



Genética em gatos: O que eu preciso saber antes de acasalar?

Genetics in Cats: What I need to know before breeding?

Rafaela Beatriz Pintor Torrecilha¹

¹Consultora Geneticista Autônoma.

Resumo

O gato doméstico foi o segundo carnívoro a passar pelo processo de domesticação. Este evento foi um marco muito importante para os gatos, mas também houve grande impacto para nossa sociedade, pois os gatos auxiliaram fortemente no controle de roedores. Após uma longa interação entre humanos e gatos, a seleção artificial para formação de raças e fenótipos de interesse gerou um aumento de acasalamentos entre indivíduos aparentados, e conseqüentemente, aumento de variantes deletérias nos gatos modernos. Atualmente, pesquisa e dados genômicos permitem a avaliação e detecção destas variantes, de modo a auxiliar a reprodução e saúde dos gatos domésticos.

Palavra-chave: endogamia, reprodução, DNA, genoma, teste genético

Abstract

The domestic cat was the second carnivore to go through the domestication process. This event was a very important milestone for cats, but it also had a great impact on our society, as cats strongly helped in rodent control. After a long interaction between humans and cats, artificial selection to form breeds and phenotypes of interest generated an increase in matings among related individuals, and consequently, an increase in deleterious variants in modern cats. Currently, research and genomic data allow the evaluation and detection of these variants, in order to help the reproduction and health of domestic felines.

Keyword: *inbreeding, reproduction, DNA, genoma, genetic test*

Introdução

O estudo sobre a domesticação é sempre um processo complexo, pois envolve diversas mudanças ambientais, históricas e inclusive biológicas para todas as espécies envolvidas (Axelsson et al., 2013; Montague et al., 2014; Ottoni et al., 2017; Zhang et al., 2020). Nos gatos não foi diferente, sua aproximação com humanos mudou completamente sua história, aparência, seu estilo de vida e inclusive a sua alimentação (Johnson et al., 2006).

A domesticação felina é estimada por volta de 9 a 11 mil anos atrás, mas ainda existem muitas lacunas a serem preenchidas para a total compreensão do que houve (Ottoni et al., 2017; Geigl e Grange, 2018). Através da união e análise de dados arqueológicos e do DNA extraído de fósseis encontrados, acredita-se que os gatos domésticos se aproximaram de civilizações humanas em busca de alimento, neste caso, pequenos roedores (Hu et al., 2014; Ottoni et al., 2017).

O surgimento da agricultura e estoque de alimentos fez com que roedores se aproveitassem e proliferassem com facilidade (Hu et al., 2014). Pequenos felinos começaram a se aproximar para caçar os roedores, e conseqüentemente, aumentaram sua tolerância aos humanos (Hu et al., 2014; Montague et al., 2014; Ottoni et al., 2017). Para os humanos, a presença de um caçador eficaz contra roedores era muito benéfica, e desta forma, a aproximação dos felinos foi muito bem aceita. Tanto que para algumas civilizações, os gatos eram adorados como deuses e até hoje se acredita que sejam símbolos de sorte e fartura (Geigl e Grange, 2018).

Atualmente, os gatos domésticos estão em todos os continentes, exceto na Antártica (Ottoni et al., 2017). Sua globalização foi principalmente durante o período das navegações (Adeola et al., 2019). A presença de gatos nas embarcações era algo rotineiro, já que com o estoque de alimentos, os roedores também se proliferavam nos navios, e novamente, os gatos estavam presentes para executar sua função de forma muito eficaz (Ottoni et al., 2017; Geigl e Grange, 2018).

¹Correspondência: rafaeltorrecilha@gmail.com

Recebido: 22 de outubro de 2021

Aceito: 16 de novembro de 2021



A presença dos gatos domésticos nos lares aumenta consideravelmente todos os anos, agora não mais por sua aptidão na caça, mas como companhia, afeto e facilidade de manejo. Gatos são diferentes de cães, apesar de sempre haver comparações entre as duas espécies, cada uma possui suas particularidades e demonstrações distintas de afeto (Takagi, 2021). Atualmente, a verticalização das cidades, com mais edifícios e moradias com menores espaços, fez com que aumentasse a escolha de gatos como animais de companhia (Takagi, 2021).

O aumento por procura por gatos faz com que cada vez mais haja criadores interessados em melhorar sua criação, com animais saudáveis e com padrões fenotípicos desejáveis. Atualmente, as mídias sociais auxiliam muito as pessoas a terem acesso a raças que antes não conheciam. Além disso, gatos de determinada estatura ou pelagem chamam a atenção das pessoas, e logo há procura por criadores que possuam exemplares de determinados fenótipos para a comercialização. Neste ponto, profissionais responsáveis são fundamentais para uma criação correta, que se estende desde o manejo, ambiente até a genética dos animais envolvidos.

Seleção Artificial

A seleção artificial sempre vem com o objetivo de fixar características de interesse, seja ela comportamental ou estética (Lyons, 2009). No caso dos gatos, não foi tão intensa quanto ocorreu em cães (Axelsson et al., 2013; Ottoni et al., 2017). Se fizermos um comparativo simples entre estatura de cães, há uma enorme variação entre um Chihuahua e um Dogue Alemão. Já nos gatos domésticos, somente mais recentemente temos raças de gatos considerados gigantes (Shaffer et al., 2021), mas a variação ainda não é tão grande quanto observado entre cães.

O cão doméstico é a espécie com maior variabilidade fenotípica, mas isto não indica possuir variabilidade genética. Esta grande variação de característica, que difere dos gatos domésticos, se deve a alguns fatores: Inicialmente pelo tempo de domesticação, os cães foram os primeiros animais a passarem por este processo, então seu direcionamento de acasalamento foi por mais tempo. Outro fator foi a seleção por função, que em cães foi intensa, com formação de diversos grupos por aptidões e interesse, já em gatos, estes possuíam uma grande e única função, que era de caçar roedores, e nisto sempre foram extremamente eficazes. Somente recentemente com a busca por fenótipos mais extremos e diferentes fez com que os gatos passassem por seleção artificial mais intensa nas últimas décadas (Gandolfi et al., 2018, Buckley et al., 2020; Irving MacGrath et al., 2021; Pistorius e Blokker, 2021).

Da mesma forma que ocorre em qualquer espécie, para fixarmos características de interesse, ocorre um processo chamado endogamia ou consanguinidade. A endogamia é um processo de acasalamento de indivíduos aparentados, que normalmente em animais, são aqueles que possuem a mesma característica de interesse (Lyons, 2009; Pistorius e Blokker, 2021). O acasalamento entre parentes faz com que regiões idênticas do DNA fiquem em ambos os cromossomos, que chamamos de homocigose. A presença de muitas regiões homocigotas no DNA faz com que haja baixa variabilidade genética, e isto faz com que fixemos as características de interesse, mas ao mesmo tempo, aumentam a incidência de variantes deletérias que estavam em baixa frequência na espécie (Samaha et al., 2020, Yu et al., 2020; Pistorius et al., 2021).

Qualquer ser vivo possui variantes deletérias em seu DNA, isto ocorre devido a erros durante a replicação celular. Mas como elas estão em heterocigose, ou seja, somente uma cópia em um dos cromossomos, a cópia saudável permite que a proteína gerada seja eficiente e exerça sua função. No caso dos animais homocigotos, onde as duas cópias possuíam a variante deletéria, seria expresso somente esta região alterada, gerando assim, consequências para o indivíduo (Yu et al., 2020, Pistorius e Blokker, 2021).

Um problema recorrente na criação tanto de gatos quanto de cães, é a presença de animais que são portadores destas variantes ou doenças genéticas (Yu et al., 2020). Muitas vezes estes indivíduos podem ser campeões de competições, e quando isto ocorre, acaba sendo um reprodutor muito requisitado e transmitindo suas variantes deletérias a diante. Estes indivíduos portadores da variante são saudáveis, visto que possuem uma cópia deletéria e uma cópia saudável, mas ao acasalarem com um outro indivíduo também carreador desta mesma cópia, terá uma porcentagem da ninhada com alterações. Uma observação importante é que, algumas variantes deletérias causam morte embrionária, e com isso, não há animais doentes na ninhada, mas apenas um número reduzido de filhotes. E nestes casos, a identificação destes carreadores acaba sendo mais difícil.

A seleção artificial com objetivo de fixar características, faz com que a endogamia seja mais intensa. O histórico da raça é extremamente importante para entendermos melhor as doenças que estão



como predisposição (Menotti-Raymond et al., 2008, Pistorius e Blokker, 2021). Muitas raças possuem poucos fundadores e o cenário fica pior em raças mais raras, onde geralmente ocorre importação de poucos animais, e estes, acabam sendo os únicos no país, ocorrendo acasalamento endogâmico entre os indivíduos da mesma família por gerações (Lipinski et al., 2008; Fontbonne et al., 2020, Ubolrate et al., 2020). Isto está muito relacionado também ao criador, sua experiência, entendimento e acompanhamento profissional, que deve direcionar acasalamentos da melhor forma possível.

Testes Genéticos

A análise genômica e os testes genéticos são uma revolução para a criação. É possível validar grau de parentesco, composição racial, ancestralidade, grau de endogamia, doenças genéticas e até a porcentagem do DNA do gato em comparação a felinos silvestres (Gandolfi et al., 2018; Groot et al., 2021).

Esta gama de opções ainda é pouco utilizada no Brasil, mas já existem muitos criadores que tem interesse em identificar animais portadores em seus plantéis. Existem laboratórios que realizam testes genéticos pontuais e em conjunto. Os testes em conjunto permitem a avaliação de diversas doenças, tipo sanguíneo e características físicas simultaneamente (Groot et al., 2021).

Para escolher o teste genético, deve-se atentar a algumas coisas:

1. A variante deve ser da raça que você tem interesse: Existem fenótipos que possuem mais de uma variante e a variante pode ser diferente entre raças. Por exemplo, em gatos Bobtail existem duas variantes genéticas descobertas até o momento e cada uma acomete raças diferentes. Por isso, na hora de testar, deve-se atentar para qual variante genética é o teste.

2. Existir mais de uma variante na mesma raça: Um fenótipo pode decorrer de mais de uma variante genética, sendo eles independentes e ocorrerem com frequências diferentes. Nestes casos, pode ocorrer do criador fazer o teste para uma variante, direcionar corretamente seus acasalamentos e ainda assim se deparar com aquele fenótipo indesejável. A primeira coisa que vem em mente é que houve erro laboratorial, mas quando há repetição e confiabilidade do resultado, devemos nos atentar que há doenças que podem ter mais de uma variante causal, sendo as vezes até na mesma raça.

3. A variante não ter sido descoberta ainda: Infelizmente em muitos casos ainda não temos conhecimento da variante responsável. Para auxiliar em situações como essa, devemos sempre atentar ao histórico dos animais, se possível sua genealogia e com o acompanhamento de um geneticista.

4. Fenótipos de características poligênicas: Muitos doenças e características físicas possuem relações e interações entre genes e cada dia surgem mais estudos para identificá-los. Da mesma forma que o item anterior, deve-se haver acompanhamento de um geneticista.

Na seleção dos reprodutores, o ideal é que haja o histórico destes animais, identificação de sua raça e se possível os testes genéticos para suas predisposições. Se não houver composição racial do indivíduo, seria interessante testar para doenças genéticas de todas as raças. Se qualquer um dos reprodutores for portador são de alguma doença, selecione um parceiro que seja livre para aquela variante e tenha em mente que os filhotes poderão ser portadores da variante, sendo neste caso, ideal que haja testagem dos filhotes. Em poucas gerações, o direcionamento do acasalamento já poderá deixar o criador livre de variantes deletérias identificadas até o momento. Atentando-se que a partir do momento que houve identificação de novas doenças, é imprescindível que haja a testagem para a nova variante, assim como sempre testar os animais recém adquiridos pelo gatil.

Referências

Adeola AC, Agwanda BR, Nanaei HÁ, Wu Y, Liu YH, Bitá C, Lichoti J, Ommeh SC, Charati H, Peng M, Zhao RH, Esmailzadeh A, Zhang, Y. Pattern of Genetic Diversity of Feral domestic cat populations in Lamu, Kenya and Iran suggest possible influence of historical trade between Persian Gulf and East African Coast, 2019.

Arendt M, Cairns K, Ballard J, Ballard, JWO, Axelsson, E. Diet adaptation in dog reflects spread of prehistoric agriculture. *Heredity*, v.117, p.301–306, 2016.

Axelsson E, Ratnakumar A, Arendt ML, Maboll K, Webster, MT, Perloski M, Liberg O, Arnemo JM, Hedhammar A, Lindblad-Toh K. The genomic signature of dog domestication reveals adaptation to a starch-rich diet. *Nature*, v.495, p.360–364, 2013.

Buckley RM, Davis BW, Brashear WA, Farias FHG, Kuroki K, Graves T, Hillier LW, Kremitzki M, Li G, Middleton RP, Minx P, Tomlinson C, Lyons LA, Murphy WJ, Warren WC. A new



- domestic cat genome assembly based on long sequence reads empowers feline genomic medicine and identifies a novel gene for dwarfism. *PLoS Genet*, v. 16(10), e1008926, 2020.
- Geigl EM, Grange T.** Of Cats and Men: Ancient DNA Reveals How the Cat Conquered the Ancient World. *Paleogenomics*, p.307-324, 2018.
- Fontbonne A, Prochowska S, Niewiadomska Z.** Infertility in purebred cats- A review of the potential causes. *Theriogenology*, v.158, p.339-345, 2020.
- Gandolfi B, Alhaddad H, Abdi M, Bach LH, Creighton EK, Davis BW, Decker JE, Dodman NH, Ginns EI, Grahn JC, Grahn RA, Haase B, Haggstrom J, Hamilton MJ, Helps CR, Kurushima JD, Lohi H, Longeri M, Malik R, Meurs KM, Montague MJ, Mullikin JC, Murph WJ.** Applications and efficiencies of the first cat 63K DNA array. *Sci Rep*, v.8,7024, 2018.
- Groot M, Anderson H, Bauer H, Bellone RR, Brugidou R, Buckçey RM, Forman DO, Grahn RA, Longeri M, Mouysset-Geniez S, Sofronidis QG, Van Der Goor, LHP, Lyon LA.** Standardization of a SNP panel for parentage verification and identification in the domestic cat (*Felis silvestris catus*). *Animal Genetics*, v.52, n.5, p.675-682, 2021.
- Hu Y, Hu S, Wang W, Wu X, Marshall FB, Chen, X, Hou L, Wang C.** Earliest evidence for commensal processes of cat domestication. *PNAS*, v.111 (1), p.116-120, 2014.
- Irving McGrath J, Zhang W, Hollar R, Collings A, Powell R, Foale RD, Thurley N, Brockman JA, Mellanby RJ, Gunn-Moore DA, Schoenebeck JJ.** More Than a Moggy; A Population Genetics Analysis of the United Kingdom's Non-Pedigree Cats. *Genes*, v.12, n.10, p.1619, 2021.
- Johnson WE, Eizirik E, Pecon-Slattery J, Murphy WJ, Antunes A, Teeling E, O'Brien S.** The Late Miocene radiation of modern Felidae: A genetic assessment. *Science*, v.311, p.73-77, 2006.
- Lipinski MJ, Froenicke L, Baysac KC, Billings NC, Leutenegger CM, Levy AM, Longeri M, Niini T, Ozpinar H, Slater MR, Pedersen NC, Lyons LA.** The ascent of cat breeds: genetic evaluations of breeds and worldwide random-bred populations. *Genomics*, v.91, p.12-21, 2008.
- Lyons LA.** Recent advances in cat genetics. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources*, v.4, n.18, 2009.
- Menotti-Raymond M, David VAD, Pflueger M, Lindblad-Toh, K, Wade CM, O'Brien SJ, Johnson WE.** Patterns of molecular genetic variation among cat breeds. *Genomics*, v.91, p.1-11, 2008
- Montague MJ, Li G, Gandolfi B, Khan R, Aken BL, Searle SMJ, Minx P, Hillier, LDW, Koboldt DC, Davis BW, Driscoll CA, Barr CS, Blackstone K, Quilez J, Lorente-Galdos B, Marques-Bonet T, Alkan C, Thomas GWC, Hahn MW, Menotti-Raymond M, O'Brien SJ, Wilson RK, Lyons LA, Murphy WJ, Warren WC.** Comparative analysis of the domestic cat genome reveals genetic signatures underlying feline biology and domestication. *PNAS*, v.111, n.48, p.17230-17235, 2014.
- Otoni C, Neer, WV, Cupere BD, Daligault J, Guimaraes S, Peters J, Spassov N, Prendergast ME, Boivin N, Morales-Muñiz A, Bălăşescu A, Becker C, Benecke N, Boroneant A, Buitenhuis H, Chahoud J, Crowther A, Llorente L, Manaseryan N, Monchot H, Onar V, Osypińska, M, Putelat O, Morales EMQ, Studer J, Wierer U, Decorte R, Grange T, Geigl EM.** The palaeogenetics of cat dispersal in the ancient world. *Nat Ecol Evol*, v.1, n. 0139, 2017.
- Pistorius AMA, Blokker I.** Statistical analysis in support of maintaining a healthy traditional Siamese cat population. *Genet Sel Evol*, v.53, n.6, 2021.
- Samaha G, Wade CM, Beatty J, Lyons LA, Haase B.** Mapping the genetic basis of diabetes mellitus in the Australian Burmese cat (*Felis catus*). *Sci Rep*, v.10, n.19194, 2020.
- Shaffer GD, Ballif BC, Meurs K, Shaffer LG, Flores-Smith H.** Identification of a novel missense mutation in the fibroblast growth factor 5 gene associated with longhair in the Maine Coon Cat. *Hum Genet*, v.140, n.11, p.1517-1523, 2021.
- Takagi S.** Developments in Research on Cat Cognition and Personality. *Comparative Cognition*, p.287-303, 2021.
- Ubolrat K, Laopiem S, Nunklang K, Phavaphutanon J.** Genetic diversity and inbreeding situation of Korat and Siamese cats based on microsatellite markers. *Veterinary Integrative Sciences*, v.17, p.51-64, 2019.
- Yu Y, Creighton EK, Buckley RM, Lyons LA, 99 Lives Consortium.** A Deletion in GDF7 is Associated with a Heritable Forebrain Commissural Malformation Concurrent with Ventriculomegaly and Interhemispheric Cysts in Cats. *Genes*, v.11, n.6, p.672, 2020.
- Zhang Z, Khederzadeh S, Li Y.** Deciphering the puzzles of dog domestication. *Zool Res*, v.41, n.2, p.97-104, 2020.