



ÁREA TEMÁTICA: Evolución viral

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.699>

ACV-2025-003

Análisis filogenético del virus de la rabia en mamíferos domésticos y silvestres del Estado de São Paulo (Brasil)

DIANA CAROLINA MARTÍNEZ MARTÍNEZ¹, NELSON FERNANDO SANTANA CLAVIJO¹,
GUIDO ALBERTO KÖNIG^{2,3}, PAULO EDUARDO BRANDÃO², BÁRBARA A. RIBEIRO PILÃO⁴

¹ Universidad de Ciencias Aplicadas e Ambientales (UDCA), Programa de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agrarias, Bogotá (Colombia).

² Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP 05508-270 (Brasil).

³ Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABI-Mo), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigación Científica y Técnica (CONICET), Hurlingham, Buenos Aires (Argentina).

⁴ Centro de Reabilitação de Animais Silvestres - CRAS Núcleo da Floresta São Roque, SP. (Brasil).

Correspondencia: Nelson Fernando Santana Clavijo. nsantana@udca.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus de la rabia (RABV) es una zoonosis letal con un impacto significativo en la salud pública y veterinaria. En Brasil, los murciélagos, especialmente *Desmodus rotundus*, son los principales reservorios en zonas rurales.

Métodos: Este estudio analizó cuatro muestras de *Capra hircus* (2), *Equus caballus* (1) y *Tapirus terrestris* (1), lo cual confirmó la presencia del virus mediante inmunofluorescencia directa (DIF) y RT-PCR, que amplificó un fragmento de 264 pb del gen de la nucleoproteína.

Resultados: El análisis filogenético identificó tres clados principales. Las muestras se agruparon en el Grupo A, con secuencias de *Desmodus rotundus*, *Artibeus lituratus* y *Eptesicus furinalis*, asociadas con la variante AgV3 (bootstrap >90%) y muestras de perros infectados. El clado B incluyó aislamientos históricos de perros con AgV2, actualmente erradicado en Brasil. El clado C agrupó primates (*Callithrix jacchus*) y casos humanos en Ceará. El alineamiento de nucleoproteínas mostró regiones conservadas y variaciones en la región intergénica N-P.

Conclusiones: Los resultados confirman que los murciélagos siguen siendo los principales reservorios del virus de la rabia en São Paulo, siendo el AgV3 la variante predominante, lo que resalta la necesidad de una vigilancia epidemiológica continua.

Palabras clave: virus de la rabia, zoonosis, diagnóstico molecular, murciélagos, filogenética, RT-PCR.