

# PRIMERA DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE UN PROTOPARVOVIRUS EN AGUARÁ POPÉ (*Procyon cancrivorus*)

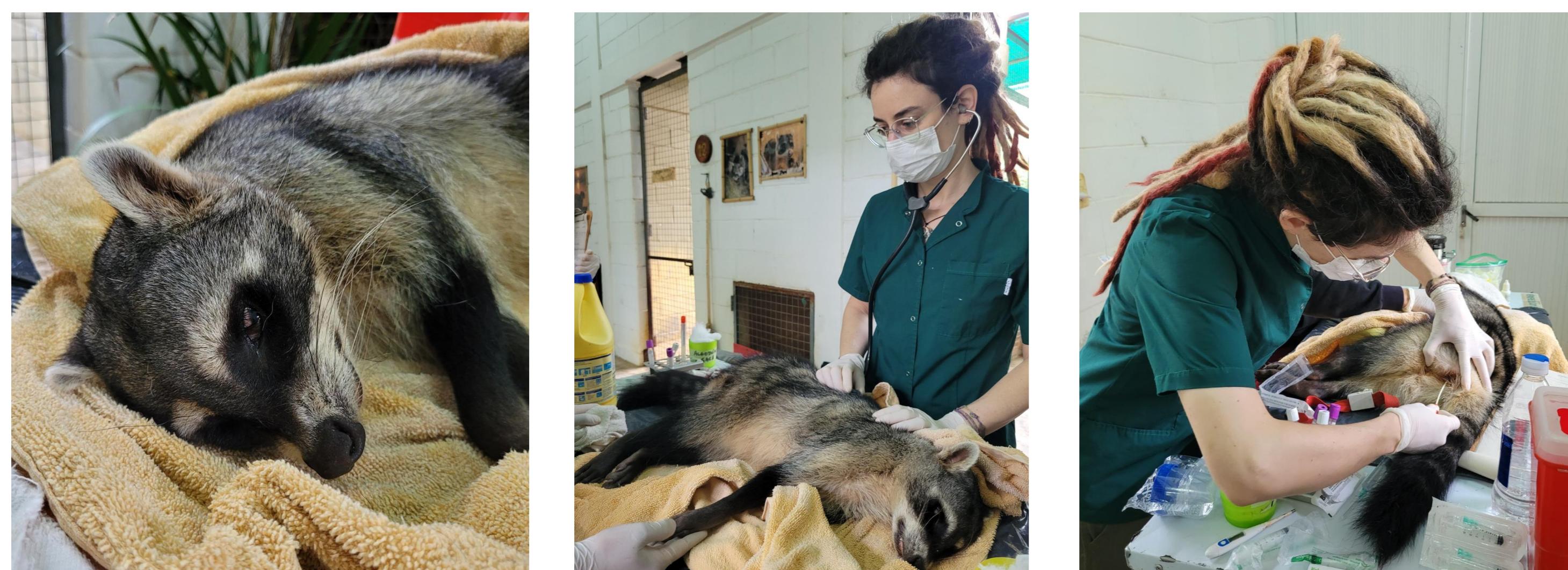
Unger, Melisa<sup>1</sup>; Diaz, Leandro<sup>2</sup>; Panzera, Yanina<sup>3</sup>; Bratanich, Ana<sup>2,4</sup>; Malacari, Dario<sup>5</sup>; Pécora, Andrea<sup>5</sup>; Escardó, Josefina<sup>3</sup>; Grecco, Sofia<sup>3</sup>; Pérez, Rubén<sup>2</sup>; Bucafusco, Danilo<sup>2,4</sup>

1. Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Fisiología Animal y Bioquímica Fisiológica 2. Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Virología 3. Universidad de la República, Facultad de Ciencias, Instituto de Biología, Sección Genética Evolutiva. Montevideo, Uruguay

4. CONICET-Universidad de Buenos Aires. Instituto de Investigaciones en Producción Animal (INPA). 5. Epizoolab, laboratorio de análisis clínicos veterinario.

Contacto: [dbucafusco@fvet.uba.ar](mailto:dbucafusco@fvet.uba.ar)

En el marco de un estudio sobre la diversidad viral y la circulación de protoparvovirus en carnívoros silvestres de Argentina, se reporta la primera detección y caracterización genómica completa de un protoparvovirus de la especie *Carnivore protoparvovirus 1* en un ejemplar de aguará popé (*Procyon cancrivorus*). El animal, una hembra de aproximadamente seis meses y 8 kg, fue rescatado y trasladado a un centro de rehabilitación de fauna silvestre en Corrientes. Previamente, estuvo **cinco meses en cautiverio con una familia** en Monte Castro, tras la muerte de su madre. Durante este período, fue cuidada por la perra de la familia, y convivio con gatos, **sin mostrar signos de enfermedad** al momento de su evaluación clínica. Los análisis clínicos revelaron una condición corporal de 3/5, ausencia de ectoparásitos y comportamiento acorde a su edad. Los estudios de sangre (hematología, bioquímica y frotis periférico) mostraron valores dentro de rangos normales.



La detección del virus se realizó mediante PCR a partir de un hisopado rectal, amplificando dos regiones independientes del genoma viral, confirmando su presencia en ambas. El **genoma completo** se obtuvo mediante una estrategia de amplicones solapados de ~250 pb. Esta combinó PCR multiplex con secuenciación masiva por tecnología Illumina (MiSeq) (figura 1). Luego las lecturas mapearon contra un genoma de referencia de *Carnivore protoparvovirus 1* (M38245). Se obtuvo una secuencia consenso con una profundidad de cobertura media de 1735× y una cobertura genómica del 95.4%, abarcando toda la región codificante

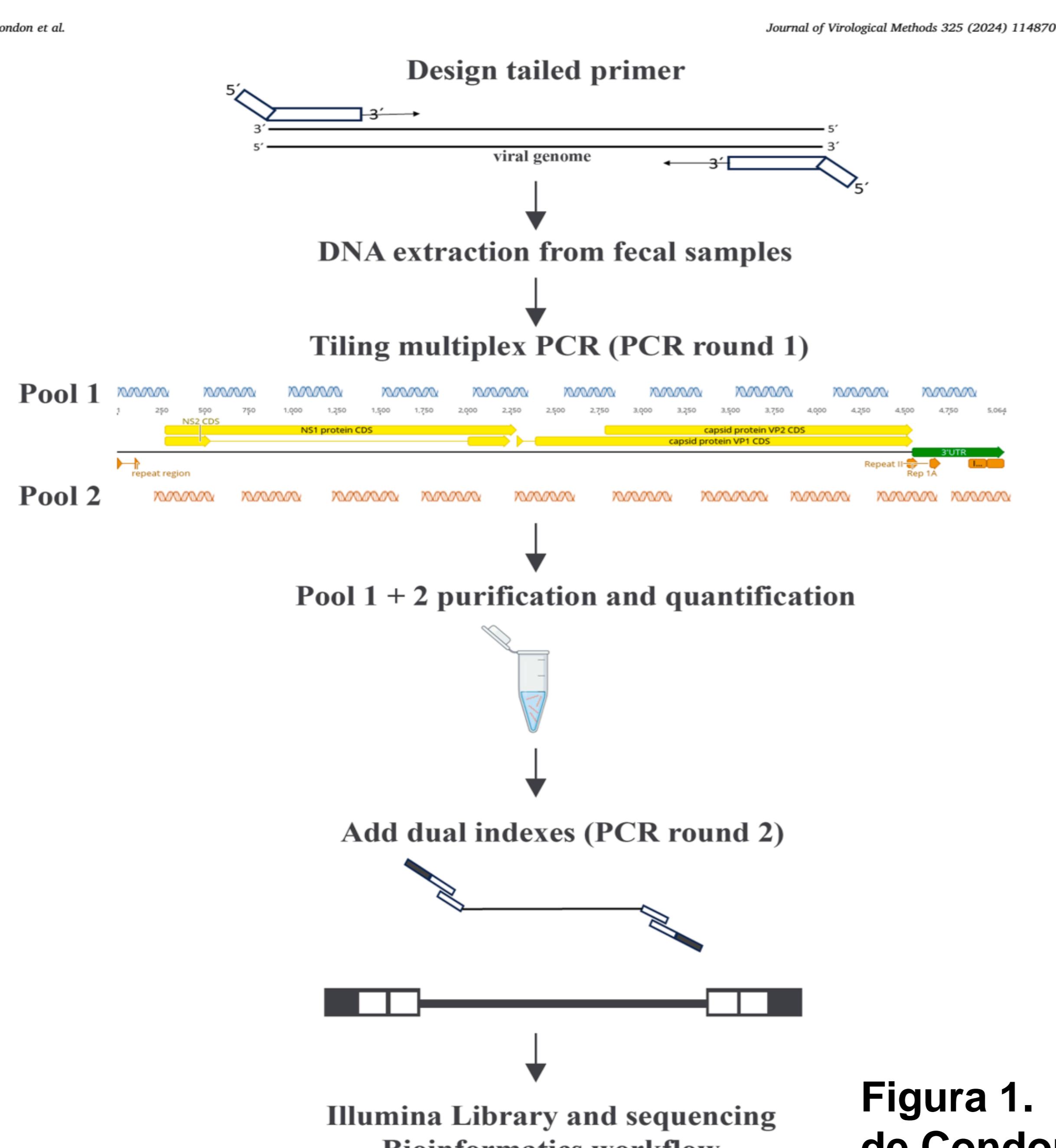


Figura 1.  
de Condon et. al. 2024

El análisis manual de la secuencia reveló que, en base a los aminoácidos presentes en la **proteína de la cápside VP2**, el virus identificado presentaba características del tipo **Feline panleukopenia virus (FPV-like)** (Tabla 1).

VP2 aa residue	80	87	93	103	297	300	305	323	426	564	568
nt position	3024-3026	3045-3047	3063-3065	3093-3095	3675-3677	3684-3686	3699-3701	3753-3755	4062-4064	4476-4478	4488-4490
Codon observed	AAA (Lys) AGA (Arg)	ATG (Met) TTG (Leu)	AAA (Lys) AAC (Asn) AAT (Asn)	GUA (Val) GCA (Ala)	TCT (Ser) GCT (Ala)	GCT (Ala) GGT (Gly)	GAT (Asp) TAT (Tyr)	GAC (Asp) AAC (Asn)	AAT (Asn) GAT (Asp)	AAT (Asn) AGT (Ser)	GCT (Ala) GGT (Gly)
FPV	Lys	Met	Lys	Val	Ser	Ala	Asp	Asp	Asn	Asn	Ala
CPV-2	Arg	Met	Asn	Ala	Ser	Ala	Asp	Asn	Asn	Ser	Gly
CPV-2a	Arg	Leu	Asn	Ala	Ser	Gly	Tyr	Asn	Asn	Ser	Gly
CPV-2b	Arg	Leu	Asn	Ala	Gly	Tyr	Asn	Asn	Asn	Ser	Gly
New CPV-2a	Arg	Leu	Asn	Ala	Gly	Tyr	Asn	Asn	Asn (2a)	Ser	Gly
New CPV-2b	Arg	Leu	Asn	Ala	Gly	Tyr	Asn	Asp	Asp (2b)	Ser	Gly
Asp-300 (2a/2b)	Arg	Leu	Asn	Ala	Asp	Tyr	Asn	Asn	Asn	Ser	Gly
CPV-2c	Arg	Leu	Asn	Ala	Gly	Tyr	Asn	Asn	Asn	Ser	Gly
Aguará popé PV	Lys	Met	Lys	Val	Ser	Ala	Asp	Asp	Asn	Asn	Ala

Tabla 1. Aminoácidos relevantes de VP2. Adaptado de Bucafusco et. al. 2019

Para el **análisis filogenético** se construyó un dataset de 72 secuencias representativas de diferentes miembros de *Carnivore protoparvovirus 1*. Se incluyeron todas las secuencias disponibles de genomas obtenidos en **animales silvestres**, así como de **perros y gatos de Sudamérica**, priorizando las más recientes y dos genomas de referencia (CPV-2). Con ellas se elaboró un árbol de máxima verosimilitud utilizando IQTREE2 + ModelFinder (HKY+F+I+G4, BIC) y 1000 réplicas bootstrap.

