

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE *Canine Morbillivírus* EM AMOSTRAS BIOLÓGICAS DE CÃES COM SINAIS CLÍNICOS SUGESTIVOS

SILVA, Rebeca Francielle de Lima¹; COSTA, Vivaldo Gomes²; SAIVISH, Marielena Vogel³; MORELI, Marcos Lázaro⁴

Introdução: O *Canine Morbillivírus* é o agente etiológico da cinomose canina, a qual é transmitida através de secreções dispersas na forma de aerossóis. O vírus é constituído por um material genético do tipo RNA fita simples de sentido negativo. A doença é caracterizada por seus altos índices de letalidade e fácil contágio, onde os sinais clínicos conhecidos envolvem graves distúrbios neurológicos e respiratórios, devido ao tropismo celular característico. Apesar de haver vacinas disponíveis no mercado, a doença ainda persiste responsável por grandes surtos distribuídos em diversos locais do mundo. Diante disto, é essencial obter um diagnóstico acurado da infecção, uma vez que os sinais clínicos são semelhantes a outros tipos de doenças infecciosas, logo, os métodos moleculares são estabelecidos como a melhor opção devido sua elevada acurácia e assim contribuem no manejo clínico. **Objetivo:** Detectar o RNA viral através da Nested-RT-PCR em amostras biológicas de cães com suspeita clínica, e confirmar a identidade viral por sequenciamento seguido de análise filogenética. **Material e métodos:** O protocolo da Nested-PCR foi ajustado com o intuito de otimizar a reação em termos de ciclagem, temperatura e volume dos reagentes. Após os ajustes, foi realizada a triagem de 47 amostras provenientes de cães com sinais clínicos sugestivos da doença, afim de estabelecer o diagnóstico amplificando o gene da nucleoproteína viral. Posteriormente, a sequência nucleotídica obtida foi confirmada por sequenciamento e analisada por filogenia. **Resultados:** Dentre as amostras triadas 22 (47%) foram positivas para a presença da proteína N, a sequência nucleotídica obtida por sequenciamento foi submetida a comparação com outras demais incluídas no banco de dados Genbank e todas correspondiam as encontradas na literatura. A análise filogenética mostrou que são pertencentes a cepa América do Sul 1/Europa. **Conclusão:** O presente estudo desenvolveu uma otimização de Nested-RT-PCR para detecção do gene N do vírus e com isso, contribuiu para o diagnóstico e epidemiologia molecular, através da triagem das amostras clínicas obtidas e posterior identificação da cepa circulante. Adicionalmente, o resultado deste estudo somado a outras pesquisas pode ser utilizado com o propósito de aumentar a prevenção e o controle da cinomose nestas localidades do Centro-Oeste Brasileiro.

Palavras-chave: *Canine Morbillivírus*; Diagnóstico; Nested-RT-PCR.

¹Universidade Federal de Goiás, Jataí, Goiás. rebeca.limarbk@hotmail.com

²Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal. vivaldo14@gmail.com

³Universidade Federal de Goiás, Jataí, Goiás. marielensasaiwish@gmail.com

⁴Universidade Federal de Goiás, Jataí, Goiás. marcosmoreli@gmail.com