

Karla Ratje Gonçalves, Luciane Dubina Pinto, Carine Souza Kunzler, André Felipe Streck, Ângela Oliveira Corbellini, Matheus Nunes Weber, Tatiane Terumi Negrão Watanabe, Cláudio Wageck Canal (orientador).

Laboratório de Virologia - Faculdade de Veterinária - Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Av. Bento Gonçalves, 9090.CEP 91540-000 - Porto Alegre/RS. Fone/Fax: 51 3308 6926

INTRODUÇÃO

O parvovírus canino (CPV) é um patógeno de grande importância em medicina veterinária e propriedades únicas do vírus tornam-o um agente emergente e reemergente de cães em todo o mundo. Na década de 90, os variantes antigênicos CPV-2a e CPV-2b substituíram completamente o tipo 2 original. A cepa CPV-2c foi descrita na Itália em 2001, sofrendo alteração em um aminoácido (Asp-426/Glu-426) de um sítio antígeno importante. Esta mutação também foi detectada no Vietnã (2004), Espanha (2006), Estados Unidos (2007) e no Uruguai (2007). Em 2009, nosso grupo de pesquisa identificou o tipo 2c em amostras de fezes caninas oriundas da região metropolitana de Porto Alegre (RS).

OBJETIVOS

O presente trabalho tem como objetivos detectar CPV-2 de diferentes regiões do Brasil, determinar os tipos antigênicos predominantes e isolar em cultivo celular.

MATERIAIS E MÉTODOS

Foram utilizadas amostras de fezes ou suabes retais de cães com idade entre um mês e um 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 (Figura 1). Os produtos de amplificação foram purificados, seqüenciados e alinhados pelo método Clustal através do software Bioedit 7.0.0. Para o isolamento viral, foi inoculada uma amostra de CPV-2b em células *Madin-Darby canine kidney* (MDCK).

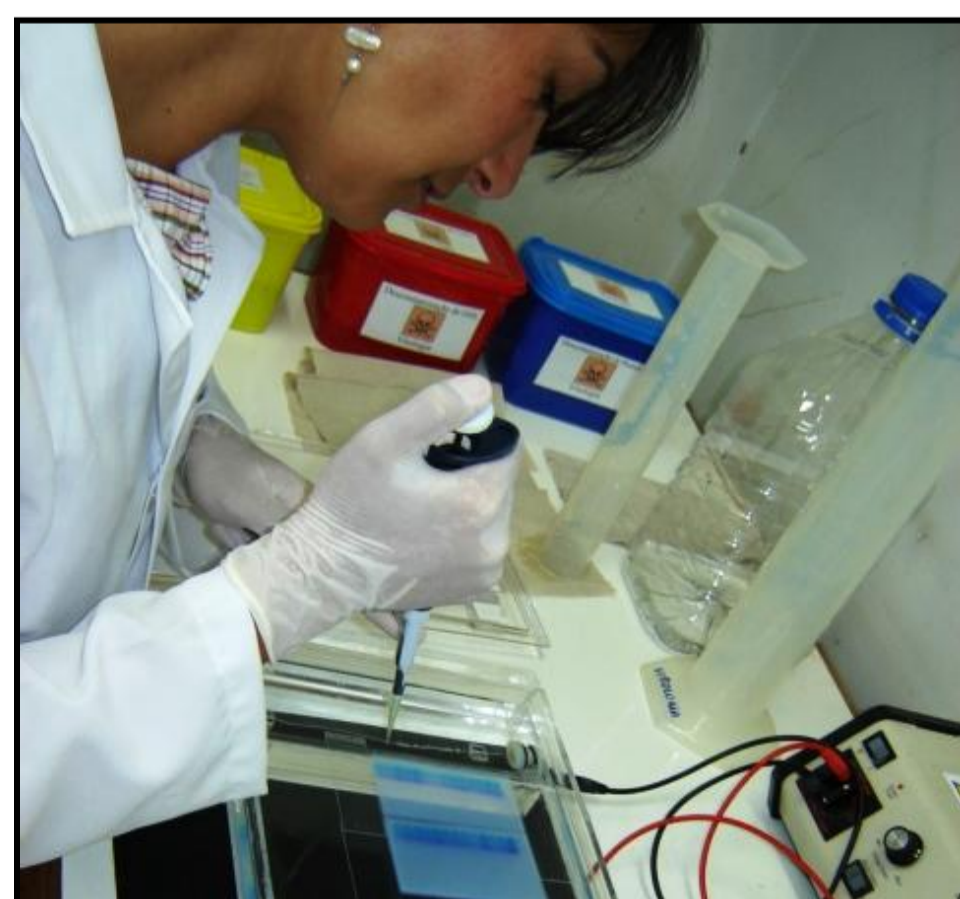
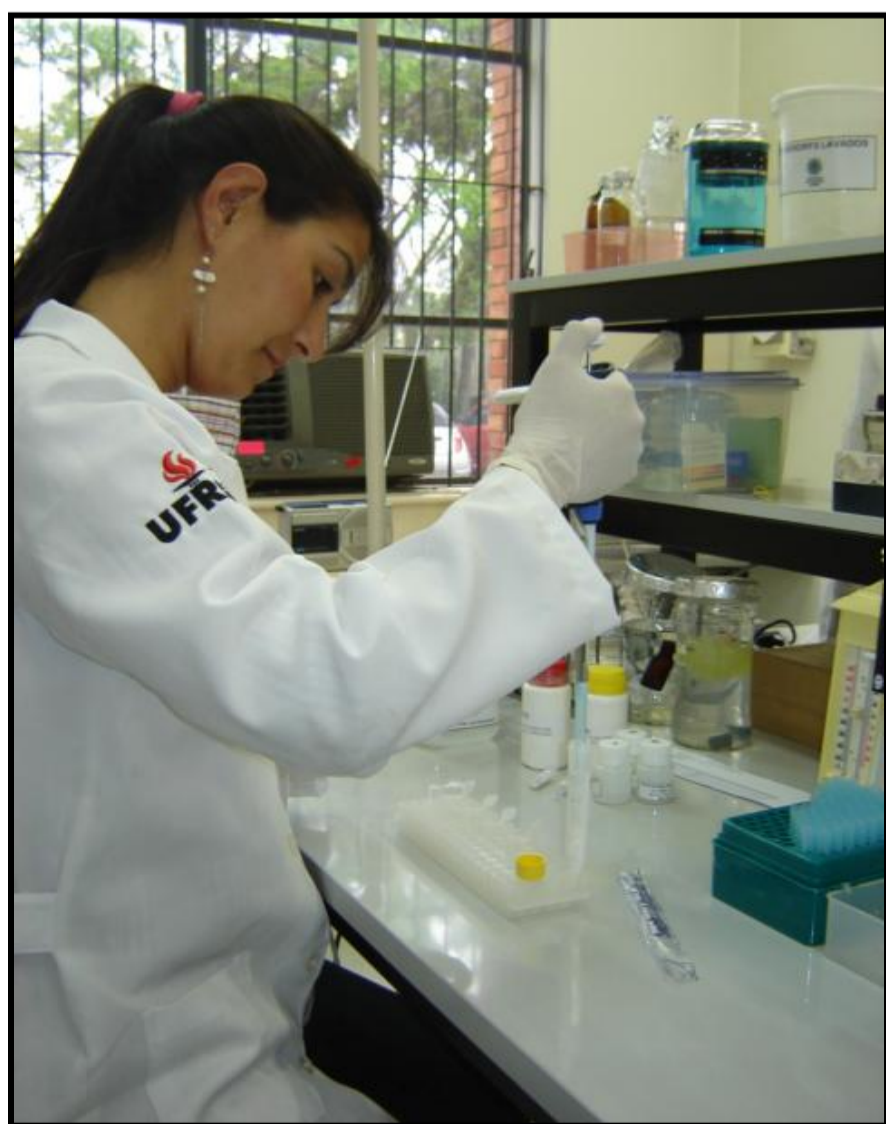


Figura 1. Representação dos procedimentos de análise das amostras.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos com análise de 130 amostras demonstraram 30,8 % (40/130) de positividade para CPV-2 (Tabela 1). Foram seqüenciadas 23 amostras de CPV-2 oriundas do Estado do Rio Grande do Sul, Paraná e Santa Catarina, identificando 82,61 % (19/23) do tipo 2c, 13,04 % (3/23) do tipo 2b e 4,35 % (1/23) do tipo 2a (Tabela 2). Até o presente momento uma cepa de campo CPV-2b, oriunda de Santa Catarina, foi isolada e encaminhada para análise de imunocitoquímica (Figura 2).

Tabela 1. Resultados da detecção de parvovírus canino tipo 2.

	AMOSTRAS ANALISADAS	CÃES COM GE	AMOSTRAS POSITIVAS CPV-2
Rio Grande do Sul	103	37	32
Paraná	12	12	5
Santa Catarina	11	3	3
Rio de Janeiro	4	0	0
Total	130	52	40

Tabela 1. Resultados da caracterização de parvovírus canino tipo 2.

	AMOSTRAS SEQUENCIADAS	CPV-2a	CPV-2b	CPV-2c
Rio Grande do Sul	16	1	2	13
Paraná	5	0	0	5
Santa Catarina	2	0	1	1
Rio de Janeiro	0	0	0	0
Total	23	1	3	19

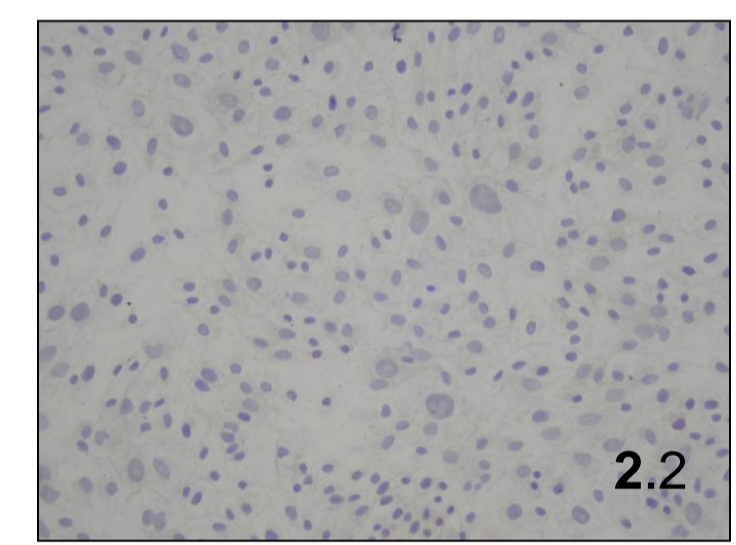
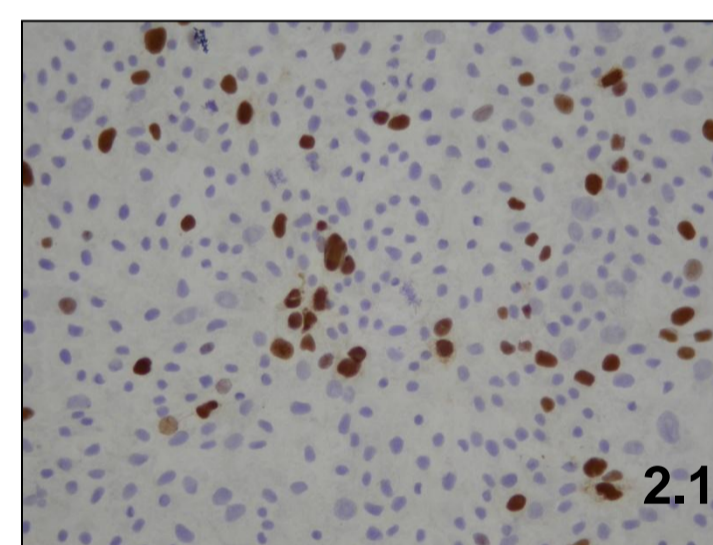


Figura 2. Técnica de imunocitoquímica demonstrando a presença do parvovírus canino em células MDCK, cepa 2b oriunda de Santa Catarina (fig. 2.1) e controle negativo (fig. 2.2)

CONCLUSÃO

O parvovírus canino foi o principal agente envolvido nos casos de gastroenterite analisados.

A variante antigênica CPV-2c predominou nos cães acometidos por parvovirose.

O CPV-2c foi detectado no Estado do Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná (Figura 3).

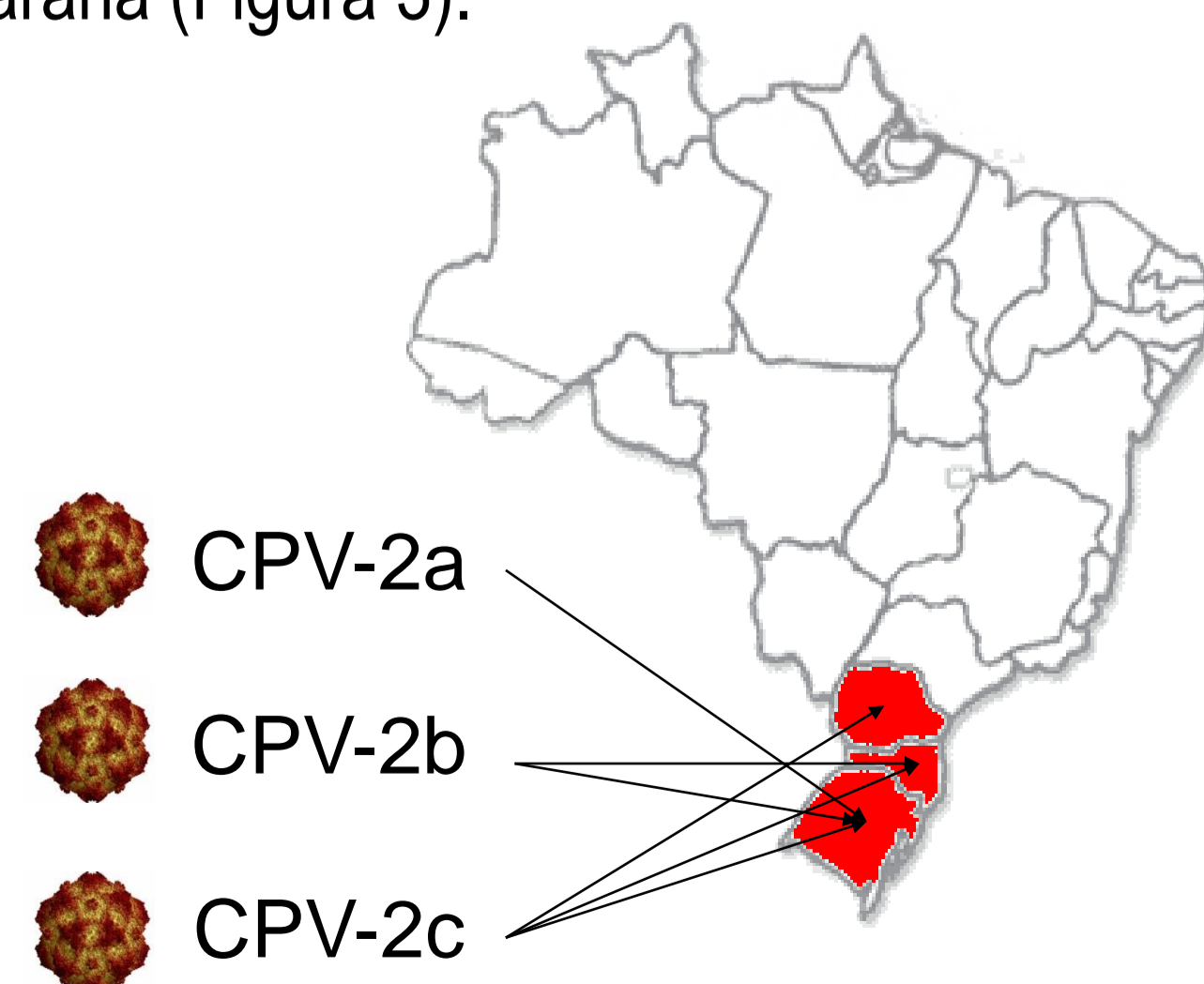


Figura 3. Representação dos tipos de CPV-2 na Região Sul do Brasil.