

## Diferenciación genética de las poblaciones de *Felis catus* en los municipios de Restrepo y Darién del Valle del Cauca, Colombia.

### Genetic differentiation of *Felis catus* populations in the municipalities Restrepo and Darién of Valle del Cauca, Colombia

César Lemos L<sup>1</sup>, Valentina Cárdenas H<sup>1</sup>, Javier Guzmán<sup>1</sup>, Carlo Becerra C<sup>1</sup>, Daniel Castro<sup>1</sup>, Sergio Cañón<sup>1</sup>, Alexandra Almendra T<sup>1</sup>, Juan Valencia<sup>1</sup>, Mauricio Peñuela<sup>2</sup>.

<sup>1</sup> Grupo de Estudio y Trabajo en Genética (GETEG). Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Cali- Colombia.

<sup>2</sup> Posgrado en Ciencias-Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Cali-Colombia.

Recibido: Julios 10 de 2019

Aceptado: Septiembre 12 de 2019

\*Correspondencia del autor: César Lemos L. E-mail: cesar.alejandro.lemos@gmail.com

#### Resumen

Los genes implicados en los rasgos del pelaje de los gatos son útiles para el análisis de la estructura genética que presentan sus poblaciones. El objetivo de este trabajo fue determinar si existe diferenciación genética entre las poblaciones de gato doméstico de los municipios de Restrepo y Darién, los cuales se encuentran separados por el “Lago Calima”. Para esto se estimaron las frecuencias alélicas de diversos marcadores del pelaje y se determinó si estas poblaciones presentaban diferencias significativas en su estructura génica o si se encontraban en equilibrio Hardy–Weinberg, además, se realizó una comparación con otras poblaciones inventariadas en el Valle del Cauca. Posteriormente, se llevó a cabo un análisis de componentes principales (ACP-Biplot), para conocer la correlación entre las frecuencias alélicas y los aportes de cada una de ellas a la variabilidad. También se realizó una prueba de Mantel para estimar si existía correlación entre los índices de fijación (FST) y las distancias geográficas. La prueba de Mantel mostró que el gen *Orange* es el único que muestra una correlación positiva entre los índices de diferenciación FST y las distancias geográficas. La comparación de las poblaciones de interés con las del Valle del Cauca, evidenció que los genes que aportaron más a la variabilidad fueron *Dilution* (19,08%), *Long hair* (16,09%), *Agouti* (16,06%) e *Inhibitor* (14,04%). Sin embargo, se encontró que las poblaciones de Restrepo y Darién tienen perfiles genéticos similares y se comportan como una sola según los valores del equilibrio Hardy–Weinberg y los FST. Debido a que no hay diferencias significativas entre las poblaciones estudiadas, se concluye que, aunque el Lago Calima sea una barrera geográfica, no tiene un efecto significativo en la diferenciación genética entre las poblaciones de gatos de Restrepo y Darién.

**Palabras clave:** Barrera geográfica, Genes morfológicos, Genética poblacional, Influencia antrópica, Migración histórica, Perfil genético. (Tesaurus ICYT de Biología Animal).

## Abstract

The genes involved in cat coat traits are useful for the analysis of genetic structure within a population. The objective of this paper was to determine if any genetic differences exist among domestic cat populations from the municipalities of Restrepo and Darien, which are separated by Calima Lake. To analyze population structure, we estimated allelic frequencies of several coat markers, tested for alignment with the Hardy-Weinberg equilibrium, and compared our populations of interest to others from the Valle del Cauca region. Subsequently, we performed a principal components analysis (PCA-Biplot) to determine the correlation between allelic frequencies and their contributions to variability. A Mantel test was also used to estimate possible correlation among differentiation indexes (FST) and geographic distances. We performed the Mantel test on the *Orange* gene and identified a positive correlation among differentiation indexes (FST) and geographical distances. After comparing our populations of interest to others in the Valle del Cauca, we observed that the genes with the greatest contribution to variability were *Dilution* (19,08%), *Long hair* (16,09%), *Agouti* (16,06%) and *Inhibitor* (14,04%). However, we also found that the Restrepo and Darien populations of interest had similar genetic profiles, and aligned with the Hardy-Weinberg equilibrium, and the FST. Due to the absence of significant differentiation between the populations studied, we conclude that Calima Lake does not have a significant effect on any differentiation between the cat populations of Restrepo and Darien.

**Keywords:** Geographic barrier, Gene morphology, Population genetics, Anthropic influence, Migration history, Genetic profile. (ICYT Thesaurus of Animal Biology).

## Introducción

El gato doméstico, *Felis catus* L., es un mamífero perteneciente a la familia Felidae (1), este pequeño felino posee un peso que ronda entre los 2.5 y 7 kg (2). Es un ágil depredador con cabeza pequeña, hocico corto y abundantes vibrisas, garras retráctiles, cuerpo flexible y esbelto, cubierto por pelaje, dientes afilados, patas anteriores con 5 dígitos y posteriores con 4 dígitos que puede vivir hasta 20 años en cautiverio (2). Históricamente se ha encontrado evidencia de la estrecha relación entre los humanos y los gatos (3). Esta relación ocasionó que las movilizaciones antrópicas hayan influenciado en la distribución y estructura de las poblaciones actuales de gatos domésticos, lo que se ha denominado hipótesis de migración histórica (4).

Los marcadores fenotípicos del pelaje se han usado comúnmente como medio de análisis de las poblaciones de gatos, pues la presencia y expresión de cada uno de estos ha facilitado la identificación de caracteres heredables y mutaciones (5,6). Algunos de estos genes facilitan la obtención de datos debido a que se puede diferenciar el genotipo conociendo el fenotipo, como los *Orange* y *Spotted White* (6). La estructura genética de las poblaciones de gatos puede estar influenciada por diferentes factores como lo son barreras geográficas, comportamiento reproductivo, migración, selección

antrópica, entre otros (7). Respecto al comportamiento reproductivo de los gatos se conoce que estos se reproducen de forma aleatoria, lo cual genera poblaciones panmíticas (8), sin embargo, existen barreras geográficas, como las grandes masas de agua, que pueden interrumpir el flujo genético de las poblaciones (9).

Darién es un municipio del centro Valle del Cauca, ubicado a 1485 m.s.n.m, al sur de Darién se encuentra el municipio de Restrepo a 1400 m.s.n.m., (10). En el año 1966 se construyó el embalse de Calima de 1934 hectáreas, con 13 km de largo y 1.5 de ancho, el cual se encuentra actualmente entre los municipios ya descritos (11). Debido a que las grandes masas de agua como los lagos son consideradas como barreras geográficas efectivas (9), se desea conocer si el embalse de Calima presente entre Restrepo y Darién desde hace más de cinco décadas ha generado un impacto en la diferenciación genética entre sus poblaciones de gatos domésticos.

Los trabajos de genética poblacional pueden ofrecer explicaciones a diferentes procesos de cambio, basándose en la distribución y frecuencia de los diferentes alelos (12). Por esta razón, el objetivo principal de este trabajo fue determinar si existe una diferenciación a nivel genético entre las poblaciones de gato doméstico de los municipios de Restrepo y Darién, ocasionada por el embalse que los separa. También se desea conocer

cuánto se diferencian estas dos poblaciones respecto a las demás inventariadas en el Valle del Cauca y determinar cuáles son las frecuencias alélicas de los marcadores del pelaje que más aportan a la diferenciación en esta región, contribuyendo al conocimiento que se tiene actualmente sobre las poblaciones de gato doméstico en el Valle del Cauca y Colombia.

## Materiales y Métodos

### Muestreo y genotipificación

Se realizó un muestreo de un total 198 individuos, 125 en el municipio de Restrepo (Latitud: 3,86121, Longitud: -76,5224) y 73 en Darién (Latitud: 3,933, Longitud:

-76,483). La recolección de datos se llevó a cabo durante los días 20 y 21 de diciembre de 2017, para esto se recorrieron ambos municipios consultando en las viviendas si poseían gatos como mascotas. En caso de respuesta afirmativa se procedió a tomar registro fotográfico y registrar datos como la edad y el sexo de los especímenes. Los individuos encontrados fuera de las viviendas no fueron inventariados.

Mediante el registro fotográfico se identificaron los loci propuestos por el Committee on Standardized Genetic Nomenclature for Cats 1968 (13), excepto por el locus *Ticked abyssinian* dado que Eizirik et al., (2010) demostraron por mapeo cromosómico, que este locus era distinto al *Tabby* (Tabla 1).

**Tabla 1.** Genes utilizados en el estudio. Modificado de Ruiz-García y Álvarez (4).

Locus	Alelos	Características
<i>Orange</i> (Gen ligado al sexo)	<i>o</i>	Silvestre: No naranja
	<i>O</i>	Mutante: Naranja
<i>Agouti</i> (Gen autosómico)	<i>A</i>	Silvestre: Agouti
	<i>a</i>	Mutante: No agouti
<i>Abyssinian</i> (Gen autosómico)	<i>Ti(+)</i>	Silvestre: No abyssinian
	<i>Ti(A)</i>	Mutante: Abyssinian
<i>Tabby</i> (Gen autosómico)	<i>Ta(+)</i>	Silvestre: Mackerel o atigrado
	<i>Ta(b)</i>	Mutante: Blotched tabby
<i>Dilution</i> (Gen autosómico)	<i>D</i>	Silvestre: Color denso
	<i>d</i>	Mutante: Color diluido
<i>Spotted white</i> (gen autosómico)	<i>s</i>	Silvestre: Sin manchas
	<i>S</i>	Mutante: Con manchas blancas
<i>Inhibitor</i> (Gen autosómico)	<i>I</i>	Silvestre: Color normal
	<i>i</i>	Mutante: Color plateado
<i>Dominant white</i> (Gen autosómico)	<i>w</i>	Silvestre: Color normal
	<i>W</i>	Mutante: Completamente blanco
<i>Long hair</i> (Gen autosómico)	<i>L</i>	Silvestre: Pelo corto
	<i>l</i>	Mutante: Pelo largo
<i>Reparto del color</i> (Gen autosómico)	<i>C</i>	Silvestre: Color normal
	<i>cs</i>	Mutante: Siamés, color concentrado en lugares del cuerpo más alejados del individuo
<i>Manx</i> (Gen autosómico)	<i>m</i>	Silvestre: Cola normal
	<i>M</i>	Mutante: Cola corta

### Análisis estadísticos.

El cálculo del equilibrio Hardy-Weinberg (HW) se realizó, para ambas poblaciones por separado y en conjunto, con los loci *Orange* y *Spotted white*, debido a que en estos es posible la identificación de los individuos heterocigotos. Las frecuencias alélicas de los genes con dominancia completa se calcularon asumiendo que estos también se encontraban en equilibrio HW. Para la estimación de la frecuencia alélica recesiva de estos loci se utilizó la raíz cuadrada de su frecuencia fenotípica en la población ( $\sqrt{q^2}$ ), mientras que para las frecuencias alélicas de loci dominantes, se calculó como el complemento de la frecuencia del recesivo ( $1-\sqrt{q^2}$ ). Para cada loci se calculó también la desviación estándar utilizando la fórmula ( $\sqrt{pq/2n}$ ).

Para propósitos de comparación, se utilizaron las frecuencias reportadas por Peñuela y colaboradores (6) de los municipios de Buga, Bugalagrande, Cali, Cartago, Jamundí Palmira, Obando y Tuluá. Para todas estas poblaciones, junto a Restrepo y Darién, se calculó el índice de diferenciación FST de Wright utilizando el promedio de las frecuencias de los alelos recesivos de los genes que se encuentran en la tabla 1. Este cálculo se realizó también por separado para las frecuencias alélicas de los genes *Abyssinian*, *Agouti*, *Dilution*, *Dominant White*, *Inhibitor*, *Long Hair*, *Orange* y *Spotted White*.

Las matrices resultantes se computaron en el software MEGA 7 (14) para generar los dendrogramas correspondientes utilizando el algoritmo NeighborJoining.

Se realizó una prueba de Mantel con 999 repeticiones para conocer si existía relación entre la distancia geográfica y los índices FST de Wright. Estos cálculos se realizaron en el software GenAlEx 6.5 (15). Por último, se realizó un análisis de componentes principales (ACP) y un gráfico biplot de las frecuencias alélicas recesivas de las poblaciones, utilizando el paquete ggplot2 y factoextra en el programa RStudio V 1.1.456 (16).

### Resultados

El cálculo de las frecuencias alélicas evidenció que el alelo de mayor frecuencia fue el *a* (*Non-agouti*) con 0,6590 y 0,6083 para Restrepo y Darién respectivamente, el alelo *S* (*Spotted white*) fue el que presentó la segunda frecuencia más alta con 0,4554 y 0,4308. El marcador *Ti* (*A*) (*Abyssinian*) no se reportó para la población de *F. catus* de Restrepo, mientras que el alelo *i* (*Inhibitor*) no se encontró para las poblaciones de ninguno de los dos municipios. El alelo *W* (*Dominant white*) fue el que presentó la menor frecuencia en ambas poblaciones siendo esta de 0,0284 y de 0,0208 para Restrepo y Darién respectivamente (Tabla 2).

**Tabla 2.** Frecuencias alélicas (Fa) y Desviación estándar (DE) de 11 alelos que afectan las características del pelaje de las poblaciones de gato doméstico de Restrepo y Darién.

Alelo	Fa Restrepo ±DE	Fa Darién ±DE	Fa Restrepo+Darién ±DE
<i>O</i>	0,1549 ±0,0228	0,1724 ±0,0313	0,1580 ±0,0231
<i>a</i>	0,6590 ±0,0300	0,6082 ±0,0404	0,6373 ±0,0304
<i>Ti</i> ( <i>A</i> )	0,0000 ±0,0000	0,1543 ±0,0299	0,0967 ±0,0187
<i>Ta</i> ( <i>b</i> )	0,1700 ±0,0238	0,21 ±0,0337	0,1933 ±0,025
<i>d</i>	0,2739 ±0,0282	0,3097 ±0,0383	0,2879 ±0,0286
<i>S</i>	0,4554 ±0,0315	0,4308 ±0,041	0,4431 ±0,0314
<i>i</i>	0,0000 ±0,0000	0,0000 ±0,0000	0,0000 ±0,0000
<i>W</i>	0,0284 ±0,0105	0,0208 ±0,0118	0,023 ±0,0095
<i>l</i>	0,379 ±0,0307	0,2867 ±0,0374	0,3482 ±0,0301
<i>cs</i>	0,378 ±0,0307	0,2056 ±0,0334	0,3227 ±0,0296
<i>M</i>	0,0000 ±0,0000	0,0069 ±0,0068	0,0025 ±0,0032

Al realizar las pruebas de chi-cuadrado para probar el equilibrio Hardy-Weinberg se encontró que para ambos loci (*Orange* y *Spotted White*) las poblaciones de Restrepo y Darién se encuentran en equilibrio, tanto en conjunto como cada una por separado (Tabla 3 y 4)

**Tabla 3.** Cálculo del equilibrio Hardy-Weinberg para el Sistema *Spotted white* en las poblaciones de Restrepo y Darién.

	Restrepo				Darién				Restrepo + Darién			
	Obs	Esp	X <sup>2</sup>	P	Obs	Esp	X <sup>2</sup>	P	Obs	Esp	X <sup>2</sup>	P
SS	27	25,66			15	13,23			42	38,8		
Ss	57	59,66			30	33,52			87	93,2		
ss	36	34,66	0,13	0,72	23	21,23	0,47	0,49	59	55,9	0,65	0,42

Obs: Observados, Esp: Esperados, X<sup>2</sup>: Valor de la Distribución chi cuadrado, P: Valor-P.

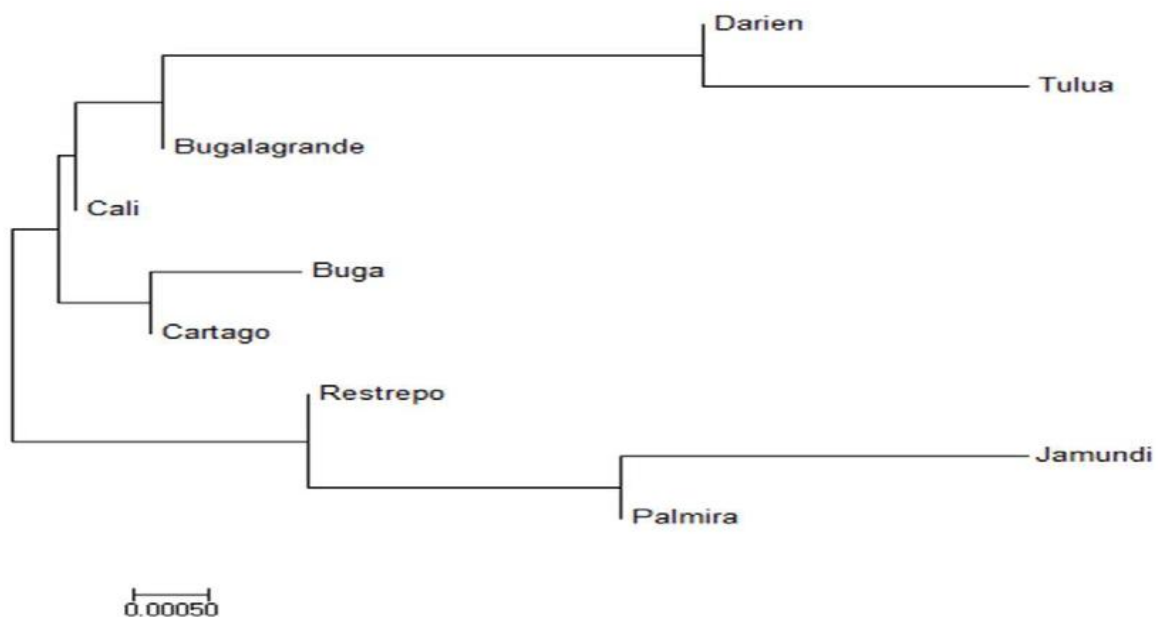
**Tabla 4.** Cálculo del equilibrio Hardy-Weinberg para el Sistema *Orange* en las poblaciones de Restrepo y Darién.

	Restrepo				Darién				Restrepo + Darién			
	Obs	Esp	X <sup>2</sup>	P	Obs	Esp	X <sup>2</sup>	P	Obs	Esp	X <sup>2</sup>	P
OO	3	2,23			2	1,64			5	3,85		
Oo	22	19,14			14	12,21			36	31,37		
oo	46	41,13			24	22,64			70	63,77		
OY	9	11,8			6	7,75			15	19,54		
oY	45	50,7	2,58	0,46	27	28,74	0,923	0,82	72	79,45	3,39	0,34

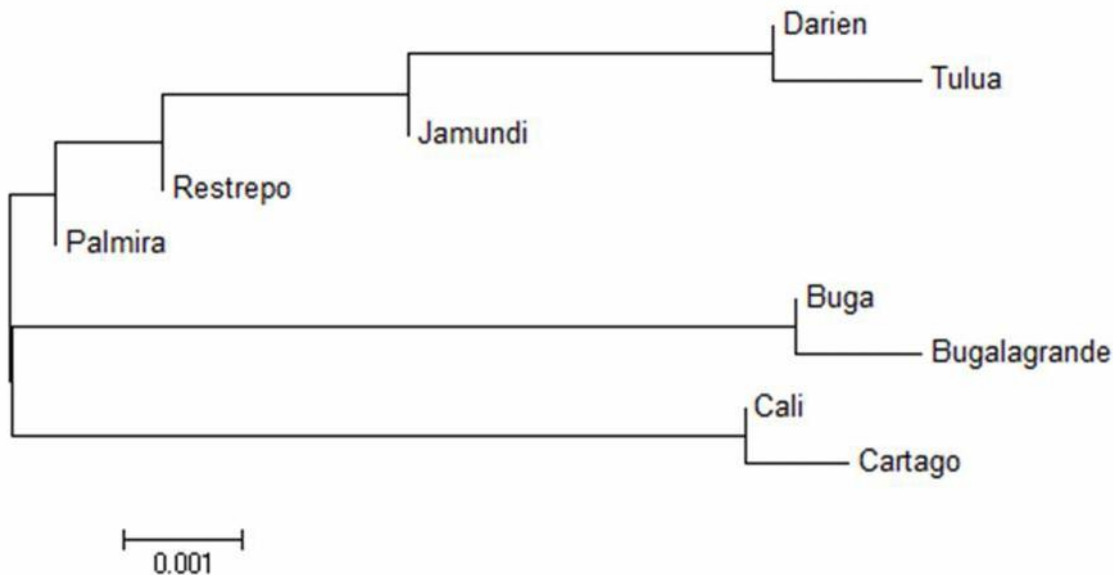
Obs: Observados, Esp: Esperados, X<sup>2</sup>: Valor de chi-cuadrado, P: Valor-P.

La prueba de Mantel entre la distancia geográfica y la genética encontrada a partir del promedio de las frecuencias alélicas mostró que no existe correlación entre estas dos con un valor P de 0,436. No obstante, para el caso de cada loci por separado, la prueba Mantel determinó que el Marcador *Orange* fue el único que mostró una correlación estadísticamente significativa (p=0,019).

La matriz de FST muestra un valor mínimo de 2.567E-07 entre las poblaciones Cartago y Jamundí y un valor máximo de 0,015 entre Darién y Buga, entre las poblaciones de Restrepo y Darién el valor fue de 5.07E-05. El dendrograma generado a partir de la matriz de FST de las frecuencias promedio separó a los municipios de Restrepo, Jamundí y Palmira como grupo externo y se formó una agrupación con las poblaciones de Bugalagrande, Darién y Tuluá con Cali como un grupo externo a este (Figura 1). Los dendrogramas generados para cada uno de los loci por separado mostraron grupos diferentes entre sí y también con respecto a los que se muestran en la figura 1, el dendrograma utilizando el gen *Orange* muestra dos grupos grandes, el primero agrupa a Buga, Bugalagrande, Cali y Cartago y los municipios restantes están en el segundo grupo (Figura 2).

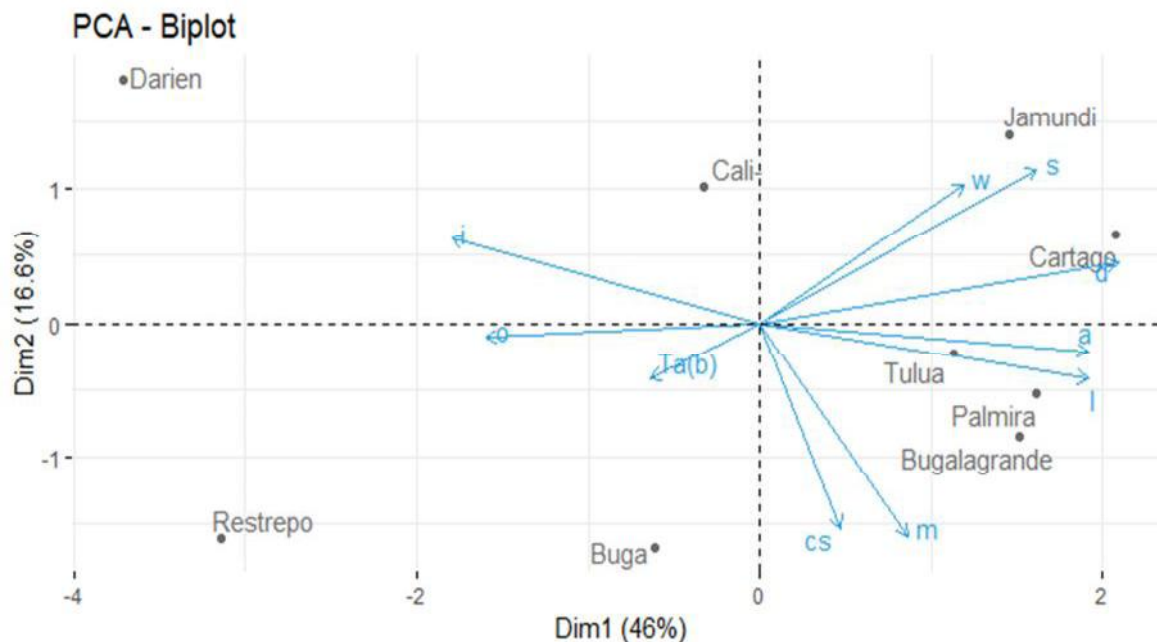


**Figura 1.** Dendrograma Neighbor Joining de las 9 poblaciones del Valle del Cauca analizadas.



**Figura 2.** Dendrograma Neighbor Joining de las 9 poblaciones del Valle del Cauca analizadas utilizando el locus *Orange*.

El análisis de componentes principales reveló que el componente 1 explica la variabilidad en un 46% de los datos, mientras que el 2 lo hace en un 16,6% y el componente 3 en un 15,45%. Por su parte el gráfico de biplot evidenció una separación de las poblaciones de Restrepo y Darién frente a las demás, para la dimensión 1, además se observó una correlación negativa entre los alelos *a*, *m*, *l* y *cs*, con respecto a *i* y entre *w*, *s* y *d* contra *o* y *Ta* (*b*) (Figura 3). El alelo con mayor contribución en la dimensión 1 fue *d* con un valor de 19,08%, mientras que la que menos contribuyó fue *cs* con 0,98%. En la dimensión 2, los alelos *cs* y *m* mostraron valores de 28,38% y 30,88% respectivamente (Tabla 5).



**Figura 2.** Biplot del ACP de las frecuencias alélicas en las poblaciones de gatos analizadas.



**Tabla 5.** Contribución de las variables a las componentes principales 1 y 2.

Alelo	Contribución	
	Dim1	Dim2
<i>o</i>	11,11	0,13
<i>a</i>	16,06	0,54
<i>Ta (b)</i>	1,77	2,19
<i>d</i>	19,08	2,42
<i>s</i>	11,4	15,83
<i>i</i>	14,04	4,73
<i>w</i>	6,19	12,79
<i>l</i>	16,09	2,2
<i>cs</i>	0,98	28,38
<i>m</i>	3,28	30,88

Dim1= dimensión 1. Dim2= dimensión 2.

## Discusión

El alelo que tuvo la mayor frecuencia reportada fue el *a (Non-agouti)* para ambas poblaciones inventariadas, una explicación para este resultado puede ser el hecho de que los individuos que no presentan en patrón de coloración agouti tienden a ser menos agresivos y a cooperar más con otros, características que los vuelven mejores en lugares como las ciudades (17), lo cual sería una ventaja cuando el tamaño de la población aumenta. Otra posible explicación planteada para este aumento es que se debe a las altas temperaturas a las cuales se encuentran expuestos (18). La menor frecuencia encontrada fue la de *W (Dominant White)*, se ha demostrado que este gen está asociado también a los ojos azules y a la sordera (19), esto podría ser una razón para que individuos portadores de este alelo mueran a edades tempranas ya que tendrían que competir por alimento contra otros individuos cuya audición se encuentran en buen estado, esto podría traer como consecuencia la disminución de la frecuencia de este alelo en las poblaciones (20).

El cálculo del equilibrio Hardy Weinberg mostró que tanto el locus *Spotted white* como el *Orange* se encuentran en equilibrio, en todos los casos con valores *P* mayores a 0,3 (Tabla 3 y 4), por lo cual se puede indicar que no existe diferencia entre estas dos poblaciones a nivel genético, por lo que al parecer, el embalse “Lago Calima” no ha ejercido una presión que conlleve a la diferenciación de los perfiles genéticos poblacionales entre Restrepo y Darién, esto es apoyado por el biplot del ACP el cual se observa una separación de Restrepo

y Darién respecto de las demás poblaciones, que están siendo influenciadas en gran medida por las frecuencias de los loci *Orange* y *Spotted White* (Tabla 6). El resultado encontrado puede deberse a que el perfil genético de las poblaciones del Valle del Cauca es muy similar debido a que presentan un origen histórico común, o también a que la intervención humana en la reproducción de esta especie es baja por lo cual la panmixia y el flujo genético aumentan (6), hecho que se ve respaldado por la baja frecuencia del gen *Dominant White* ya que se ha planteado que este puede ser utilizado como un marcador de diversidad genética de las poblaciones (21). Otra posible explicación a la no diferenciación entre las poblaciones de Restrepo y Darién es el origen común de estos dos municipios, los cuales fueron fundados en 1912 y 1913 respectivamente, por colonos antioqueños y caldenses, en el caso de Darién también participaron Vallunos (22) (23), esto pudo generar que los perfiles genéticos fueran similares desde el inicio y que el tiempo transcurrido desde la formación del embalse que fue en 1966 (23) no ha sido el suficiente para generar una diferenciación significativa.

El dendrograma generado a partir de la matriz de FST mostró grupos muy similares a los encontrados por Peñuela y colaboradores (6) y los dendrogramas realizados para cada sistema por separado no mostraron ningún grupo consistente, sin embargo los valores de los FST fueron bajos en todos los casos, lo cual muestra poca diferenciación entre las poblaciones del Valle del Cauca analizadas, esto puede ser debido al efecto fundador de las poblaciones de gatos provenientes de España planteada por Peñuela y colaboradores (6), en la cual indica que las ciudades principales como Cali, que fueron fundadas hace mayor tiempo, son las poblaciones que dieron origen a las demás. A pesar de esto, existe una alta migración de personas a las ciudades capitales, muchas veces acompañados de sus mascotas, esta inmigración afecta las frecuencias alélicas y puede generar que las distancias genéticas entre poblaciones cambien.

Los resultados de la prueba de Mantel utilizando el promedio de las frecuencias alélicas muestran que no existe una correlación entre la distancia geográfica y los índices FST, lo que concuerda con lo obtenido en el estudio de Peñuela y colaboradores (6) en 2016. Sin embargo, los resultados de la prueba de Mantel utilizando cada uno de los loci por separado, evidencia una correlación positiva entre las distancias geográficas y los índices de FST para el locus *Orange*, indicando que este locus puede ser de utilidad para evaluar cómo han

ocurrido los posibles procesos de migración entre estas poblaciones. Teniendo esto en cuenta, se puede plantear que la o las poblaciones de gatos que originaron al grupo Buga, Bugalagrande, Cali y Cartago son diferentes a la o las que originaron el grupo Darién, Jamundí, Restrepo, Palmira y Tuluá. Las poblaciones del primer grupo se asentaron en el siglo 16 con la colonización de Sebastián de Belalcázar, sin embargo, la población de Jamundí fue fundada también en esta misma época y se encuentra en el otro grupo (24), esto puede deberse a que las frecuencias alélicas se ven influenciadas no solo por el origen sino por toda la historia que han pasado las poblaciones. La prueba de Mantel puede ser extendida a más poblaciones y a mayor distancia, lo que podría mostrar si a mayor escala el gen *Orange* sigue mostrando este comportamiento en el país, como lo hace en las poblaciones de Europa y Asia (25).

En el gráfico Biplot del análisis de componentes principales (Figura 2), se puede observar sobre el componente 1, como se separan tres conjuntos de poblaciones, las cuales son: Darién-Restrepo, Cali-Buga y Bugalagrande-Cartago-Jamundí-Palmira. Estas agrupaciones se deben principalmente a la presencia de los marcadores *Non-agouti*, *dilution* y *long hair* y a la ausencia de los alelos *spotted white*, *inhibitor* y *no orange*, los resultados muestran que estos alelos aportan una gran información para la diferenciación genética entre las

poblaciones de gatos del Valle del Cauca, ya que lograron agrupar a Restrepo y Darién separados del resto, lo que concuerda con su origen y con los demás resultados obtenidos.

En síntesis, las poblaciones de gatos domésticos de los municipios de Restrepo y Darién no presentan diferencias significativas en sus frecuencias alélicas en los sistemas *Orange* y *Spotted white*, ni un valor alto en el índice de diferenciación FST de Wright para las frecuencias alélicas evaluadas por separado y en conjunto, esto debido a su origen común. Además, son agrupados al realizar un análisis de componentes principales (ACP), por lo cual se puede afirmar que no existe una estructura poblacional y se pueden considerar como una sola población genética. El ACP resultó ser una buena herramienta para explorar grupos entre las poblaciones de gatos, debido a que reflejó el origen común de las poblaciones de Restrepo y Darién. El locus *Orange* puede ser utilizado como un indicador de la migración de las poblaciones de gatos en el Valle del Cauca, por lo cual se recomienda utilizarlo en posteriores trabajos que deseen evaluar la migración de estos animales y su relación con la migración humana, teniendo en cuenta que las frecuencias de los genes se ven influenciadas por todos los procesos de dispersión, natalidad y mortalidad.

#### Conflicto de intereses y financiación

No se presentaron conflictos de interés.

### Referencias

1. *Felis catus* Linnaeus, 1758 in GBIF Secretariat (2017). GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset disponible en <https://doi.org/10.15468/39omei>.
2. Pardo P E, Morales J, Cavadia M T. (2014). Estudio de la diversidad genética de la población de gato doméstico (*Felis catus*) en Montería, Colombia. Rev. Unipamplona. 12(2):35–47. disponible en: [http://revistas.unipamplona.edu.co/ojs\\_viceinves/index.php/BISTUA/article/viewFile/1657/667](http://revistas.unipamplona.edu.co/ojs_viceinves/index.php/BISTUA/article/viewFile/1657/667)
3. Pennisi E. (2004). Burials in Cyprus Suggest Cats were ancient pets. Sci 304(5668): 189-189.
4. Ruiz-García, Manuel AD. (2003). Análisis de seis poblaciones latinoamericanas de gatos mediante genes del pelaje y marcadores microsatélites. Acta Zool Mex. 89:261-86.
5. Andersson L. (2016). Domestic animals as models for biomedical research. Upsala J Med Sci 121(1): 1-11.
6. Peñuela-A M, Pardo-P E, García-M VH, Cárdenas-H H (2016). Coat genetic markers of the domestic cat *Felis catus* (Felidae) from southwestern Colombia. Rev MVZ Córdoba. 21(2):5390-403
7. Passarge, E. (2009). Genética texto y atlas. Ed. Médica Panamericana.
8. Peña-Cruz AF, Patiño-Montoya A. (2017). Diferenciación temporal del perfil genético de la población de gatos de Cali, Colombia, en las últimas décadas. Rev Acad Colomb Cien Ex Fís Nat. 41:187–91. Disponible en: [http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0370-39082017000200187&lang=pt](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0370-39082017000200187&lang=pt).
9. Curtis, H., & Schneek, A. (2008). Curtis. Biología. Ed. Médica Panamericana.



10. Gobernación del Valle del Cauca. (2006). Restrepo. Calima Darien. Disponible en: <http://www.valledelcauca.gov.co/publicaciones.php?id=26>
11. Gobernación del Valle del Cauca. (2006). Restrepo. Calima Darien. Disponible en: <http://www.valledelcauca.gov.co/publicaciones.php?id=26>
12. Pierce BA. (2009). *Genética: Un enfoque conceptual*. Ed. Médica Panamericana.
13. Committee on Standardized Genetic Nomenclature for Cats. (1968). Standardized genetic nomenclature for the domestic cat. *J Hered* 59(1), 39-40,
14. Tamura K, Dudley J, Nei M & Kumar S (2016) MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 7.0, *Mol Biol Evol* 24:1596-1599.
15. Peakall, R. and Smouse P.E. (2012) GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*. 28, 2537-2539.
16. RStudio Team (2016). *RStudio: Integrated Development for R*. RStudio, Inc., Boston, MA.
17. Rosenfeld CS. (2009). Minireview Animal Models to Study Environmental Epigenetics. *Biol Reprod*. 488:473-88.
18. Kaelin CB, Xu X, Hong LZ, David VA, McGowan KA, Schmidt-Küntzel A, et al. (2012). Specifying and sustaining pigmentation patterns in domestic and wild cats. *Science*, 337(6101), 1536-41.
19. Geigy CA, Heid S, Steffen F, Danielson K. (2007). Does a pleiotropic gene explain deafness and blue irises in white cats ? *Vet. J.* 173(3):548-553.
20. Ryugo DK, y Menotti-Raymond M. (2012). Feline deafness. *Vet Clin North Am Small Anim Pr*. 42:1-36.
21. Ruiz-García M, y Alvarez 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. *Bol. Real Soc. Españ. Hist. Nat*, 95, 143-68.
22. Consejo municipal Restrepo-Valle. *Historia de Restrepo*. Disponible en: [http://www.concejo-restrepo-valle.gov.co/Publicaciones/recordando\\_la\\_historia\\_de\\_restrepo](http://www.concejo-restrepo-valle.gov.co/Publicaciones/recordando_la_historia_de_restrepo)
23. Gobernación del Valle del Cauca. Calima- el Darién. Disponible en <http://sis.valledelcauca.gov.co/plan-desarrollo/calima-el-dari%C3%A9n>
24. Henao JM, Arrubla G. (1920). *Historia de Colombia para la enseñanza secundaria*. Librería Colombiana, C. Roldán & Tamayo. Pp. 592.
25. Ottoni C, Van Neer W, De Cupere B, Daligault J, Guimaraes S, Peters J, Blescu A. (2017). The palaeogenetics of cat dispersal in the ancient world. *Nat. Ecol. & Evol.* 7: 139.