CIRCOVÍRUS CANINO: ASPECTOS EPIDEMIOLÓGICOS, CLÍNICOS E MOLECULARES

Autor(res)

Elis Lorenzetti
Dienifer Graice Galindo
Anderson Rodrigues Da Silva
Maria Eduarda Felici Barbosa
Fernando César Cobianchi

Categoria do Trabalho

Trabalho Acadêmico

Instituição

UNOPAR / ANHANGUERA - ARAPONGAS

Introdução

Circovírus canino (CanineCV) é um vírus com genoma DNA fita simples circular pertencente à família Circoviridae. Foi descrito pela primeira vez em 2012, nos Estados Unidos, em cães com vasculite e enterite hemorrágica (LI et al., 2013). Desde então, foi identificado em diferentes continentes e em várias espécies de carnívoros domésticos e silvestres (FRANZO et al., 2021; CANUTI et al., 2024). Em cães, já foi associado a lesões vasculares e distúrbios entéricos graves, incluindo casos fatais (LI et al., 2013; DECARO et al., 2014; CRUZ et al., 2020), embora também tenha sido encontrada em cães assintomáticos, o que dificulta a definição de seu papel como agente primário (ANDERSON et al., 2017; DOWGIER et al., 2017).
O genoma viral possui 2.063 nucleotídeos (KOTSIAS et al., 2019; FRANZO et al., 2021), organizados em duas sequências abertas de leitura (ORFs) principais: Rep, relacionada à replicação, e Cap, que codifica a proteína do capsídeo e apresenta maior variabilidade genética (WANG et al., 2021). Estudos recentes reforçam a ocorrência de recombinações e a possibilidade de origem evolutiva a partir de circovírus de morcegos, sugerindo adaptação contínua e risco de surgimento de variantes (LIU et al., 2024; SILVA et al., 2025).
No Brasil, desde a primeira detecção em cães assintomáticos no Nordeste (WEBER et al., 2018), o vírus foi identificado em diferentes contextos clínicos, como casos de gastroenterite hemorrágica intermitente (CRUZ et al., 2020) e coinfecções com o vírus da cinomose (MORTARI et al., 2022). Esses achados reforçam que CanineCV circula de forma endêmica no país, embora ainda pouco investigado quanto à diversidade genética, vias de transmissão e relevância clínica.

Objetivo

Revisar os principais aspectos epidemiológicos, clínicos e moleculares do circovírus canino, abrangendo sua ocorrência em diferentes países, a variabilidade genética, o papel em infecções singulares e coinfecções, bem como a circulação em hospedeiros domésticos e silvestres.

Material e Métodos

Foi realizada uma revisão da literatura científica sobre circovírus canino, abrangendo o período de 2013 a 2025. As buscas foram conduzidas nas bases PubMed, Scopus e Google Scholar, utilizando os descritores: circovírus canino, epidemiologia, sinais clínicos, coinfecções, aspectos moleculares e fauna silvestre. Foram priorizados artigos e revisões originais nacionais e internacionais que apresentassem dados de prevalência, diversidade genética e relevância clínica.

Resultados e Discussão

A prevalência de CanineCV varia de 1,3% (7/520) em cães assintomáticos no Brasil (WEBER et al., 2018) a 32% (71/219) em cães com gastroenterite na Itália (DOWGIER et al., 2017). Estudos na Alemanha e no Brasil, além de levantamentos em outros países da Europa, evidenciaram que a detecção do vírus não estabelece causalidade (ANDERSON et al., 2017; DOWGIER et al., 2017; WEBER et al., 2018). Na Alemanha, Anderson et al. (2017) não observaram associação direta de CanineCV em cães com diarreia hemorrágica aguda, enquanto na Itália foi relatado um caso fatal (DECARO et al., 2014).

Lesões como necrose intestinal, vasculite e hemorragias sistêmicas já foram confirmadas por histopatologia e imuno-histoquímica (LI et al., 2013; CRUZ et al., 2020). Porém, o vírus também é encontrado em cães com diarreia branda e assintomáticos (DOWGIER et al., 2017) sugerindo comportamento oportunista. A associação com parvovírus canino (CPV-2) é recorrente e resulta em quadros clínicos mais graves e maior mortalidade em diferentes países (KOTSIAS et al., 2019; TUONG et al., 2021).

Evidências recentes indicam que CanineCV pode estabelecer infecções persistentes e subclínicas, com detecção prolongada e possibilidade de cargas virais elevadas, contribuindo para sua ampla circulação silenciosa. Ademais, o vírus interage com a resposta imune do hospedeiro, o que ajuda a explicar a variabilidade clínica observada, especialmente na presença de coinfecções (SILVA et al., 2025).

O genoma apresenta conservação em Rep e maior variabilidade em Cap, permitindo distinguir pelo menos seis genotipos (CanineCV-1 a 6), incluindo CanineCV-1 já descrito no Brasil (WANG et al., 2021; LIU et al., 2024). Eventos de recombinação são recorrentes, além de variantes com truncamento em Rep descritas na China (CAO et al., 2024). Pressão seletiva sobre Cap sugere adaptação a diferentes hospedeiros, e cepas detectadas no Brasil compartilham similaridade com isolados da Europa e da Ásia, indicando possíveis fluxos transcontinentais (SILVA et al., 2025).

Embora a via principal de transmissão seja fecal-oral, Silva et al. (2025) apontaram a possibilidade de participação de carrapatos como vetores ou reservatórios, com base em achados envolvendo PCV3; para CanineCV, essa detecção em carrapatos ainda não foi descrita.

A presença de variantes de circovírus intimamente relacionadas ao CanineCV em lobos do Canadá, com prevalência de até 45% (CANUTI et al., 2024), reforça seu papel epidemiológico além dos cães domésticos. Na Europa, foi detectado em raposas vermelhas, onde análises filogenéticas evidenciaram diversidade genética e potenciais eventos de recombinação (FRANZO et al., 2021). Casos adicionais em felídeos e outros animais de vida livre reforçam o amplo espectro de hospedeiros e o potencial de spillover entre espécies (SILVA et al., 2025).

O diagnóstico é realizado por PCR convencional e em tempo real, detectando DNA viral em fezes, sangue e tecidos (WANG et al., 2021; LIU et al., 2024). A metagenômica foi fundamental na primeira detecção no Brasil (WEBER et al., 2018) e imuno-histoquímica e microscopia eletrônica complementam a associação entre presença viral e lesões histopatológicas (LI et al., 2013; CRUZ et al., 2020).

No Brasil, a primeira detecção ocorreu no Nordeste em cães assintomáticos, com prevalência de 1,3% em 520 amostras de soro (WEBER et al., 2018). No Sul, o vírus foi identificado em um Pastor Alemão com gastroenterite hemorrágica intermitente, cujo genoma foi sequenciado (CRUZ et al., 2020). Mais recentemente, coinfecções com

vírus da cinomose foram registradas em 77 cães autopsiados no Sul, com confirmação por histopatologia, PCR e imuno-histoquímica (MORTARI et al., 2022). Esses achados, somados a evidências de persistência viral e variabilidade genética (SILVA et al., 2025), confirmam sua circulação endêmica no país, embora persistam lacunas quanto ao impacto clínico e epidemiológico.

Conclusão

CanineCV deve ser considerado diagnóstico diferencial em enterites hemorrágicas de cães. Embora sua patogenicidade isolada seja incerta, o vírus atua como cofator relevante em doenças gastroentéricas. A diversidade genética, o potencial de recombinação e a circulação em animais silvestres reforçam a necessidade de vigilância molecular e epidemiológica no Brasil.

Referências

Anderson A, Hartmann K, Leutenegger CM, Proksch AL, Mueller RS, Unterer S. Vet Rec. 180:542, 2017.
Canuti M, King AVL, Franzo G, Cluff HD, Larsen LE, Fenton H, Dufour SC, Lang AS. Peer Community J. 4:e73, 2024.
Cao L, Zhao J, Xu F, Huang Y, Shi Y, Ma Y, Xie Q, Zhu J, Chen W, Xie W, Liu Y. Front Vet Sci. 11:1435827, 2024.
Cruz TF, Cibulski SP, Borges IA, Puhl DE, da Silva MS, Fighera RA, Driemeier D, Mayer FQ, Roehe PM. Ciênc Rural. 50:20190909, 2020.
Decaro N, Martella V, Desario C, Lanave G, Circella E, Cavalli A, Elia G, Camero M, Buonavoglia C. PLoS One. 9:105909, 2014.
Dowgier G, Lorusso E, Decaro N, Desario C, Mari V, Lucente MS, Lanave G, Buonavoglia C, Elia G. Vet Microbiol. 204:54-58, 2017.
Franzo G, Tucciarone CM, Drigo M, Cecchinato M, Martini M, Mondin A, Menandro ML. Pathogens. 10:1002, 2021.
Kotsias F, Nuñez DA, Vila Roza MV, Tecilla M, Tomás G, Olagüe C, Konig G, Capozzo AV, Capellino F, Galosi CM. PLoS One. 14:0218735, 2019.
Li L, Kapoor A, Slikas B, Bamidele OS, Wang C, Shaukat S, Masroor MA, Wilson ML, Ndjango JB, Peeters M, Gross-Camp ND, Muller MN, Hahn BH, Wolfe ND, Triki H, Bartkus J, Zaidi SZ, Delwart E. Emerg Infect Dis. 19:534-541, 2013.
Liu Y, Xu Z, Bai J, Zhang H, Li Y, Wei C, Yang H, Jiang C, Jiang H, Guo L. BMC Vet Res. 20:4186, 2024.
Mortari APG, Aguiar DM, de Souza Ramos DG, Rodrigues MV, Saraiva GL, Watanabe TTN, Guedes RL, Headley SA. Braz J Microbiol. 53:2315-2320, 2022.
Silva DF, Ciola M, Lopes VO, Matias DRM, Oliveira TS, Castro AMMG. Front Vet Sci. 12:1535650, 2025.
Tuong NM, Quang TH, Van Cuong N, Quang PH, Hien BT, Hoang TN, Hoa TT, Thong NV, Hang PT, Quynh L, Carrique-Mas J, Bryant JE, Choisy M, Wertheim HF, Rabaa MA. Vet Q. 41:232-241, 2021.
Wang L, Li C, Sun C, Jia X, Li J, Xu T, Huang J, Li H, Cheng S. Arch Virol. 166:2235-2247, 2021.
Weber MN, Cibulski SP, Silva MS, Puhl DE, Mósena AC, Budaszewski RF, Mayer FQ, Silveira S, Minozzo JC, Lima Feoli E, Canal CW. Virology. 525:192-199, 2018.