



# 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(es)

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 têm maior disparidade ao desenvolvimento de DCC, raças com maior peso corporal e rápido crescimento como terra-nova, rottweilers, mastim inglês, são-bernardo e labrador retriever acabam sendo as raças mais frequentemente afetadas 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.