



ANÁLISE COMPARATIVA ENTRE AS VARIANTES UTILIZADAS NA PRODUÇÃO DAS VACINAS E AS CEPAS CIRCULANTES DO PARVOVÍRUS CANINO NO BRASIL

Joana Detofano (PIBIC-CNPq), Luiza dos Santos Miranda; Brenda Picoli Gheno; Tamiris Silva Lopes; Vagner Ricardo Lunge., André Felipe Streck (Orientador(a))

A parvovirose canina é uma doença causada pelo parvovírus canino tipo 2, vírus que possui alta capacidade de mutações. A VP2 é a proteína estrutural do CPV-2 que constitui cerca de 90% do capsídeo viral, desempenha um papel importante na transmissão e infecção da doença. A infecção é bastante contagiosa e acomete principalmente filhotes, apresentando elevadas taxas de morbidade e mortalidade. A alta taxa evolutiva do vírus pode levar a escapes imunológicos e, conseqüentemente, a falhas vacinais. Evidencia-se na rotina clínica a presença de animais com doença grave apesar de portarem protocolos vacinais completos. Assim, o objetivo do trabalho foi realizar uma análise *in silico* das vacinas comerciais disponíveis no Brasil contra a parvovirose canina, verificando se as cepas vacinais possuem os epítomos imunodominantes presentes nas cepas circulantes no território brasileiro. Para isso, foi criado um *dataset* contendo todas as sequências de VP2 de CPV-2 isolados de cães no Brasil, além de 8 cepas vacinais sequenciadas anteriormente pelo nosso grupo de pesquisa, todas elas depositadas na plataforma online *GenBank*. Em seguida, todas as sequências foram alinhadas, transformadas em aminoácidos e os sítios conservados e variáveis ao longo da proteína VP2 foram avaliados através da predição de estrutura física e imunogenicidade. Ao todo, foram coletadas 117 sequências de VP2 isoladas no Brasil de 1980 a 2020. Após o alinhamento das sequências e avaliação das substituições em comparação às vacinas foi observado que as cepas vacinais são similares à cepa CPV-2 original. Foram identificadas divergências relevantes em diversos aminoácidos, destacando os sítios 297, 324 e 440. O sítio 297 mostra-se em pressão de seleção positiva em diversos estudos, podendo influenciar diretamente na relação vírus-hospedeiro. Já o sítio 324 situa-se em uma importante região de epítomos, podendo impactar na gama de hospedeiros e influenciar diretamente a biologia viral. O sítio 440 é importante pois está localizado no topo da proteína sendo considerado um dos principais sítios antigênicos do capsídeo. Essas dissimilaridades mostram que as vacinas utilizadas hoje não possuem alguns aminoácidos predominantes a campo e podem contribuir para a evolução e adaptação do vírus. Os achados apontam a necessidade do desenvolvimento de uma nova vacina que abranja as cepas em circulação nas populações caninas no Brasil, conferindo uma imunização eficaz, segura e confiável.

Palavras-chave: Bioinformática, Vacinas , Vírus

Apoio: UCS, FAPERGS