

FACULTAD DE
CIENCIAS
UDELAR fciencia.edu.uy

**GENÉTICA
MICROORGANISMO**
Facultad de Ciencias Udelar

Plataforma
Genómica
FC-UdelAR

ANII AGENCIA NACIONAL
DE INVESTIGACIÓN
E INNOVACIÓN

FCE 1-2023-1176074

La parvovirus y la enfermedad de Carré son dos de las enfermedades infecciosas más comunes y significativas en caninos domésticos producidos por el Parvovirus Canino (CPV) y el Virus de Distemper (CDV), con altas tasas de morbilidad y mortalidad.^{1,2}

CDV causa una enfermedad multisistémica en cánidos, de distribución mundial¹⁵. Su clasificación, basada principalmente en el análisis de la glicoproteína hemaglutinina (H), permite distinguir a nivel mundial **19 linajes**⁶.

METODOLOGÍA



El análisis del codón 426 del CPV reveló que las variantes correspondían a **CPV-2a**⁴, circulante desde el 2010 en el país⁸. CPV_668 y CPV_669 se agrupa en el **filogrupo Asia-I**, corresponden a una población homogénea estudiada⁹.

Ambos virus se agrupan filogenéticamente con muestras previamente reportadas en Uruguay, en concordancia con la información disponible para el país^{9,10}.



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

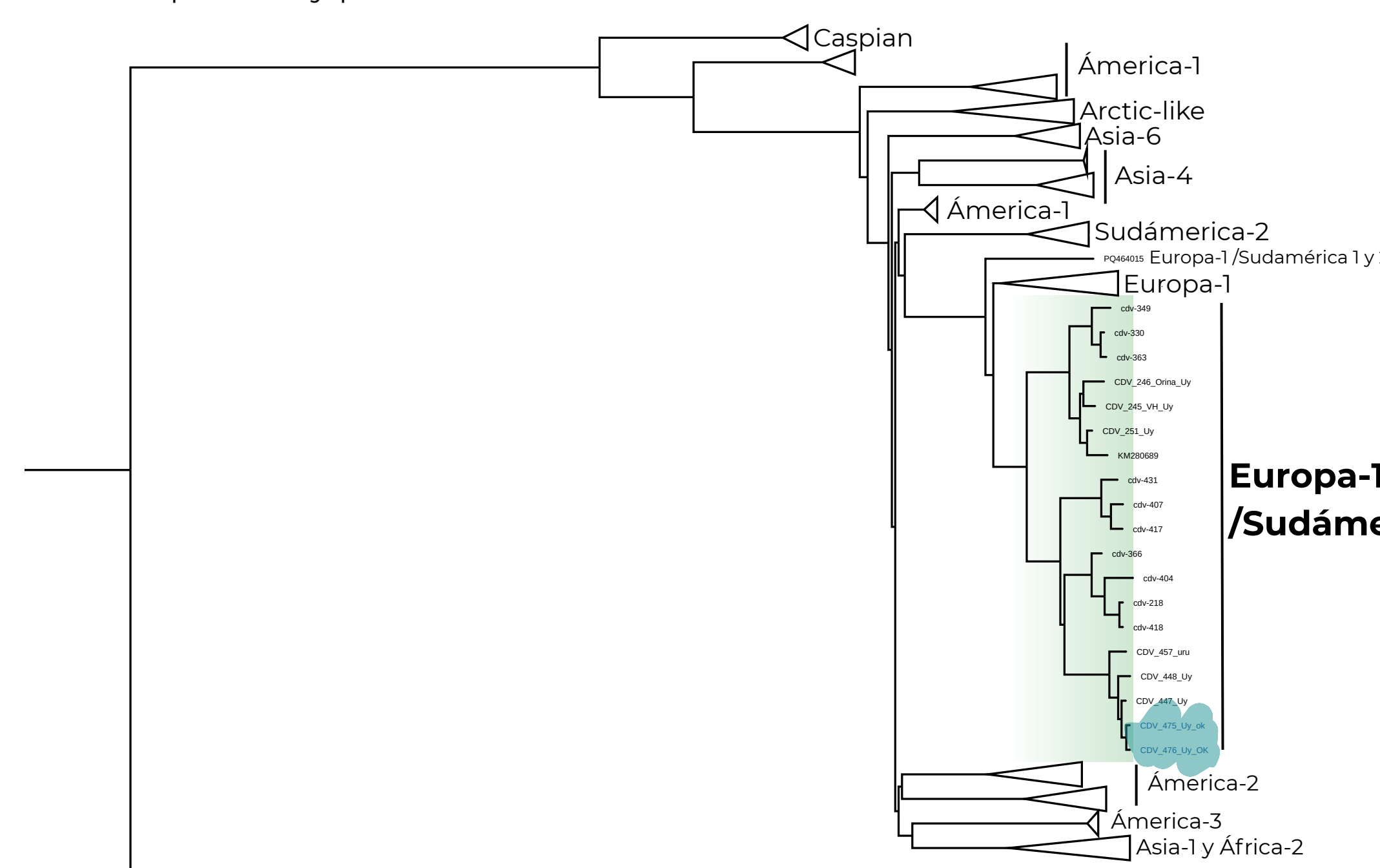


Figura 4. Análisis filogenético molecular basado en las secuencias de nucleótidos del genoma completo de CDV con sus correspondientes linajes.

A pesar de tener alta tasa evolutiva, no se encontró divergencia de CDV en ambos cachorros. Esto resulta llamativo para un virus como CDV y podría deberse a que se detectó el virus en una etapa temprana de la infección de ambos cachorros y por la misma cepa.

BIBLIOGRAFÍA



La vigilancia genómica en tiempo real, brinda la identificación y caracterización precisa de los virus, permitiendo un seguimiento de la epidemiología viral, aportando en los diseños de medidas preventivas efectivas en el contexto de **"Una Salud (One Health)"**.