

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE ISOLADOS DO CIRCOVÍRUS SUÍNO TIPO 2 (PCV-2) ASSOCIADOS À DOENÇA CLÍNICA EM SUÍNOS ENTRE 2017-2022 EM SANTA CATARINA

Grasiele Giachini¹, Júlia Parenti de Souza², Lucas Zanella³, Thainá D. Vogel⁴, Danielle Gava⁵, Simone Silveira⁶

1. Discente do Curso de Medicina Veterinária, Universidade do Oeste de Santa Catarina, Xanxerê, SC
2. Discente do Curso de Medicina Veterinária, Universidade do Oeste de Santa Catarina, Xanxerê, SC
3. Discente do Curso de Medicina Veterinária, Universidade do Oeste de Santa Catarina, Xanxerê, SC
4. Discente do Programa de Pós-Graduação em Sanidade e Produção Animal, Unoesc, Xanxerê, SC
5. Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC
6. Docente do Programa de Pós-Graduação em Sanidade e Produção Animal, Unoesc, Xanxerê, SC

Autor correspondente: Grasiele Giachini, grasigiachini@icloud.com

Área: Ciências Agrárias

Introdução: O Circovírus suíno tipo 2 (PCV-2) pertence à família Circoviridae e o seu genoma é composto por uma fita simples de DNA circular com aproximadamente 1,7 quilobases. A infecção causada pelo PCV-2 pode ser subclínica até fatal, acometendo suínos de diversas idades. Os animais infectados podem apresentar: a síndrome do definhamento multissistêmico (SMD), síndrome da dermatite e nefropatia (PDNS), falhas reprodutivas (abortamento, fetos mumificados e natimortos), doença respiratória e quadros entéricos, conjuntamente denominados de doenças associadas ao PCV-2 (PCVD). A vacina contra o PCV-2 é amplamente utilizada na suinocultura. No entanto, o vírus permanece circulando e causando doenças. Portanto, é importante conhecer sobre a diversidade genética dos isolados de PCV-2 a fim de melhorar as medidas de prevenção e controle desse vírus para mitigar o impacto econômico na suinocultura. **Objetivo:** O objetivo deste estudo foi caracterizar geneticamente isolados de PCV-2 detectados em suínos com doença clínica em Santa Catarina entre 2017-2022. **Método:** Amostras de tecidos de suínos, que apresentaram sinais clínicos sugestivos de PCVD (doença respiratória, SMD, PDNS e fetos mumificados), foram coletadas em granjas nos estados de SC entre os anos de 2017-2022. Um total de 28 isolados de PCV-2 tiveram um gene amplificado, seguido de purificação e quantificação para sequenciamento do DNA. As análises genéticas foram realizadas a partir dos alinhamentos das sequências de DNA geradas e de isolados de PCV-2 de referência de todos os genótipos. **Resultados:** Um total de 16 isolados foram classificados em PCV-2d e 12 em PCV-2b. Os 13 isolados coletados até 2018 foram classificados em PCV-2d e dos 15 isolados coletados de 2019-2022, 12 foram classificados em PCV-2b e 3 em PCV-2d. **Conclusão:** Neste estudo o genótipo PCV-2d foi o mais frequente. Os isolados virais apresentaram variações em regiões genômicas importantes para a avaliação e desenvolvimento de vacinas.

Palavras-chave: suinocultura; circovirose; síndrome do definhamento multissistêmico; síndrome da dermatite e nefropatia.

Agradecimentos: ao Programa de Bolsas Universitárias do Estado de Santa Catarina (UNIEDU) pela concessão de bolsa de iniciação científica. À FAPESC pelo fomento ao projeto de pesquisa (2021TR001759). À Inata Biológicos pela colheita e doação de amostras biológicas.