



Padrão *Paulo Santos Cruz* da raça *Fila Brasileiro*: codificação por marcadores de DNA

Dr. Aníbal S. Felipe-Silva, MV; MMV; Doutorando em Ciência Animal pela Escola de Veterinária – UFMG, Brasil

E-mail: anibalfelipe@yahoo.com

Sempre fui fascinado pela raça *Fila Brasileiro*. Nascido na cidade de Governador Valadares, interior do estado de Minas Gerais, meu primeiro contato com esses magníficos cães ocorreu quando eu ainda era uma pequena criança de cinco anos. Filho de médicos e morando em uma casa grande de um bairro nobre, ainda me lembro da mistura de medo e admiração que a cadela *Catucha* do *Ibituruna* me causava. Era uma cadela baia, de estrutura e temperamento muito fortes para a guarda da casa e adquirida do também médico, o radiologista Dr. Paulo Angotti, proprietário do *Canil Ibituruna*, certamente um dos melhores criatórios que a raça já conheceu. Em uma das exposições do *CAFIB* ocorrida na cidade, no ano de 1984, *Catucha* foi a primeira colocada na classe filhotes. Foi o primeiro incentivo para que eu continue, ainda hoje, preservando essa linhagem e trabalhando como incansável ativista na conservação desse patrimônio genético-histórico-cultural que esta raça nativa brasileira significa para nosso País e que, felizmente, tem encontrado também em todo o mundo importantes colaboradores.

O *CAFIBE*, *Clube de Amigos do Fila Brasileiro na Espanha*, tem se destacado como associação defensora da raça e faz com que seu exemplo de organização, empenho, comunicação entre os sócios e fornecimento de acesso a boa literatura específica por meio dos boletins, deva ser seguido por outros clubes de objetivos similares. É, portanto, com muita honra e satisfação que inicio minha colaboração a este Clube escrevendo e interpretando artigos técnico-científicos de grande interesse para nós cinófilos. Como médico veterinário, com conhecimentos cada vez mais aprofundados em reprodução e genética animal, comentarei aspectos extremamente importantes para a preservação de recursos genéticos, especialmente por meio das pesquisas científicas inéditas que venho desenvolvendo com o *Fila Brasileiro* como parte dos meus estudos de Doutorado, na Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, Brasil.

Atualmente, a utilização de técnicas moleculares para a caracterização genética de diferentes espécies, linhagens e/ou populações é uma realidade. Além de oferecerem uma elevada precisão, permitem a geração de um grande número de descritores que não são influenciados pelo ambiente nem pelo estado de desenvolvimento do indivíduo. Entre os marcadores utilizados para esta finalidade, destacam-se os microssatélites, também denominados *STR* (*Sequence Tandem Repeats*). Estes marcadores possuem natureza multi-alélica, herança codominante, abundância e ampla distribuição no genoma. A taxa de mutação dos microssatélites é suficientemente alta para detectar variabilidade genética mesmo em situações de parentesco. Ao mesmo tempo é baixa para que uma forte

estabilidade seja mantida de geração para geração e, com isso, permita a definição de perfis genéticos altamente informativos e estáveis para a discriminação de linhagens e indivíduos.

Toda a informação genética de um organismo vivo está armazenada nas seqüências do DNA que compõem seu genoma e que podem ser acessadas pelos marcadores microssatélites. Há pequenas variações (polimorfismos) quando se comparam essas seqüências de nucleotídeos do DNA de indivíduos, mesmo dentro da mesma espécie ou raça. A análise dessas variações (marcadores de eleição) por métodos laboratoriais que determinam a seqüência do DNA possibilita, entre outros, a classificação desse organismo vivo dentro de uma raça específica, a identificação genética para aplicações legais e forenses e a identificação de áreas do genoma responsáveis por doenças genéticas.

Os microssatélites são os marcadores-referência recomendados pela *International Society for Animal Genetics* (ISAG) para os testes de parentesco, devido à sua alta especificidade e acuidade em determinar importantes variáveis polimórficas presentes no genoma dos indivíduos avaliados, ou seja, por permitirem identificar geneticamente um indivíduo tal qual uma impressão digital em seres humanos. Permitem ainda, por meio da análise desses pontos específicos do DNA dos animais, identificá-los como pertencentes ou não a uma determinada raça. Desta forma tornava-se imprescindível um trabalho pioneiro e muito bem direcionado para identificar as freqüências gênicas principais do padrão *Paulo Santos Cruz* para a raça Fila Brasileiro afim de que, estabelecida esta base, fosse possível discriminar com máxima eficiência cães portadores de genes estranhos à composição básica dos animais puros e, assim, ampliar e otimizar a conservação e multiplicação orientada destes animais, excluindo da reprodução indivíduos mestiços.

De maneira geral, é consenso entre os criadores de Fila que as raças caninas que mais possuem (possuíam) características comuns às da raça em questão e que teriam contribuído de maneira mais contundente para a sua formação, seriam o antigo Mastiff, o antigo Buldogue Inglês e o Bloodhound. No entanto, as proporções desses genes, os fatores ambientais impressos pelo isolamento geográfico em território brasileiro, essenciais para a seleção dos indivíduos mais adaptados, além das datas dos acontecimentos nessa odisséia genética estariam condenados ao esquecimento, caso não houvesse comprometimento de pesquisadores engajados na busca por respostas genéticas e históricas. Felizmente, hoje podemos dizer que esses estudos já se iniciaram e que respostas precisas caminham a passos firmes em nossa direção.

Assim foi que, mesmo sem recursos de entidades de fomento à pesquisa, busquei a colaboração de criadores tradicionais e/ou comprometidos com a preservação de linhagens puras. Parte deles cedeu material para extração do DNA de seus cães (sangue e/ou pêlos) e pagaram por esses exames preços que, à época, ainda eram relativamente caros devido à falta de demanda por esses serviços em laboratórios especializados. Muitos outros exames, no entanto, tive que pagar com recursos próprios. Atualmente, depois de criarmos a demanda e otimizarmos a realização dos testes, junto à equipe do Laboratório de Genética Animal da Escola de Veterinária da UFMG, podemos realizar essas mesmas análises por preços mais acessíveis aos criadores permitindo, inclusive, obtenção de filhotes e registros de ninhadas com garantia total de procedência. Isso já é obrigatório para a raça de cavalos brasileira Mangalarga Marchador, como uma exigência do Governo Brasileiro.

As análises que deram origem ao trabalho que apresentei na *XXXI Conferência da Sociedade Internacional para Genética Animal*, ocorrida em Amsterdã entre 20-24 de Julho (o qual pode ser lido nos Anais do Encontro e no Boletim CAFIBE, n.8 de 2008), foram baseadas em linhagens de excelente origem e tipo. Os cães representantes dessas linhagens foram criados ou conservados por criadores brasileiros. As principais linhagens analisadas foram: *Ibituruna, Tabayara, Alto Quatis, Amparo, Fazenda Mundeio, São José da Lapa, Jaguara, Engenho Velho, Gameleira, Jawa, Caramonã, Príncipe do Oeste, Engenho*. Estas linhagens constituem parte significativa da base de animais puros disponíveis hoje no Brasil, mesmo que em alguns casos se possam encontrar erros de parentesco nos pedigrees (o que apesar de grave e repudiável é menos lesivo à raça que inclusão de genes de outras raças, ditas formadoras do Fila Brasileiro ou não).

O trabalho foi reconhecido e recomendado como de qualidade superior por respeitadas Órgãos do Governo Brasileiro. Desta forma, todo o custeio para a minha participação na Conferência ISAG-2008 foi concedido pelos Ilustres *Colegiado de Pós-Graduação em Ciência Animal da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais (CPGCA / EV-UFGM)* e pela *Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)*.

Como ficou demonstrado, a raça Fila Brasileiro apresenta média de cinco alelos por *loci* avaliados pelos marcadores microssatélites recomendados pela ISAG. Esse número é suficiente para determinar com 99,99% de confiabilidade os testes de exclusão de parentesco quando ambos os genitores são avaliados e 100% de certeza a individualização de irmãos da mesma ninhada. Isto torna impossível fraudes de pedigree, mediante adoção de registro de ninhada com apresentação desses testes de DNA.

Com relação à endogamia (consangüinidade) média da raça, supostamente alta devido à utilização de reprodutores famosos em muitas das linhagens avaliadas, determinou-se um índice de 2,9%. Este valor, interpretado junto à heterozigosidade média observada ($H_o=0,60$), mostra-se relativamente baixo. A explicação para tal é que, apesar de manterem as características do *Padrão Paulo Santos Cruz* nos animais produzidos, muitos dos animais ditos filhos e netos de grandes campeões não os são. É como se viéssemos trabalhando há tempos com animais puros, mas de *Registro Inicial*. Não houve seleção, apenas multiplicação de cães puros (concluindo com êxito o principal objetivo do trabalho proposto pelo Pai da Raça, Dr. Paulo Santos Cruz, um dos fundadores do *Clube de Aprimoramento do Fila Brasileiro – CAFIB*, em 1978). Apesar de paradoxal, a qualidade dos animais só foi mantida no Brasil e nos países que importaram animais das linhagens estudadas, devido a uma elevada capacidade dos criadores conservacionistas de selecionarem animais puros para a reprodução, mesmo que as informações nos pedigrees não correspondessem sempre à realidade. No entanto, isto prejudicou significativamente o processo de conservação.

Muitos outros criadores no Brasil e no Mundo não alcançaram sucesso na tarefa de multiplicar cães puros. Utilizaram em suas criações (enganados ou não) animais de péssima origem, absolutamente fora do padrão determinado pela *Natureza*, talhado com precisão pelo *Pai da Raça* e, agora, também codificado geneticamente. Isto levou a uma deriva

genética grande, com introgressão de genes estranhos ao da raça já fixada, e significativa perda de qualidade em grande parte dos animais produzidos depois do final da década de 70. Muitos desses cães foram registrados como Filas por órgãos da cinofilia oficial.

Somente estudos genéticos mais aprofundados a serem realizados de agora em diante poderão determinar com precisão as proximidades de parentesco entre o nosso Fila Brasileiro *Padrão Paulo Santos Cruz* criado nas diferentes regiões do Brasil e as demais criações de Fila Brasileiro do nosso país e do Mundo. Em minha viagem à República Tcheca, algumas semanas antes à Conferência de Amsterdã, com a ajuda impagável e típica de um *Fileiro Conservacionista Nato*, meu amigo Jarda Pörs, coletei DNA de Filas criados naquele país para comparação técnica com nosso Banco Genético de Dados. Em breve, teremos também material de vários outros países. Esta é uma maneira inequívoca de mantermos o padrão de qualidade do nosso Fila Brasileiro *Padrão Paulo Santos Cruz*, também conhecido como *Puro, Tipo CAFIB ou Original*.