



Evaluación de la estructura genético poblacional del caballo criollo colombiano (*Equus caballus*) mediante genes del pelaje en el Bajo Sinú-Colombia

Luis Alfonso Causil-Vargas^{1*}, Adrián Enrique Rodríguez-De la Barrera¹, Orlando Javier Causil-Vargas²

¹ Departamento de Biología, Grupo de investigación Genes, Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba, Colombia.

² Departamento de Ciencias Naturales y Educación Ambiental, Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba, Colombia.

Resumen

Los patrones de herencia del color del manto de caballos criollos, son los primeros marcadores que demuestran la validez de las leyes de Mendel en los mamíferos, los cuales se han convertido en modelo para el estudio de la acción e interacción genética, no solo para entender la estructura poblacional, sino también para explicar algunas relaciones etológicas como fenotipo-comportamiento. El objetivo de este estudio fue evaluar la estructura genética del caballo doméstico (*Equus caballus*) usando genes asociados al pelaje en el Bajo Sinú, Colombia. Se realizaron muestreos entre agosto y diciembre del 2017, en ocho poblaciones rurales pertenecientes a municipios que conforman el Bajo Sinú. Se muestrearon animales adultos presentes en las fincas de cada población, donde se caracterizó morfológicamente a cada individuo atendiendo a los marcadores autosómicos de codificación fenotípica *Extension*, *Agouti*, *Cream*, *Gris*, *White*, *Tobiano*, *Overo*, *Roan*. Los resultados evidenciaron ausencia del marcador *Tobiano*, mientras que los marcadores *Cream* y *Agouti*, se encontraron en mayor frecuencia. Se encontró bajos valores de diversidad genética.

Palabras clave:

Heterocigosidad
Frecuencia alélica
Diversidad genética
Flujo génico

Keywords:

Heterozygosity
Allelic frequency
Genetic diversity
Gene flow

Evaluation of the population genetic structure of the colombian horse (*Equus caballus*) by genes coat in Bajo Sinú-Colombia

Abstract

The inheritance patterns of Creole horses mantle color are the first markers that demonstrate the validity of Mendel's laws in mammals. These characteristics have become a model for genetic action and interaction study, not only to understand the population structure; but also, to explain some ethological relationships as phenotype-behavior. The objective of this study was to evaluate the genetic structure of the domestic horse (*Equus caballus*) using genes associated with fur in Bajo Sinú, Colombia. Samplings were taken between August and December 2017 in eight rural populations belonging to municipalities of the Bajo Sinú. Adult animals were morphologically characterized attending the autosomal markers cos of phenotypic coding; *Extension*, *Agouti*, *Cream*, *Gray*, *White*, *Tobiano*, *Overo*, and *Roan*. The results showed the absence of the *Tobiano* marker, while the *Cream* markers and *Agouti* were those of higher frequencies. Low values of genetic diversity were found.

* Autor para correspondencia:

Departamento de Biología,
Grupo de investigación
Genes, Universidad de
Córdoba.
Montería 230002,
Córdoba, Colombia.
Teléfono: +57 3217209487.
Correo-electrónico:
luiscausilvargas@gmail.com

1. Introducción

El color del pelaje del caballo doméstico (*Equus caballus*) se toma generalmente como una característica cualitativa que sigue parámetros de herencia mendeliana. Hay alrededor de 10 genes conocidos responsables del color del pelaje en caballos (Hofmanová et al., 2015). Los patrones del pelaje expresado como marcadores fenotípicos han sido de gran importancia para el estudio de poblaciones, además, son muy utilizados pues son fácilmente reconocibles (Thiruvenkadan et al., 2008).

Estos marcadores se han convertido en modelos para el estudio de la acción e interacciones genéticas y explicar algunas relaciones etológicas como fenotipo-comportamiento (Finn et al., 2016). De igual forma resultan relevantes para comprender los procesos biológicos que subyacen tras una entidad patológica, partiendo de la premisa de que la expresión diferencial de algunos genes podría tener consecuencias en el proceso de la enfermedad (Corbi-Botto et al., 2016). Por ejemplo, se demostró que, los caballos dominantes blancos son heterocigotos obligados ($W / +$), debido a que en condición de homocigosis (WW), se presenta letalidad en las primeras etapas del desarrollo embrionario (Haase et al., 2007; Stachurska y Ussing, 2007). En Ciénaga de Oro (Córdoba, Colombia), se realizó un estudio acerca de la estructura genética de poblaciones de caballos criollos (Correa et al., 2015) donde se analizaron 341 individuos en siete poblaciones, en las que se reportó el marcador *Extension* como el de mayor frecuencia, mientras los genes *Overo* y *Tobiano* presentaron los menores valores. En cinco poblaciones de la ciudad de Valencia, Colombia se muestrearon 330 individuos. Los resultados mostraron ausencia de los marcadores *White* y *Overo*, mientras que los marcadores *Extension* y *Agouti* fueron los de mayores frecuencias (Yepes et al., 2017).

La importancia de este tipo de investigaciones, se basa en que la diversidad de las especies domésticas es considerada como un componente fundamental de la biodiversidad, de igual forma el *pool* génico de las diferentes razas criollas es importante por la conservación de genes, que son consideradas como un valioso patrimonio cultural, histórico y genético de los diferentes países en América, pese a que las razas criollas han sufrido en el último siglo una gran reducción en el tamaño poblacional y/o un detrimento en su grado de pureza, razón por la cual muchas de ellas están en riesgo de extinción (Giovambattista et al., 2010). Además, los resultados hallados son fundamentales para comprender la dinámica de la especie; por lo anterior, el objetivo de este trabajo fue evaluar la estructura genética del caballo doméstico (*Equus caballus*) usando genes asociados al pelaje en el Bajo Sinú, Colombia.

2. Materiales y métodos

2.1. Sitio de estudio

El estudio se realizó en la zona rural del Bajo Sinú, Colombia. Se muestrearon un total de 578 caballos domésticos distribuidos en las poblaciones de San Nicolás de

Bari (n=65), con ubicación geográfica (9°14'59.892"), Los Corrales (n=80), ubicación (9°14'13.772"), San Antero (n=83), ubicación (9°22'28.711"), Nariño (n=60), ubicación (9°51'14.098"), Cereté (n=103), ubicación (8°53'19.626"), El Hueso (n=61), ubicación (9°20'2.681"), El Carito (n=71), ubicación (9°4'8.940") y Aserradero (n=55), con ubicación geográfica (9°20'49.668").

2.2. Obtención de datos

Durante los meses comprendidos entre agosto y diciembre del 2017, se realizaron muestreos en ocho poblaciones rurales pertenecientes a municipios que conforman el Bajo Sinú; mediante excursiones rurales, se muestrearon animales adultos presentes en las fincas de cada población, donde se caracterizó fenotípicamente cada animal, atendiendo a los marcadores autosómicos de codificación morfológica (Cuadro 1) *Extension*, *Agouti*, *Cream*, *Gris*, *White*, *Tobiano*, *Overo*, *Roan*, siguiendo la metodología propuesta por Bartolome et al. (2008).

Cuadro 1. Marcadores autosómicos de codificación morfológica (Bartolome et al., 2008).

Marcadores	Fenotipo
<i>Extension (E)</i>	Este gen origina el color negro cuando se expresa de forma dominante (E), mientras que en condición recesiva (ee) el pelaje no adquiere este color.
<i>Agouti (A)</i>	En condición dominante (A) el gen provoca que la coloración negra se extienda a la crin, cola y parte inferior de las patas, de forma recesiva (aa) no causa ningún cambio.
<i>Cream (C)</i>	Propicia la dilución del color sólido, lo que conlleva a un esclarecimiento del mismo, mientras que su representación recesiva (cc), no causa dilución en el color.
<i>Gris (G)</i>	Provoca una mezcla de pelos blancos y negros, dando una imagen general de gris, en condición recesiva (gg) el caballo no presenta esta coloración en su capa.
<i>White (W)</i>	Codifica para el color blanco en su totalidad, en condición recesiva (ww) no expresa la característica.
<i>Tobiano (T)</i>	Provoca una serie de manchas blancas que se extienden desde la región dorsal hasta llegar al vientre, e incluso pueden posarse en las patas, en condición recesiva (tt) no se expresa esta característica.
<i>Overo (O)</i>	Produce manchas blancas orientadas desde la región ventral hacia la dorsal, generalmente son pequeñas y pueden localizarse en las patas y la cara, en forma recesiva (oo) no causa cambios en el color.
<i>Roan (R)</i>	A excepción de la cabeza y las patas, presenta en el cuerpo una mezcla de pelos blancos en cualquier color de fondo, en condición recesiva (rr) no se produce esta característica.

2.3. Análisis de datos

Para calcular las frecuencias alélicas de cada marcador, al igual que los índices de diversidad genética de Nei (1972) como diversidad genética total (HT), coeficiente de diversidad genética (GST), flujo génico (Nm), y la distancia genética entre las poblaciones, se utilizó el programa PopGene 1.31 (Yeh et al., 1999). El dendograma se obtuvo a partir de la matriz distancias genéticas, mediante el programa MEGA7 (Kumar et al., 2016).

3. Resultados y Discusión

Los genes que codifican el color del pelaje son considerados importantes candidatos para realizar estudios genéticos poblacionales, ya que afectan a un rasgo que fue fuertemente seleccionado durante la constitución de las razas modernas. Por lo tanto, la selección y la fijación del color en el manto de los animales, debería haber provocado indirectamente una selección y fijación causal de alelos de genes implicados en la determinación de este rasgo. Las frecuencias alélicas para cada población (Cuadro 2) evidenciaron que el marcador *Cream* fue el más frecuente tanto a nivel general ($p=0.4590$), como en la mayoría de las poblaciones, exceptuando las poblaciones El Hueso ($p=0.2857$), Nariño ($p=0.4138$) y Los Corrales ($p=0.3333$), donde los marcadores *Extension* y *Agouti* fueron los más frecuentes, mientras que los marcadores *Roan*, *Overo* y *White*, fueron los de menor frecuencia, respectivamente. El marcador *Tobiano*, no se registró en ninguna población.

Se ha propuesto que el alelo C^{cr} , controla la dilución de color del manto en caballos, convirtiendo las coloraciones oscuras a diluidas. En un estudio de la herencia del color en caballos, se demostró, que una sola copia de este alelo, que se hereda como un dominante incompleto, es responsable de diluir la feomelanina (pigmento rojo) en amarillo y eumelanina (pigmento negro) a crema (Locke et al., 2001). Los colores básicos del pelaje en caballos son el castaño, bayo y negro, esos tres colores son el resultado de la interacción entre cuatro alelos, dos pertenecientes a el marcador *Extension* (*E*) y dos de *Agouti* (*A*). Castaño y negro siguen un modo de herencia recesivo, y la interacción génica que da origen al color castaño, es epistático sobre el negro (Bellone, 2010); esta interacción génica podría estar favoreciendo la expresión del gen *Extension*; también se ha demostrado que existe una

la relación entre fenotipos del pelaje y comportamiento en caballos (Finn et al., 2016), así lo demostró un trabajo donde se confirma que los caballos castaños demostraron mayor audacia y se evidenciaron menos temerosos y agresivos, cuando fueron expuestos a objetos y animales en su ambiente, esto le podría conferir una ventaja selectiva, frente a otros individuos que no poseen el gen.

Los marcadores *Roan*, *Overo* y *White* estuvieron ausentes en algunas poblaciones, y fueron los de menor frecuencia. Este hecho, podría obedecer a la relación que existe entre esos marcadores y algunas anomalías o letalidades que pueden expresarse en condición de homocigosis. Se evidenció que entre los caballos que portan el marcador *White*, son heterocigotos obligados ($W / +$), debido que en condición de homocigosis (WW) se expresa como un gen letal, causando la muerte del animal en las primeras etapas del desarrollo embrionario (Haase et al., 2007; Stachurska y Ussing, 2007). Por otra parte, el gen *EDNRB* determina el tipo *Overo*, cuyo fenotipo puede variar de manchas blancas que cubren 90% del cuerpo a una apariencia uniforme. Este fenotipo se relaciona con algunas anomalías como sordera y una mutación en el gen *EDNRB* que conduce a la sustitución de un aminoácido, de isoleucina por lisina en la posición 118 del gen (*Lys118*), por tal razón, la forma homocigota de ese gen, expresa el síndrome letal de Overo Blanco (OLWSL) o también llamada agangliosis. Las crías con esta condición, en su primer día de vida sufren cólicos como resultado de la obstrucción intestinal causada por falta nervios intestinales (Charon y Lipka, 2015).

3.1. Diversidad genética

Para cada uno de los marcadores, el nivel medio de variabilidad genética fue bajo (Cuadro 3), siendo los marcadores *Cream* ($H_I=0.2457$) y *Agouti* ($H_I=0.2080$) los de mayor heterocigosidad; mientras que *White* ($H_I=0.0186$), mostró la heterocigosidad menor. En este estudio el valor de diversidad genética total ($H_T=0.1086$) fue menor que el valor reportado en Chile, donde se investigó la diversidad genética de 12 *loci* microsatélites (Paredes et al., 2009), en una muestra poblacional de 45 caballos Criollos por medio del contenido de información polimórfica; donde la heterocigosidad total promedio (H_e), considerando todos los *loci*, fue de 0.76, con un rango que osciló entre 0.52 y 0.88.

Cuadro 2. Frecuencias alélicas de cada marcador en las poblaciones estudiadas.

Poblaciones	n	E	A	C	G	W	O	R
San Nicolás de Bari	65	0.4003	0.5992	0.4110	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Los Corrales	80	0.0833	0.6667	0.3333	0.5000	0.1538	0.2500	0.0000
San Antero	83	0.1053	0.6316	0.7895	0.1579	0.1053	0.0263	0.1579
Nariño	60	0.5862	0.2414	0.4138	0.2414	0.0000	0.0000	0.1724
Cereté	103	0.1818	0.1818	0.2727	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
El Hueso	61	0.0000	0.4286	0.2857	0.2857	0.1429	0.0000	0.2857
El Carito	71	0.2222	0.0000	0.3333	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Aserradero	65	0.1667	0.3333	0.8333	0.1667	0.0000	0.3333	0.0000
Total	578	0.2182	0.3853	0.4590	0.1689	0.0502	0.0762	0.0770

Cuadro 3. Índices de diversidad genética por población, a través de la Heterocigosis (H_T) para cada marcador.

Poblaciones	Locus						
	E	A	C	G	W	O	R
San Nicolás de Bari	0.2784	0.3735	0.4086	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Los Corrales	0.0043	0.3568	0.1534	0.2500	0.0730	0.1841	0.0000
San Antero	0.0072	0.3315	0.3567	0.0670	0.0052	0.0009	0.0740
Nariño	0.2670	0.1233	0.2234	0.1211	0.0000	0.0000	0.0821
Cereté	0.0917	0.0918	0.1123	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
El Hueso	0.0000	0.2172	0.1441	0.1342	0.0713	0.0000	0.1433
El Carito	0.0121	0.0000	0.1074	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Aserradero	0.0087	0.1699	0.4598	0.0035	0.0000	0.0085	0.0000
Total	0.0836	0.2080	0.2457	0.0719	0.0186	0.0241	0.0374

E: Extension; A: Agouti; C: Cream; G: Gray; W: White; O: Overo; R: Roan.

De igual forma, los resultados del presente estudio concuerdan con los obtenidos con un estudio realizado en Ciénaga de Oro – Córdoba, Colombia (Correa et al., 2015); donde se reportaron valores bajos de heterocigosidad, en el análisis de ocho genes morfológicos.

Se sabe que el caballo criollo (*E. caballus*) ha desempeñado un importante papel sobre muchas actividades que han influido en el desarrollo de civilizaciones en todo el mundo; por varias razones, los humanos a través de toda la historia han podido seleccionar animales domésticos de acuerdo a su habilidad, disposición, audacia y resistencia física, dando lugar a grupos específicos de caballos de características distintivas, las cuales se han podido fijar y transmitir a la descendencia (Gastaldo et al., 2016), hecho que podrá explicar que la baja diversidad genética evidenciada en este estudio, sería el resultado de una continua selección antrópica realizada desde la domesticación de la especie hasta hoy.

Entender la dinámica de la especie en el entorno, es tan importante como comprender el papel de los humanos en mismo, porque muchos criadores se basan en la consanguinidad y algunas coloraciones del pelaje para mejorar las valoraciones de caracteres morfológicos, los cuales son parte de los criterios de selección y contemplan

cinco variables: cabeza-cuello (CC), cruz (CR), pecho (PC), dorso (DR) y grupa (GR), que en su conjunto definen el modelo morfológico, la funcionalidad y el comportamiento del caballo. Se ha demostrado que la consanguinidad no afecta el desempeño fenotípico de las variables de morfología, por el contrario, para las variables cabeza-cuello, cruz y dorso se incrementaron las estimaciones de heredabilidad al incluir los indicadores de consanguinidad (Domínguez-Viveros et al., 2014).

3.2. Distancia Genética

La distancia genética entre las poblaciones fue moderada, siendo San Nicolás de Bari y Cereté, las poblaciones más cercanas (Cuadro 4), mientras que Cereté y Aserradero, resultaron ser las de mayor diferencia genética, cifra significativa, pues superó el 5%. Los moderados valores de las distancias genéticas obtenidas entre las poblaciones estudiadas, podría obedecer a factores como la lejanía geográfica, puesto que se ha reportado que las distancias geográficas son directamente proporcionales a las distancias genéticas (Cruz-Salazar et al., 2014).

Cuadro 4. Matriz de distancia genética (Nei, 1972) entre las poblaciones.

Población	1	2	3	4	5	6	7	8
1	-----							
2	0.026	-----						
3	0.047	0.051	-----					
4	0.016	0.097	0.092	-----				
5	0.009	0.014	0.055	0.094	-----			
6	0.057	0.041	0.050	0.087	0.040	-----		
7	0.058	0.078	0.104	0.040	0.099	0.084	-----	
8	0.072	0.064	0.036	0.085	0.107	0.104	0.075	-----

1: San Nicolás de Bari; 2: Los Corrales; 3: San Antero; 4: Nariño; 5: Cereté; 6: El Hueso; 7: El Carito; 8: Aserradero.

El dendrograma (Figura 1) evidencia la similitud genética entre las poblaciones de Nariño y El Carito; por otra parte, se reporta una asociación entre San Nicolás de Bari y Cereté a las cuales se asocia la población de Los Corrales; las poblaciones de Aserradero y San Antero también están

relacionadas entre sí; se evidencian estrechas relaciones genéticas entre algunas poblaciones, lo cual podría deberse inicialmente a la cercanía geográfica (Figura 2), lo que posibilitaría un mayor intercambio de genes; por otra parte también se podría explicar teniendo en cuenta que el proceso

de domesticación durante toda la historia, haya podido fijar algunos genes debido a preferencias antrópicas; por lo que caballos con un objetivo de cría concreto (trabajo doméstico) no estarían genéticamente muy diferenciados con respecto a los demás (Domínguez et al., 2014), pues algunos fenotipos podrían estar relacionado con una mayor resistencia a jornadas continuas de trabajo en campo, razón por la cual serían más preferidos por los humanos, hecho que podrá explicar algunas diferencias genéticas en las población.

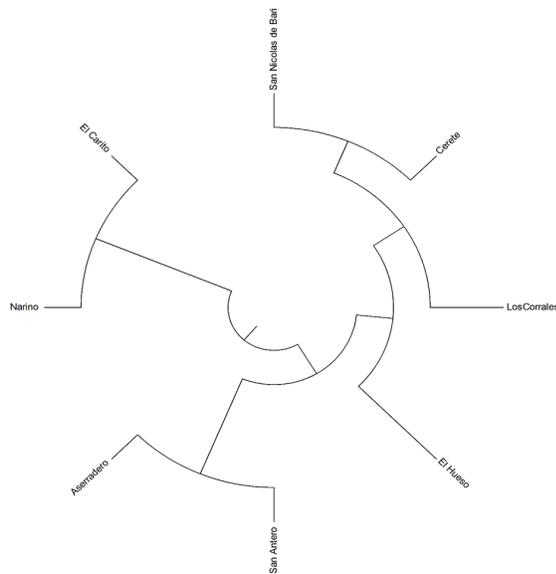


Figura 1. Dendrograma circular elaborado para poblaciones del Bajo Sinú, usando siete marcadores genéticos y la distancia genética (D) de Nei (1972).

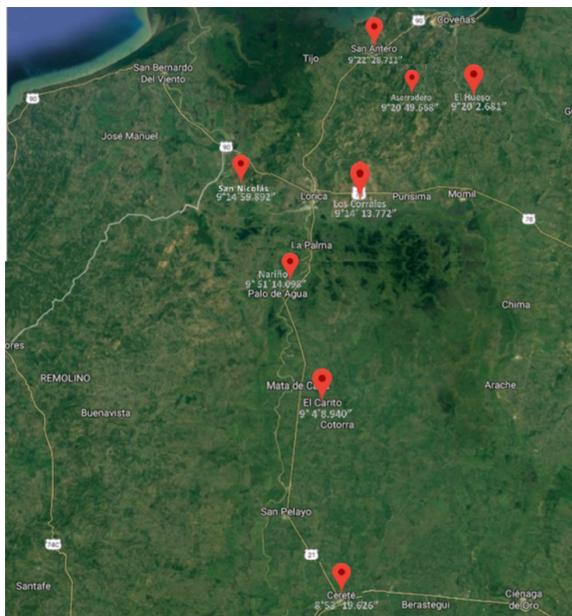


Figura 2. Poblaciones de caballos domésticos muestreadas en el Bajo Sinú, Colombia.

4. Conclusión

El marcador *Cream* fue quien evidenció la mayor frecuencia alélica en poblaciones de caballos domésticos del Bajo Sinú - Colombia, posiblemente debido a interacciones génicas de alelos responsables de colores. No se encontró en ninguna población el marcador Tobiano. Los bajos valores de variabilidad genética, sugieren que la selección antrópica ha ejercido una fuerte presión y es fundamental para entender la dinámica poblacional de esta especie.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

Referencias

Bartolome E, Azor P, Gomez, M, Peña F. 2008. La determinación genética del color de la capa en el caballo: Bases y aplicación al caballo de la raza Pottoka. Departamento de Genética, Universidad de Córdoba -España. Pp 2-34.

Bellone, R. 2010. Pleiotropic effects of pigmentation genes in horses. *Animal Genetics* 41(s2): 100-110.

Corbi-Botto C, Sadaba S, Zappa M, Peral Garcia P, Diaz S. 2016. Análisis de la diversidad genética de una población de caballos Criollo Argentino mediante polimorfismos de nucleótido simple de los genes IL12B y TNF- α . *Analecta Veterinaria* 36(2): 11-15.

Cruz-Salazar B, Ruiz-Montoya L, Navarrete-Gutiérrez D, Espinoza-Medinilla EE, Vázquez-Domínguez E, Vázquez L. 2014. Diversidad genética y abundancia relativa de *Didelphis marsupialis* y *Didelphis virginiana* en Chiapas, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 85(1): 251-261.

Charon K, Lipka K. 2015. The effect of a coat colour-associated genes polymorphism on animal health—a review. *Annals of Animal Science* 15(1): 3-17.

Correa LS, Reyes A, Pardo E, Cavada M. 2015. Genetic diversity detection of the domestic horse (*Equus caballus*) by genes associated with coat color. *Revista MVZ Córdoba* 20: 4779-4789.

Domínguez-Viveros J, Rodríguez-Almeida F, Ortega-Gutiérrez J. 2014. Consanguinidad y estimación de parámetros genéticos para morfología del caballo Lusitano en México. *Archivos de Zootecnia* 63(241): 37-44.

Finn J, Haase B, Willet C, Van Rooy D, Chew T, Wade C, Velie B. 2016. The relationship between coat colour phenotype and equine behaviour: A pilot study. *Applied Animal Behaviour Science* 174: 66-69.

Gastaldo A, Rodenbusch R., Fossati R, Azambuja C, Alho C. 2016. Population genetic study over 32,000 equines from Uruguay using seventeen forensically informative STR loci. *Forensic Science International: Genetics* 26: 19-22.

Giovambattista G, Rogberg Muñoz A, Ripoli M, Villegas Castagnasso E, Díaz S, Posik D, Fernández M. 2010. La genética molecular de bovinos y equinos criollos en los albores del siglo XXI. *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics* 21(2): 1-10.

Haase B, Brooks S, Schlumbaum A, Azor P, Bailey E, Alaeddine F, Rieder S. 2007. Allelic heterogeneity at the equine KIT

- locus in dominant white (W) horses. PLoS Genetics 3(11): e195.
- Hofmanová B, Kohoutová P, Vostrý L, Vostrá Vydrová H, Majzlik I. 2015. Quantitative aspects of coat color in old Kladruher Black Horses. *PoljoPrivreda*, 21(1s): 224-227.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 54(2): 7-14.
- Locke M, Ruth L, Millon L, Penedo M, Murray J, Bowling A. 2001. The cream dilution gene, responsible for the palomino and buckskin coat colours, maps to horse chromosome 21. *Animal Genetics* 32(6): 340-343.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *The American Naturalist* 106: 283-292.
- Paredes M, Norambuena M, Molina B. 2009. Diversidad genética de 12 loci microsatelitales utilizados en pruebas de paternidad equina en Chile. *Archivos de Zootecnia* 58(221): 111-116.
- Stachurska A, Ussing A. 2007. Coat colour versus performance in the horse (*Equus caballus*). *Polish Journal of Natural Sciences* 22(1): 43-49.
- Thiruvenkadan A, Kandasamy N, Panneerselvam S. 2008. Coat colour inheritance in horses. *Livestock Science* 117(2): 109-129.
- Yeh F, Yang R, Boyle T. 1999. Microsoft Windows-based free ware for population genetic analysis (Release 1.31). University of Alberta, Edmonton.
- Yepes W, Pardo Pérez E, Causil L. 2017. Diversidad genética del caballo Criollo (*Equus caballus*) mediante genes asociados al pelaje en Valencia, Colombia. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Perú* 28(3): 562-570.