

# INVESTIGAÇÃO DE REGIÕES GENÔMICAS DO VÍRUS DA CINOMOSE CANINA (CDV) EM AMOSTRAS DE CÃES DE PORTO ALEGRE/RS

Amanda Gonzalez da Silva, Ana Cláudia Franco (Orientadora)

Laboratório de Virologia (Labvir), Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS, Brasil



## INTRODUÇÃO

O vírus da cinomose canina, ou *canine distemper virus* (CDV), pertencente à família *Paramyxoviridae* e ao gênero *Morbilivirus*, é um vírus de RNA, fita simples, de sentido negativo. O CDV causa infecções multissistêmicas em cães, e ao replicar-se no hospedeiro afeta principalmente os sistemas respiratório, gastrointestinal e nervoso central (SNC). Atingido o SNC, o vírus se replica extensivamente, causando sequelas neurológicas e/ou a morte do animal. Sua infecção é enzoótica no mundo inteiro, com maior frequência em cães jovens e não vacinados. A transmissão se dá principalmente por contato com secreções respiratórias e oculares e com urina de animais contaminados. A falha vacinal atrapalha o controle da doença e está associada com esquemas vacinais inadequados, vacinas comerciais de baixa qualidade e com possíveis diferenças antigênicas entre vírus vacinais e de campo, podendo resultar na ocorrência da doença em cães vacinados. Dito isso, é importante que seja feita uma análise a respeito do tipo de cepas de CDV circulantes na população de cães da cidade de Porto Alegre, a fim de reconhecer mutações que tornem o vírus mais patogênico ou que permitam o escape vacinal, além de monitorar se alguma cepa vacinal, que contenha o vírus atenuado, esteja circulando em alguns animais.



Figura 1. Esquema simplificado do genoma do CDV. Em destaque estão as regiões que serão amplificadas, sequenciadas e analisadas.

## OBJETIVO

O objetivo deste trabalho foi analisar dois fragmentos do genoma do vírus (gene N e gene H) obtidos a partir de cães infectados com CDV da cidade de Porto Alegre/RS, comparando-os com outras sequências das mesmas regiões gênicas depositadas no GenBank.

## RESULTADOS/CONCLUSÃO

Das 40 amostras de sangue de cães com suspeita clínica de cinomose que foram analisadas, 24 amostras foram positivas para o gene N e 3 foram positivas para o gene H. Os genes N e H amplificados foram submetidos ao sequenciamento para que seja realizada a avaliação da frequência de mutações e a comparação das sequências obtidas com as sequências depositadas no GenBank.

## MATERIAIS E MÉTODOS



## Referências

- Yi, L., *et al.*, Development of a combined canine distemper virus specific RT-PCR protocol for the differentiation of infected and vaccinated animals (DIVA) and genetic characterization of the hemagglutinin gene of seven Chinese strains demonstrated in dogs, *Journal of Virological Methods*, 2012, Jan 179(1):281-7.
- Vetor cachorro: Mauricio Duque (Author Website: <http://www.snap2objects.com/>)