

PREVALÊNCIA DOS GENÓTIPOS DE PCV-2 CIRCULANTES EM GRANJAS COMERCIAIS VACINADAS NO BRASIL, COLETADAS EM 2021 E 2022

Data de aceite: 26/01/2024

Franz KA

Zoetis INC. – Brasil

Costa AE

Departamento de Medicina Veterinária Preventiva - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte – MG

Debortoli LH

Zoetis INC. – Brasil

Fernandes V

Zoetis INC. – Brasil

Franco EG

Zoetis INC. – Brasil

Veit DC

Zoetis INC. – Brasil

Tres DP

Zoetis INC. – Brasil

diferentes comportamentos biológicos e epidemiológicos, expressando no campo quatro condições: doença sistêmica, infecção subclínica, doença reprodutiva e síndrome da dermatite associada a nefropatia (1,2,6). Até a presente data nove genótipos de PCV-2 foram propostos (PCV-2a até PCV-2i), predominando o genótipo PCV-2a nos anos 2000, alternando para PCV-2b até 2014 e posteriormente aumentando a representatividade do genótipo PCV-2d (6). Desta forma, o presente estudo tem por objetivo verificar a prevalência dos genótipos de PCV-2 encontrados em granjas comerciais no Brasil, nos anos de 2021 e 2022 e avaliar seu comportamento de evolução genética.

MATERIAIS E MÉTODOS

Em 2021 e 2022 um total de 1601 animais foram amostrados, em sete estados sendo SC, RS, PR, MG, MT, DF e GO e oriundos de 20 sistemas de produção de suínos, para fins de triagem e posterior genotipagem das amostras positivas. As amostras foram agrupadas em idades de

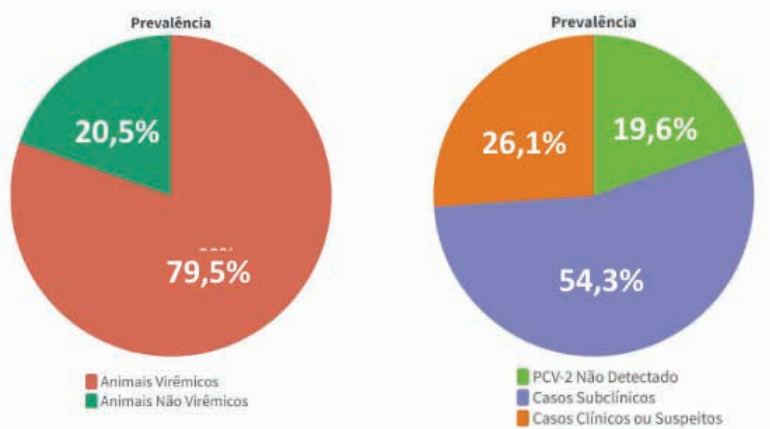
INTRODUÇÃO

O *circovírus suíno tipo 2* (PCV-2) é uma das infecções virais mais difundidas em suínos e chama a atenção por ser um vírus ssDNA e possuir alta taxa evolutiva, levando ao surgimento de variantes com

30, 45, 60, 90, 120 e 150 dias de vida, sendo todos os sistemas de produções vacinados para PCV-2. O DNA total das amostras foi extraído usando o kit de extração de DNA mini spin (Kasvi, Brasil). Inicialmente todas as amostras foram submetidas ao PCR em tempo real, que amplifica parte conservada do gene ORF1 do PCV-2, para detecção e quantificação de cópias genômicas de PCV-2, conforme protocolo descrito em 2003 (5). Após a triagem realizada em todas as amostras, foram selecionadas apenas aquelas que possuíam maiores quantificações de cópias genômicas da unidade produtiva em questão (>4 Log/ml), totalizando, portanto, 260 amostras que foram submetidas a genotipagem. Para genotipagem de PCV-2a, PCV-2b e PCV-2d, foram utilizados *primers* específicos que amplificam parte do gene que codifica a ORF2 de cada genótipo de PCV-2 de acordo estudo de 2017 (3). Os amplicons foram analisados por eletroforese em gel de agarose 1,5%, corados por brometo de etídio e visualizados em transiluminador UV.

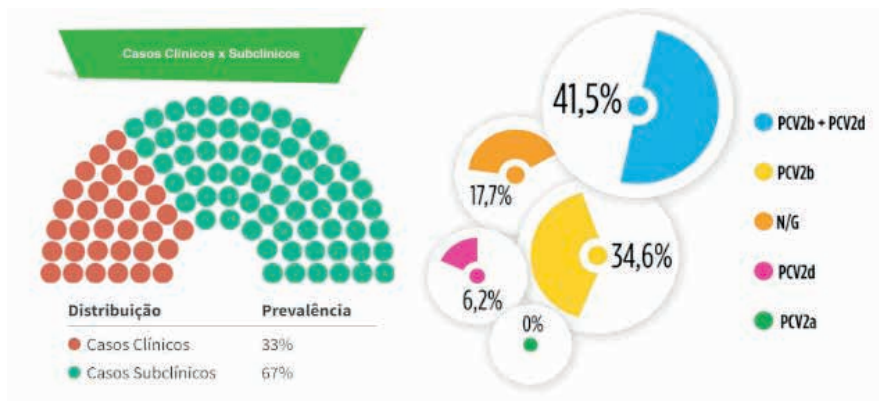
RESULTADOS

Do total de 1601 animais amostrados para fins de triagem, 20,5% (328/1601) são amostras de animais com sinais clínicos sugestivos de circovirose e 79,5% (1273/1601) oriundos de animais sem sinais clínicos, destes, através da detecção e quantificação de cópias genômicas de PCV-2, obteve-se 19,6% (314/1601) de ausência de PCV-2 circulante, onde a maioria dos animais 54,3% (870/1601) possuíam carga virêmica sugestiva de infecção subclínica e 26,1% (417/1601) dos animais possuíam quantificações elevadas, sugerindo suspeita e positividade de doença associada ao *Circovírus suíno tipo 2*.



Posterior a triagem, 66,5% (173/260) das amostras destinadas para a análise de genotipagem, são oriundas de animais sem sinais clínicos e com bom desempenho zootécnico e 33,5% (87/260) coletados de animais com sinais clínicos sugestivos de PCV-2. Os resultados revelam que nenhuma amostra foi do genótipo PCV-2a (0/260), obteve-se

34,6% (90/260) para PCV-2b, 6,2% (16/260) para PCV-2d e 41,5% (108/260) dos animais possuíam coinfeção de PCV-2b + PCV2d. Outro dado interessante é que 17,7% (46/260) dos animais, mesmo com elevadas cargas antigênicas, não se enquadraram para nenhum dos genótipos pesquisados (N/G).



CONCLUSÃO

Animais sem sinais clínicos sugestivos de circovirose, possuem cópias genômicas de PCV-2 em apresentação subclínica, caracterizando a presença do agente nesta categoria animal. Não foram identificados nas amostras o genótipo PCV-2a sendo encontrados apenas PCV-2b e PCV-2d, com grande participação em coinfeções. O sequenciamento do material genético das amostras que não se enquadraram para os *primers* utilizados se faz necessário, para compreender se existe novo genótipo circulante no Brasil, ou trata-se de pequenas mutações na fração da ORF2, demandando, portanto, constantes pesquisas e diagnósticos no campo.

REFERÊNCIAS

- (1) Barcellos D, Guedes C.M.R. Doenças dos suínos. 3.ed, p. 313-327, 2022;
- (2) Franzo G, Segale´s J, Porcine circovirus 2 (PCV-2) genotype update and proposal of a new genotyping methodology. *Plos one*, 2018;
- (3) Kwon T, et al. Genotypic diversity of porcine circovirus type 2 (PCV2) and genotype shift to PCV2d in Korean pig population. *Virus Research*, v. 228, p. 24-29, 2017;
- (4) Nascimento H.I.J, et al Genotipagem de circovírus suíno tipo 2 (PCV2) em granjas comerciais brasileiras vacinadas, de amostras coletadas no ano de 2019, *Avanços em sanidade, produção e reprodução de suínos V*, 2021;
- (5) Opriessnig T, et al. Effect of vaccination with selective bacterins on conventional pigs infected with type 2 Porcine Circovirus. *Veterinary Pathology*, v. 40, p. 521–529, 2003;

(6) Pleguezuelos, P, et al, Efficacy Studies of a Trivalent Vaccine Containing PCV-2a, PCV-2b Genotypes and *Mycoplasma hyopneumoniae* When Administered at 3 Days of Age and 3 Weeks Later against Porcine Circovirus 2 (PCV-2) Infection. *Vaccines*, 2022;

(7) Salgado R.L.; Vidigal P.M.P.; de Souza L.F.L.; et al. Identification of an emergent porcine circovirus-2 in vaccinated pigs from a Brazilian farm during a postweaning multisystemic wasting syndrome outbreak. *Genome Announc*, 2014;

(8) Sato J.P.H.; Gava D.; Schaefer R. et al. Genetic characterization of porcine circovirus type 2 in captive wild boars in southern Brazil. *Trop Anim Health Prod.* p.1071–1075, 2017.