

Caracterização molecular da infeção por parvovírus canino e pelo vírus da panleucopenia felina em cães e gatos da área metropolitana de Lisboa: Resultados preliminares

Sara Alves¹, Andreia Valença^{2,3,4,5}, Adrian Cruz³, Joana Fonseca², Ana Rocha², Cátia Marques^{2,4,5,6}, Ricardo Parreira⁷, Margarida Alves^{2,6,8}, André Pereira^{2,3,6,7}, David Ramilo^{2,6}

¹Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lusófona, Centro Universitário de Lisboa, Lisboa, Portugal.

²Investigação em Medicina Veterinária (I-MVET), Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lusófona, Centro Universitário de Lisboa, Portugal.

³Instituto Politécnico da Lusofonia (IPLUSO), Escola Superior de Saúde e Bem Estar Animal, Lisboa, Portugal.

⁴CIISA – Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal – Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal.

⁵Associate Laboratory for Animal and Veterinary Sciences (AL4AnimalS).

⁶Centro de Investigação Veterinária e Animal (CECAV), Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lusófona, Centro Universitário de Lisboa, Portugal.

⁷Global Health and Tropical Medicine (GHTM), Associate Laboratory in Translation and Innovation Towards Global Health (LA-REAL), Instituto de Higiene e Medicina Tropical (IHMT) Universidade NOVA de Lisboa (UNL), Lisboa, Portugal.

⁸CBIOS – Research Center for Biosciences and Health Technologies, Universidade Lusófona, Lisboa, Portugal.

Objetivos: O género *Protoparvovirus* compreende várias espécies, incluindo o parvovírus canino do tipo 2 (CPV2) e o vírus da panleucopenia felina (FPV). Adicionalmente, o CPV2 apresenta uma taxa de mutação nucleotídica frequente, levando a alterações aminoacídicas na proteína VP2, responsáveis pela transmissão, infeção e propriedades antigénicas deste vírus, traduzindo-se na existência de subtipos (CPV2a, CPV2b, CPV2c). O objetivo deste estudo foi caracterizar o CPV2 e o FPV de cães e gatos infectados na área metropolitana de Lisboa (AML).

Material e Métodos: Procedeu-se à extração de DNA presente em amostras de fezes (cães: $n=13$; gatos: $n=14$) e sangue (cães: $n=3$; gatos: $n=3$) de animais com sinais clínicos compatíveis com infeção por CPV2 e FPV. Seguidamente, procedeu-se à amplificação por PCR do gene *vp2* e sequenciação dos produtos de amplificação. As sequências obtidas foram alinhadas com o programa MAFFT e a subtipificação viral com o programa Aliview. A diversidade genética e as relações filogenéticas foram exploradas através dos programas PopART e IQTree.

Resultados: Na análise do perfil aminoacídico a variante mais prevalente na população-alvo foi CPV2c (48%, $n=11$). Nos gatos ($n=14$), detetou-se FPV (93%, $n=13$) e CPV2c (7%, $n=1$). Na população canina ($n=13$), o subtipo predominante foi o CPV2c (77%, $n=10$), seguido do subtipo CPV2b (23%, $n=3$). A presença de intragrupos nos *clusters* referentes a FPV e CPV2 foi observada na árvore filogenética; porém, nenhum destes refletiu monofilia para os subtipos CPV2a-c. A análise de haplótipos não revelou diferenças entre os vírus identificados em sangue e fezes do mesmo indivíduo.

Conclusão: É de extrema importância a identificação e monitorização dos subtipos do CPV2 em circulação nas populações caninas e felinas para a compreensão da evolução do vírus, a sua epidemiologia e o seu impacto na saúde dos hospedeiros.

Palavras-chave: Parvovirus canino, Vírus da panleucopenia felina, Cão, Gato, Gene *vp2*, Área metropolitana de Lisboa.

Financiamento: Este trabalho foi financiado pelo Projeto de Investigação FMV-ULHT 2022-2023 (Acrónimo: Parvoviridae).