



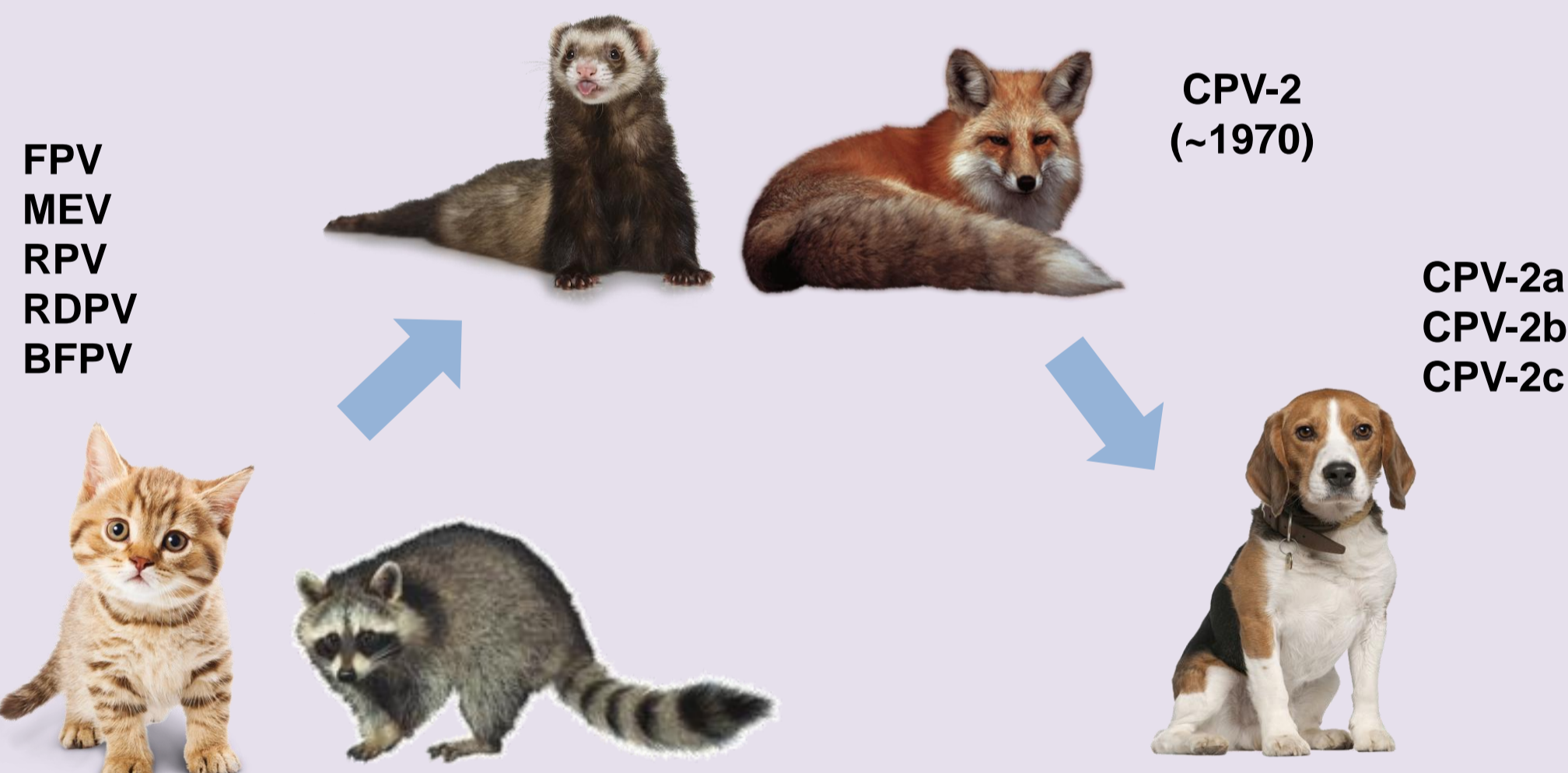
ANÁLISE DA OCORRÊNCIA E EVOLUÇÃO DO PARVOVÍRUS EM ANIMAIS SILVESTRES

Autores: Bianca Sandrin Saim, Sabrina Bertolazzi, Weslei Santana, Michele Lencina, Júlia Facchin Tronca, André Felipe Streck (Orientador)



INTRODUÇÃO / OBJETIVO

Doenças que inicialmente eram observadas somente em animais domésticos estão sendo constatadas também em animais silvestres, incluindo a infecção por parvovírus. A parvovirose é uma doença viral com alto potencial de contágio e caracteriza-se por causar gastroenterite em animais jovens, sendo o parvovírus canino tipo 2 (CPV-2) o agente etiológico da doença. Com isso, este trabalho de revisão visa compilar informações sobre infecção por parvovírus em animais silvestres, incluindo o padrão das contaminações, as principais espécies afetadas e tentar correlacionar a contaminação de animais silvestres por domésticos e vice-versa e a possível evolução do vírus nesse ciclo.



RESULTADOS E DISCUSSÃO

ESPÉCIE	CEPA	AUTOR	LOCAL	ANO
<i>Nasua nasua</i>	CPV-2c	Bucafusco et al (2019)	Argentina	2019
<i>Chrysocyaon brachyurus</i>	CPV-2	Diniz et al, 1999	Zoológico de São Paulo	1999
<i>C. brachyurus; C. thous; P. vetulus; P. concolor; L. pardalis; L. colocolo; H. yagouaroundi; C. semistriatus</i>	CPV-2	Furtado et al, 2016	Parque Nacional das Emas - Goiás	2000-2008
<i>C. lupus; V. vulpes; F. silvestris; G. genetta; H. ichneumon; M. foina; M. artes; L. lutra; M. meles; M. putorius; M. vison; M. nivalis</i>	CPV-2a CPV-2b CPV-2c	Miranda et al., 2017	Portugal	1995-2011
<i>Cerdocyon thirty Procyon cancrivorus Didelphis albiventris Philander opossum</i>	CPV-2	Orozco et al	Argentina	2008-2011
<i>Cerdocyon thous</i>	CPV-2b	Spera et al, 2016	UNESP-Botucatu	2016
<i>Nasua nasua</i>	CPV-2b	Spera et al, 2016	UNESP-Botucatu	2016
<i>Cerdocyon thirty Lycalopex gymnocercus</i>	CPV-2b e CPV-2c	Weber et al 2020	Sul do Brasil e Uruguai	2017-2019
<i>Chrysocyaon brachyurus Cerdocyon thirty Lycalopex vetulus</i>	CPV-2	De Almeida Curi et al 2010	Parque Nacional da Serra do Cipó	
<i>Canis lupus dingo Vulpes vulpes</i>	CPV-2a	Kelman et al 2020	Austrália	
<i>Prionailurus bengalensis chinensis</i>	CPV-1 CPV-2a, 2b, 2c e variantes	Chen et al 2019	Taiwan	2015-2017
<i>C. lupus signatus; M. meles; G. genetta; F. silvestris; V. vulpes; M. foina</i>	CPV-2b CPV-2c	Calatayud et al., 2018	Espanha	1994-2013
<i>Lontra longicaudis</i>	CPV-2	Echenique et al, 2018	Pelotas	2018
<i>C. thous; C. brachyurus; S. venaticus; L. vetulus; P. concolor; L. pardalis</i>	CPV-2b	Taques et al., 2018	Centro-Oeste do Brasil	2007-2014
<i>Herpestes ichneumon Vulpes vulpes Martes foina Meles meles</i>	CPV-2a, 2b CPV-2c e variantes	Duarte et al., 2013	Portugal	2008-2011
<i>C. lupus baileyi; C. lupus nubilus; C. lupus occidentalis; C. latrans; P. concolor; P. lotor; M. mephitis; L. rufus</i>	CPV CPV-2b CPV-2c	Allison et al., 2013	Estados Unidos	1999-2012
<i>Vulpes vulpes</i>	CPV-2	Truyen et al., 1998	Alemanha	1991-1995

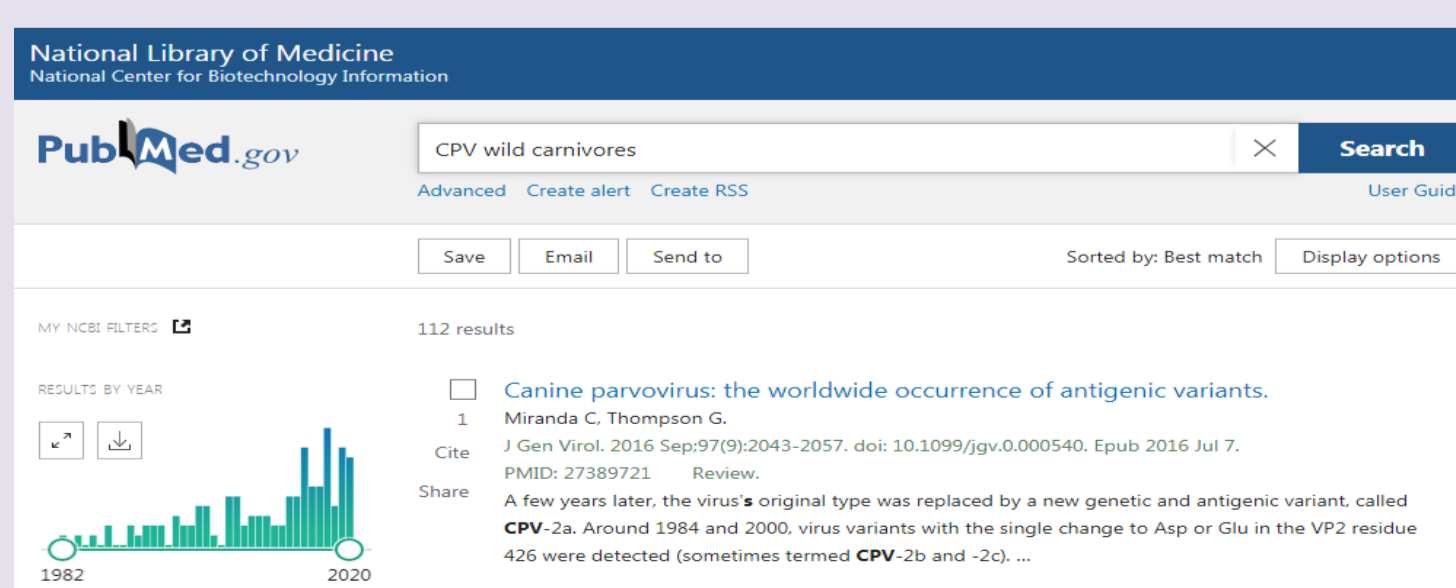
Estudos como Kelman et al (2020), relataram que havia uma forte associação geoespacial entre infecções por CPV em cães selvagens e domésticos. Weber et al (2020), também observaram que as sequências do CPV-2 para *C. thirty* e *L. gymnocercus* foram intimamente relacionadas aos genomas relatados em cães domésticos. Esses dados confirmam que a proximidade de silvetres com domésticos são potencialmente fontes de infecção que podem ser comprovadas pela semelhança filogenética.

CONCLUSÕES

Os dados obtidos na maioria dos trabalhos pesquisados mostram que há probabilidade de que a transmissão entre animais domésticos e silvestres seja comum e bidirecional, ou seja, com transmissão contínua ocorrendo de forma “vai e volta” entre diferentes hospedeiros. Essa troca favorece a evolução do vírus e a formação de novas variantes.

METODOLOGIA

Para realizar a busca dos dados, foram utilizadas plataformas como Pub Med, Science Direct, Scielo e Google Scholar. As palavras-chave usadas na busca foram: CPV, Wild Carnivores e Parvovirus. Estas foram buscadas individualmente e agrupadas.



RESULTADOS E DISCUSSÃO

Até o momento foram encontrados 17 trabalhos onde a maior prevalência foi da espécie *Vulpes vulpes*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLISON, Andrew B.; KOHLER, Dennis J.; ORTEGA, Alicia, et al. **Host-Specific Parvovirus Evolution in Nature Is Recapitulated by In Vitro Adaptation to Different Carnivore Species.** *Plos Pathogens*, [S.l.], v. 10, n. 11, p. 1-17, 6 nov. 2014. Public Library of Science (PLoS).

ECHENIQUE, Joanna V.Z.; SOARES, Mauro P.; MASCARENHAS, et al. **Lontra longicaudis infected with canine parvovirus and parasitized by *Diocotophyia renale*.** *Pesquisa Veterinária Brasileira*, Pelotas, p. 1844-1848, mar. 2018.

MIRANDA, Carla; THOMPSON, Gertrude. **Canine parvovirus: the worldwide occurrence of antigenic variants.** *Journal of General Virology*, [S.L.], v. 97, n. 9, p. 2043-2057, 1 set. 2016. Microbiology Society.