



XXXIV ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES,
XVI MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA e
I MOSTRA DE EXTENSÃO: CONEXÕES ENTRE
UNIVERSIDADE E COMUNIDADE.



AVALIAÇÃO FILOGENÉTICA MOLECULAR DO VÍRUS DA PANLEUCOPENIA FELINA DETECTADO EM GATOS DOMÉSTICOS NO SUL DO BRASIL

Júlia da Silva Ramos (PROBIC-FAPERGS), Kétlin Milena Zardin, Maria Eduarda Lucca Weber, Nicole Amoêdo Luvison, Rafael Sartori Flores, André Felipe Streck, Vagner Ricardo Lunge (Orientador(a))

A panleucopenia felina é uma enfermidade viral que acomete gatos domésticos. O agente etiológico é o Protoparvovirus carnivoran1, espécie que inclui os parvovírus patogênicos de gatos (FPV) e cães (CPV-2). As cepas identificadas em felinos e caninos apresentam elevada identidade genética, mas variações podem resultar em modificações estruturais na VP2 (viral protein 2), aumentando a diversidade antigênica e influenciando no tropismo celular. O presente estudo objetivou sequenciar parcialmente o gene VP2 de Protoparvovirus carnivoran1 detectados no sangue de gatos domésticos, realizar a análise filogenética das sequências obtidas e comparar os percentuais de identidade de nucleotídeos e aminoácidos com dados previamente descritos. A população amostral incluiu 368 gatos domésticos atendidos em clínicas veterinárias de Caxias do Sul, RS. Todas as amostras tiveram seu DNA anteriormente extraído e analisado para a ocorrência de FPV ou CPV-2 a partir da PCR em tempo real (qPCR), sendo identificados nove (2,45%) resultados positivos. Dessas amostras, seis apresentaram carga viral mínima (>1000 cópias/mL) para realização de sequenciamento da região VP2 pelo método de Sanger. As sequências obtidas foram comparadas com dados disponíveis em bancos de dados públicos do gene, incluindo cepas de campo de FPV e CPV-2 e vacinas de diferentes localidades. O alinhamento múltiplo e a reconstrução filogenética com o método de Máxima Verossimilhança foram realizados no programa MEGA12, tendo a confiabilidade avaliada por meio da análise de bootstrap com 1.000 réplicas. A análise filogenética evidenciou cinco sequências associadas ao FPV e uma ao CPV-2. Entre as amostras de FPV, três apresentaram 100% de identidade entre si (relação clonal) e agruparam-se com cepas de campo previamente identificadas em Buenos Aires no ano de 2007, enquanto as outras duas apresentaram elevada semelhança com cepas vacinais. Por fim, a sexta amostra agrupou-se com CPV-2, demonstrando a possibilidade de infecção de gatos domésticos por linhagens associadas a cães. Os achados reforçam a importância da vacinação e da vigilância epidemiológica molecular contínua para monitorar cepas circulantes, variantes, diversidade genética e proximidade com cepas vacinais.

Palavras-chave: FPV; *Protoparvovirus carnivoran1*; filogenia

Apoio: UCS, FAPERGS