

PARVOVIROSIS EN ANIMALES DOMÉSTICOS Y SU RELACIÓN CON LA FAUNA SILVESTRE

Escardó, Josefina¹; Bou, Nadia²; Condon, Emma¹; Grecco, Sofía¹; Pérez, Ruben¹; Panzera, Yanina¹.
1 - Área de Genética de Microorganismos, Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República.
2. Dpto. Biodiversidad y Genética, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE-CICA-MEC).

INTRODUCCIÓN

El parvovirus canino (CPV) es el agente causal de la enfermedad Parvovirus, una de las principales enfermedades virales caninas. Produce un cuadro de enteritis hemorrágica y miocarditis aguda en cachorros con alta tasa de mortalidad¹.

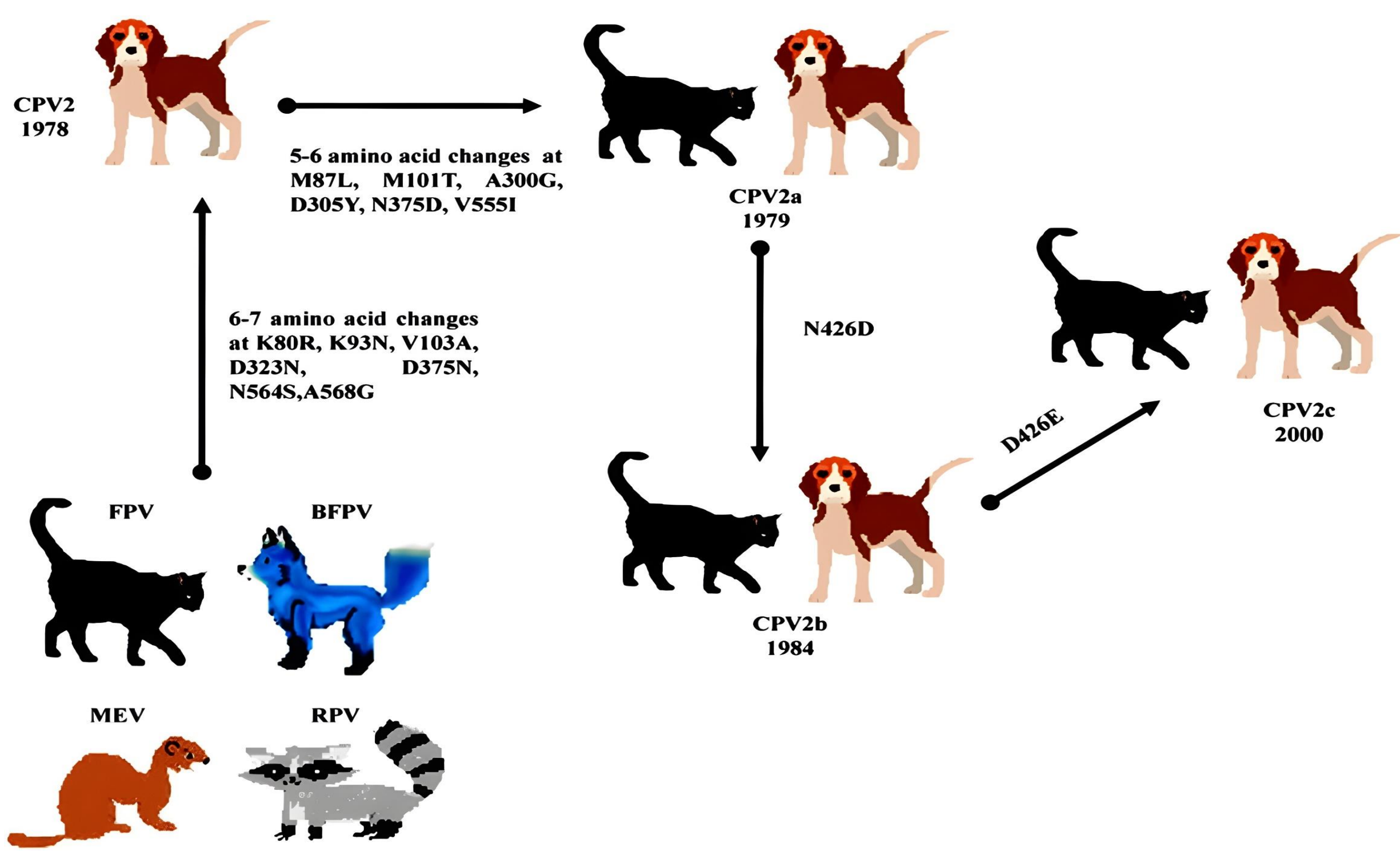


Figura 1. Primeros reportes de identificación de las variantes de CPV [(CPV-2a, CPV-2b entre 1982 y 1985) y (CPV-2c durante 1995-2009)] según la sustitución del aminoácido en 426. Tomado de Tuteja et al., 2022.⁹

El CPV pertenece al género Protoparvovirus, miembro de la familia Parvoviridae². Las comparaciones antigénicas y genéticas indican que el CPV es una variante de hospedadores de una especie de parvovirus que infecta carnívoros (gatos, visones, mapaches, zorros, etc.)³.

El CPV-2 surgió por un salto de hospedero de carnívoros silvestres a domésticos produciendo una pandemia⁴. La variante original continuó evolucionando y actualmente se describen tres variantes genéticas y antigénicas (CPV-2a, CPV-2b y CPV-2c)⁵.

El genoma de CPV presenta 5.2 kb y codifica para dos proteínas no estructurales (NS1 y NS2) y dos proteínas estructurales VP1 y VP2⁶. Las variantes de CPV pueden diferenciarse por un cambio en el codón 426 de la proteína VP2 que representa el mayor componente de la cápside viral⁷.

Los parvovirus son relativamente estables en el medio ambiente y la transmisión indirecta influye en su dispersión poblacional, particularmente en poblaciones de carnívoros salvajes⁴.

El grupo de investigación de Genética de Microorganismos desarrolló un sistema basado en múltiplex-PCR-NGS para obtener el genoma completo de CPV de forma precisa y rápida directamente de la muestra biológica⁸. Este sistema garantiza una vigilancia epidemiológica efectiva y contribuye a una mejor comprensión de la biología del virus, optimizando las medidas de prevención y control. En el marco de mi tesis de Maestría, estamos aplicando este sistema en canes domésticos y animales silvestres⁸.

OBJETIVO

Investigar la epidemiología molecular de variantes circulantes del parvovirus canino (CPV) en Uruguay mediante la secuenciación completa de sus genomas

METODOLOGÍA

Las muestras se diagnostican utilizando un ensayo de qPCR. Las muestras positivas se secuencian mediante secuenciación masiva previo enriquecimiento del virus utilizando un panel de cebadores que cubren todo el genoma en fragmentos solapantes (Fig. 2). Las secuencias obtenidas son ensambladas sobre un genoma de referencia (Fig. 4).

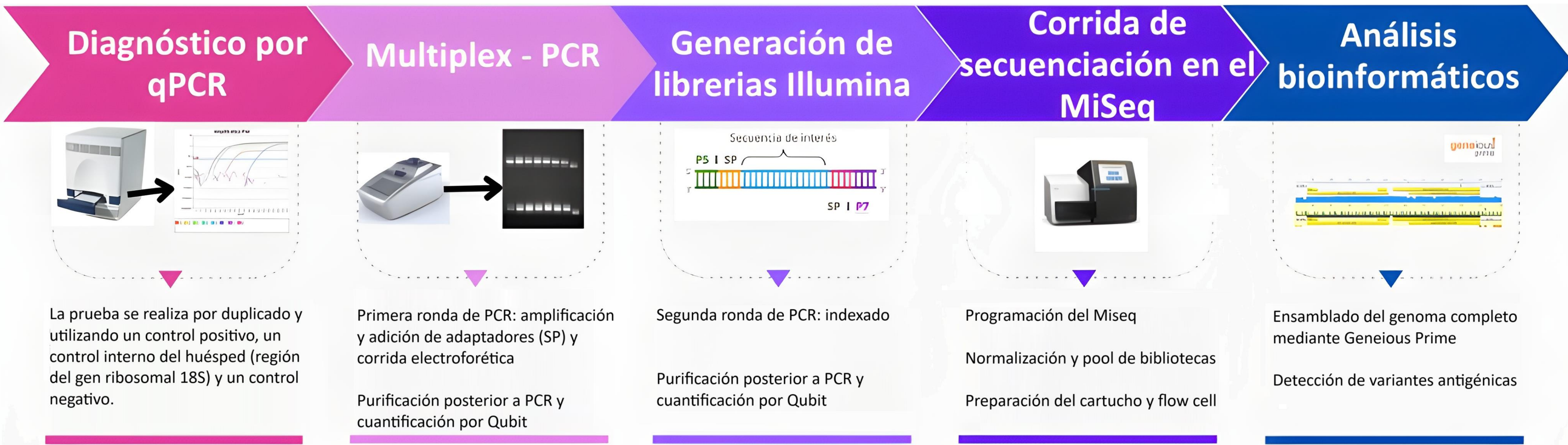


Figura 2. Flujo de trabajo para el procesamiento de muestras del Parvovirus Canino (CPV) mediante el diseño multiplex-PCR-NGS para la obtención de genoma completo del virus.

RESULTADOS Y DISCUSIONES

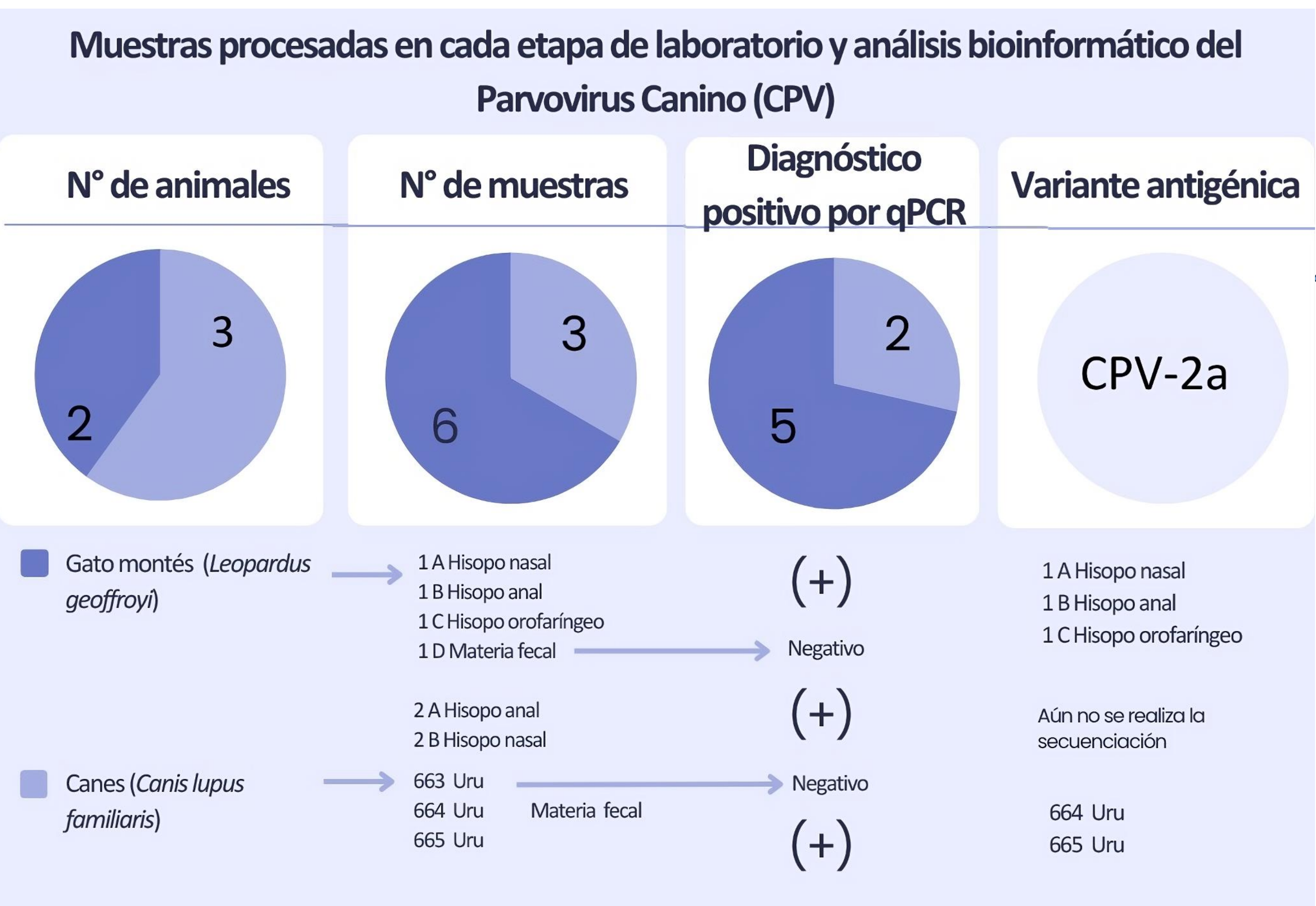


Figura 3. Muestras y matrices procesadas en cada etapa de laboratorio y análisis bioinformático del Parvovirus Canino (CPV).

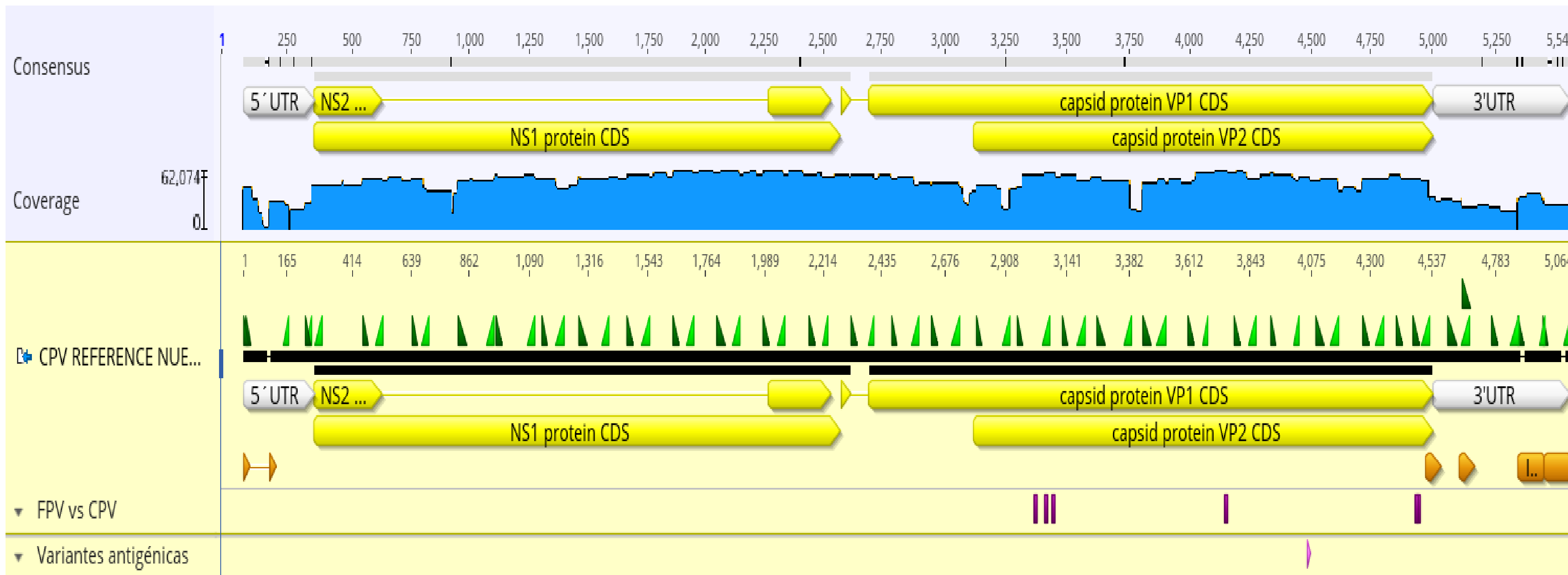


Figura 4. Mapeo de referencia de las lecturas obtenidas a partir del múltiplex-PCR-NGS de la muestra 1A de gato montés.

Se procesaron 9 muestras biológicas extraídas de 3 canes (*Canis lupus familiaris*) con diagnóstico clínico presuntivo y 2 gatos montés (*Leopardus geoffroyi*), todos provenientes de Uruguay. Siete muestras fueron positivas para CPV (qPCR), obteniéndose el genoma de todas ellas. La profundidad de cobertura promedio fue entre 7692x y 19816x.

El análisis del codón 426 (marcador antigénico), reveló que todas las variantes eran del tipo 2a, en concordancia con los datos poblacionales disponibles para Uruguay¹⁰.

Esta es la primera vez que se diagnostica y se obtiene el genoma completo de CPV en animales silvestre en Uruguay. Las muestras de gato montés provienen de animales muertos, resaltando el potencial de la metodología desarrollada en el laboratorio⁸. La identificación de las mismas variantes en perros y gatos monteses indica flujo génico entre las poblaciones domésticas y silvestres de carnívoros.

El seguimiento del CPV-2 mediante vigilancia genómica es importante para comprender la epidemiología viral y desarrollar medidas de control más efectivas en el contexto de “Una Salud (One Health)”.

AGRADECIMIENTOS



1. Robinson et al., 1980. *Vet. Pathol.* 17 (5).
2. Zerbini et al., 2023. *Arch. Virol.* 168, 175
3. Allison et al., 2013. *J. Virol.* 87
4. Hoelzer et al., 2008. *Journal of Virology*, 82(22).
5. Buonavoglia et al., 2002. *J. Gen. Virol.* 82
6. Desario et al., 2005. *J. Virol. Methods* 126 (1–2).
7. Nelson et al., 2008. *J. Virol.* 82 (21).
8. Condon et al., 2024. *Journal of Virological Methods*, 325(December 2023).
9. Tuteja et al., 2022. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 82.
10. Grecco et al., 2018. *Virus Evolution*, 4(1). 8. Truyen et al., 1996. *Virology*, 215(2).