

Avanços em Sanidade, Produção e Reprodução de Suínos VII



SINSUI 2023

15° Simpósio Internacional de Suinocultura
Produção, Reprodução e Sanidade Suína

09 a 11 de maio de 2023 | Centro de Eventos da PUCRS

Editores

Fernando P. Bortolozzo - Ivo Wentz - Ana Paula G. Mellagi - Rafael da Rosa Ulguim - Gabriela P. Zanin - Dalila Mabel Schmidt Tomm - David E. S. N. Barcellos.

Genótipos e diversidade de circovírus suíno tipo 2 (PCV-2) associados à doença clínica em suínos entre 2017-2022 no Brasil

Souza JP^{*1}, Iopi E¹, Cousseau GC¹, Debortoli LH¹, Gava D², Mori AP³, Reis M³ & Silveira S¹

¹Universidade do Oeste de Santa Catarina, Xanxerê, SC, Brasil. ²Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil. ³Inata, Uberlândia, MG, Brasil.

*Autor correspondente: juuparenti@gmail.com

Palavras-chave: síndrome do definhamento multissistêmico, síndrome da nefropatia e dermatite suína, mumificação fetal, genotipagem.

Introdução

A suinocultura mundial vem enfrentando a emergência de muitas doenças virais nos últimos anos, com destaque para o circovírus suíno tipo 2 (PCV-2). O PCV-2 causa infecção em suínos de curso subclínico à fatal, podendo desencadear a síndrome do definhamento multissistêmico (SMD), síndrome da dermatite e nefropatia (PDNS), além de falhas reprodutivas (abortamento, fetos mumificados e natimortos), doença respiratória e quadros entéricos, conjuntamente denominados de doenças associadas ao PCV-2 (PCVD) (2).

O PCV-2 possui genoma circular de DNA, com aproximadamente 1800 pares de base (pb), na qual a ORF2, que apresenta 699pb, codifica a proteína estrutural do capsídeo viral e constitui no principal alvo dos anticorpos neutralizantes. Principalmente a partir da análise da ORF2, oito genótipos (PCV-2a - PCV-2h) estão estabelecidos e associados aos diferentes quadros clínicos, onde os genótipos PCV-2a, PCV-2b e PCV2-d encontram-se mundialmente distribuídos (1).

Apesar do uso de vacinas contra o PCV-2, o vírus continua circulando e causando doença clínica em rebanhos suínos. Desta forma, o conhecimento sobre os genótipos e sobre a diversidade genética dos PCV-2 circulantes no Brasil, é fundamental para desenvolvimento e avaliação de vacinas e de testes de diagnóstico. Portanto, este estudo caracterizou geneticamente isolados de PCV-2 obtidos de suínos com PCVD, em diversos estados brasileiros entre os anos de 2017-2022.

Material e métodos

Amostras de tecidos de suínos previamente diagnosticados com PCV-2 e que apresentaram sinais clínicos sugestivos de PCVD (doença respiratória, SMD, PDNS e fetos mumificados) foram utilizados neste estudo. As amostras foram coletadas em diferentes granjas nos estados de SC, PR, RS, MT, GO e MG entre os anos de 2017-2022 (3). Um total de 60 isolados de PCV-2, previamente testados por PCR, tiveram a ORF2 amplificada, seguido de purificação e quantificação para sequenciamento do DNA, em duplicata, pelo método Sanger (4). A análise filogenética foi realizada a partir dos alinhamentos das sequências de DNA geradas e de isolados de PCV-2 de referência de todos os genótipos, utilizando o programa MEGA 11. Para identificar as regiões variáveis, as sequências de aminoácidos foram alinhadas e analisadas no programa Geneious.

Resultados e discussão

Do total de 60 isolados de PCV-2, 43 isolados foram classificados em PCV-2d e 17 em PCV-2b (tabela 1). Todos os 30 isolados coletados até 2018 foram classificados como PCV-2d e dos 30 isolados coletados de 2019-2022, 17 foram classificados como PCV-2b e 13 como PCV-2d. Desde a sua emergência, no final dos anos 90 até o início dos anos 2000, o PCV-2a foi o genótipo mais prevalente em suínos no mundo. Em seguida, houve uma mudança de predominância, e o PCV-2b começou a ser o genótipo mais detectado. Todavia, a partir de 2015, o PCV-2d vem se tornando o genótipo mais prevalente, e novos genótipos vem sendo descritos, mas com distribuição pontual e baixa prevalência.

Analisando a sequência de aminoácidos dos isolados obtidos neste estudo e comparando com cepas de referência de cada genótipo observou-se que as regiões dos aminoácidos: 53-68, 121-136, 185-191 e 206-217 (figura 1) foram as que mais apresentaram variações, decorrentes de

mutações ocorridas em tais regiões. Essas regiões são conhecidas por serem domínios imunorreativos, ou seja, por serem regiões-alvo da resposta imune do hospedeiro. Portanto, variações nessas regiões podem acarretar em diminuição da eficácia vacinal devido ao comprometimento da reatividade cruzada entre os isolados circulantes a campo e as cepas vacinas.

Conclusão

Neste estudo observou-se uma predominância do PCV-2d, seguida do PCV-2b em amostras de suínos diagnosticados com PCVD entre os anos de 2017-2022, provenientes de vários estados brasileiros. Os isolados brasileiros apresentaram variações em regiões genômicas importantes para a avaliação e desenvolvimento de vacinas (Projeto financiado por FAPESC Nº 27/2021).

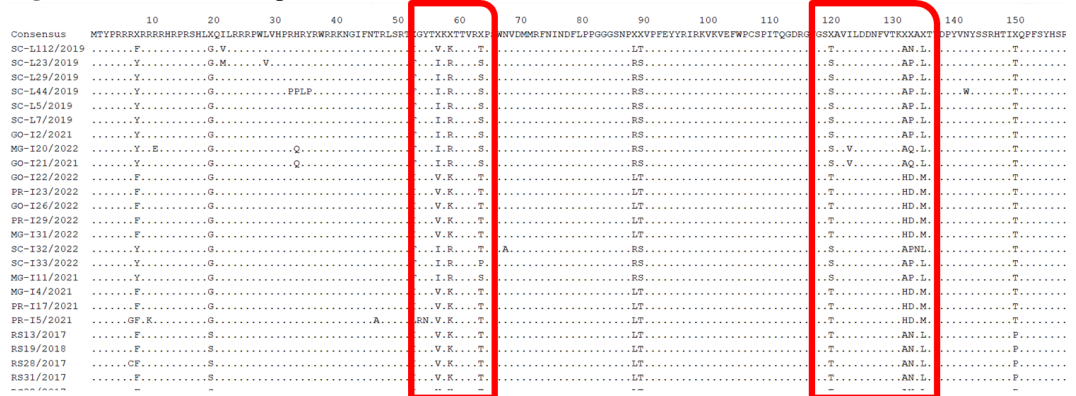
Referências

(1) **Barcellos D., Guedes R.M.C.** Doenças dos Suínos. Porto Alegre: 2022. 1060 p. (2) **Segalés J.** Porcine circovirus type 2 (PCV2) infections: Clinical signs, pathology and laboratory diagnosis. *Virus Research*, v. 164, n. 1–2, p. 10–19, 2012. (3) **Santo A.C.D., Cezario K.C., Bennemann, P.E., et al.** Full-genome sequences of porcine circovirus 3 (PCV3) and high prevalence in mummified fetuses from commercial farms in Brazil. *Microbial Pathogenesis*, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104027>. (4) **Rincón M.M.A., Ramirez-Niet G.C., Vera V.J., et al.** Detecção e caracterização molecular do circovírus suíno tipo 2 em leitões com doenças associadas ao circovírus suíno na Colômbia. *Virol J* 11, 143, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/1743-422X-11-143>

Tabela 1- Genótipos de PCV-2 detectados em suínos com PCVD entre 2017-2022 em cinco estados brasileiros.

Estado Ano/Genótipo	SC		RS		PR		MG		GO		Total
	2b	2d	2b	2d	2b	2d	2b	2d	2b	2d	
2017/2018	-	13	-	17	-	-	-	-	-	-	30
2019/2021/2022	12	3	-	1	-	4	2	3	3	2	30
Total	12	16	-	18	-	4	2	3	3	2	60

Figura 1 – Alinhamento parcial de aminoácidos (aa) da ORF2 de isolados de PCV-2.



Resíduos de aa iguais estão representados por ponto (.) e resíduos diferentes da sequência consenso pela letra correspondente do aa.