



## PIBIC - CNPq Análise filogenética do parvovírus suíno tipo 1: diversidade e evolução temporal PPV1



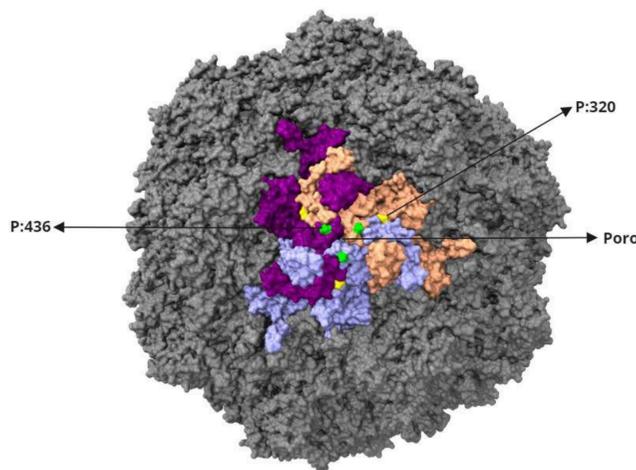
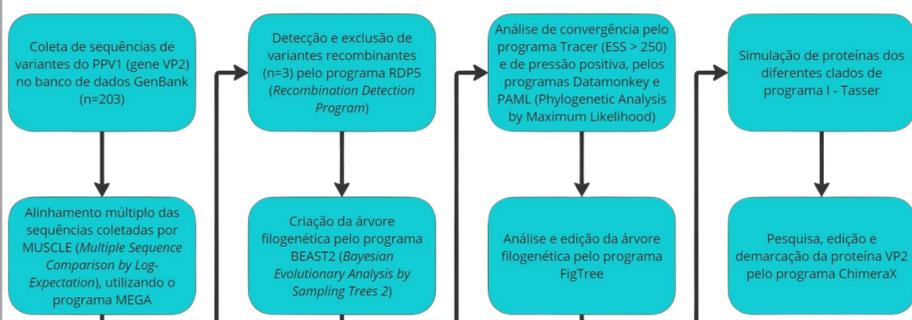
Autores: Nicole Amoêdo Luvison, Sheron Falgembach Scalcon, Pedro Augusto Freire de Sá Pontes, André Felipe Streck

### INTRODUÇÃO / OBJETIVO

A suinocultura é essencial para a produção de alimentos e empregos, compondo uma cadeia produtiva ampla e tecnicada. No Brasil, a produção de carne suína atingiu 5,156 milhões de toneladas em 2023, posicionando o país como o 4º maior produtor e exportador mundial. Patologias, especialmente falhas reprodutivas, prejudicam a produtividade econômica. Entre os agentes causais, o parvovírus suíno tipo 1 (PPV1) destaca-se por ocasionar morte embrionária, natimortos, fetos mumificados, retorno ao estro e infertilidade. A ausência de tratamento específico enfatiza a importância da vacinação e do manejo de biossegurança. Para poder compreender melhor a epidemiologia molecular deste vírus, este estudo objetivou realizar uma análise filogenética comparativa do PPV1 e sua evolução temporal.

Não foi observada exclusividade de clados em relação aos países. A única amostra brasileira (BRA-UEL/GO), sequenciada em 2018, está situada no clado PPV1e, que não possui cepas vacinais. As cepas NADL-2 e 27a estão no clado PPV1d, o qual contém cepas mais antigas. Exceto pelo clado PPV1d, todos os outros quatro agrupamentos apresentavam uma grande quantidade de variantes recentemente sequenciadas, entre 2014 e 2021. Países como Dinamarca (n=58), China (n=40) e Coreia do Sul (n=23) foram os que mais sequenciaram variantes de cepas com a proteína VP2 (Figura 2). Durante as análises de pressão positiva, foi observada elevada pressão seletiva positiva para os sítios 320 e 436. Estas posições estão localizadas na extremidade externa do capsídeo, como ilustrado na Figura 2.

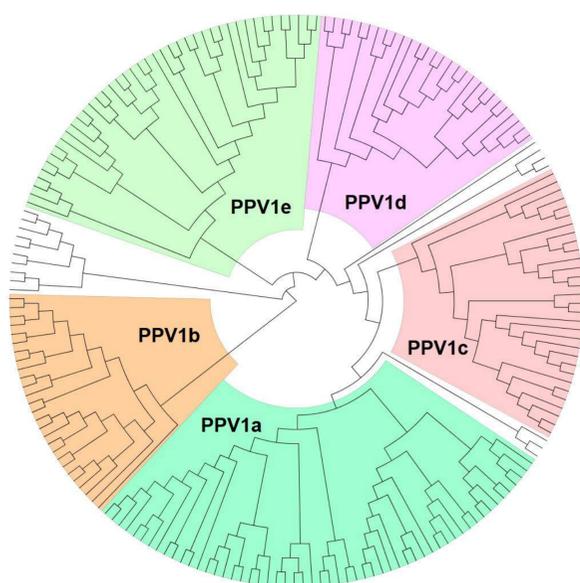
### MATERIAL E MÉTODOS



**Figura 2** – Estrutura do capsídeo viral do PPV1, centralizada na região do trímero composto pela proteína VP2, demarcadas por diferentes cores. Em amarelo e verde estão demarcados dois sítios detectados como posições sob seleção positiva 320 e 436, respectivamente. Estrutura foi simulada com base na cristalografia disponível em [rcsb.org/structure/1k3v](https://rcsb.org/structure/1k3v).

### RESULTADOS

O banco de dados utilizado compreendeu 203 sequências do gene que codifica a proteína VP2, principal alvo de anticorpos neutralizantes contra o PPV1. Todas as sequências foram obtidas do banco público de sequências de DNA denominado GenBank. Após a coleta, as sequências foram alinhadas e três delas (n=03) foram removidas após serem identificadas como recombinantes pelo programa RDP5. A inferência evolutiva foi realizada com as 200 sequências restantes.



**Figura 1** - Árvore filogenética das sequências de VP2 do PPV1. Os clados estão destacados em diferentes cores (PPV1a até PPV1e).

### CONSIDERAÇÕES FINAIS

Evidenciou-se o surgimento de novas variantes nos clados PPV1a, PPV1b, PPV1c e PPV1e, além de sítios sob pressão positiva para mutações. Este fato provavelmente ocorreu devido à proteção inadequada das vacinas e falhas no manejo sanitário, incluindo vacinação e biossegurança. A ausência de informações genéticas destaca a necessidade de intensificar os esforços de monitoramento no Brasil, visto que ainda se utiliza no país a vacina da cepa NADL-2. Este monitoramento é essencial para entender quais variantes estão circulando no país e, conseqüentemente, possibilitar o desenvolvimento de vacinas mais específicas no futuro.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABPA-Relatorio-Anual-2024\_capa\_frango.pdf. [s.d.]. Disponível em: [https://abpa-br.org/wp-content/uploads/2024/04/ABPA-Relatorio-Anual-2024\\_capa\\_frango.pdf](https://abpa-br.org/wp-content/uploads/2024/04/ABPA-Relatorio-Anual-2024_capa_frango.pdf). Acesso em: 22 maio. 2024
- ROCHA, C. S. DETECÇÃO DE PARVOVÍRUS SUÍNO EM MATERIAL PROVENIENTE DE PORCAS COM PATOLOGIAS REPRODUTIVAS. 2010. Acesso em: 22 maio. 2024
- SOUZA, C. K.; ALEGRE, P. DIAGNÓSTICO DE PARVOVÍRUS E ESTUDO DE CO-INFECÇÕES POR VÍRUS DE SUÍNOS. [s.d.]. Acesso em: 21 maio. 2024
- STRECK, A. F. DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE AMOSTRAS DE PARVOVÍRUS SUÍNO. 2009. Acesso em: 1 abril. 2024
- VEREECKE, N. et al. Molecular epidemiology of Porcine Parvovirus Type 1 (PPV1) and the reactivity of vaccine-induced antisera against historical and current PPV1 strains. *Virus Evolution*, v. 8, n. 1, p. veac053, 2022. Acesso em: 1 abril. 2024