



Conectando vidas  
Construindo conhecimento



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2021
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO FILOGENÉTICA DO VÍRUS DA CINOMOSE CANINA (CDV) EM ANIMAIS SILVESTRES E CÃES DOMÉSTICOS
<b>Autor</b>	MANOELA INACIA FERREIRA
<b>Orientador</b>	CLAUDIO WAGECK CANAL

## DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO FILOGENÉTICA DO VÍRUS DA CINOMOSE CANINA (CDV) EM ANIMAIS SILVESTRES E CÃES DOMÉSTICOS

Manoela Inácia Ferreira<sup>1,\*</sup>

Cláudio Wageck Canal<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Graduanda em Medicina Veterinária, Laboratório de Virologia Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil

<sup>2</sup>Professor Departamento de Patologia Clínica, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil

\*E-mail: manu.inacia@gmail.com

O CDV pertence ao gênero *Morbillivirus* da família *Paramyxoviridae*, e representa um importante patógeno de cães domésticos. Contudo, infecções por CDV ou morbilivírus relacionados já foram relatadas em espécies silvestres como furões, grandes felinos e focas. O genoma viral é formado por uma fita simples de RNA que codifica oito proteínas: nucleocapsídeo (N), matriz, fusão, hemaglutinina (H), polimerase, fosfoproteína e as proteínas acessórias C e V. No diagnóstico molecular, a proteína N é utilizada como alvo por apresentar uma sequência de nucleotídeos conservada. Para estudos filogenéticos, a proteína escolhida é a H, pois esse gene possui maior polimorfismo. Embora a cinomose seja uma doença endêmica no Brasil, os dados sobre o vírus são escassos visto a importância da doença na rotina clínica e a vasta gama de hospedeiros silvestres. O objetivo desta pesquisa é identificar e caracterizar o genoma do CDV circulante em animais selvagens e cães domésticos atendidos no Hospital de Clínicas Veterinárias-UFRGS. As amostras recebidas no Laboratório de Virologia Veterinária são armazenadas a -80°C. O RNA é extraído através de kit comercial, conforme instruções do fabricante. O diagnóstico utilizando o gene N é realizado através de uma nested-RT-PCR que amplifica um fragmento de 287 pb. A amplificação do fragmento H é realizada com uma nested-RT-PCR utilizando dois primers externos na primeira etapa, e na segunda etapa, quatro pares de primers internos, gerando fragmentos sobrepostos que cobrem o gene H completo. Até o momento 20 amostras foram recebidas, resultando em uma amostra de cão e duas de graxaim-do-mato positivas para CDV, as quais foram encaminhadas para sequenciamento do gene H. Embasado na falta de estudos epidemio-moleculares do CDV no Brasil, o trabalho irá colaborar para produção de informações que poderão auxiliar futuras pesquisas, bem como gerar dados para o monitoramento e programas de controle da cinomose no país.