

RELAÇÃO ENTRE AS VARIANTES VACINAIS E AS CEPAS DO VÍRUS DA
CINOMOSE CANINA CIRCULANTESMayra Parreira Oliveira¹Samara Moreira Felizarda¹Raiany Borges Duarte²Isis Indaiara Gonçalves Granjeiro Taques³Ísis Assis Braga⁴

Resumo: A Cinomose canina é doença infectocontagiosa que acomete os cães de diversas idades. É causada por um vírus que pertence à família *Paramyxoviridae* e do gênero *Morbillivirus*, possuindo alto índice de mortalidade nos cães. A vacinação é um dos métodos profiláticos mais recomendados, porém alguns estudos de cães hipoteticamente vacinados e que desenvolvem a doença vem trazendo questionamentos, as variedades de cepas circulantes apontam uma dispersão em relação as cepas vacinais. Com isso, objetiva-se realizar o levantamento de dados das variantes utilizadas na produção das vacinas e as cepas circulantes do vírus da cinomose canina na região do Centro Oeste do Brasil, além de auxiliar na elaboração de novas variantes vacinais. Para isso, foram realizadas pesquisas nas bases de dados como, Google Scholar, PubMed e SciELO. Perante o exposto, conclui-se a cinomose canina é endêmica no Brasil e o aumento da prevalência ainda é desconhecido, além de que, é necessários novos estudos para identificar as cepas circulantes atualmente.

Palavras-chave: Mortalidade. Mutação genética. Vacina.

INTRODUÇÃO

O vírus da cinomose canina (CDV) é bastante patogênico e de caráter letal para os cães e outros animais de diversas idades, principalmente animais jovens sem histórico de vacinação (NACIMENTO, 2009; NELSON; COUTO, 2006). O vírus pertence ao gênero

¹ Discentes do curso de Medicina Veterinária da UNIFIMES. mayparreira18@gmail.com

² Mestranda do programa de pós-graduação em Biociência animal pela UFJ. .

³ Docente da Faculdade de Ciências Sociais Aplicadas do Vale do São Lourenço- EDUVALE.

⁴ Docente do curso de Medicina Veterinária da UNIFIMES.

Morbillivirus, de incidência mundial, responsável por causar principalmente alterações neurológicas e respiratórias, variando de acordo com a cepa viral (SANTOS, 2018).

O CDV é envelopado e possui material genético de RNA fita simples, não segmentado e de sentido negativo, que codifica 6 proteínas estruturais (COSTA et al, 2021; BUDASZESWSKI et al, 2016). A transmissão ocorre através do contato direto com os animais infectados e com o contato com as partículas respiratórias infectadas. Lamentavelmente é uma enfermidade que não possui tratamento específico, recomendado apenas o tratamento paliativo dos sinais clínicos. O principal meio de evitar a doença é através da vacina atenuada, porém é um vírus capaz de sofrer mutações genéticas (NASCIMENTO, 2009; COSTA et al, 2021). Posteriormente, pode levar uma falha na imunização do animal em decorrência da ausência de reação cruzada entre as cepas utilizadas nas vacinas e as circulantes.

Existem diversas vacinas contra a cinomose no mercado nacional e internacional, da qual a maioria é produzida com o vírus vivo modificado, sendo as principais cepas virais utilizadas a *Onderstepoort* e *Rockborn* (NASCIMENTO, 2009). A cepa *Snyder Hill* é utilizada em experimentos de inclusão intracerebral e apresenta grande potencial neurotrópico, além disso, é usado em estudos sobre a patogenia do vírus e em desafio após a vacinação (NEGRÃO et al, 2006, HARTMANN et al, 2007).

Portanto, o objetivo deste trabalho é realizar o levantamento de dados das cepas do CDV utilizadas nas vacinas comercializadas no sudoeste do estado de Goiás e posteriormente analisar a relação com as estirpes circulantes na região, com o propósito de contribuir na produção de novas vacinas.

METODOLOGIA

O presente trabalho consiste em um levantamento de dados sobre a composição das vacinas, na qual foram analisadas as especificações do fabricante dos imunizantes comercializados na região Centro-Oeste do Brasil, com ênfase no sudoeste de Goiás. Para auxiliar na obtenção desses dados, foi realizado uma revisão bibliográfica para analisar a composição das variantes vacinais em relação as cepas circulantes do vírus da cinomose canina na região. Para tanto, foram realizadas pesquisas nas bases de dados como, Google

Scholar, PubMed e SciELO, com seguinte termos de busca: Cinomose Canina; Cepas brasileiras do vírus da cinomose; Cepas vacinais; Análise molecular; Vacinas. Os critérios de inclusão para elaboração deste trabalho foram: Artigos em português e inglês, e artigos publicados nos últimos 8 anos. E os critérios de exclusão foram: artigos publicados a mais de 10 anos e trabalhos que não abordem sobre a cinomose canina. O trabalho foi elaborado com o intuito de auxiliar na confecção de futuras vacinas para a doença.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com o levantamento de dados das vacinas comercializadas na região do Centro-Oeste do Brasil as principais cepas utilizadas na fabricação desde 1950 são as *Onderstepoort* e *Rockborn* (tabela 1).

Tabela 1: Relação das cepas utilizadas nas vacinas comercializadas na região do Centro-Oeste do Brasil.

Vacina	Fabricante	Ética	Cepa	Composição
Vanguard® HTLP 5/CV-L	Zoetis	S	NI	VVM
Vanguard® PLUS	Zoetis	S	NI	VVM
Nobivac® Canine 1DAPPv12+Cv	Nobivac	NI	<i>Onderstepoort</i>	VVM
Nobivac® DHPPi+L	Nobivac	NI	<i>Onderstepoort</i>	VVM
Canigen® CH(A ₂) P/L	Virbac	NI		VVM
Recombitek® C4/Cv	Boehringer ingelheim	S	<i>Onderstepoort</i>	R
Recombitek® Max 5 CvK/4L	Boehringer ingelheim	S	<i>Onderstepoort</i>	VVM
Recombitek® C6/Cv	Boehringer ingelheim	S	<i>Onderstepoort</i>	R
Vencothree® Puppy	Vencofarma	S	<i>Rockborn</i>	VVM
Vencomax® 8	Vencofarma	S	<i>Rockborn</i>	VVM
Vencomax® 11	Vencofarma	S	<i>Rockborn</i>	VVM
Vencomax® 12	Vencofarma	S	<i>Rockborn</i>	VVM
Providean® Viratec 10 CVL	Agener	NI	NI	VVM

Fonte: Vide bula

S= Sim; NI= Não informado; VVM= Vírus vivo modificado; R= Recombinante.

Atualmente, o Brasil é considerado endêmico para a cinomose canina, porém, existem poucos estudos relacionados a epidemiologia molecular das cepas circulantes no país, além disso, as linhagens das cepas são caracterizadas conforme a sua origem geográfica (FISCHER et al, 2016; SARUTE et al, 2014).

Segundo um estudo realizado por Costa et al. (2021) a cepa circulante isolada em um cão na região Central é a JA88/2020 SA1/EU, além disso, outro estudo realizado por Budaszewski et al. (2014) descrevem que o genótipo predominante circulante no Brasil é o SA1/EU, porém outras linhagens circulantes já foram identificadas.

Assim como outros estudos demonstram, as principais cepas circulantes da cinomose estão relacionadas com as cepas Europeias, porém estão distantes das variantes utilizadas nas vacinas atualmente (NEGRÃO et al., 2013).

A partir desses resultados, observa-se que as cepas do vírus da cinomose circulantes são distintas das variantes vacinais. As diferenças antigênicas podem estar relacionadas aos antígenos específicos das variantes vacinais não produzirem anticorpos de reação cruzada, a qual, posteriormente existe a possibilidade de falha vacinal. (ANIS et al, 2018).

Conforme Negrão et al. (2013) diante da extensão do Brasil pode-se alentar a possibilidade de circulação de diferentes linhagens do vírus da cinomose canina, o que posteriormente, necessita de novos estudos para levantamento de dados epidemiológicos para a determinação dessas cepas.

A alta endemia do vírus da cinomose canina no Brasil pode estar relativo em decorrência de diversos fatores, assim como citado anteriormente a existência de novas cepas circulantes, porém existem outras causas de falha de imunização que podem estar relacionadas no aumento do animal se infectar mesmo com protocolo vacinal, como erro no protocolo, falha vacinal, mal armazenamento das vacinas entre outros.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante disto, podemos concluir que a alta prevalência da cinomose ainda está obscura, na qual, pode-se julgar na decorrência da falta de vacinação, superpopulação de animais

VI COLÓQUIO ESTADUAL DE PESQUISA MULTIDISCIPLINAR
IV CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA MULTIDISCIPLINAR E
III FEIRA DE EMPREENDEDORISMO DA UNIFIMES

2022

16 A 18 DE MAIO

errantes ou por falhas vacinais, onde supõe-se que é possível a circulação de diversas genótipos de cinomose canina, a cerca disso torna-se indispensável o levantamento de novos estudos epidemiológicos e molecular para identificar as variantes circulantes. Além de que, a produção de novas vacinas com as variantes presente em determinada região.

REFERÊNCIAS

ANIS, E. *et al.* Antigenic analysis of genetic variants of canine distemper vírus. **Veterinary Microbiology**, v.219, p.154-160, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2018.03.014>

BUDASZEWSKI, R. F. *et al.* Genotyping of canine distemper vírus strains circulating in Brazil from 2008 to 2012. **Virus Research**, v.180, p.76-83, 2014. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S016817021300453X?via%3Dihub>. Acesso em: 20 abril 2022.

BUDASZEWSKI, R. F. *et al.* Influence of vaccine strains on the evolution of canine distemper vírus. **Infection, Genetics and Evolution**, v.41, p.262-269, 2016. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S156713481630140X?via%3Dihub#bb3000>. Acesso em: 20 abril 2022.

COSTA, V. G. *et al.* Primeira sequência genômica completa e caracterização molecular de morbilivírus canino isolado no Brasil Central. **Scientific reports**, v.11, n.13039, 2021. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8219677/#CR30>. Acesso em: 22 abril 2022.

FISCHER, C. D. B. *et al.* Phylogenetic analysis of canine distemper virus in South America clade 1 reveals unique molecular signatures of the local epidemic. **Infection Genetics and Evolution**, v.41, p.135-141, 2016. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1567134816301174?via%3Dihub>. Acesso em: 22 abril 2022.

HARTMANN, T. L. S. *et al.* Anticorpos neutralizantes contra os vírus da cinomose e da parainfluenza em cães de canis dos municípios de Novo Hamburgo e Porto Alegre, RS, Brasil. **Ciência Rural**, v. 37, n. 04, Santa Maria, Jul/ Ago, 2007. Disponível em: http://old.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782007000400045&script=sci_arttext&tlng=pt. Acesso em: 21 abril 2022.

NASCIMENTO, Daniela de Nazaré dos Santos. Cinomose canina- Revisão de Literatura. Monografia. (Especialista em Clínica Médica de Pequenos Animais) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Belém- Pará, 2009.

NEGRÃO, F. J. *et al.* Phylogenetic analyses of the hemagglutinin gene of wild-type strains of canine distemper virus in southern Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.23, n.3,

VI COLÓQUIO ESTADUAL DE PESQUISA MULTIDISCIPLINAR
IV CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA MULTIDISCIPLINAR E
III FEIRA DE EMPREENDEDORISMO DA UNIFIMES



2022

16 A 18 DE MAIO

p.2549-2555, 2013. Disponível em: <http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2013/vol12-3/pdf/gmr2128.pdf>. Acesso em: 21 abril 2022.

NEGRÃO, F. J. *et al.* Perfil de restrição de um fragmento do gene da hemaglutinina amplificado pela RT-PCR a partir de estirpes vacinais e selvagens do vírus da cinomose canina. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.6, Belo Horizonte, 2006.

NELSON, R.W.; COUTO, C.G. *Medicina Interna de Pequenos Animais*. 3. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2006.

SANTOS, Romeu Moreira de. *Cinomose em cães naturalmente infectados: técnicas diagnósticas e análise filogenética do gene da hemaglutinina do vírus da cinomose*, 2018. Tese. (Doutor em Medicina Veterinária) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Jaboticabal, 2018.

SARUTE, N. *et al.* A tipagem molecular de cepas do vírus da cinomose canina revela a presença de uma nova variante genética na América do Sul. **Gene do vírus**, v.48, p.474-478, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11262-014-1054-z>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11262-014-1054-z#citeas>. Acesso em: 22 abril 2022.