

## PERFIL GENÉTICO DE LA POBLACIÓN DE GATOS (*Felis catus*) EN RIOHACHA, LA GUAJIRA, MEDIANTE GENES DE PELAJE

### GENETIC PROFILE OF THE POPULATION OF CATS (*Felis catus*) IN RIOHACHA, LA GUAJIRA, BY GENE COAT

Enrique PARDO PÉREZ<sup>1</sup>, Luis A. CAUSIL VARGAS<sup>1</sup>, Bertha L. MUÑOZ MASS<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Córdoba, Colombia.

\*Autor Corresponsal. E-mail: [epardop@correo.unicordoba.edu.co](mailto:epardop@correo.unicordoba.edu.co)

#### Historia del Artículo

Recibido: Julio 21, 2016

Evaluado: Enero 07, 2016

Aceptado: Enero 20, 2017

Disponible: Febrero 09, 2017

#### Resumen |

En el gato doméstico (*Felis catus*), la presencia de genes que codifican la coloración, el diseño y la longitud del pelaje, que se caracterizan por su herencia mendeliana y su fácil identificación fenotípica. Además su comportamiento reproductor no está controlado por el hombre, al igual que su vertiginoso incremento demográfico y su distribución casi mundial, ha convertido al gato doméstico, en una especie útil para la genética de poblaciones. El objetivo fue evaluar el perfil genético de las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) mediante genes del pelaje en Riohacha, La Guajira. Se efectuaron muestreos aleatorios de julio a septiembre del año 2015, en 267 animales adultos de seis barrios de Riohacha, utilizando marcadores de pelaje, cada animal se caracterizó fenotípicamente atendiendo a los marcadores de codificación morfológica: el locus ligado al sexo *Orange* (O) y los loci autosómicos *Non-agouti* (a), *Tabby blotched* (Tb), *Dilution* (d), *Pelo largo* (l) *Manchado de blanco* (S) y *Dominante blanco* (W). El marcador *Non-agouti* mostró la mayor frecuencia mientras los genes: *Dominante blanco* y *pelo largo* exhibió el valor más bajo. Se obtuvieron bajos valores de variabilidad genética a nivel global y poblacional. Así mismo, se obtuvo una escasa diferenciación genética entre poblaciones, acompañado de 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*. Se logró establecer que las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente.

**Palabras Clave:** *Felis catus*, Perfil genético, genes de pelaje.

#### Abstract |

In the domestic cat (*Felis catus*), the presence of genes that encode the coloration, the design and the length of the fur, which are characterized by their Mendelian heritage and easy phenotypic identification. In addition their reproductive behavior is not controlled by the man, its vertiginous demographic increase, as well as its almost worldwide distribution, has turned the domestic cat into a species useful for population genetics. The objective was to assess the genetic profile of the population of domestic cats (*Felis catus*) by coat genes in Riohacha, La Guajira. Random samplings were conducted from July to September 2015 in 267 adult animals present in six neighborhoods of Riohacha, using coat markers, each animal is characterized phenotypically basis of morphological markers coding: *Orange* (O), sex-linked locus, autosomal loci *Non-agouti* (a), *Blotched tabby* (Tb), *Dilution* (d), *Long hair* (l) *White spotting* (S) and *Dominant white* (W). *Non-agouti* marker showed the highest frequency while genes *Dominant white* and *Long hair* exhibited the lowest values. Low values of genetic variability were obtained 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 populations and population level and absence of Hardy-Weinberg equilibrium respect to markers *Orange* and *White spotting*. It was established that the populations are much related genetically.

**Keywords:** *Felis catus*, Genetic profile, gene coat.

#### INTRODUCCIÓN |

Los gatos domésticos (*Felis catus*) tienen una larga asociación con los seres humanos y en diversas formas han

acompañado a los seres humanos durante milenios (Driscoll et al., 2007). Estudios genéticos sugieren que el gato doméstico (*Felis catus*), es descendiente del gato montés arábigo *Felis silvestris lybica* (Driscoll et al., 2007), con una

domesticación que tuvo lugar hace aproximadamente entre 8000 a 10000 años atrás (Driscoll *et al.*, 2007; O'Brien y Johnson 2007). Los seres humanos por este tiempo, además domesticaron una gran variedad de plantas como la cebada y el trigo (O'Brien y Johnson, 2007), lo cual proporcionó una fuente importante de alimentos, tanto en el tiempo como en el espacio, así, inadvertidamente los seres humanos favorecieron las condiciones para el progreso de especies tales como ratones y ratas y sus depredadores naturales los gatos que se alimentan de ellos (O'Brien y Johnson 2007; Driscoll *et al.*, 2009).

La primera evidencia inequívoca de la domesticación de los gatos proviene de las pinturas Egipcias hace casi 3600 años (Driscoll *et al.*, 2009). Estas pinturas representan los gatos, a veces libres o amarrados, comiendo en vasijas y sentados en sillas (Serpell, 2000). Estas pinturas son tan prolíficas que es evidente que los gatos se había convertido en un miembro familiar de los hogares egipcios por este tiempo (Driscoll *et al.*, 2009).

Hace 2500 años, buques navegaban y transportaban granos con frecuencia desde Alejandría a destinos en todo el Imperio Romano. Estos barcos llevaban gatos domésticos para controlar los ratones a bordo, así como en el país de destino, con lo que los gatos domésticos pudieron establecer poblaciones en las ciudades portuarias de toda Europa (Driscoll *et al.*, 2009). Así como los romanos expandieron su imperio, hace unos 2000 años, de esa manera los gatos domésticos fueron con ellos (Driscoll *et al.*, 2009). Luego, los colonos europeos introdujeron activamente los gatos domésticos para el resto del mundo (Coleman *et al.*, 1997),

Los marcadores del pelaje en gatos domésticos (*Felis catus*) han llegado a convertirse en un elemento muy necesarios para el estudio de la genética de poblaciones, por presentar diferentes tipos de herencia e interacciones genéticas tales como epístasis y dominancia incompleta. Sin embargo, no existe ningún tipo de información sobre el perfil genético estimado a partir de marcadores fenotípicos en poblaciones de gato doméstico en esta ciudad, por tal motivo el objetivo de este estudio fue determinar el perfil genético de las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) mediante genes del pelaje en Riohacha, La Guajira.

## MATERIALES Y MÉTODOS |

### Área de estudio.

La recolección de datos se realizó en barrios de zonas urbanas del municipio de Riohacha, La Guajira-Colombia, ubicados a 11° 32' 39" latitud Norte, 72° 54' 25" longitud Oeste y una altura de 7 metros sobre el nivel del mar.

### Recolección de datos.

Se realizaron muestreos mediante excursiones urbanas y observación directa en los barrios de Riohacha: José Antonio Galán, el Libertador, Rojas Pinillas, Nuevo Faro,

Comfamiliar 2000 y Los Olivos, en el cual se efectuó una categorización fenotípica de cada uno de los individuos adultos encontrados (n=267), cada ruta se utilizó sólo una vez, a fin de evitar el remuestreo, atendiendo a la presencia o ausencia del locus ligado al sexo *Orange* (O) y los loci autosómicos *Non-agouti*(a), *Tabby blotched* (Tb), *Dilution* (d), *Pelo largo* (l) *Manchado de blanco* (S) y *Dominante blanco* (W). (Tabla 1), además se tomaron registros fotográficos de cada individuo.

### Variabes de estudio.

Para el estudio del perfil genético de las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) se tuvieron en cuenta marcadores fenotípicos (Tabla 1) propuestos por el Committee on Standardized Genetic Nomenclature for Cats (1968): O (*Orange*: Carácter ligado al sexo) y los loci autosómicos, A (A, a; *agouti* vs. *non-agouti*), T (Ta, t+, tb; *Abyssinian tabby* vs. *mackerel* vs. *Blotched tabby*), D (D, d; *full color* vs. *dilution*), L (L, l; *pelo corto* vs. *pelo largo*), S (s, S; *no manchado de blanco* vs. *manchado de blanco*) y W (w, W; *color normal* vs. *Dominante blanco*).

Tabla 1. Descripción de los loci estudiados, modificado a partir de Ruiz-García (1994).

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

O: Orange; a: Non-agouti; Tb: Blotched tabby; d: Dilution; l: Long hair; s: Spotting White; W: Dominant White.

### Análisis poblacional.

La estimación de las frecuencias alélicas, la diversidad genética, el flujo génico, el equilibrio Hardy-Weinberg y la distancia genética, se estimaron a través del programa PopGene 1.31 (Yeh *et al.*, 1999), la estructura genética mediante el programa FSTAT y los dendogramas empleando el programa MEGA 5.2 (Tamura *et al.*, 2011).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN |

### Frecuencias alélicas

Se muestrearon un total de 267 individuos. Al estimar las frecuencias alélicas para cada población (Tabla 2), se encontró que el gen *Non-agouti* fue el más frecuente, principalmente en las poblaciones de Nuevo Faro ( $q= 0. 882$ ) y Rojas Pinilla ( $q= 0. 725$ ). Por su parte, el marcador dominante blanco, responsable de la capa blanca, no se registró en ninguna de las poblaciones, siendo este el marcador menos frecuente en la población de Riohacha. También los marcadores *pele largo* y *Tabby blotched* mostraron bajas frecuencias, tanto a nivel poblacional, como a nivel global (Tabla 2). Señalar además que la frecuencia del gen *Orange*, fue alta ( $p= 0,423$ ) comparada con las reportadas en otras poblaciones (Ruiz-García y Álvarez, 1999, 2003, 2008; Ruiz-García et al., 2005).

**Tabla 2.** Frecuencias alélicas de las poblaciones de *Felis catus* analizadas en Riohacha.

	N	O	Alelos					W
			a	Tb	d	l	S	
Comfamiliar 2000	38	0,222	0,707	0,535	0,354	0	0,438	0
Los Olivos	53	0,500	0,603	0,365	0,361	0,022	0,522	0
Libertador	42	0,500	0,645	0,378	0,500	0,043	0,850	0
Rojas Pinilla	50	0,194	0,725	0,426	0,500	0,163	0,475	0
José Antonio Galán	45	0,733	0,447	0,289	0,756	0,225	0,367	0
Nuevo Faro	39	0,389	0,882	0,354	0,471	0,184	0,389	0
Media	26	0,42	0,66	0,391	0	0,106	0,506	0

N: Tamaño poblacional O: *Orange*; a: *Non-agouti*; Tb: *Tabby blotched*; d: *Dilution*; l: *Pele largo*; S: *Manchado de blanco* y W: *Dominante blanco*.

### Diferenciación y flujo génico

En cada una de los marcadores estudiados, el nivel medio diversidad genética total (Tabla 3) fue alta ( $H_T= 0,433$ ) y la diferenciación genética baja entre las poblaciones ( $D_{ST}= 0,036$ ). El coeficiente de diferenciación genética en Riohacha fue bajo indicando que aproximadamente el 8,3% de la variación detectada se debe a diferencias entre las poblaciones estudiadas, lo cual muestra que las poblaciones no fueron significativamente diferentes para los marcadores estudiados y sugiere que todas se comportan como una sola población. De igual forma, el alto valor de flujo génico confirma que las poblaciones mantienen un elevado intercambio genético.

### Estructura poblacional

Los valores negativos para la gran mayoría de marcadores y a nivel promedio para los estadísticos  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$  (Tabla 4) demuestran exceso de heterocigotos de los individuos respecto a cada población y de los individuos respecto a la población total, lo cual permite suponer ausencia de consanguinidad, Por otro lado el valor promedio

de  $F_{ST}$  resultó ser bajo, lo cual indica escasa diferenciación génica entre las poblaciones.

**Tabla 3.** Distribución de la diversidad genética de la población de *Felis catus* de Riohacha.

Marcadores	$H_T$	$H_S$	$G_{ST}$	$D_{ST}$	Nm
<i>Orange</i>	0,488	0,421	0,138	0,067	3,127
<i>Aguti</i>	0,443	0,409	0,078	0,035	5,890
<i>Tabby</i>	0,476	0,465	0,024	0,012	20,169
<i>Dilution</i>	0,500	0,464	0,071	0,035	6,541
<i>Long. Pelo</i>	0,190	0,174	0,081	0,015	5,705
<i>Manchado de blanco</i>	0,500	0,447	0,105	0,052	4,265
<b>Media</b>	<b>0,433</b>	<b>0,397</b>	<b>0,083</b>	<b>0,036</b>	<b>5,492</b>

$H_T$ : 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.

**Tabla 4.** Valores de los estadísticos F para cada marcador en la población de Riohacha.

Marcadores	$F_{IT}$	$F_{ST}$	$F_{IS}$
<i>Orange</i>	0,1397	0,1378	0,0021
<i>Aguti</i>	-0,0377	0,0783	-0,1258
<i>Tabby</i>	-0,1128	0,0242	-0,1404
<i>Dilution</i>	-0,0204	0,0710	-0,0984
<i>Long Pelo</i>	-0,0541	0,0806	-0,1465
<i>Manchado de blanco</i>	-0,2002	0,1049	-0,3409
<b>Promedio</b>	<b>-0,0476</b>	<b>0,0828</b>	<b>-0,1416</b>

### Equilibrio de Hardy-Weinberg

Con relación al test de equilibrio Hardy-Weinberg (Tabla 5), a nivel global la población de Riohacha mostró ausencia de equilibrio para los marcadores *Orange* y *Manchado de Blanco*.

**Tabla 5.** Equilibrio Hardy-Weinberg mediante la Prueba de bondad de ajuste de chi-cuadrado.

Población	Locus	$\chi^2$	Grados de libertad	P-valor
Riohacha	<i>Orange</i>	10,941	1	0,003149
	<i>Manchado de Blanco</i>	18,712	1	0,006860

### Distancia Genética

La distancia genética entre las subpoblaciones de Riohacha mostró a Comfamiliar 2000 y Rojas Pinillas como las poblaciones más cercanas (Tabla 6), mientras Comfamiliar 2000 y José Antonio Galán resultaron ser las de mayor diferencia genética, pero con valores poco significativos, pues estos no superan el 10 %.4.

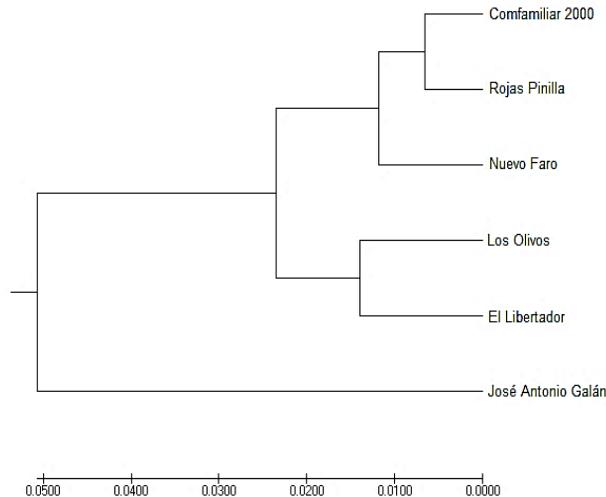
**Tabla 6.** Matriz de distancia genética de Nei de los barrios de Riohacha.

Población	1	2	3	4	5	6
1	---					
2	0,027	---				
3	0,065	0,028	---			
4	0,013	0,034	0,057	---		
5	0,109	0,070	0,098	0,109	---	
6	0,030	0,032	0,067	0,017	0,091	---

1: Comfamiliar 2000; 2: Los Olivos; 3: El Libertador; 4: Rojas Pinillas; 5: José Antonio Galán; 6: Nuevo Faro.

En el dendograma UPGMA elaborado a partir de los valores de distancia genética de Nei (1972) para las seis

poblaciones de Riohacha (Fig. 1), revela la similitud genética entre las poblaciones de Comfamiliar 2000, Rojas Pinillas y Nuevo Faro, asimismo la población José Antonio Galán es la más alejada, pero con un valor de distancia poco significativo, que permite deducir que las poblaciones en conjunto están muy relacionadas.



**Figura 1.** Dendrograma construido con el método UPGMA basado en la distancia genética de Nei (1972) de poblaciones de *Felis catus* de Riohacha.

La ausencia del marcador *Dominante blanco* en la presente investigación es un resultado equivalente a lo reportado en análisis ejecutados en otras poblaciones colombianas (Ruiz-García y Álvarez. 1999), lo cual puede reflejar la cantidad de intromisión humana en las poblaciones de gatos, lo que llevaría a revelar en la presente investigación una injerencia mayor. No obstante, el hecho que la frecuencia del alelo *Dominante blanco* sea muy baja o no se encuentre en todos los estudios, puede deberse 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.

De otro lado, la frecuencia elevada del marcador *Non-agouti* podría estar relacionado con los beneficios que el gen reporta a los individuos que lo portan en ambientes urbanos, cuyas densidades poblacionales son altas (Rosenfeld, 2010), pues estos tienden a ser más sociables con otros congéneres y así poder compenetrarse y adaptarse a una mayor intromisión humana en sus vidas; lo que permite presumir que los gatos que llevan este gen, están mejor adaptados a las condiciones predominantes de estos sitios, que aquellos que no lo portan. Asimismo, predilecciones antrópicas evidencian una posible selección artificial, de tal manera que sus frecuencias fueron elevándose progresivamente (Ruiz-García y Álvarez. 1999).

La ausencia del equilibrio Hardy-Weinberg puede tener diferentes causas. Como los resultados muestran exceso de heterocigotos, podría en este caso señalar la existencia de una selección sobredominante o de migraciones en las poblaciones estudiadas. Otra posibilidad es la existencia de posible estructura genética por subdivisión, expresada como efecto Wahlund.

El alto grado de flujo génico detectado, permite deducir que las poblaciones son muy afines genéticamente y la cercanía geográfica y el desplazamiento de las personas que dispersan las crías, produce un elevado intercambio de genes entre las poblaciones de gatos, evitando con ello los eventos de endogamia al interior de las poblaciones (Pardo *et al.*, 2014) provocando por lo tanto un aumento de genotipos heterocigotos.

El exceso de heterocigotos obtenidos por los índices de fijación  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$  en cada una de las poblaciones estudiadas, revela que éstas muestran una distribución casi homogénea, hecho que pudiera ser atribuible a su proximidad geográfica, lo cual origina un aumento considerable del flujo genético existente entre las mismas.

Los bajos valores obtenidos para el estadístico  $F_{ST}$  muestran la escasa diferenciación génica existente entre las poblaciones analizadas, señalando que las localidades estudiadas se comportan como una metapoblación, situación a la cual se atribuye la aproximación de todas las poblaciones desde el punto de vista estructural.

El dendrograma UPGMA elaborado a partir de los valores de distancia genética de Nei (1972) muestra que Riohacha se comporta genéticamente como una sola, la cercanía genética resultante entre las poblaciones de Comfamiliar 2000 y Rojas Pinilla, coincide con lo mostrado por Lara *et al.*, (2003) en su trabajo con *Psychotria acuminata*, en donde reporta que la distancia genética resultó directamente proporcional a la geográfica, pues las poblaciones antes mencionadas mantienen una considerable cercanía geográfica, esta situación ocurre en igual medida para la población de Nuevo Faro, quien estuvo estrechamente relacionada con las poblaciones previamente descritas, asimismo, la población José Antonio Galán resultó ser la más alejada tanto genética como geográficamente, aunque dichos valores de distancia genética no superaron el 10%.

## AGRADECIMIENTOS |

Los autores expresan sus agradecimientos a la Universidad de Córdoba.

## REFERENCIAS |

- Coleman B J, Temple S A, Craven S R. 1997. Cats and wildlife: A conservation dilemma. Misc. Publications, USDA cooperative extension. University of Wisconsin.
- Committee on Standardized Genetic Nomenclature for Cats. 1968. Standardized genetic nomenclature for the domestic cat. Journal of Heredity, 59 (1): 39-40.

- Driscoll C A, Menotti-Raymond M, Roca A L, Hupe K, Johnson W E, Geffen E, Harley E H, Delibes M, Pontier D, Kitchener A C, Yamaguchi N, O'Brien S J, Macdonald D W. 2007. The near Eastern origin of cat domestication. *Science*, 317:519–523.
- Driscoll C A, Clutton-Brock J, Kitchener A C, O'Brien S J. 2009. The taming of the cat. *Scientific American*, 300:68–75.
- Lara A, Valverde R, Rocha O, Gómez L. 2003. Variabilidad y diferenciación genética en cuatro poblaciones de la planta medicinal *Psychotria acuminata* en Costa Rica. *Agronomía Costarricense*, 27(2):29-42.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, 106: 283-29.
- O'Brien S J, Johnson W E. 2007. The evolution of cats. *Scientific American* 297:68-75.
- 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 Básicas*, 12(2): 35-47.
- Rosenfeld C S. 2010. Animal models to study environmental epigenetics. *Biology of Reproduction*, 82: 473-488.
- Ruiz-García M, Álvarez D. 1999. 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*, 95: 143-168.
- Ruiz-García M, Álvarez 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 Zoológica Mexicana*, 89: 261-286.
- Ruiz-García M, Álvarez D, Shostell J M. 2005. 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*, 84: 147-171.
- Ruiz-García M, Álvarez D. 2008. Biogeographical population genetics perspective of the colonization of cats in Latin America and temporal genetic changes in Brazilian cat populations. *Genetics and Molecular Biology*, 31: 772-782.
- Serpell J A. 2000. Domestication and History of the Cat. Pages 179–192 in D. C. Turner and P. Bateson, editors. *The Domestic Cat: The Biology of Its Behaviour*. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom.
- Strain G. 2015. The genetics of deafness in domestic animals. *Frontiers in Veterinary Science*, 2: 29.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. 2011. MEGA 5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28 (10): 2731-2739.
- Yeh F C, Boyle T, Ye Z, Xiyang JM. 1999. POPGENE Version 1.31: Microsoft Windows-based freeware for population genetic analysis. University of Alberta and Center for International Forestry Research.