

# Análise temporal e dinâmica evolutiva do *Parvovírus*

SOUZA, Bruna Fernandes<sup>1</sup>; SILVEIRA, Vinicius Proença<sup>2</sup>; WOLF, Jonas Michel<sup>3</sup>; LUNGE, Vagner Ricardo<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Graduanda do curso de Medicina Veterinária da ULBRA e bolsista CNPq. <sup>2</sup>Mestrando do PPGBioSaúde-ULBRA.

<sup>3</sup>Doutorando do PPGBioSaúde-ULBRA. <sup>4</sup>Orientador e professor do PPGBioSaúde-ULBRA

[fernandesouzabruna@gmail.com](mailto:fernandesouzabruna@gmail.com)

## Introdução

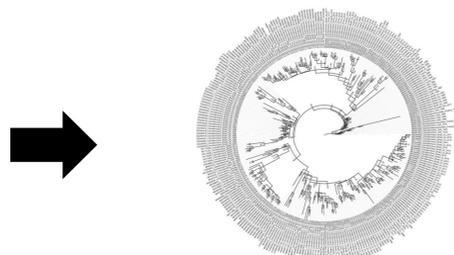
O *Canine parvovirus* (CPV-2) é um vírus da Família *Parvoviridae* que possui DNA de fita simples não envelopado, podendo manter sua infectibilidade por meses em determinadas condições. Esse patógeno viral ultrapassou obstáculos evolutivos e ao associar a transmissão cruzada entre espécies se disseminou 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

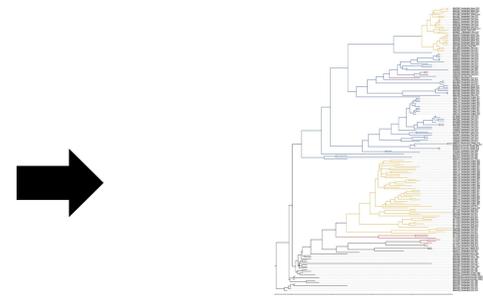
O presente trabalho tem como objetivo elucidar características evolutivas, temporais e espaciais das sequências completas de *Parvovírus* através de ferramentas *in silico*.

## Metodologia

Foram utilizadas 180 sequências de genomas completos do *Parvovírus* com país e ano de amostragem disponíveis no GenBank.



A árvore filogenética de máxima verossimilhança foi inferida de acordo com o modelo de melhor ajuste usando o software IQ-TER.



A 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.

## Resultados

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 (**Figura 1**). 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 (**Figura 2**).

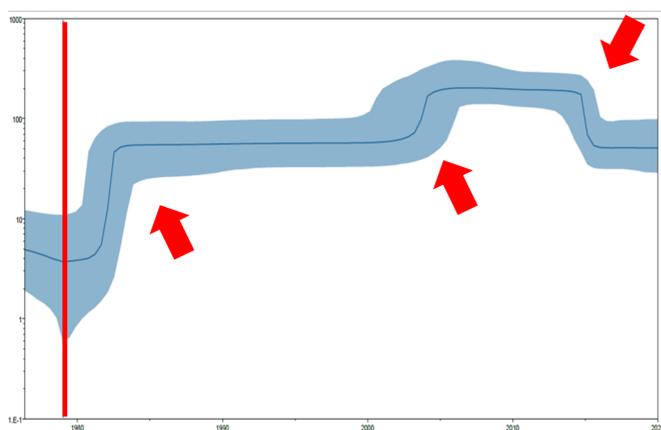


Figura 2: Skyline, descrição do panorama infecções de CPV-2 durante os últimos 40 anos.

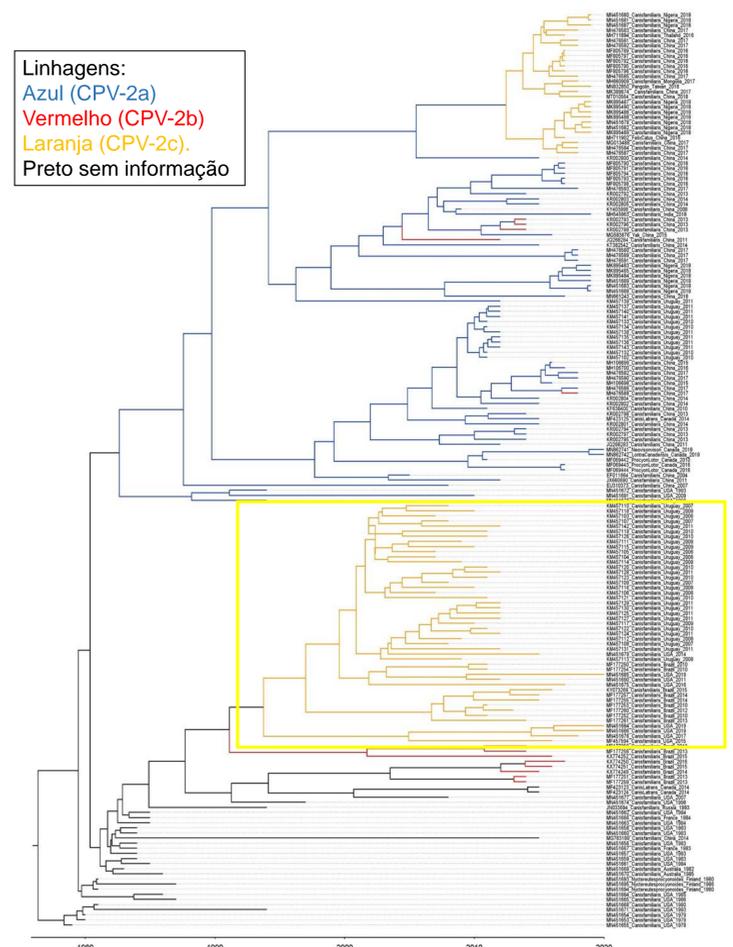


Figura 1: Árvores filogenéticas em escala de tempo, taxas de evolução e histórias demográficas de sequências de genomas de *Parvovírus*

## Conclusões finais

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 bibliográficas

- Voorhees, I. E., Lee, H., et al. (2019). Limited intrahost diversity and background evolution accompany 40 years of canine parvovirus host adaptation and spread. *Journal of virology*, 94(1).
- Wasik, B. R., Voorhees, I. E., 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).
- De Oliveira, P. S. B., Cargnelutti, J. F., et al. (2019). New variants of canine parvovirus in dogs in southern Brazil. *Archives of virology*, 164(5), 1361-1369.
- Grecco, S., Iraola, G., 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).