

# Cinomose canina: caracterização dos sinais clínico-laboratoriais e identificação do genótipo viral em cães infectados do Rio Grande do Sul

Silveira Jr, MAT<sup>1</sup>, Lunge, VR<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup> Acadêmico do Curso de Medicina Veterinária ULBRA; <sup>2</sup> Docente ULBRA; <sup>3</sup> PPG Biologia Celular e Molecular aplicada à Saúde ULBRA

## Introdução:

O vírus da cinomose canina (*canine distemper virus* – CDV) pertence ao gênero *Morbillivirus*, família *Paramyxoviridae* é o agente etiológico de uma das principais infecções de cães domésticos (*Canidae*) e que também pode causar doença em membros de outras famílias de mamíferos selvagens. As partículas virais são quimicamente compostas por seis proteínas, das quais a glicoproteína Hemaglutinina (H) é a responsável pela ligação à célula do hospedeiro. O gene da proteína H possui alta variabilidade e portanto é o alvo preferencial para identificação das cepas distribuídas no mundo todo, que são classificadas em dez linhagens: África do Sul, América 1, América 2, América do Sul 1, América do Sul 2, Ásia 1, Ásia 2, Europa 1, Europa 2 e Europa 3. A cinomose tem evolução variada, podendo causar doença aguda, subaguda ou crônica. O diagnóstico inicial é baseado na manifestação clínica que envolve hipertermia (HI) e uma série de sinais multissistêmicos: oculo-respiratórios, principalmente secreção ocular e conjuntivite (CJ), gastrointestinais como vômito (VO) e diarreia (DI) e dermatológicos (DE). Como o CDV possui tropismo pelo Sistema Nervoso Central (SNC), ocorrem também uma série de sinais neurológicos (SN), principalmente a mioclonia. Alterações laboratoriais, como linfopenia (LF) e anemia (AN), também são relatadas.

## Objetivo:

O presente estudo teve como objetivo caracterizar os sinais clínico-laboratoriais de casos de cinomose canina e realizar a identificação da linhagem de CDV presente nos animais infectados.

## Materiais e Métodos:

Foram selecionados 43 animais positivos para cinomose com média de idade de 18,5 meses, confirmados pela detecção do CDV com a técnica de real time PCR, procedentes de diversas cidades do Estado do Rio Grande do Sul. Estes cães foram atendidos no Hospital Veterinário da Universidade Luterana do Brasil (HV ULBRA), campus Canoas, entre os meses de março de 2010 e julho de 2011. Todos foram submetidos à anamnese e apresentaram sinais clínicos variados, 29 (67,4%) eram fêmeas e 14 (32,6%) machos. Amostras de sangue, urina, swabs conjuntival e anal foram coletadas e submetidas à extração de RNA e amplificação por RT-PCR do gene H. Os amplicon foram purificados para posterior sequenciamento e análise da filogenia.

## Resultados:

Os resultados da avaliação clínica demonstraram que 18 (41,9%) animais apresentaram HI. Com relação aos sinais clínicos, 38 (88,4%) cães apresentaram manifestação óculo-respiratória, principalmente CJ, 20 (46,5%) tinham SN, em 15 (34,9%) havia relato de gastroenterite, sendo 11 (25,6%) com DI e 7 (16,3%) com VO, e 13 (30,2%) apresentavam alguma lesão dermatológica (Tabela). Nos achados laboratoriais foram evidenciados AN em 34 (79,1%) e LF em 16 (37,2%) dos cães. A análise filogenética demonstrou que todas as 43 amostras agruparam no clado América do Sul 1, juntamente com 2 amostras argentinas, 2 uruguaias e 4 amostras do Paraná (Figura).

Tabela: Sinais clínicos nos 43 cães com cinomose

Sinais clínicos	n(%)
Hipertermia	18 (42)
Conjuntivite / Oculo-respiratórios	38 (88)
Gastrointestinal	15 (35)
Vômito	7 (16)
Diarreia	11 (26)
Nervoso	20 (47)
Dermatológico	13 (30)

## Discussão:

Os sinais clínicos mais frequentes em cães com cinomose foram os óculo-respiratórios, principalmente conjuntivite. Trabalhos prévios já haviam demonstrado a ocorrência de conjuntivite como sinalizador precoce de cinomose (FISCHER et al., 2013; MARTELLA et al., 2007). Os demais sinais clínicos e a hipertermia ocorreram em uma frequência menor que 50%, incluindo os distúrbios nervosos (normalmente associados à cinomose). Além disso, foi demonstrada a ocorrência de uma única linhagem de CDV, América do Sul 1 (distinta das cepas vacinais), em todos os animais infectados, incluindo alguns que haviam sido vacinados. Estudos epidemiológicos moleculares anteriores já haviam demonstrado a ampla disseminação da linhagem América do Sul 1 no nosso continente (PANZERA et al., 2012; CALDERÓN et al., 2007). Neste sentido, clínicos veterinários devem ter atenção especial para animais com sinais sistêmicos, principalmente com conjuntivite, para o diagnóstico precoce da cinomose.

## Referências:

- CALDERON, MG et al. Detection by RT-PCR and genetic characterization of canine distemper virus from vaccinated and non-vaccinated dogs in Argentina. *Vet. Microbiol.* v.125, p.341–349, 2007.
- FISCHER, CD et al. Detection and differentiation of field and vaccine strains of canine distemper virus using reverse transcription followed by nested real time PCR (RT-nqPCR) and RFLP analysis. *J Virol Methods.* Aug 11;194(1-2):39-45, 2013.
- MARTELLA, V et al. Genotyping canine distemper virus (CDV) by a hemi-nested multiplex PCR provides a rapid approach for investigation of CDV outbreaks. *Vet. Microbiol.* v.122, p32–42, 2007.
- PANZERA, Y et al. Evidence of two co-circulating genetic lineages of canine distemper virus in South America. *Virus Res.* v.163, p.401-404, 2012.

Figura: Árvore Filogenética

