

Marcadores genéticos del pelaje del gato doméstico *Felis catus* (Felidae) en cuatro poblaciones de Colombia

Genetic markers of domestic cat *Felis catus* (Felidae) of four populations from Colombia

Bryan Steven Valencia-Marín¹*, Oscar Alexander Aguirre-Obando²

¹. Programa de Biología y Escuela de Investigación en Biomatemática, Universidad del Quindío.

². Escuela de Investigación en Biomatemática, Universidad del Quindío. Carrera 15, Calle 12 Norte. Armenia, Quindío, Colombia.

Recibido: Agosto 30 de 2018

Aceptado: Diciembre 15 de 2018

*Correspondencia del autor: Bryan Steven Valencia-Marín, E-mail: bsvalenciam@uqvirtual.edu.co



Resumen

Los marcadores genéticos del pelaje en *Felis catus* son utilizados como herramienta en estudios de genética de poblaciones debido a la facilidad para identificar patrones genéticos mendelianos y anomalías morfológicas. Aquí, se estimó la diversidad y estructura genética del pelaje en cuatro poblaciones de gatos de Colombia. Para esto, en el mes de abril del 2018, se realizaron observaciones directas y registros fotográficos aleatorios de los gatos presentes en las zonas urbanas de Armenia, Tebaida, Salento (Quindío) y Tuluá (Valle del Cauca). Por cada registro, se determinó la presencia/ausencia de los marcadores autosómicos para el pelaje *Orange* (O) *Non-Agouti* (a), *Dilution* (d), *Pelo largo* (l) *Piebaldismo* (S) y *Dominante blanco* (W) en gatos siguiendo la nomenclatura del *Committee Standardized Genetic Nomenclature For Cats*. Se calcularon los parámetros genéticos de frecuencia alélicas, diversidad genética, equilibrio Hardy Weinberg y distancia genética. En total se registraron 205 gatos, de estos, el pelaje *non-Agouti* (0,82) fue el de mayor frecuencia, mientras que los genes *Long hair* (0,26) y *Piebaldismo* (0,03) presentaron los valores más bajos. La mayor diversidad genética se detectó dentro de las poblaciones Armenia (0,3701) mientras que la menor en la población de Tebaida (0,3420). Se detectó un exceso de heterocigotos para el pelaje *Dilution*. No se encontró equilibrio Hardy-Weinberg para el gen *Orange* debido a la alta frecuencia del fenotipo *Non-Agouti*. Se concluye que la alta frecuencia de individuos con fenotipo *Non-Agouti* en las poblaciones puede ser debido a que este marcador se ve favorecido por las condiciones climáticas predominantes de la región y a la posible selección la selección artificial.

Palabras clave: Diversidad genética, Estructura genética, Marcadores moleculares para el pelaje, Perfil genético.

Abstract

Genetic markers are used as a tool in *Felis catus* population genetics studies due to the facility of identifying Mendelian genetic patterns and morphological abnormalities. Here, the diversity and genetic structure of the coat were estimated in four Colombian cats' populations. For this, in the month of April 2018, direct observations and random photographic records were made on cats observed in the urban areas of Armenia, Tebaida, Salento (Quindío department) and Tuluá (Valle del Cauca department). For each record, the presence/absence of the autosomal markers for the cat's coat: Orange (O) Non-Agouti (a), Dilution (d), Long hair (l) Piebaldism (S) and White dominant (W) was determined following the nomenclature of the Committee Standardized Genetic Nomenclature For Cats. The genetic parameters of allelic frequency, genetic diversity, Hardy Weinberg equilibrium and genetic distance were calculated. A total of 205 cats were registered, of these, the Non-Agouti coat marker (0,82) was the most frequent, while the Long hair (0,26) and Piebaldism (0,03) genes had the lowest values. The highest genetic diversity was found within the Armenian populations (0,3701) while the lowest was in the population of Tebaida (0,3420). An excess of heterozygotes was detected for the coat Dilution. No Hardy-Weinberg equilibrium was found for the Orange gene, due to the high frequency of the Non-Agouti phenotype. It is concluded that the high frequency of individuals with non-Agouti phenotype in the populations may be due to the fact that this marker has been favored by the predominant climatic conditions of the region and the possibility of selecting artificial selection.

Keywords: Genetic diversity, Genetic structure, Molecular markers of the coat, Genetic profile.

Introducción

El gato doméstico, *F. catus*, es un mamífero pequeño, principalmente carnívoro, de origen africano, asiático y europeo, el cual, ha tenido una larga asociación con los seres humanos (domesticación aproximadamente 10 mil años) (1). Actualmente, está distribuido mundialmente, debido a eventos migratorios humanos transcontinentales, evento conocido como hipótesis de migración histórica (2). En América, esta hipótesis sugiere que las migraciones humanas han influido directamente en las frecuencias de la pigmentación del pelaje silvestres (No agoutí) de las poblaciones de *F. catus* (2-4). Por lo que, conocer el perfil genético de poblaciones naturales de *F. catus* permitiría saber información acerca de la existencia de cambios en la composición genética entre y dentro de las poblaciones. Para esto, el uso de marcadores fenotípicos que codifican para el diseño y coloración del pelaje ha sido una estrategia ampliamente utilizada para estimar la diversidad y estructura genética en poblaciones felinas, especialmente *F. catus* (2), permitiendo establecer el cambio en las frecuencias alélicas entre poblaciones, así como una hipótesis de migración histórica a través del mundo (5).

A nivel mundial diversos estudios han abordado los perfiles genéticos fenotípicos que afectan el color, longitud

y patrón del pelaje de numerosas poblaciones de gatos americanas, asiáticas y europeas (5-7). En diversos estudios se ha indicado que las frecuencias genéticas de diversas poblaciones de gatos fueron determinadas por las migraciones humanas (8). En Colombia, estudios de este carácter indican que el establecimiento de las poblaciones de gatos doméstico se originó en el mismo periodo histórico de los desplazamientos y colonizaciones humanas (5, 9). No obstante, no se cuentan con datos de este tipo de trabajo para el departamento del Quindío y la zona norte del Valle del Cauca. Por lo que aquí, se estimó la diversidad y estructura genética del pelaje en cuatro poblaciones de gatos de Colombia provenientes de la región cafetera.

Materiales y métodos

En el mes de abril del 2018 se realizó un muestro aleatorio donde se registraron fotográficamente la pigmentación y estructura del pelaje de poblaciones naturales de *F. catus* de las zonas urbanas de los municipios de Salento, Armenia, Tebaida (Quindío) y Tuluá (Valle del Cauca). La estructura del pelaje se clasificó con base en la metodología propuesta por Ruíz-García (10) (Tabla 1).

Para cada población, se estimó la frecuencia alélica para

la pigmentación y estructura del pelaje, heterocigosidad esperada (H_e) a través del índice de diversidad genética de Nei (11). Adicionalmente, se calculó H_e promedio para cada marcador a nivel global. Para el gen Orange se realizó una prueba de Equilibrio Hardy-Weinberg y la distancia genética entre las poblaciones a través del Software PopGene 1.3.2. Adicionalmente, se estimaron los estadísticos F_{st} de Wrightm. Se realizó un dendograma que representa los valores estimados de distancia genética con el método UPGM en el software Mega 5 (12).

Resultados

En total fueron fotografiados y clasificados 206 gatos adultos (Salento $n=45$ Armenia $n=65$, Tebaida $n=51$,

Tuluá $n=45$), para los marcadores autosómicos y ligados al sexo indicados en (Tabla 1).

En la Tabla 2 se presentan las frecuencias alélicas para cada población. De estas, la población de gatos de Salento presento la frecuencia más alta para el marcador Non-Agouti (0,9417), seguido por la población de Tuluá (0,7875) y Tebaida (0,7353). Por su parte el marcador Dominante blanco, responsable de la capa blanca solo se registró en Tuluá (0,204) y Armenia (0,140) con las frecuencias alélicas más bajas. El marcador Orange en la población de Armenia (0,1000) presento la frecuencia más baja a nivel en comparación de las otras poblaciones. A nivel global el marcador con mayor frecuencia fue el Non-Agouti (a) y el de menor frecuencia el dominante Blanco (W) (Tabla 3).

Tabla 1. Descripción de los genes estudiados.

| Locus | Alelos | Características |
|------------------------|--------|--|
| O (Gen ligado al sexo) | o | Silvestre: Pigmentación no naranja. |
| | O | Mutante: Pigmentación naranja; epistático para la detección del locus A. |
| A (Gen autosómico) | A | Silvestre: Color agouti. |
| | a | Mutante: Color Non-Agouti: un mismo color. |
| D (Gen autosómico) | D | Silvestre: Color denso. |
| | d | Mutante: Color diluido, recesivo. |
| L (Gen autosómico) | L | Silvestre: Pelo corto. |
| | l | Pelo largo, recesivo. |
| S (Gen autosómico) | S | Mutante: Autosómico dominante, sordera y pelaje manchado. |
| | s | Silvestre: Condición normal. |
| W (Gen autosómico) | W | Silvestre: Color normal. |
| | w | Mutante: Color blanco, epistáticos para los todos los colores. |

O = Orange; a = Non-Agouti; d = Dilution; l = Pelo largo; s = Piel baldismo; W = Dominante blanco

Tabla 2. Frecuencias alélicas de algunas poblaciones de gatos colombianos para cada uno de los marcadores evaluados.

| Poblaciones | Locus | | | | | |
|-------------|--------|--------|--------|--------|--------|-------|
| | O | a | d | L | s | W |
| Armenia | 0,1000 | 0,6848 | 0,5435 | 0,3696 | 0,0340 | 0,140 |
| Salento | 0,1957 | 0,9417 | 0,3417 | 0,6750 | 0,6000 | 0,000 |
| Tebaida | 0,2255 | 0,7353 | 0,7549 | 0,1588 | 0,2160 | 0,000 |
| Tuluá | 0,1375 | 0,7875 | 0,8875 | 0,2375 | 0,3750 | 0,204 |

O = Orange, a = Non-Agouti, d = Dilution, l = pelo largo, S = Piel baldimos, W = Dominante blanco.

Tabla 3. Frecuencias alélicas globales para cada marcador fenotípico.

| Locus | Locus | | | | | |
|-------|-------|------|------|------|------|------|
| | O | a | d | l | s | W |
| Total | 0,16 | 0,82 | 0,63 | 0,26 | 0,03 | 0,02 |

O = Orange; a = Non-Agouti; d = Dilution; l = Pelo largo; s = Piel baldismo; W = Dominante blanco.

En cada una de las poblaciones, el nivel medio de diversidad genética fue alto, siendo la población de Tuluá la de mayor promedio de heterocigosidad ($He = 0,4260$) y Tebaida la de menor ($He = 0,3420$) (Tabla 4). A nivel de marcadores la población de Armenia resulto ser la de mayor heterocigosidad para el alelo Orange

Tabla 4. Índice de diversidad genética de Nei (1973) a través de la heterocigosidad esperada (He) para cada población.

| Poblaciones | Locus | | | | | | Promedio |
|-------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|----------|
| | O | a | d | L | s | W | |
| Armenia | 0,4241 | 0,4848 | 0,5435 | 0,2614 | 0,4141 | 0,0930 | 0,3701 |
| Salento | 0,4650 | 0,4417 | 0,3417 | 0,3750 | 0,5670 | 0,000 | 0,3650 |
| Tebaida | 0,2674 | 0,4353 | 0,7549 | 0,3859 | 0,1673 | 0,000 | 0,3351 |
| Tuluá | 0,2163 | 0,5875 | 0,8875 | 0,3752 | 0,2786 | 0,214 | 0,4260 |

O = Orange, a = Non-Agouti, d = Dilution, l = Pelo largo, S = Piel baldimos, W = Dominante blanco.

En relación al test Hardey-Weinberg para el gen *Orange* (Tabla 5), a nivel global las poblaciones indicaron ausencia de equilibrio. Sin embargo, a nivel de cada población, Tuluá está en equilibrio ($P = 0,034$).

Tabla 5. Equilibrio Hardy-Weinberg para el gen Orange (O).

| Población | Locus | X ² | Grados de libertad | P-valor |
|-----------|-------|----------------|--------------------|---------|
| Armenia | O | 1,178 | 1,000 | 0,094 |
| Salento | O | 14,388 | 1,000 | 0,055 |
| Tebaida | O | 7,24 | 1,000 | 0,700 |
| Tuluá | O | 10,119 | 1,000 | 0,034 |

Los valores negativos para algunos marcadores y el promedio estadístico FIS (Tabla 6), evidencian un exceso de heterocigotos para la mayoría de los marcadores cuando se analiza globalmente. El marcador *Orange* (O) no presentó este exceso (0.0226). El gen *Dilution* con relación al estadístico FIT en promedio indicó un exceso de heterocigotos en la población total para todos los marcadores excepto Orange y Aguti abarcando valores de -0.1208 a -0.3758. El promedio de FST resulto ser bajo, lo que sugiere la escasa diferenciación genética entre las poblaciones (0.0420).

Tabla 6. Valores de los estadísticos F globales para cada marcador.

| Marcadores | FIS | FST | FIT |
|------------|---------|--------|---------|
| O | 0,0226 | 0,0667 | 0,0758 |
| a | 0,1126 | 0,0318 | 0,0758 |
| d | -0,2700 | 0,0258 | -0,3758 |
| l | -0,3790 | 0,0458 | -0,1918 |
| s | -0,0303 | 0,0358 | -0,2208 |
| W | -0,1767 | 0,0458 | -0,1208 |
| Promedio | -0,1381 | 0,0420 | -0,1273 |

O = Orange, a = Non-Agouti, d = Dilution, l = Pelo largo, S = Piel baldimos, W = Dominante blanco.

La distancia genética fue baja para las poblaciones de Armenia, Tebaida y Tuluá. Las poblaciones más cercanas fueron Tebaida y Tuluá, mientras que la población que presento mayor distancia genética fue la población de Salento (Tabla 7); patrón también observado en la Figura 1.

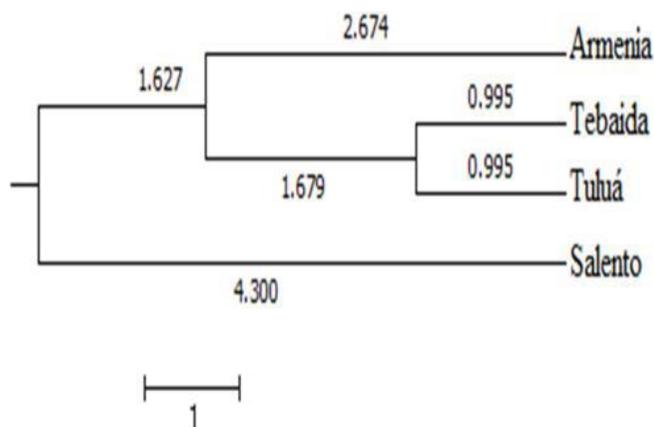


Figura 1. Dendrograma de Neighbor-joining elaborado para las poblaciones utilizando la distancia genética (D) de Nei (1972).

Tabla 7. Matriz de distancia genética (Nei, 1972), entre las poblaciones.

| Población | Armenia | Salento | Tebaida | Tuluá |
|-----------|---------|---------|---------|-------|
| Armenia | 0 | | | |
| Salento | 0,0689 | 0 | | |
| Tebaida | 0,0541 | 0,0751 | 0 | |
| Tuluá | 0,0528 | 0,0114 | 0,0199 | 0 |

Discusión

La alta frecuencia del alelo Non-Agouti observado concuerda con la encontrada en otros estudios como el de García (13). Probablemente debido la interacción que

existe entre los factores ambientales y su influencia en el aumento de individuos portadores de gen mutante Non-aguti (2). Adicionalmente, a la posible existencia de sucesos de selección artificial por parte de los humanos para seleccionar a sus mascotas y a una progresiva melanización del pelaje, lo que genera que este fenotipo se encuentren más favorecidos en el medio urbano (2, 14).

Por su parte Rosenfeld (15) indica que la alta frecuencia del gen Non-aguti en poblaciones actuales, se relaciona con el beneficio que este fenotipo aporta a los individuos que lo presentan en ambientes urbanos con densidades poblacionales altas. Por su parte, Grahn (16) señala que los individuos Non-aguti suelen ser más sociables con sus congéneres, lo que les permite coexistir y adaptarse, con mayor facilidad. Según Eizirik (17) y Rosenfeld (15) este gen les permite a los gatos estar mejor adaptados a las condiciones predominantes de estos sitios en comparación de los individuos Agouti. Adicionalmente, estudios realizados por Keeler y Moore (18) y en zorros (19, 20), revelan una correlación entre genes de la coloración y ciertos rasgos del comportamiento, resultando los individuos más melánicos menos temerosos, menos agresivos y más resistentes al estrés que produce las zonas urbanas.

La baja frecuencia observada para el marcador Dominante blanco (W), es equivalente a lo reportado en análisis anteriores realizados para poblaciones colombianas (13). No obstante, Pérez (1) sugiere que esto puede verse reflejado en el nivel de intromisión humana en las poblaciones de gatos, lo que conduciría a relevar una injerencia mayor. Por su parte, Strain et al. (21) indica que el hecho de que las frecuencias de este alelo sea relativamente bajas o no se encuentren en los muestreos o estudios, se debe probablemente a efectos pleiotrópicos.

El exceso de heterocigotos obtenidos a través de los distintos índices de fijación (FST y FIT) en cada una de las poblaciones estudiadas puede indicar que algunas de las poblaciones se encuentran casi homogéneamente.

Según Pérez (1) la cercanía geográfica y demográfica de las poblaciones, ocasiona un aumento sustancial del flujo genético. Por su parte, Cortés et al. (22) indican que poblaciones con intercambio genético regular, previene eventos de endogamia generando de este modo un aumento en los genotipos heterocigotos en la población.

Las desviación del equilibrio Hardy-Weinberg para el alelo (*Orange*) puede tener diversas causas, y como es el caso de que los datos arrojaron un déficit de homocigotos y un exceso de heterocigoto, una de las posibles causas sería a la falta de endogamia por la existencia de un flujo génico diferencial para ambos sexos, y un cruce rápido entre de hembras y machos migrantes con los individuos residentes, lo que genera un exceso de heterocigotos (4). Adicionalmente podría atribuirse a que macho y hembras tendrían genotipos pertenecientes a acervos genéticos altamente diferenciados como lo indica Monte-Díaz (23) quien se refiere al hecho de que los marcadores del pelaje en gatos se encuentran ligados a genes que producen heterosis, que arrastran a los marcadores a mostrar un exceso de heterocigotos, o al efecto Wahlund, la mutación o la deriva génica.

Conclusión

El marcador con la mayor frecuencia fue el Non-Agouti, debido a que podría estar siendo favorecido por factores antrópicos o condiciones climáticas. Esto evidencia una posible selección artificial, no solo por este marcador, sino también individuos con fenotipo Orange, de tal manera que la frecuencia de este marcador aumente progresivamente con el tiempo.

Agradecimientos

A Nicolás Tapiero Fandiño por su incondicional apoyo con el material fotográfico, a el Profesor Víctor Hugo García Merchan por sus inigualables consejos y a los integrantes de la Escuela de Investigación en Biomatemáticas (EIB) por su constante motivación.

Referencias

1. Pérez EP, Vargas LAC, Mass BLM. Perfil Genético de la Población de Gatos (*Felis catus*) en Riohacha, La Guajira, Mediante Genes de Pelaje. Rev Fac Cienc Básicas. 2017;13(2):128-32.
2. 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 Zool Mex. 2003; 89:261-286.
3. Shostell J, Staudinger J, Ruiz-Garcia M. Mutant allele frequencies in domestic cat populations in Arkansas and Tennessee. J hered 2005;96(5):557-65.
4. Ruiz-Garcia M, Alvarez D, Shostell JM. 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(2):147-71.
5. Peñuela-AM, Pardo-PE, García-M VH, Cárdenas-H H. Coat genetic markers of the domestic cat *Felis catus* (Felidae) from southwestern Colombia. Revista MVZ Córdoba. 2016;21(2):5390-403.
6. 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. Genet Mol Biol 2008;31(3):772-82.
7. Kholin S. New data on coat color mutant gene frequencies in domestic cats of the European part of Russia (The City of Kamyshin). Russ J Gent 2012;48(7):751-4.
8. Todd NB. Cats and commerce. Scientific American. 1977;237(5):100-7.
9. Vargas C, Alfonso L, Rodríguez De La Barrera A, Causil Vargas O. Marcadores Genéticos del Color para Determinar la Estructura Genética de Gatos Domésticos (*Felis catus*) en Zonas Rurales de Lorica, Colombia. Rev Investig Vet Perú 2017;28(2):283-92.
10. Ruiz-García M. Genetic profiles from coat genes of natural Balearic cat populations: an eastern Mediterranean and North-African origin. Genet Select Evol, 1994;26(1):39-64.
11. Nei M. Genetic distance between populations. Amer Naturalist. 1972;106(949):283-92.
12. Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Mol biol evol, 2011;28(10):2731-2739.
13. 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 Real Soc Españ Hist Nat, 1999; 95:143-68.
14. Kaelin CB, Xu X, Hong LZ, David VA, McGowan KA, Schmidt-Küntzel A, et al. Specifying and sustaining pigmentation patterns in domestic and wild cats. Science. 2012;337(6101):1536-41.
15. Rosenfeld CS. Animal models to study environmental epigenetics. Biol reprod, 2010;82(3):473-88.
16. Grahn R, Lemesch B, Millon L, Matise T, Rogers Q, Morris J, et al. Localizing the X colour phenotype using feline resource families. Anim genet, 2005;36(1):67-70.
17. Eizirik E, David VA, Buckley-Beason V, Roelke ME, Schäffer AA, Hannah SS, et al. Defining and mapping mammalian coat pattern genes: multiple genomic regions implicated in domestic cat stripes and spots. Genetics. 2010;184(1):267-75.
18. Keeler C, Moore L. Psychosomatic synthesis of behavior trends in the taming of mink. Bull Ga Acad Sci. 1961; 19:66-74.
19. Keeler C, Ridgway S, Lipscomb L. The genetics of adrenal size and tameness in colorphase foxes. J Hered 1968; 59(1): 82-84
20. Borodin P. Phenotype and gene frequencies in red fox populations of Russian America in 1803–1832. J Hered, 1981;72(5):343-6.
21. Strain GM. The genetics of deafness in domestic animals. Front Vet Sci, 2015;2:29.
22. Cortés O, Tupac-Yupanqui I, García-Atance M, Dunner S, Fernández J, Cañón J. Análisis de la variabilidad genética de origen paterno en la raza bovina de Lidia. Arch Zootec, 2011;60(231):417-20.
23. Montes-Díaz Y, Cardales-Barrios Y, Pardo E. Análisis de la variabilidad genética de las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) mediante genes del pelaje en Cartagena, Colombia. Rev Academia Colombiana de ciencias exactas, físicas y naturales. 2015;39(153):520-6.