



## SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2016
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	INVESTIGAÇÃO DE REGIÕES GENÔMICAS DO VÍRUS DA CINOMOSE CANINA (CDV) EM AMOSTRAS DE CÃES DE PORTO ALEGRE/RS
<b>Autor</b>	AMANDA GONZALEZ DA SILVA
<b>Orientador</b>	ANA CLAUDIA FRANCO

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

Aluna: Amanda Gonzalez da Silva

Orientadora: Ana Cláudia Franco

Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS

O vírus da cinomose canina, ou *canine distemper virus* (CDV), pertence à família *Paramyxoviridae* e ao gênero *Morbilivirus*. É um vírus de RNA, fita simples, de sentido negativo e apresenta uma alta taxa de mutações. Esse patógeno causa infecções multissistêmicas em cães, e ao replicar-se no hospedeiro afeta principalmente os sistemas respiratório, gastrointestinal e nervoso central (SNC). Ao atingir o SNC, o vírus se replica extensivamente, causando sequelas neurológicas e/ou a morte do animal. A infecção pelo CDV é enzoótica no mundo inteiro, com maior frequência em cães jovens e não vacinados. Sua 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. Há três tipos de vacina para o CDV, uma apresenta o vírus inativado, outro tipo possui cepas virais atenuadas, sendo a mais utilizada atualmente, e a vacina recombinante, utilizando um poxvírus aviário como vetor dos genes das proteínas H e F do CDV. 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. Para isso, 21 amostras de sangue/urina de cães foram coletadas na Secretaria Estadual dos Direitos dos Animais (SEDA) e submetidas à extração de RNA total. Para o diagnóstico de CDV foi utilizada uma RT-PCR que amplifica parte do gene N, que codifica a nucleoproteína (proteína N) de cepas vacinais e selvagens. As amostras positivas (nove, até o momento) foram submetidas a duas PCRs confirmatórias que amplificam o gene H, o qual codifica a proteína de envelope viral. Através do uso dessas PCRs pode-se obter a diferenciação entre amostras vacinais e amostras selvagens. Os nove amplicons obtidos foram enviados para sequenciamento e, a partir das sequências obtidas, serão realizadas análises de alinhamento de nucleotídeos e aminoácidos desses fragmentos em comparação com sequências publicadas na literatura.

Palavras-chave: RT-PCR, CDV

Órgão financiador: FINEP, FAPERGS, CNPq