



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Cinomose canina: caracterização dos sinais clínico-laboratoriais e identificação do genótipo viral em cães infectados do Rio Grande do Sul
Autor	MARCO AURÉLIO TORRES SILVEIRA JÚNIOR
Orientador	VAGNER RICARDO LUNGE
Instituição	Universidade Luterana do Brasil

O vírus da cinomose canina (*canine distemper virus* – CDV) pertence ao gênero *Morbillivirus*, família *Paramyxoviridae*. O CDV 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 (*Mustelidae*, *Procyonidae*, *Hyaenidae*, *Ailuridae*, *Viverridae* e *Tuyussuidae*, grandes felinos e primatas *Cercopithecidae*). A cinomose canina tem evolução variada, podendo causar uma doença aguda, subaguda ou crônica, e de sinais clínicos multissistêmicos, como conjuntivite/secreção ocular (CJ), secreção nasal, tosse, infecção no trato gastrointestinal como vômito (VO) e diarreia (DI), anorexia, hipertermia (HI), hiperqueratose dos coxins digitais e sinais dermatológicos (DE) como pústulas intensas no abdômen e coxas. Além disso, normalmente são relatadas alterações laboratoriais como linfopenia (LF) e anemia (AN). O CDV possui tropismos pelo Sistema Nervoso Central (SNC) podendo levar a uma série de sinais neurológicos (SN) como apatia, ataxia, paraplegia, tetraplegia, atrofia muscular, mioclonia, vocalização, tremor, incontinência, convulsões, coma, secura da retina e cegueira. As partículas virais são quimicamente compostas por seis proteínas, das quais a glicoproteína Hemaglutinina (H) é a responsável pela ligação aos receptores da célula do hospedeiro. Por possuir uma alta variabilidade genética, a proteína H é a mais indicada para se fazer uma análise da diversidade genética das cepas distribuídas no mundo todo, que são classificadas em 10 diferentes linhagens: África do Sul, América 1, América 2, América do Sul 1, América do Sul 2, Ásia 1, Ásia 2, Europa 1, Europa 2 (canídeos selvagens) e Europa 3 (Ártico). O presente estudo teve como objetivo caracterizar os sinais clínico-laboratoriais de casos confirmados de cinomose canina e realizar a identificação da linhagem de CDV presente nos animais infectados. Foram selecionados 43 animais com cinomose (confirmada pela detecção do CDV com a técnica de real time PCR) que possuíam anamnese e sinais clínicos variados. Estes 43 animais eram de diferentes cidades do estado do Rio Grande do Sul e 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. A média de idade dos cães selecionados foi de 18,5 meses, sendo 30 animais com até um ano e 13 com até onze anos de idade. O histórico vacinal dos animais revelou que 74,4% não haviam sido vacinados contra 23,3% que sim. Dentre os 43 animais selecionados, 29 (67,4%) eram fêmeas e 14 (32,6%) machos. As amostras coletadas (sangue, urina, swabs conjuntival e anal) foram submetidas à extração de RNA e amplificação por RT-PCR do gene H. Os amplicon foram purificados para posterior sequenciamento e análise da filogenia. Os resultados da avaliação clínica demonstraram que 88% dos cães apresentaram CJ e 47% apresentaram SN. A HI foi observada em 42%, GA em 35% e DE em 30%. Em 26% dos cães foi detectado DI e 16% VO. Nos achados laboratoriais foram evidenciados AN em 79% e LF em 37% dos cães. A análise filogenética demonstrou que todas as 43 amostras agruparam no clado América do Sul 1, juntamente com 2 amostras argentinas, 2 uruguayas e 4 amostras do Paraná. As sequências das amostras de CDV de casos clínicos apresentaram um índice de divergência médio de 9,6% em relação às cepas vacinais Onderstepoort e Lederle.