



XXXIV ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES,
XVI MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA e
I MOSTRA DE EXTENSÃO: CONEXÕES ENTRE
UNIVERSIDADE E COMUNIDADE.



DETECÇÃO, SEQUENCIAMENTO E ANÁLISE FILOGENÉTICA DO PARVOVÍRUS SUÍNO TIPO 1 NO RIO GRANDE DO SUL

Nicole Amoêdo Luvison (PIBIC-CNPq), Kétlin Milena Zardin, Júlia da Silva Ramos, Maria Eduarda Iucca Weber, Rafael Sartori Flores, Lucas Michel Wolf, Vagner Ricardo Lunge, André Felipe Streck (Orientador(a))

A suinocultura possui grande relevância econômica para o Brasil, que se mantém entre os maiores produtores e exportadores mundiais de carne suína. Entre os principais desafios sanitários da atividade, destaca-se o parvovírus suíno tipo 1 (PPV1), agente associado a falhas reprodutivas que impactam a produtividade dos rebanhos. Entretanto, ainda existem poucas informações sobre a diversidade genética das cepas circulantes no Brasil. Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo detectar o PPV1 em amostras de suínos provenientes de diferentes municípios do Rio Grande do Sul por meio da reação em cadeia da polimerase (PCR) e caracterizar as cepas positivas por meio de sequenciamento e análise filogenética. Foram analisadas 328 amostras de tonsilas de suínos provenientes de 30 municípios do estado. As amostras foram submetidas à maceração, extração de DNA pelo método baseado em sílica e PCR convencional específica para detecção do PPV1. Para a etapa de caracterização molecular, foram utilizados 10 pares de primers para a cobertura do genoma viral completo. A cepa referencial Kresse foi utilizada como controle positivo. Foram identificadas 50 amostras positivas para PPV1 (15,2%), confirmando a circulação do vírus em diferentes regiões do Rio Grande do Sul. Até o momento, foram sequenciadas amostras dos municípios de Tupandi, Harmonia e Salvador do Sul. Foi realizada uma análise filogenética preliminar com as sequências disponíveis. Nessa etapa, foram identificadas substituições nos sítios 45, 215, 320, 378, 383 e 436 da proteína VP2, regiões previamente associadas à pressão seletiva e à evolução do PPV1. Além disso, tanto a cepa referencial Kresse quanto a primeira sequência obtida neste estudo, proveniente do município de Tupandi, apresentaram diferenças aminoacídicas em relação à cepa vacinal NADL-2, evidenciando variabilidade genética entre as cepas circulantes e a cepa utilizada em programas vacinais. Os resultados confirmam a circulação do PPV1 e representam um avanço da detecção molecular para a caracterização genética das cepas circulantes. O sequenciamento e a análise filogenética de outras amostras positivas encontram-se em andamento e contribuirão para estudos epidemiológicos e aprimoramento das ferramentas diagnósticas.

Palavras-chave: Epidemiologia molecular, Proteína VP2, Variabilidade genética

Apoio: UCS, CNPq