



DETECÇÃO DE KOBUVIRUS CANINO EM AMOSTRAS FECAIS DE CÃES COM PARVOVIROSE

Flavia Megumi Miyabe¹, Juliane Ribeiro¹, Amauri Alcindo Alfieri¹, Alice Fernandes Alfieri^{1*}

¹Laboratório de Virologia Animal, Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Estadual de Londrina, Paraná, Brasil. *e-mail: aalfieri@uel.br

Kobuvirus canino (CaKV) é um membro da família *Picornaviridae*, gênero *Kobuvirus*. O vírus foi descrito pela primeira vez em amostras fecais de cães com diarreia nos EUA em 2011, com relatos subsequentes no Reino Unido, Itália, Coreia do Sul, China, Tanzânia e Japão. No Brasil, o vírus foi identificado em múltiplos órgãos de um filhote com sinais de gastroenterite, sendo a primeira ocorrência de CaKV extra-intestinal em cães. O vírus é frequentemente identificado em fezes de animais com ou sem diarreia. O objetivo do presente estudo foi investigar a presença de CaKV em amostras fecais de cães com diarreia da região de Londrina. As amostras utilizadas no estudo são parte da coleção de amostras do Laboratório de Virologia Animal da Universidade Estadual de Londrina e foram enviadas entre 2016 e 2017 para o diagnóstico de parvovirus canino (CPV-2). Foram utilizadas 53 amostras fecais provenientes de cães com sinais clínicos de gastroenterite, como diarreia e vômito. Todas as amostras foram previamente triadas quanto à presença de DNA de CPV-2 por PCR. Para a detecção de RNA de CaKV por RT-PCR foram utilizados *primers* que amplificam 330 pb do gene VP1 de kobuvírus. Os amplicons obtidos foram purificados e quantificados utilizando kit comercial com o sequenciamento de nucleotídeos realizado por meio da plataforma ABI3500 Genetic Analyzer. As sequências obtidas foram analisadas e comparadas com outras sequências disponíveis em bancos públicos de dados (GenBank). A matriz de identidade foi obtida utilizando o programa BioEdit e a árvore filogenética foi construída utilizando o *software* MEGA 7.0. O RNA de CaKV foi detectado em amostras fecais de 3 (5,7%) das 53 amostras incluídas no estudo. Co-infecção com CPV-2b foi observada nas três amostras CaKV-positivas. A análise filogenética realizada em 330 pb do gene VP1 revelou que as cepas de CaKV identificadas nesse estudo são similares à cepa previamente descrita no Brasil em órgãos de um filhote e também foram agrupadas no mesmo cluster com outras cepas de CaKV identificadas em outros países. A análise da matriz de identidade de nucleotídeos mostrou que as cepas deste estudo apresentam 92% de identidade com a cepa de CaKV extra-intestinal identificada no Brasil e 91, 87 e 81% de identidade com as cepas de CaKV descritas no Reino Unido, EUA e China, respectivamente. O presente estudo descreveu pela primeira vez a ocorrência de CaKV em amostras fecais de cães com diarreia no Brasil, assim como a análise filogenética do gene VP1 de amostras entéricas de CaKV no país. A frequência de CaKV encontrada nesse estudo foi similar às reportadas anteriormente nos EUA e Itália. Alguns estudos identificaram o vírus não apenas em cães com gastroenterite, mas também em cães saudáveis, demonstrando que o CaKV é um vírus comum em cães, porém sua patogenicidade ainda não foi totalmente elucidada, sendo necessárias investigações epidemiológicas e moleculares complementares, além de estudos experimentais para esclarecer o papel do CaKV tanto em infecções primárias quanto em associação com outros patógenos, como o CPV-2 descritas nesse estudo.

Palavras-chave: Análise filogenética. Cães. Vírus entéricos.

Fonte de Financiamento: CAPES, CNPq e Fundação Araucária.