

043

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE ISOLADOS BRASILEIROS DE CIRCOVÍRUS SUÍNO TIPO 2. *Carine Lidiane Holz, Diogenes Dezen, Thais Fumaco Teixeira, Suzana Pereira de Melo Borges Caixeta, Samuel Paulo Cibulski, Frans Rijsewijk, Paulo Michel Roehe (orient.) (UFRGS).*

O Circovírus suíno tipo 2 (PCV2) é um membro da família *Circoviridae*. O vírus possui capsídeo icosaédrico, não envelopado, medindo 17 nm de diâmetro e um genoma circular de DNA fita simples de 1,76 kb. O PCV2 é um patógeno largamente distribuído no rebanho suíno mundial, sendo associado à Síndrome multisistêmica do definhamento do leitão (PMWS) e à Síndrome dermatite nefropatia (PDNS), estas hoje englobadas no termo "Circovirose", enfermidade esta tida presentemente como o mais importante problema sanitário da suinocultura industrial. Estudos moleculares determinaram o grau de variabilidade genética do PCV2, identificando pequenas variações associadas com a origem geográfica das amostras. Essas diferenças podem ter implicações nas características imuno-patogênicas das amostras de PCV2 isoladas no Brasil. O presente trabalho visa traçar o perfil genético de isolados brasileiros de PCV2. Para isto, amostras de DNA de tecidos de animais com Circovirose clinicamente evidente foram submetidas à reação de amplificação por círculo rolante com múltiplos primers (MPRCA). O produto da MPRCA foi clivado com *EcoRI*. Segmentos de 1,7 kb, resultantes da clivagem, foram clonados e seqüenciados. Dois clones do genoma do PCV2 foram completamente seqüenciados, sendo que as seqüências obtidas apresentaram homologia de 95 % a 99,8 % com seqüências publicadas de PCV2. A construção de uma árvore filogenética sem raiz das amostras seqüenciadas e de seqüências já publicadas, permitiu o agrupamento dos isolados pela origem geográfica. Estudos para analisar outros segmentos de DNA amplificados por MPRCA na busca de outros possíveis agentes associados à patogenia da síndrome estão em andamento. (BIC).