

Ana Cristina Sbaraini Mósena¹, Carine Kunzler Souza¹, Danielle Gava², Natalha Biondo³,
Rejane Schaefer², Janice Reis Ciacci Zanella², David Emílio dos Santos Neves de Barcellos³ e
Cláudio Wageck Canal¹.

¹ Laboratório de Virologia - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, ² Embrapa Suínos e Aves – CNPSA, ³ Setor de suínos -
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

INTRODUÇÃO

O parvovírus suíno 1 (PPV1) tem ocorrência mundial e é uma das principais doenças que causa perdas reprodutivas na suinocultura, além de infectar javalis (1). O parvovírus suíno 2 (PPV2) é um vírus semelhante ao PPV1 e foi identificado acidentalmente em soro de suíno em Myanmar, mas nenhuma correlação com doença clínica foi estabelecida (2). O hokovírus suíno (PHoV), membro da família *Parvoviridae*, gênero *Partetravirus*, foi primeiramente identificado na China em soro e tecidos de suínos. Esse vírus também já foi detectado em javalis; apresenta estrita relação genética com o PARV4 humano, mas não foi encontrada nenhuma relação entre a presença do vírus e doença (3). O parvovírus suíno 4 (PPV4) foi detectado em suínos e javalis na China, Europa e Estados Unidos (4). Os anellovirus, torque teno sus virus genótipo 1 e 2 (TTSuV1 e TTSuV2) estão presentes na população de suínos e javalis e foram detectados tanto em animais saudáveis como em animais com Síndrome Multissistêmica do Definhamento Suíno (PMWS) (5).

OBJETIVO

O objetivo do trabalho foi verificar a presença de parvovírus e anellovírus em pulmão de javalis em cativeiro no RS.

MATERIAIS E MÉTODOS

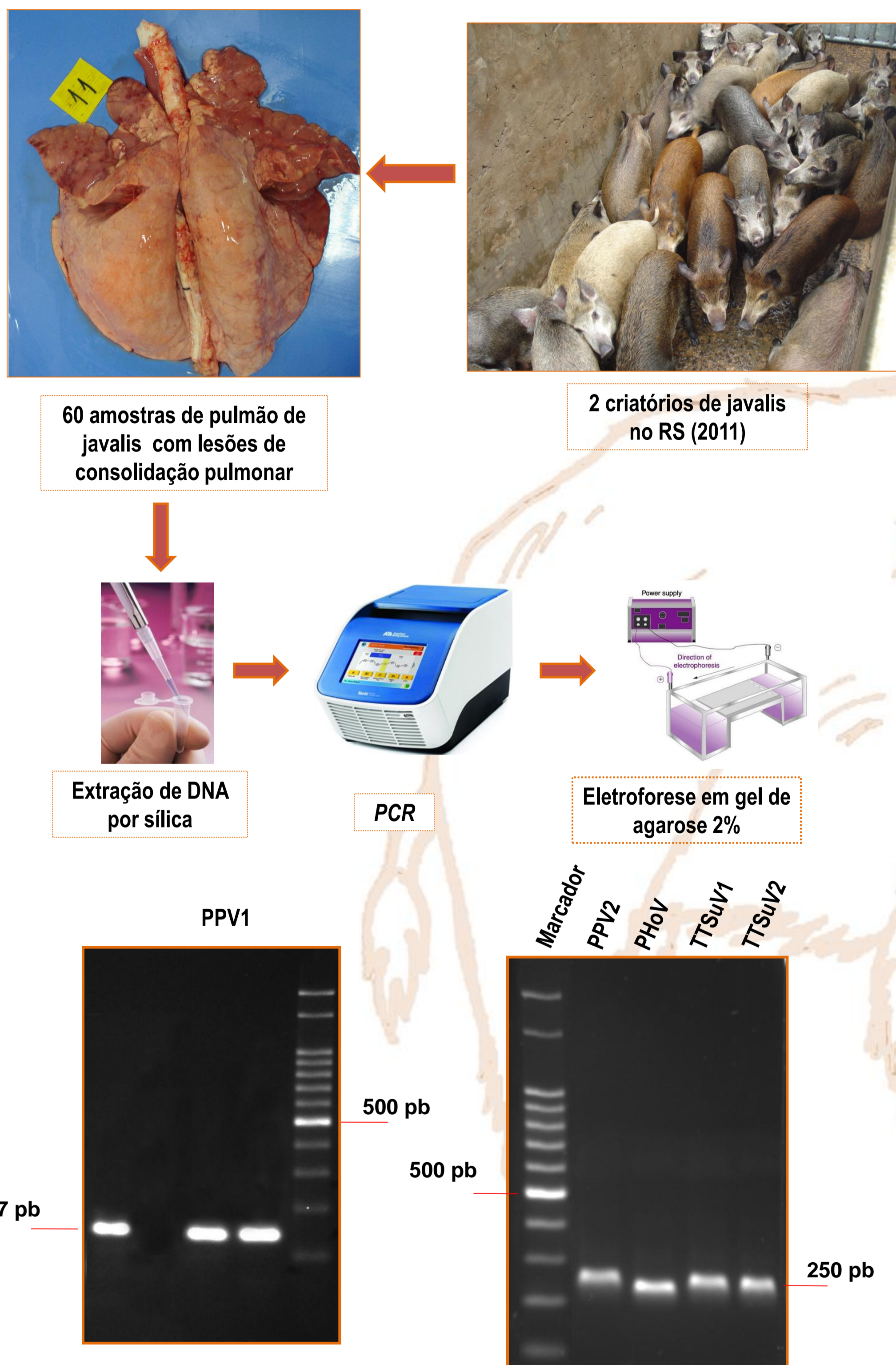


Figura 1. Esquema da metodologia utilizada para detecção de vírus e fotos dos géis de agarose mostrando os tamanhos dos fragmentos da PCR.

RESULTADOS

- A Figura 2 demonstra a porcentagem de amostras de pulmão positivas para cada vírus - Granja 1 (31 amostras) e Granja 2 (29 amostras).
- As maiores coinfeções foram de 35% (21/60) de PHoV com TTSuV1 e de 28,3% (17/60) de TTSuV 1 com TTSuV 2 (Tabela 1).

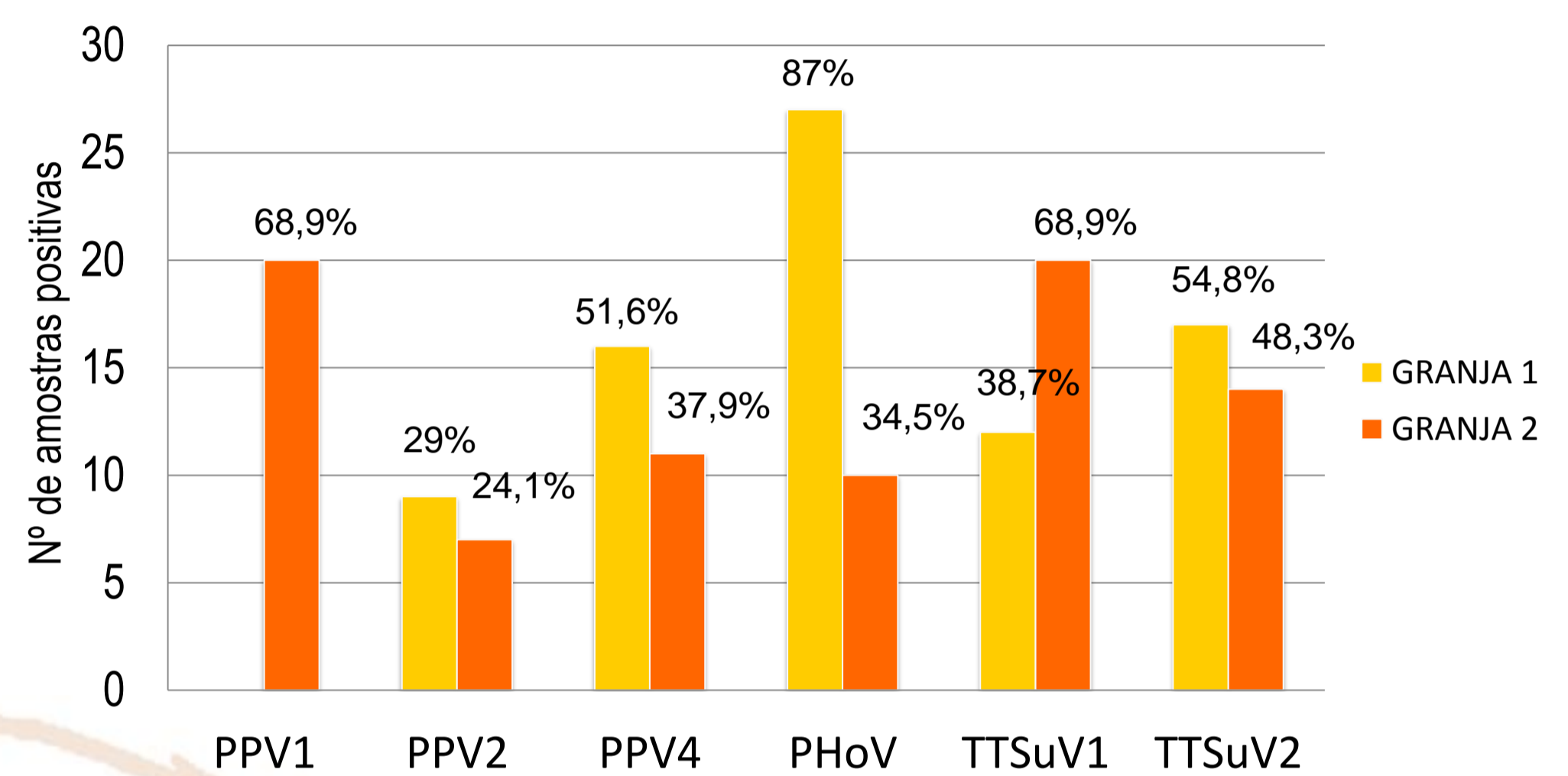


Figura 2. Porcentagem de amostras positivas para os vírus (PPV1, PPV2, PPV4, PHoV, TTSuV1 e TTSuV2).

Tabela 1. Relação de co-infecção entre os vírus.

VÍRUS	PPV1	PPV2	PHoV	TTV1	TTV2	PPV4
PPV1	-	4	8	-	-	-
PPV2	4	-	13	-	-	-
PHoV	8	13	-	-	-	-
TTV1	14	9	21	-	-	-
TTV2	8	13	15	17	-	-
PPV4	7	8	14	7	13	-

DISCUSSÃO E CONCLUSÕES

- Este é o primeiro relato de detecção do PPV2 e PHoV em javalis de cativeiro no Brasil.
- O PHoV foi o vírus mais frequentemente detectado nas amostras de pulmão, assim como estudos anteriores demonstraram uma alta prevalência de PHoV em javalis na Europa.
- Este estudo demonstra que esses vírus recém descobertos estão circulando na população local de javalis, no entanto, o papel da patogenia desses novos vírus em co-infecções ainda é desconhecido.

REFERÊNCIAS

- (1) Soares RM, Durigon EL, Bersano JG, Richtzenhain LJ (1999) Detection of porcine parvovirus DNA by the polymerase chain reaction assay using primers to the highly conserved nonstructural protein gene, NS-1. *J Virol Methods* 78(1-2):191-198.
- (2) Hijikata M, Abe K, Win KM, Shimizu YK, Keicho N, Yoshikura H (2001) Identification of new parvovirus DNA sequence in swine sera from Myanmar. *Jpn J Infect Dis* 54:244-245.
- (3) Lau SK, Woo PC, Tse H, Fu CT, Au WK, Chen XC, Tsoi HW, Tsang TH, Chan JS, Tsang DN, Li KS, Tse CW, Ng TK, Tsang OT, Zheng BJ, Tam S, Chan KH, Zhou B, Yuen KY (2008) Identification of novel porcine and bovine parvoviruses closely related to human parvovirus 4. *J Gen Virol* 89:1840-1848.
- (4) Cheng WX, Li JS, Huang CP, Yao DP, Liu N, Cui SX, Jin Y, Duan ZJ (2010) Identification and nearly full-length genome characterization of novel porcine bocaviruses. *PLoS One* 5(10):e13583.
- (5) Kekkarainen T, Sibila M, Segalés J (2006) Prevalence of swine Torque teno virus in Post-Weaning Multisystemic Wasting Syndrome (PMWS)-affected and non-PMWS-affected pigs in Spain. *J Gen Virol*. 87: 833-837.