MARCADORES GENÉTICOS DEL PELAJE DEL GATO DOMÉSTICO *Felis catus* (FELIDAE) EN EL SUROCCIDENTE COLOMBIANO

MAURICIO PEÑUELA ARISTIZÁBAL



UNIVERSIDAD DEL VALLE

FACULTAD DE CIENCIAS

PROGRAMA ACADÉMICO DE BIOLOGÍA

SANTIAGO DE CALI

2012

MARCADORES GENÉTICOS DEL PELAJE DEL GATO DOMÉSTICO *Felis catus* (FELIDAE) EN EL SUROCCIDENTE COLOMBIANO

MAURICIO PEÑUELA ARISTIZÁBAL

UNIVERSIDAD DEL VALLE

FACULTAD DE CIENCIAS

PROGRAMA ACADÉMICO DE BIOLOGÍA

SANTIAGO DE CALI

2012

MARCADORES GENÉTICOS DEL PELAJE DEL GATO DOMÉSTICO *Felis catus* (FELIDAE) EN EL SUROCCIDENTE COLOMBIANO

MAURICIO PEÑUELA ARISTIZABAL

Trabajo de grado presentado como requisito parcial para optar al título de Biólogo

Director

ENRIQUE PARDO PEREZ

Biólogo, Ph. D.

Codirector

HEIBER CARDENAS HENAO

Biólogo, M. Sc.

UNIVERSIDAD DEL VALLE

FACULTAD DE CIENCIAS

PROGRAMA ACADÉMICO DE BIOLOGÍA

SANTIAGO DE CALI

2012

NOTA DE APROBACIÓN

El trabajo de grado titulado "Marcadores genéticos del pelaje del gato doméstico

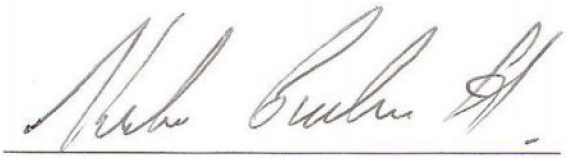
Felis catus (FELIDAE) en el suroccidente colombiano", presentado por el estudiante MAURICIO PEÑUELA ARISTIZABAL, para optar al título de Biólogo, fue revisado por el jurado y calificado como:

Aprobado



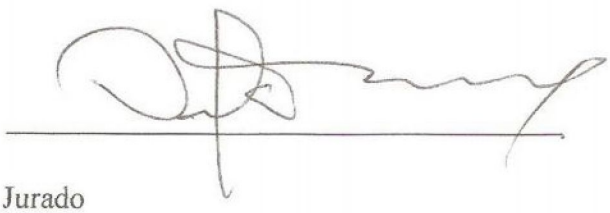
Enrique Pardo Pérez, Ph. D.

Director



Heiber Cárdenas Henao, M. Sc.

Codirector



Jurado

DEDICATORIA

Dedico este trabajo a mi madre Luz Clemencia Aristizábal por el incesante apoyo en todos los momentos de mi vida.

En memoria a la profesora Adriana Ruíz quien hizo parte de mi formación profesional y cultivó en mi el espíritu investigativo.

AGRADECIMIENTOS

Agradecimiento especial a Fanny Aristizábal, Carlos Alberto Duque, Teresa de Jesús Gómez y Leonardo Granobles por permitirme hospedarme en sus hogares durante el trabajo de campo. A Einer Orozco, Esteffania Carvajal, Juan David Guevara, Amparo Aristizábal, Yenifer Escobar, Sofia Úsuga, Rubén Pimienta, Diana Carabalí, Johana Pérez, Maurissio Bedoya y a los estudiantes del Grupo de Estudio y Trabajo en Genética (GETEG), por su acompañamiento y ayuda en el trabajo de muestreo. A John Janier Diaz y Luis Causil por sus comentarios durante el desarrollo del proyecto y finalmente, a las instituciones Paraíso de la mascota, Pazanimal de Cali, Huellas de vida de Palmira y Asociación defensora de animales ADA de Cartago, por permitir el desarrollo de la investigación con los individuos presentes en sus albergues.

TABLA DE CONTENIDO

Página

1. RESUMEN 1
2. INTRODUCCIÓN 2
3. MARCO TEÓRICO 3
4. OBJETIVOS 7
4.1 General 7
4.2 Específicos 7
4.3 Hipótesis 7
5. MATERIALES Y MÉTODOS 8
5.1 Recolección e identificación de datos 8
5.1.1. Muestreo 8
5.1.2. Identificación de los marcadores fenotípicos 9
5.1.3. Ubicación cromosómica de los loci estudiados 15
5.2. Análisis de datos 20
5.2.1. Equilibrio Hardy-Weinberg 20
5.2.2. Frecuencias alélicas 22
5.2.3. Índices de fijación y diversidad genética 22
5.2.4. Distancia genética 24
5.2.5. Distancia genética vs distancia geográfica 25
6. RESULTADOS 27
6.1. Equilibrio Hardy-Weinberg 27
6.2. Frecuencias alélicas 30
6.3. Índices de fijación y diversidad genética 34
6.4. Distancia genética 38
6.5. Distancia genética vs Distancia geográfica 38
7. DISCUSIÓN 49
8. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS 55
Anexo A. Locus Pigmentación base 59
Anexo B. Locus Dilute 60
Anexo C. Locus Agouti 61
Anexo D. Locus Ticked ó Abyssinian 62

Anexo E. Locus Tabby..... 63

Anexo F. Locus Dominant White..... 64

Anexo G. Locus Spotted White..... 65

Anexo H. Locus Inhibitor..... 66

Anexo J. Locus Orange..... 67

Anexo K. Locus Colour Repart..... 68

Anexo L. Locus Longitud del pelo..... 69

Anexo M. Locus Manx..... 70

Anexo N. Resultados del inventario fenotípico de los marcadores genéticos del pelaje en 12 municipios del suroccidente colombiano..... 71

Anexo P. Heterocigosidad de las subpoblaciones (Hs) de nueve marcadores genéticos del pelaje en *F. catus* de 12 municipios del suroccidente colombiano..... 72

Anexo Q. Promedio de las heterocigosidades en la población total (H_T) de nueve marcadores genéticos del pelaje en *F. catus* de 12 municipios del suroccidente colombiano..... 73

Anexo R. Heterocigosidad promedio observada de una subpoblación (H_O) de nueve marcadores genéticos del pelaje en *F. catus* de 12 municipios del suroccidente colombiano..... 74

Anexo S. Matriz de distancia geográfica de 12 municipios del suroccidente colombiano a partir de valores de latitud y longitud.....75

LISTA DE FIGURAS

Página

FIGURA 1: Mapa del suroccidente colombiano mostrando las localidades de estudio.... 9

FIGURA 2: Cariotipo del gato doméstico *Felis catus* y posiciones cromosómicas de los genes que afectan las características del pelaje. La flecha verde indica la ubicación del centrómero.....19

FIGURA 3: Dendrograma de algoritmo Neigbor joining con base en los valores de F_{ST} de nueve genes morfológicos de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.....38

FIGURA 4: Dendrograma de algoritmo UPGMA con base en los valores de F_{ST} de nueve genes morfológicos de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano..... 39

FIGURA 5: Dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en las distancias genéticas de Nei 1972, a partir de nueve genes morfológicos de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.....39

FIGURA 6: Dendrograma de algoritmo UPGMA con base en las distancias genéticas de Nei 1972, a partir de nueve genes morfológicos de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.....40

FIGURA 7: Dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en los valores de F_{ST} de nueve genes morfológicos de *F. catus* entre poblaciones de estudio y poblaciones colombianas. Poblaciones con el número 1 indican que ya habían sido inventariadas.....45

FIGURA 8: Dendrograma de algoritmo UPGMA con base en los valores de F_{ST} de nueve genes morfológicos de *F. catus* entre poblaciones de estudio y poblaciones colombianas. Poblaciones con el número 1 indican que habían sido inventariadas.....46

FIGURA 9: Dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en las distancias genéticas de Nei (1972) de nueve genes morfológicos de *F. catus* entre poblaciones de estudio y poblaciones colombianas. Poblaciones con el número 1 indican que habían sido inventariadas.....47

FIGURA 10: Dendrograma de algoritmo UPGMA con base en las distancias genéticas de Nei (1972) de nueve genes morfológicos de *F. catus* entre poblaciones de éste estudio y demás poblaciones colombianas. Poblaciones con el número 1 indican que ya habían sido inventariadas 48

LISTA DE TABLAS

Página

TABLA 1. Descripción de los loci estudiados, modificado a partir de Ruíz-García (1994)……..16

TABLA 2. Frecuencias de marcadores de pelaje obtenidas por estudiantes de Chirstensen en 1998 (Christensen 2000)……21

TABLA 3. Ejemplo hipotético para el cálculo de los índices de fijación……23

TABLA 4. Latitud y longitud de los municipios muestreados para la elaboración de la matriz de distancia geográfica……26

TABLA 5. Prueba X^2 para probar la hipótesis de equilibrio Hardy-Weinberg en el locus S de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano. Donde n corresponde al número de individuos inventariados por el locus en cada población……28

TABLA 6. Prueba X^2 que evalúa la hipótesis de equilibrio Hardy-Weinberg en el locus O de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano. n corresponde al número de individuos muestreados……29

TABLA 7. Frecuencias alélicas de 12 genes morfológicos que afectan las características del pelaje de *F.catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano…… 31

TABLA 8. Heterocigosidades de 12 loci morfológicos que afectan las características del pelaje de *F.catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano…… 32

TABLA 9. Desviaciones estándar de 12 loci morfológicos que afectan las características del pelaje de *F.catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano..... 33

TABLA 10. Índices de fijación F_{IS} obtenidos para la población de *F. catus* a partir de genes morfológicos del pelaje en 12 poblaciones del suroccidente colombiano. Números subrayados indican el mayor valor entre las comparaciones.....35

TABLA 11. Índices de fijación F_{IT} obtenidos para la población de *F. catus* a partir de genes morfológicos del pelaje en 12 poblaciones del suroccidente colombiano. Números subrayados indican el mayor valor entre las comparaciones..... 36

TABLA 12. Índices de fijación F_{ST} obtenidos para la población de *F. catus* a partir de genes morfológicos del pelaje en 12 poblaciones del suroccidente colombiano. Números subrayados indican el mayor valor entre las comparaciones..... 37

TABLA 13. Distancias genéticas de Nei 1972 (I) con base en nueve genes morfológicos del pelaje en *F. catus* de 12 municipios del suroccidente colombiano. Números subrayados indican el mayor valor entre las comparaciones..... 42

TABLA 14. Frecuencias alélicas de 8 ciudades colombianas publicadas por Ruíz-García y Álvarez (1999)..... 43

1. RESUMEN

Los marcadores de pelaje en gatos han sido útiles para establecer el origen de diversas poblaciones a nivel mundial. Estos perfiles genéticos se han visto afectados por eventos de migración histórica, distanciamiento geográfico, deriva genética y posiblemente sucesos selectivos. Se pueden evidenciar escalas genéticas espacio temporales al estudiar las frecuencias alélicas de estos marcadores. Las hipótesis de migración histórica a gran escala se ha confirmado en las últimas décadas, sin embargo, no se ha planteado la hipótesis de que migraciones cortas y temporalmente recientes puedan alterar los perfiles poblacionales. Este estudio estableció los perfiles génicos de 12 municipios continuos del suroccidente colombiano en un transepto citadino Pereira-Popayán, estimó el grado de diversidad y estructura genética, cuantificó el flujo de genes, determinó que no existía correlación significativa entre las matrices de distancia genética y geográfica entre poblaciones y contrastó estos resultados frente a los procesos de desplazamiento humano en esta región, determinando que el establecimiento de poblaciones felinas en estos municipios se originó en un periodo histórico muy similar y a partir de una misma población genética de origen, pues comparten perfiles genéticos idénticos como resultado de eventos de colonización y de la posible migración continua entre estas poblaciones.

2. INTRODUCCIÓN

En el ùltimo siglo los marcadores genéticos del pelaje en gatos domésticos *Felis catus* (Felidae) se han convertido en una herramienta útil para el estudio de la genética de poblaciones, puesto que presentan los diferentes tipos de herencia y fenómenos como epístasis y codominancia que enriquecen la investigación. A partir del inventario de las frecuencias alélicas de los diferentes loci que afectan la coloración, la distribución y la longitud del pelaje se ha logrado establecer hipótesis de migración histórica a través del mundo, puesto a que esta especie ha sido una compañera fiel de los seres humanos. Investigaciones en la última década han logrado identificar las posiciones cromosómicas de gran parte de los genes estudiados, por lo que transformaron el trabajo genético clásico fenotípico a un inventario detallado de genes donde los cromosomas se convierten en las unidades. Los objetivos de este trabajo fueron revelar los perfiles genéticos poblacionales de gatos para 12 municipios del suroccidente colombiano, estimar el grado de diversidad y estructura genética de las poblaciones estudiadas, determinar la correlación existente entre las matrices de distancia genética y de distancia geográfica entre poblaciones y contrastar los resultados frente a los procesos de desplazamiento humano histórico para esta región, poniendo a prueba la hipótesis de que migraciones cortas y temporalmente recientes podrían influir en el grado de diversidad genética y estructura de las poblaciones. El trabajo de campo consistió en muestrear de hogar en hogar individuos felinos en los 12 municipios involucrados en el estudio, generando un tamaño muestral de 1482 individuos registrados fotográficamente e inventariados genéticamente para el análisis poblacional posterior.

3. MARCO TEÓRICO

Todas las razas de gatos (*Felis silvestris*) se pueden distinguir por los patrones de coloración de su pelaje, dado el particular interés de los humanos en los caracteres relacionados con éste. Los primeros registros de interacciones con el ser humano datan de la edad de piedra, aproximadamente desde el año 6000 a.C. en la isla de Chipre (Budiansky 2003). No obstante, la domesticación del gato se dió, probablemente, por primera vez en el Antiguo Egipto hacia el periodo 5000-3000 años a.c. (Case 2003). Si bien, *Felis silvestris* y el hombre moderno, tuvieron una amplia distribución en los continentes de África, Asia y Europa, los marcadores microsatélites nucleares y las secuencias de ADN mitocondrial, sugieren que el gato doméstico, *Felis silvestris catus,* está estrechamente relacionada con la subespecie *Felis silvestris lybica* del norte de África y Oriente Próximo, aunque se presenta un pequeño aporte con las subespecies *F. s. cafra, F. s. ornata* y *F. s. silvestris,* donde se sobreponen los hábitats (Lipinski et al. 2008, Driscoll et al. 2007).

Los romanos llevaron los gatos a sus hogares y a través del imperio. Lo que ocasionó que pronto se encontraran en el centro de Europa y Britania. El gato domestico también viajó hacia el este, probablemente, vía Babilonia entrando a India donde se conoce ha sido domesticado hace 2000 años (Vella et al. 1999).

Reportes históricos permiten hacer seguimiento detallado de algunos patrones de coloración. De esta manera, el alelo que codifica el patrón No-agouti común, actualmente, en países del Este del Mediterráneo, Francia (principalmente Marsella-Paris) e Inglaterra. Surgió al parecer en Grecia o Fenicia, esta es la razón por la que en Grecia se reportan frecuencias altas de este alelo, entre 0,74 y 0,62; al igual que en Oriente Próximo, con

frecuencias entre 0,57 y 0,72 (Todd & Kunz 1977). Grecia o Fenicia eran naciones antiguas caracterizadas por su activo comercio, gracias a esta actividad, éste alelo fue extendido hacia el oeste de Europa, a lo largo de los Valles del Ródano y del Sena, explicando así la alta frecuencia del gen a lo largo de Marsella y Paris, con frecuencias entre 0,271 y 0,448 (Ruiz-García 1994). Sin embargo, en la isla Marion de Sudáfrica, se ha reportado una frecuencia mayor a ésta, de 0,915 (Van Aarde et al. 1981), posible producto de un efecto fundador.

El alelo abbysinnian tabby o abisiano es característico, de la raza que lleva su nombre, la cual es una de las más antiguas y se cree tiene su origen en África (Eilert-Overbeck & Wegler 2010), principalmente en el Imperio del antiguo Egipto (Behrend 2003), aunque algunos autores lo ubican más hacia el sur, en Etiopia (Vella et al. 1999). El alelo mackerel tabby confiere un patrón de rayas ó atigrado es una característica silvestre de la especie en todas sus subespecies. Sin embargo Europa parece ser el origen del alelo blotched tabby (gatos estilo clásico, recesivo frente a mackerel) pues presenta altas frecuencias en el continente, llegando al punto de ser el tipo utilizado por Linneo para describir la especie (Searle 1959, Vella et al. 1999).

Por otro lado, el alelo siamés es originario de Tailandia (Case 2003, Eilert-Overbeck & Wegler 2010) y el primer registro se encontró en un libro de la ciudad de Ayudha, este data del 1350 y 1767 a.c. y describe al siamés, mencionando además como este gato era adorado en templos y criado por personas de la nobleza (Metz 2006). El alelo siamés es compartido por otras razas de origen asiático como el burmés y el birmano (Lipinski et al. 2008).

El alelo causante del pelo largo puede rastrearse hasta dos razas diferenciadas tempranamente (antes de 1800), el Gato de bosque noruego y el Persa de Irán. Si bien presentan orígenes geográficos distantes, los marcadores microsatélites las agrupan como razas de origen europeo (Lipinski et al 2008). Sin embargo, recientemente se determinaron que cuatro mutaciones independientes originaban el pelo largo en gatos, por lo que es muy probable que presente orígenes históricos diferentes (Kehler et al. 2007).

El origen del alelo O se dió en Asia Menor, pero a partir de ahí la probabilidad de encontrarlo decae en todas las direcciones, lo cual sugiere que no se extendió más allá de este continente por tierra (Budiansky, 2003). Hoy, además, es común encontrar el alelo O junto al alelo S (Spotted white) de diferente locus en lugares como Sicilia, islas mediterráneas españolas, costa norte y oeste de Escocia, islas Feroe e Islandia; aunque el gen S es más común en el este de Turquía y en las islas del Atlántico norte. Esto fue un claro indicio que estos dos genes se esparcieron juntos vía marítima, lo cual responde a la hipótesis del biólogo Neil Todd, cuya explicación gira en torno a que fueron los vikingos quienes extendieron dichos gatos con el alelo orange principalmente hacia la costa norte y oeste de Escocia y a las islas Feroe (Budiansky 2003).

Entonces, actividades comerciales o de transporte llevaron los diferentes alelos de los gatos desde África y Asia Menor a naciones como España, Portugal, entre otras, que al colonizar y establecerse en América, permitieron el ingreso de estos gatos y la distribución genética de los diferentes alelos estudiados (Ruíz-García & Álvarez 2003).

Estos perfiles genéticos de las poblaciones de gatos han servido para evaluar hipótesis de migración histórica de poblaciones coloniales de gatos en eventos transcontinentales, como

en los trabajos realizados por Blumenberg (1977) en colonias británicas, Todd y Lloyd (1984) el imperio portugués, Ruíz-García (1990) en el mediterraneo y Ruíz-García y Álvarez (2003) en el imperio español.

Actualmente, las densidades de gatos en medios rurales y pequeñas islas han oscilado entre 2 y 50 individuos /km^2, incrementado notablemente hasta llegar a 2350 individuos/km^2 en Ainoshima-Japón (Dards 1978, Izawa et al. 1982). Esta alta concentración de individuos en cascos urbanos ha facilitado el estudio de las frecuencias alélicas de las poblaciones, permitiendo inventariar estructuras genéticas a muchos niveles. Estas estructuras pueden variar a partir del distanciamiento o aislamiento geográfico, inclusive a pequeñas escalas (Ruíz-García & Álvarez 2000).

En este estudio se plantea una hipótesis de migración histórica en un espacio geográfico más reducido. En un transepto citadino desde Pereira hasta Popayán, atravesando el Valle del Cauca, se espera determinar los perfiles genéticos de 12 municipios y contrastarlos con migraciones humanas históricas en nuestro país. Esta región donde se plantea el estudio es de gran desarrollo económico nacional, debido a su intensa productividad agrícola, el asentamiento industrial y gran flujo de comercio por cercanía al principal puerto del pacífico. Todos estos factores han convertido al departamento del Valle del Cauca en un cruce entre diferentes culturas colombianas, que probablemente puede afectar los perfiles genéticos de gatos en eventos migratorios.

4. OBJETIVOS

4.1 OBJETIVO GENERAL

- Inventariar genéticamente las poblaciones de gatos domésticos de 12 municipios del suroccidente colombiano mediante marcadores genéticos del pelaje.

4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Revelar los perfiles genéticos poblacionales de gatos para 12 municipios del suroccidente colombiano entre Pereira y Popayán.
- Estimar el grado de diversidad y estructura genética de las poblaciones estudiadas.
- Determinar la correlación existente entre la matriz de distancia genética y la matriz de distancia geográfica entre poblaciones
- Contrastar los resultados frente a los procesos de desplazamiento humano histórico para esta región

4.3 HIPÓTESIS

- El grado de diversidad y estructura genética de las poblaciones se relaciona significativamente con los procesos de desplazamiento humano histórico para la región.

5. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1. Recolección e identificación de datos

5.1.1. Muestreo

En general el diseño de muestreo consistió en recorrer cada municipio y preguntar en cada vivienda por la pertenencia de mascotas felinas. En los hogares donde la respuesta fue afirmativa se solicitó el permiso de fotografiar a los animales y proceder a la recolección de metadatos como sexo, nombre de la mascota, nombre del amo, teléfono de contacto, dirección, edad en meses y si se encontraban esterilizados. En el caso de las hembras se indagó sobre el número de partos a lo largo de su vida y el número de individuos por camada en cada parto. En algunos municipios se realizaron visitas a albergues ó fundaciones refugio de individuos abandonados. Se realizó el muestreo fotográfico correspondiente, sin embargo para estos casos no se pudieron recolectar metadatos por la inexistencia de la información. Debido al estado de esterilización de estos animales en el refugio no se realizó el sexado de estos individuos.

El trabajo de muestreo se realizó a través de un transepto citadino en municipios del suroccidente colombiano. Se abarcaron tres departamentos que cubren la región de estudio del valle biogeográfico. Los municipios muestreados de norte a sur y el número de individuos por municipio fueron; Pereira (97) en el departamento de Risaralda; Cartago (193), Obando (67), Bugalagrande (72), Tuluá (141), Buga (147), Palmira (93), Cali (267) y Jamundí (97) en el departamento del Valle del Cauca; Santander de Quilichao (71), Piendamó (72) y Popayán (165) en el departamento del Cauca. Para un total de 1482 individuos (Figura 1).

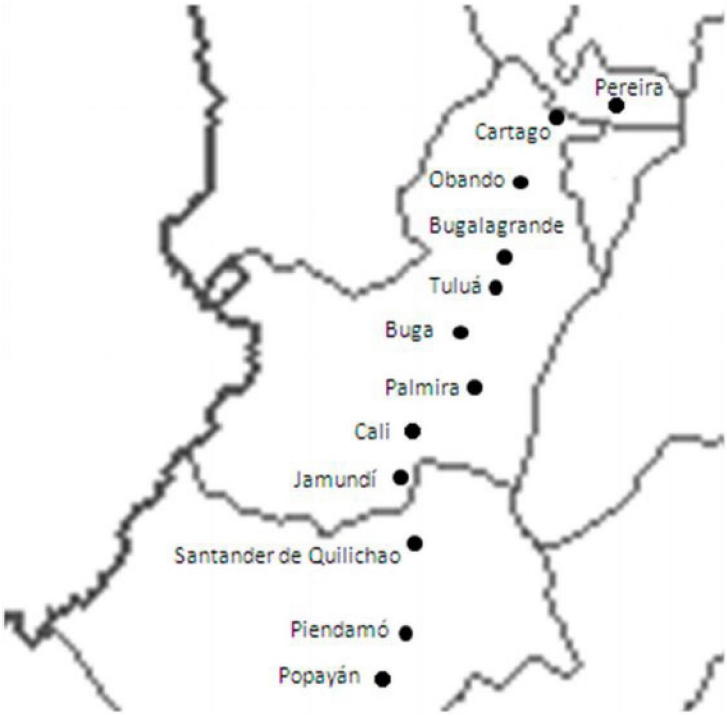


Figura 1. Mapa del suroccidente colombiano mostrando las localidades de estudio.

5.1.2. Identificación de los marcadores fenotípicos

La apariencia, coloración y diseño del pelaje del gato doméstico se establece a partir de la combinación de diferentes juegos de genes, varios loci en su mayoría autosómicos y algunos con peculiaridades de dominancia incompleta, epístasis, hasta albinismo. Estos conocimientos han permitido a través del tiempo establecer las diferentes razas y linajes de gatos domésticos, además del inventario genético de muchas poblaciones a nivel mundial.

La nomenclatura genética utilizada se encuentra en parte en concordancia con la propuesta por el "Committee on Standardized Genetic Nomenclature for Cats (1968)". La discrepancia actual reside en el mapeo de las posiciones cromosómicas que configuran los patrones Tabby. Por lo que se descubrió que el alelo Abyssinian no pertenece al mismo

locus donde se encuentran los genes Mackerel y Blotched, ubicandose en un cromosoma diferente. Sin embargo desempeña un papel epistático ante estos genes y es posible su reconocimiento en estado heterocigoto debido a su dominancia incompleta.

Locus Pigmentación base: la coloración base del animal, es determinada a partir de un locus con varios alelos. El gen Black (B) de naturaleza dominante genera como base un color negro, este gen se encarga de la síntesis de eumelanina (pigmento negro). La poca concentración o intermitencia del pigmento puede provocar diferentes coloraciones. Así, la coloración negra será causada por los genotipos BB ó B-. Existen otros dos alelos para este locus. El alelo Brown (b) es recesivo respecto a B y genera una pigmentación chocolate partiendo de la transformación del pigmento negro. Por consiguiente los gatos con genotipo (bb), serán de color chocolate. Existe un último alelo recesivo frente a los dos alelos anteriores, el alelo (bl) genera una coloración canela o carmelita que solo puede observarse en gatos homocigotos para este gen, debido a que es recesivo frente a B y b. Algunos gatos BB ó B- presentan un color parduzco en el pelaje, puede ser ocasionado por dieta deficiente en Tirosina ó pelaje antiguo, debido a que este aminoácido es el punto de inicio para la síntesis de melanina (Anexo A).

Locus Dilute: el gen que ocasiona el diluido en la coloración del pelaje en gatos es de naturaleza recesiva. Por consiguiente la homocigosis del alelo Dilute (d) generará un efecto diluido sobre la coloración del pelaje, mientras que el alelo silvestre dominante (D) permitirá un color sólido conocido también como Full colour. El alelo d afecta la distribución de los gránulos de pigmentos haciéndola mas heterogénea (Anexo B).

Locus Agouti: es de gran importancia, la palabra proviene de la semejanza al pelaje de los Agutis. El gen Agouti (A) es de naturaleza dominante y es normal encontrarlo en el pelaje de muchos mamíferos silvestres. Este alelo silvestre A genera la síntesis de feomelanina un pigmento amarillento, que intercala su expresión con eumelanina (pigmento base), generando un patrón de bandas en el pelaje del animal. El alelo recesivo es una condición denominada No-Agouti (a) y genera una pigmentación uniforme a lo largo del pelo, impidiendo la síntesis de feomelanina. Por lo tanto, los gatos con genotipo aa presentaran un pelaje uniforme en vez de un pelaje bandeado (Anexo C).

Locus Ticked ó Abyssinian: se encuentra condicionado a la presencia del gen A, pues solo es posible su determinación en individuos con genotipo (A-). El alelo Ticked ó Abyssinian Ti(A) es de origen africano y codifica para un patrón libre de figuras en el manto pues enmascara los dibujos sobre el pelaje producto del locus Tabby. El alelo Ti(A) es codominante por lo que en estado heterocigoto con el alelo silvestre Ti(+) permite la expresión de los dibujos Tabby en rostro, patas y cola. Los individuos homocigotos para los alelos silvestres Ti(+)Ti(+) exhibirán sus patrones Tabby de forma ininterrumpida (Anexo D). Este locus fue reciente descubierto y descrito por Eizirik et al. (2010).

Locus Tabby: al igual que el locus Ticked solo es posible su inventario en individuos que presenten el gen A. El locus Tabby presenta el alelo Mackerel ó atigrado Ta(M), es el alelo silvestre de naturaleza dominante y expresa un patrón de líneas en el manto del individuo. El alelo Blotched ó clásico Ta(b) es recesivo y en homocigosis exhibe tres líneas longitudinales y paralelas a lo largo de la columna vertebral, un dibujo en forma de mariposa en los hombros y unas circunvoluciones en los flancos (Anexo E). Las mayores frecuencias alélicas de Ta(b) se encuentran en Europa por lo que se plantea la hipótesis que

sea su centro de origen (Searle, 1959). La separación de este locus y el locus Ticked también fue producto del trabajo realizado por Eizirik et al. (2010).

Locus Dominant white: el alelo "Dominant white" ó Blanco dominante (W), enmascara todos los colores, siendo epistático para los otros loci. Este gen previene la normal replicación y migración de las células del pigmento en el desarrollo embrionario. Los gatos sin este alelo, con el genotipo (ww) presentan una pigmentación normal. Es posible observar manchas de colores en gatos jóvenes W-, estas manchas dan pista de la pigmentación oculta del gato. Sin embargo, desaparecen en el crecimiento (Anexo F).

Locus Spotted white: causa la inhibición en la pigmentación del pelaje, sin embargo al contrario de W, este gen solo afecta parte del fenotipo. El alelo manchado Spotted white ó Manchado de blanco (S) ocasiona parches sin pigmentación en un fenotipo con coloración normal. La naturaleza de este alelo es de dominancia incompleta, lo que indica que es posible reconocer el estado heterocigoto. Por lo tanto, un gato recesivo para el gen manchado de blanco genotipo (ss), presentara un pelaje libre de manchas blancas. Un individuo heterocigoto genotipo (Ss), puede presentar manchas blancas en cualquier parte del cuerpo, no obstante la coloración base del animal continuará estando en el mayor área del cuerpo. El genotipo (SS), será de pelaje blanco en su mayoría, pero a diferencia del alelo W, el gen S nunca enmascara totalmente la pigmentación base del animal, por lo que siempre quedará rastro de coloración en cola, cara u otras partes del cuerpo. Los genotipos Ss y SS pueden presentar formas variadas de expresión, inclusive es posible observar un espectro en cuanto a la cantidad del cuerpo que se encuentra manchado de blanco. En algunas ocasiones los individuos pueden ser la mitad blancos y la mitad de la pigmentación base, este fenotipo se conoce como gatos bicolor y no es posible predecir el genotipo con

exactitud. Así que en estos casos para este estudio solo se inventario el genotipo como Ss (Anexo G).

Locus Inhibitor: el alelo Inhibitor ó Silver afecta al color del manto del gato, blanqueándolo ó plateándolo. El alelo que codifica para esta mutación es de naturaleza dominante (I). Se aplica el termino Silver ó Plateado en gatos Tabby (es decir que presentan el genotipo A-) donde afecta la feomelanina remplazando su color amarillento por un color blanco, y se aplica el termino Smoke ó Humo en gatos de color sólido (genotipo aa) donde es evidenciable la expresión por presentar la base del cabello despigmentada (Anexo H). Existen diferentes expresiones de este alelo, algunas alteraciones pueden deberse a la longitud del pelo del animal y a la presencia del alelo d.

Locus Orange: la coloración naranja ó rojiza es producida por la expresión del gen Orange (O), este gen es ligado al sexo y se encuentra en el cromosoma X. Su acción consiste en remplazar la eumelanina (pigmento base) por feomelanina (pigmento amarillento). Dado a su naturaleza ligada al cromosoma X presenta varias expresiones. Cuando el individuo es macho y presenta este alelo (OY), solo existe la opción de que sea todo de color naranja, las hembras también pueden presentar todo su pelaje naranja pero su genotipo debe de ser (OO). Los individuos heterocigotos son necesariamente hembras (Oo) y presentan un fenotipo denominado gata Carey, Tortoise ó tortuga, se produce por la inactivación y activación de diferentes cromosomas X durante el desarrollo embrionario. Por motivos de migraciones históricas, es frecuente encontrar los locus Orange y Manchado de blanco en los mismos individuos. Esto genera que los gatos naranjas presenten parches blancos y las gatas heterocigotas desarrollen una condición conocida como Tricolor. Las gatas tricolor (OoS-) exhiben tres coloraciones, una es la capa del pelaje base, la segunda el Orange y por

último el manchado de blanco. Es posible la existencia de machos tortuga o tricolor pero este fenómeno es debido a aberraciones cromosómicas. Debido a la condición de dominancia incompleta de S, estos animales pueden presentar todos los tipos de variación descritos para este locus. Es necesario resaltar que debido a que el gen Orange remplaza la eumelanina por feomelania, no se puede diferenciar en el área pigmentada de naranja entre el fenotipo Agouti (A-) del No-agouti (aa) (Anexo J).

Locus Colour repart: El reparto del color es una condición originada en un locus con varios alelos y se dice que la serie de dominancia incompleta, debido a que no se pueden asignar ordenes estrictos. El gen (C) es responsable de que el pelaje se encuentre todo coloreado sin zonas melanizadas, el alelo C solo debe estar presente una vez, para codificar esta expresión (es decir fenotipo normal como los expuestos anteriormente). El alelo Siamés (cs) pertenece a la serie de albinismo, es recesivo frente a C y debe encontrarse en estado homocigoto u heterocigoto frente a otros alelos recesivos para generar la coloración punteada. Este alelo en homocigosis expresa un fenotipo melanizado en las partes distales del cuerpo, como el hocico, las orejas, patas, cola y testículos, el resto del cuerpo es de un color abano. Otro alelo conocido como el Burmés (cb) es recesivo frente a C y codifica para un fenotipo similar, sólo que el color del cuerpo no es abano, si no mucho más melanizado. Sin embargo, los alelos cs y cb interactúan para generar un fenotipo de color punteado, por lo tanto, para este estudio se inventarió el fenotipo punteado como (cscs) (Anexo K).

Locus Hair leght: La longitud del pelo es codificada por el gen Long hair ó de Pelo largo (l), es de naturaleza recesiva, por lo tanto debe encontrarse en homocigosis para generar

esta condición. Este alelo expresa una mayor longitud del cabello y no interfiere con la coloración producida por otros genes (Anexo L).

Locus Manx: El alelo Manx ó de Cola corta (M), es de naturaleza dominante y es originario de la isla de Man en el Reino Unido. Solo es posible observarlo en estado heterocigoto (Mm), debido a que su homocigosis es letal durante el desarrollo embrionario (Anexo M).

Las diferentes combinaciones de los genes anteriormente descritos, permiten el desarrollo de diversos patrones de coloración, textura y longitud del pelaje. Muchas razas se han enfocado a manejar combinaciones de estas frecuencias alélicas, A continuación se presenta un resumen, la (Tabla 1), tabla modificada de Ruíz-García (1994)

5.1.3. Ubicación cromosómica de los loci estudiados

Recientes estudios a nivel molecular a partir de la secuenciación total del genoma del gato, han realizado el mapeo genético de la mayoría de los genes aquí estudiados que afectan las características fenotípicas del pelaje. Esto reconfigura la visión del trabajo genético realizado, pues transforma el trabajo clásico de características fenotípicas a un inventario genotípico que tiene en cuenta la ubicación cromosómica de cada uno de los loci convirtiendo a los cromosomas en las unidades muéstrales.

Locus Pigmentación base: el alelo Black B es el tipo silvestre normal de coloración negra. El alelo Brown b es causado por mutaciones en la proteína 1 relacionada con la tirosinasa (TYRP1). El fenotipo canela bl es consistente con la mutación C a T en la posición 298 que

causa el remplazo del aminoácido 100 arginina por el codón de parada UGA (Lyons et al. 2005). El fenotipo Brown es asociado con una mutación en el intrón 6 que potencialmente interrumpe la corriente de empalme de reconocimiento del exón 6 (Lyons et al. 2005). El gen TYRP1 se encuentra en el cromosoma D4 en la posición 28084555-28103080.

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

Locus	Alelo	Características
O (ligado al sexo)	o	Silvestre; pigmentación no naranja
	O	Mutante; toda la pigmentación es naranja; epistático para la detención del locus A
A (autosómico)	A	Silvestre; color Agouti
	a	Mutante; color No-agouti; un mismo color; color negro; epistático para la observación del locus T
Ti (autosómico)	Ti(A)	Mutante; Abisinio ó Abyssinian tabby; Codominante; este alelo es poco frecuente; enmascara Ta
	Ti(+)	Silvestre; no Abisinio; no enmascara Ta
Ta (autosómico)	Ta(+)	Silvestre; atigrado ó mackerel tabby; dominante para t^b
	Ta(b)	Mutante; clásico ó blotched tabby; recesivo
D (autosómico)	D	Silvestre; color denso
	d	Mutante; color diluido; recesivo
L (autosómico)	L	Silvestre; pelo corto
	l	Mutante; pelo largo; recesivo
S (autosómico)	s	Silvestre; sin manchas blancas
	S	Mutante; manchado de blanco; codominante
W (autosómico)	w	Silvestre; color normal
	W	Mutante; color blanco; epistático para todos los otros colores
C (autosómico)	C	Silvestre; a todo color
	c^s	Mutante; color siamés (semi-albinismo)
M (autosómico)	m	Silvestre; cola normal
	M	Mutante; Manx (cola corta ó sin cola); homocigoto (MM) es letal

Locus Dilute: el alelo Dilute d es ocasionado por una delección en un par de bases posición 83 en el exón 2 de la transcripción de la MLPH, lo cual introduce un codón de parada en el aminoácido 11, resultando en el truncamiento de la mayor parte de la proteína MLPH (Ishida et al. 2006). El gen MLPH se encuentra en el cromosoma C1 en la posición 227566542-227614853.

Locus Agouti: El alelo No-Agouti a es ocasionado por una delección en los nucleótidos 123-124 que induce un cambio en la estructura proteínica prediciendo una perdida completa del dominio activo C-terminal del gen ASIP (Eizirik et al. 2003). El gen ASIP se encuentra en el cromosoma A3 en la posición 4090819-4096516.

Locus Ticked ó Abyssinian: este locus se localiza en la región ~3.8-Mb del cromosoma B1 (Eizirik et al. 2010)

Locus Tabby: este locus se localiza en la región ~5-Mb del cromosoma B1 (Eizirik et al. 2010).

Locus Spotted white: el mapeo cromosómico realizado para este locus indica que el gen KIT u otro gen en la región cercana, son los candidatos para la posición del alelo Spotted white en gatos. El factor de crecimiento derivado de las plaquetas (PDGFRA) es también un fuerte candidato, asumiendo que el grupo de ligamiento KIT-PDGFRA se conserva en muchas especies de mamíferos y también se conserva en el gato (Copper et al. 2006). El gen KIT se ubica en el cromosoma B1 en la posición 183357332-183458638.

Locus Inhibitor: El locus Inhibitor ó Silver se localiza en una región de 3.3-Mb (95.87-99.21 Mb) del cromosoma D2 (Menotti-Raymond et al. 2009).

Locus Orange: se localiza entre los 106 y 116.8-Mb en el cromosoma X (Schmidt-Kuntzel et al. 2009).

Locus Colour repart: el gen TYR asociado con fenotipos similares en otras especies, también ocasiona estos fenotipos en el gato. Un SNP asociado con el fenotipo Siamés está en el exón 2, una transición G>A cambia glicina por arginina (G302R). El SNP asociado con el fenotipo Burmés esta en el exón 1, la transversión G>T cambia la glicina por triptófano (G227W) (Lyons et al. 2005). El gen TYR se encuentra en la posición 70504097-70597669 del cromosoma D1.

Locus Long hair: este locus se encuentra en una región de 10-Mb en el cromosoma B1 la cual contiene el gen Factor 5 de Crecimiento del Fibroblasto (FGF5). Análisis de secuenciación determinaron que cuatro mutaciones independientes interrumpen la actividad normal del FGF5. Estos cuatro alelos se han originado independientemente en la historia, sin embargo, interactúan entre ellos para expresar el fenotipo de pelo largo (Kehler et al. 2007). El gen FGF5 se encuentra en la posición 158450685-158504545 del cromosoma B1.

Los loci Dominant white y Manx se encuentran actualmente en investigación y próximamente se tendrá conocimiento de su ubicación cromosómica (L. Lyons, com. Per.).

Con base en la información publicada, se diagramó el cariotipo de *F. catus* y se posicionaron los marcadores genéticos del pelaje en sus respectivos cromosomas (Figura 2).

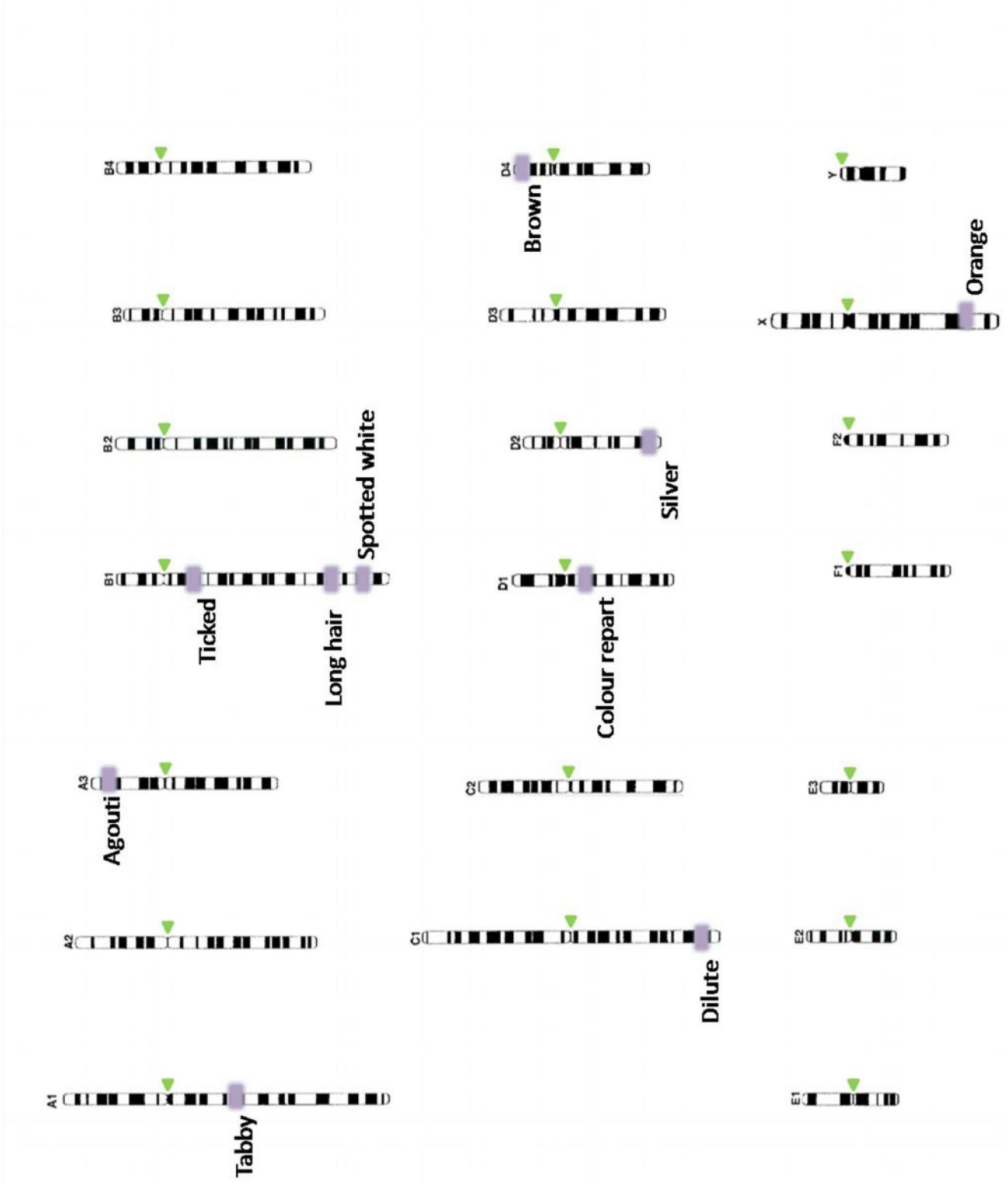


Figura 2. Cariotipo del gato doméstico *Felis catus* y posiciones cromosómicas de los genes que afectan las características del pelaje. La flecha verde indica la ubicación del centrómero

5.2 Análisis de datos

5.2.1. Equilibrio Hardy-Weinberg

Para aplicar este concepto se debe tener en cuenta sus asunciones teóricas (tamaño poblacional infinito, apareamiento aleatorio, ausencia de migración, mutación o selección), además que las frecuencias alélicas no cambian a través del tiempo y que las frecuencias fenotípicas pueden ser derivadas de las frecuencias alélicas como $p^2 + 2pq + q^2$. Si las poblaciones se encuentran en equilibrio Hardy-Weinberg las asunciones pueden ser validadas. A continuación Christensen (2000) explica claramente como calcular el equilibrio Hardy-Weinberg a partir de datos fenotípicos de marcadores de pelaje en gatos. Utiliza los datos obtenidos por sus estudiantes en 1998 (Tabla 2).

Por ejemplo, con los datos colectados para el locus S, las heterocigosidades pueden ser contadas y los alelos pueden ser calculados directamente de la siguiente forma. El cálculo de la frecuencia alélica para S es $p = ((2 \times 18) + 104)) / (2 \times 231) = 0.30$. El cálculo de la frecuencia para s es $q = (104 + (2 \times 109)) / (2 \times 231) = 0.70$. Note que $p + q = 1$. Ahora podemos preguntarnos si la población se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg calculando las frecuencias esperadas para p y q, usando además la prueba X^2 (Chi-Cuadrado). Los valores esperados son $p^2 \times 231 = 21$ para el genotipo SS, $2pq \times 231 = 92$ para el genotipo Ss, y $q^2 \times 112$ para el genotipo ss. El análisis de X^2 da un valor p de 0.65 (1 g.l.), entonces la hipótesis de equilibrio Hardy-Weinberg puede ser aceptada.

Tabla 2. Frecuencias de marcadores de pelaje obtenidas por estudiantes de Chirstensen en 1998 (Christensen 2000).

Genotipo	Número
Macho	118
Hembra	128
Desconocido	19
L_	168
ll	92
W_	26
ww	239
A_	100
aa	137
OY	30
oY	77
OO	9
Oo	37
oo	68
D_	175
dd	60
SS	18
Ss	104
ss	109
C_	235
scsc	4

También se pueden contar los alelos directamente del locus Orange, pero es un poco más complicado debido a que los machos solo presentan un alelo, mientras las hembras tienen dos. Para los datos de 1998, el calculo de p (para el alelo O) es (30 + 2 x 9) + 37) / (107 + (2 x 114)) = 0.25. La frecuencia alélica de q, ó del alelo o, es (77 + 37 + (2 x 68)) / (107 + (2 x 114)) = 0.75. Una vez mas, p + q = 1. El total de numero de alelos es el numero de machos más dos veces el numero de hembras, no dos veces el numero de gatos. A diferencia de Christensen (2000), en este estudio los valores esperados para machos y hembras se calculan respecto al total de machos y hembras muestreados. Así el valor esperado para machos OY es p x 107 = 26.75, el número esperado de machos oY es q x 107

/ 2 = 80.25, el número esperado de hembras OO es p^2 x 221/2 = 7, el número esperado de hembras Oo es 2pq x 114 = 42.75, y el número esperado de hembras oo es q^2 x 114 = 64.12. El análisis de X^2 da un valor p de 0.73 (3 g. l.), así que la hipótesis de Hardy-Weinberg puede ser aceptada.

5.2.2. Frecuencias alélicas

La ley de equilibrio de Hardy-Weinberg fue utilizada para estimar las frecuencias alélicas de los demás alelos. Así que para el ejemplo anterior la frecuencia de los gatos aa es 137 / 237, y es igual a q^2. Despejando q da un valor de 0.76, y p = 1- q = 0.24.

La heterocigosidad esperada fue calculada como $(1-\Sigma p_i^2)$ ó (2pq) y la desviación estándar de las frecuencias alélicas como $(\sqrt{pq/2n})$.

5.2.3. Índices de fijación y diversidad genética

Se calcularon los índices de fijación definidos por Wright (1951) con base en el cálculo de la endogamia de Wright. Heterocigosidad esperada dentro de las subpoblaciones (H_S), promedio de las heterocigosidades esperadas en la población total (H_T) y la heterocigosidad esperada promedio dentro de una subpoblación (H_O). Se utilizaron sólo los genes O, a, Ta(b), d, S, I, W, l y cs, para la estimación de estos índices.

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_O}{H_S} \qquad F_{IT} = \frac{H_T - H_O}{H_T} \qquad F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

Si se calculan los índices de fijación para los datos de la Tabla 3 tendremos,

$$\bar{q}\,total = 1/N \sum q = \frac{0.3 + 0.2 + 0.35 + 0.1 + 0.7 + 0.15 + 0.25}{7} = 0.293$$

$$H_S = \frac{0.406 + 0.420}{2} = 0.413$$

$$H_T = 2 * \bar{p}\,total * \bar{q}total = 2 * (1 - 0.293) * 0.293 = 0.414$$

$$H_O = 1/N \sum he = \frac{0.42 + 0.32 + 0.455 + 0.18 + 0.42 + 0.255 + 0.375}{7} = 0.346$$

Tabla 3. Ejemplo hipotético para el cálculo de los índices de fijación (Aguirre).

	Locus	q	he	$\bar{q}$	$\frac{\text{Hs}}{2pq}$
Población 1	1	0.300	0.420		
	2	0.200	0.320		
	3	0.350	0.455	0.283	0.406
Población 2	1	0.100	0.180		
	2	0.700	0.420		
	3	0.150	0.255		
	4	0.250	0.375	0.342	0.420

Por lo tanto:

$$H_S = 0.413 \quad H_T = 0.414 \quad H_O = 0.346$$

Así que,

$$F_{IS} = 0.162 \qquad F_{IT} = 0.164 \qquad F_{ST} = 0.0024$$

5.2.4. Distancia Genética

Se utilizaron las distancias genéticas de Nei 1972. Distancia genética (I) y distancia genética normalizada (D). Donde *i* corresponde los alelos, *xi, yi*, a las frecuencias alélicas en cada población. La probabilidad de identidad genética en la población *x* es:

$$j_x = \sum xi^2$$

La probabilidad de identidad genética en la población *y* es:

$$j_y = \sum yi^2$$

Y la probabilidad de identidad genética de un gen de *x* y un gen de *y* es:

$$j_{xy} = \sum xiy\, i$$

La identidad normalizada de los genes entre *x* y *y* con respecto al locus es definida como:

$$I_j = j_{xy}/\sqrt{j_x j_y}$$

La identidad normalizada de *x* y *y* con respecto a todos los loci esta definida como:

$$I = J_{xy}/\sqrt{J_x J_y}$$

Donde J_X, J_Y y J_{XY} son las medias aritméticas de j_x, j_y y j_{xy}, respectivamente. La distancia genética entre *x* y *y* esta definida como:

$$D = -log_e I$$

Las matrices obtenidas a partir del cálculo del F_{ST} de Wright y Nei 1972 fueron estimadas a partir de los genes O, a, Ta(b), d, S, I, W, l y cs. Estas matrices fueron computadas en el programa Mega5 utilizando los algoritmos Neighbor joining y UPGMA. También se realizaron estos mismos dendrogramas utilizando el mismo tipo de matrices para comparar los datos obtenidos en este estudio con datos publicados para poblaciones colombianas.

5.2.5. Distancia genética vs distancia geográfica

Para probar la hipótesis de que las distancias genéticas de las poblaciones se encuentran correlacionadas con las distancias geográficas, se realizó la prueba de Mantel con 999 repeticiones, utilizando las matrices del F_{ST} y distancias genéticas de Nei 1972 versus la matriz de distancia geográfica calculada a partir de la latitud y longitud de cada uno de los municipios (Tabla 4).

Tabla 4. Latitud y longitud de los municipios muestreados para la elaboración de la matriz de distancia geográfica.

Municipio	Latitud	Longitud
Pereira	4.800°	75.683°
Cartago	4.750°	75.900°
Obando	4.567°	76.033°
Bugalagrande	4.200°	76.167°
Tuluá	4.083°	76.200°
Buga	3.900°	76.300°
Palmira	3.517°	76.300°
Cali	3.450°	76.533°
Jamundí	3.283°	76.533°
Santander de Quilichao	3.017°	76.483°
Piendamó	2.633°	76.500°
Popayán	2.433°	76.617°

6. RESULTADOS

Se registraron fotográficamente un total de 1482 individuos, de los cuales se sexaron 1060. El 46.32% fueron machos y el 56.67% hembras. El promedio de edad entre individuos macho fue de 21.92 meses y en las hembras de 24.51. En hembras el número de partos promedio fue de 2.30. El número de individuos promedio en la primera, segunda y tercera camada fue de 3.59, 3.71, 3.97 y 3.94 respectivamente, siendo 3.70 el promedio total de individuos por camada en todos los partos. Por último, solo 22.17% de los machos se encontraron esterilizados versus un 31.13% de las hembras. Se realizó el inventario fenotípico teniendo en cuenta los tamaños muéstrales por población y por locus (Anexo N).

6.1. Equilibrio Hardy-Weinberg

Se estimó el equilibrio Hardy-Weinberg de los loci S y O, debido a que estos loci permiten la identificación de los heterocigotos. Todas las poblaciones evaluadas se encontraron en equilibrio Hardy-Weinberg para el locus S (Tabla 5). Sin embargo, para el locus O las poblaciones de Cali y la metapoblación no se encontraron en equilibrio (Tabla 6).

Tabla 5. Prueba X^2 para probar la hipótesis de equilibrio Hardy-Weinberg en el locus S de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano. n corresponde al número de individuos inventariados por el locus en cada población.

Municipio	n	SS	Ss	ss	SS	Ss	ss	$X2_{tabulado}$ ($2_{g.l.}$; P 0,05) = 5,991	p	Eq. H-W
		observados			esperados					
Pereira	92	19	45	28	18,72	45,56	27,72	0,01	0,99	si
Cartago	186	15	80	91	16,26	77,47	92,26	0,20	0,91	si
Obando	66	9	32	25	9,47	31,06	25,47	0,06	0,97	si
Bugalagrande	69	10	33	26	10,18	32,64	26,18	0,01	1,00	si
Tuluá	136	18	67	51	19,50	64,00	52,50	0,30	0,86	si
Buga	142	24	72	46	25,35	69,30	47,35	0,22	0,90	si
Palmira	89	10	48	31	12,99	42,02	33,99	1,80	0,41	si
Cali	262	26	127	109	30,57	117,85	113,57	1,58	0,45	si
Jamundí	94	7	48	39	10,22	41,55	42,22	2,26	0,32	si
Santander de Quilichao	68	7	32	29	7,78	30,44	29,78	0,18	0,91	si
Piendamó	68	8	32	28	8,47	31,06	28,47	0,06	0,97	si
Popayán	153	12	54	87	9,94	58,12	84,94	0,77	0,68	si
Total Metapoblación	1425	165	670	590	175,44	649,12	600,44	1,47	0,48	si

Tabla 6. Prueba X^2 para probar la hipótesis de equilibrio Hardy-Weinberg en el locus O de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano. n corresponde al número de individuos muestreados.

Ciudad	n	n♂	OY	oY	n♀	OO	Oo	oo
			observados Machos			observados Hembras		
Pereira	82	29	7	22	53	3	18	32
Cartago	113	51	10	41	62	5	22	35
Obando	47	24	4	20	23	4	8	11
Bugalagrande	60	27	7	20	33	4	12	17
Tuluá	113	57	13	44	56	1	16	39
Buga	120	62	9	53	58	4	11	43
Palmira	67	29	7	22	38	2	15	21
Cali	64	30	2	18	44	4	7	33
Jamundí	88	39	10	29	49	3	13	33
Santander de Quilichao	65	33	11	22	32	2	5	25
Piendamó	54	23	10	13	31	1	7	23
Popayán	129	70	25	45	59	6	19	34
Total Metapoblación	1002	464	115	349	538	39	153	346
	OY	oY	OO	Oo	oo	$X2_{tabulado}$	p	Eq H-W
	esperados Machos		esperados Hembras			$(4_{g.l.};P\ 0.05) = 9.488$		
Pereira	6.66	22.34	2.79	18.75	31.45	0.08	1.00	si
Cartago	12.24	38.76	3.57	22.62	35.81	1.07	0.90	si
Obando	6.86	17.14	1.88	9.39	11.73	3.86	0.42	si
Bugalagrande	7.84	19.16	2.78	13.60	16.62	0.73	0.95	si
Tuluá	10.46	46.54	1.88	16.78	37.34	1.54	0.82	si
Buga	9.75	52.25	1.44	15.38	41.19	3.54	0.47	si
Palmira	7.18	21.82	2.33	14.16	21.51	0.12	1.00	si
Cali	3.15	16.85	1.09	11.67	31.24	60.6	0.19	si
Jamundí	8.26	30.74	2.20	16.35	30.45	1.69	0.79	si
Santander de Quilichao	6.80	26.20	1.36	10.48	20.16	9.54	0.05	si
Piendamó	5.14	17.86	1.55	10.76	18.69	7.31	0.12	si
Popayán	20.85	49.15	5.23	24.68	29.09	3.58	0.47	si
Total Metapoblación	104.25	359.75	27.16	187.44	323.41	14.16	0.01	no

Frecuencias alélicas

Las tablas 7, 8 y 9 muestran las frecuencias alélicas, heterocigosidades y desviaciones estándar de los loci estudiados (Tabla 7, 8 y 9).

Las frecuencias alélicas más altas de O se encontraron en Popayán 0.2979 y Bugalagrande 0.2903 y las más bajas en Buga 0.1573 y Cali 0.1574. El alelo a presentó sus frecuencias alélicas más altas en Palmira 0.8358 y las más bajas en Santander de Quilichao 0.6922. El alelo Ti(A) solo se encontró en la ciudad de Popayán 0.0157 producto del inventario de un individuo heterocigoto. El alelo Ta(b) presentó las frecuencias más altas en la ciudad de Buga 0.3194 y la más baja en Bugalagrande donde no se inventario ni un solo individuo para este gen. El alelo d presentó sus frecuencias más altas en Santander de Quilichao 0.5145 y Cartago 0.5133, estando las más bajas en Buga 0.3753 y Cali 0.3765. El alelo S mostró su frecuencia más alta en Buga 0.4225 y la más baja en Popayán 0.2549. En general el alelo I tuvo frecuencias muy reducidas siendo la más alta Palmira 0.0465 y la más baja Pereira 0.0109. El alelo W también tuvo frecuencias bajas siendo Popayán la más alta 0.0282 y Obando la más baja 0.0075. El alelo l presentó su frecuencia más alta en Jamundí 0.5863 y la más baja en Cali 0.3462. El alelo cs exhibió su frecuencia alélica más alta en Buga 0.4596 y la más baja en Palmira 0.2596. El alelo M mostró solo frecuencias en Cartago 0.0026 y en Jamundí 0.0052, en ambos casos solo se inventarió un individuo heterocigoto. Finalmente, no se encontró frecuencias alélicas para b, lo que indica una total fijación del alelo contrario B en todas las poblaciones.

Tabla 7. Frecuencias alélicas de 12 genes morfológicos que afectan las características del pelaje de *F.catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.

Ciudad	**N**	**O**	a	Ti (A)	Ta (b)	d	S
Pereira	97	0,2296	0,7864	0,0000	0,1690	0,4890	0,4511
Cartago	193	0,2400	0,7926	0,0000	0,2000	0,5133	0,2957
Obando	67	0,2857	0,7825	0,0000	0,2000	0,4961	0,3788
Bugalagrande	72	0,2903	0,7303	0,0000	0,0000	0,4201	0,3841
Tuluá	141	0,1834	0,7268	0,0000	0,1873	0,4506	0,3787
Buga	147	0,1573	0,7488	0,0000	0,3194	0,3753	0,4225
Palmira	93	0,2476	0,8358	0,0000	0,2626	0,4129	0,3820
Cali	267	0,1574	0,7580	0,0000	0,2582	0,3765	0,3416
Jamundí	97	0,2117	0,7765	0,0000	0,0000	0,4423	0,3298
Santander de Quilichao	71	0,2062	0,6922	0,0000	0,2390	0,5145	0,3382
Piendamó	72	0,2235	0,7071	0,0000	0,1741	0,4405	0,3529
Popayán	165	0,2979	0,7783	0,0157	0,3360	0,4082	0,2549
Total Metapoblación	1482	0,2247	0,7647	0,0017	0,2345	0,4389	0,3509

Ciudad	**N**	I	W	l	cs	M	b
Pereira	97	0,0109	0,0156	0,4762	0,3403	0,0000	0,0000
Cartago	193	0,0300	0,0183	0,4665	0,2832	0,0026	0,0000
Obando	67	0,0230	0,0075	0,5183	0,3015	0,0000	0,0000
Bugalagrande	72	0,0458	0,0211	0,4893	0,3993	0,0000	0,0000
Tuluá	141	0,0344	0,0107	0,5335	0,3711	0,0000	0,0000
Buga	147	0,0179	0,0172	0,4730	0,4596	0,0000	0,0000
Palmira	93	0,0465	0,0217	0,5547	0,2596	0,0000	0,0000
Cali	267	0,0134	0,0094	0,3462	0,2826	0,0000	0,0000
Jamundí	97	0,0161	0,0156	0,5863	0,3719	0,0052	0,0000
Santander de Quilichao	71	0,0451	0,0214	0,5439	0,3638	0,0000	0,0000
Piendamó	72	0,0150	0,0282	0,5270	0,3430	0,0000	0,0000
Popayán	165	0,0305	0,0402	0,4553	0,3616	0,0000	0,0000
Total Metapoblación	1482	0,0254	0,0184	0,4797	0,3435	0,0007	0,0000

En total las heterocigosidades más altas se encontraron en los locus l 0.4992, d 0.4925 y S 0.4555. Mientras que las más bajas estuvieron en M 0.0013, Ti(A) 0.0033 y W 0,0361.

Tabla 8. Heterocigosidades de 12 loci morfológicos que afectan las características del pelaje de *F.catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.

Ciudad	**N**	**O**	a	Ti (A)	Ta (b)	d	S
Pereira	97	0,3538	0,3360	0,0000	0,2809	0,4998	0,4952
Cartago	193	0,3648	0,3288	0,0000	0,3200	0,4996	0,4165
Obando	67	0,4082	0,3404	0,0000	0,3200	0,5000	0,4706
Bugalagrande	72	0,4121	0,3939	0,0000	0,0000	0,4872	0,4731
Tuluá	141	0,2996	0,3971	0,0000	0,3045	0,4951	0,4706
Buga	147	0,2651	0,3762	0,0000	0,4348	0,4689	0,4880
Palmira	93	0,3726	0,2744	0,0000	0,3873	0,4848	0,4722
Cali	267	0,2653	0,3669	0,0000	0,3831	0,4695	0,4498
Jamundí	97	0,3337	0,3471	0,0000	0,0000	0,4933	0,4421
Santander de Quilichao	71	0,3273	0,4261	0,0000	0,3638	0,4996	0,4477
Piendamó	72	0,3471	0,4142	0,0000	0,2875	0,4929	0,4567
Popayán	165	0,4183	0,3451	0,0310	0,4462	0,4832	0,3799
Total Metapoblación	1482	0,3484	0,3598	0,0033	0,3590	0,4925	0,4555

Ciudad	**N**	I	W	l	cs	M	b
Pereira	97	0,0216	0,0307	0,4989	0,4490	0,0000	0,0000
Cartago	193	0,0582	0,0359	0,4978	0,4060	0,0052	0,0000
Obando	67	0,0449	0,0149	0,4993	0,4212	0,0000	0,0000
Bugalagrande	72	0,0875	0,0412	0,4998	0,4797	0,0000	0,0000
Tuluá	141	0,0665	0,0212	0,4977	0,4667	0,0000	0,0000
Buga	147	0,0351	0,0337	0,4985	0,4967	0,0000	0,0000
Palmira	93	0,0887	0,0425	0,4940	0,3845	0,0000	0,0000
Cali	267	0,0265	0,0186	0,4527	0,4055	0,0000	0,0000
Jamundí	97	0,0317	0,0307	0,4851	0,4672	0,0103	0,0000
Santander de Quilichao	71	0,0862	0,0418	0,4962	0,4629	0,0000	0,0000
Piendamó	72	0,0296	0,0548	0,4985	0,4507	0,0000	0,0000
Popayán	165	0,0591	0,0772	0,4960	0,4617	0,0000	0,0000
Total Metapoblación	1482	0,0496	0,0361	0,4992	0,4510	0,0013	0,0000

La desviación estándar total más alta se encontró en Ta(b) 0.0124 y la más baja en b 0.000.

Tabla 9. Desviaciones estándar de las frecuencias alélicas de 12 loci morfológicos que afectan las características del pelaje de *F.catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.

		O	a	Ti (A)	Ta (b)	d	S
Pereira	97	0,0328	0,0332	0,0000	0,0448	0,0369	0,0367
Cartago	193	0,0284	0,0230	0,0000	0,0327	0,0259	0,0237
Obando	67	0,0466	0,0417	0,0000	0,0566	0,0439	0,0422
Bugalagrande	72	0,0414	0,0468	0,0000	0,0000	0,0423	0,0414
Tuluá	141	0,0257	0,0306	0,0000	0,0365	0,0305	0,0294
Buga	147	0,0235	0,0296	0,0000	0,0471	0,0287	0,0293
Palmira	93	0,0373	0,0307	0,0000	0,0578	0,0371	0,0364
Cali	267	0,0322	0,0201	0,0000	0,0282	0,0212	0,0207
Jamundí	97	0,0308	0,0357	0,0000	0,0000	0,0366	0,0343
Santander de Quilichao	71	0,0355	0,0471	0,0000	0,0510	0,0429	0,0406
Piendamó	72	0,0401	0,0464	0,0000	0,0467	0,0429	0,0410
Popayán	165	0,0285	0,0288	0,0110	0,0424	0,0284	0,0249
Total Metapoblación	1482	0,0093	0,0090	0,0012	0,0124	0,0093	0,0089

		I	W	l	cs	M	b
Pereira	97	0,0077	0,0089	0,0359	0,0344	0,0000	0,0000
Cartago	193	0,0088	0,0068	0,0254	0,0233	0,0027	0,0000
Obando	67	0,0130	0,0074	0,0432	0,0399	0,0000	0,0000
Bugalagrande	72	0,0181	0,0120	0,0419	0,0417	0,0000	0,0000
Tuluá	141	0,0112	0,0061	0,0301	0,0291	0,0000	0,0000
Buga	147	0,0079	0,0076	0,0295	0,0296	0,0000	0,0000
Palmira	93	0,0159	0,0107	0,0368	0,0329	0,0000	0,0000
Cali	267	0,0050	0,0042	0,0206	0,0196	0,0000	0,0000
Jamundí	97	0,0092	0,0089	0,0355	0,0352	0,0056	0,0000
Santander de Quilichao	71	0,0178	0,0121	0,0418	0,0413	0,0000	0,0000
Piendamó	72	0,0105	0,0138	0,0416	0,0407	0,0000	0,0000
Popayán	165	0,0099	0,0108	0,0275	0,0275	0,0000	0,0000
Total Metapoblación	1482	0,0030	0,0025	0,0092	0,0089	0,0005	0,0000

6.2. Indices de fijación y diversidad genética

Se calcularon los índices de fijación definidos por Nei (1987) con base en el cálculo de la endogamia de Wright. Heterocigosidad dentro de las subpoblaciones (H_S), promedio de las heterocigosidades en la población total (H_T) y la heterocigosidad promedio observada dentro de una subpoblación (H_O), se presentan en (Anexo P, Q y R). Bajo la comprobación de la existencia de equilibrio Hardy-Weinberg se obtuvieron los índices de fijación F_{IS} (Tabla 10), F_{IT} (Tabla 11) y F_{ST} (Tabla 12).

En las matrices de los tres índices de fijación es posible observar la tendencia de valores más altos en comparaciones frente a una sola población. Así para el F_{IS} el municipio con menos parentesco entre la heterocigosidad observada dentro de la subpoblación y la heterocigosidad dentro de las subpoblaciones es Jamundí. Para el F_{IT} el municipio con menos parentesco entre la heterocigosidad observada dentro de la subpoblación y la heterocigosidades en la población total continua siendo Jamundí. Mientras que para el F_{ST} el municipio con menos parentesco entre la heterocigosidad dentro de las subpoblaciones y la heterocigosidad en la población total fue Cali seguido por Jamundí.

Tabla 10. Índices de fijación F_{IS} obtenidos para la población de *F. catus* a partir de genes morfológicos del pelaje en 12 poblaciones del suroccidente colombiano. Números subrayados indican el mayor valor entre las comparaciones.

	Pereira	Cartago	Obando	Bugalagrande	Tuluá	Buga	Palmira	Cali	Jamundí	Santander de Quilichao	Piendamó
Pereira											
Cartago	0,2508										
Obando	0,2494	0,2456									
Bugalagrande	0,2533	0,2494	0,2481								
Tuluá	0,2418	0,2378	0,2366	0,2403							
Buga	0,2395	0,2356	0,2344	0,2380	0,2266						
Palmira	0,2536	0,2498	0,2485	0,2523	0,2409	0,2386					
Cali	0,2391	0,2350	0,2338	0,2375	0,2257	0,2235	0,2382				
Jamundí	0,2823	0,2788	0,2770	0,2815	0,2695	0,2669	0,2812	0,2678			
Santander de Quilichao	0,2310	0,2269	0,2259	0,2293	0,2180	0,2160	0,2301	0,2145	0,2582		
Piendamó	0,2354	0,2314	0,2303	0,2338	0,2223	0,2202	0,2346	0,2190	0,2632	0,2115	
Popayán	0,2290	0,2249	0,2239	0,2273	0,2160	0,2140	0,2281	0,2125	0,2562	0,2054	0,2095

Tabla 11. Índices de fijación F_{IT} obtenidos para la población de *F. catus* a partir de genes morfológicos del pelaje en 12 poblaciones del suroccidente colombiano. Números subrayados indican el mayor valor entre las comparaciones.

	Pereira	Cartago	Obando	Bugalagrande	Tuluá	Buga	Palmira	Cali	Jamundí	Santander de Quilichao	Piendamó
Pereira											
Cartago	0,2509										
Obando	0,2494	0,2458									
Bugalagrande	0,2537	0,2494	0,2485								
Tuluá	0,2418	0,2378	0,2367	0,2404							
Buga	0,2395	0,2358	0,2344	0,2385	0,2268						
Palmira	0,2536	0,2502	0,2485	0,2529	0,2411	0,2387					
Cali	0,2411	0,2360	0,2361	0,2382	0,2269	0,2258	0,2408				
Jamundí	0,2828	0,2788	0,2776	0,2815	0,2696	0,2675	0,2820	0,2683			
Santander de Quilichao	0,2310	0,2271	0,2259	0,2296	0,2180	0,2160	0,2301	0,2165	0,2587		
Piendamó	0,2357	0,2314	0,2306	0,2338	0,2223	0,2206	0,2350	0,2198	0,2632	0,2118	
Popayán	0,2290	0,2250	0,2239	0,2276	0,2160	0,2140	0,2282	0,2145	0,2567	0,2054	0,2097

Tabla 12. Índices de fijación F_{ST} obtenidos para la población de *F. catus* a partir de genes morfológicos del pelaje en 12 poblaciones del suroccidente colombiano. Números subrayados indican el mayor valor entre las comparaciones.

	Pereira	Cartago	Obando	Bugalagrande	Tuluá	Buga	Palmira	Cali	Jamundí	Santander de Quilichao	Piendamó
Pereira											
Cartago	0,0002										
Obando	0,0000	0,0003									
Bugalagrande	0,0005	0,0001	0,0006								
Tuluá	0,0001	0,0000	0,0002	0,0001							
Buga	0,0000	0,0003	0,0000	0,0006	0,0002						
Palmira	0,0000	0,0005	0,0000	0,0008	0,0003	0,0000					
Cali	0,0026	0,0013	0,0029	0,0008	0,0016	0,0029	0,0033				
Jamundí	0,0007	0,0001	0,0008	0,0000	0,0002	0,0008	0,0011	0,0006			
Santander de Quilichao	0,0000	0,0002	0,0000	0,0005	0,0001	0,0000	0,0000	0,0026	0,0007		
Piendamó	0,0003	0,0000	0,0005	0,0000	0,0001	0,0005	0,0006	0,0011	0,0001	0,0003	
Popayán	0,0000	0,0002	0,0000	0,0005	0,0001	0,0000	0,0001	0,0026	0,0006	0,0000	0,0003

6.3. Distancia genética

Se estimó la distancia genética de Nei 1972 con base las frecuencias alélicas de los genes O, a, Ta(b), d, S, I, W, l y cs (Tabla 12).

Distancia genética vs distancia geográfica

Los valores obtenidos en las matrices del F_{ST} (Tabla 11, Figura 3 y 4) y las distancias genéticas de Nei 1972 (Tabla 12, Figura 5 Y 6) no presentaron correlación significativa frente a la matriz de distancia geográfica obtenida a partir de datos de latitud y longitud (Anexo S). Prueba de Mantel 999 repeticiones, F_{ST} (r^2= 0.03, p = 0.08) y Nei 1972 (r^2= 0.00, p = 0.380).

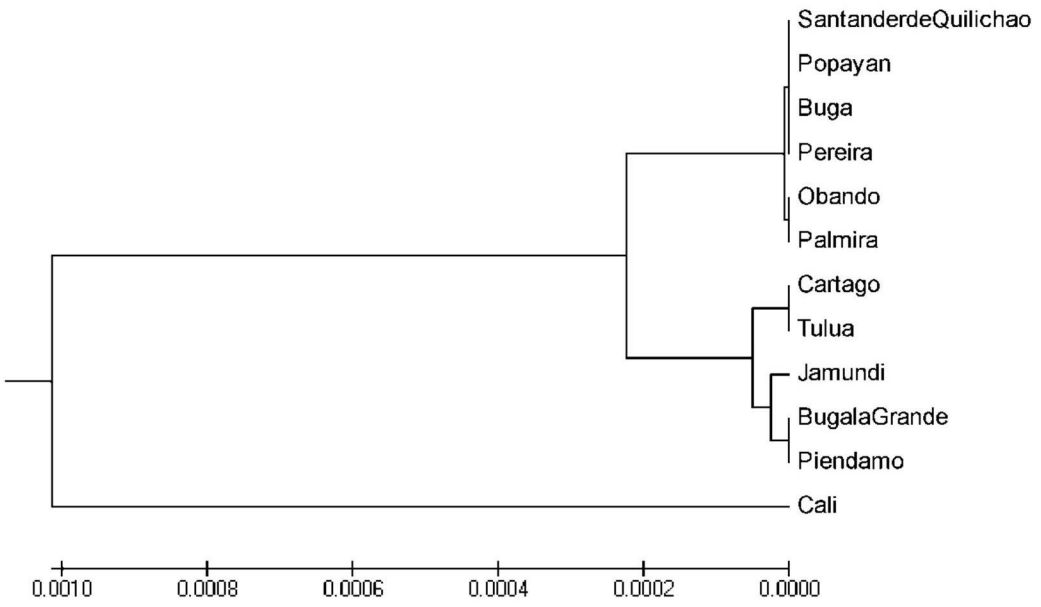


Figura 3. Dendrograma de algoritmo Neigbor joining con base en los valores de F_{ST} de nueve genes morfológicos de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.

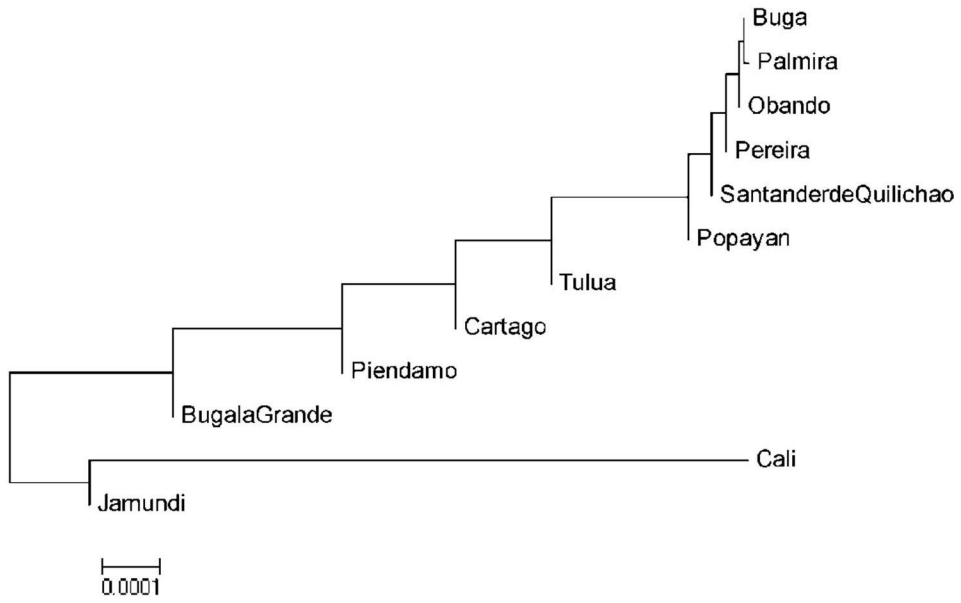


Figura 4. Dendrograma de algoritmo UPGMA con base en los valores de F_{ST} de nueve genes morfológicos de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.

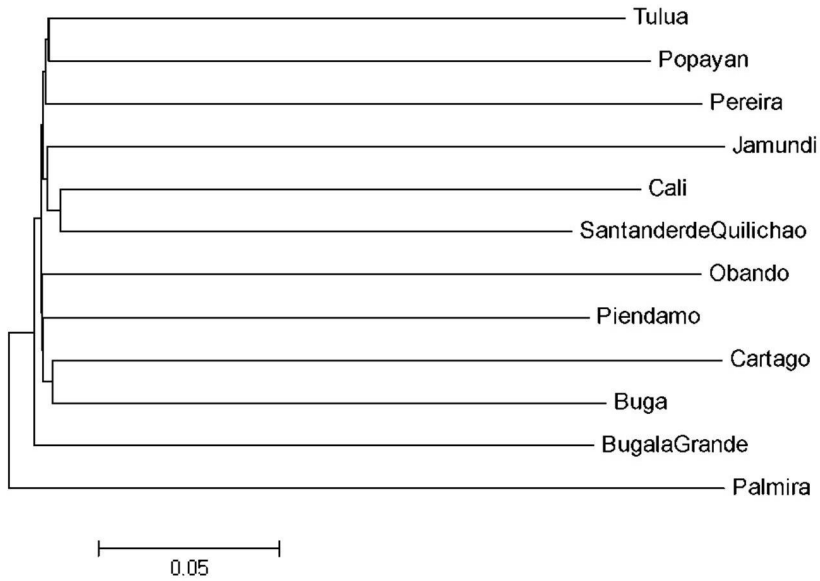


Figura 5. Dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en las distancias genéticas de Nei 1972, a partir de nueve genes morfológicos de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.

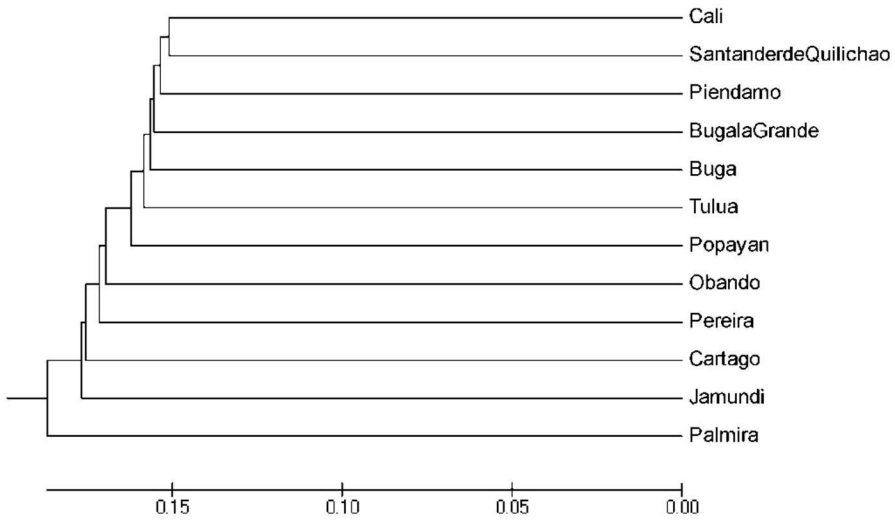


Figura 6. Dendrograma de algoritmo UPGMA con base en las distancias genéticas de Nei 1972, a partir de nueve genes morfológicos de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano.

El dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en los valores de F_{ST} de las poblaciones inventariadas (Figura 3), muestra dos grupos genéticos. El primero, conformado por Santander de Quilichao, Popayán, Buga, Pereira, Obando y Palmira. El segundo grupo está conformado por Cartago, Tuluá, Jamundí, Bugalagrande y Piendamó. Por fuera de todos estos grupos, quienes se unen a un nivel de 0.002 de disimilitud, se encuentra el municipio de Cali, quien solo encuentra agruparse a un nivel de 0.0010 de disimilitud. El dendrograma calculado con el algoritmo UPGMA para los mismos valores (Figura 4), generó una agrupación entre las ciudades de Buga, Palmira, Obando, Pereira, Santander de Quilichao y Popayán. Por fuera de esta agrupación pero cercana a ella se

encuentra Tuluá, quien a su vez se desprende de Cartago, esta última de Piendamó y Bugalagrande. Cali presenta el mayor grado de diferenciación ubicándose en una rama distante por fuera de la agrupación y Jamundí la acompaña en su separación pero no forma agrupación sólida con Cali.

El dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en las distancias genéticas de Nei (1972), no muestra agrupaciones cercanas como las mostradas por los F_{ST} (Figura 5). Acercan a Tuluá y Popayán con Pereira, a Jamundí con Cali y está con Santander de Qulichao, Cartago con Buga y a Palmira la discriminan de la sutil agrupación entre las demás poblaciones. El dendrograma de algoritmo UPGMA para los mismos valores (Figura 6), muestra una agrupación débil entre casi todas las agrupaciones, pero su orden de desprendimiento (relación) es el siguiente: Cali, Santander de Quilichao, Piendamó, Bugalagrande, Buga, Tuluá, Popayán, Obando, Pereira, Cartago, Jamundí y Palmira.

Los dendrogramas de algoritmos Neighbor joining y UPGMA con base a los valores de F_{ST} (Figura 7 y 8) y distancias genéticas de Nei 1972 (Figura 10 y 11) comparan las poblaciones del estudio frente a las poblaciones colombianas publicadas en Ruíz-García y Álvarez (1999) (Tabla 14).

La matriz de identidad genética (I) de Nei 1972 mostró sus valores más altos en la comparación de Palmira frente a los demás municipios (Tabla 13).

Tabla 13. Distancias genéticas de Nei 1972 (I) con base en nueve genes morfológicos del pelaje en *F. catus* de 12 municipios del suroccidente colombiano. Números subrayados indican el mayor valor entre las comparaciones.

	Pereira	Cartago	Obando	Bugalagrande	Tuluá	Buga	Palmira	Cali	Jamundí	Santander de Quilichao	Piendamó
Pereira											
Cartago	0,3722										
Obando	0,3662	0,3738									
Bugalagrande	0,3393	0,3415	0,3378								
Tuluá	0,3423	0,3458	0,3420	0,3186							
Buga	0,3390	0,3380	0,3343	0,3158	0,3188						
Palmira	0,3891	0,3974	0,3906	0,3593	0,3645	0,3599					
Cali	0,3502	0,3578	0,3465	0,3191	0,3205	0,3251	0,3752				
Jamundí	0,3686	0,3760	0,3711	0,3460	0,3515	0,3422	0,3980	0,3466			
Santander de Quilichao	0,3267	0,3332	0,3290	0,3036	0,3115	0,3020	0,3459	0,3018	0,3366		
Piendamó	0,3324	0,3372	0,3335	0,3099	0,3152	0,3082	0,3554	0,3109	0,3426	0,3033	
Popayán	0,3477	0,3596	0,3499	0,3233	0,3256	0,3278	0,3773	0,3406	0,3541	0,3112	0,3173

Tabla 14. Frecuencias alélicas de 8 ciudades colombianas publicadas por Ruíz-García y Álvarez (1999).

Localidad	N	O	a	Ta(b)	Ti(A)	d	l	S	W	I	cs	M
Bogotá	1105	0.186	0.858	0.182	0.000	0.346	0.338	0.209	0.009	0.005	0.235	0.000
Bucaramanga	261	0.133	0.871	0.109	0.000	0.316	0.288	0.236	0.002	0.010	0.277	0.000
Cali	280	0.193	0.839	0.180	0.000	0.471	0.330	0.319	0.005	0.000	0.269	0.000
Duitama	57	0.359	0.855	0.000	0.000	0.353	0.652	0.325	0.000	0.000	0.131	0.000
Ibagué	147	0.246	0.823	0.114	0.000	0.373	0.332	0.229	0.003	0.006	0.117	0.000
Leticia	125	0.184	0.612	0.267	0.000	0.000	0.000	0.142	0.000	0.000	0.000	0.000
Pasto	214	0.199	0.816	0.099	0.000	0.369	0.411	0.293	0.000	0.007	0.167	0.000
Popayán	204	0.140	0.857	0.267	0.000	0.488	0.276	0.280	0.007	0.000	0.173	0.000

El dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en los valores F_{ST} que compara las poblaciones de estudio con las demás poblaciones colombianas (Figura 7), evidencia una sólida agrupación entre las poblaciones estudiadas, inclusive incluyen los perfiles genéticos antiguos de Cali y Popayán a esta agrupación. Las demás poblaciones colombianas se alejaron cada vez más de formar esta agrupación y por último aparece Leticia con un perfil genético totalmente diferente a la tendencia contraria. El algoritmo UPGMA con base en los mismos valores une fuertemente a Santander de Quilichao, el actual muestreo de Popayán, Buga, Pereira, Obando, Palmira, Cartago, Tuluá, Jamundí, Bugalagrande y Piendamó. En otra agrupación cercana a la anterior aparecen el actual

muestreo de Cali, el antiguo muestreo de Popayán, el antiguo muestreo de Cali, Duitama, Pasto, Bogotá, Ibagué y Bucaramanga. Por fuera de estas agrupaciones muy alejadas se encuentra solitaria la población de Leticia.

El dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en las distancias genéticas de Nei (1972) que compara las poblaciones de estudio con las del resto del país (Figura 9). Muestran agrupaciones poco comprometidas entre todas las poblaciones diagramadas. Estas agrupaciones no muestran ninguna afinidad a las agrupaciones anteriores, asemejando a el antiguo muestreo de Cali con Obando, Tuluá con Ibagué, Piendamó con Bogotá, Pereira con Jamundí y Leticia, y a Santander de Quilichao con Bucaramanga. En el dengrograma en base al algoritmo UPGMA para los mismos valores, el panorama cambia y agrupa asi se de una manera muy distante a las poblaciones de estudio. Su orden de desprendimiento de mas similares a menos similares es: Santander de Quilichao, Leticia, Piendamó, Bugalagrande, Buga, Tuluá, actual muestreo de Cali, antiguo muestreo de Popayán, Obando, Pereira, Jamundí, Cartago, Palmira, Pasto, antiguo muestreo de Cali, Ibagué, Duitama, antiguo muestreo de Popayán, Bogotá y Bucaramanga.

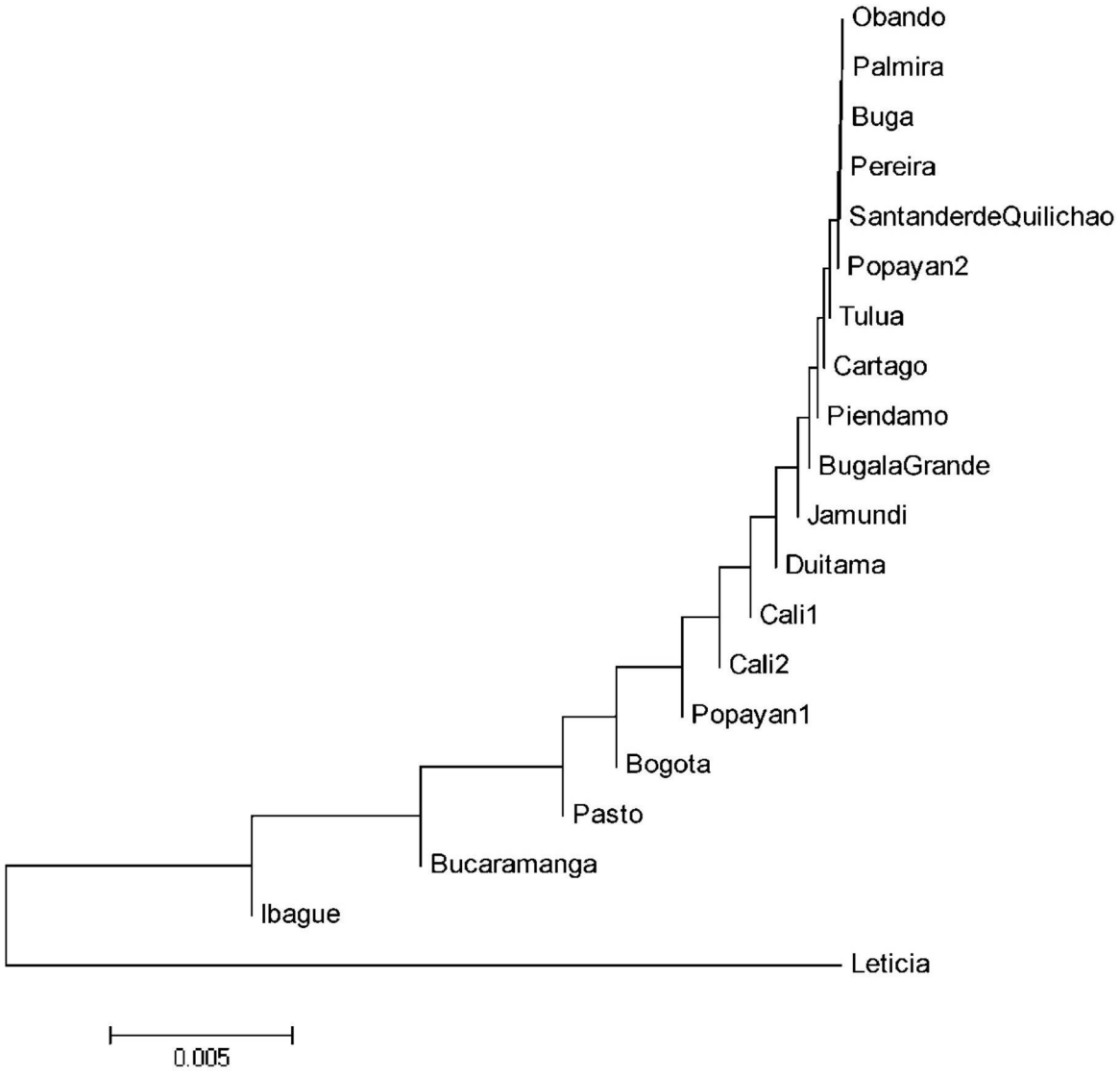


Figura 7. Dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en los valores de F_{ST} de nueve genes morfológicos de *F. catus* entre poblaciones de éste estudio y poblaciones colombianas. Poblaciones con el número 1 indican que habían sido inventariadas.

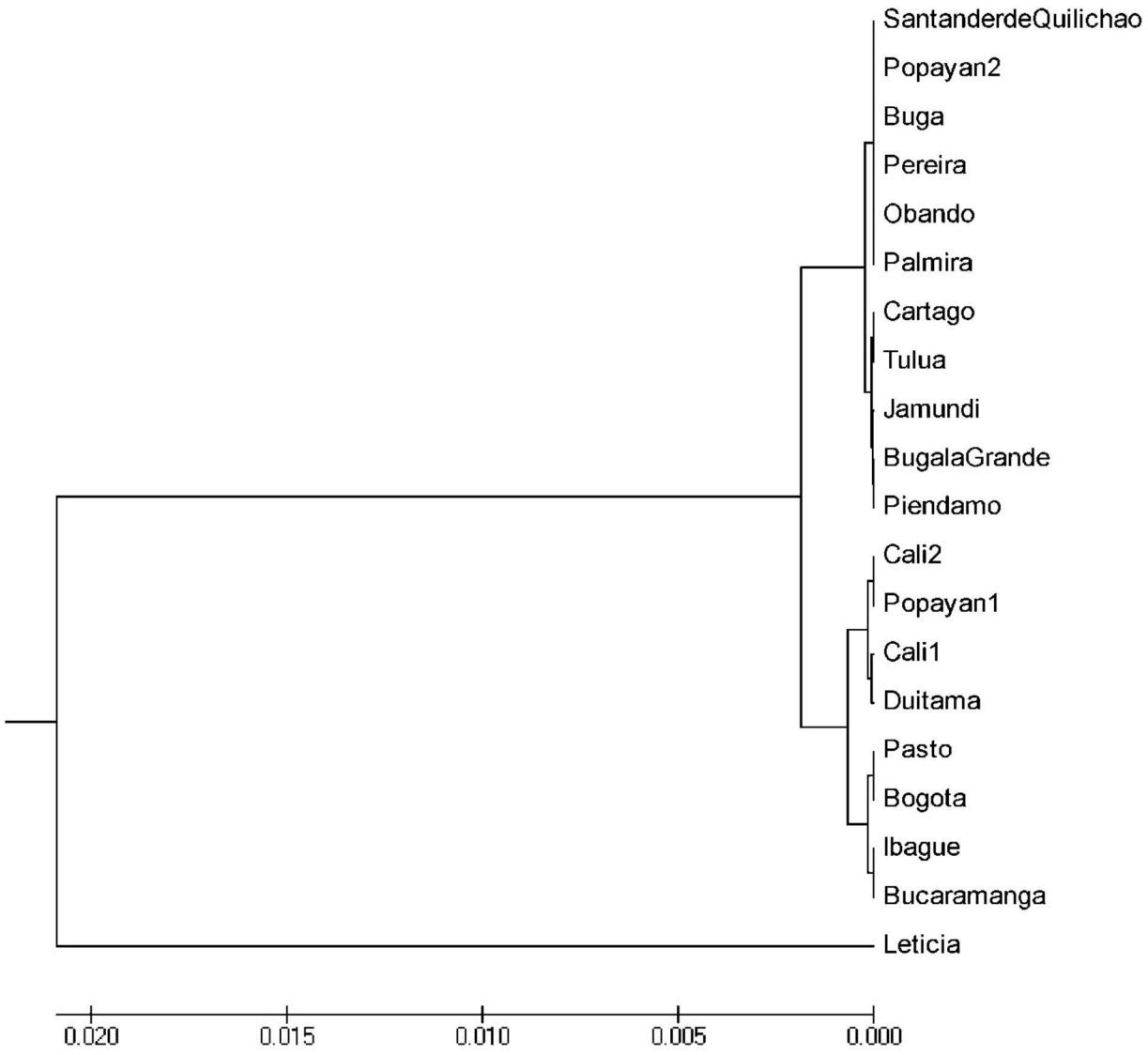


Figura 8. Dendrograma de algoritmo UPGMA con base en los valores de F_{ST} de nueve genes morfológicos de *F. catus* entre poblaciones de estudio y poblaciones colombianas. Poblaciones con el número 1 indican que habían sido inventariadas.

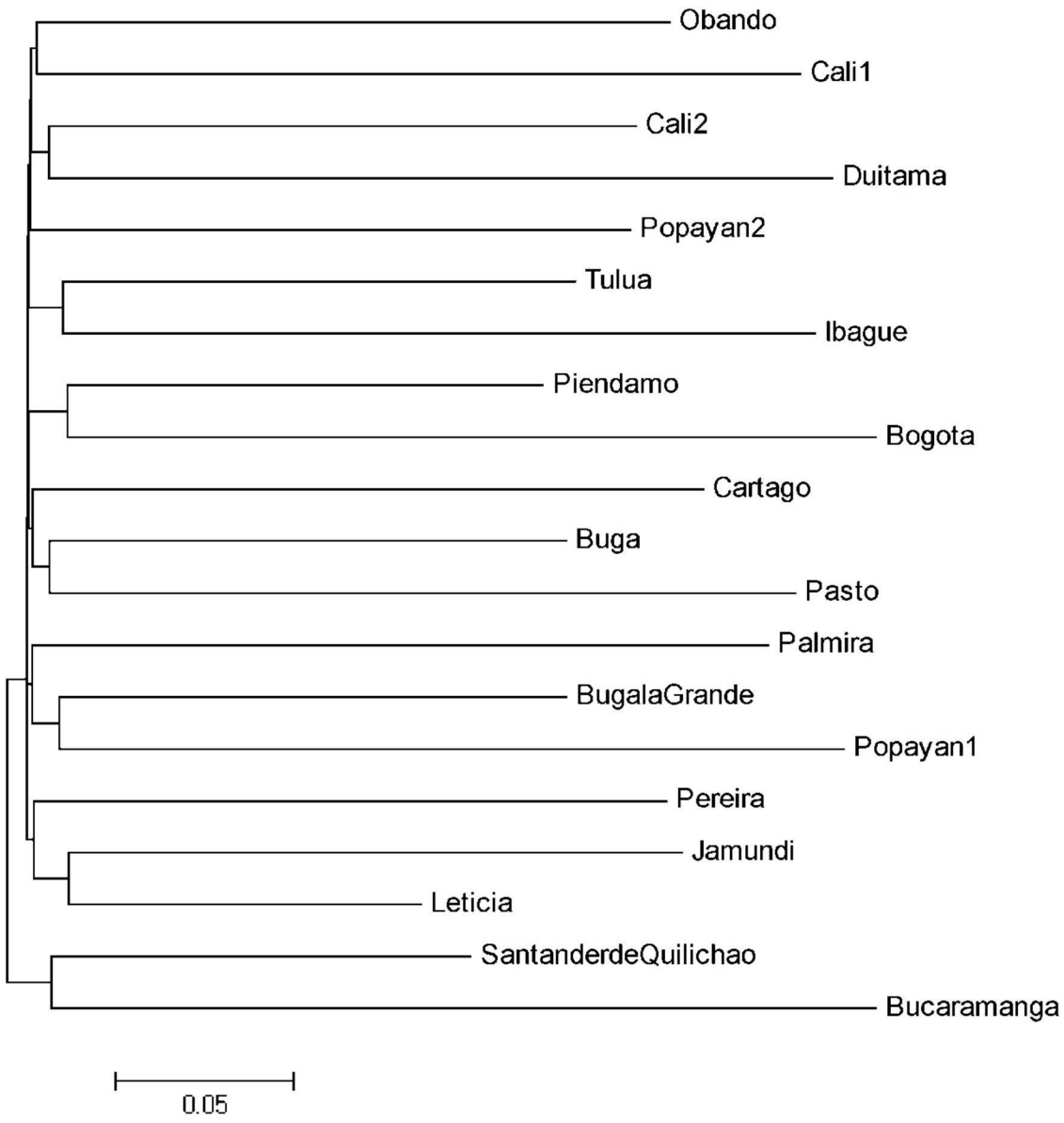


Figura 9. Dendrograma de algoritmo Neighbor joining con base en las distancias genéticas de Nei (1972) de nueve genes morfológicos de *F. catus* entre poblaciones de estudio y poblaciones colombianas. Poblaciones con el número 1 indican que ya habían sido inventariadas.

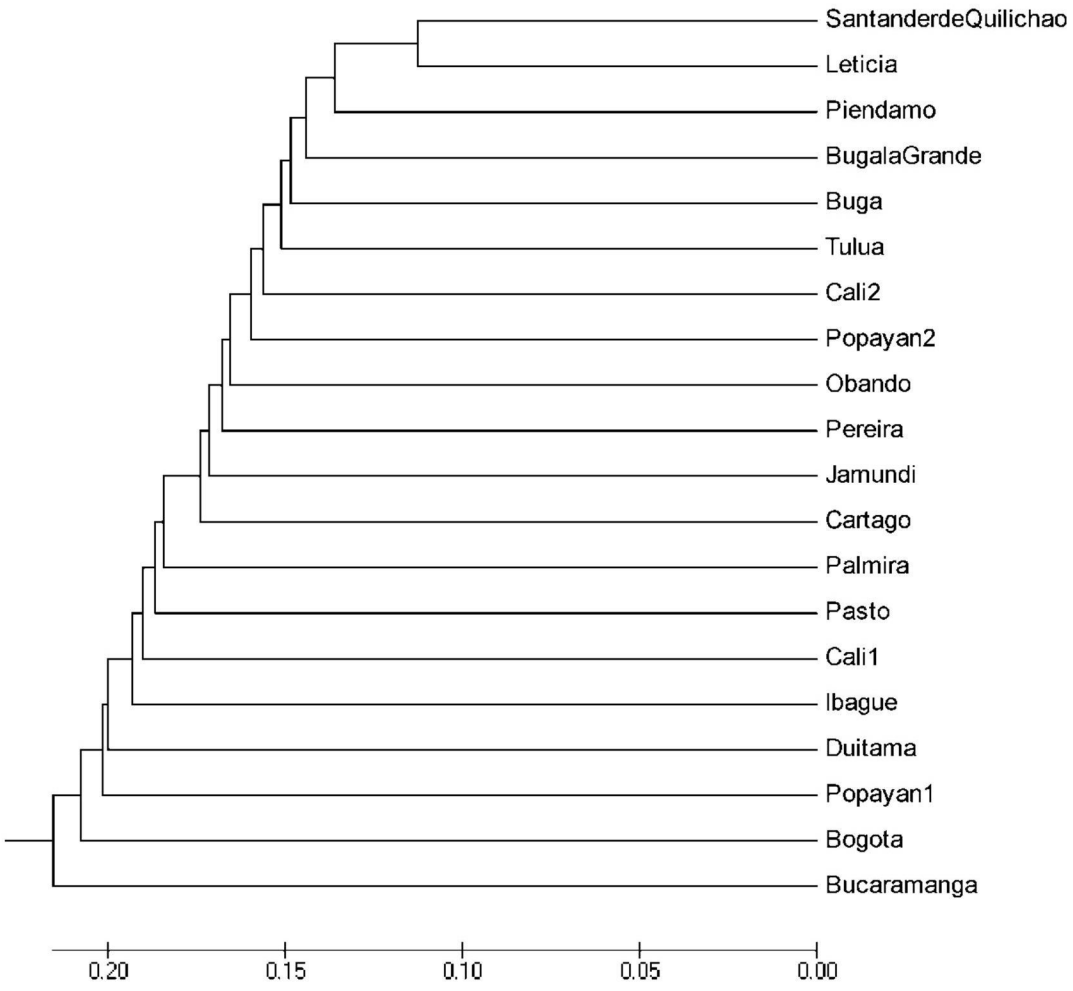


Figura 10. Dendrograma de algoritmo UPGMA con base en las distancias genéticas de Nei (1972) de nueve genes morfológicos de *F. catus* entre poblaciones de estudio y poblaciones colombianas. Poblaciones con el número 1 indican que ya habían sido inventariadas.

7. DISCUSIÓN

F. catus es una especie asociada a los seres humanos, sin embargo, existe poco control doméstico sobre su comportamiento, esto puede ser explicado por el escaso desarrollo social que ha tenido la especie, contrario a otros animales domésticos que naturalmente convivían en grupos (Budiansky 2003). Este comportamiento autónomo de la especie ha permitido que los gatos domésticos puedan sobrevivir en hábitats y condiciones diferentes cuando han perdido el contacto con el ser humano, hasta el punto de asilvestrarse en hábitats donde nunca la especie ha estado distribuida (Budiansky 2003). La madurez sexual de las hembras se produce entre los 7 y 11 meses de vida, sin embargo, pueden comenzar su actividad sexual cerca de los 5 meses, su periodo de gestación dura alrededor de 66 días y su lactancia alrededor de 50, luego del destete su ciclo se normaliza y pueden volver a otro periodo de gestación (Vella et al. 1999). Los resultados de este estudio muestran que el número de partos promedio fue de 2.30 y el número de individuos promedio en el total de partos fue 3.70. Se debe tener cuidado al analizar estos resultados pues son bajo condiciones domésticas actuales y probablemente difieran de los condiciones naturales ó sin cuidado doméstico. Sin embargo, el nulo control de los seres humanos sobre la elección de pareja y la generación de camadas con paternidades simultáneas, incrementan notablemente el flujo genético dentro de las poblaciones, reducen la endogamia e incrementan la panmixia.

En las poblaciones estudiadas se validó la existencia de equilibrio Hardy-Weinberg para el locus S y para el locus O (Tablas 4 y 5). Una población panmíctica está en equilibrio cuando sus frecuencias génicas gaméticas y genotípicas permanecen constantes de generación en generación de apareamiento aleatorio (Molina 1992), por lo que se puede

predecir que estas poblaciones han conservado sus actuales perfiles genéticos por muchas generaciones. Se debe tener en cuenta que esta condición de equilibrio, solo se mantiene en poblaciones grandes y en ausencia de mutación, migración y selección (Molina 1992). Por lo que se confirma la no alteración de las frecuencias genéticas de la población por parte de estos factores. La metapoblación no presentó equilibrio en este locus, puesto que aunque presente equilibrio poblacional un locus autosómico como S, el cálculo del equilibrio de los genes ligados al sexo es más sensible debido al mayor número de categorías utilizado por la Chi-cuadrado. Lo que demuestra que las poblaciones no se comportan como unidad panmictica, existe un bajo grado de estructura poblacional.

Las frecuencias alélicas de los 12 genes morfológicos estudiados fueron muy similares entre las 12 poblaciones (Tabla 6). El inventario de las frecuencias alélicas más altas en genes dominantes de poca penetrancia (como: Ti(A), W, M) en poblaciones históricamente más antiguas, las puede candidatizar como las poblaciones fuente genéticamente de las otras.

La elevada desviación estándar total presente en el locus Ta(b) lo señala como una de las principales causas de diferenciación, seguido por O, d y l.

Los índices de fijación F_{IS} y F_{IT} mostraron a Jamundí con los mayores valores de diferenciación frente a todos los demás municipios comparados, lo que convierte a este municipio en el punto de quiebre frente a valores similares obtenidos entre los municipios restantes. Sin embargo Cali obtuvo los mayores valores de diferenciación en el F_{ST} frente a las demás poblaciones, esta diferencia pudo ser originada por la migración humana permanente, debido a que esta ciudad es el centro económico y político actual de la región.

Utilizando el índice de identidad genética de Nei 1972, la población menos idéntica frente a las demás ciudades fue Palmira, producto del valor promedio más alto de identidad genética.

Según las pruebas de Mantel realizadas a la matriz FST de Wright e Identidad genética de Nei 1972, ninguna de estas se correlaciona con la matriz de distancia geográfica calculada a partir de latitud y longitud. Esto indica que las poblaciones actuales no se asemejan genéticamente entre si por proximidad geográfica, lo que deslegitimiza la hipótesis de que flujo genético constante por la cercanía geográfica haya sido el causante de las similitudes en las frecuencias genéticas del total de poblaciones.

Tanto en los dendrogramas Neighbor joining como UPGMA para los valores de F_{ST} que evalúan las poblaciones de estudio, es posible detectar la formación de grupos muy sólidos entre las ciudades, en el primero se observa una proximidad entre la mayoría de las ciudades a excepción de Cali por ser la ciudad que ha recibido la mayor migración de personas, históricamente, pudo haber alterado de forma considerable su perfil poblacional frente a las otras poblaciones. En los dendrogramas con distancias de Nei (1972) no es posible evidenciar las agrupaciones sólidas entre poblaciones, puesto que las frecuencias alélicas de todas las poblaciones estudiadas son muy similares y dificultan la diferenciación en este modelo. En los dendrogramas para los valores de F_{ST} entre las poblaciones de estudio y las demás poblaciones colombianas, es evidente que se forma una agrupación sólida entre las poblaciones pertenecientes al suroccidente colombiano, que distan mucho de poblaciones como Bogotá, Bucaramanga, Ibagué y Leticia. Inclusive esta agrupación recoge en sus proximidades a los perfiles genéticos antiguos de las ciudades de Cali y Popayán. En los dendrogramas para los valores de Nei (1972), por lo menos para el

algoritmo UPGMA es evidenciable la misma agrupación del suroccidente. Esto se convierte en una fuerte evidencia de que las poblaciones del suroccidente colombiano guardan una gran similitud genética, y es muy probable que haya sido originada históricamente por compartir la misma población de origen. Pero para dilucidar esta hipótesis es necesario primero conocer la historia de colonización de la región.

Entre los años 1536 y 1537 Sebastián de Belalcázar proveniente de la misión conquistadora de Francisco Pizarro, donde había fundado ya la ciudad de Quito en 1534, fundó junto a sus hombres las ciudades de Popayán y Cali tras el sometimiento de las tribus indígenas presentes en Popayán y la actual Jamundí. Jamundí fue fundada en 1536 por Juan de Ampudia y Pedro Añazco, bajo ordenes de Sebastián de Belalcázar, quien mandó a construir el asentamiento para preparar la fundación de Santiago de Cali. En estos años también se dieron las fundaciones de Santander de Qulichao y Piendamó (Henao & Arrubla 1920). El mariscal Jorge Robledo salió de Santiago de Cali en nombre de la misión conquistadora de Francisco Pizarro y con órdenes precisas de afianzar el control territorial funda la población de Cartago en 1540, en el sitio que ocupa actualmente la ciudad de Pereira. La fundación y control de Cartago fue disputada por Jorge Robledo y Sebastián de Belálcazar. En 1540 Sebástian de Belálcazar fue nombrado gobernador de Popayán por el Rey Carlos I de España. Belálcazar también se preocupó por dejar huella duradera en los territorios conquistados, para lo cual trajo de España semillas de cebada, trigo, caña de azúcar así como numerosos animales domésticos. Después de 1550 se inició por Buenaventura la sistemática entrada de ganado vacuno y caballar, lo que contribuyó a que se formaran las haciendas en la región. (Padilla et al. 1977)

Durante la colonia, Santiago de Cali y Cartago fueron parte de la gobernación de Popayán, la cual a su vez era parte de la Real Audiencia de Quito (Henao & Arrubla 1920). En 1554 fue fundada Guadalajara de Buga pero la ciudad presentó cerca de 4 traslados hasta ocupar la posición actual. Tuluá fue fundada en 1539 y Bugalagrande en 1662 en terrenos donde se ubicó anteriormente la ciudad de Buga. Palmira se fundó entre 1680 y 1705 por la décima centuria firmada en Guadalajara de Buga. El traslado de Cartago a la posición que actualmente ocupa en la planada del Valle del Cauca se dio en el año 1691. En 1863 se reconquistaron las ruinas del antiguo Cartago y se dio origen a la ciudad de Pereira. El repoblamiento de estas tierras tuvo gran influencia de la colonización antioqueña, así como la fundación de Obando en 1890.

El recuento histórico que dio origen a las ciudades del suroccidente colombiano, permite comprender la gran similitud genética entre las poblaciones de gatos. Donde la hipótesis de una población genética común como origen de las demás poblaciones, encuentra firmes fundamentos gracias a la historia de las ciudades de la región. Los municipios de Popayán, Cali y Cartago fueron los centros administrativos territoriales de España durante la época de la colonia en el valle biogeográfico. Al ser las únicas poblaciones presentes en la época el flujo de habitantes y sus animales domésticos debió ser permanente, sumando que estos municipios pertenecían a la misma gobernación. El florecimiento territorial de estas poblaciones y su permanente comunicación por el curso del rio Cauca, pudo permitir el establecimiento del perfil genético similar entre las poblaciones madre de gatos que darían origen al resto de poblaciones posteriores. Esta hipótesis podría encontrar soporte en el inventario de las frecuencias alélicas más altas en genes dominantes de poca penetrancia (como: Ti(A), W, M) en poblaciones históricamente más antiguas. Así pues el alelo Ti(A)

solo fue inventariado en estado heterocigoto en el municipio de Popayán, donde también se encontraron las frecuencias mas altas de W. El alelo M sólo se registro en los municipios de Jamundí y Cartago, obviamente en estado heterocigoto debido a la condición letal de su homocigosis. El inventario de estas frecuencias alélicas les ofrece mayor diversidad genética a las poblaciones por lo que las candidatiza fuertemente a ser las poblaciones madre.

Los perfiles genéticos de poblaciones posteriores a la época de la colonia fueron muy probablemente originados por las ciudades cercanas geográficamente, lo que encuentra apoyo en algunas agrupaciones formadas por los dendrogramas. El distanciamiento genético de Cali en algunos dendrogramas puede ser explicado en los últimos siglos, ésta ciudad se convirtió en el motor del desarrollo económico de la región por su cercanía al puerto de Buenaventura. Esta prosperidad económica verdaderamente contribuyó a la migración masiva de personas provenientes de toda la región, lo que seguramente afecto el perfil genético en las poblaciones de gatos, pero no lo diferenció notablemente del bloque genético original.

Queda claro que el origen de los perfiles genéticos de los gatos domésticos del suroccidente colombiano presenta un origen histórico común que ha generado poca diferenciación a lo largo del tiempo y que los separa genéticamente de las restantes poblaciones colombianas. El rápido crecimiento poblacional de la especie y el poco control humano sobre su reproducción, incrementa considerablemente el flujo genético e incrementa la Panmixia, condiciones claves para mantener al mínimo la variación en las frecuencias genéticas.

8. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BEHREND, K. 2003. Gatos sanos y felices. Editorial Hispano Europea. 64 pp.

BLUMENBERG, B. 1977. Genetic difference and selection in domestic cat populations of the United Kingdom and former British colonies. Theor. Appl. Gen. 49: 243-247.

BUDIANSKY, S. 2003. La naturaleza de los gatos: orígenes, inteligencia, comportamiento y astucia del *Felis silvestris catus*..Barcelona, España. Editorial Paidós Ibérica S.A. 204 p.

CASE, L. 2003. The cat: its behavior, nutrition & health. Editorial A Blackewell Publishing Company. 392 p.

CHRISTENSEN, A. 2000. Cats as an Aid to Teaching Genetics. Genetics 155: 999-1004.

COMMITTE ON STANDARDIZED GENECTIC NOMENCLATURE FOR CATS. 1968. Standardized genetic nomenclature for the domestic cat. J. Hered. 59: 39-49.

COOPER, M. P., FRETWELL, N., BAILEY, S. J., & LYONS, L. A. 2006. White spotting in the domestic cat (Felis catus) maps near KIT on feline chromosome B1. Animal genetics, 37(2), 163-165.

DARDS, J. L. 1978. Home ranges of feral cats in Portsmouth dockyard. Carnivore Genetics. Newsletters. 3: 242-255.

DRISCOLL, C., M. MENOTTI-RAYMOND, A. ROCA, K. HUPE, W. JOHNSON, E. GEFFEN, E. HARLEY, M. DELIBES, D. PONTIER, A. KITCHENER, N. YAMAGUCHI, S. O`BRIEN & D. MACDONALD. 2007. The Near Eastern Origin of Cat Domestication. Science 317: 519 – 523.

EILERT-OVERBECK & B. WEGLER, M. 2010. Gatitos. Editorial Hispano Europea. 64 p.

EIZIRIK, E., DAVID, V. A, BUCKLEY-BEASON, V., ROELKE, M. E., SCHÄFFER, A. A, HANNAH, S. S., NARFSTRÖM, K., O´BRIEN, J & MENOTTI-RAYMOND, M. 2010. Defining and mapping mammalian coat pattern genes: multiple genomic regions implicated in domestic cat stripes and spots. Genetics 184(1): 267-75.

EIZIRIK, E., YUHKI, N., JOHNSON, W. E., MENOTTI-RAYMOND, M., HANNAH, S. S., & O'BRIEN, S. J. 2003. Molecular genetics and evolution of melanism in the cat family. Current biology: CB, 13(5): 448-53.

HENAO, J. M. & ARRUBLA, G. 1920. Historia de Colombia para la enseñanza secundaria. Librería Colombiana, C. Roldan & Tamayo. 592p.

ISHIDA, Y., DAVID, V. A, EIZIRIK, E., SCHÄFFER, A. A, NEELAM, B. A, ROELKE, M. E., HANNAH, S. S., O´BRIEN, J & MENOTTI-RAYMOND, M. 2006. A homozygous single-base deletion in MLPH causes the dilute coat color phenotype in the domestic cat. Genomics, 88(6): 698-705.

IZAWA, M., T. DOI., Y. ONO. 1982. Grouping patterns of feral ctas (Felis catus) living on a small island in Japan. Japanese Journal of Ecology. 32: 373-382.

KEHLER, J. S., DAVID, V. A, SCHÄFFER, A. A, BAJEMA, K., EIZIRIK, E., RYUGO, D. K., HANNAH, S. S., O´BRIEN, J & MENOTTI-RAYMOND, M. 2007. Four independent mutations in the feline fibroblast growth factor 5 gene determine the long-haired phenotype in domestic cats. The Journal of heredity, 98(6), 555-66.

LIPINSKI, M., L. FROENICKE, K. BAYSAC, N. BILLINGS, C. LEUTENEGGER, A. LEVY, M. LONGERI, T. NIINI, H. OZPINAR, M. SLATER, N. PEDERSEN & L. LYONS. 2008. The ascent of Cat Breeds: Genetic Evaluations of Breeds and Worldwide Random Bred Populations. Genomics 91(1): 12 - 21.

LYONS, L. A., FOE, I. T., RAH, H. C., & GRAHN, R. A. 2005. Chocolate coated cats: TYRP1 mutations for brown color in domestic cats. Mammalian Genome, 16(5): 356-366.

MENOTTI-RAYMOND, M., DAVID, V. A, EIZIRIK, E., ROELKE, M. E., GHAFFARI, H., & O'BRIEN, S. J. 2009. Mapping of the domestic cat "SILVER" coat color locus

identifies a unique genomic location for silver in mammals. The Journal of heredity, 100 Suppl (Supplement 1): S8-13.

METZ, G. 2006. Razas de gatos: todas las razas y todos los colores. Editorial Hispano Europea. 125 pp.

MOLINA, J. D. 1992. Introduccion a la genética de poblaciones y cuantitativa. México D.F., A.G.T. Editor, S. A. 349p.

NEI, M. 1972. Genetic Distance between Populations. The American Naturalist. 106(949): 283-292.

NEI, M. 1987. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. Annals of Human Genetics, 41(2):225-233.

PADILLA, S. LÓPEZ & M. GONZALEZ, L. 1977. La encomienda en Popayán: tres studios. Consejo superior de investigaciones científicas- Departamento de publicaciones. 393 p.

RUIZ VAN AARDE, R. & B. BLUMENBERG. Genotypic Correlates of Body and Adrenal Weight in a Population of Feral Cats *Felis catus*. Carnivore 2:37-45.

RUÍZ-GARCÍA, M. 1990. Mutant allele frequencies in the domestic cat populations in Catalonia, Spain, and their genectic relationships between Spanish and English colonial cat populations. Genetica 82: 209-214.

RUIZ-GARCIA, M. 1994. Genetic structure of the Marseilles cat population: is there really a strong founder effect?.Genetics Selection Evolution 26: 317-331.

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. (Sec. Biol.):139-164.

RUIZ-GARCÍA, M. & D. ÁLVAREZ. 2000. Genetic microstructure in two spanish cat populations. I: genic diversity, gene flow and selection. Genes and Genetic Systems, 75: 269-280.

RUIZ-GARCÍA, M. & D. ÁLVAREZ. 2003. Análisis de seis poblaciones latinoamericanas de gatos mediante genes del pelaje y marcadores microsatélites. Acta Zoológica Mexicana (nueva serie) 89: 261-286.

SCHMIDT-KÜNTZEL, A., NELSON, G., DAVID, V. A, SCHÄFFER, A. A, EIZIRIK, E., ROELKE, M. E., KEHLER, J. S., ET AL. 2009. A domestic cat X chromosome linkage map and the sex-linked orange locus: mapping of orange, multiple origins and epistasis over nonagouti. Genetics, 181(4): 1415-25.

SEARLE, A.G. 1959. A study of variation in Singapore cats. J. Hered. 56: 120–156.

TODD, N & T. KUNZ. 1977. Mutant allele frequencies in domestic cat populations of Greece. Biologia Gallo-Hellenica 6(2): 289-310.

TODD, N. B. A. T. LLOYD. 1984. Mutant allele frequencies in the domestic cats of Portugal and the Azores. Journal of Heredity. 75: 495-497.

VAN AARDE, R. J. ERASMUS, B. J. & BLUMENBERG, B. 1981. Frecuencies of mutant alleles in the cat populations of Cape Town and Pretoria, South Africa. South African Journal of Science, 77: 168-171.

VELLA, C., L. SHELTON, J. MCGONAGLE & T. STANGLEIN. 1999. Robinson's Genetics for Cat Breeders & Veterinarians. Edimburgh. Editorial Elsevier Science Limited. 253 p.

WRIGNT, S. 1951. The genetical structure of populations. Annals of Eugenics. 15:323-354.

ANEXOS



Black B-

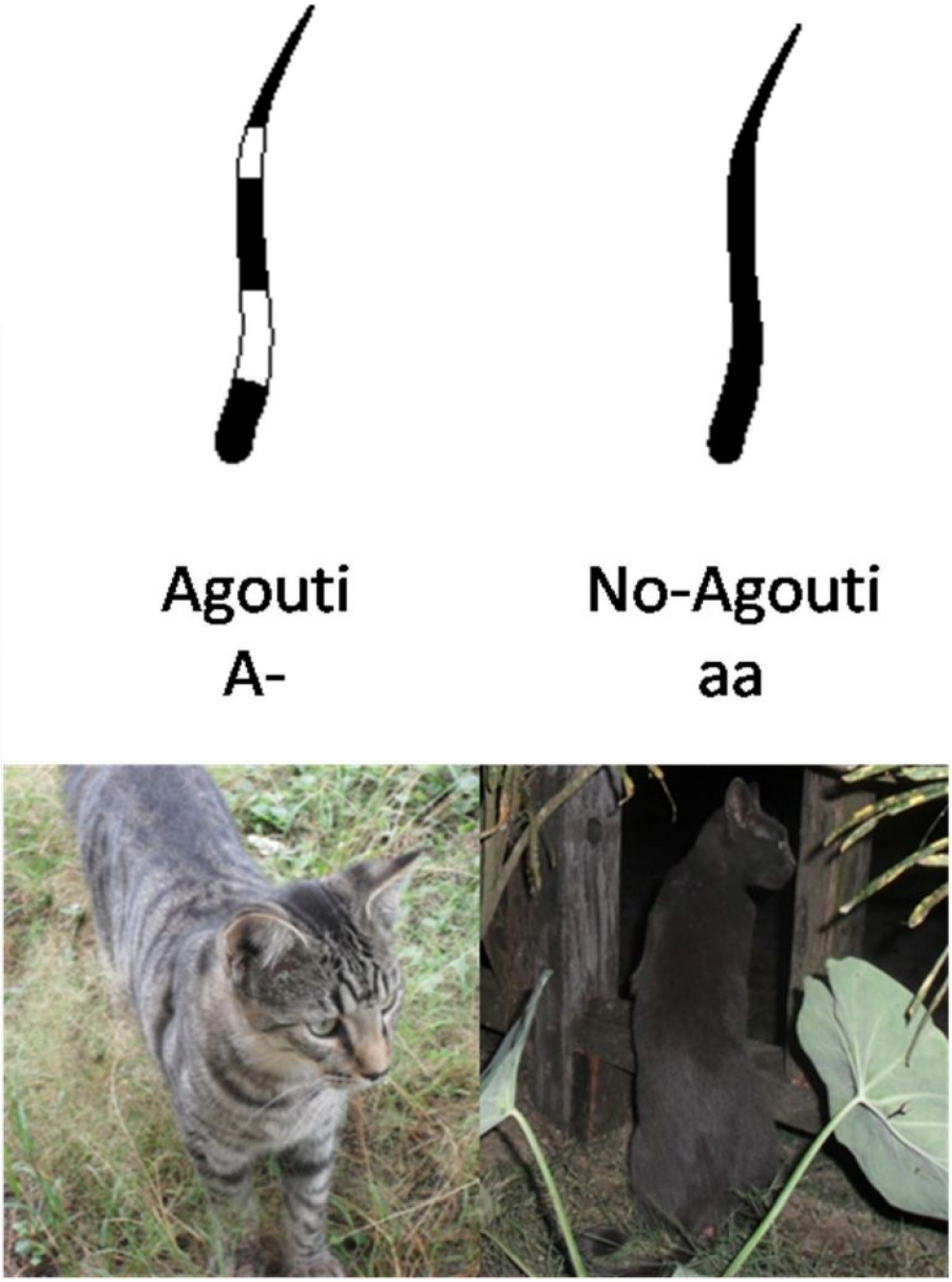


Brown bb

Anexo A. Locus Pigmentación base: su alelo Black (B) silvestre, es de naturaleza dominante y sintetiza los pigmentos de eumelanina de manera completa, originando un color negro como los individuos en la parte de superior. El alelo Brown (b) mutante, es de naturaleza recesiva y sintetiza los pigmentos de eumelanina de manera incompleta, originando un color café como los individuos en la parte inferior.



Anexo B. Locus Dilute: Su alelo Full Colour (D) silvestre, de naturaleza dominante expresa una coloración sólida a lo largo del cabello del individuo. El alelo Dilute (d) mutante de naturaleza recesiva, expresa en su estado homocigoto (dd) un color diluido ocasionado por la repartición heterogénea de gránulos del pigmento en el cabello.



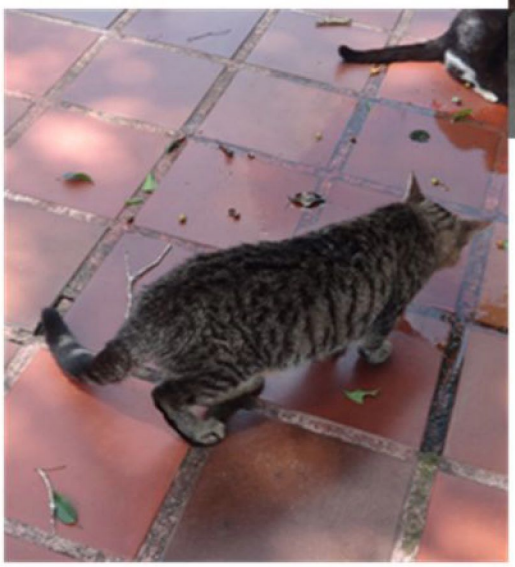
Anexo C. Locus Agouti: su alelo Agouti (A) silvestre, se encarga de la síntesis de feomelanina (pigmento amarillento). Es un gen de característica dominante y debido a la intercalación de pigmentos en el cabello, permite la visualización de dibujos o patrones Tabby en el cuerpo del animal. El pelaje y el individuo a la izquierda exhiben la condición dominante silvestre, mientras que el pelaje y el individuo a la derecha exhiben la condición recesiva mutante



Abyssinian
Ti(A) Ti(A)

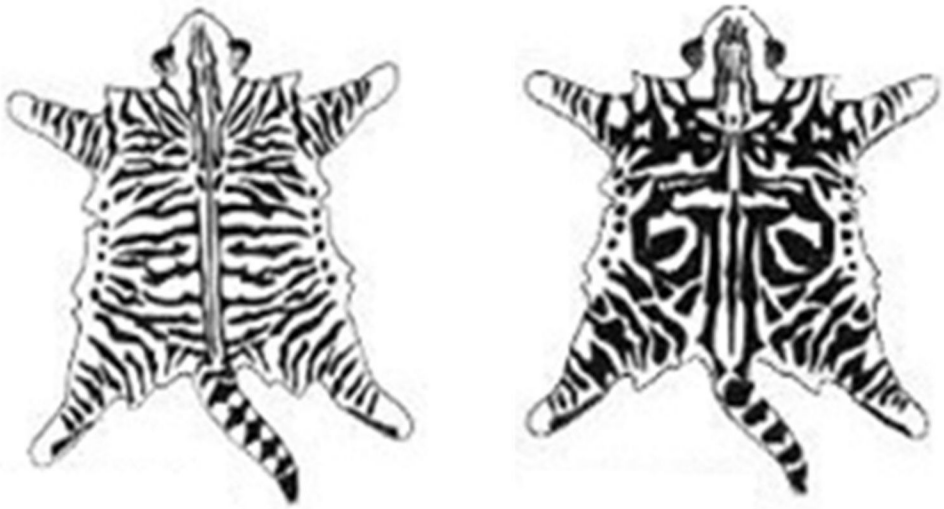


Abyssinian
Ti(A) Ti(+)



No-Abyssinian
Ti(+) Ti(+)

Anexo D. Locus Ticked ó Abyssinian: su alelo Ticked ó Abyssinian Ti(A) es de naturaleza mutante y de dominancia incompleta por lo que es posible distinguir su estado heterocigoto. Este gen enmascara el patrón Tabby del animal. El Individuo de la parte superior presenta una condición de homocigosis para el alelo mutante dominante Ti(A) por lo que no se puede observar el patrón Tabby, el individuo de la parte media presenta un estado heterocigoto evidenciando la dominancia incompleta, donde es posible reconocer el patrón Tabby en rostro, cola y extremidades. Por último el individuo de la parte inferior presenta una condición silvestre de naturaleza recesiva, donde es posible observar en plenitud el patrón Tabby.



Mackerel Ta(M)- Blotched Ta(b)Ta(b)



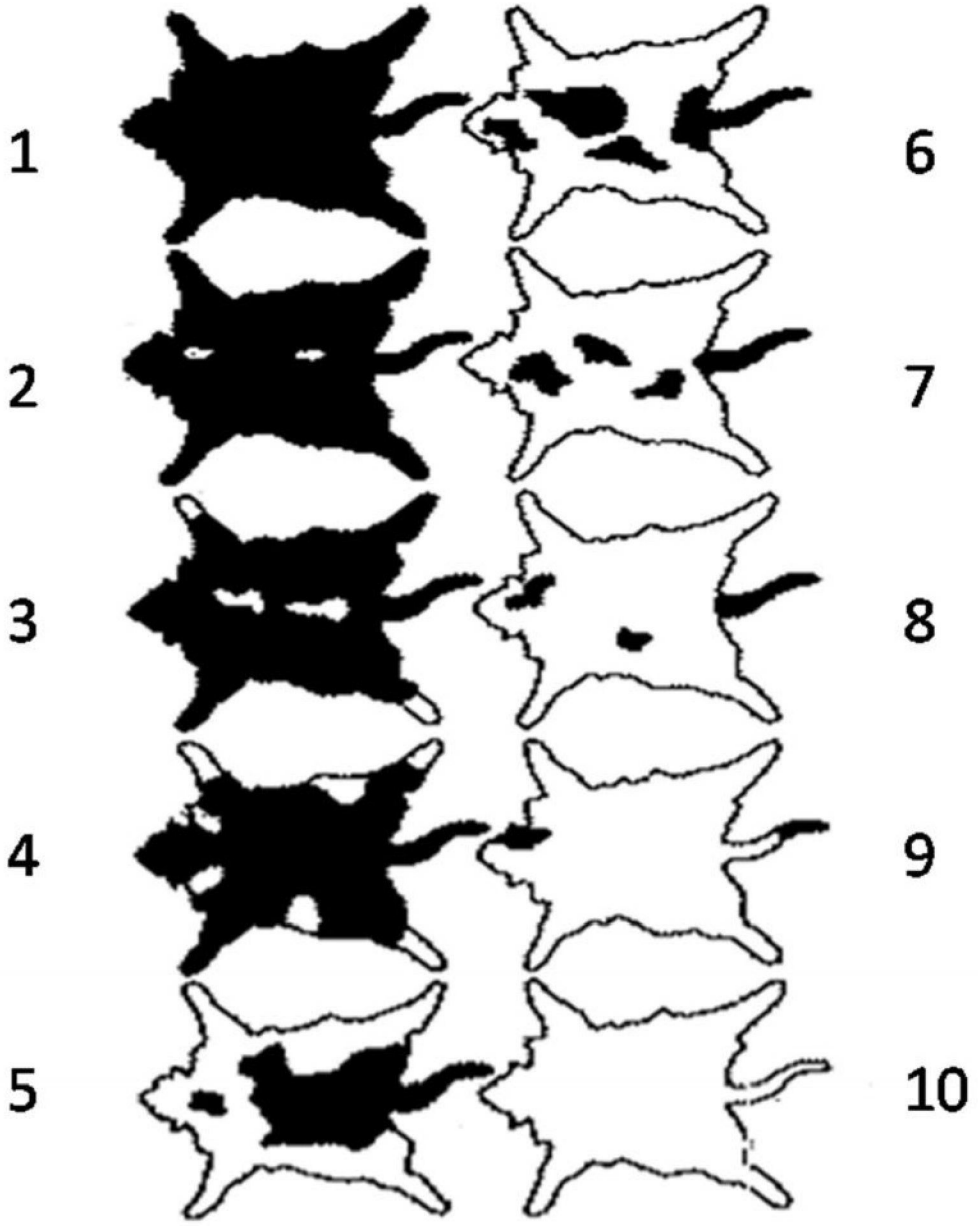
Anexo E. Locus Tabby: el alelo Mackerel Ta(M) silvestre, es de naturaleza dominante y se expresa generando dibujos en forma de líneas alrededor del cuerpo del animal confiriéndole una apariencia atigrada. El alelo Blotched Ta(b) mutante, es de naturaleza recesiva y en estado homocigoto Ta(b)Ta(b) se expresa generando tres líneas sobre el dorso del animal, circunvalaciones abdominales y una figura de mariposa en los hombros.



Dominant White W-



Anexo F. Locus Dominant White: su alelo Dominant White (W) mutante, es de naturaleza dominante. Inhibe la formación de gránulos de pigmento en el pelaje del animal concediéndole una coloración totalmente blanca, es un gen epistático debido a que no permite la determinación de las demás características de coloración del pelaje. Ambas imágenes muestran una gata (W) y a su camada, donde la segregación del carácter permite observar individuos silvestres no completamente blancos (ww).



Anexo G. Locus Spotted White: su alelo Spotted White (S) mutante, se expresa inhibiendo la formación de pigmento en partes del cuerpo generando así manchas blancas, presenta dominancia incompleta por lo cual es posible identificar su estado heterocigoto. El individuo 1 no presenta manchas blancas por lo que se considera es homocigoto para el alelo silvestre (s), siendo su genotipo (ss). Los individuos 2, 3, 4 y 5 presentan manchas blancas hasta en un 60% del cuerpo, estos individuos son heterocigotos siendo su genotipo (Ss). Los individuos 6, 7, 8 y 9 son individuos homocigotos para el alelo dominante, por lo tanto su genotipo es (SS). El individuo 10 presenta el gen (W) así que no se puede inventariar este locus.

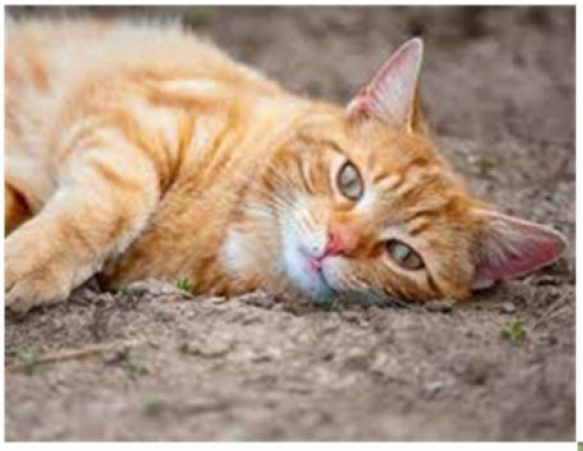


Silver A- I-



Smoke aa- I-

Anexo H. Locus Inhibitor: su alelo Inhibitor (I) mutante, es de naturaleza dominante, su expresión en individuos (A-) consiste en inhibir la formación de feomelanina generando una pigmentación plateada en el lugar donde debería ir este pigmento (gatos silver). En individuos (aa) es notable como se relega el color del cabello a la parte distal dejando la parte proximal sin coloración, por lo que es posible observar zonas brillantes y oscuras en el pelaje concediéndole una apariencia plateada (gatos smoke).



Orange
OY ó OO



Carey
Oo



Tricolor
Oo

Anexo J. Locus Orange: su alelo Orange (O) mutante ligado al cromosoma X, presenta distintos tipos de expresión. En machos XY solo basta que el cromosoma X presente el alelo (O) para remplazar la eumelanina por feomelanina y generar un individuo completamente naranja, para obtener un individuo naranja en hembras XX se necesita que ambos cromosomas lleven el alelo (O). Dado a la inactivación de un cromosoma X en la fase embrionaria de las hembras es posible observar su condición heterocigota (Oo), a estas hembras se les conoce como gatas carey cuando son (ss) y gatas tricolor cuando son (Ss ó SS).



Anexo K. Locus Colour Repart: Su alelo Color normal (C) silvestre, es de naturaleza dominante y no exhibe expresión en los individuos. El alelo Siamés (cs) mutante, es de naturaleza recesiva y su expresión genera una melanización del pelaje en zonas del cuerpo donde la temperatura corporal es mas baja, es decir, orejas, hocico, patas, cola y testículos. Todos los individuos aquí mostrados presentan el genotipo (cscs), sin embargo su expresión puede variar. El individuo superior izquierdo presenta la expresión clásica del siamés, el individuo superior derecho presenta una expresión conocida como burmés. El individuo de la parte media izquierda presenta el genotipo siamés y una copia del gen S. El individuo de la parte media derecha presenta el genotipo siamés sin embargo deja ver su patrón Tabby, estos individuos son conocidos como gatos siameses lince. Los individuos de la parte inferior presentan el gen (O); a la izquierda un macho, se conocen como siameses punto rojo y a la derecha una hembra heterocigota, se conocen como siameses carey.



Anexo L. Locus Longitud del pelo: el alelo Short hair (L) silvestre, es de naturaleza dominante y genera un individuo con pelo corto. El alelo Long hair (l) mutante, es de naturaleza recesiva y en homocigosis (ll) permite que el pelaje del individuo crezca mas de lo habitual. Diferentes versiones alélicas de Long hair originadas de forma independiente históricamente pueden verse implicadas en la expresión del fenotipo.



Anexo M. Locus Manx: su alelo Manx (M) mutante, es de naturaleza dominante y ocasiona la malformación de las vertebras de la cola en los individuos portadores, su expresión fenotípica va desde individuos con cola corta a individuos sin cola. Solo es posible su observación en estado heterocigoto (Mm) puesto que su homocigosis es letal en el periodo de desarrollo embrionario.

Anexo N. Resultados del inventario fenotípico de los marcadores genéticos del pelaje en 12 municipios del suroccidente colombiano. N es el número total de individuos muestreados en la población, n el numero de individuos utilizados para cada locus y < el número de individuos descartados en cada locus

Ciudad	N	n	<	O-	o-	n	<	OY	oY	n	<	OO	Oo	oo	n	<	A-	aa	n	<	Ti(A)Ti(A)	Ti(A)Ti(+)	Ti(+)Ti(+)	n	<	Ta(M) -	Ta(b)Ta(b)	n	<	D-	dd
	Total			Sin Sexar				Macho				Hembra					Agouti				Ticked						Tabby				Dilute	
Pereira	97	11	0	0	11	29	2	7	22	53	0	3	18	32	76	21	29	47	35	62	0	0	35	35	62	34	1	92	5	70	22
Cartago	193	74	0	26	48	51	1	10	41	62	5	5	22	35	156	37	58	98	79	114	0	0	79	75	118	72	3	186	7	137	49
Obando	67	19	0	9	10	24	0	4	20	23	1	4	8	11	49	18	19	30	27	40	0	0	27	25	42	24	1	65	2	49	16
Bugalagrande	72	9	0	2	7	27	0	7	20	33	3	4	12	17	45	27	21	24	31	41	0	0	31	30	42	30	0	68	4	56	12
Tuluá	141	25	0	6	19	57	2	13	44	56	1	1	16	39	106	35	50	56	60	81	0	0	60	57	84	55	2	133	8	106	27
Buga	147	15	0	5	10	62	6	9	53	58	6	4	11	43	107	40	47	60	57	90	0	0	57	49	98	44	5	142	5	122	20
Palmira	93	22	1	6	16	29	2	7	22	38	1	2	15	21	73	20	22	51	30	63	0	0	30	29	64	27	2	88	5	73	15
Cali	267	198	0	43	155	20	3	2	18	44	2	4	7	33	228	39	97	131	118	149	0	0	118	120	147	112	8	261	6	224	37
Jamundí	97	6	0	2	4	39	1	10	29	49	2	3	13	33	68	29	27	41	33	64	0	0	33	32	65	32	0	92	5	74	18
Santander de Quilichao	71	4	0	0	4	33	1	11	22	32	1	2	5	25	48	23	25	23	36	35	0	0	36	35	36	33	2	68	3	50	18
Piendamó	72	13	0	2	11	23	2	10	13	31	3	1	7	23	48	24	24	24	34	38	0	0	34	33	39	32	1	67	5	54	13
Popayán	165	23	4	0	23	70	5	25	45	59	2	6	19	34	104	61	41	63	64	101	0	2	62	62	103	55	7	150	15	125	25
Total Metapoblación	1482	419	5	101	318	464	25	115	349	538	27	39	153	346	1108	374	460	648	604	878	0	2	602	582	900	550	32	1412	70	1140	272
		n	<	SS	Ss	ss	n	<	I-	ii	n	<	W-	ww	n	<	L-	ll	n	<	C	cs	n	<	B-	b-	bibi	n	<	Mm	mm
				Spotted White					Inhibitor				Dominant White				Long Hair				Colour Repart				Pigment base					Manx	
Pereira	97	92	5	19	45	28	92	5	2	90	97	0	3	94	97	0	75	22	95	2	84	11	87	10	87	0	0	97	0	0	97
Cartago	193	186	7	15	80	91	186	7	11	175	193	0	7	186	193	0	151	42	187	6	172	15	173	20	173	0	0	193	0	1	192
Obando	67	66	1	9	32	25	66	1	3	63	67	0	1	66	67	0	49	18	66	1	60	6	56	11	56	0	0	67	0	0	67
Buga la Grande	72	69	3	10	33	26	67	5	6	61	72	0	3	69	71	1	54	17	69	3	58	11	57	15	57	0	0	72	0	0	72
Tuluá	141	136	5	18	67	51	133	8	9	124	141	0	3	138	137	4	98	39	138	3	119	19	123	18	123	0	0	141	0	0	141
Buga	147	142	5	24	72	46	141	6	5	136	147	0	5	142	143	4	111	32	142	5	112	30	130	17	130	0	0	147	0	0	147
Palmira	93	89	4	10	48	31	88	5	8	80	93	0	4	89	91	2	63	28	89	4	83	6	78	15	78	0	0	93	0	0	93
Cali	267	262	5	26	127	109	262	5	7	255	267	0	5	262	267	0	235	32	263	4	242	21	240	27	240	0	0	267	0	0	267
Jamundí	97	94	3	7	48	39	94	3	3	91	97	0	3	94	96	1	63	33	94	3	81	13	82	15	82	0	0	97	0	1	96
Santander de Quilichao	71	68	3	7	32	29	68	3	6	62	71	0	3	68	71	0	50	21	68	3	59	9	54	17	54	0	0	71	0	0	71
Piendamó	72	68	4	8	32	28	67	5	2	65	72	0	4	68	72	0	52	20	68	4	60	8	56	16	56	0	0	72	0	0	72
Popayán	165	153	12	12	54	87	150	15	9	141	165	0	13	152	164	1	130	34	153	12	133	20	120	45	120	0	0	164	1	0	164
Total Metapoblación	1482	1425	57	165	670	590	1414	68	71	1343	1482	0	54	1428	1469	13	1131	338	1432	50	1263	169	1256	226	1256	0	0	1481	1	2	1479

Anexo P. Heterocigosidad dentro de las subpoblaciones (H_S) de nueve marcadores genéticos del pelaje en *F. catus* de 12 municipios del suroccidente colombiano

	Pereira	Cartago	Obando	Bugalagrande	Tuluá	Buga	Palmira	Cali	Jamundí	Santander de Quilichao	Piendamó
Pereira											
Cartago	0,4370										
Obando	0,4430	0,4379									
Bugalagrande	0,4345	0,4295	0,4355								
Tuluá	0,4385	0,4334	0,4394	0,4309							
Buga	0,4429	0,4379	0,4439	0,4354	0,4394						
Palmira	0,4441	0,4391	0,4451	0,4366	0,4406	0,4450					
Cali	0,4238	0,4187	0,4247	0,4162	0,4202	0,4246	0,4258				
Jamundí	0,4332	0,4282	0,4342	0,4257	0,4297	0,4341	0,4353	0,4149			
Santander de Quilichao	0,4419	0,4368	0,4429	0,4344	0,4383	0,4428	0,4440	0,4236	0,4331		
Piendamó	0,4358	0,4308	0,4368	0,4283	0,4323	0,4367	0,4379	0,4175	0,4270	0,4357	
Popayán	0,4419	0,4368	0,4428	0,4343	0,4383	0,4427	0,4439	0,4236	0,4330	0,4417	0,4356

Anexo Q. Promedio de las heterocigosidades en la población total (H_T) de nueve marcadores genéticos del pelaje en *F.catus* de 12 municipios del suroccidente colombiano

	Pereira	Cartago	Obando	Bugalagrande	Tuluá	Buga	Palmira	Cali	Jamundí	Santander de Quilichao	Piendamó
Pereira											
Cartago	0,4371										
Obando	0,4430	0,4381									
Bugalagrande	0,4347	0,4295	0,4357								
Tuluá	0,4385	0,4334	0,4395	0,4310							
Buga	0,4429	0,4380	0,4439	0,4357	0,4394						
Palmira	0,4441	0,4393	0,4451	0,4369	0,4407	0,4450					
Cali	0,4249	0,4192	0,4260	0,4166	0,4209	0,4259	0,4272				
Jamundí	0,4335	0,4282	0,4345	0,4257	0,4298	0,4344	0,4357	0,4152			
Santander de Quilichao	0,4419	0,4369	0,4429	0,4346	0,4384	0,4428	0,4440	0,4247	0,4334		
Piendamó	0,4360	0,4308	0,4370	0,4283	0,4323	0,4369	0,4382	0,4180	0,4270	0,4358	
Popayán	0,4419	0,4369	0,4428	0,4345	0,4383	0,4427	0,4439	0,4247	0,4333	0,4417	0,4358

Anexo R. Heterocigosidad promedio observada dentro de una subpoblación (H_O) de nueve marcadores genéticos del pelaje de *F. catus* en 12 municipios del suroccidente colombiano

	Pereira	Cartago	Obando	Bugalagrande	Tuluá	Buga	Palmira	Cali	Jamundí	Santander de Quilichao	Piendamó
Pereira											
Cartago	0,3274										
Obando	0,3325	0,3304									
Bugalagrande	0,3245	0,3223	0,3274								
Tuluá	0,3325	0,3304	0,3355	0,3274							
Buga	0,3368	0,3347	0,3398	0,3318	0,3398						
Palmira	0,3315	0,3294	0,3345	0,3264	0,3344	0,3388					
Cali	0,3224	0,3203	0,3254	0,3174	0,3254	0,3297	0,3244				
Jamundí	0,3109	0,3088	0,3139	0,3059	0,3139	0,3182	0,3129	0,3038			
Santander de Quilichao	0,3399	0,3377	0,3428	0,3348	0,3428	0,3471	0,3418	0,3327	0,3212		
Piendamó	0,3332	0,3311	0,3362	0,3281	0,3362	0,3405	0,3352	0,3261	0,3146	0,3435	
Popayán	0,3407	0,3386	0,3437	0,3356	0,3436	0,3480	0,3426	0,3336	0,3221	0,3510	0,3444

Anexo S. Matriz de distancia geográfica de 12 municipios del suroccidente colombiano a partir de valores de latitud y longitud

	Pereira	Cartago	Obando	Bugalagrande	Tuluá	Buga	Palmira	Cali	Jamundí	Santander de Quilichao	Piendamó
Pereira											
Cartago	0,2224										
Obando	0,4206	0,2267									
Bugalagrande	0,7705	0,6112	0,3902								
Tuluá	0,8835	0,7311	0,5113	0,1213							
Buga	1,0910	0,9394	0,7180	0,3283	0,2088						
Palmira	1,4238	1,2966	1,0833	0,6962	0,5754	0,3833					
Cali	1,5953	1,4461	1,2235	0,8348	0,7157	0,5069	0,2427				
Jamundí	1,7386	1,5976	1,3773	0,9873	0,8667	0,6593	0,3300	0,1667			
Santander de Quilichao	1,9546	1,8289	1,6140	1,2250	1,1037	0,9022	0,5326	0,4362	0,2713		
Piendamó	2,3155	2,2001	1,9889	1,6017	1,4807	1,2824	0,9057	0,8173	0,6509	0,3837	
Popayán	2,5441	2,4250	2,2116	1,8231	1,7018	1,5005	1,1287	1,0201	0,8541	0,5984	0,2315