

# VIGILANCIA GENÓMICA DEL VIRUS DISTEMPER CANINO EN AMÉRICA LATINA

Escardó, Josefina<sup>1</sup>; Condon, Emma<sup>1</sup>; Grecco, Sofía<sup>1</sup>; Enciso, Javier<sup>2</sup>; Aldaz, Jaime<sup>3</sup>; Bucafusco, Danilo<sup>4</sup>; Pérez, Ruben<sup>1</sup>; Panzera, Yanina<sup>1</sup>.

1. Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República.

2. Universidad Científica del Sur, Lima, Perú and Clínica Veterinaria Enciso, Perú.

3. Escuela de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Estatal de Bolívar, Guaranda, Ecuador.

4. Catedra de Virología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

## Introducción

El **virus distemper canino (CDV)**, un *Morbillivirus* de la familia *Paramyxoviridae*, causa una enfermedad multisistémica en cánidos con alta morbilidad y mortalidad a nivel mundial<sup>1,2</sup>.

CDV es el agente causal de una de las enfermedades infecciosas más relevante de los canes, a pesar de existir vacunas como estrategia de prevención y control, como la vacuna viva atenuada cepa Onderstepoort<sup>3</sup>.

Se trata de un virus **ARN; monocatenario**, con amplio rango de huéspedes<sup>4</sup>, cuyo genoma codifica para seis proteínas estructurales y dos no estructurales<sup>5</sup>.

Los estudios evolutivos, basados principalmente en el gen de la Hemaglutinina (H) han clasificado las cepas de CDV en linajes, actualmente están descriptos 19 linajes<sup>6</sup>.

El grupo de investigación de Genética de Microorganismos desarrolló un sistema basado en **múltiplex-PCR-NGS** para obtener **genomas completos** directamente de la muestra biológica<sup>7</sup>. La robustez del sistema y su bajo costo, está permitiendo realizar **vigilancia epidemiológica en tiempo real**, contribuyendo a una mejor comprensión de la evolución del virus y optimizar las medidas de prevención y control.

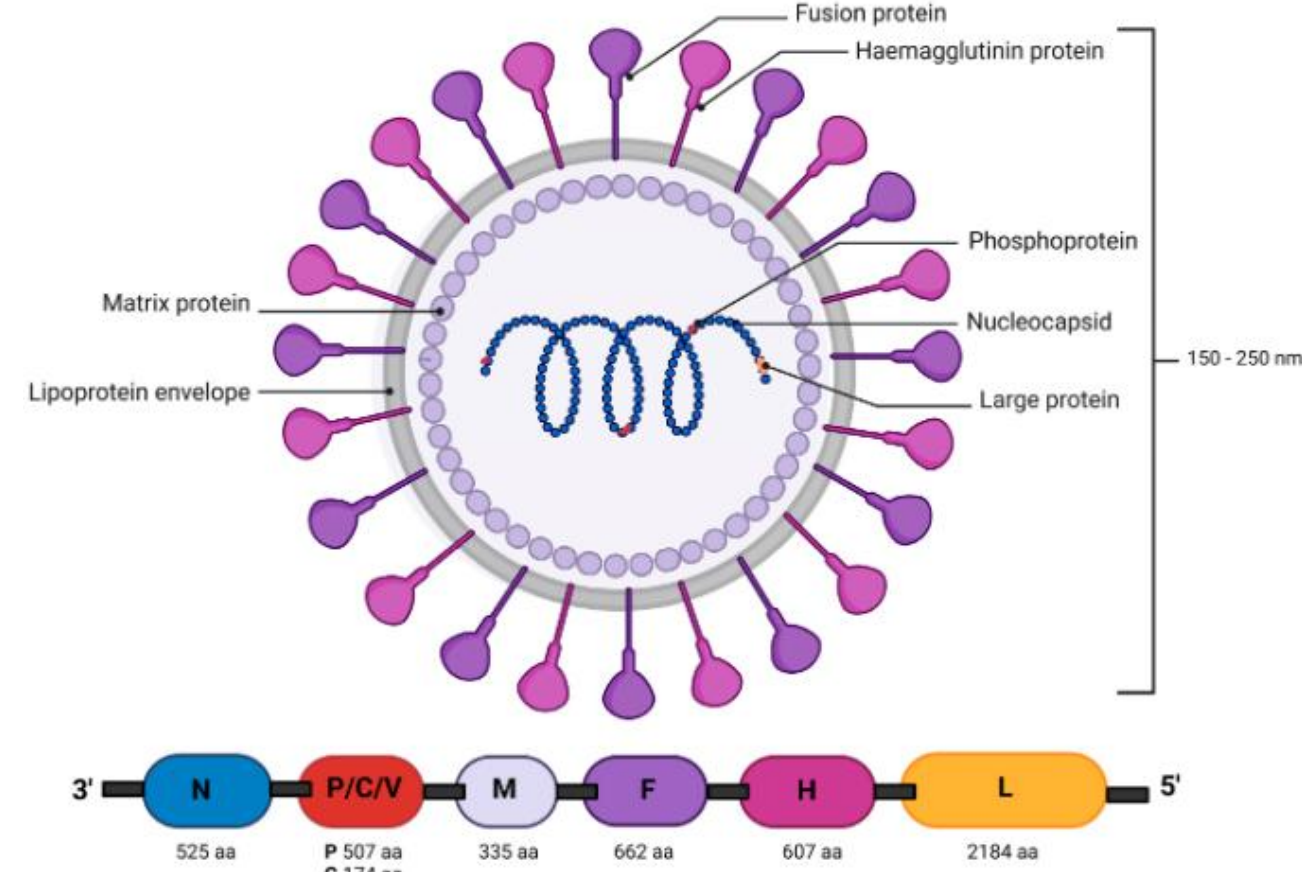


Figura 1. Morfología y organización del genoma y las proteínas de la partícula virión del CDV. Tomado de Rivera-Martinez et al., 2024<sup>8</sup>.

## Resultados

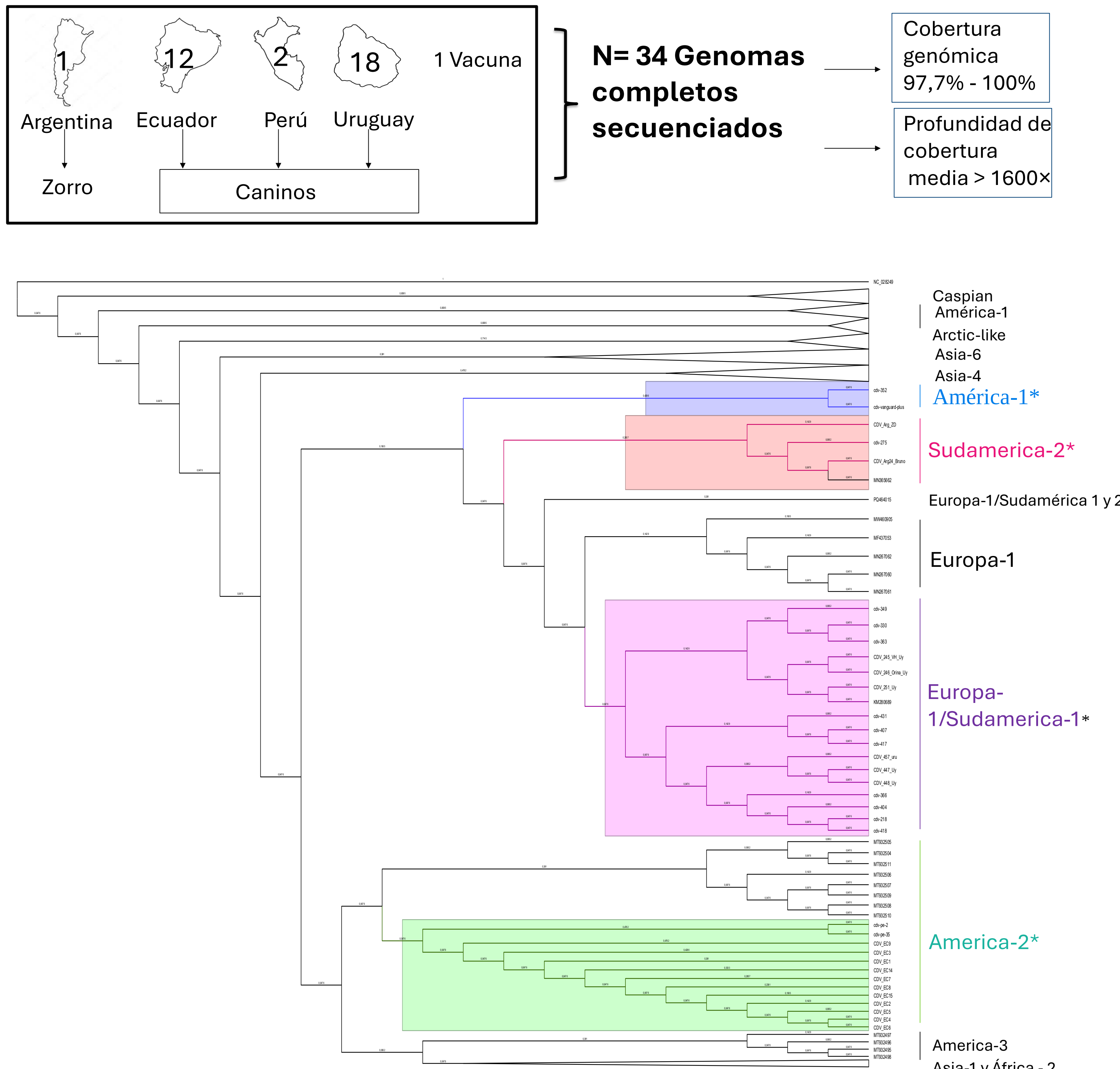


Figura 3. Análisis filogenético molecular basado en las secuencias de nucleótidos del genoma completo de CDV con sus correspondientes linajes.

- Se obtuvieron los primeros genomas completos de CDV de Perú y Ecuador y el primer genoma aislado de un huésped silvestre en Argentina y aumentamos el número de genomas de CDV de Uruguay de uno a 19 genomas.
- Las cepas caracterizadas pertenecen a los linajes Sudamérica-2 (Argentina y Uruguay), América-2 (Perú, Ecuador), Europa-1/Sudamérica-1 (Uruguay)
- La mayoría de las cepas provenientes de Uruguay se asocian con el linaje Europa-1/Sudamérica-1, siendo predominante, también en Brasil<sup>9</sup>. Se identificó por primera vez una cepa que circula en el país perteneciente al linaje Sudamérica-2, linaje hasta ahora predominante y exclusivo de Argentina<sup>9</sup>.
- La similitud de las cepas de CDV de las poblaciones domésticas y salvajes en Argentina indican un flujo génico entre estas dos poblaciones.

## Conclusiones

- La estrategia de **múltiplex-PCR-NGS demostró alta eficacia** al obtener genomas completos de cepas vacunales y de campo de 4 países, pertenecientes a diversos linajes.
- Desde el punto de vista epidemiológico, los **primeros genomas completos de CDV en Perú y Ecuador** junto con los nuevos datos de Argentina y Uruguay revelan la **diversidad de linajes circulantes en América Latina**, con implicaciones para la selección de vacunas y el control de la enfermedad.
- Los estudios confirman la **circulación transfronteriza** entre Argentina, Brasil y Uruguay.
- La existencia de **flujo genético** entre poblaciones domésticas y silvestres, realzan la importancia del monitoreo continuo.
- La colaboración regional es clave para monitorear la circulación transfronteriza del virus.
- Esta vigilancia genómica en tiempo real, aplicable mediante nuestro método**, brinda la identificación y caracterización precisas del virus y su impacto, permitiendo diseñar medidas preventivas más efectivas y comprender la epidemiológica y evolución de CDV en la región.

## Bibliografía

- Melody E. Roelke-Parker et al., 1996. *Nature*. 379:441-5.
- Maes et al., 2019. *Arch. Virol.* 164, 1233-1244.
- Gregers-Jensen et al., 2015. *Acta Vet Scand* 57:66 ; Loots et al., 2018.7. *Journal of Environmental Management* Volume 248; Needle et al.,8. 2019. *Int. J. Environ. Res. Public Health* 2021, 18(17), 9159
- Bronson et al., 2007. *J Zoo Wildl Med* 38:363-366. ; Salder et al., 2016. *J Zoo Wildl Med* 47:558-563.
- Appell, 1978. *Journal of General Virology* Volumen 41, 2: 385-393; Kennedy et al., 2019. *Viruses*. 14;11(10):944
- Duque-Valencia et al., 2019. *Viruses* 11, no. 7:582. ; Bhatt et al., 2019; Duque-Valencia, et al., 2019. *Scientific Reports* 9: 15747
- Condon et al., 2024. *Journal of Virological Methods*, 325.
- Rivera-Martínez et al., 2024. *Life* (2075-1729)
- Panzera et al. 2012. *Virus Research*, volumen 163, 1:401-404

## Agradecimientos

