



XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

Evento	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2023
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Análise filogenética do vírus da cinomose canina na Região Sul do Brasil
Autor	MATHEUS DE OLIVEIRA SILVA
Orientador	CLAUDIO WAGECK CANAL

Análise filogenética do vírus da cinomose canina em cães da Região Sul do Brasil.

SILVA, MATHEUS DE O.; CANAL, CLÁUDIO W.

Laboratório de Virologia Veterinária, Faculdade de Veterinária, UFRGS

O vírus da cinomose canina (CDV) é um *Morbillivirus* da família *Paramyxoviridae*, a qual é composta por agentes infecciosos que causam doença sistêmica em animais e humanos. O CDV tem grande relevância na Medicina Veterinária e acomete principalmente canídeos domésticos, como também diversas outras espécies de animais silvestres. A manifestação clínica da doença causada pelo CDV é inespecífica, pois depende de fatores como o tipo de hospedeiro, a resposta imune e cepa viral envolvida na infecção, porém, é geralmente apresentada com alterações sistêmicas no organismo animal que muitas vezes evoluem para óbito devido a alta letalidade que o vírus apresenta. Dentre os seis genes individuais que compõem o genoma do CDV, dois deles constituem a região de interesse deste estudo: o gene N, utilizado para diagnóstico laboratorial por ser um gene mais conservado e que atua na proteção do RNA genômico e na replicação viral e o gene H, usado para desenvolver análises filogenéticas e que está envolvido na ligação do vírus com os receptores celulares do hospedeiro. O objetivo do presente estudo é realizar a detecção de CDV e análise filogenética do gene H das amostras positivas. Até o momento foram analisadas 28 amostras de suabe retal que foram submetidas a nested-RT-PCR para detecção do gene N com o intuito de averiguar se o animal estava ou não infectado, das amostras obtidas, 14 foram positivas. Em sequência, essas amostras serão analisadas para o gene H, enviadas para sequenciamento com a finalidade de compreender a evolução genética de determinadas cepas na América Latina, assim como identificar a origem de possíveis novas variantes.