

ANÁLISE MOLECULAR DOS GENÓTIPOS DE CIRCOVÍRUS SUÍNO TIPO 2 (PCV2) CIRCULANTES NO BRASIL DE JANEIRO DE 2022 A AGOSTO DE 2023

Brenda Leticia Leal dos Santos Silva^{1*}, Brenda Monique Magalhães Rocha², Bruna Ferreira Sampaio Ribeiro², Maria Isabel Maldonado Coelho Guedes³ e Nágila Rocha Aguilar²

¹Discente no Curso de Medicina Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG – Belo Horizonte/MG – Brasil – *Contato: zebraBrenda00@gmail.com

²Discente no Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal – Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG - Belo Horizonte/MG – Brasil

³Docente do Curso de Medicina Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG – Belo Horizonte/MG – Brasil

INTRODUÇÃO

O circovírus suíno tipo 2 (PCV2), do gênero *Circovirus* e da família *Circoviridae*, é endêmico no Brasil e de grande importância, uma vez que, quando sintomático, pode causar infecção sistêmica, alterações no sistema respiratório, enterite, síndrome da dermatite e nefropatia suína, falhas reprodutivas e a síndrome de emagrecimento multissistêmico pós-desmame². Trata-se de um vírus icosaédrico, não envelopado, com genoma DNA circular de fita simples e ubíquo, podendo ser transmitido de forma direta (principalmente via oro-nasal) e por fômites.^{3,4} De caráter enzoótico e com alta taxa de mutação, possui oito genótipos identificados (PCV2a a PCV2h), sendo o PCV2a, PCV2b e PCV2d os de maior relevância e patogenicidade. Ao longo do tempo, houve uma mudança nos padrões dos genótipos: por volta dos anos 2000, o PCV2a era o mais prevalente nas granjas, sendo substituído pelo PCV2b, e, nos últimos anos, observa-se um aumento de PCV2d⁵. Existem várias vacinas comerciais disponíveis que utilizam, principalmente, o genótipo PCV2a e, apesar de não impedirem a infecção, reduzem os sinais clínicos e melhoram o desempenho do animal. Entretanto, a proteção cruzada entre os genótipos não é esclarecida e a vacinação pode predispor à pressão de seleção do vírus⁶. A natureza ubíqua e enzoótica do agente, bem como o impacto econômico que este causa nas granjas e a ausência de dados de prevalência no Brasil, tornam o monitoramento do PCV2 e seus genótipos de suma importância. Dessa forma, o objetivo do presente estudo é avaliar, através do diagnóstico molecular, os genótipos de PCV2 circulantes nas amostras recebidas pelo Laboratório de Pesquisa em Virologia Animal/UFMG (LPVA), de janeiro de 2022 a agosto de 2023.

METODOLOGIA

O LPVA recebeu amostras de prestação de serviço das regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste e os soros ou tecidos foram processados pela técnica de extração de DNA com kit comercial (Kasvi Mini Spin; Kasvi, Brasil), conforme protocolo do fabricante. O DNA extraído foi submetido ao teste de PCR em tempo real, com primers e sondas específicos, para detectar e quantificar as cópias genômicas de PCV2. Amostras positivas, quando solicitado pelo requerente, foram genotipadas através de PCR convencional e os amplicons analisados por eletroforese em gel de agarose.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Durante o período, um total de 2.477 amostras chegaram ao LPVA, sendo 1.961 positivas (79,17%) e 516 (20,80%) negativas (Fig. 1). Destas, 335 foram genotipadas: 0 (0,00%) positivas para PCV2a, 128 (38,21%) para PCV2b e 43 (12,84%) para PCV2d, ocorrendo co-infecção entre PCV2b e PCV2d em 119 (35,52%) amostras e 45 (13,43%) que foram negativas para os três genótipos (Fig. 2). Em relação à evolução temporal, entre 2022 e 2023, o genótipo PCV2b não apresentou variação significativa (38% para 33%). Houve redução de prevalência nos casos de co-infecção entre PCV2b e PCV2d (44% para 6%) e dos negativos (16% para 6%). PCV2d apresentou aumento significativo (2% para 56%) (Fig. 3).

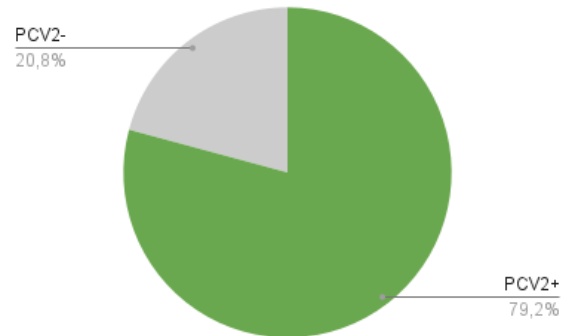


Figura 1: Porcentagem de amostras positivas e negativas para PCV2 em teste de PCR em tempo real

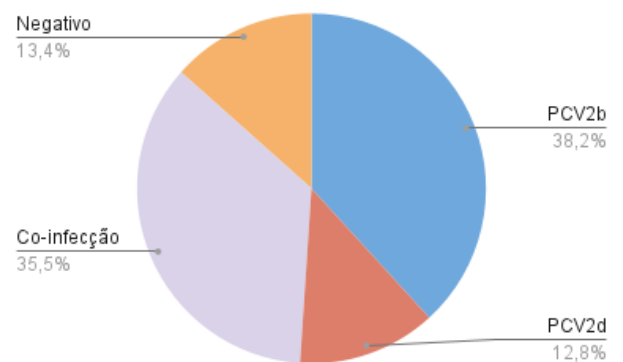


Figura 2: Resultados da genotipagem das amostras positivas para PCV2 em teste de PCR convencional

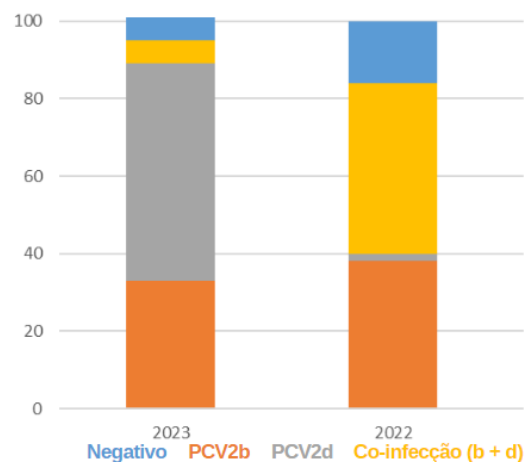
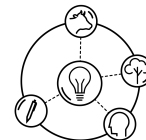


Figura 3: Comparação do resultado da genotipagem entre os anos de 2022 e 2023

Os resultados demonstram a alteração de prevalência entre os genótipos, o que pode estar relacionado a falhas vacinais, bem como ao comportamento do agente, e isso pode favorecer a ocorrência de surtos. Corroborando com os dados encontrados neste trabalho, Miotto e colaboradores (2023) analisaram 333 amostras, de 2021 e 2022,

XII Colóquio Técnico Científico de Saúde Única, Ciências Agrárias e Meio Ambiente



provenientes das regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste, através de biologia molecular. O genótipo mais frequente foi PCV2b (56,77%), entretanto 33,10% foram positivas para PCV2d e em 9,20% houve co-infecção entre PCV2b e PCV2d⁹. Em relação à co-infecção, há relatos de ocorrência nas províncias chinesas⁷ e em javalis e suínos domésticos da Ucrânia⁸, entretanto são necessários mais estudos desta dinâmica de infecção. Para redução da disseminação e gravidade da doença a utilização de medidas de controle de risco e a vacinação são as ações mais eficazes. Entretanto, para atualização vacinal, bem como para monitoramento do agente, que apresenta elevada evolução genética e variação sintomática, estudos mais robustos relacionados à prevalência dos genótipos de PCV2 circulante nas granjas são de suma importância.

APOIO:



CONSIDERAÇÕES FINAIS

É evidente que o vírus está evoluindo e, por isso, ações de diagnóstico constantes são essenciais para o monitoramento dos genótipos circulantes de modo a fornecer base para o embasamento para tomada de decisões, prevenir e controlar o agente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ¹Associação Brasileira de Proteína Animal. Relatório Anual 2023.
- ²Segalés, J., Kekarainen T. & Cortey, M. (2013). The natural history of porcine circovirus type 2: From an inoffensive virus to a devastating swine disease? *Veterinary Microbiology*, 165 (5) 13–20. Doi <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2012.12.033>.
- ³ICTV. International Committee on Taxonomy of Viruses. 2022, Disponível em: <https://ictv.global/taxonomy/about>. Acesso em: 02/03/2023
- ⁴Opriessnig, T., Meng, X. J. & Halbur P. G. (2007). Porcine circovirus type 2 associated disease: update on current terminology, clinical manifestations, pathogenesis, diagnosis, and intervention strategies. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 19(6), 591-615. Doi <https://doi.org/10.1177/104063870701900601>.
- ⁵Opriessnig, T., Karuppan, A., Castro, A. M. M. G. & XAO, C. (2020). Porcine circoviruses: current status, knowledge gaps and challenges. *Virus Research*, 286, 198044. Doi <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2020.198044>
- ⁶Karuppannan, A. K., & Opriessnig, T. (2017). Porcine circovirus type 2 (PCV2) vaccines in the context of current molecular epidemiology. In *Viruses* (Vol. 9, Issue 5). MDPI AG. <https://doi.org/10.3390/v9050099>
- ⁷T. Xu et al., “Prevalence and genetic analysis of porcine circovirus type 2 (PCV2) and type 3 (PCV3) between 2018 and 2020 in central China”, *Infection, Genetics and Evolution*, vol. 94, out. 2021, doi:10.1016/j.meegid.2021.105016.
- ⁸N. Rudova et al., “Genetic Diversity of Porcine Circovirus 2 in Wild Boar and Domestic Pigs in Ukraine”, *Viruses*, vol. 14, abr. 2022, doi: 10.3390/v14050924.
- ⁹Miotto, R., Pissetti, C., Bordin, L. C., Zanella, J. R. C. Genotype Detection of Circovirus Type 2 (PCV2) in Swine Clinical Samples from Brazil. PREPRINT (Version 1) available at Research Square. 2023. DOI: <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-3276107/v1>