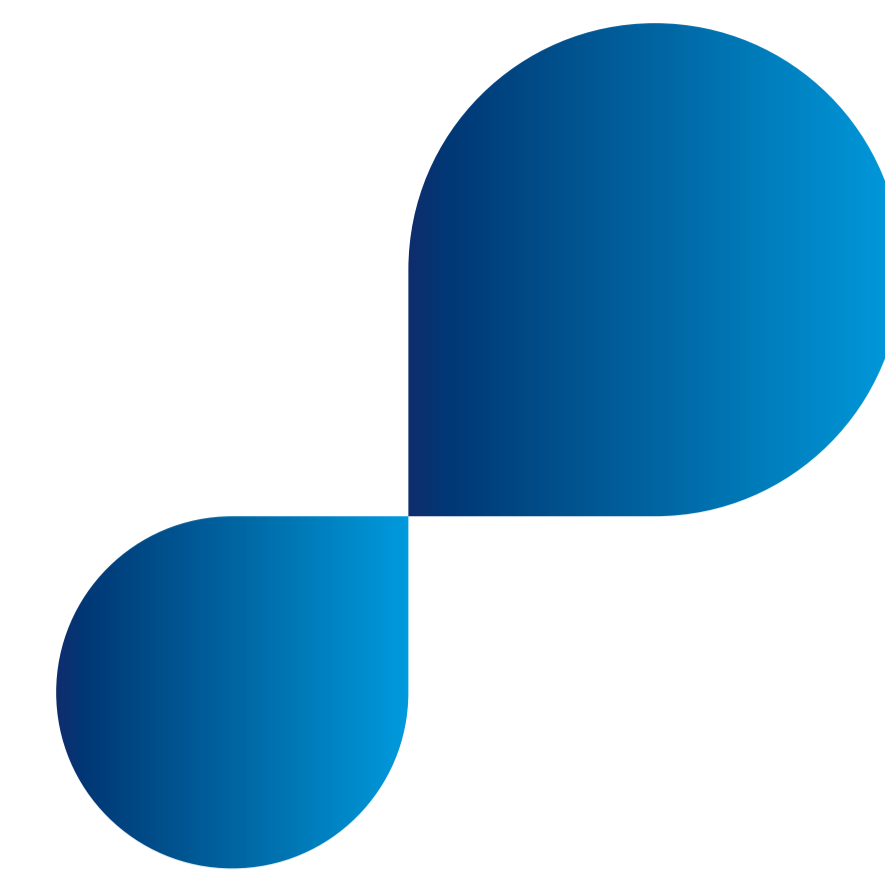


Percentual de identidade da região ORF2 de diferentes genótipos de PCV2 brasileiros em relação à vacina recombinante PCV2b



ORF2 identity percentage from different genotypes of Brazilian PCV2 isolates in relation to a PCV2b recombinant vaccine

Andrea Panzardi¹, Lívia Faim², Flávio Hirose¹, Heni F.Costa², Edson Bordin³, Gisele M.Ravagnani¹, Thiago B.Blanco¹, Túlia LO.de Araújo¹, Marcus AM.Busó¹

¹Departamento Técnico de Saúde Animal (Ourofino Agronegócio), Cravinhos (SP), Brasil. ²Departamento de Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação - PDI (Ourofino Agronegócio), Cravinhos (SP), ³ Consultor Independente em Biológicos.

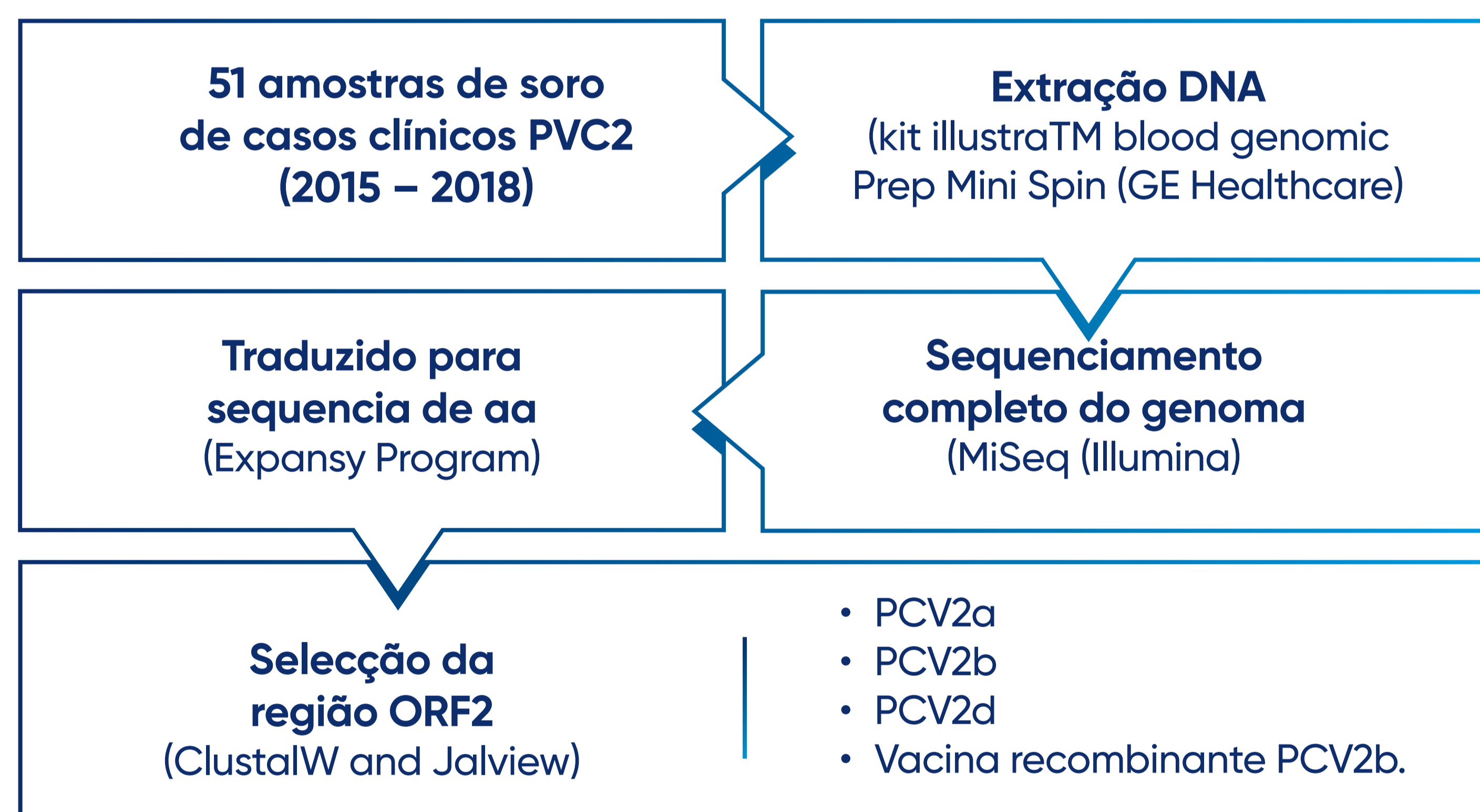
*E-mail autora: andrea.panzardi@ourofino.com

PALAVRAS-CHAVE: circovírus, ORF2, identidade, genótipos, suínos, Brasil. **ÁREA:** Sanidade.

Introdução

O genoma do circovírus é composto por 11 regiões abertas de leitura (Hamel et al., 1998), sendo cinco (5) com atividade biológica (Cruz et al., 2018). A ORF2, gene CAP, é responsável pela codificação da proteína do capsídeo viral, relacionada à produção de anticorpos (Ac). Estas proteínas determinam a antigenicidade do vírus (Guo et al., 2011), sendo identificados nove (9) epítopos (Lekcharoensuk et al., 2004), regiões de reconhecimento de Ac, compostos por aminoácidos (aa) que variam de acordo com o genótipo. Variações pontuais na ORF2 por mutação faz com que haja maior ou menor identidade dos diferentes genótipos, e quando em epítopos responsáveis pela resposta imune, aumenta o risco de falhas vacinais. O objetivo do estudo foi avaliar a identidade da região ORF2 dos genótipos de PCV2b e PCV2d de isolados brasileiros entre 2015 a 2018 frente à região ORF2 da vacina recombinante contendo proteínas do capsídeo de isolado brasileiro PCV2b e a ORF2 de isolado PCV2a.

Material e Métodos



Resultados e Discussão

A vacina recombinante PCV2b de isolado brasileiro apresentou maior identidade aos isolados de PCV2b e PCV2d quando comparado a amostra de PCV2a em ambos anos de análises (Quadro 1). Isto demonstra um distanciamento de identidade do isolado de PCV2a frente as amostras de PCV2b e PCV2d, genótipos estes predominantes em plantéis brasileiros (Panzardi et al., 2019). Este distanciamento está relacionado às mutações pontuais na ORF2 nos diferentes genótipos, fazendo com que haja substituição por resíduos de aa (Gava et al., 2018) com características físico-químicas distintas, podendo impedir a ligação antígeno-Ac, possibilitando maior risco de falha vacinal (Huang et al., 2011).

Percentual de Identidade (%)	Sequências (2015-2017) (n= 27)	Sequências 2018 (n= 24)
	Mín. e Máx. identidade (%)	Mín. e Máx. identidade (%)
Percentual (%) de identidade da região ORF2 do PCV2b em relação		
Vacina recombinante PCV2b	98,3% - 99,1%	97,4% - 97,9%
PCV2a	91,4% - 92,7%	90,6% - 91,0%
Percentual (%) identidade da região ORF2 do PCV2d em relação		
Vacina recombinante PCV2b	92,7% - 94%	92,7% - 94,4%
PCV2a	89,7% - 90,6%	89,3% - 91,0%

Quadro 1. Percentual mínimo e máximo de identidade da região ORF2 de genótipos PCV2b e PCV2d frente a vacina recombinante PCV2b e isolado de PCV2a nos anos de 2015-2018.

Conclusão

A região ORF2 da vacina recombinante PCV2b possui um maior percentual de identidade, oferecendo menor risco de falha vacinal, uma vez que os genótipos predominantemente presentes em plantéis brasileiros são os PCV2b e PCV2d.

Referências

Clamp, M.; Cuff, J.; Searle, S. et al. The Jalview Java alignment editor. *Bioinformatics* v.20. p426-427. 2004. Cruz, TF, Magrob, AJ, de Castro, et al. In vitro and in silico studies reveal capsid-mutant Porcine circovirus 2b with novel cytopathogenic and structural characteristic. *Virus Research* 251 (2018) 22-33. Hamel, AL, Lin, LL, Nayar, GP. Nucleotide sequence of porcine circovirus associated with postweaning multisystemic wasting syndrome in pigs. 1998. *J. Virol.* 72 (6), 5262-5267p. Guo, L., Fu, Y., Wang, Y. et al. A porcine circovirus type 2 (PCV2) mutant with 234 amino acids in capsid protein showed more virulence in vivo, compared with classical PCV2a/b strain. *PLoS One* 7(7) 2012. Panzardi, A., Faim L, Hirose F, et al. Caracterização e dinâmica de evolução dos diferentes genótipos de circovírus no Brasil ao longo dos anos de 2003 a 2018. *Anais SINSUI* 2019. Huang LP, Lu, YH, Wei, YW, et al. Identification of one critical amino acid that determines a conformational neutralizing epitope in the capsid protein of porcine circovirus type 2, *Microbiology* 2011, 11:188p. Gava, D, Serrão VHB, Fernandes LT, et al. Structure analysis of capsid protein of Porcine circovirus type 2 from pigs with systemic disease. 2018. *Brazilian Journal of Microbiology*. Lekcharoensuk, P, Morozov, I, Paul, PS. et al. Epitope mapping of the major capsid protein of type 2 porcine circovirus (PCV2) by using chimeric PCV1 and PCV2. *J. Virol.* 78 (15), 8135-8145. 2004