



CARACTERIZAÇÃO DE CEPAS CIRCULANTES DO PARVOVÍRUS CANINO TIPO 2 (CPV-2) EM CÃES NO ESTADO DE SÃO PAULO

Rafael Sartori Flores (PROBIC-FAPERGS), Luanda Ferreiro Cipriano, Júlia da Silva Ramos, Nicole Amoêdo Luvison, Ketlin Milena Zardin, Pedro Augusto Freire de Sá Pontes, Ana Paula Longaray Delamare, Fernando Joel Scariot, André Felipe Streck (Orientador(a))

A parvovirose canina é uma doença viral responsável por altas taxas de mortalidade e altamente contagiosa, que acomete principalmente cães jovens e não vacinados. Seu agente etiológico, o parvovírus canino tipo 2 (CPV-2) é altamente resistente e capaz de permanecer no ambiente por longos períodos. Nas últimas décadas, o vírus passou por um processo contínuo de evolução genética, caracterizada pela emergência de variantes, associadas a mudanças em sua principal proteína estrutural, o VP2. O CPV-2 original, detectado no final da década de 1970, praticamente não circula mais, pois foi substituído por suas variantes antigênicas: CPV-2a, 2b e 2c. Essas alterações podem influenciar aspectos como tropismo, transmissão, imunogenicidade e eficácia vacinal. Diante disso, este trabalho buscou caracterizar as cepas circulantes do CPV-2 e suas possíveis mutações no estado de São Paulo. Foram coletadas amostras de fezes e suabe retal de 32 cães com sinais clínicos e positivos para CPV-2, admitidos no Hospital Veterinário da UNESP em Botucatu. Dados como raça, sexo, idade, escore corporal e histórico vacinal foram coletados. O DNA da amostra foi extraído e enviado para a Universidade de Caxias do Sul (UCS) para amplificação do gene VP2, sequenciamento de Sanger e análise dos resultados. A população do estudo foi composta por 32 cães, sendo 14 fêmeas (43,7%) e 18 machos (56,3%). Quanto à raça, 19 não tinham raça definida (59,4%), 6 eram da raça Pitbull (18,7%) e 7 (21,9%) de outras raças. A idade variou de 1 a 30 meses, com média de 5,59 meses. O escore corporal (1-5) médio foi de 2,62, e variou entre 2 e 4. Em relação ao histórico vacinal, 6 cães eram vacinados, 10 tinham protocolo vacinal incompleto e 16 não haviam sido vacinados. Foram identificadas as 3 variantes, sendo a CPV-2b mais prevalente, em 24 cães (75%). Quando comparadas às sequências ancestrais do CPV-2, substituições de aminoácidos foram encontradas nos sítios: 87, 92, 101, 297, 300, 305, 324, 375, 426, 574 e 575. Observou-se uma diversidade genética relevante, com alterações em regiões críticas do capsídeo, que podem influenciar a interação vírus-hospedeiro, favorecendo possíveis escapes vacinais e destacando a necessidade da vigilância contínua, evidenciando o potencial adaptativo do CPV-2 frente a diferentes pressões seletivas. Os achados contribuem para a compreensão da evolução viral e fornecem subsídios para futuras estratégias diagnósticas, epidemiológicas e imunoproláticas.

Palavras-chave: Parvovirose canina, Variantes, Epidemiologia

Apoio: UCS, FAPERGS