

Variabilidad Genética del Gato Doméstico (*Felis catus*) en Magangué, Bolívar, Colombia

GENETIC VARIABILITY OF THE DOMESTIC CAT (*Felis catus*) IN MAGANGUÉ, BOLÍVAR, COLOMBIA

Enrique Pardo^{1,2}, Yiris Montes¹, Yorlenis Cardales¹

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue determinar la variabilidad genética de las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) utilizando genes que codifican la coloración, el diseño y longitud del pelaje en Magangué, Bolívar, Colombia. Un total de 297 gatos fueron fenotipados mediante observaciones directas realizados en recorridos por las zonas urbanas en Magangué, atendiendo a los marcadores fenotípicos: *Orange*, *Agouti*, *Tabby*, *Dilution*, *Long hair*, *Spotting white* y *Dominant white*. Se calcularon los parámetros genéticos poblacionales: frecuencia alélica, diversidad genética, flujo génico, equilibrio Hardy-Weinberg y distancia genética y se infirieron las relaciones filogenéticas entre las poblaciones de gatos. Se encontró que el marcador *Non-agouti* fue el de mayor frecuencia, mientras los genes *Tabby blotched* y *Dominant white* presentaron los valores más bajos. La mayor parte de la diversidad genética se encontró dentro de poblaciones y poca entre poblaciones, así como un elevado flujo génico. Se observó un exceso de heterocigotos a nivel poblacional y no hubo equilibrio Hardy-Weinberg. Las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente; además se evidenció una posible selección natural y artificial de los marcadores *Non-agouti* y *Spotting white*.

Palabras clave: *Felis catus*, marcadores fenotípicos, diversidad, heterocigosidad, Magangué

ABSTRACT

The aim of this study was to determine the genetic variability of populations of domestic cats (*Felis catus*) using genes that encode color, design and length of pelage in Magangué, Bolivar, Colombia. A total of 297 cats were phenotyped by direct observations

¹ Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

² E-mail: epardop@correo.unicordoba.edu.co

Recibido: 22 de octubre de 2015

Aceptado para publicación: 4 de febrero de 2016

made on tours through urban areas in Magangué, providing the phenotypic markers: *Orange*, *Agouti*, *Tabby*, *Dilution*, *Long hair*, *Spotting white* y *Dominant white*. Population genetic parameters were calculated: allele frequencies, genetic diversity, gene flow, Hardy-Weinberg equilibrium and genetic distance and phylogenetic relationships among cat populations were inferred. The *non-agouti* marker was the most frequent, while *Tabby blotched* and *Dominant white* gene had the lowest values. Most of the genetic diversity was found within populations and low among populations as well as high gene flow. An excess of heterozygotes was observed at the population level and there was no Hardy-Weinberg equilibrium. The populations are highly genetically related and was evidenced a possible natural and artificial selection of the *Non-agouti* and *Spotting white* markers.

Key words: *Felis catus*, phenotypic markers, diversity, heterozygosity, Magangué

INTRODUCCIÓN

El gato doméstico (*Felis catus*) es un mamífero carnívoro de la familia de los félidos, de pequeño tamaño y con peso corporal cercano a los 5 kg, aunque con gran variabilidad entre razas, donde las hembras suelen ser más pequeñas que los machos. Tiene una longitud de unos 50 cm sin incluir la cola. Según Driscoll *et al.* (2007), los gatos domésticos procederían de cinco líneas maternas de gatos monteses de Oriente Próximo (*Felis silvestris lybica*) y que habrían sido domesticados a partir de los gatos silvestres (*Felis libyca*) hace más de 10 000 años. Su área natural incluía el norte de África, China, India, sur de Europa, Gran Bretaña e islas del Mediterráneo, y en la actualidad, debido a sus características adaptativas, se encuentran globalmente distribuidos (Ruiz-García *et al.*, 2005).

Los gatos presentan polimorfismos evidentes, coherentes con el color, el patrón y textura de la capa, particularidades factibles de reconocer a simple vista, razón por la cual la recolección de datos sea un procedimiento sencillo. Sumado a esto, los gatos son una especie de elección para este tipo de estudios poblacionales por ser animales cosmopolitas y ser una población panmítica (Todd 1977).

Los análisis genético poblacionales en gatos son necesarios para revelar la historia de su evolución y para la construcción de hipótesis filogenéticas sobre las relaciones entre los alelos; sin embargo, a pesar la importancia de este tipo de estudios, la información a nivel mundial es escasa y en algunos lugares inexistente.

Magangué puede ser considerada una de las ciudades más importantes del departamento de Bolívar, por ser desde tiempos ancestrales uno de los principales puertos fluviales de Colombia en el río Magdalena, lo que pudo haber incidido en la diversidad genética de poblaciones de *Felis catus*. No obstante, no existe información sobre la variabilidad de los marcadores fenotípicos en los genes del pelaje en las poblaciones del gato doméstico en esta ciudad. Por tal motivo, el objetivo de este estudio fue conocer la variabilidad genética de las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) en Magangué mediante marcadores que codifican para el pelaje.

MATERIALES Y MÉTODOS

Recolección de Datos

La recolección de datos se realizó mediante muestreos aleatorios a través de excursiones urbanas y observación directa en

Cuadro 1. Descripción de los siete genes estudiados (Ruiz-García, 1994)

Locus	Alelos ¹	Característica
<i>O</i> (gen ligado al sexo)	<i>o</i>	Silvestre; pigmentación no naranja
	<i>O</i>	Mutante; toda la pigmentación es naranja; epistático para la detección del locus <i>A</i>
<i>A</i> (gen autosómico)	<i>A</i>	Silvestre color agouti
	<i>a</i>	Mutante; color no-agouti; un mismo color; color negro; epistático para la observación del locus <i>T</i>
<i>T</i> (gen autosómico)	<i>t⁺</i>	Silvestre; atigrado o “Mackerel tabby”; recesivo frente a <i>T^a</i> , pero dominante para <i>t^b</i>
	<i>t^b</i>	Mutante; clásico o “Tabby blotched”; recesivo
	<i>T^a</i>	Mutante; abisinio o “Tabby Abyssinian”; dominante; este alelo es poco frecuente
<i>D</i> (gen autosómico)	<i>D</i>	Silvestre; color denso
	<i>d</i>	Mutante; color diluido; recesivo
<i>L</i> (gen autosómico)	<i>L</i>	Silvestre; pelo corto
	<i>l</i>	Mutante; pelo largo; recesivo
<i>S</i> (gen autosómico)	<i>s</i>	Silvestre; sin manchas blancas
	<i>S</i>	Mutante; manchado de blanco; dominante
<i>W</i> (gen autosómico)	<i>w</i>	Silvestre; color normal
	<i>W</i>	Mutante; color blanco; epistático para todos los otros colores

¹ *O*: Orange; *a*: Non-agouti; *Tb*: Blotched tabby; *d*: Dilution; *l*: Long hair; *s*: Spotting white; *W*: Dominant white

12 barrios urbanos del municipio de Magangué, pertenecientes al departamento de Bolívar, Colombia. Los barrios fueron: Baracoa, Centro, La Candelaria, Córdoba, Simón Bolívar, Villa Juliana, La Florida, Las Delicias, Maracaná, Pueblo Nuevo, San Martín y Versailles.

Se realizó una clasificación fenotípica de cada individuo adulto (n=297). Las rutas se utilizaron solo una vez a fin de evitar el remuestreo, atendiendo a la presencia o ausencia de los marcadores autosómicos: *Non-agouti* (*a*), *Tabby blotched* (*Tb*), *Dilution* (*d*), *Long hair* (*l*), *Spotting white* (*S*) y *Dominant white* (*W*), así como el locus liga-

do al sexo *O* (*Orange*) (Cuadro 1). Además, se tomaron registros fotográficos de cada individuo.

Variables de Estudio

Para el estudio de la diversidad genética de las poblaciones de gatos domésticos se tuvieron en cuenta marcadores fenotípicos (Cuadro 1) propuestos por el Committee on Standardized Genetic Nomenclature for Cats (1968): *O* (*Orange*. Carácter ligado al sexo) y los loci autosómicos, *A* (*A*, *a*; *agouti* vs. *non-agouti*), *T* (*Ta*, *t⁺*, *tb*; *Abyssinian tabby* vs. *mackerel* o atigrado vs. *Tabby blotched*), *D* (*D*, *d*; *full color* vs. *Dilution*),

Cuadro 2. Frecuencias alélicas de subpoblaciones de *Felis catus* en Magangué, Colombia

Subpoblación	N	O	a	T ^a	T ^b	d	l	S	W
Baracoa	34	0.103	0.707	0.000	0.000	0.171	0.171	0.485	0.000
Centro	21	0.429	0.756	0.000	0.000	0.000	0.000	0.548	0.000
Córdoba	35	0.529	0.793	0.000	0.000	0.414	0.169	0.586	0.000
La Candelaria	42	0.762	0.598	0.000	0.000	0.000	0.154	0.381	0.000
La Florida	14	0.536	0.655	0.000	0.000	0.000	0.000	0.429	0.000
Las Delicias	22	0.295	0.769	0.000	0.000	0.369	0.369	0.636	0.000
Maracaná	15	0.700	0.683	0.000	0.000	0.000	0.000	0.567	0.000
Pueblo Nuevo	26	0.327	0.620	0.000	0.000	0.000	0.000	0.667	0.000
San Martín	19	0.184	0.827	0.000	0.000	0.229	0.229	0.658	0.000
Simón Bolívar	12	0.583	0.913	0.000	0.000	0.408	0.500	0.625	0.000
Versalles	30	0.467	0.753	0.000	0.000	0.183	0.408	0.467	0.000
Villa Juliana	27	0.333	0.770	0.000	0.000	0.192	0.192	0.574	0.000
Promedio/Total	297	0.437	0.737	0.000	0.000	0.164	0.183	0.552	0.000

¹ O: Orange; a: Non-agouti; T^a: Tabby abissynian; T^b: Blotched tabby; d: Dilution; l: Long hair; s: Spotting white; W: Dominant white

L (L, l; pelo corto vs. Long hair), S (s+, S; no manchado de blanco vs. Spotting white) y W (w+, W; color normal vs. Dominant white).

Análisis Poblacional

Se estimaron las frecuencias alélicas, la diversidad genética de Nei correspondientes a la heterocigosidad esperada (H_e) y heterocigosidad de la población total (H_T), coeficiente de diferenciación genética (G_{ST}), flujo génico (Nm), equilibrio Hardy-Weinberg y la distancia genética entre poblaciones propuestas por Nei (1972) mediante el programa PopGene 1.31 (Yeh *et al.*, 1997).

Para determinar las relaciones genéticas entre las poblaciones analizadas se construyeron árboles filogenéticos que se obtuvieron mediante el algoritmo matemático UPGMA (Unweighted Pair Group Method-

with Arithmetic mean) utilizando datos reportados por Ruiz-García y Álvarez (1999), Causil y Rodríguez (2008), Morales (2008), Peñuela y Cárdenas (2012) y Zambrano y Martínez (2014), y trabajados en el programa MEGA 5.2 (Tamura *et al.*, 2011), a partir de la matriz de distancias genéticas.

RESULTADOS

Frecuencias Alélicas

En el análisis de 297 individuos, la frecuencia alélica más alta se presentó en el alelo *non-Agouti*, especialmente para las subpoblaciones Simón Bolívar (0.913) y San Martín (0.827), mientras que los loci *Tabby abissynian*, *Tabby blotchet* y *Dominant white* no fueron observados en la población estudiada (Cuadro 2).

Cuadro 3. Heterocigosidad esperada de la población de *Felis catus* de Magangué, Colombia

Subpoblación	<i>Orange</i>	<i>Agouti</i>	<i>Tabby</i>	<i>Dilution</i>	<i>Long hair</i>	<i>Spotting white</i>	<i>White</i>
Baracoa	0.185	0.414	0.000	0.284	0.284	0.500	0.000
Centro	0.490	0.369	0.000	0.000	0.000	0.495	0.000
Córdoba	0.498	0.329	0.000	0.485	0.281	0.485	0.000
La Candelaria	0.363	0.481	0.000	0.000	0.261	0.472	0.000
La Florida	0.497	0.452	0.000	0.000	0.000	0.490	0.000
Las Delicias	0.416	0.356	0.000	0.466	0.466	0.463	0.000
Maracaná	0.420	0.433	0.000	0.000	0.000	0.491	0.000
Pueblo Nuevo	0.440	0.471	0.000	0.000	0.000	0.444	0.000
San Martín	0.301	0.286	0.000	0.354	0.354	0.450	0.000
Simón Bolívar	0.486	0.159	0.000	0.483	0.500	0.469	0.000
Versalles	0.498	0.372	0.000	0.298	0.483	0.498	0.000
Villa Juliana	0.444	0.354	0.000	0.311	0.311	0.489	0.000
Media	0.420	0.373	0.000	0.223	0.245	0.479	0

Cuadro 4. Equilibrio Hardy-Weinberg mediante la prueba de bondad de ajuste de chi-cuadrado

Población	Locus ¹	χ^2	Grados de libertad	P -valor
Magangué	<i>O</i>	26.464	3	1.7923E-06
	<i>S</i>	6.319	1	0.042

¹ *O*: Orange; *S*: Spotting white

Diversidad Genética

Baracoa fue la subpoblación que presentó el valor más alto de heterocigosidad para el marcador *Spotting white*, seguido de la subpoblación Simón Bolívar que presentó el valor más alto de heterocigosidad para el marcador *Long hair*, mientras que los marcadores *White* y *Tabby* presentaron los valores más bajos de heterocigosidad (Cuadro 3).

El test de equilibrio Hardy-Weinberg (Cuadro 4) a nivel global, mostró ausencia de equilibrio para las poblaciones estudiadas.

Diferenciación Genética y Flujo Génico

La diversidad genética total (H_T) de la población de Magangué es moderada, siendo el promedio igual a 0.390, con un intervalo de 0.274 en el locus *Dilution* a 0.495 en el locus

Cuadro 5. Distribución de la diversidad genética de la población de *Felis catus* de Magangué, Colombia

	H _T	H _S	G _{ST}	D _{ST}	Nm
<i>Orange</i>	0.492	0.420	0.147	0.072	2.905
<i>Aguti</i>	0.388	0.373	0.038	0.015	12.642
<i>Tabby</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Dilution</i>	0.274	0.223	0.185	0.051	2.203
<i>Long hair</i>	0.299	0.245	0.180	0.054	2.273
<i>Spotting white</i>	0.495	0.479	0.032	0.016	15.138
<i>White</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Media	0.390	0.348	0.107	0.041	4.194

H_T = diversidad genética totalH_S = diversidad dentro de las poblacionesD_{ST} = diversidad entre poblacionesG_{ST} = coeficiente de diversidad genética

Nm = número de migrantes

Cuadro 6. Matriz de distancia genética (Nei, 1972) entre subpoblaciones de Magangué

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-----											
2	0.012	-----										
3	0.014	0.031	-----									
4	0.018	0.051	0.039	-----								
5	0.056	0.095	0.034	0.060	-----							
6	0.027	0.047	0.006	0.046	0.015	-----						
7	0.013	0.027	0.056	0.021	0.100	0.075	-----					
8	0.040	0.080	0.014	0.044	0.012	0.008	0.086	-----				
9	0.018	0.027	0.008	0.052	0.055	0.018	0.055	0.027	-----			
10	0.007	0.011	0.033	0.032	0.103	0.059	0.010	0.076	0.031	-----		
11	0.046	0.093	0.091	0.027	0.096	0.104	0.025	0.094	0.112	0.055	-----	
12	0.015	0.037	0.038	0.027	0.041	0.040	0.020	0.050	0.051	0.031	0.026	-----

1: Villa Juliana, 2: Baracoa, 3: Centro, 4: Córdoba, 5: La Candelaria, 6: La Florida, 7: Las Delicias, 8: Maracaná, 9: Pueblo Nuevo, 10: San Martín, 11: Simón Bolívar, 12: Versalles

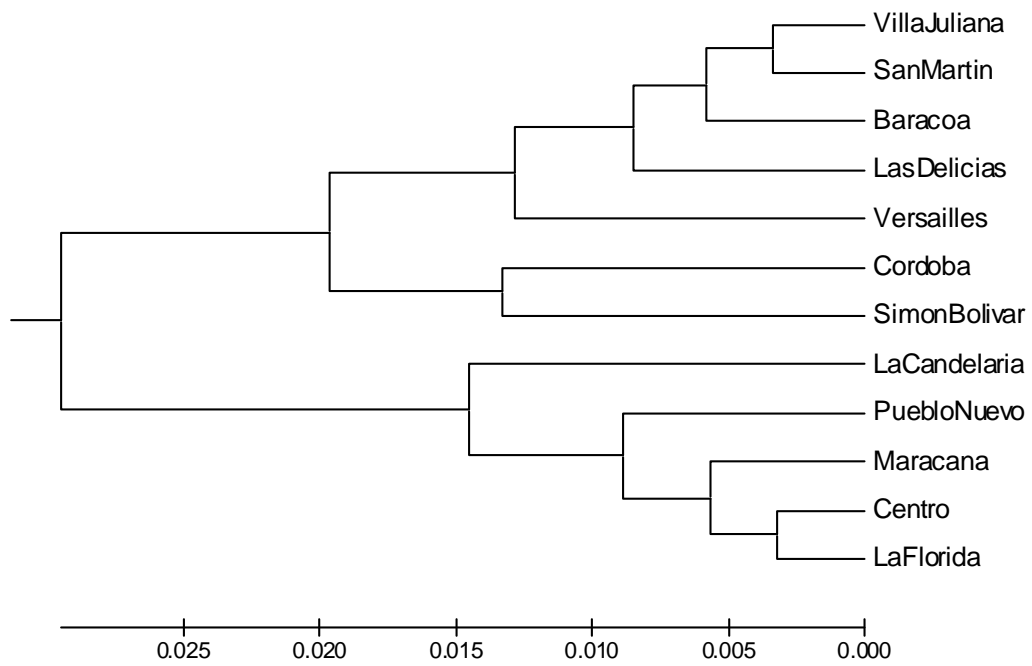


Figura 1. Dendrograma construido con el método UPGMA de poblaciones de *Felis catus* de Magangué basado en la distancia genética de Nei (1972)

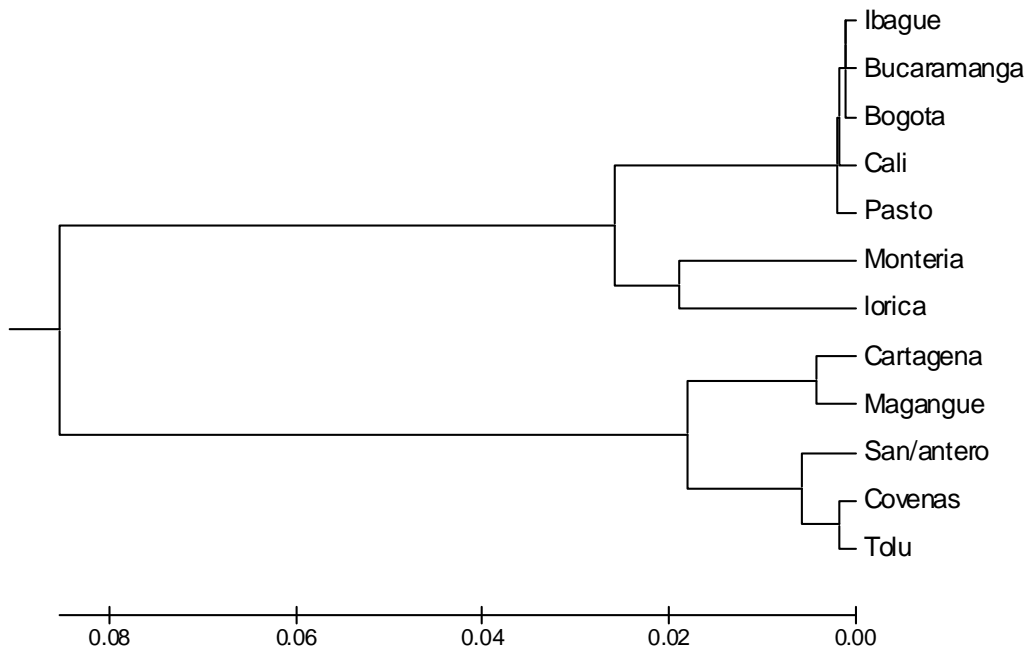


Figura 2. Dendrograma construido con el método UPGMA de poblaciones de *Felis catus* de Colombia basado en la distancia genética de Nei (1972)

Spotting white. La mayor parte de la diversidad genética se encuentra dentro de las poblaciones ($H_s=0.348$) y escasa entre las poblaciones ($D_{ST}=0.041$). El coeficiente de diferenciación genética ($G_{ST}=0.107$) indica que el 10.7% de la diversidad genética se encuentra entre poblaciones y el 89.3% dentro de las poblaciones. El valor de Nm mayor a uno indica que existe alto flujo génico entre las subpoblaciones locales estudiadas (Cuadro 5).

Distancia Genética

La distancia genética entre las subpoblaciones de Magangué fue baja, siendo San Martín y Villa Juliana las subpoblaciones más cercanas, mientras que Pueblo Nuevo y Simón Bolívar presentaron mayor distancia genética (Cuadro 6).

En el dendograma UPGMA elaborado a partir de los valores de distancia genética de Nei (1972) para las doce subpoblaciones de Magangué se puede apreciar claramente la conformación de dos grupos, donde en uno se agrupan las subpoblaciones Villa Juliana, San Martín, Baracoa, Las Delicias, Versalles, Córdoba y Simón Bolívar y el otro conformado por las cinco subpoblaciones restantes (Figura 1).

El dendograma UPGMA, elaborado a partir de los valores de distancia genética de Nei (1972) para 12 poblaciones de *Felis catus* de Colombia, revela la conformación de dos grupos (Figura 2): uno conformado por poblaciones del interior del país como Ibagué, Bucaramanga, Bogotá, Cali y Pasto, a las que se han unido Montería y Lorica, y el segundo grupo formado por poblaciones del Caribe colombiano: Magangué, Cartagena, San Antero, Coveñas y Tolú.

DISCUSIÓN

La elevada frecuencia del alelo *non-agouti* en Magangué podría estar relacionada con factores ambientales como las eleva-

das temperaturas, que posiblemente estarían favoreciendo la presencia y aumento de individuos portadores de dicho gen (Ruiz-García *et al.*, 2005, Kaelin *et al.*, 2012), unido a la posible existencia de sucesos selectivos, asociados a una progresiva melanización del pelaje, generando alternativas alélicas que posibilitan que las coloraciones más melánicas se vean favorecidas en el medio urbano (Ruiz-García y Álvarez 2003).

Entre los sucesos selectivos cabe destacar las altas densidades poblacionales y la injerencia humana, debido a que estos individuos son más sociables con otros congéneres, lo que aumenta la posibilidad de co-existir y adaptarse a entornos urbanos (Grahn *et al.*, 2005, Eizirik *et al.*, 2010, Rosenfeld 2010). Estudios realizados en visones (Keeler y Moore 1961; Trapezov *et al.*, 2008) y en zorros (Keeler *et al.*, 1968, Keeler 1975, Borodin 1981) revelan una correlación entre genes de la coloración y ciertos rasgos del comportamiento, resultando los individuos más melánicos menos temerosos, menos agresivos y más resistentes al estrés que produce las zonas urbanas.

El locus *Spotting white* (*s*) también presentó altas frecuencias, lo que podría estar relacionado con factores ambientales, ya que este gen se asocia a zonas de altas temperaturas y exposición solar, postulándose como un posible claro ejemplo de selección natural *in situ* en nuevos hábitats colonizados (Ruiz-García *et al.*, 2005, Kaelin *et al.*, 2012).

La nula frecuencia de los alelos *Tabby blotched* y *Dominant white* concuerdan con los resultados de Ruiz-García y Álvarez (2008), quienes afirman que las frecuencias de *Tabby blotched* en Latinoamérica resultan ser bajas o muy bajas. Por otro lado, la ausencia del alelo *Dominant white* podría deberse a que este gen se expresa mayormente en lugares donde la temperaturas oscilan entre 28-39 °C (Morales, 2008), temperaturas bastante menores a las presentadas en Magangué; además, se tiene la particular

condición que caracteriza a este gen, pues propicia efectos pleiotrópicos sobre la audición y visión (Geigy *et al.*, 2007), hechos que colocan en desventaja y provocan la reducción sustancial de los individuos que portan este gen.

La presencia de la mayoría de los marcadores estudiados en la población de gatos domésticos de Magangué demuestra la gran variedad de genes disponibles en la zona, situación que posiblemente se puede atribuir a la ubicación geográfica estratégica de dicha población, pues desde hace mucho tiempo es paso obligado de transeúntes, favoreciendo el movimiento de migrantes lo que ha facilitado un considerable flujo génico.

La desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg para los alelos *O* (*Orange*) y *S* (*Spotting white*) puede deberse a diversas causas. El exceso de heterocigotos y déficit de homocigotos encontrado en el estudio podría atribuirse a factores evolutivos como la selección artificial, pues las personas tienen predilección por cierto tipo de carácter en los gatos, lo que ha favorecido algunas características fenotípicas más que a otras. Otro aspecto que podría afectar esta desviación es la cercanía geográfica entre las subpoblaciones estudiadas, lo que ocasiona un aumento sustancial del flujo génico que hay entre las mismas, dado que la existencia de un alto intercambio de genes previene eventos de endogamia al interior de las poblaciones (Cortés, 2008), provocando un aumento de genotipos heterocigotos en la población.

La diversidad genética total (H_T) encontrada fue moderada. La mayor parte de la diversidad génica se encuentra dentro de las poblaciones (H_S) y poca entre las poblaciones (D_{ST}), lo cual indica que las subpoblaciones locales comparten una gran proporción de la diversidad total. El flujo de genes Nm fue de 4.194 y, en general, se considera que valores cercanos o mayores de 5 son considerados suficientes para mantener una relativa homogeneidad del pool de genes (Slatkin, 1987). Los resultados indican que

aparentemente no hay diferenciación entre las subpoblaciones muestreadas. La falta de diferenciación genética entre poblaciones es generalmente considerada como el resultado de un suficiente flujo de genes, típicamente dado por migraciones, ocurriendo en todas las poblaciones para contrarrestar los efectos de la selección o la deriva genética. Según Lowe *et al.* (2004), un Nm mayor a 1 permite que las poblaciones conserven conectividad genética, ya que el flujo genético sobrepasa los efectos de la deriva e impide la diferenciación local.

El elevado grado de flujo génico permite inferir que las poblaciones se encuentran muy relacionadas genéticamente y se comportan como una metapoblación, situación a la cual se atribuye la aproximación de todas las poblaciones desde el punto de vista estructural (Ruiz-García *et al.*, 2005).

El dendograma UPGMA elaborado a partir de los valores de distancia genética de Nei (1972) en Magangué, muestra como los resultados obtenidos responden a la antigüedad de los barrios (Peña-Cruz *et al.*, 2015).

En el dendograma UPGMA elaborado a partir de los valores de distancia genética de Nei (1972) indicó que Magangué se comporta genéticamente como una sola población, y al compararla con otras ciudades colombianas se encontró similitud con ellas, siendo mayor dicha relación entre Magangué con Cartagena, San Antero, Coveñas y Tolú. La homogeneidad genética hallada en estas ciudades del Caribe colombiano puede estar relacionada con el vertiginoso desplazamiento de los conquistadores españoles por el río Magdalena, donde establecieron muchas ciudades en poco tiempo (Ruiz-García *et al.*, 2005, Peña-Cruz *et al.*, 2015). Además, este gran parecido genético entre las poblaciones puede corresponder a un evento fundador común, las cuales se originaron a partir de las poblaciones españolas (Ruiz-García *et al.*, 2005), al ser una especie ausente en América hasta la inmigración de los europeos (Ruiz-García y Álvarez, 1999). Sumado a esto, cabe

resaltar la similitud de las condiciones ambientales de estas ciudades.

CONCLUSIONES

- Las frecuencias alélicas más elevadas correspondieron a los alelos *Non-agouti* y *Spotting White*, mientras que los alelos *Tabby bloched* y *Dominant white* presentaron las menores frecuencias.
- Al no encontrarse los loci *Orange* y *Spotting white* en equilibrio de Hardy-Weinberg, se presume que en las poblaciones analizadas puede estar ocurriendo selección sobredominante, mutación, deriva génica o la ocurrencia de migraciones.
- Se evidenció una posible selección natural y artificial de los marcadores *Non-agouti* y *Spotting white*.

LITERATURA CITADA

1. **Borodin PM. 1981.** Phenotype and gene frequencies in red fox populations of Russian America in 1803-1832. *J Hered* 72: 343-346.
2. **Causil L, Rodríguez A. 2008.** Análisis genético poblacional de gatos domésticos (*Felis catus*) mediante genes del pelaje en el municipio de Santa Cruz de Lorica. Tesis de pregrado. Montería: Universidad de Córdoba. 75 p.
3. **Committee on Standardized Genetic Nomenclature for Cats. 1968.** Standardized genetic nomenclature for the domestic cat. *J Hered* 59: 39-40.
4. **Cortés O. 2008.** Análisis de la variabilidad genética en la raza bovina de lidia utilizando información molecular. Tesis doctoral. Madrid: Universidad Complutense de Madrid. 244 p.
5. **Driscoll CA, Menotti-Raymond M, Roca AL, Hupe K, Johnson WE, Geffen E, Harley EH, et al. 2007.** The Near Eastern origin of cat domestication. *Science* 317: 519-523. doi: 10.1126/science.1139518
6. **Eizirik E, David VA, Buckley-Beason V, Roelke ME, Schäffer AA, Hannah SS, Narfström K, et al. 2010.** Defining and mapping mammalian coat pattern genes: multiple genomic regions implicated in domestic cat stripes and spots. *Genetics* 184: 267-275. doi: 10.1534/genetics.109.109629
7. **Geigy CA, Heid S, Steffen F, Danielson K, Jaggy A, Gaillard C, et al. 2007.** Does a pleiotropic gene explain deafness and blue irises in white cats? *Vet J* 173: 548-553. doi: 10.1016/j.tvjl.2006.07.021
8. **Grahn RA, Lemesch BM, Millon LV, Matise T, Rogers QR, Morris JG, Fretwell N, et al. 2005.** Localizing the X-linked orange colour phenotype using feline resource families. *Anim Genet* 36: 67-70. doi: 10.1111/j.1365-2052.2005.01239.x
9. **Kaelin CB, Xu X, Hong LZ, David VA, McGowan KA, Schmidt-Küntzel A, Roelke ME, et al. 2012.** Specifying and sustaining pigmentation patterns in domestic and wild cats. *Science* 337: 1536-1541. doi: 10.1126/science.1220893
10. **Keeler C, Moore L. 1961.** Psychosomatic synthesis of behaviour trends in the taming of mink. *Bul Georgia Acad Sci* 19: 66-74.
11. **Keeler C, Ridgway S, Lipscomb L, Fromm E. 1968.** The genetics of adrenal size and tameness in colour phase foxes. *J Hered* 59: 82-94.
12. **Keeler C. 1975.** Genetics of behaviour variations in color phases of the red fox. In: Fox MW (ed). *The wild canids: their systematics, behavioral ecology, and evolution.* New York: Dogwise. p 399-417.
13. **Lowe A, Harris S, Ashton P. 2004.** *Ecological genetics: design, analysis, and application.* UK: Blakwell Publishing. 344 p.
14. **Morales J. 2008.** Estudio de la estructura genética existente en las poblaciones de gatos domésticos (*Felis catus*) en el municipio de Montería - Córdoba. Tesis de pregrado. Montería: Universidad de Córdoba, Colombia. 71 p.

15. **Nei M. 1972.** Genetic distance between populations. *Am Nat* 106: 283-292.
16. **Peña-Cruz AF, Sandoval S, Patiño A, Bedoya M, Rodríguez A, Orjuela J, Ortega A, et al. 2015.** Análisis genético de la población de gatos del norte y sur de Cali, Colombia. *Acta Biol Colomb* 20: 109-116. doi: 10.15446/abc.v20n1.41610
17. **Peñuela M, Cárdenas H. 2012.** Marcadores genéticos del pelaje en gatos domésticos de Capurganá-Colombia. *Momentos de Ciencia* 9(1): 28-33.
18. **Rosenfeld CS. 2010.** Animal models to study environmental epigenetics. *Biol Reprod* 82: 473-488. doi: 10.1095/biolreprod.109.080952
19. **Ruiz-García M. 1994.** Genetic profiles from coat genes of natural Balearic cat populations: an eastern Mediterranean and North-African origin. *Genet Sel Evol* 26: 39-64. doi: 10.1186/1297-9686-26-1-39
20. **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. *Bol. Real Soc Espan Hist Nat* 95: 139-164.
21. **Ruiz-García M, Álvarez D. 2003.** Posible origen europeo de seis poblaciones latinoamericanas de gatos y no existencia de paralelismo con el modelo colonizador británico al utilizar genes del pelaje y microsatélites. *Acta Zool Mex* 89: 261-286.
22. **Ruiz-García M, Alvarez D, Shostell JM. 2005.** Population genetic analysis of cat populations from Mexico, Colombia, Bolivia, and the Dominican Republic: identification of different gene pools in Latin America. *J Genet* 84: 147-171. doi: 10.1007/BF02715841
23. **Ruiz-García M, Álvarez D. 2008.** Biogeographical population genetics perspective of the colonization of cats in Latin America and temporal genetic changes in Brazilian cat populations. *Genet Mol Biol* 31: 772-782. doi: 10.1590/S1415-47572008000400026
24. **Slatkin M. 1987.** Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science* 236: 787-792. doi: 10.1126/science.3576198
25. **Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. 2011.** MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol* 28: 2731-2739. doi: 10.1093/molbev/msr121
26. **Todd NB. 1977.** Cats and Commerce. *Sci Am* 237: 100-107. doi: 10.1038/scientificamerican1177-100
27. **Trapezov O, Trapezova L, Sergeev E. 2008.** Effect of coat color mutations on behavioral polymorphism in farm populations of American minks (*Mustela vison* Schreber, 1777) and sables (*Martes zibellina* Linnaeus, 1758). *Genetika* 44: 516-523.
28. **Yeh, FC, Yang RC, Boyle TB, Ye ZH, Mao JX. 1997.** POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. Canada: Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta. 10 p.
29. **Zambrano JD, Martínez MT. 2014.** Estudio de la diversidad genética en poblaciones de gato doméstico (*Felis catus*) mediante genes de pelaje en los municipios de San Antero, Córdoba, Coveñas y Tolú, Sucre. Tesis de pregrado. Montería: Univ de Córdoba, Colombia. 82 p.