Cirkowirusy świń należą do rodziny *Circoviridae*. Są to małe, nieposiadające otoczki wirusy zbudowane z pojedynczej nici DNA. Ich charakterystyczną cechą jest duża zmienność genetyczna. Cirkowirusy świń różnią się patogennością. Typ 1, PCV1, jest niepatogenny dla świń, natomiast typ 2, PCV2, jest głównym czynnikiem etiologicznym choroby związanej z PCV2 (PCV2 associated diseases - PCVD), obejmującej zakażenia systemowe, objawy ze strony układu pokarmowego i oddechowego. Obecnie coraz większym problemem w produkcji trzody chlewnej są powodowane przez PCV2 zakażenia subkliniczne, przebiegające bez specyficznych objawów. Obecnie, ze względu na wzrost znaczenia zakażeń subklinicznych, ilościowy Real Time PCR jest częściej stosowaną metodą diagnostyki PCVD. Cirkowirus świń typ 3 (PCV3) jest nowym patogenem wykrytym w USA, Chinach i Polsce. Prawdopodobnie PCV3 może przyczyniać się do występowania zespołu skórno-nerkowego świń (PDNS), zaburzeń w rozrodzie, chorób układu oddechowego i zakażeń wielonarządowych, jednak wirus nigdy nie był wyizolowany *in vitro* i, jak do tej pory, nie zostały przeprowadzone żadne doświadczalne zakażenia. Nie opracowano także metod diagnostyki zakażeń PCV3. Podczas pilotażowych badań przeprowadzonych w Polsce, PCV3 został wykryty na kilku fermach bez widocznych problemów zdrowotnych. Wykazano także zmienność genetyczną w obrębie analizowanych szczepów. Obecnie prawdziwa rola nowoodkrytego wirusa pozostaje niewyjaśniona, a dane na temat zmienności genetycznej, prewalencji oraz krążenia PCV3 są nieliczne.

Badania będą zrealizowane w oparciu o istniejącą współpracę z laboratoriami diagnostycznymi i lekarzami weterynarii, opiekującymi się fermami trzody chlewnej w Polsce. Badania będą obejmowały cele badawcze, takie jak ocena prewalencji i cyrkulacji PCV3 na fermach świń o różnym statusie zdrowotnym, opracowanie metod diagnostyki zakażeń PCV3, określenie częstości występowania koinfekcji PCV3, PCV2 i PRRSV oraz określenie zmienności genetycznej PCV3 na polskich fermach świń.

Badane będą archiwalne próbki zebrane w latach 2013-2017. W zadaniu 1 planujemy opracować i zwalidować ilościowy Real Time PCR (qPCR) do wykrywania PCV3. Zadanie 2 będzie obejmować badanie krążenia PCV3 na polskich fermach świń. Zadanie 3 polegać będzie na analizie zmienności genetycznej PCV3 w Polsce. Planowane jest sekwencjonowanie całego genomu PCV3 przy użyciu metody Sangera oraz analiza filogenetyczna uzyskanych sekwencji.

Proponowane przez nas badania mają charakter nowatorski i dostarczą wartościowych z naukowego i praktycznego punktu widzenia danych, umożliwiających sprawniejsze wykrywanie zakażeń PCV3 oraz ułatwiających interpretację wyników badań diagnostycznych. Poszerzą naszą wiedzę na temat prewalencji i zmienności genetycznej PCV3 w Polsce oraz dostarczą ważnych informacji na temat potencjalnej patogenności nowoodkrytego wirusa. Wyniki tych pionierskich badań będą miały duże znaczenie dla Polski i świata, ponieważ dostarczą danych uzupełniających globalną wiedzę na temat roli i ewolucji PCV3.