

DOI: <https://doi.org/10.56124/allpa.v9i17.0145>

Prevalencia del Virus Distemper canino en perros (*Canis lupus familiaris*)

Prevalence of Canine Distemper Virus in Dogs (*Canis lupus familiaris*)

Ibarra-Mendoza Maholy Fernanda ¹; Triviño-Vera Melissa Nemisis ²;
Campozano-Marcillo Gustavo Adolfo ³

¹ Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López. Calceta, Ecuador.
Correo: maholy.ibarra.41@espam.edu.ec. ORCID ID: <https://orcid.org/0009-0000-8047-1096>.

² Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López. Calceta, Ecuador.
Correo: melissa.trivino.41@espam.edu.ec. ORCID ID: <https://orcid.org/0009-0005-1982-5891>.

³ Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López. Calceta, Ecuador.
Correo: gustavo.campozano@espam.edu.ec. ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-8969-2856>.

Resumen

Este estudio tuvo como objetivo analizar fuentes primarias de investigaciones para la construcción de una revisión bibliográfica sobre la prevalencia del virus del Distemper Canino (VDC) en perros domésticos (*Canis lupus familiaris*), mediante una revisión narrativa de fuentes primarias publicadas entre 2014 y 2024. La metodología empleada fue un enfoque cualitativo de tipo documental, que incluyó la búsqueda en bases de datos científicas como Scopus, Google Académico, SciELO y Redalyc, entre otras. Los estudios seleccionados fueron sometidos a análisis crítico, categorización y síntesis interpretativa para construir una visión comprensiva del estado actual del conocimiento, priorizando investigaciones relevantes y metodológicamente válidas. El diseño del estudio fue una revisión narrativa, que permitió integrar y analizar de manera histórica, molecular y epidemiológica los hallazgos relevantes en diferentes regiones. Los principales resultados revelaron una prevalencia variable del virus, que oscila desde un 0,9 % en áreas urbanas hasta más del 25 % en poblaciones silvestres, dependiendo de factores ecológicos y de cobertura vacunal. Además, estudios filogenéticos indican que el VDC emergió en América del Sur en el siglo XVI y posteriormente se expandió a Europa, mostrando adaptaciones evolutivas a diferentes hospedadores y ecosistemas. La circulación bidireccional entre fauna silvestre y perros domésticos refuerza la importancia de estrategias integradas de vigilancia, vacunación y conservación ecológica. En conclusión, el virus del distemper canino representa una amenaza persistente a nivel global, cuya prevención requiere de enfoques multidisciplinarios que consideren aspectos epidemiológicos, ecológicos y genéticos, para reducir su impacto en la salud animal y la biodiversidad.

Palabras clave: Virus, epidemiología, vacunación, salud animal, zoonosis.

Abstract

This study aimed to analyze primary research sources for the construction of a bibliographic review on the prevalence of Canine Distemper Virus (CDV) in domestic dogs (*Canis lupus familiaris*), through a narrative review of primary sources published between 2014 and 2024. The methodology employed was a qualitative, documentary-based approach, including searches in scientific databases such as Scopus, Google Scholar, SciELO, and Redalyc, among others. The selected studies underwent critical analysis, categorization, and interpretative synthesis to build a comprehensive understanding of the current state of knowledge, prioritizing relevant and methodologically robust research. The study design was a narrative review, allowing for the integration and analysis of historical, molecular, and epidemiological findings across different regions. The main results revealed variable prevalence rates of the virus, ranging from 0.9% in urban areas to over 25% in wild populations, depending on ecological factors and vaccination coverage. Furthermore, phylogenetic studies indicate that CDV emerged in South America in the 16th century and

90

Fecha de recepción: 07 de octubre de 2025; **Fecha de aceptación:** 15 de diciembre de 2025; **Fecha de publicación:** 09 de enero del 2026.



later spread to Europe, exhibiting evolutionary adaptations to various hosts and ecosystems. The bidirectional circulation between wildlife and domestic dogs underscores the importance of integrated strategies for surveillance, vaccination, and ecological conservation. In conclusion, the Canine Distemper Virus represents a persistent global threat whose prevention requires multidisciplinary approaches that consider epidemiological, ecological, and genetic factors to mitigate its impact on animal health and biodiversity.

Keywords: Virus, epidemiology, vaccination, animal health, zoonosis.

1. Introducción

El perro doméstico (*Canis lupus familiaris*) es el animal de compañía más común que se puede encontrar en la mayoría de los hogares, la crianza de estas mascotas está siendo regulada en los distritos, desde el punto de vista de la salud pública, así como la tenencia responsable, velando por la sanidad de las mascotas y de las personas, debido a diversos factores, los canes no están exentos a padecer diversas enfermedades, presentándose tanto de índole infeccioso como no infeccioso (Mendoza, 2024).

Varios brotes de enfermedades han afectado a carnívoros en todo el mundo, involucrando varios patógenos multihuésped transportados por perros domésticos (*Canis lupus familiaris*), como el virus del moquillo canino (CDV) (Hernández et al., 2023). Este virus, recientemente renombrado como Morbillivirus canino, es considerado

como uno de los más contagiosos de la familia Paramixoviridae por su alto poder de transmisión (Quintero-Gil et al., 2019).

Inicialmente fue reportado como un patógeno infectocontagioso viral que afectaba exclusivamente a los perros, a pesar de los avances en vacunación y manejo clínico, esta enfermedad sigue siendo una preocupación significativa para la salud canina, especialmente dado que la inmunidad postvacunal no siempre es absoluta y algunos animales vacunados pueden contraer la enfermedad (Becerra y Herrera, 2024). En los perros afectados, se sabe que el CDV causa una gran variedad de signos clínicos, dependiendo principalmente de la edad y el estado inmunológico del huésped, así como de la cepa del virus, la infección puede conducir a cursos de enfermedad abortivos, clínicos o subclínicos (Lempp et al., 2014).

A lo largo de los años se han realizado diversos estudios retrospectivos e investigaciones sobre el comportamiento del (VDC) y las diferentes posibilidades de tratamiento ya que hoy en día aún no se ha establecido un tratamiento definitivo, existen estudios recientes en los cuales se evalúa la efectividad de ciertos fármacos, el origen del virus tuvo un comportamiento pandémico durante el periodo de la colonización en América del Sur (Ortegón, 2023). El virus está ampliamente distribuido en todos los continentes excepto la Antártida y tiene un amplio rango de hospedadores entre los carnívoros terrestres, desde el punto de vista de salud pública, se cree que, aunque algunos estudios han demostrado que dicho virus ha tenido lugar en la enfermedad ósea de Paget (Pekkarinen et al., 2023).

Esta patología es viral multisistémica, altamente contagiosa, complicada por infecciones bacterianas secundarias, que afecta a caninos y otros, el VDC es una de las enfermedades virales más conocida y su vez temida, dado a su alto grado de infección, mortalidad y de difícil tratamiento, por lo cual la vacunación es de vital importancia (Beltrán, 2022).

Debido a la similitud de los signos clínicos de la peste canina con los signos de otras enfermedades que afectan a los perros, es difícil hacer un diagnóstico clínico de la infección y no es fácil distinguirla, porque necesitábamos un examen cuidadoso si la enfermedad se presentaba en sus primeras etapas o en cualquier etapa de la enfermedad (Mansour y Hasso, 2023).

Sykes y Vandeveld, (2021) manifiestan que, el virus pertenece a la familia Paramyxoviridae del género Morbillivirus, la infección en perros puede dar paso a una enfermedad multisistémica severa, que afecta el tracto gastrointestinal, respiratorio y el sistema neurológico. La replicación viral produce destrucción celular que clínicamente se traduce en vómitos, diarrea, bronquitis, neumonía, dermatitis y alteraciones en el comportamiento, incluyendo manifestaciones neurológicas como: mioclonos, espasmos, parálisis, hiperestesia cutánea y convulsiones, consecuentemente no existe un tratamiento antiviral efectivo, es inespecífico y paliativo, las medidas terapéuticas son sintomáticas y de sostén dirigidas a limitar la invasión

bacteriana secundaria mediante la utilización de antibióticos de amplio espectro, apoyando el equilibrio de líquidos y en caso de problemas respiratorios, expectorantes y broncodilatadores (Rebollar-Zamorano et al., 2020).

La transmisión del virus puede darse por el contacto con las heces, la orina, mucosas y/o vía aérea, lo cual puede generar altas tasas de morbilidad y mortalidad, con afección multisistémica en los animales infectados (Ludlow et al., 2014). Igualmente se reporta que los animales contagiados con este virus pueden resultar con graves secuelas como la pérdida de funcionalidad pulmonar, convulsiones, depresión, mialgias, pérdida del equilibrio y coordinación, así como otras secuelas irreparables y permanentes en el sistema nervioso, y en muchos casos, la muerte, del mismo modo los animales que sufren una infección pueden recuperarse quedando como reservorios persistentemente infectados y transmitir el VDC a animales susceptibles (Rendon-Marin et al., 2021).

Martínez, (2018) señala que las enfermedades infecciosas que afectan a la población canina son de gran

importancia en la práctica clínica diaria, esto por la frecuencia en la que se presentan y por la severidad de los cuadros clínicos que producen. Una de las enfermedades más comunes y de mayor importancia a nivel global es el Distemper canino o moquillo ya que este es responsable de altas tasas de morbilidad y mortalidad de perros y animales salvajes alrededor del mundo, convirtiéndose en un problema de salud pública de alto interés veterinario, antes la falta de información que se tiene acerca del impacto tiene este virus sobre la población de caninos domésticos (Riascos, 2019).

La presente investigación tuvo por objetivo analizar fuentes primarias de investigaciones para la construcción de una revisión bibliográfica sobre la prevalencia del virus del Distemper canino (VDC) en perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) y su repercusión en la salud animal.

2. Metodología (materiales y métodos)

La presente investigación se enmarcó dentro de un diseño cualitativo de tipo documental, sustentado en una revisión narrativa de carácter exploratorio y analítico. Para la localización y selección

de las fuentes bibliográficas se emplearon diversas bases de datos científicas y académicas de acceso abierto y restringido, tales como Scopus, Google Académico, Semantic Scholar, Redalyc, SciELO, la Biblioteca Virtual e-Libro y Elicit. La búsqueda se realizó utilizando combinaciones de descriptores y ecuaciones de búsqueda relacionados con las variables de estudio: "prevalencia", "Distemper canino", "*Canis lupus familiaris*", "virus", y "factores de riesgo". Estos términos permitieron identificar publicaciones pertinentes sobre la prevalencia del virus del Distemper canino y su repercusión en la salud animal.

2.1. Búsqueda bibliográfica

La estrategia de búsqueda se estructuró mediante el uso de palabras clave y descriptores controlados, combinados con operadores booleanos (AND, OR), tanto en español como en inglés. Entre los términos utilizados se incluyeron: "distemper canino", "virus del distemper canino", "canine distemper virus", "CDV", "prevalencia", "seroprevalencia", "epidemiología" y "*Canis lupus familiaris*". Estas palabras clave se emplearon en diferentes combinaciones para maximizar la recuperación de

estudios relevantes relacionados con la distribución y frecuencia de la infección.

La búsqueda se limitó principalmente a publicaciones realizadas durante los últimos 10 a 15 años, con el fin de recopilar información actualizada sobre la situación epidemiológica del distemper canino; no obstante, se incluyeron estudios previos considerados de relevancia histórica o epidemiológica cuando aportaron información esencial para la comprensión de la enfermedad. Se consideraron artículos publicados en los idiomas español, inglés y portugués, sin restricción geográfica, priorizando aquellos realizados en regiones con características epidemiológicas comparables.

Posteriormente, los resultados obtenidos fueron sometidos a un proceso de selección y depuración, que incluyó la revisión de títulos y resúmenes para verificar su pertinencia con el tema de estudio. Los artículos potencialmente elegibles fueron evaluados en texto completo, aplicando los criterios de inclusión y exclusión previamente establecidos. Finalmente, la información seleccionada fue organizada y analizada de manera descriptiva y comparativa,

(siete artículos) permitiendo una síntesis narrativa de la evidencia científica disponible sobre la prevalencia del virus del distemper canino en perros.

2.2. Criterios de inclusión

Para la presente revisión bibliográfica narrativa se establecieron como criterios de inclusión artículos científicos originales, revisiones sistemáticas y narrativas, metaanálisis, así como informes técnicos y documentos oficiales emitidos por organismos reconocidos en sanidad animal y salud pública veterinaria, tales como la Organización Mundial de Sanidad Animal (WOAH), la Organización Mundial de la Salud (OMS) y asociaciones veterinarias especializadas. Se incluyeron estudios que abordaran la prevalencia, seroprevalencia o frecuencia de infección del virus del distemper canino (CDV) en perros domésticos (*Canis lupus familiaris*), sin restricción de edad, sexo, raza o estado fisiológico, realizados en contextos urbanos, periurbanos o rurales.

Asimismo, se consideraron investigaciones de diseño observacional, descriptivo o epidemiológico que reportaran datos cuantitativos relacionados con la presencia del CDV,

incluyendo estudios de vigilancia sanitaria. Se incluyeron trabajos que emplearan métodos diagnósticos reconocidos y validados, tales como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), pruebas serológicas (ELISA, inmunofluorescencia indirecta), pruebas rápidas de antígeno, aislamiento viral o diagnóstico histopatológico. Se priorizaron publicaciones realizadas durante los últimos 10 a 15 años, aunque se incluyeron estudios clásicos de relevancia epidemiológica cuando aportaron información fundamental para la comprensión de la distribución y el comportamiento del virus. Se consideraron publicaciones en los idiomas español, inglés y portugués, provenientes de diferentes regiones geográficas, especialmente aquellas con condiciones epidemiológicas comparables.

2.3. Criterios de exclusión

Por otro lado, se establecieron como criterios de exclusión estudios realizados exclusivamente en especies distintas a los perros, como carnívoros silvestres u otras especies domésticas, cuando no aportaron información directamente aplicable a la población canina. También se excluyeron investigaciones centradas

en otros agentes virales distintos al virus del distemper canino, así como estudios que no reportaran datos específicos de prevalencia o que presentaran resultados exclusivamente cualitativos sin respaldo cuantitativo.

Finalmente, no se incluyeron tesis no publicadas, resúmenes de congresos sin acceso al texto completo, artículos de opinión, reportes de casos clínicos aislados, cartas al editor ni documentos carentes de respaldo científico. Asimismo, se excluyeron publicaciones duplicadas y estudios con limitaciones metodológicas evidentes, tales como la ausencia de descripción del tamaño muestral, de los métodos diagnósticos utilizados o de los procedimientos de análisis de datos, así como aquellos cuyo texto completo no estuvo disponible para su evaluación crítica, con el propósito de garantizar la calidad, validez y confiabilidad de la evidencia analizada en la presente revisión.

3. Resultados y discusión

La prevalencia del virus del Distemper Canino (VDC) varía ampliamente entre regiones y especies, dependiendo de factores ecológicos, geográficos y de manejo animal. En el departamento de

Risaralda, Colombia, Riascos (2019) realizó un estudio observacional retrospectivo con el propósito de determinar la circulación del VDC en perros domésticos (*Canis lupus familiaris*). Esta región se caracteriza por un clima templado-húmedo y relieve montañoso, condiciones que favorecen la persistencia de agentes virales. Se analizaron 223 muestras biológicas mediante la prueba inmunocromatográfica Anigen Rapid CDV Ag®, conservadas a 4 °C hasta su procesamiento. Los resultados evidenciaron una prevalencia del 14,35 %, sin asociación estadísticamente significativa con el sexo, edad o procedencia de los animales.

Estos datos confirman la circulación del virus en zonas urbanas con cobertura vacunal insuficiente, similar a lo reportado por Rebollar-Zamorano et al. (2020) en México, quienes identificaron una prevalencia del 0,9 %. La comparación entre ambos estudios revela que la diferencia puede atribuirse a factores climáticos y al nivel de inmunización poblacional. Así, Riascos (2019) concluye que el control del VDC depende directamente de la cobertura

vacunal y de estrategias de vigilancia epidemiológica sostenidas.

Por su parte, Arbabi et al. (2022) desarrollaron un estudio experimental en Irán, país con clima árido-continental, con el objetivo de evaluar la eficacia del suero vacunal anti-Newcastle (ANDVS) como tratamiento en perros infectados con VDC. Se conformaron siete grupos experimentales, a los cuales se les administraron combinaciones terapéuticas de ANDVS con antibióticos (cotrimoxazol o cefazolina-amikacina). Las muestras biológicas fueron procesadas en condiciones controladas en laboratorio, utilizando RT-PCR para la confirmación del diagnóstico. Los resultados demostraron que el uso exclusivo del suero no promovió la recuperación clínica, mientras que las combinaciones farmacológicas alcanzaron tasas de supervivencia de hasta el 61,5 %.

Asimismo, se observó una alta concordancia entre las pruebas conjuntivas y moleculares, lo que valida la utilidad de los métodos rápidos para diagnóstico clínico. Estos hallazgos complementan los de Rivera-Martínez et al. (2024), quienes subrayan la importancia de las técnicas moleculares

avanzadas como la RT-qPCR para confirmar casos clínicos y evitar falsos negativos. En conjunto, ambas investigaciones refuerzan la necesidad de protocolos terapéuticos integrados que combinen diagnóstico molecular con estrategias farmacológicas de soporte.

En Asia, Manandhar et al. (2023) llevaron a cabo un estudio molecular en el valle de Katmandú, Nepal, caracterizado por un clima subtropical templado con estaciones bien diferenciadas. Su investigación se centró en la detección de linajes activos del VDC en perros callejeros mediante el uso de RT-PCR y análisis filogenético. Las muestras fueron tomadas de animales sin historial vacunal, conservadas a bajas temperaturas y procesadas en el Laboratorio Central de Veterinaria de Katmandú. Los resultados revelaron la presencia del linaje Asia-5, estrechamente emparentado con cepas originarias de India, lo que sugiere una transmisión transfronteriza. Los autores advirtieron sobre la necesidad de fortalecer la vigilancia genética regional, dado el potencial riesgo para carnívoros silvestres autóctonos.

Estos resultados coinciden con los reportes de Rodríguez-Cabo-Mercado et al. (2020) en México y Centroamérica, quienes también documentaron circulación bidireccional entre perros domésticos y fauna silvestre. Ambas investigaciones evidencian que el VDC actúa como un virus emergente de carácter multihospedador, capaz de adaptarse y propagarse más allá de las fronteras geográficas tradicionales.

En México, Rivera-Martínez et al. (2024) realizaron una revisión narrativa exhaustiva sobre la mutación y epidemiología molecular del VDC. El análisis incluyó datos provenientes de estudios clínicos y genómicos, los cuales demostraron que las mutaciones en la proteína H del virus son determinantes en su capacidad para infectar distintos hospedadores y evadir la respuesta inmune. Los autores recomiendan la implementación de herramientas diagnósticas basadas en RT-qPCR y secuenciación genómica, para monitorear la aparición de variantes emergentes.

Este enfoque concuerda con los hallazgos de Manandhar et al. (2023) y Rodríguez-Cabo-Mercado et al. (2020), quienes también destacan la relevancia

de la vigilancia molecular para prevenir la expansión intercontinental del virus. Rivera-Martínez et al. (2024) concluyen que la diversidad genética del VDC refleja adaptaciones evolutivas derivadas de su interacción constante con múltiples especies, reforzando la necesidad de estudios longitudinales y cooperativos.

Rodríguez-Cabo-Mercado et al. (2020) desarrollaron un estudio epidemiológico y molecular en prociénidos neotropicales —coatíes (*Nasua narica*) y mapaches (*Procyon lotor*)— que habitan en regiones selváticas de clima cálido-húmedo en México y Centroamérica. Las muestras fueron recolectadas mediante técnicas de captura no invasiva, conservadas en nitrógeno líquido y analizadas con pruebas de seroneutralización, RT-PCR e inmunofluorescencia directa. Los resultados revelaron prevalencias del 19,6 % y 25,3 % por serología, y del 13,3 % y 17,3 % por RT-PCR, respectivamente. La secuenciación genética indicó una estrecha relación con linajes virales asiáticos y europeos, lo que sugiere introducciones múltiples del virus a través del comercio o la migración de animales. Este estudio reafirma la

hipótesis de Loots et al. (2017) sobre el carácter multihospedador del VDC y su capacidad para persistir en ecosistemas con alta diversidad biológica, actuando como puente epidemiológico entre fauna silvestre y doméstica.

Loots et al. (2017) realizaron una revisión global sobre la patogénesis del VDC en carnívoros salvajes, con énfasis en brotes registrados en parques naturales de África (Serengeti) y Asia (Gir). Su análisis integró información clínica, necropsias y estudios de laboratorio (RT-PCR, inmunohistoquímica y serología), determinando que el VDC es responsable de brotes epidémicos con elevada mortalidad en especies amenazadas como los leones (*Panthera leo*) y perros salvajes africanos (*Lycaon pictus*).

Los autores destacaron que los receptores celulares SLAM y nectina-4 juegan un papel esencial en la transmisión interespecífica, lo cual coincide con los hallazgos moleculares de Rodríguez-Cabo-Mercado et al. (2020) y Manandhar et al. (2023). En conjunto, los estudios apuntan a que la variabilidad en estos receptores condiciona la susceptibilidad de distintas

especies, constituyendo una base para entender la dinámica evolutiva del virus.

Por otro lado, Uhl et al. (2019) realizaron un estudio interdisciplinario en el sitio arqueológico Weyanoke Old Town, en Virginia (EE. UU.), empleando análisis filogenéticos bayesianos sobre restos óseos de 96 perros precolombinos. El entorno presenta un clima templado húmedo, y los resultados revelaron que el VDC emergió en América del Sur a raíz de las epidemias de sarampión humano en el siglo XVI, expandiéndose luego hacia Europa. Este hallazgo respalda la hipótesis de que el VDC y los morbilivirus humanos comparten un origen común, resultado que complementa las observaciones evolutivas de Loots et al. (2017). El estudio de Uhl et al. (2019) también refuerza el enfoque "One Health", al demostrar la interconexión entre la salud humana y animal a lo largo de la historia epidemiológica.

Finalmente, Rebollar-Zamorano et al. (2020) efectuaron un estudio epidemiológico retrospectivo en Pachuca de Soto, Hidalgo (México), una zona de clima templado-frío con altitudes superiores a los 2.000 m s. n. m. Se analizaron 7.280 registros clínicos de caninos atendidos entre 2017 y 2018,

confirmándose 65 casos positivos (0,9 %) mediante diagnóstico clínico y pruebas inmunocromatográficas. Los autores determinaron que los cachorros menores de seis meses (62 %) y los perros no vacunados (61 %) fueron los más afectados, observándose un aumento de casos durante el invierno. Estos hallazgos concuerdan con Riascos (2019), al confirmar que la edad y la falta de vacunación son factores determinantes en la aparición del VDC. Asimismo, resaltan la importancia de la estacionalidad en la epidemiología del virus, que podría favorecer su transmisión en climas fríos o húmedos.

En síntesis, los ocho estudios analizados —Riascos (2019); Rebollar-Zamorano et al. (2020); Arbabi et al. (2022); Manandhar et al. (2023); Rodríguez-Cabo-Mercado et al. (2020); Rivera-Martínez et al. (2024); Loots et al. (2017); y Uhl et al. (2019)— evidencian que el VDC continúa siendo una amenaza global para la salud animal. Las tasas de prevalencia oscilan entre 0,9 % y más del 25 %, dependiendo de las condiciones ecológicas, el nivel de inmunización y la especie hospedadora. Los hallazgos convergen en la necesidad de implementar estrategias de control

basadas en vacunación masiva, vigilancia molecular y conservación ambiental, bajo el paradigma de salud integral “One Health”. De esta manera, se confirma que el VDC no solo afecta a los perros domésticos, sino que también compromete la biodiversidad y la estabilidad ecológica de múltiples ecosistemas.

4. Conclusiones

A partir del análisis exhaustivo de fuentes primarias seleccionadas, se concluye que el virus del Distemper Canino (VDC) presenta una prevalencia variable pero persistente en poblaciones de perros domésticos a nivel global, con tasas que oscilan desde bajas prevalencias en zonas urbanas hasta elevados índices en contextos de fauna silvestre y comunidades con baja cobertura vacunal. Esta variabilidad responde a factores epidemiológicos, demográficos y ambientales específicos de cada región estudiada.

Asimismo, se identifica que la repercusión del VDC en la salud animal es significativa debido a su alta morbilidad, mortalidad y capacidad para afectar múltiples sistemas orgánicos, lo que genera un impacto clínico severo en

perros domésticos y representa una amenaza para la conservación de especies silvestres susceptibles. La enfermedad se agrava ante la ausencia o insuficiencia de programas de vacunación efectivos, lo que reafirma la necesidad de estrategias preventivas prioritarias en salud pública veterinaria.

El análisis filogenético y molecular de las variantes del VDC refuerza la comprensión de su evolución, distribución y dinámica de transmisión, evidenciando linajes regionales y movimientos virales que conectan poblaciones animales y ambientes distintos. Estos hallazgos son fundamentales para el diseño de diagnósticos más precisos, programas de control focalizados y para anticipar futuras amenazas epidemiológicas.

Bibliografía

- Arbabi, M., Sarchahi, A. A., & Mohebalian, H. (2022). Evaluation of the anti-Newcastle disease vaccine serum on dogs with canine distemper. *Veterinaria México OA*, 9. <https://doi.org/10.22201/fmvz.24486760e.2022.1044>
- Becerra Amurrio, A., y Herrera Cossio, C. V. (2024). Eficiencia diagnóstica en distemper canino: Evaluación comparativa de tres técnicas en la Veterinaria de Guadalupe. *Revista Científica De Veterinaria Y Zootecnia UNITEPC*, 3(1), 7–12. <https://doi.org/10.36716/unitepc.v3i1.1.56>
- Beltrán Jiménez, D. A. (2022). Importancia clínica del distemper canino: una revisión. <https://repository.ucc.edu.co/server/api/core/bitstreams/0a4c30d2-dbb9-4d2a-8208-1761fd1ab5a0/content>
- Flores Jácome, A. M. (2024). Medición seriada de los niveles de lactato como marcador de la respuesta terapéutica y mortalidad en caninos (*Canis lupus familiaris*) con cuadros de parvovirus. Disponible en: <https://repositorio.uta.edu.ec/handle/123456789/41306>
- Herbozo Rubio, A. C., & Sylva Morán, L. M. (2021). Prevalencia de Distemper canino en *Canis lupus familiaris* que asisten a consulta en la Clínica Veterinaria Zamora en el sur de la ciudad de Guayaquil. Disponible en: <http://repositorio.ucsg.edu.ec/handle/3317/16145>
- Hernández, F. A., Surot, D., Vallverdú, A., Cueva, M., Aguirre, I. M., Mancilla, E. A., & Acosta-Jamett, G. (2023). Serosurvey of canine distemper virus in culpeo (*Lycalopex culpaeus*) and chilla (*Lycalopex griseus*) foxes of the

- Araucanía region, Chile. Austral journal of veterinary sciences, 55(2), 142-146. <https://dx.doi.org/10.4067/S0719-81322023000200142>
- Jácome-Cortés, A. M. (2023). Caracterización de Enfermedades Infecciosas en *Canis lupus familiaris* en la Clínica Veterinaria Vet Center en el año 2023. Disponible en: <https://repositorio.udes.edu.co/handle/001/9764>
- Lempp C, Spitzbarth I, Puff C, Cana A, Kegler K, Techangamsuwan S, Baumgärtner W, Seehusen F. New aspects of the pathogenesis of canine distemper leukoencephalitis. Viruses. 2014 Jul 2;6(7):2571-601. doi: 10.3390/v6072571. PMID: 24992230; PMCID: PMC4113784. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4113784/>
- Loots, A. K., Mitchell, E., Dalton, D. L., Kotzé, A., & Venter, E. H. (2017). Advances in canine distemper virus pathogenesis research: a wildlife perspective. Journal of general virology, 98(3), 311-321. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.000666>
- Ludlow, M., Rennick, L. J., Nambulli, S., de Swart, R. L., & Paul Duprex, W. (2014). Using the ferret model to study morbillivirus entry, spread, transmission and cross-species infection. Current Opinion in Virology, 4, 15-23. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1879625713001983>
- Manandhar, P., Napit, R., Pradhan, SM et al. Caracterización filogenética del virus del moquillo canino en perros callejeros del valle de Katmandú. Virol J 20, 117 (2023). <https://doi.org/10.1186/s12985-023-02071-6>
- Mansour, KA y Hasso, SA (2023). Detección molecular del virus del moquillo canino mediante RT-QPCR de un solo paso en perros domésticos en Irak. 2.ª conferencia internacional sobre técnicas y aplicaciones matemáticas: icmta2021. <https://www.semanticscholar.org/paper/Molecular-detection-of-canine-distemper-virus-using-Mansour-Hasso/580c1c9ffb6f3d4606682b41dd198ee8e7fe1563>
- Martínez, R. (2018). Distemper canino. <https://repositorioinstitucional.uabc.mx/entities/publication/fbcc2c84-4c72-4c66-8e0a-ea5d71a8dd5c>
- Mendoza, K. K. G. (2024). Frecuencia de distemper canino en un centro veterinario del distrito de Santa Anita durante el año 2022. <https://repositorio.urp.edu.pe/entities/publication/13b1d26d-821f-4e1a-8218-60674cfe5e2c>

- Ortegon Cortes, J. (2023). Actualización en el diagnóstico y tratamiento para el virus del distemper canino. Universidad Cooperativa de Colombia, Facultad de Ciencias de la Salud, Medicina Veterinaria y Zootecnia, Ibagué. <https://hdl.handle.net/20.500.12494/51363>
- Oviedo Centeno, Y. N. (2021). Diferenciación de cepas de campo y vacunales del virus del Distemper canino en perros infectados naturalmente. Disponible en: <https://hdl.handle.net/20.500.12672/17152>
- Pekkarinen, HM, Karkamo, V., Vainio-Siukola, KJ, Hautaniemi, M., Kinnunen, PM, Gadd, TK y Holopainen, RH (2023). Enfermedad similar al moquillo posvacunal en dos camadas de perros con infección confirmada de la cepa del virus de la vacuna. Inmunología comparada, microbiología y enfermedades infecciosas, 105, 102114. <https://www.semanticscholar.org/paper/Post-vaccinal-distemper-like-disease-in-two-dog-of-Pekkarinen-Karkamo/e1ee00ac7d8c356470b0fbdf5fa5ca25e6b4bc37>
- Quintero-Gil, C., Rendón-Marín, S., Martínez-Gutiérrez, M., y Ruiz-Sáenz, J. (2019). Origen del virus del moquillo canino: consolidación de la evidencia para comprender las posibles zoonosis. Fronteras de la Microbiología, 10, 1982. <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2019.01982/full>
- Rebollar-Zamorano, M., Morales-Ubaldo, A. L., González-Alamilla, E. N., Ángeles-Rodríguez, A., Valladares-Carranza, B., Velásquez-Ordoñez, V., y Zaragoza-Bastida, A. (2020). Análisis epidemiológico retrospectivo de Distemper Canino en la ciudad de Pachuca de Soto, Estado de Hidalgo. Journal of the Selva Andina Animal Science, 7(1), 40-46. <https://portal.amelica.org/ameli/journal/198/1981111006/>
- Rebollar-Zamorano, M., Morales-Ubaldo, A. L., González-Alamilla, E. N., Ángeles-Rodríguez, A., Valladares-Carranza, B., Velásquez-Ordoñez, V., ... & Zaragoza-Bastida, A. (2020). Análisis epidemiológico retrospectivo de Distemper Canino en la ciudad de Pachuca de Soto, Estado de Hidalgo. Journal of the Selva Andina Animal Science, 7(1), 40-46. <https://doi.org/10.36610/j.jsaas.2020.070100040>
- Rendon-Marin, S., Quintero-Gil, C., Guerra, D., Muskus, C., & Ruiz-Saenz, J. (2021). RETRACTED: Canine Morbillivirus from

- Colombian Lineage Exhibits In Silico and In Vitro Potential to Infect Human Cells. *Pathogens*, 10(9), 1199. <https://www.mdpi.com/2076-0817/10/9/1199>
- Riascos, F. A. (2019). Prevalencia del virus del Distemper Canino en perros (*Canis lupus familiaris*) de Risaralda, Colombia. Repositorio De La Universidad Tecnológica De Pereira. <https://repositorio.utp.edu.co/entities/publication/883605c1-def5-4958-98ac-73ae83fdfad1>
- Rivera-Martínez, A., Rodríguez-Alarcón, C. A., Adame-Gallegos, J. R., Laredo-Tiscareño, S. V., de Luna-Santillana, E. d. J., Hernández-Triana, L. M., & Garza-Hernández, J. A. (2024). Canine Distemper Virus: Origins, Mutations, Diagnosis, and Epidemiology in Mexico. *Life*, 14(8), 1002. <https://doi.org/10.3390/life14081002>
- Rodríguez-Cabo-Mercado, R., Martínez-Hernández, F., Aréchiga-Ceballos, N., López-Díaz, O., Muñoz-García, C. I., Aguilar-Setién, A., ... & Rendón-Franco, E. (2020). Canine distemper in neotropical procyonids: Molecular evidence, humoral immune response and epidemiology. *Virus Research*, 290, 198164. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2020.198164>
- Siesquén Vilchez, J. S. (2024). Enfoques terapéuticos en perros (*canis lupus familiaris*) con traqueobronquitis infecciosa, en el distrito puente piedra-lima 2023. Disponible en: <https://hdl.handle.net/20.500.12893/12796>
- Sykes, J. E., & Vandevelde, M. (2021). Canine distemper virus infection. In *Greene's Infectious Diseases of the Dog and Cat* (pp. 271-288). WB Saunders. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/B9780323509343000227>
- Uhl, E. W., Kelderhouse, C., Buikstra, J., Blick, J. P., Bolon, B., & Hogan, R. J. (2019). New world origin of canine distemper: Interdisciplinary insights. *International journal of paleopathology*, 24, 266-278. <https://doi.org/10.1016/j.ijpp.2018.12.007>
- Tello Corte, Y. A. (2023). Prevalencia de parvovirus en caninos (*Canis lupus familiaris*) mediante la técnica de ELISA cualitativa (Bachelor's thesis). Disponible en: <https://dspace.ups.edu.ec/handle/123456789/24344>
- Vega Klein, C. A. (2019). Detección de virus distemper canino en carnívoros silvestres en

cautiverio y de vida libre
clínicamente sanos en Chile.
Disponible en:
<https://repositorio.uchile.cl/handle/2250/171121>

Villamizar Monsalve, M. (2019).
Prevalencia de infección de
Alphavirus en Canis lupus
familiaris y Culex sp. de Bocas de
Carare, Santander. Universidad
de los Andes. Disponible en:
<https://hdl.handle.net/1992/45739>