



A prevalência dos genótipos de PCV2 em animais com redução de desempenho em plantéis nos estados de Goiás e de Minas Gerais

Fernandes, V*¹, Franz KA¹, Franco EG¹, Bellico TP¹, Veit DC¹, Tres DP¹

¹Zoetis INC. – Brasil *Autor correspondente: vinicius.fernandes@zoetis.com

INTRODUÇÃO

O circovírus suíno tipo 2 (PCV2), membro da família circoviridae, é um vírus encontrado em todo o mundo e é reconhecido como um dos patógenos mais ameaçadores economicamente para a indústria de suínos no mundo(1). As alterações causadas nos animais pelo PCV2 são compostas por quatro condições principais: doença sistêmica, infecção subclínica, doença reprodutiva, dermatite suína e síndrome nefropática(2).

Embora o PCV2 tenha sido classificado como um patógeno bem controlado desde 2018, devido ao amplo uso de vacinas, a maioria das granjas ainda apresenta infecção subclínica por PCV2(3). Atualmente, o PCV2 é classificado em pelo menos oito genótipos que são designados consecutivamente com base no tempo da primeira identificação com letras minúsculas “a á h” (4).

MATERIAIS E MÉTODOS

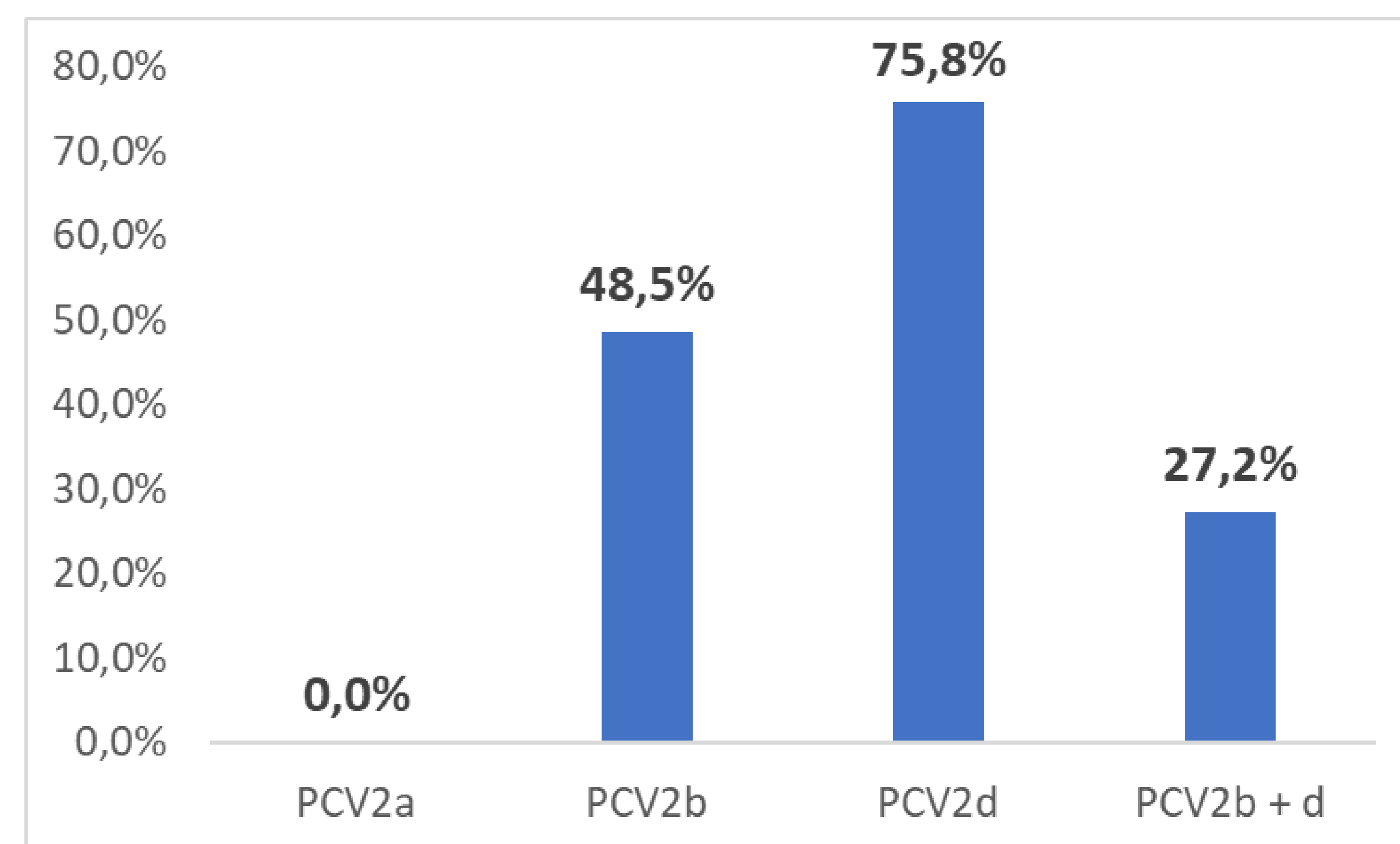
Foram realizadas necropsias e tomadas amostras de tecido de 33 animais oriundos de sete sistemas de produção de granjas independentes localizadas nos estados de Goiás e Minas Gerais no ano de 2022. Todos os animais coletados apresentavam redução de desempenho em relação aos demais pares dentro do mesmo lote. Não foram coletados animais com quadro de refugagem acentuada. Os animais coletados haviam sido vacinados contra o PCV2 e tinham idade entre 70 e 100 dias de vida. Foram coletados em cada um dos animais fragmentos de órgãos alvo do PCV2, como linfonodos, rins, baço e pulmão. As amostras foram armazenadas em refrigeração e transportadas ao laboratório para proceder a detecção, identificação e quantificação de cópias genômicas do PCV2. O DNA total das amostras foi extraído usando o kit de extração de DNA mini spin (Kasvi, Brasil), de acordo com as instruções do fabricante. 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). Os resultados de viremia foram representados em Log 10 do número de cópias genômicas/g de pool de órgãos. Os resultados < 6 em Log 10 são interpretados como infecção subclínica. Para genotipagem de PCV2a, PCV2b e PCV2d, foram utilizados primers específicos que amplificam parte do gene que codifica a ORF2 de cada genótipo de PCV-2 de acordo estudo de 2017 (6).

RESULTADOS

No exame de quantificação de cópias genômicas das amostras coletadas, todas apresentaram cópias de PCV2 < 6 em Log 10, caracterizando uma infecção subclínica nos animais. De acordo com os resultados obtidos como é possível ver na figura 1, em 16 das 33 amostras analisadas o genótipo “b” do PCV2 foi identificado nos tecidos, representando 48,5% de positividade. Em 25 amostras foi identificado a presença do genótipo “d” do PCV2, representando 75,8% em relação ao total de amostras.

Sendo que dentre as 33 amostras analisadas, em 9 foram identificadas coinfeções dos genótipos “b e d”. O genótipo “a” não foi encontrado em nenhuma das amostras. A presença de genótipos heterólogos ao PCV2a (como o PCV2b e PCV2d) foi amplamente identificada em suínos que notoriamente apresentavam performance abaixo dos demais animais da baía.

Figura 1. Prevalência dos diferentes genótipos de PCV2 em animais com redução de desempenho em sete sistemas de produção.



CONCLUSÃO

Suínos com performance abaixo do esperado seguem sendo encontrados nas granjas, mesmo em plantéis vacinados para PCV2. A ocorrência de genótipos heterólogos ao PCV2a nestes animais sugere a infecção subclínica do PCV2 associado aos genótipos 2b e 2d. Há a clara necessidade de aprofundar as investigações a respeito da ocorrência e da dinâmica de infecções associadas aos diferentes genótipos do PCV2 dentro das granjas.

REFERÊNCIAS

- (1) Chae, C. A review of porcine circovirus 2-associated syndromes and diseases. *Vet. J.* 2005, 169, 326–336.
- (2) Segalés, J. Porcine circovirus type 2 (PCV-2) infections: Clinical signs, pathology and laboratory diagnosis. *Virus Res.* 2012, 164.
- (3) Dvorak, C.M.; Yang, Y.; Haley, C.; et al. National reduction in porcine circovirus type 2 prevalence following introduction of vaccination. *Vet. Microbiol.* 2016, 189, 86–90.
- (4) Franzo, G.; Segales, J. Porcine circovirus 2 (PCV-2) genotype update and proposal of a new genotyping methodology. *PLoS ONE* 2018, 13, e0208585.
- (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) Kwon, T.; Lee, D.-U.; Yoo, S.J.; et al. Genotypic diversity of porcine circovirus type 2 (PCV2) and genotype shift to PCV2d in Korean pig population. *Virus Res.* 2017, 228, 24–29.