A INFLUÊNCIA DA GENÉTICA SOBRE A DISPLASIA COXOFEMORAL CANINA: UMA REVISÃO SOBRE OS MÉTODOS DE CONTROLE E DE MELHORAMENTO GENÉTICO [THE INFLUENCE OF GENETICS ON CANINE HIP DYSPLASIA: A REVIEW OF CONTROL AND GENETIC IMPROVEMENT METHODS]

Autor(res)

Isabella De Matos Brandao Carneiro
Tiago Carvalho Miranda Clímaco

Categoria do Trabalho

Trabalho Acadêmico

Instituição

CENTRO UNIVERSITÁRIO UNIME

Introdução

A displasia coxofemoral canina (DCC) é uma das principais enfermidades ortopédicas hereditárias que afeta cães de várias raças. Esta condição é caracterizada pela malformação da articulação coxofemoral, o que pode resultar em dor, claudicação e, eventualmente, osteoartrite severa (KING, 2017). Contudo, mesmo possuindo uma base genética poligênica, na qual diversos genes influenciam a predisposição à condição, a expressão fenotípica também é muito modulada por fatores externos e ambientais (ARDICLI et al., 2024).
Com isso, o intuito dessa revisão é explorar como a herança genética e os genes específicos estão relacionados ao desenvolvimento da displasia coxofemoral em cães, além de examinar a interação entre fatores genéticos e ambientais na manifestação da doença.

Objetivo

O objetivo deste artigo científico é investigar a influência da genética sobre a displasia coxofemoral canina (DCC), analisando as bases genéticas envolvidas na predisposição à doença, a eficácia de programas de seleção genética e o papel dos testes genéticos na prevenção e manejo da DCC.

Material e Métodos

A Displasia coxofemoral canina é amplamente reconhecida como uma doença de herança complexa, onde múltiplos genes e interações gênicas desempenham papéis na sua manifestação (WANG et al., 2019). Rister, Rhodes e Newton (1985) descreveram que animais maiores tem maior disparidade ao desenvolvimento de DCC, raças com maior peso corporal e rápido crescimento como terra-nova, rottweilers, mastim inglês, são-bernado e labrador retriver acabam sendo as raças mais frequentemente afetas pela DCC (KING, 2017).
Um dos principais métodos utilizados para a detecção da displasia é a radiografia, com o ângulo de Norbert sendo amplamente usado para medir a congruência da articulação do quadril (REAGEN, 2017. No entanto, esse método é limitado por só poder ser realizado após o completo desenvolvimento esquelético, o que ocorre por volta dos

dois anos de idade (GUO; et al., 2011).

Diante dessas limitações, o uso de ferramentas genômicas para prever a displasia coxofemoral ganhou destaque. A genotipagem de SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) permite uma análise mais precoce e acurada da predisposição genética, possibilitando a intervenção antes do surgimento de sinais clínicos ou radiográficos da doença (ARDICLI et al., 2024). Guo et al. (2011) demonstraram que a predição genômica da displasia é viável e pode ser aplicada na seleção de cães para reprodução, diminuindo significativamente a incidência da condição em gerações subsequentes (REAGAN, 2017).

Porém, Ardicli et al. (2024) sugerem que certos marcadores genéticos, previamente associados à displasia coxofemoral, apresentam uma relação mais forte com a displasia de cotovelo, destacando a complexidade, a dificuldade e as potenciais inter-relações genéticas envolvidas na DCC.

Desta forma, um avanço importante para combater essa problemática é o mapeamento de QTL (Quantitative trait locus), que permite a identificação de regiões cromossômicas associadas à displasia (GUO; et al., 2011). Liu et al. (2007) aplicaram um modelo de efeitos aleatórios para mapear lócus imprinted (iQTL) em um pedigree canino estruturado. Este estudo identificou vários QTL associados à idade de ossificação da cabeça femoral, sugerindo que o mapeamento de iQTL pode ser uma ferramenta poderosa para entender a herança da displasia coxofemoral.

Resultados e Discussão

Os estudos revisados mostram que a displasia coxofemoral é uma condição multifatorial, com uma base genética complexa (ARDICLI et al., 2024). O uso de técnicas de genotipagem e mapeamento de QTL têm se mostrado eficazes na identificação de loci associados à doença, permitindo uma seleção mais rigorosa de cães para reprodução (WANG et al., 2019). Guo et al. (2011) destacam que a predição baseada em SNPs apresenta alta correlação com valores fenotípicos medidos, tornando-se uma ferramenta poderosa para intervenções precoces e programas de melhoramento genético.

Por outro lado, a abordagem de Liu et al. (2007) para o mapeamento de Locus imprinted (iQTL) revelou que a influência genética pode ser dependente do parent-of-origin (POE), um efeito genético que apenas ocorre a depender se um alelo foi herdado da mãe ou do pai do indivíduo. Esses achados são particularmente úteis para o desenvolvimento de intervenções mais específicas e estratégias de reprodução que levem em conta a variação genética herdada (LIU; et al., 2007).

Embora os métodos genéticos e genômicos estejam avançando, a implementação desses recursos em larga escala ainda enfrenta desafios, como o custo elevado e a necessidade de bancos de dados genéticos amplos e bem estruturados. No entanto, Ardicli et al. (2024) demonstram que, quando implementados corretamente, esses métodos têm o potencial de reduzir significativamente a prevalência da displasia coxofemoral em populações caninas.

Conclusão

Os avanços nas tecnologias de genotipagem e mapeamento de QTL oferecem uma oportunidade promissora para o diagnóstico precoce e controle da displasia coxofemoral em cães.

A implementação de programas de melhoramento genético baseados em predições genômicas tem mostrado resultados positivos na redução da prevalência da doença, especialmente quando aliados a estratégias de manejo apropriadas. Entretanto, é necessário um maior investimento em estudos longitudinais e na criação de bases de dados genéticas para maximizar o potencial dessas ferramentas.

Referências

ARDICLI, S. et al. The markers of the predictive DNA test for canine hip dysplasia may have a stronger relationship with elbow dysplasia. Heliyon, 2024.

GUO, G., et al. Canine Hip Dysplasia is Predictable by Genotyping. Osteoarthritis and Cartilage, 19(2011).

KING, M. D. Etiopathogenesis of Canine Hip Dysplasia, Prevalence, and Genetics. Vet Clin Small Anim, 2017.

LIU, T., et al. A Random Model for Mapping Imprinted Quantitative Trait Loci in a Structured Pedigree: An Implication for Mapping Canine Hip Dysplasia. Genomics, 90(2007).

REAGAN, J.K. Canine Hip Dysplasia Screening Within the United States: Pennsylvania Hip Improvement Program and Orthopedic Foundation for Animals. Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice, 47(2017).

RISER, Wayne H.; RHODES, W. Harker; NEWTON Charles D. Hip Dysplasia. In: NEWTON, Charles D. et al. Textbook of Small Animal Orthopaedics. Estados Unidos: J. B. Lippincott Company, 1985.

WANG, S. et al. Genetic improvement of canine hip dysplasia through sire selection across countries. The Veterinary Journal, 2019.