Imunologia & Doenças Infecciosas e Parasitárias

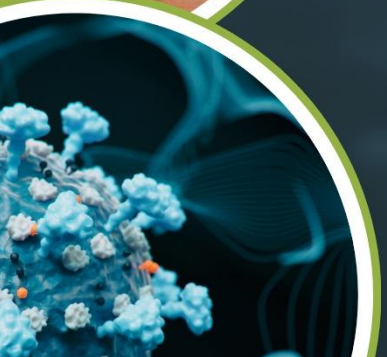
EDIÇÃO X

Capítulo 12

SÍNDROME REPRODUTIVA E RESPIRATÓRIA SUÍNA: ASPECTOS VIROLÓGICOS, EPIDEMIOLÓGICOS E DE CONTROLE







ARTHUR MASAHARU DA NÓBREGA BATISTA[1]
MATEUS MARQUES DO NASCIMENTO[1]
THAYS YURIANNE MARQUES FREIRE[1]
RODRIGO FERREIRA OLIVEIRA[1]
MATEUS FREIRE PINTO DE ANDRADE AGUIAR[1]
MIRIÃ MAMEDE NORONHA DE SOUZA[2]
INGRID LISBOA DUTRA[1]
LAURA BEATRIZ TRAJANO DE MEDEIROS[1]
DANIELLE JAMILY DE OLIVEIRA COSTA[1]
ALANA AGUDELO DE CARVALHO[1]
AYONNA SAVANA FERNANDES LINHARES[1]
JUAN MATHEUS HENRIQUE CARVALHO[1]
GABRIELA CRISTINA DE OLIVEIRA GOUVEIA[3]
ROBERTA CRISTINA DA ROCHA-E-SILVA[4]
VITÓRIA VIVIANE FERREIRA DE AQUINO[4]

1. Discente – Medicina Veterinária da Universidade Federal de Campina Grande.
2. Discente - Programa de Pós-Graduação em Ciência e Saúde Animal – Universidade Federal de Campina Grande.
3. Discente - Medicina Veterinária do Centro Universitário de João Pessoa – UNIPÊ.
4. Docente - Unidade Acadêmica de Medicina Veterinária da Universidade Federal de Campina Grande.

Palavras-chave: *Biosseguridade; SRRS; Vigilância Epidemiológica.*

DOI 10.59290/2008612001

EDITORA PASTEUR

INTRODUÇÃO

A síndrome reprodutiva e respiratória suína (SRRS) é uma doença cuja notificação é obrigatória e imediata ao serviço veterinário oficial (SVO) em quaisquer casos suspeitos, uma vez que é uma patologia altamente infectocontagiosa caracterizada por taxas de letalidade e morbidade elevadas, além de causar prejuízos econômicos aos produtores (BRASIL, 2021).

O Brasil está entre os países onde essa doença nunca foi registrada. Por isso, torna-se essencial adotar rigorosas práticas de controle e prevenção, garantindo a manutenção desse status e evitando a ocorrência de notificações de casos (BRASIL, 2021).

O objetivo deste estudo foi abordar a SRRS, destacando os aspectos etiológicos, clínicos e epidemiológicos, bem como os impactos econômicos e sinais clínicos associados à enfermidade, além das medidas de biosseguridade e controle.

MÉTODO

Este estudo foi desenvolvido por meio de uma revisão bibliográfica, utilizando publicações disponíveis entre 2020 e 2025. As buscas foram realizadas nas bases de dados *Google Scholar*, Scopus, PubMed, SciELO, *Web of Science* e *ScienceDirect*. Essas bases de dados foram selecionadas por abrangerem periódicos indexados nas áreas de medicina veterinária, virologia e epidemiologia, permitindo a integração de evidências clínicas, moleculares e sanitárias relevantes para a compreensão da SRRS e de sua dinâmica de disseminação em sistemas de produção suinícola.

A pesquisa utilizou as seguintes palavras-chave, em português, espanhol e inglês: "Síndrome Reprodutiva e Respiratória dos Suínos", "SRRS", "*Síndrome Reproductivo y Respiratorio Porcino*", "*Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome*", "PRRS", "*PRRS virus*" e "PRRSV". Houve predominância de estudos em inglês (16), com menor número de fontes em espanhol (4) e português (3). A proporção de idiomas dos estudos incluídos está representada na **Figura 12.1**.

Foram incluídos estudos que abordavam aspectos etiológicos, clínicos, epidemiológicos e de controle da SRRS. Foram excluídos artigos de revisão, estudos anteriores ao período estabelecido e trabalhos sem delineamento metodológico explícito e publicações que não contribuíssem para a análise crítica do tema. Após a avaliação das fontes consultadas, foram selecionados 20 artigos originais de pesquisa, dois sites oficiais e uma tese de doutorado que abordam, de forma direta, os aspectos etiológicos, clínicos, epidemiológicos e as estratégias de controle da SRRS. A seleção final considerou a relevância do conteúdo, a clareza metodológica e a capacidade das fontes em representar o estado atual do conhecimento sobre o PRRSV. A composição das fontes bibliográficas utilizadas, segundo sua natureza, está ilustrada na **Figura 12.2**.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Agente etiológico

A SRRS é uma enfermidade ocasionada pelo vírus *Arterivirus* da família Arteriviridae, a qual possui os suínos domésticos e asselvajados como espécies suscetíveis, independentemente de raça, idade e gênero (BRASIL, 2021).

O vírus tem predileção por macrófagos alveolares suínos, com potencial capacidade de replicação nessas células e em MA-104, isto é, células de rins de macaco verde africano (MEI *et al*., 2025).

Figura 12.1 Distribuição dos idiomas das fontes bibliográficas selecionadas (percentuais arredondados para uma casa decimal)

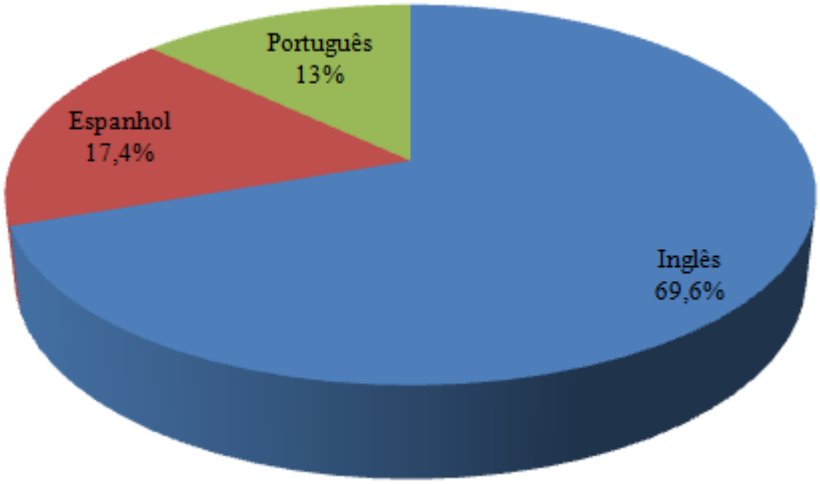
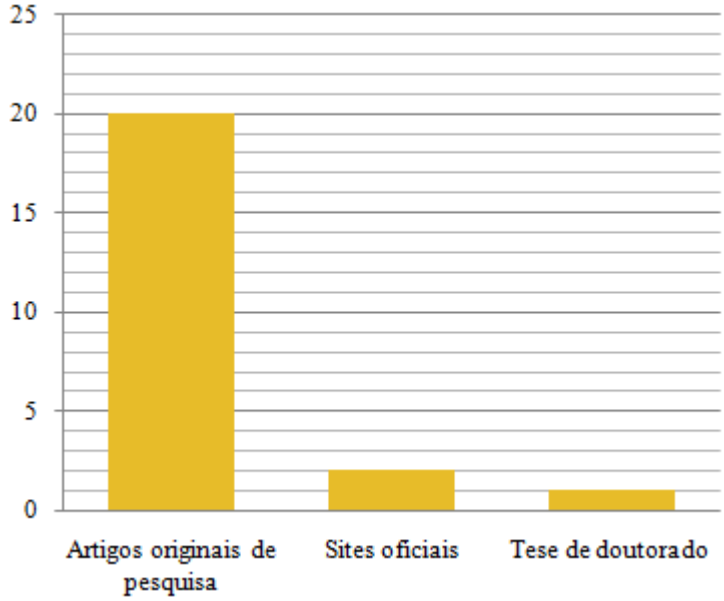


Figura 12.2 Quantidade de fontes bibliográficas incluídas na revisão, segundo o tipo de publicação



Os estudos mais recentes mostram que o PRRSV depende de mecanismos especiais para copiar seu material genético. Uma das descobertas é que o vírus possui uma helicase própria (nsp10) e, além disso, utiliza uma helicase da célula hospedeira (DDX18). As duas atuam juntas para desfazer uma estrutura específica do RNA viral, chamada G4, que tende a se dobrar sobre si mesma e dificultar a replicação. Quando essa estrutura é estabilizada por certos compostos, a multiplicação do vírus diminui, o que indica que o G4 e as helicases envolvidas podem se tornar alvos importantes para futuros antivirais (FANG *et al*., 2023).

Foram descobertos vários vírus recombinantes com outras cepas de PRRSV, como NADC30-like, NADC34-like e HP-PRRSV, indicando que a gravidade da doença varia muito a depender da recombinação viral e evidenciando que a cepa *NADC34-like* se mostrou altamente patogênica para porcas prenhes (MEI

et al., 2025). Foi notada uma prevalência da linhagem HP-PRRSV no sudoeste da China, especificamente na província de Sichuan (JIANG *et al*., 2023).

Epidemiologia

A circulação do vírus da SRRS, especificamente do genótipo tipo 2 predominante na América do Norte, foi amplamente detectada na região de Baja, mesmo em animais que não apresentavam sintomas clínicos aparentes (GÓMEZ-GÓMEZ *et al*., 2021).

A introdução de PRRSV selvagem em suínos de terminação, oriundos de rebanhos previamente negativos ou estáveis, é um evento frequente em regiões de alta densidade suinícola no Meio-Oeste dos Estados Unidos. A concentração das infecções entre a metade e o final do período de crescimento sugere relação com práticas de manejo específicas nessa fase, e não um processo aleatório. A detecção da cocirculação entre vírus vacinais e selvagens ressalta a importância de considerar esse cenário na formulação de programas de vigilância (ANGULO *et al*., 2023).

É fundamental realizar pesquisas epidemiológicas prospectivas que possibilitem avaliar a frequência da infecção, reconhecer os fatores de risco envolvidos e determinar a dimensão do problema, servindo de base para a formulação de medidas eficazes de controle e prevenção (GÓMEZ-GÓMEZ *et al*., 2021).

Considerando a ampla variabilidade genética do vírus em circulação, especialmente em regiões como a China, recomenda-se a adoção de protocolos integrados que combinem a vacinação com outras estratégias de manejo, a fim de promover maior segurança sanitária aos planteis suínos (CHAI *et al*., 2020).

Hospedeiros

A avaliação de características reprodutivas em matrizes suínas infectadas pelo vírus da SRRS tem revelado indícios de influência genética sobre a resposta individual à infecção. Estudos genômicos identificaram regiões do DNA associadas ao número de leitões nascidos vivos nos primeiros partos, sugerindo que fatores hereditários desempenham papel relevante nesse contexto. Dentro dessas regiões, foram validados oito polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), os quais apresentaram associação significativa com o desempenho reprodutivo (AGUILAR-TREJO *et al*., 2020).

A identificação de marcadores genéticos associados a maior resistência torna possível a seleção de reprodutores com melhor desempenho imunológico. Essa estratégia de seleção pode reduzir as perdas por mortalidade e fortalecer a resposta do rebanho diante de surtos de PRRSV, contribuindo para animais naturalmente mais competentes do ponto de vista imune (TARRÉS *et al*., 2024).

Parte desses marcadores possui função conhecida, enquanto outros estão situados em posições genômicas de interesse. Considerando esse potencial, os SNPs são candidatos promissores para inclusão em programas de seleção genética assistida, com foco na melhoria da eficiência reprodutiva de porcas sob desafio infeccioso por SRRS. Contudo, para consolidar esses achados, é essencial realizar novas análises que confirmem a funcionalidade dos marcadores identificados e sua aplicabilidade em diferentes linhagens suínas (AGUILAR-TREJO *et al*., 2020).

Pesquisas recentes indicam que porcas mais jovens, especialmente as de primeiras paridades, costumam permanecer detectáveis por mais tempo após o contato com o vírus. A queda na presença do RNA viral ao longo das semanas acontece de forma geral, mas é mais lenta nas fêmeas com menos partos acumulados. Outro ponto observado é que o estágio produti-

vo no qual a matriz se encontra interfere na facilidade de identificar o vírus. Em momentos em que o rebanho registra poucos animais positivos, as matrizes na fase de maternidade geralmente apresentam maior chance de detecção do PRRSV do que aquelas em fases como gestação ou reprodução (LI *et al*., 2025).

Sinais clínicos

A SRRS é caracterizada por promover alterações respiratórias e reprodutivas em fêmeas reprodutoras, onde inicia pelos sinais de inapetência seguido por uma evolução rápida em pneumonia e alterações do sistema reprodutor dos animais acometidos, destacando abortos, natimortos ou nascimento de leitões debilitados (MEI *et al*., 2025).

O desempenho reprodutivo de matrizes é consideravelmente impactado negativamente pela infecção, promovendo alterações na duração da gestação e redução no número total de leitões nascidos. Em animais não expostos ao agente, observa-se uma tendência oposta, com maior eficiência reprodutiva. A presença do vírus, portanto, está relacionada a desequilíbrios nos parâmetros gestacionais, ainda que o parto prematuro não se configure necessariamente como manifestação frequente. Há indícios de que a recuperação produtiva pode ocorrer à medida que os animais desenvolvem resposta imune frente à infecção (LUCHO-CERGA *et al.*, 2020).

Em animais jovens, a doença pode se manifestar de forma diferente, sendo possível observar sintomatologia respiratória, como tosse, espirros, dispneia e baixo desenvolvimento (CASTRO *et al*., 2024).

Transmissão

A transmissão pode ocorrer via direta, por meio do contato oronasal entre os animais infectados, secreções e excreções, sangue sêmen e aerossois, ou via indireta mediante a alimentos e água contaminados, fômites, materiais, vestuários ou por vetores como as moscas. Ainda assim, é relatada transmissão via placenta para o leitão, ou ainda através de fluidos testiculares de leitões machos castrados com idade entre 3 e 5 dias (MEI *et al*., 2025).

Também há relatos de falhas nos sistemas de monitoramento, visto que parte dos rebanhos infectados não é identificada. Isso revela que a doença se mantém em circulação silenciosa, sustentada por infecções ocultas que passam despercebidas pelas ferramentas atuais de vigilância (CHANG *et al*., 2025). Se o vírus não for contido, torna-se inevitável o risco do surgimento de novas variantes com maior eficiência na infecção de suínos (CLILVERD *et al*., 2024).

Patogenia

O PRRSV possui tropismo por macrófagos alveolares, caracterizados por desempenhar importantes funções no controle imunológico do organismo. Uma vez adentrando nessa célula, o patógeno não só promove sua destruição, mas também provoca a consolidação de uma pneumonia intersticial, além de predispor o animal a infecções secundárias devido à imunodeficiência causada por essa doença. Sua permanência no sangue varia de acordo com a resposta imunológica do animal, aos quais conseguem persistir por várias semanas mesmo na presença de anticorpos anti-PRRSV, levando a uma taxa de eliminação prolongada em torno de 5 meses após a infecção (MEI *et al*., 2025).

Cepas de alta virulência replicam-se mais eficientemente, provocando lesões pulmonares mais severas com consequente resposta inflamatória mais intensa e precoce. A infecção suprime a resposta imune, facilitando infecções bacterianas secundárias, porém ainda assim é possível observar a recuperação das populações

de macrófagos e funções biológicas cerca de um mês após a infecção (CARVAJAL, 2020).

Diagnóstico

Os fluidos orais/pulpares são um material confiável para a vigilância do PRRSV em rebanhos com alta circulação viral, sendo recomendado seu uso, preferencialmente combinado com soro sanguíneo, para monitoramento e classificação epidemiológica de granjas ativamente infectadas (TONNI *et al*., 2023).

Protocolos diagnósticos baseados na amplificação do gene ORF7, que codifica a proteína da nucleocapsídeo do PRRSV, têm mostrado boa sensibilidade para detecção viral. No entanto, iniciadores comumente utilizados não permitem a diferenciação entre espécies virais nem fornecem dados filogenéticos consistentes, sendo mais adequados para diagnóstico direto do que para análises evolutivas (NALVARTE *et al*., 2022).

Apesar de ser útil na detecção da infecção pelo vírus causador da SRRS, o método ELISA apresenta limitações quando o objetivo é avaliar a resposta imune do animal, uma vez que os resultados obtidos não refletem com precisão os níveis de anticorpos neutralizantes (LI *et al*., 2025).

Controle e prevenção

Entre as medidas de controle já conhecidas, o despovoamento e repovoamento de rebanhos se destaca pela capacidade de reduzir rapidamente a prevalência observada. No entanto, por não atingir os focos invisíveis de infecção, sua efetividade sobre a transmissão real é limitada. Há a necessidade de uma abordagem mais ampla e integrada, que combine ações complementares. Entre elas, destacam-se a ampliação da vigilância ativa com testagens mais frequentes, a concentração de esforços em regiões reconhecidamente mais vulneráveis e o fortalecimento das barreiras comerciais com base em risco, a fim de proteger áreas ainda livres de SRRS (CHANG *et al*., 2025).

No Brasil, o manejo sanitário das granjas de suínos segue regras próprias que definem o que cada criador precisa fazer para manter seus animais protegidos contra enfermidades. Essas orientações abrangem desde a rotina de inspeção até os critérios que granjas de reprodutores devem cumprir para comprovar sua condição sanitária. Esse conjunto de procedimentos está organizado no Programa Nacional de Sanidade Suídea (PNSS), regulamentado pela Instrução Normativa nº 47/2004, que estabelece como o governo monitora e fiscaliza as propriedades. O foco principal do programa é impedir a entrada de agentes infecciosos ainda ausentes no país e manter sob vigilância aqueles já existentes, garantindo padrões mínimos de segurança para toda a cadeia produtiva (BRASIL, 2020).

Informações obtidas em campo podem ser incorporadas a modelos econômicos com o objetivo de orientar a tomada de decisão em relação ao uso da vacinação contra a SRRS como medida preventiva. Ainda que a vacinação de matrizes isoladamente não tenha demonstrado impacto estatisticamente significativo, estratégias que envolvem a imunização tanto de fêmeas quanto de leitões tendem a gerar melhores resultados produtivos e econômicos ao longo do ciclo de produção (QUEZADA-FRAIDE *et al*., 2021).

A variante do vírus da SRRS semelhante à NADC30, classificada como moderadamente virulenta, foi utilizada para comparar a eficácia de duas vacinas comerciais. Entre elas, a vacina baseada na cepa VR2332 demonstrou maior capacidade de proteção cruzada que a vacina baseada na cepa TJM-F92, refletida em melhores índices de desempenho zootécnico, menor pro-

porção de animais com viremia e menor gravidade de lesões pulmonares observadas em condições experimentais (CHAI *et al*., 2020).

Avanços nas tecnologias moleculares têm possibilitado a identificação de variações genéticas associadas a características produtivas e fisiológicas em suínos, como ganho de peso e controle térmico. Alguns desses marcadores apresentam potencial para serem incorporados a programas de seleção assistida por marcadores, contribuindo para melhorar a resposta imunológica à vacinação contra enfermidades infecciosas que afetam a espécie, como a SRRS (QUIÑONES-CHAYREZ *et al*., 2023).

Determinadas regiões genômicas demonstraram associação com a resposta imunológica à vacinação contra o vírus da SRRS, especialmente no que diz respeito à razão S/P. Embora a homozigosidade e heterozigosidade totais não se correlacionem diretamente com essa variável, áreas específicas do genoma parecem influenciar essa resposta, possivelmente por seleção ou vantagem heterozigótica. Algumas dessas regiões também se relacionam ao desempenho reprodutivo, indicando que a razão S/P pode ser utilizada como critério complementar em programas de seleção genética. A identificação de mecanismos moleculares envolvidos na resposta imune reforça o potencial de integrar dados genômicos na melhoria simultânea da imunidade e da eficiência reprodutiva (SANGLARD *et al*., 2021).

A capacidade genética de resposta à vacinação contra o PRRSV demonstra um nível moderado de herdabilidade, o que significa que essa característica pode ser transmitida entre gerações. Além disso, essa resposta imunológica está ligada positivamente ao desempenho reprodutivo das porcas comerciais, influenciando indicadores como o número de leitões vivos e a mortalidade em diferentes parições. Algumas regiões do DNA, especialmente aquelas envolvidas na regulação do sistema imunológico, desempenham um papel importante na variação dessas características (SANGLARD *et al*., 2020).

Portanto, a seleção genética direcionada para melhorar a reação imunológica à vacina pode trazer benefícios indiretos na eficiência reprodutiva dos animais. É importante destacar que esses efeitos podem variar dependendo do momento reprodutivo, e que, de modo geral, essa abordagem não parece comprometer o desempenho reprodutivo. Para fortalecer essas conclusões, novas pesquisas são essenciais, avaliando diferentes populações e fases da vida reprodutiva, bem como a melhor forma e tempo para medir a resposta imunológica (SANGLARD *et al*., 2020).

CONCLUSÃO

A SRRS figura entre as doenças virais mais complexas da suinocultura moderna, não apenas por sua elevada transmissibilidade, mas principalmente pela intensa variabilidade genética do PRRSV. A coexistência de múltiplas linhagens, a recombinação entre cepas vacinais e selvagens e a emergência contínua de variantes como *NADC30-like*, *NADC34-like* e HP-PRRSV impõe limites claros às estratégias tradicionais de controle, exigindo uma abordagem que reconheça a natureza dinâmica da infecção.

Avanços recentes em diagnóstico molecular, vigilância por fluidos orais e monitoramento genômico ampliaram a capacidade de detectar circulação viral silenciosa, enquanto a incorporação de marcadores genéticos associados à resposta imune e ao desempenho reprodutivo aponta para novas possibilidades de controle baseadas em seleção genética e melhor direcionamento vacinal.

Para países oficialmente livres, como o Brasil, esses achados reforçam que a ausência do

vírus depende de vigilância contínua, biossegurança rigorosa e sistemas diagnósticos sensíveis, especialmente diante da circulação internacional de variantes recombinantes. Assim, o enfrentamento efetivo da SRRS requer a integração entre vigilância epidemiológica, vacinação estratégica, genética e políticas sanitárias baseadas em risco, como forma de proteger a estabilidade sanitária e econômica da suinocultura.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUILAR-TREJO, C.M. *et al*. Polymorphisms associated with the number of live-born piglets in sows infected with the PRRS virus in southern Sonora Mexico. Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias, v. 11, p. 828, 2020. doi: 10.22319/rmcp.v11i3.5002.

ANGULO, J. *et al*. Infection dynamics and incidence of wild-type porcine reproductive and respiratory syndrome virus in growing pig herds in the U.S. Midwest. Preventive Veterinary Medicine, v. 217, p. 105976, 2023. doi: 10.1016/j.prevetmed.2023.105976.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Pecuária. Programa Nacional de Sanidade Suídea (PNSS). Brasília, 2020.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Pecuária. Síndrome reprodutiva e rspiratória dos suínos (PRRS). Brasília, 2021.

CARVAJAL, J.M.S. El papel del CD163 y otros biomarcadores de interés en la inmunopatogenia del PRRSV-1 a nivel pulmonar [tese]. Córdoba: Universidad de Córdoba, 2020.

CASTRO, J. *et al*. Coinfecção pelo vírus da síndrome respiratória e reprodutiva dos suínos (PRRSV), Actinobacillus pleuropneumoniae, Pasteurella multocida e Streptococcus suis 2: relato de um caso numa exploração familiar de suínos em Portugal. Revista Portuguesa de Ciências Veterinárias, v. 119, p. 625, 2024.

CHAI, W. *et al*. Efficacy of two porcine reproductive and respiratory syndrome (PRRS) modified-live virus (MLV) vaccines against heterologous NADC30-like PRRS virus challenge. Veterinary Microbiology, v. 248, p. 108805, 2020. doi: 10.1016/j.vetmic.2020.108805.

CHANG, Y. *et al*. Modelling PRRS transmission between pig herds in Denmark and prediction of interventions impact. Preventive Veterinary Medicine, v. 245, p. 106692, 2025. doi: 10.1016/j.prevetmed.2025.106692.

CLILVERD, H. *et al*. Selection of viral variants with enhanced transmission and reduced neutralization susceptibility alongside lateral introductions may explain the persistence of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in vaccinated breeding herds. Virus Evolution, v. 10, veae041, 2024. doi: 10.1093/ve/veae041.

FANG, P. *et al*. Unfolding of an RNA G-quadruplex motif in the negative strand genome of porcine reproductive and respiratory syndrome virus by host and viral helicases to promote viral replication. Nucleic Acids Research, v. 51, p. 10752, 2023. doi: 10.1093/nar/gkad759.

GÓMEZ-GÓMEZ, S.D. *et al*. Detection of porcine reproductive and respiratory syndrome in porcine herds of Baja California, Mexico. Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias, v. 12, p. 1317, 2021. doi: 10.22319/rmcp.v12i4.5778.

JIANG, D. *et al*. Epidemiological investigation and pathogenicity of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in Sichuan, China. Frontiers in Microbiology, v. 14, p. 1241354, 2023. doi: 10.3389/fmicb.2023.1241354.

LI, C. *et al*. Detection and comparison of sow serum samples from herds regularly mass vaccinated with porcine reproductive and respiratory syndrome modified live virus using four commercial enzyme-linked immunosorbent assays and neutralizing tests. Veterinary Sciences, v. 12, p. 502, 2025. doi: 10.3390/vetsci12050502.

LI, P. *et al*. Characterizing dynamics of PRRSV RNA positivity over time in sows after live virus exposure and associated risk factors based on TOSc samples. BMC Veterinary Research, v. 21, p. 658, 2025. doi: 10.1186/s12917-025-04778-w.

LUCHO-CERGA, M.E. *et al*. Comportamiento reproductivo en granjas porcinas seropositivas al virus del síndrome reproductivo y respiratorio porcino (VPRRS). Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú, v. 31, e17550, 2020. doi: 10.15381/rivep.v31i1.17550.

MEI, Y. *et al*. Porcine reproductive and respiratory syndrome virus prevalence and pathogenicity of one NADC34-like virus isolate circulating in China. Microorganisms, v. 13, p. 796, 2025. doi: 10.3390/microorganisms13040796.

NALVARTE, R.C. *et al*. Caracterización molecular del síndrome respiratorio y reproductivo porcino (PRRS) del gen de la nucleocápside ORF 7 en granjas porcinas de Lima, Perú. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú, v. 33, e21638, 2022. doi: 10.15381/rivep.v33i6.21638.

QUEZADA-FRAIDE, E.A. *et al*. Desempeño productivo y costos de granjas porcinas con diferentes protocolos de vacunación al virus del PRRS. Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias, v. 12, p. 205, 2021. doi: 10.22319/rmcp.v12i1.5377.

QUIÑONES-CHAYREZ, K.M. *et al*. Molecular markers associated with response to vaccination against porcine reproductive and respiratory syndrome virus in a commercial swine farm from southern Sonora. Veterinaria México OA, v. 10, p. 1164, 2023. doi: 10.22201/fmvz.24486760e.2023.1164.

SANGLARD, L.P. *et al*. Genetic analysis of antibody response to porcine reproductive and respiratory syndrome vaccination as an indicator trait for reproductive performance in commercial sows. Frontiers in Genetics, v. 11, p. 1011, 2020. doi: 10.3389/fgene.2020.01011.

SANGLARD, L.P. *et al*. Further host-genomic characterization of total antibody response to PRRSV vaccination and its relationship with reproductive performance in commercial sows: genome-wide haplotype and zygosity analyses. Genetics Selection Evolution, v. 53, p. 91, 2021. doi: 10.1186/s12711-021-00676-5.

TARRÉS, J. *et al*. Insights into genetic determinants of piglet survival during a PRRSV outbreak. Veterinary Research, v. 55, p. 160, 2024. doi: 10.1186/s13567-024-01421-8.

TONNI, M. *et al*. PRRS monitoring by processing fluids on Italian swine breeding farms. Animals, v. 13, p. 1946, 2023. doi: 10.3390/ani13121946.