



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Detecção molecular e análise filogenética do gene N de amostras do vírus da cinomose canina em Porto Alegre, RS
Autor	BRUNO MELO TEIXEIRA
Orientador	PAULO MICHEL ROEHE

Detecção molecular e análise filogenética do gene N de amostras do vírus da cinomose canina em Porto Alegre, RS.

Aluno: Bruno Melo Teixeira

Orientador: Paulo Michel Roehe

Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS

O vírus da cinomose canina (CDV – *canine distemper virus*) pertence à família *Paramyxoviridae*, gênero *Morbillivirus*. O CDV causa uma doença caracterizada por um quadro multissistêmico que pode atingir os sistemas respiratório, digestivo, tegumentar e nervoso de cães. O vírus possui um genoma de RNA fita simples, com cerca de 15,9 kb, que codifica seis genes para oito proteínas virais. Devido à sua variabilidade genética, falhas vacinais têm sido relatadas. O gene *N*, codificante da nucleoproteína viral, tem sido frequentemente utilizado para comparações entre amostras de CDV. Em vista disso, o objetivo deste trabalho foi amplificar segmentos do gene *N* de amostras de CDV obtidas de cães no município de Porto Alegre, RS e compará-los com regiões equivalentes disponíveis no banco de dados Genbank, através de análises genômicas. Para isso, 41 amostras de urina e 19 de sangue coletadas de animais clinicamente suspeitos foram submetidas à extração de RNA e posteriormente à transcrição reversa seguida de PCR (RT-PCR) visando a amplificação de um fragmento de 335 pares de bases do gene *N*. Do total, 22 amostras (36,66 %) permitiram a amplificação do segmento alvo. Dezesesseis desses segmentos genômicos foram clonados em *E. coli*. O DNA plasmidial foi então extraído e submetido ao sequenciamento pelo método de Sanger. As sequências do gene *N* obtidas foram comparadas com equivalentes de cepas selvagens e vacinais disponíveis no Genbank. A comparação entre os fragmentos genômicos mostrou que as amostras possuíam de 96,25 a 100% de semelhança nucleotídica. Quando comparadas com as amostras vacinais clássicas “Onderstepoort” e “Lederle” foi detectada similaridade entre 94,98 e 96,55% da sequência de nucleotídeos. Entretanto, as amostras autóctones foram agrupadas em *clusters* diferentes das cepas vacinais. Quinze das dezesseis amostras clonadas foram agrupadas juntamente com isolados norte-americanos e uruguaios, enquanto uma amostra foi agrupada com isolados chineses e taiwaneses. Conclui-se que ao menos duas variantes patogênicas estão em circulação em cães da região de Porto Alegre, as quais, pelas análises realizadas, parecem semelhantes às amostras circulantes nos outros países mencionados acima.

Palavras-chave: CDV, cinomose, análise filogenética, gene nucleocapsídeo

Órgão financiador: Finep