

Monitoramento do Vírus Influenza A em Suínos de Diferentes Sistemas de Produção no Brasil

Monitoring of Influenza A Virus in Pigs from Different Production Systems in Brazil

Caroline Tochetto¹, Giulia Von Tönnemann Pilati², Julia Montes³, Matheus Reis³, Roberta Botta França³, Claiton Schwertz³, Gislaine Fongaro², Rejane Schaefer^{4*}

¹Bolsista da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil; ²Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil; ³INATA – Laudo Laboratório Avícola LTDA, Uberlândia, MG, Brasil; ⁴Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil

*Autor para correspondência: rejane.schaefer@embrapa.br

Introdução

A influenza é endêmica em suínos em vários países, onde circulam principalmente vírus dos subtipos H1N1, H1N2 e H3N2. No entanto, a origem, a antigenicidade e as combinações de genes virais são marcadamente diferentes entre os vírus encontrados na América do Norte, América do Sul, Europa e Ásia. Em meio a tanta diversidade, foi proposto um sistema de nomenclatura global para os vírus H1 e H3, que se baseia na análise filogenética do gene HA (Anderson *et al.*, 2016, 2021). Assim, os vírus influenza A (IAV) de suínos são classificados em três linhagens principais, que surgiram a partir de diferentes introduções de vírus geneticamente e antigenicamente diferentes na população de suínos. Essas linhagens são denominadas 1A (ou clássica, inclui o clado dos vírus H1pdm09), 1B (humana sazonal) e 1C (aviária eurásiana). Cada uma delas contém inúmeros clados e subclados genéticos que evoluíram dentro de regiões geográficas específicas. No Brasil, quatro clados genéticos principais de vírus H1 (1A.3.3.2 [H1pdm09], 1B.2.3, 1B.2.4 e 1B.2.6) e três clados de vírus H3 (1990.5.1, 1990.5.2 e 1990.5.3) já foram identificados (Tochetto *et al.* 2023; Junqueira *et al.* 2023). O objetivo deste estudo foi monitorar granjas de diferentes estados brasileiros a fim de identificar os principais clados genéticos dos vírus H1N1, H1N2 e H3N2 circulantes em dois modelos de sistema de produção intensiva de suínos, em um único sítio ou em múltiplos sítios.

Material e métodos

De fevereiro a dezembro de 2024, foram realizadas coletas mensais de amostras de secreção nasal em suínos de granjas de dois tipos de sistema de produção: múltiplos sítios (4 empresas; A-D) e sítio único (4 empresas, E-H), localizadas na Região Sul, Sudeste e Centro-Oeste no Brasil. Foram amostrados suínos das seguintes idades e categorias: UPL (Unidade Produtora de Leitoes; incluindo leitoas e matrizes com 90 dias de gestação), leitões com 45 dias (45d), 70 dias (70d) e 130 dias (130d). Se durante visitas às granjas entre os períodos de coleta programada fossem identificados suínos com sinais clínicos respiratórios também eram colhidas amostras de secreção nasal e/ou tecido pulmonar. As amostras foram analisadas por RT-PCR para detecção do IAV (Zhang e Harmon, 2014) e submetidas ao isolamento em ovos SPF (Zhang e Gauger, 2014). Os isolados foram sequenciados na plataforma MiSeq (Illumina) e os genomas montados com o IRMA v1.2.0 (Shepard *et al.*, 2016). A classificação dos genes HA foi feita por análise filogenética com sequências representativas de cada clado e sequências de IAVs isolados de humanos e suínos disponíveis no GenBank/NCBI até fevereiro de 2025.

Resultados e discussão

De 1.980 amostras testadas por RT-PCR, 255 (12,9%) foram positivas o IAV e destas, 57 (24,3%) foram isoladas em ovos SPF. A análise filogenética dos vírus H1 revelou a circulação do clado genético H1pdm-C04, já descrito e amplamente disseminado nos rebanhos do país, além de quatro novos clados (NC) genéticos (NC-#1 a NC-#4) dentro da linhagem H1pdm09 (1A.3.3.2), o que sugere que o número de eventos de transmissão do vírus sazonal humano H1N1pdm09 para suínos é ainda maior do que reportado em trabalhos anteriores (Junqueira *et al.*, 2023). Em relação aos subtipos H1N2 e H3N2, foram detectados representantes dos clados H1 1B.2.4 e H3 1990.5.1. Uma representação esquemática de todos clados genéticos identificados em suínos em diferentes empresas e fases de produção é apresentada na Figura 1B. As quatro empresas com produção em múltiplos sítios (A-D), localizadas na região Sul, possuem 1 a 6 UPLs e 4 a 9 granjas de terminação amostradas (Figura 1A). Os vírus da linhagem 1A.3.3.2 (H1pdm09) foram detectados em todas as empresas amostradas, corroborando estudos anteriores que mostraram que essa linhagem está amplamente disseminada na população de suínos do país (Nelson *et al.*, 2015, Junqueira *et al.*, 2023). Além disso, a identificação de potenciais novos clados genéticos reforça o papel da transmissão humano-suíno na ampliação da diversidade genética dos IAVs, tornando ainda mais desafiadores o controle da doença e a seleção de cepas vacinais representativas. Uma grande diversidade de IAVs foi detectada em suínos das empresas A-D, principalmente nas fases de creche e terminação, onde o desafio por IAV é maior,

possivelmente devido à mistura de animais com diferentes origens. Nas empresas E-H foram detectados diferentes clados genéticos dos vírus H1N1pdm (NC#-1 - 4) e H3N2 nas fases de creche (45d) e início da terminação (70d). Em duas UPLs (A e B), houve detecção de um H1N2 em um leitão de 26 dias e um H1N1pdm (H1pdm-C04) em uma leitoa (Figura 1B). É importante ressaltar que, nas empresas com produção em múltiplos sítios as colheitas não foram realizadas sempre na mesma granja, o que pode ter contribuído para a detecção de uma maior diversidade viral.

Conclusões

Este estudo mostrou uma ampla circulação do H1N1pdm (1A.3.3.2) em suínos em todas as empresas amostradas e novos clados genéticos virais foram identificados. Além do H1N1pdm, foram detectadas as linhagens H1 1B.2.4 e H3 1990.5.1. Uma maior diversidade genética dos IAVs foi detectada em suínos de empresas de produção em múltiplos sítios, sendo os leitões de creche e suínos de terminação as fases mais afetadas.

Referências

- Anderson T.K. et al. A Phylogeny-Based Global Nomenclature System and Automated Annotation Tool for H1 Hemagglutinin Genes from Swine Influenza A Viruses. *mSphere*, 1, 2016.
- Anderson, T. K. et al. Swine Influenza A Viruses and the Tangled Relationship with Humans. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine*, 11(3), 2021.
- Junqueira, D.M. et al. Human-to-swine introductions and onward transmission of 2009 H1N1 pandemic influenza viruses in Brazil. *Frontiers in Microbiology*, 14, 2023.
- Nelson M.I. et al. Influenza A Viruses of Human Origin in Swine, Brazil. *Emerg. Infect. Dis.*, 21, 1339–1347, 2015.
- Schaefer R. et al. Isolation and Characterization of a Pandemic H1N1 Influenza Virus in Pigs in Brazil. *Pesq. Vet. Bras.*, 31, 761–767, 2011.
- Shepard, S. S. et al. Viral deep sequencing needs an adaptive approach: IRMA, the iterative refinement meta-assembler. *BMC Genomics*, 17(1), 708, 2016.
- Tochetto, C. et al. Introductions of Human-Origin Seasonal H3N2, H1N2 and Pre-2009 H1N1 Influenza Viruses to Swine in Brazil. *Viruses*, 15(2), 576, 2023.
- Zhang J. & Harmon K.M. RNA extraction from swine samples and detection of influenza A virus in swine by real-time RT-PCR. *Methods Mol. Biol.* 1161:277–293, 2014.
- Zhang J. & Gauger P.C. Isolation of swine influenza virus in cell cultures and embryonated chicken eggs. *Methods Mol. Biol.*, 1161:265–276, 2014.

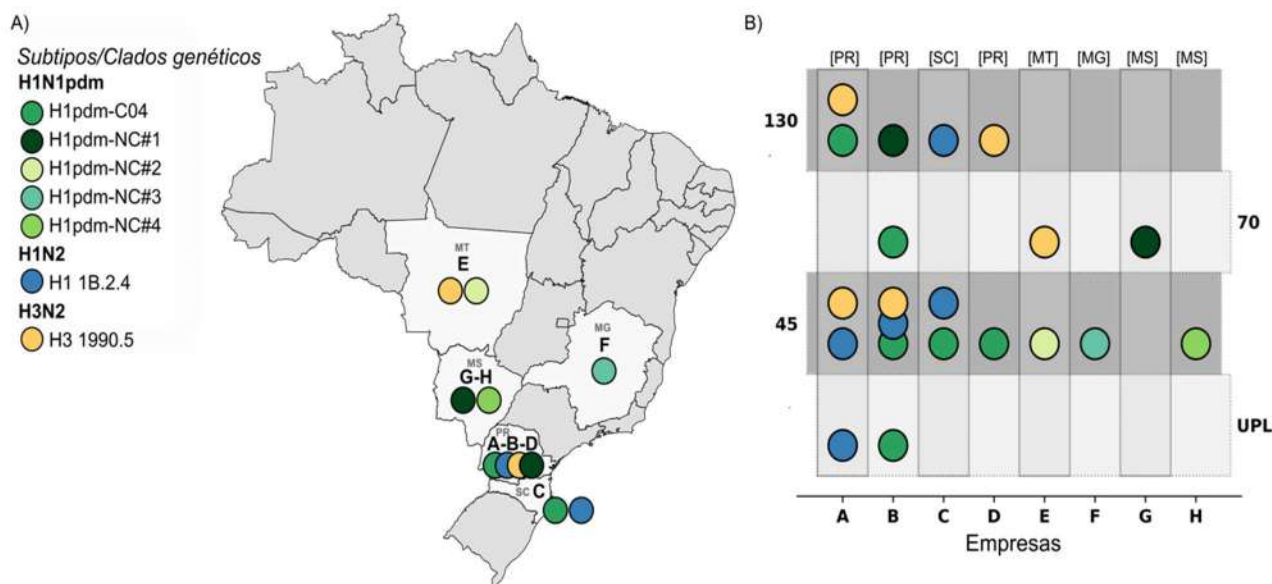


Figura 1: Principais clados genéticos do IAV detectados de fevereiro a dezembro de 2024 em empresas com múltiplos sítios de produção de suínos (A-D) e sítio único de produção de suínos (E-H). Os clados genéticos do gene da HA dos vírus detectados estão representados por um esquema de cores como indicado na figura. A) Clados identificados nos diferentes estados e empresas. B) Detecções por idade/categoria: UPL, leitões com 45 dias, 70 dias e suínos com 130 dias. C04, Clado 04; NC, Novo Clado.