

Padronização da PCR para detecção de Circovírus Suíno Tipo 3 (PCV3)

Júlia da Mata Góes Silva; Luisa Zanolli Moreno

Andrea Micke Moreno

FMVZ - USP

juliadamatagoes@usp.br

Objetivos

O Circovírus Suíno tipo 3 (PCV-3) foi descrito recentemente em animais de diferentes países e sua presença tem sido associada a quadros de dermatite, nefropatia, distúrbios respiratórios, entéricos, neurológicos e falhas reprodutivas. A detecção do vírus por métodos rápidos e confiáveis, como a reação em cadeia pela polimerase (PCR) é de grande importância para estudos epidemiológicos e para o diagnóstico da infecção nos rebanhos comerciais. Os objetivos deste estudo foram: a) criar um controle positivo para a detecção de Circovírus Suíno Tipo 3; b) padronizar a reação em cadeia pela polimerase -PCR; c) aplicar a técnica na detecção do agente.

Métodos e Procedimentos

Foi realizada a análise dos genomas do vírus PCV-3 isolados no Brasil (Saraiva et al, 2019) e a partir desta análise foram selecionados primers disponíveis na literatura para detecção do vírus (Ku et al, 2017 e Kim et al, 2018). Um dos pares de primers escolhidos (Ku et al, 2017) foi modificado em uma base nitrogenada, visando um pareamento mais eficiente com a linhagem brasileira de PCV-3. A partir desta alteração, foi selecionada uma sequência de 679 pares de bases que foi sintetizada pela empresa gBlocks® Gene Fragments (Integrated DNA Technologies, Inc.). A PCR foi padronizada com este controle sintetizado e foram testadas 158 amostras de DNA de suabes nasais de suínos provenientes de seis granjas de diferentes estados do país.

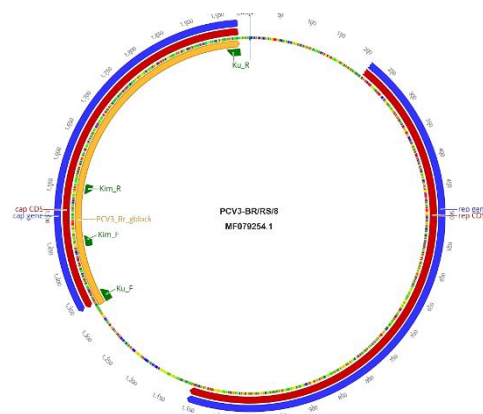


Figura 1: Genoma do PCV-3 brasileiro, primers selecionados em suas regiões alvo e área sintetizada para controle (gblock)

Resultados

O controle positivo criado possibilitou a padronização da PCR para detecção do PCV-3, mas as 158 amostras de DNA de trato respiratório dos suínos testadas foram negativas para detecção o vírus

Conclusões

Apesar do resultado negativo em amostras de campo, foi possível verificar que a síntese de fragmento de DNA possibilitou a padronização da PCR para o monitoramento de circulação do agente no país sem a necessidade e o risco de manipulação do agente no laboratório.

Referências Bibliográficas

Kim et al, 2018 -. **J Vet Sci.** 2018 Sep;19(5):721-724. Ku et al, 2017. **Transboundary and Emerging Diseases**, 64(3), 703–708. Saraiva G, Vidigal P, Assao V, Fajardo M, Loreto A, Fietto J, Bressan G, Lobato Z, Almeida M, Silva-Júnior A. **Viruses**. 2019;11(3):201.

- Kim et al., 2018 -. **J Vet Sci.** 2018 Sep;19(5):721-724. Ku et al, 2017. **Transboundary and Emerging Diseases**, 64(3), 703–708. Saraiva G, Vidigal P, Assao V, Fajardo M, Loreto A, Fietto J, Bressan G, Lobato Z, Almeida M, Silva-Júnior A. **Viruses**. 2019;11(3):201.