



OCORRÊNCIA E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE PARVOVÍRUS SUÍNO (PPV1) NO BRASIL

Geórgia Capelina Cousseau¹, Kauane Bison Peroza², Júlia Parenti De Souza³, Keila Catarina Prior⁴, Danielle Gava⁵,
Simone Silveira⁶

1. Laboratório de biologia molecular, UNOESC Xanxerê - SC
2. Laboratório de biologia molecular, UNOESC Xanxerê - SC
3. Laboratório de biologia molecular, UNOESC Xanxerê - SC
4. Centro de diagnóstico de sanidade animal (CEDISA), Concórdia - SC
5. Embrapa Suínos e Aves, Concórdia - SC
6. Laboratório de biologia molecular, UNOESC Xanxerê - SC

Autor correspondente: Geórgia Capelina Cousseau, georgiac07@gmail.com

Área: Ciências Agrárias

Introdução: O Parvovírus Suíno (PPV1) é um vírus pertencente à família Parvoviridae, causador de problemas reprodutivos em fêmeas prenhes, como morte embrionária, fetos mumificados e natimortos, resultando em diminuição das leitegadas. O genoma do PPV é constituído por uma fita simples de DNA que apresenta 5.075 nucleotídeos. As proteínas VP1/VP2 estão associadas com a indução de anticorpos neutralizantes e pequenas diferenças podem determinar o tropismo por diferentes tecidos e hospedeiros. O vírus tem sido isolado em todo o mundo e classificado em quatro subtipos (PPV1a-d). As vacinas existentes são inativadas e baseadas no subtipo PPV-1c (NADL-2). Apesar de a vacinação ser aplicada amplamente no Brasil, o vírus ainda circula nos rebanhos, causando problemas reprodutivos. Deste modo, conhecer a ocorrência e a diversidade genética dos PPV1s circulantes no País, associadas com perdas reprodutivas, é importante a fim de reavaliar as medidas de controle da doença. **Objetivo:** Este estudo avaliou a ocorrência e caracterizou geneticamente isolados de PPV1 em fetos suínos mumificados, provenientes de granjas brasileiras, entre os anos de 2021-2024. **Método:** Um total de 356 amostras de fetos suínos mumificados ou natimortos, oriundos de granjas localizadas em diferentes estados brasileiros foram avaliadas no estudo. Para detecção de PPV1, os pools de órgãos foram macerados, seguidos por extração de DNA e PCR para detecção de um fragmento da NS1. Para o sequenciamento viral, foram utilizados 3 pares de primers que amplificam a região que codifica as proteínas VP1 e VP2 que formam o capsídeo viral. Os produtos de PCR foram purificados, quantificados e sequenciados pelo método de Sanger. Para construção da árvore filogenética as sequências foram alinhadas com sequências de referência dos quatro subtipos de PPV-1. **Resultados:** Vinte e cinco amostras (7%) testaram positivas para PPV1. Destas amostras, apenas duas foram positivas nas três PCRs e foram submetidas ao sequenciamento. As amostras sequenciadas parcialmente foram detectadas em pools em leitões mumificados provenientes de uma granja localizada no meio-oeste catarinense no ano de 2021. Ambas as amostras apresentaram identidade de 99.9% entre elas e identidade de 99.5-99.6% com a cepa chinesa BQ/CHN/2006 (EU790641.1) e a cepa Kresse (U44978.1). Dessa forma, as amostras foram classificadas como PPV1d. **Conclusão:** O PPV circula na suinocultura brasileira, no entanto, em uma frequência baixa. O subtipo sequenciado pertence à cepa virulenta Kresse. Possivelmente esta ocorrência esteja associada a falhas vacinais e boas práticas de vacinação, uma vez que as vacinas disponíveis atualmente têm se mostrado efetivas frente ao subtipo detectado.

Palavras-chave: Suinocultura; Parvovirose; Problemas reprodutivos.

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). O estudo foi registrado no sistema nacional de gestão do patrimônio genético e do conhecimento tradicional associado (SISGEN – A85116A).