

O parvovírus canino (CPV) foi descrito no final da década de 1970 e é considerado uma das principais causas de diarreia e mortalidade em filhotes de cães. Na década de 90, os variantes antigênicos CPV-2a e CPV-2b substituíram completamente o tipo 2 original e se distribuíram amplamente na população canina mundial. O vírus CPV-2c, mutante com alteração (Asp-426 para Glu-426) em um sítio antigenicamente importante foi descrito na Itália em 2001. Esta cepa também foi detectada no Vietnã (2004), Espanha (2006), Estados Unidos (2007) e no Uruguai (2007). Em 2008, nosso grupo de pesquisa identificou o tipo 2c em amostras de fezes caninas oriundas da região metropolitana de Porto Alegre (RS). O presente trabalho tem como objetivos detectar CPV-2 de diferentes regiões do Brasil e determinar os tipos antigênicos predominantes. Foram utilizadas amostras de fezes ou suabes retais de cães com idade entre 1 mês e 1 ano, de ambos os gêneros e raças distintas, de municípios do Rio Grande do Sul e diferentes Estados do Brasil. O DNA total das amostras foi extraído através de kit comercial à base de sílica, sendo amplificado, por PCR, um fragmento de 583 pares de bases do gene VP2. Os produtos de amplificação foram purificados e seqüenciados. As seqüências de nucleotídeos obtidas foram submetidas ao GenBank e alinhadas pelo método Clustal através do software Bioedit 7.0.0. Os resultados obtidos com a análise de 46 amostras demonstraram 34,8% (16/46) de positividade para CPV-2. Das 8 amostras que foram seqüenciadas de diferentes localidades, 68,5% (5/8) pertencem ao tipo 2c e 37,5% (3/8) ao tipo 2b. Este projeto está em andamento e os resultados parciais demonstram que a variante antigênica CPV-2c também está circulando em outras regiões do Brasil.

