

Faculdades Integradas IPEP
Centro de Estudos em Segurança Pública e Direitos Humanos
Programa de Educação Policial Continuado

Keila Aparecida de Almeida

**A origem e diversidade genética do cão doméstico (*Canis familiaris*) e
sua importância para o desenvolvimento da Cinotecnia Policial**

Franco da Rocha

2022

Keila Aparecida de Almeida

A origem e diversidade genética do cão doméstico (*Canis familiaris*) e sua importância para o desenvolvimento da Cinotecnia Policial

Trabalho apresentado ao Centro de Estudos em Segurança Pública e Direitos Humanos - CESDH como requisito parcial para formação no curso de Pós-Graduação Lato Sensu em Cinotecnia Policial – Projeto K9.

Coordenador: Prof. Dr. Eduardo Cava Leanza

Franco da Rocha

2022

RESUMO

Os cães desempenham uma diversidade de funções na sociedade humana moderna. A diversidade morfológica observada entre as diversas raças de cães domésticos é única na ordem dos Carnívoros. É certo que parte dessa diversidade de características morfológicas, tais quais, tamanho, pelo, cor, fisiologias, capacidades cognitivas e diferentes habilidades são em decorrência do processo de seleção artificial realizada durante o processo de domesticação da espécie e decorrente do surgimento das raças, desde que estes passaram a se aproximar dos agrupamentos humanos. Todavia, a seleção artificial não explica inteiramente toda a variação observada, nem tampouco a sua origem. Dessa forma, compreender a natureza da variabilidade genética dos cães domésticos, bem como a origem de suas populações fundadoras se faz necessário para a compreensão do potencial e seleção das características comportamentais, físicas e fisiológicas das raças para o emprego em atividades de segurança pública e, em consequência, para o desenvolvimento da Cinotecnia Policial. Sabe-se que muitos aspectos comportamentais típicos das raças são evolutivamente conservados, mas, apenas uma pequena quantidade de dados genéticos concretos é conhecida, no que diz respeito ao desempenho de cães de trabalho. Nesse sentido, o presente trabalho tem como objetivo a discussão sobre as origens das populações fundadoras dos cães domésticos, bem como discutir seu processo de domesticação, o surgimento das raças e a importância do conhecimento acerca da diversidade genética para a compreensão do potencial dos cães de trabalho

Palavras-chave: Filogenética, variabilidade genética, desempenho, Cinotecnia.

SUMÁRIO

1. Relações filogenéticas do cão doméstico.....	5
2. Ancestral e a domesticação do cão.....	13
3. Origem das raças e a influência da diversidade nos cães de trabalho.....	16
4. Conclusão	20
5. Referências bibliográficas.....	21

1. Relações filogenéticas do cão doméstico

O cão doméstico (*Canis familiaris*), pertence à ordem Carnivora, superfamília Canoidea e família dos canídeos (Figura 1). Dentro da superfamília Canoidea, os canídeos se apresentam como o grupo mais diverso e distinto, tanto filogeneticamente quanto com variações em seu cariótipo, divergindo dos demais carnívoros a cerca de 50 milhões de anos (Vilá, 1999; Vilá e Leonard, 2012), sendo os canídeos mais recentes tendo irradiado do ancestral comum a cerca de 10 milhões de anos. Além disso, os canídeos são um grupo composto por 38 espécies descritas, das quais, somente o cão doméstico foi inteiramente domesticado (Galibert et al., 2011) (Tabela 1).

As linhagens recentes observadas na família Canidae tiveram início a cerca de 12 a 15 milhões de anos, principalmente da América do Norte e, irradiaram-se em três grupos de espécies relacionadas, sendo: o da raposa vermelha, que inclui as raposas do Ártico, vulpinos Sul-americanas e o terceiro grupo formado pelo lobo cinzento, chacal, coiote e cão doméstico, também conhecido como grupo dos lupinos (Wayne et al., 1987) (Figura 2).

A filogenia da família Canidae foi reconstruída utilizando sequência de DNA mitocondrial, comparando sequência do gene Citocromo B (cytb) citocromo C oxidase I e citocromo C oxidase II, constatado que todas as espécies do gênero *Canis* formam um grupo monofilético, incluindo o cão selvagem asiático (*Cuon alpinus*), sugerindo que o cão-selvagem-asiático pertença também ao gênero *Canis* tendo como grupo externo uma espécie de cão selvagem africano (*Lycaon pictus*). O grupo monofilético do gênero *Canis*, recupera ainda, lobo-etíope (*C. simensis*) e o Chacal dourado (*C. aureus*) como grupo irmão e mais proximamente relacionado aos lobos, cães e coiotes (Wayne e Ostrander, 1999). Os chacais, no entanto, não compartilham um ancestral comum dentro desse grupo monofilético (Figura 2).

O clado recupera ainda duas espécies sul-americanas relacionada aos *Canis*, sendo o cachorro-vinagre (*S. venaticus*) e o lobo guará (*C. brachyurus*), ambos presentes na fauna brasileira (Figura 2).

Embora as morfologias das espécies que compõe o clado no qual se encontram os cães domésticos nada lembrem as morfologias dos cães atuais, há de se considerar o grau

de sintenia entre os genomas dos mamíferos e as implicações dessas características conservadas que são selecionadas evolutivamente.

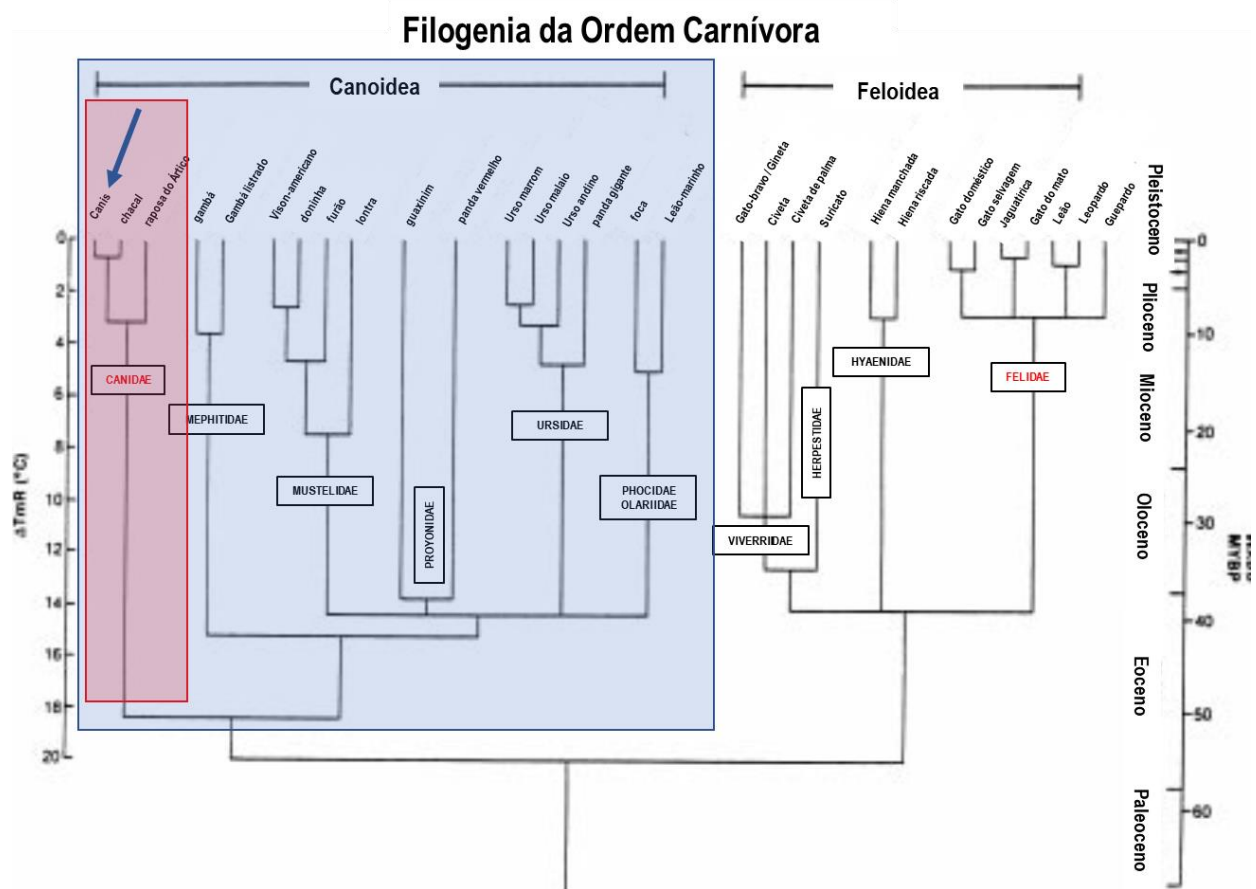


Figura 1. Relação filogenética da Ordem Carnívora baseada em dados de DNA com indicação de Família e Subfamílias. Escala de tempo baseada em divergência molecular e aparecimentos do primeiro fóssil. *Extraído e modificado de Wayne e Ostrander, 1999.* Destaque para a família Canidae, gênero Canis, no qual se encontram cães e lobos.

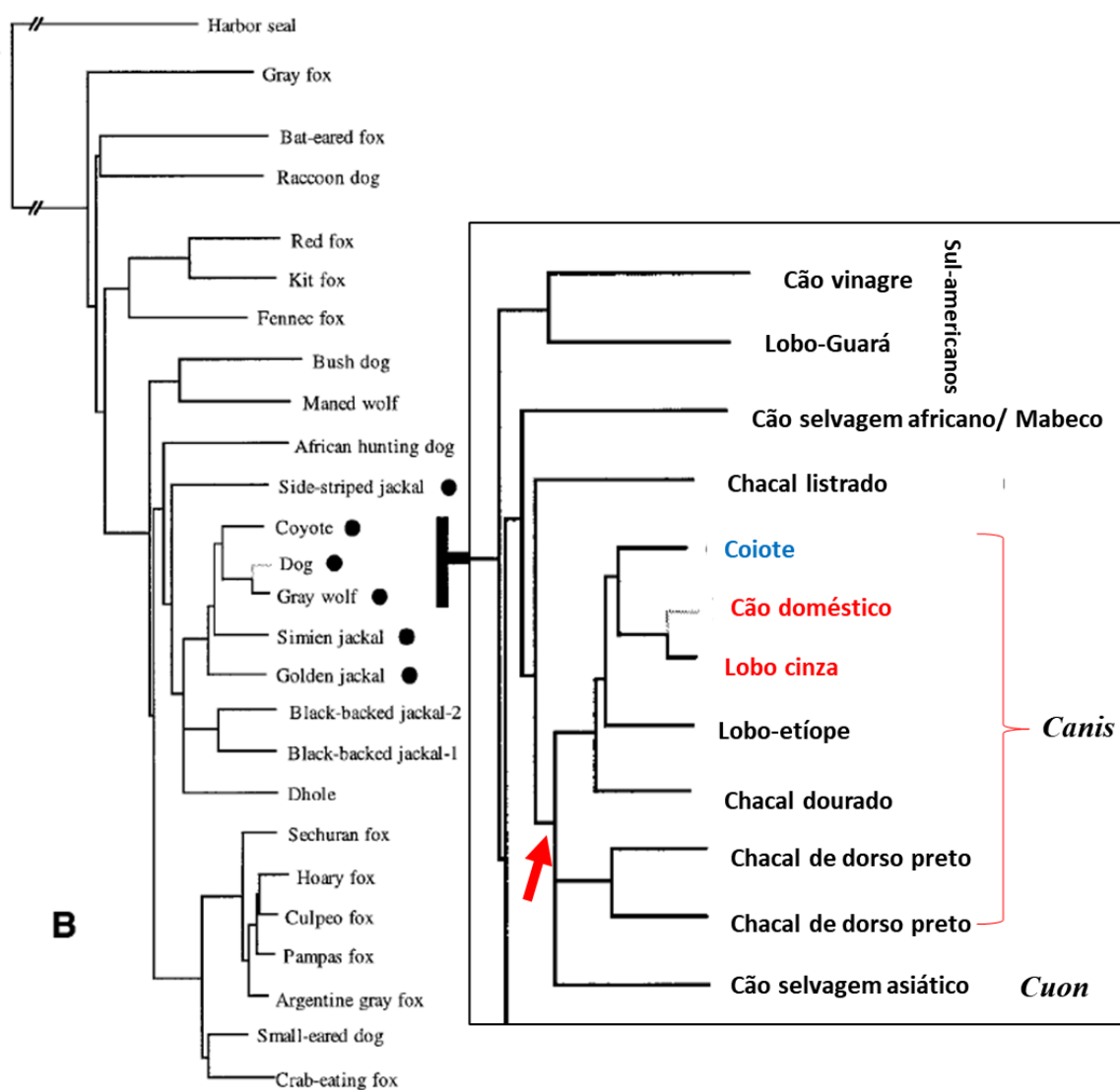


Figura 2. Filogenia da Família Canidae, com destaque para o gênero *Canis*, o qual pertence os cães domésticos. Demonstra a relação filogenética com os lobos e o coiote como o grupo mais próximo de ambos e o cão selvagem asiático (*Cuon alpinus*) como pertencente ao gênero *Canis*.

Tabela 1. Espécies descritas para a Família Canidae, das quais somente o cão doméstico foi inteiramente domesticado. Wilson e Mittermeier, 2009. Alguns autores incluem *C. lycaon* e um híbrido entre lobo e coiote. Extraído e modificado de Vilá e Leonard, 2012. *Livre tradução do original somente para as espécies do gênero *Canis*.

Táxon	Nome comum*
Família Canidae	
Subfamília Caninae	
Gênero: <i>Canis</i>	
<i>C. lupus</i>	Lobo cinza
<i>C. familiaris</i>	Cão doméstico
<i>C. rufus</i>	Raposa vermelha
<i>C. latrans</i>	Coiote
<i>C. simensis</i>	Lobo-etíope

<i>C. aureus</i>	Chacal- dourado
<i>C. adustus</i>	Side-striped jackal
<i>C. mesomelas</i>	Black-backed jackal
Gênero: Cuon	
<i>C. alpinus</i>	Cão selvagem asiático
Gênero: Lycaon	
<i>L. pictus</i>	Cão selvagem africano
Gênero: Chrysocyon	
<i>C. brachyurus</i>	Lobo-Guará
Gênero: Speothos	
<i>S. venaticus</i>	Cachorro-vinagre
Gênero: Cerdocyon	
<i>C. thous</i>	Crab-eating fox
Gênero: Atelocynus	
<i>A. microtis</i>	Short-eared dog
Gênero: Pseudalopex	
<i>P culpaeus</i>	Culpeo
<i>P fulvipes</i>	Darwin's fox
<i>P griseus</i>	South American grey fox
<i>P gymnocercus</i>	Pampas fox
<i>P sechurae</i>	Sechuran fox
<i>P vetulus</i>	Hoary fox
Gênero: Urocyon	
<i>U cinereoargenteus</i>	Northern grey fox
<i>U. littoralis</i>	Island fox
Gênero: Nyctereutes	
<i>N. procyonoides</i>	Cão-guaxinim
Gênero: Otocyon	
<i>O. megalotis</i>	Bat-eared fox
Gênero: Alopex	
<i>A. lagopus</i>	Arctic fox
Gênero: Vulpes	
<i>V velox</i>	Swift fox
<i>V macrotis</i>	Kit fox
<i>V vulpes</i>	Red fox
<i>V corsac</i>	Corsac fox
<i>V ferrilata</i>	Tibetan fox
<i>V bengalensis</i>	Indian fox
<i>V pallida</i>	Pale fox
<i>V rueppellii</i>	Ruppell's fox
<i>V chama</i>	Cape fox
<i>V cana</i>	Blanford's fox
<i>V zerda</i>	Fennec fox

O cão doméstico é considerado a espécie de mamífero mais diversa fenotipicamente, apresentando uma variação de tamanho que vai desde a morfologia observada em um pequeno Chihuahua até um São Bernardo (Ostrander, 2011) (Figura 3). Essa variação se expande ainda para a cor da pelagem, habilidades cognitivas entre outras, e é muito mais diversa dentro da espécie do que quando observado entre os membros da Família Canidae (Vilá e Leonard, 2012), impactando diretamente na fisiologia, comportamento e aspectos de aprendizagem dos espécimes (Coppinger e Coppinger, 2001).

Essa diversidade observada tanto no tamanho, pelagem, conformação, capacidade de aprendizagem e outras diferentes habilidades, inclusive cognitivas que são utilizadas na seleção dos cães domésticos para trabalho, não decorreram apenas de um processo de seleção artificial decorrente das relações humanas, mas estão diretamente ligadas a variabilidade genética da espécie e de suas populações fundadoras ancestrais (Vilá, 1999).

As teorias sobre o surgimento do cão doméstico são diversas e divergentes. Inicialmente, acreditava-se que os cães teriam se originado tanto de chacais quanto de lobos, dado o compartilhamento de traços morfológicos entre essas espécies. Charles Darwin chegou a propor que a diversidade dos cães só poderia ser explicada se estes tivessem sido originados a partir de duas ou mais espécies de canídeos. Coppinger e Schneider (1995) sugeriram que tanto lobos quanto os chacais dourados poderiam ser ancestrais do cão doméstico, sendo que cada um teria dado origem às diferentes raças. Contudo, a origem polifilética do grupo não se sustenta a partir dos dados moleculares, que corroboram com a origem diretamente a partir dos lobos.

Um estudo considerando a divergência molecular da região de controle do DNA mitocondrial (DNAMit) revelou haver uma divergência molecular entre 1.5% e 2% em relação ao DNAMit de cães e lobos, comparados à 7,5% entre cães e coiotes, sendo o coiote a espécie mais próxima a ambos (Vilá et al., 1997) e o mesmo padrão de relação ancestral é recuperado quando são utilizados microssatélites ou outros marcadores nucleares (Wayne et al., 1997), ou seja, cães e lobos aparecem como espécies diretamente relacionadas e os coiotes como grupo próximo.

Contudo, mesmo na origem monofilética, ou seja, a partir dos lobos, há aquelas que sustentam que os cães se originaram de uma única vez, a partir de um único *pool* gênico e outras que defendem ter havido múltiplas origens oriundas de diferentes

populações de lobos ancestrais, o que explicaria, portanto, a diversidade fenotípica observada nos cães. Todavia, a diversidade genética nas variedades domésticas permanece incerta.

Considera-se ainda que esses eventos de origem e cruzamento ocorreram várias vezes ao longo do processo de domesticação atrelados à história humana, ou seja, os lobos cinzentos, de diferentes populações, teriam continuado a contribuir com seu *pool* gênico através de cruzamentos entre lobos cinzentos, cães híbridos (cão/lobo) e o cão doméstico e, dado o observado em análises filogenéticas utilizando sequências de DNA mitocondrial. (Wayne e Ostrander, 1999).

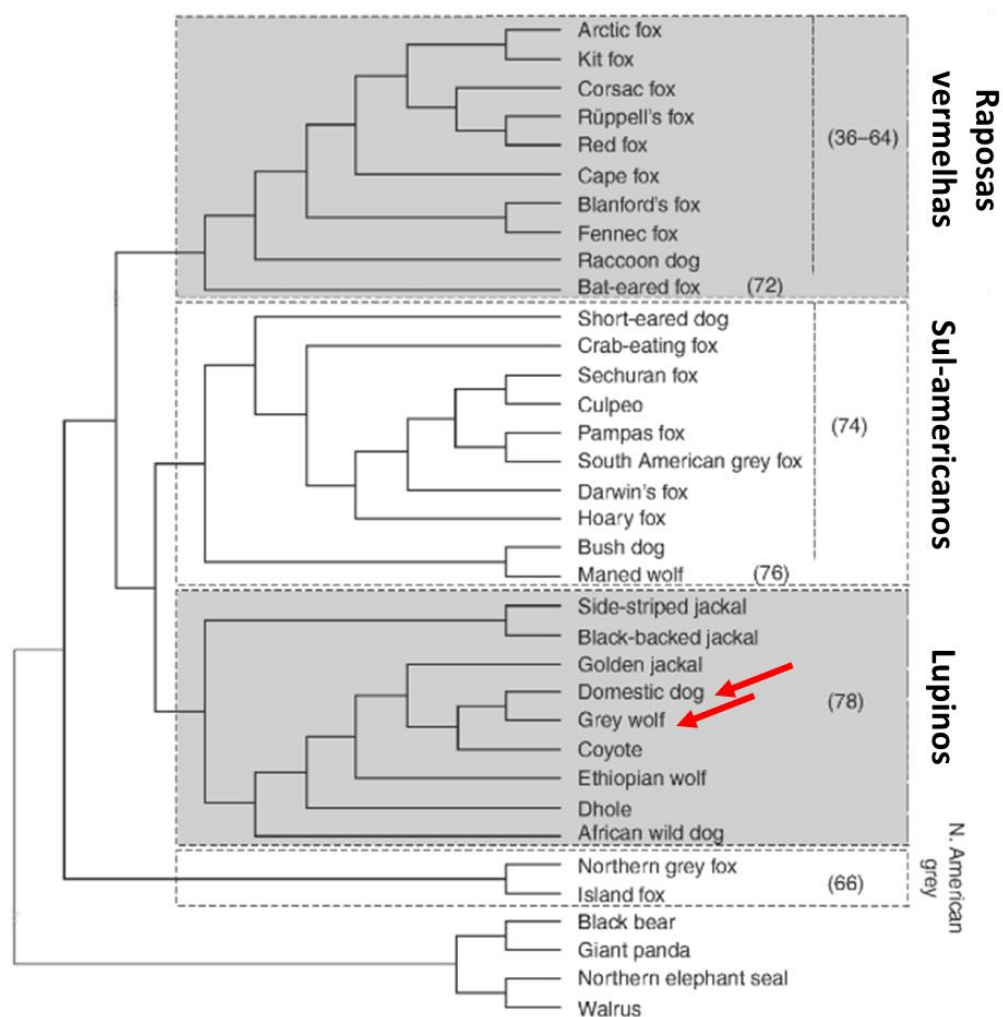


Figura 3. Árvore filogenética das três linhagens da Família Canidae com destaque para o grupo dos lupinos (tradução livre para Wolf-like). As atuais espécies do grupo apresentam semelhança em seu $2n=78$ com cromossomos acrocêntricos, incluindo semelhanças entre o cão. Extraído e modificado de Vilá e Leonard, 2012).

O mapeamento cromossômico dos cães é outro dado importante na compreensão das diferenças morfológicas. Cães domésticos apresentam um número diploide ($2n$)

elevado, com 78 cromossomos pequenos e acrocêntricos, semelhantes aos lobos cinzentos (O'Brien et al, 1987) e ao cão selvagem-africano (*L. pictus*) que, como visto anteriormente, é o grupo mais externo em relação ao clado *Canis/Cuon*. (Wayne, et al. 1997), porém, há pouca similaridade em relação à outras espécies de carnívoros, que, em geral, são mais conservados e apresentam maior semelhança com o cariótipo carnívoro ancestral (CCA, $2n=42$), incluindo membros da própria família dos canídeos, cujos números cromossômicos são menores e os cromossomos se apresentam em formas metacêntricas (Figura 4), como é o caso da raposa vermelha (*V. vulpes*) que apresenta 36 cromossomos metacêntricos, ou ainda, os canídeos sul americanos que apresentam variação entre $2n=74-76$ (Figura 3).

As diferentes morfologias observadas nos cromossomos das espécies bem como os padrões de bandas observados são bastante informativas para a reconstrução da história evolutiva dos grupos e, em consequência, inferir suas origens através dos cromossomos ancestrais, nos proporcionando entendimento sobre como os rearranjos cromossômicos ocorreram. Em geral, consistem em eventos de fissão e fusão dos braços cromossômicos. No caso da família Canidae, acredita-se que sucessivas fusões e rearranjos deram origem ao número diploide elevado que observamos.

Um estudo filo citogenético utilizando o cariótipo dos cães constatou que apesar das divergências morfológicas observadas entre o cariótipo do cão e o CCA, foram localizados 42 segmentos conservados, sendo 18 encontrados somente nos cariótipos dos cães, ou seja, 18 segmentos considerados novidades evolutivas presentes somente na espécie.

A identificação precisa de cromossomos dentro do cariótipo de qualquer espécie é um pré-requisito fundamental para o mapeamento físico de seu genoma (Breen et al., 1999) e possibilita a identificação de genes diretamente relacionados à por exemplo, aspectos comportamentais.

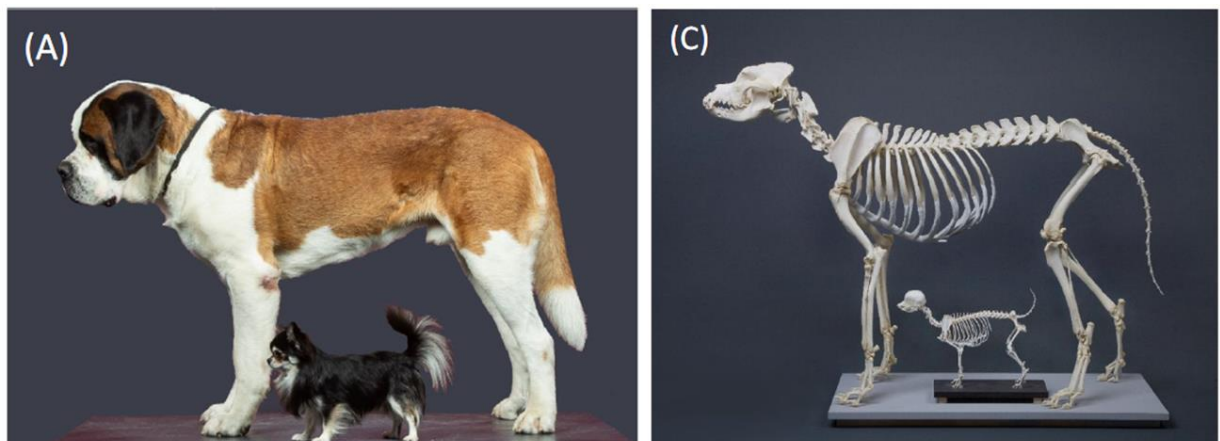


Figura 4. Representação da variação de tamanho e morfologias observadas no cão doméstico. A) São Bernardo e Chihuahua representando as maiores e menores raças existentes e em C a variação do esqueleto. *Extraído e modificado de Bannasch et al., 2020.*

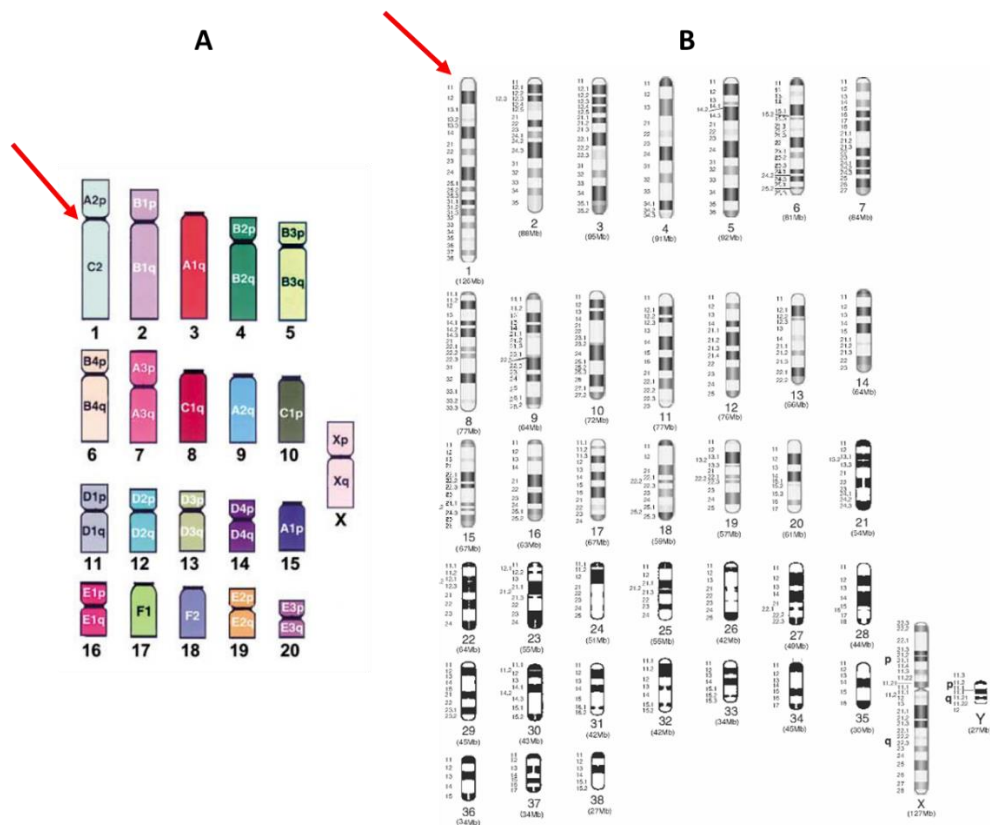


Figura 5. Comparação entre o cariótipo carnívoro ancestral e o cariótipo do cão doméstico. Nota-se a diferença numérica e morfológica. O CCA apresenta-se com menor número cariotípico e em geral os cromossomos apresentam dois braços com o centrômero, características de metacêntricos. Já os CCD apresentam-se mais numerosos, menores e sem a presença do centrômero, característicos de acrocêntricos, resultado de sucessivos processos evolutivos que deram origem às cisões nos cromossomos ancestrais.

2. Ancestral e a domesticação do cão

O mecanismo de cruzamento entre as espécies ao longo da separação do lobo e do cão é incerto e a escassez de registros arqueológicos é um dos fatores que dificulta esclarecer o tempo e os eventos fundadores dos espécimes domésticos (Zeder et al., 2006). Em geral, quando presentes em sítios arqueológicos, esses remanescentes são bastante fragmentados e de difícil diferenciação morfológica em relação aos remanescentes dos lobos (Vilá e Leonard, 2012).

Algumas pequenas diferenças na morfologia dos esqueletos entre o lobo cinzento e o cão doméstico moderno auxiliam na diferenciação, mas essa diferenciação morfológica é pequena quanto se trata dos períodos iniciais da separação das espécies, momento no qual ambos apresentavam aspectos morfológicos semelhantes, sendo necessário os dados genéticos para compreender a o momento em que essa cisão ocorreu (Vilá, 1999).

Análises utilizando relógio molecular com base em sequências DNAm demonstram que a diferenciação entre lobos e cães se deu muito antes dos achados fósseis relacionados a domesticação, tendo ocorrido há pelo menos 135 mil anos (Vilá, 1999), indicando que a diferenciação entre a espécie lobo e cão se deu muito antes do contato com agrupamentos humanos e o processo de domesticação.

Okamura et al. (2009) encontrou achados semelhantes através de estudos moleculares utilizando amostras de raças japonesas e sequências de DNA não codificante, encontrando diferenciação filogenética entre cães e lobos para mais de 100 mil anos. Os autores não descartam a hipótese de que, embora os cães domésticos tenham se originado a partir dos lobos cinzentos, no decorrer da domesticação, a movimentação e dispersão dos agrupamentos pode ter favorecido inter cruzamento entre híbridos cão/lobo e chacais, por exemplo, e isso explicaria a diversidade de tamanhos e cores de pelagens observadas nas raças japonesas.

Esse dado impacta também diretamente nos achados arqueológicos, vez que se sugere o aparecimento do cão doméstico antes mesmo da domesticação de plantas ou qualquer outro animal já conhecido, colocando o cão doméstico como um dos primeiros seres a estar presente na cultura e desenvolvimento dos agrupamentos humanos.

A domesticação é outro fator que suscita muitos debates quanto ao número de eventos que teriam ocorrido e em quais locais. Não há registro exato do momento e do local em que a domesticação dos cães teria se estabelecido. Todavia, acredita-se, os registros mais conhecidos apontam a origem da domesticação no Oriente Médio, Europa e Ásia, sendo o oeste da Ásia a principal área de origem.

Os eventos de domesticação foram independentes e oriundos da coexistência entre humanos e lobos em uma ampla área geográfica, proporcionando o inter cruzamento entre híbridos

com populações selvagens (Clutton-Brock, 1995). Lobos e seres humanos convivem na história há pelo menos 500 mil anos, contudo, as relações mutualísticas são bem mais recentes.

Acredita-se que a área de origem dos primeiros ancestrais domesticados tenha se dado no Oriente Médio, na região do Crescente Fértil, onde atualmente se localizam parte dos territórios as Síria, Jordânia, Iraque e Líbia (Parker, 2012). Foram encontrados ainda, fósseis domésticos datados de cerca de 30 mil anos já indicando a presença do cão próximo aos agrupamentos, o que pode indicar que a aproximação tenha se dado de forma gradual, sendo inicialmente um processo de habituação com outros homínídeos, visto que nesse período havia a presença de outras espécies de *Homo* habitando a região e, posteriormente, com a ascensão do *Homo sapiens* houve a aproximação para então iniciar o processo de seleção artificial do cão doméstico.

Contudo, a relação entre lobos e seres humanos, indicando uma domesticação evidente, aparece nos registros fósseis por volta de 12 a 14 mil anos, quando se inicia uma cultura social agrária humana, onde, inicialmente, o cão parece desempenhar atividades de proteção e caça, vivendo mais distantes dos agrupamentos humanos (Clutton-Brock, 1995).

Vários esqueletos de cães foram descobertos na região do Levante, à Oeste do mediterrâneo em uma área ocupada por culturas paleolíticas tardias, a cerca de 14 mil anos. Os esqueletos apresentavam-se bem menores em relação aos dos lobos. O mesmo foi observado em túmulos ao norte de Israel, nos quais os cães aparentavam redução geral do tamanho do corpo (Parker, 2012). Essa redução, além da seleção artificial e das condições da cultura humana, se deu pela pressão ambiental, vez que, cães menores ocupavam mais facilmente os nichos existentes nos assentamentos humanos, e por consequência tinham maior sucesso reprodutivo.

Acreditava-se ainda que domesticação no Novo Mundo teria sido independente da domesticação do Velho mundo, todavia, dados de sequência DNA mitocondrial refutaram essa hipótese (Sutter e Ostrander, 2004). Com sequências DNA sequenciado de espécimes de cães coletados em todas as Américas constatou-se que estes datavam muito antes da chegada dos primeiros agrupamentos humanos ao continente americano, confirmando que os cães partiram do Velho para o Novo Mundo após a domesticação, não tendo havido um processo independente nas Américas.

Savolainen et al. (2002) examinamos o DNA mit de 654 cães domésticos representando as principais populações de cães em todo o mundo. Eles relatam uma filogenia semelhante em todas as regiões geográficas, sugerindo um único evento de domesticação em uma região geográfica, sendo que a maior diversidade de haplótipos apareceu em populações de cães do leste asiático, consistente com a noção de que o evento chave de domesticação teria ocorrido naquela área.

Durante esse período, esses animais foram submetidos a um longo processo de seleção e mudanças, influenciando diretamente na sua composição genética e expressão fenotípica dando origem as raças, tanto as já extintas quanto as existentes atualmente. A seleção natural e artificial promovida pelo contato com as populações humanas impactaram diretamente na diversidade morfológica, fisiológica e de comportamento que observamos hoje.

Há, contudo, um interesse em determinar como essa domesticação ocorreu e de que maneira a habilidade de se relacionar com os humanos fez com que os cães tivessem maiores vantagens em relação aos lobos. Segundo Hare et al. (2002) cães demonstram maior habilidade social e cognitiva para identificar as falas e feições humanas, habilidades essas também observadas em cães e filhotes com pouca interação. Além disso, fatores como neotenia e diminuição dos comportamentos agonísticos certamente influenciaram diretamente na aproximação com os agrupamentos, permitindo a maior inteiração.

O experimento mais marcante e que revela como essa seleção pode ter se dado foi realizado pelo biólogo Dmitri Belyaev. Na década de 1950, o pesquisador selecionou uma geração de raposas selvagens e iniciou o cruzamento entre elas. A prole mais dócil era então reproduzida e com o passar do tempo obteve-se gerações de raposas dóceis. Belyaev observou que a seleção pela docilidade impactou não só no temperamento, mas também no fenótipo e postulou que um grupo de genes dava origem à docilidade observada e talvez estivessem ligados ao processo de domesticação de outras espécies que também os compartilhavam.

Por centenas de anos os cães têm se desenvolvido com as populações humanas atuando na caça, proteção, transporte, como arma de guerra e finalmente, companhia. É notável que a domesticação do *Canis familiaris* se deu de forma paralela as mudanças culturais e necessidades específicas observadas nos agrupamentos humanos (Huson, 2012). Culturas contemporâneas diversificaram significativamente o emprego de cães nos mais diversos trabalhos, de forma que as sociedades modernas utilizam os cães em funções bem diferentes daquelas que os ancestrais deles realizavam (Svartberg, 2006) (Figura 6).

Para Ostrander (2004), o desafio consiste em determinar quais genes regulam esses eventos evolutivos que permitiram maior habilidade social, cognitiva e de comunicação entre os cães e humanos e quanto disso pode ser atribuído as relações mutualísticas que foram estabelecidas. Os cães mudaram de muitas maneiras durante domesticação e agora dependem dos humanos para sua sobrevivência, é notório, porém que os cães domésticos modernos estão mais bem adaptados à comunicação com humanos do que seus ancestrais domésticos.

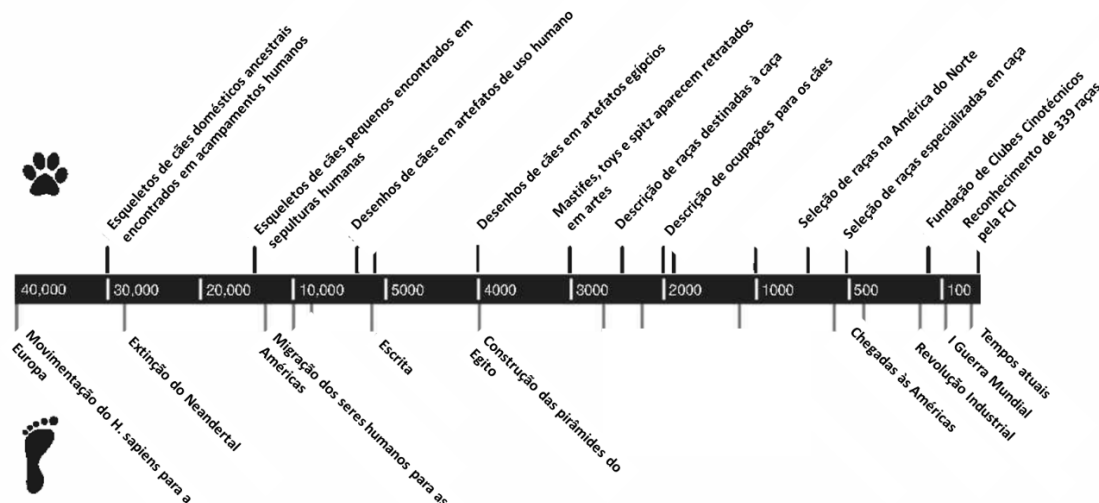


Figura 6. Uma linha do tempo que descreve eventos dos últimos 40.000 anos da história humana e canina. Os pontos de tempo no desenvolvimento da raça do cão são mostrados. Acima da linha. Os eventos humanos são mostrados abaixo da linha. FCI, Federação Cynologique Internationale. Extraído e modificado de *The Genetics of the Dog*.

3. Origem das raças e a influência da diversidade nos cães de trabalho

Se definir a diferenciação entre cães e lobos pelo registro fóssil já configura um grande desafio, o mesmo pode ser extrapolado para a diferenciação das raças de cães e determinar o momento em que surgiram.

Clutton-Brock define raça como sendo um produto de uma escolha artificial de caracteres, não necessariamente ligados à sobrevivência ou a uma área geográfica restrita, logo, raça não deve ser equiparada a uma categoria taxonômica. É, portanto, um termo cultural para designar uma espécie que tenha sido desenvolvida para atender um requerimento humano.

A Federação Cinológica Internacional (FCI) reconhece atualmente 347 raças de cães domésticos, classificados em dez grupos de acordo com as habilidades e funções que executam e a área geográfica de origem, sendo cada raça caracterizada por uma morfologia bem delimitada e seu comportamento peculiar (Vilá e Leonard, 2012) (Figura 7). São eles: grupos dos pastores e boiadeiros, exceto os suíços; pinchers, shnauzers, molossóides e boiadeiros suíços; terriers; dashunds; spitz e tipos primitivos; rastreadores e sabujos; cães de aponte; levantadores, recolhedores e de caça; companhia; galgos e lébreis. Informalmente, existe ainda um décimo primeiro grupo para raças ainda não reconhecidas pela FCI.

Acredita-se que as raças atuais sejam oriundas de ao menos quatro populações fundadoras de cães domésticos, a partir de haplótipos que foram recuperados com reconstruções filogenéticas utilizando DNAmIt. Os agrupamentos mais primitivos incluem variedade oriundas da África, representada pelo Basenji; um grupo oriundo da Ásia, representado pelo akita e chow chow e outra do Ártico, representado pelos Huskys Siberianos e Malamutes. A ampla área geográfica

posteriormente representada para essas raças sugerem ter havido uma rápida expansão tão logo houve a domesticação (Vilá e Leonard,2012).

Group 1	Sheepdogs and Cattle dogs (except Swiss Cattle dogs)	Group 2	Pinscher and Schnauzer - Molossoid and Swiss Mountain and Cattle dogs
Group 3	Terriers	Group 4	Dachshunds
Group 5	Spitz and primitive types	Group 6	Scent hounds and related breeds
Group 7	Pointing Dogs	Group 8	Retrievers - Flushing Dogs - Water Dogs
Group 9	Companion and Toy Dogs	Group 10	Sighthounds

Figura 7. Dez grupos de raças caracterizados pela Federation Cynologique Internationale. Acessado em <https://www.fci.be/en/Nomenclature/>.

Uma compreensão da origem, diversidade genética e evolução das raças modernas é importante para tanto para o manejo e bem-estar animal, quanto para compreender as doenças genéticas e teorias sobre a base genética da variação morfológica e comportamental observada em cães (Wayne e Ostrander, 1999)., aspectos estes tão relevantes quando da seleção e treinamento de um cão de trabalho.

Embora as associações internacionais mantenham registros de padrão, características morfológicas, de tamanho, patologias e comportamentos, nosso conhecimento sobre a origem das raças propriamente dita e a descrição do processo pelo qual raças foram formadas é impreciso ou inexistente (Parker, 2012).

Acredita-se que a diferenciação em raças como as conhecemos atualmente se deu a aproximadamente entre 3.000 e 4.000 anos. Há registros de cães ancestrais no Egito e outras civilizações antigas sendo retratados em pinturas e joias, nas quais já é possível observar certa variação de cores e formatos (Figura 8) e, durante esse processo de seleção artificial, vários aspectos comportamentais típicos de uma raça que foram selecionados podem ser considerados evolutivamente conservados, ou seja, são herdáveis (Svatberg, 2006).

Já foram descritos para os cães muito alelos e variantes genéticas relacionadas à saúde, estrutura física, morfologia, cor da pelagem, principalmente após a obtenção do mapa genético do cão doméstico, contudo há pouca informação sobre dados genéticos concretos no que diz respeito ao desempenho dos cães de trabalho. É sabido que comportamentos complexos, como os

executados pelos cães de trabalho, se manifestam pela junção de vários fatores, dependendo tanto dos fatores ambientais quanto dos genéticos.



Figura 8. Representações de cães na convivência com os agrupamentos humanos. À esquerda túmulo em Mallaha encontrado em sítios natufianos, em áreas ocupadas por agrupamentos humanos no paleolítico tardio. Na fotografia é possível visualizar o esqueleto de um cão enterrado abaixo do esqueleto humano; à direita, figura egípcia de um afresco retratando um homem puxando cães pela coleira há 50 séculos, posteriormente, o aparato ganhou sofisticação e as coleiras passaram a aparecer ornamentadas nas representações.

Os cães de trabalho desempenham vários papéis na sociedade, atuando como cães de guarda, cães de busca, cães de resgate e cães-guia com caráter inatingível. São espécimes oriundos de uma raça específica, selecionados em decorrência de sua morfologia e comportamento e que, posteriormente, são treinados para um determinado trabalho e avaliados quanto as suas habilidades específicas, incluindo comportamentais e cognitivas, tais quais: locomoção, atenção, ousadia, curiosidade, responsividade, agressividade entre outros (Kwon et *al.*, 2014).

Embora, pouco se saiba sobre polimorfismos genéticos associados aos comportamentos caninos, ou ainda, associados ao potencial de aprendizagem canina, estudos nessas áreas têm progredido significativamente, inclusive com o intuito de aprimorar o bem-estar do cão quando utilizados para trabalhos policiais (Ostrander, 2012).

Um estudo realizado com cães das raças Pastor Alemão e Belga-Mainois associaram características comportamentais a polimorfismos genéticos do gene MAOA, diretamente relacionado a mudanças comportamentais, tais quais, agressividade e cognição. Para isso, utilizaram regiões de microssatélites em dois grupos de cães: aqueles que passaram no exame de

aptidão para execução de trabalhos militares e aqueles que não demonstraram aptidão. Constataram que o grupo de cães que se apresentaram mais aptos apresentavam maior polimorfismo alélico do que o grupo não apto.

Konno *et al.* (2015) descreveram pela primeira vez a associação de um polimorfismo na região não-codificante no exon 1 do gene responsável pela produção da glutamina (*AR* gene) diretamente relacionado ao comportamento agressivo associando a escalas de personalidade, obtidas a partir de questionários respondidos pelos tratadores, e constataram que polimorfismos de repetição no *AR* gene estão diretamente relacionados a agressividade, principalmente no machos, que de acordo com os achados, apresentaram menores repetições do que as fêmeas.

Por outro lado, estudos da genética de cães já catalogaram mais de 800 genes receptores olfativos aumentando ainda mais nosso conhecimento sobre a complexidade dessa capacidade olfativa (Quignon *et al.*, 2003), ou seja, nota-se que compreender a diversidade genética é uma área muito vasta a ser explorada pela Cintecnia.

A atividade do cinotécnico passa diretamente por conhecimentos da origem e diversidade dos cães, incluindo a genética, pois as características selecionadas nas raças são herdadas geneticamente (Parker, 2012). Como visto, pouco desses dados têm sido estudados sob a luz do desempenho das raças embora constituam importantes atributos de desempenho, como aprendizagem, performance fisiológica etc., e cada nova descoberta fornece alicerce para pesquisas futuras.

4. Conclusão

A relação homem e cães é longa e, por vezes, difícil de desassociar do surgimento da própria espécie humana. Compreender as origens e relações de parentesco pode ser especialmente importante para decifrar o comportamento dos cães modernos. Sabe-se que ao longo dessa relação, os cães atenderam as mais diversas necessidades humanas e foram moldados pelas culturas. Vimos também que os dados moleculares corroboram com o surgimento dos cães muito antes destes terem sido domesticados pelos seres humanos e não obstante, trazem com si a chave para a compreensão do potencial de performance da espécie.

Compreender a origem e a vasta diversidade dos cães, seja ela morfológica, comportamental, fisiológica e genética é um dos atributos para que o cinotécnico possa manejar os cães de trabalho visando melhor performance possível associada ao bem-estar.

A diversidade de cães de trabalho e as inúmeras tarefas que podem desempenhar é uma porta de entrada para a compreensão da genética variabilidade associada aos comportamentos complexos que realizam. Todavia, é uma área que carece de mais estudos, principalmente associados às raças comumente utilizadas nas funções de segurança pública.

5. Referências bibliográficas

- Clutton-Brock, J. (1995). *The Domestic Dog, Its Evolution, Behaviour and Interactions with People*, J. Serpell, Ed. Cambridge Univ. Press, Cambridge, pp. 7-20
- Breen, M., Bullerdiek, J., & Langford, C. F. (1999). *Chromosome Research*, 7(5), 401–406.
- Coppinger, R.; Coppinger L. *Dogs: starting New understanding of canine origin, behavior, and Evolution*. Scribner, New York. 2001.
- Coppinger, R. and Schneider, R. (1995) Evolution of working dogs. In: Serpell, J. (ed.) *The Domestic Dog: Its Evolution, Behaviour and Interactions with People*. Cambridge University Press, Cambridge, UK, pp. 21-47.
- Galibert, F., Quignon, P., Hitte, C., & André, C. (2011). Toward understanding dog evolutionary and domestication history. *Comptes Rendus Biologies*, 334(3),190-196.
- Hare, B., Brown, M., Williamson, C. & Tomasello, M. (2002). The domestication of social cognition in dogs. *Science* 298, 1634–1636.
- Huson, H. J. Genetic aspects of performance in working dogs. *Dog*. In: Ostrander, E. A and Ruvinsky, A. *The Genetics of Dog*, 2 ed. CABI.
- Konno, A.; Inoue-Murayama, M.; Hasegawa, T. (2011). Androgen receptor gene polymorphisms are associated with aggression in Japanese Akita Inu. *Biol. Lett.* 7: 658–660.
- Kwon, Yun-Jeong; Choi, Bong-Hwan; Eo, Jungwoo; Kim, Choongrak; Jung, Yi-Deun; Lee, Ja-Rang; Choi, Yuri; Gim, Jeong-An; Lee, Dong-Hoon; Ha, Ji-Hong; Kim, Dae-Soo; Huh, Jae-Won; Kim, Tae-Hun; Seong, Hwan-Hoo; Kim, Heui-Soo (2014). Genetic structure and variability of the working dog inferred from microsatellite marker analysis. *Genes & Genomics*, 36(2), 197–203.
- Okumura, N., Ishiguro, N., Nakano, M., Matsui, A., & Sahara, M. (2009). Intra- and interbreed genetic variations of mitochondrial DNA major non-coding regions in Japanese native dog breeds [*Canis familiaris*]. *Animal Genetics*, 27(6), 397–405.
- Ostrander, E. A.; Ruvinsky, A. (2011) *The Genetic of Dog*. 2. Ed. (Org). CABI Press, 538p.
- Parker, H. G. (2012). The history and relationshipsof dog breeds. *Dog*. In: Ostrander, E. A and Ruvinsky, A. *The Genetics of Dog*, 2 ed. CABI.
- Quignon, P., Kirkness, E., Cadieu, E., Touleimat, N., Guyon, R., Renier, C., Hitte, C., Andre, C., Fraser, C. and Galibert, F (2003) Comparison of the canine and human olfactory receptor gene repertoires. *Genome Biology* 4(12).
- Savolainen, P. et al. (2002). Genetic Evidence for an East Asian Origin of Domestic Dogs. *Science*, 298(5598), 1610–1613. doi:10.1126/science.1073906
- Svatberg, K. (2006) Breed-typicalbehaviour in dogs – historical remnants or recente constructs. *Appllied animal behavior Science* 96: 293- 2313.

Sutter, N. B.; Ostrander, E.A. (2004). Dog strat rising: The Canine Genetic System. *Nature Reviews Genetics*. 5: 900-910.

Vila` C, Savolainen P, Maldonado JE, Amorim IR, Rice JE, Honeycutt RL, Crandall KA, Lundeberg J, Wayne RK. (1997). Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science*, 276:1687–1689.

Vila, C. (1999). Phylogenetic relationships, evolution, and genetic diversity of the domestic dog. *Journal of Heredity*, 90(1), 71–77.

Vila, C. Leonard, J. A. (2012). Canid Phylogeny and Origin of the Domestic Dog. In: Ostrander, E. A and Ruvinsky, A. *The Genetics of Dog*, 2 ed. CABI, p. 1-11.

Wayne, R.K.; Nash, W. G.; O'Brien.(1987).Chromosomal evolution of the Canidae. *Cytoge. Cell. Genet.* 44: 134-141.

Wayne, R.K., Geffen, E., Girman, D.J., Koepfli, K.P., Lau, L.M. and Marshall, C. (1997) Molecular systematics of the Canidae. *Systematic Biology*4,622-653.

Wayne, R.K.; Ostrander, E. A. (1999). Origin, genetic diversity, and genome structure of the domestic dog. *Bio Essays Genetics and Genomes*. 21:247.257.

Yang, F., O'Brien, P. C. M., Milne, B. S., Graphodatsky, A. S., Solanky, N., Trifonov, V., ... Ferguson-Smith, M. A. (1999). A Complete Comparative Chromosome Map for the Dog, Red Fox, and Human and Its Integration with Canine Genetic Maps. *Genomics*, 62(2), 189–202.

Zeder, M. A., Emshwiller, E., Smith, B. D., & Bradley, D. G. (2006). Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. *Trends in Genetics*, 22(3), 139–155.