado de blanco ($S = 0,577$), y el marcador menos frecuente fue Dominante blanco ($W = 0,017$), de igual forma la ausencia de los marcadores Blotched tabby, en los barrios Concepción, Pescaito y Mamatoco, Dilution en los barrios Los Almendros y Mamatoco, y Dominante blanco en los barrios El Parque, Los Almendros, Concepción y Mamatoco.

En cada una de los marcadores estudiados de Santa Marta, el nivel medio diversidad genética total (Tabla 2), fue relativamente alto ($H_T = 0,358$), siendo los marcadores Orange ($H_T = 0,483$) y Manchado de blanco ($H_T = 0,491$) los que mostraron mayor diversidad; el marcador, Dominante blanco, evidenció el menor índice de diversidad genética.

($HT=0,190$). Santa Marta mostró una baja diferenciación genética entre las subpoblaciones ($DST=0,036$).

Por otra parte el 11 % de la variación detectada se debe a diferencias entre las subpoblaciones; el valor de flujo génico permite suponer que las subpoblaciones mantienen un grado de intercambio genético, asumiéndose un total de aproximadamente 4 migrantes por generación, además la cifra obtenida resultó ser mayor que 3 hecho que confirma que las subpoblaciones se comportan como una sola, por lo que los resultados hacen suponer que Santa Marta debe estudiarse como una metapoblación y no como el resultado de una subestructuración poblacional.

Tabla 1
Perfiles genéticos de los gatos muestreados

<i>Locus</i>								
Barrios	<i>N</i>	<i>O</i>	<i>a</i>	<i>Tb</i>	<i>D</i>	<i>L</i>	<i>S</i>	<i>W</i>
Los Almendros	18	0,647	0,527	0,516	0	0,028	0,667	0
El Parque	18	0,458	0,667	0,267	0,408	0,184	0,605	0
Concepción	12	0,25	0,707	0	0,577	0,087	0,5	0
Pescaito	16	0,333	0,75	0	0,25	0,317	0,533	0,065
Mamatoco	16	0,294	0,707	0	0	0,25	0,593	0
Vila Eli	11	0,458	0,674	0,354	0,522	0,397	0,5	0,047
Santa Marta	91	0,418	0,582	0,333	0,348	0,190	0,577	0,017

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

Autores

Tabla 2

Distribución de la diversidad genética en 7 marcadores morfológicos en gatos de Santa Marta

Marcadores	H_T	H_S	D_{ST}	G_{ST}	Nm
Orange	0,483	0,447	0,035	0,073	6,348
Agutí	0,441	0,431	0,010	0,022	21,843
Tabby	0,307	0,225	0,083	0,269	1,362
Dilution	0,414	0,308	0,107	0,258	1,441
Long. Pelo	0,332	0,300	0,032	0,097	4,647
Manchado de blanco	0,491	0,484	0,007	0,015	32,652
Dominante blanco	0,036	0,035	0,001	0,039	12,244
Media	0,358	0,318	0,039	0,110	4,046

H_T: diversidad genética total, H_S: promedio de diversidad genética dentro de grupos, D_{ST}: diversidad genética entre las poblaciones, G_{ST}: coeficiente de diferenciación genética y Nm: número de migrantes.

Autores

Equilibrio de Hardy-Weinberg: Con relación al test de equilibrio Hardy-Weinberg (Tabla 3), a nivel global la población de Santa Marta evidencio ausencia de equilibrio para los marcadores Orange y Manchado de Blanco.

Tabla 3

Análisis de equilibrio Hardy – Weinberg en los locus Orange y Manchado de Blanco

	Santa Marta (p-valor)	ALM	EPA	CON	PES	MAM	ELI
<i>Orange</i>	0,005	0,288	0,019	0,367	0,663	0,992	0,307
<i>Manchado de Blanco</i>	0,049	0,105	0,014	0,513	0,199	0,933	0,321

COM: Comfamiliar 2000; OLI: Los Olivos; LIB: El Libertador; ROP: Rojas Pinillas; JAG: José Antonio Galán; NFA: Nuevo Faro; ALM: Almendros; EPA: El Parque; CON: Concepción; PES: Pescaito; MAM: Mamatoco; ELI: Villa Elí.

Autores

En Santa Marta, los valores negativos en cada marcador y en promedio para el estadístico FIS (Tabla 4) 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 -0,0336 para el marcador Manchado de blanco y -0,3857 para el gen Orange.

Con relación al estadístico FIT, en promedio se obtuvo un exceso de heterocigotos de los individuos con respecto a la población total, abarcando valores de -0,0090 a -0,2846 para los marcadores Tabby Blotched y Orange respectivamente.

La distancia genética entre las subpoblaciones de Santa Marta mostró a Pescaito y Mamatoco como las poblaciones más cercanas (Tabla 5), mientras Almendros y Pescaito, evidenciaron ser las de mayor diferencia génica.

Tabla 4

Valores de los estadísticos F para cada marcador en la población de Santa Marta

Marcadores	F _{IT}	F _{ST}	F _{IS}
O	-0,2846	0,0730	-0,3857
a	-0,0889	0,0224	-0,1138
Tb	-0,0090	0,2686	-0,3796
d	0,0827	0,2577	-0,2356
l	-0,0532	0,0971	-0,1665
s	-0,0180	0,0151	-0,0336
W	-0,1003	0,0392	-0,1452
Promedio	-0,0618	0,1223	-0,2192

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

Autores

Tabla 5

Matriz de distancia genética (Nei, 1972) de los barrios de Santa Marta.

Población	1	2	3	4	5	6
1	-----					
2	0,066	-----				
3	0,177	0,033	-----			
4	0,126	0,032	0,036	-----		
5	0,097	0,053	0,074	0,014	-----	
6	0,116	0,018	0,055	0,050	0,094	-----

1: Almendros; 2: El Parque; 3: Concepción; 4: Pescaito; 5: Mamatoco; 6: Villa Elí

Autores

En el dendograma UPGMA elaborado a partir de los valores de distancia genética de Nei ,1972 para las seis subpoblaciones de Santa Marta (Figura 3), se evidencia la similitud genética entre las poblaciones de El Parque y Villa Elí a las cuales se asocia la población de Concepción, hubo correspondencia entre las distancias genéticas y la época de urbanización, agrupándose las tres subpoblaciones recientes en un solo clado, igualmente las poblaciones Pescaito y Mamatoco forman otra asociación.

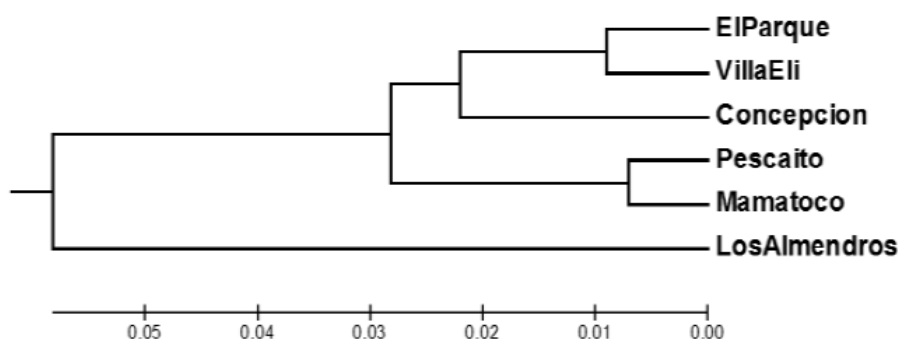


Figura 3
Dendograma construido con el método UPGMA basado en la distancia genética de Nei (1972) de poblaciones de *Felis catus* de Santa Marta
Autores

Discusión

La elevada frecuencia del gen Manchado de blanco encontrada en este estudio, podría estar relacionada con diversos factores como: el continuo y rápido crecimiento poblacional de gatos domésticos, lo cual incrementa considerablemente el flujo genético, aumentando así los niveles de panmixia (Pardo, Morales, & Cavadia, 2014; (Peña-Cruz et al., 2015) factores ambientales como las altas temperaturas podrían favorecer tanto la presencia como el aumento de individuos portadores de dicho gen.

La alta frecuencia del marcadores Non-agouti y Dilution podría estar fundamenta en el hecho de que las alternativas alélicas que posibilitan coloraciones más melánicas se verían favorecidas en el medio urbano (Ruiz-García & Álvarez, 2003) . Este aumento de la concentración de gatos en el medio urbano pudo seleccionar a individuos que tienden a ser más sociables con otros congéneres y podrían tolerar altas densidades poblacionales y adaptarse a una mayor injerencia humana en sus vidas.

Por otra parte hay una se ha encontrado una correlación entre mutantes del color del pelaje (a, “non-agouti”; d, “dilution”) ciertos rasgos del comportamiento, especialmente, relacionados con la agresividad y ciertas funciones adrenales. En estudios anteriores los mutantes recesivos aa (negros) mostraron un cociente, peso glándula adrenal/peso del cuerpo, menor y, además, se estableció la existencia de alteraciones en precursores comunes en la síntesis de las melaninas y de las adrenalinas; este hecho afectaría a la distribución de individuos negros, pues son menos

temerosos y más resistentes al estrés, con respecto a su coexistencia con otras poblaciones, incluyendo a los humanos; con respecto a los de coloración silvestre; en concordancia con otras investigaciones (Hart, Hart, & Lyons, 2013; Stelow, Bain, & Kass, 2016), es posible que los animales con coloraciones oscuras produzcan menos adrenalina y otros neurotransmisores y por lo tanto, sean menos agresivos y temerosos, pudiendo acomodarse más fácilmente a una mayor presión demográfica. El cambio registrado en las frecuencias alélicas, durante los últimos siglos, en las poblaciones de gatos del caribe podría responder a este criterio selectivo.

La frecuencia del alelo W, fue la más baja en todas las poblaciones y a nivel global, este hecho podría ser atribuido a efectos pleiotrópicos sobre la audición (Strain, 2015), lo cual podría causar complicaciones en los individuos, colocándolos en desventaja selectiva, frente a los que no portan el gen, estos hechos podrían ocasionarles la muerte a una edad temprana, disminuyendo notablemente el número de animales que portan este gen, por consiguiente su frecuencia alélica.

La presencia de todos los marcadores estudiados en la población de gatos domésticos de Santa Marta, demuestra la gran variedad de genes disponibles en la zona, situación que se podría explicar, puesto que es sitio de llegada de muchos inmigrantes provenientes de muchas partes del mundo, lo que pudo haber influido de forma directa para un constante flujo génico.

El grado de flujo génico, permite inferir que las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente y cada una se comporta como una metapoblación, puesto que si N_m es mayor que 1, las deriva génica es despreciable y el flujo génico hace que todas poblaciones evolucionen de manera cohesiva como un conjunto, situación a la cual se atribuye la aproximación de todas las poblaciones desde el punto de vista estructural (Pardo, Morales, & Cavada, 2014).

La desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg para los alelos O (Orange) y S (Spotting White) puede obedecer a diversas causas, factores evolutivos como la selección artificial, pues los humanos tienen predilección por cierto tipo de carácter en los gatos, lo que ha favorecido algunas características fenotípicas más que a otras. Otro aspecto que podría afectar esta desviación es la cercanía geográfica entre las subpoblaciones estudiadas, 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 poblaciones (Pacheco, Arias, Ojeda, & Romero, 2014) hecho que se evidenció en el dendrograma UPGMA elaborado a partir de los valores de distancia genética para las poblaciones de Santa Marta, mostró una asociación por una posible cercanía geográfica en sus poblaciones.

Conclusiones

Los marcadores con la mayor frecuencia fueron Non-agouti y Dilution debido a que podría estar siendo favorecido por selección natural; las

preferencias antrópicas por cuestiones estéticas, evidencian una posible selección artificial para el marcador Manchado de blanco, puesto que sus rasgos morfológicos son preferidas frente a otros individuos que portan otros marcadores, de tal manera que sus frecuencias fueron aumentando progresivamente.

La presencia de todos los genes estudiados en la población de gatos de Santa Marta, muestra la gran variedad de genes disponibles en la zona. La diversidad genética total encontrada en Santa Marta fue moderada, la mayor parte de la diversidad génica se encontró dentro de las poblaciones y poca entre las poblaciones, hecho que evidencia que las poblaciones locales comparten una gran proporción de la diversidad total, razón por la cual se comportan como una sola población. Se encontró además, ausencia del equilibrio de Hardy-Weinberg para los alelos O (Orange) y S (Manchado de blanco), esta desviación podría estar relacionada con una posible selección natural y artificial

Referencias

- Causil-Vargas, L. A., Pardo-Pérez, E., & Herrera-Benavides, Y. M. (2017). Evaluación de la genética del gato doméstico (*Felis catus*) mediante genes del pelaje en Sahagún, Córdoba, Colombia. *Revista Tecnología en Marcha*, 29(4), 57-66.
- Gandolfi, B., Alhaddad, H., Affolter, V. K., Brockman, J., Haggstrom, J., Joslin, S. E., Warren, W. C. (2013). To the root of the curl: a signature of a recent selective sweep identifies a mutation that defines the Cornish Rex cat breed. *PLoS One*, 8(6), e67105.
- Goudet, J. (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3.2). Updated from Goudet (1995): FSTAT.
- Hart, B. L., Hart, L. A., & Lyons, L. A. (2013). *The Domestic Cat: The Biology of its Behaviour*. Paper presented at the Cambridge University Press.
- Martinez-Cruz, B. (2011). Conservation genetics of Iberian raptors. *Animal Biodiversity and Conservation*, 34(2), 341-353.
- Montes-Díaz, Y., Barrios, Y. C., & Pardo-Pérez, E. (2015). 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*, 39(153), 503-513.
- Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *American naturalist*, 283-292.
- Pacheco, E., Arias, D., Ojeda, Z., & Romero, H. (2014). Diversidad y estructura genética de accesiones de palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq.) provenientes de Camerún. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 16(2), 57-67.
- Pardo, E., Causil, L., & Rodríguez, A. (2015). Estudio de la diversidad genética de gato doméstico (*Felis catus*) mediante genes asociados al color del pelaje en Lorica-Córdoba, Colombia. *Arch. Zootec*, 64, 389-395.
- Pardo, E., Montes, Y., & Cardales, Y. (2016). Variabilidad Genética del Gato Doméstico (*Felis catus*) Magangué, Bolívar, Colombia. 2016, 27(2), 11. doi: 10.15381/rivep.v27i2.11661

- Pardo, E., Morales, J., & Cavadia, T. (2014). Estudio de la diversidad genética de la población de gato doméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia. *Bistua revista de la facultad de ciencias basicas*, 12(2), 35-47.
- Pardo Pérez, E., Causil Vargas, L. A., & Muñoz Mass, B. L. (2017). Perfil Genético de la Población de Gatos (*Felis catus*) en Riohacha, La Guajira, Mediante Genes de Pelaje. 13(2), 5. doi: 10.18359/rfcb.2750
- Peña-Cruz, A. F., Arango, S. S., Montoya, A. P., Bedoya, M., Ortiz, A. R., Vasquez, J. O., ... GUZMÁN, A. (2015). Análisis genético de la población de gatos del norte y sur de Cali, Colombia. *Acta Biológica Colombiana*, 20(1), 109-116.
- Peñuela, M., Pardo, E., García, V. H., & Cárdenas, H. (2016). Coat genetic markers of the domestic cat *Felis catus* (Felidae) from southwestern Colombia. *Revista MVZ Córdoba*, 21(2), 5390-5403.
- Robinson, R. (1987). Mutant gene frequencies in cats of the Greater London area. *Theoretical and Applied Genetics*, 74(5), 579-583.
- Ruiz, R. M., Ramírez, N. N., Alegre, A. E., Bastiani, C. E., & De Biasio, M. B. (2015). Detección de leishmania (*viannia*) *braziliensis* en gato doméstico de corrientes, argentina, por técnicas de biología molecular. *Revista Veterinaria*, 26(2), 147-150.
- Ruiz-Garcia, M., & Alvarez, D. (2003). 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. Mexicana*, 89, 261-286.
- Stelow, E. A., Bain, M. J., & Kass, P. H. (2016). The relationship between coat color and aggressive behaviors in the domestic cat. *Journal of applied animal welfare science*, 19(1), 1-15.
- Wabgou, M., Vargas, D., & Carabalí, J. A. (2012). Las Migraciones Internacionales en Colombia. *Investigación y Desarrollo*, 20(1).
- Vergel Ortega, M., Martínez Lozano, J., & Zafra Trisancho, S. (2016). Cultivo de cebolla y su comportamiento en la provincia de ocaña. *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 10(2), 333-344. doi:<https://doi.org/10.17584/rcch.2016v10i2.5070>
- Yeh, F., Yang, R., & Boyle, T. (1999). Microsoft Windows-based freeware for population genetic analysis. Release 1(31). University of Alberta, Edmonton.