



Análise temporal e dinâmica evolutiva do *Parvovírus*

SOUZA, Bruna Fernandes¹; SILVEIRA, Vinicius Proença²; WOLF, Jonas Michel³; LUNGE, Vagner Ricardo⁴.

¹Graduanda do curso de Medicina Veterinária da ULBRA e bolsista CNPq. Mestrando do PPGBioSaúde-ULBRA. ³Doutorando do PPGBioSaúde-ULBRA. ⁴Orientador e professor do PPGBioSaúde-ULBRA.

PALAVRAS-CHAVE: Parvovirose, Genoma, Evolução, Variantes, Bioinformática.

Introdução

O *Canine parvovirus* (CPV-2) é um vírus da Família *Parvoviridae* que possui DNA de fita simples não envelopado, podendo manter sua infectividade por meses em determinadas condições. Esse patógeno viral ultrapassou obstáculos evolutivos e ao associar a transmissão cruzada entre espécies se disseminou e alcançou maior número de espécies hospedeiras. Devido a sua semelhança antigênica com o *Feline panleukopenia virus* (FPV), pressupõe-se que o CPV-2 seja um mutante de uma linhagem de campo do vírus felino que se transmitiu e se adaptou para hospedeiros da ordem carnívora. Sua circulação pandêmica ocorre há mais de 40 anos e, apesar da evolução do vírus, todas as variantes de CPV-2 são aproximadamente 99% idênticas na sequência de nucleotídeos. A literatura descreve linhagens genéticas e antigênicas do CPV-2a, identificados como “CPV-2b”, “CPV-2c” ou “new CPV-2a”. Porém, essas linhagens são baseadas na substituição de um ou dois aminoácidos específicos, insuficientes para caracterizar a heterogeneidade, porque não representa a complexidade e a multiplicidade das mudanças internas do genoma viral.

Objetivos

O presente trabalho tem como objetivo elucidar características evolutivas, temporais e espaciais das sequências completas de *Parvovírus* através de ferramentas *in silico*.

Metodologia

Foram utilizadas 180 sequências de genomas completos do *Parvovírus* com país e ano de amostragem disponíveis no GenBank. O modelo de substituição de nucleotídeo HKY foi selecionado usando uma razão de verossimilhança hierárquica, critério de informação de Akaike e testes de critério de informação Bayesiana com Model Finder no *software* IQ-TRE. A árvore filogenética de máxima verossimilhança foi inferida de acordo com o modelo de melhor ajuste usando o *software* IQ-TRE. Posteriormente, árvores filogenéticas em escala de tempo, taxas de evolução e histórias demográficas de sequências de genomas de *Parvovírus* foram avaliadas usando a estrutura coalescente bayesiana implementada no BEAST v2.6.2. A medida de suporte empregada foi o HPD95% (Highest Posterior Density 95%).

Resultados e Conclusões parciais

A taxa evolutiva do CPV-2 foi de 2,04E-4 substituições de nucleotídeos por ano (HPD95%: 1,39E-4 – 3,06E-4). A análise filogenética demonstrou que o ancestral comum do CPV-2 remeteu ao ano de 1976 (HPD95%: 1945 – 1985). Além disso, as sequências do CPV-2 das amostras brasileiras da linhagem CPV-2c são muito semelhantes às que ocorrem na América do Norte (Estados Unidos e Canadá) e do



Uruguai apresentando um ancestral comum de 1994 (HPD95%: 1977 – 1999). A linhagem CPV-2b brasileiro demonstrou duas introduções, primeiro em 1991 (HPD95%: 1981 – 1996) e posteriormente em 2003 (HPD95%: 1985 – 2007) com possíveis origens na América do Norte. As infecções por CPV-2 aumentaram significativamente na década de 1980 com estabilidade até meados dos anos 2000. Em 2005, aproximadamente, ocorreu uma nova onda de aumento de infecções, a qual apresentou posterior estabilidade e queda em 2015. Através dos resultados obtidos nesse estudo, pode se concluir que o CPV-2 teve sua entrada na década de 1990 no Brasil, período da ocorrência de grande disseminação desta infecção.

Referências

^A Oliveira, E. C., Pescador, C. A., Sonne, L., Pavarini, S. P., Santos, A. S., Corbellini, L. G., & Driemeier, D. (2009). Análise imuno-histoquímica de cães naturalmente infectados pelo parvovírus canino. *Pesquisa Veterinária Brasileira*, 29(2), 131-136. Doi: <https://doi.org/10.1590/S0100-736X2009000200008>

^B Voorhees, I. E., Lee, H., Allison, A. B., Lopez-Astacio, R., Goodman, L. B., Oyesola, O. O., et al. (2019). Limited intrahost diversity and background evolution accompany 40 years of canine parvovirus host adaptation and spread. *Journal of virology*, 94(1). Doi: <https://doi.org/10.1128/JVI.01162-19>.

^C Wasik, B. R., Voorhees, I. E., Barnard, K. N., Alford-Lawrence, B. K., Weichert, W. S., Hood, G., et al. (2019). Influenza viruses in mice: deep sequencing analysis of serial passage and effects of sialic acid structural variation. *Journal of virology*, 93(23). Doi: <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0017>

^D De Oliveira, P. S. B., Cargnelutti, J. F., Masuda, E. K., Weiblen, R., & Flores, E. F. (2019). New variants of canine parvovirus in dogs in southern Brazil. *Archives of virology*, 164(5), 1361-1369. Doi: <https://doi.org/10.1007/s00705-019-04198-w>

^E Grecco, S., Iraola, G., Decaro, N., Alfieri, A., Alfieri, A., Gallo Calderón, M., et al. (2018). Inter- and intracontinental migrations and local differentiation have shaped the contemporary epidemiological landscape of canine parvovirus in South America. *Virus evolution*, 4(1), vey011. Doi: <https://doi.org/10.1093/ve/vey011>