

UNIVERSIDADE PAULISTA- UNIP
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO *STRICTU SENSU* EM
PATOLOGIA AMBIENTAL E EXPERIMENTAL

DÉBORA R. MEDEIROS MATIAS

**Ausência de detecção molecular de *Porcine parvovirus 4* (PPV4) em
queixadas (*Tayassu pecari*) de vida livre em áreas com diferentes
pressões antrópicas do estado de São Paulo.**

SÃO PAULO

2026

DÉBORA R. MEDEIROS MATIAS

Ausência de detecção molecular de *Porcine parvovirus 4* (PPV4) em queixadas (*Tayassu pecari*) de vida livre em áreas com diferentes pressões antrópicas do estado de São Paulo.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Patologia Ambiental e Experimental da Universidade Paulista – UNIP, para a obtenção do título de Mestre em Patologia Ambiental e Experimental.

Orientadora: Profa. Dra. Alessandra Marnie Martins Gomes de Castro.

SÃO PAULO

2026

DÉBORA R. MEDEIROS MATIAS

Ausência de detecção molecular de *Porcine parvovirus 4* (PPV4) em queixadas (*Tayassu pecari*) de vida livre em áreas com diferentes pressões antrópicas do estado de São Paulo.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Patologia Ambiental e Experimental da Universidade Paulista – UNIP, para a obtenção do título de Mestre em Patologia Ambiental e Experimental.

Orientadora: Profa. Dra. Alessandra Marnie Martins Gomes de Castro.

Aprovado em: ____/____/____

BANCA EXAMINADORA

_____/____/____

Prof^a. Dr^a. Alessandra Marnie Martins Gomes de Castro
Universidade Paulista – UNIP

_____/____/____

Prof^a. Dr^a. Maria Anete Lallo
Universidade Paulista – UNIP

_____/____/____

Prof^a. Dr^a. Adriana Cortez
Universidade de Santo Amaro- UNISA

Agradecimentos

O mestrado raramente é uma jornada solitária, o meu com certeza, não foi. Esta dissertação é também o resultado de tudo que aprendi, recebi e fui encorajada a ser ao longo desses anos.

À minha orientadora, Alessandra M. M. G. de Castro, cuja presença foi muito mais do que orientação acadêmica. Desde o início, soube enxergar potencial onde eu ainda via dúvidas, e conduziu este trabalho com rigor, sensibilidade e uma generosidade que me transformou. Foi ela quem me ensinou, na prática, o que significa fazer ciência com comprometimento, mas também quem me mostrou que crescer como pesquisadora e crescer como pessoa são caminhos que andam juntos. Sou profundamente grata por cada conversa, cada correção e cada voto de confiança.

À Sheila e à Sueli do Laboratório de Biologia Molecular e Sorologia (LABMAS) da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo (FMVZ-USP), que me ensinaram com paciência e generosidade tudo o que foi necessário para construir este projeto. Sem vocês, este trabalho não existiria.

À Universidade Paulista (UNIP), pela estrutura que tornou este percurso possível, e aos professores do Programa de Pós-Graduação em Patologia Ambiental e Experimental, pelas ferramentas que foram fundamentais para a construção deste projeto.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo financiamento por meio de bolsa de estudos, sem o qual a realização desta pesquisa não seria viável.

À minha mãe, Rita, presença constante e inabalável em todos os momentos, cujo amor incondicional e paciência sem medida são meu ponto de partida. À minha namorada, Bruna, pela paciência inegociável e pelo esforço genuíno de tornar os dias mais fáceis mesmo quando tudo parecia pesado demais. Às minhas irmãs, Denise e Dayse, que estiveram comigo nos momentos mais difíceis, cada uma à sua maneira, com presença e uma cumplicidade que vão além do incentivo e que eu nunca vou saber agradecer o suficiente.

A Iuri e a Rebeca, amigos que o mestrado me presenteou, e ao Diego, colega de orientação e parceiro de jornada, cuja ajuda ao longo de todo o processo foi fundamental.

À minha psicóloga, Silvia, pelo espaço de escuta e pelo suporte essencial em uma das fases mais intensas e transformadoras da minha vida.

A todas as mulheres que, de formas distintas, compõem o alicerce sobre o qual me apoiei para chegar até aqui, que a força que cada uma carrega continue inspirando tudo o que ainda está por vir. O meu mais sincero obrigada.

RESUMO

O *Porcine parvovirus 4* (PPV4) é um vírus de DNA fita simples, classificado no gênero *Copiparvovirus*, família *Parvoviridae*. Embora sua patogenicidade ainda não esteja completamente elucidada, o vírus tem sido detectado em diferentes tecidos e associado a coinfeções com outros agentes virais de importância na suinocultura. O queixada (*Tayassu pecari*), ungulado neotropical filogeneticamente próximo aos suídeos domésticos, habita paisagens cada vez mais fragmentadas e sobrepostas a áreas agropecuárias, representando um modelo relevante para investigação da circulação de patógenos na interface silvestre-doméstico. O objetivo do estudo foi investigar a possível presença de PPV4 em populações de *T. pecari* de vida livre em áreas de Mata Atlântica no estado de São Paulo, por meio de PCR convencional qualitativa. Foram analisadas 166 amostras validadas, incluindo soro, fezes e tecidos, provenientes de 66 indivíduos capturados em três unidades de conservação: Parque Estadual da Ilha do Cardoso (PEIC), Parque Estadual da Serra do Mar, Núcleo Santa Virgínia (PESM-SV) e Estação Ecológica de Caetetus (EEC). Todas as amostras foram submetidas a controles endógenos para verificação da integridade do DNA e ausência de inibidores. Nenhuma das 166 amostras analisadas apresentou amplificação compatível com DNA de PPV4, independentemente do tipo de amostra ou da área de origem. Os resultados obtidos indicam que, nas condições avaliadas e dentro dos limites metodológicos do estudo, não foram encontradas evidências da ocorrência de PPV4 nas populações de *T. pecari* analisadas. Esse achado sugere que o vírus está ausente ou ocorre em frequência extremamente baixa nas áreas amostradas. Entretanto, a interpretação desses resultados deve considerar natureza não probabilística da amostragem, a distribuição geográfica dos indivíduos avaliados e a possibilidade de infecções com baixa carga viral ou ocorrência esporádica. Este estudo constitui uma das primeiras investigações direcionadas à pesquisa de PPV4 em *T. pecari* de vida livre, contribuindo para o conhecimento sobre a dinâmica de parvovírus suínos na interface silvestre-doméstico e para o estabelecimento de linhas de base epidemiológicas em fauna neotropical.

Palavras-chave: *Parvovírus Suíno 4*; *Tayassu pecari*; Mata Atlântica; PCR; fauna silvestre; interface silvestre-doméstico.

ABSTRACT

Porcine parvovirus 4 (PPV4) is a single-stranded DNA virus classified in the genus *Copiparvovirus*, family *Parvoviridae*. Although its pathogenicity remains incompletely understood, the virus has been detected in different tissues and associated with coinfections involving other viral agents of importance in swine production. The white-lipped peccary (*Tayassu pecari*), a neotropical ungulate phylogenetically close to domestic suids, inhabits increasingly fragmented landscapes that overlap with agricultural areas, representing a relevant model for investigating pathogen circulation at the wildlife-domestic interface. This study aimed to investigate the possible presence of PPV4 in free-living *T. pecari* population inhabiting Atlantic Forest areas in the state of São Paulo state, Brazil, using conventional qualitative PCR. A total of 166 validated samples, including serum, fecal samples, and tissues, were analyzed from 66 individuals captured in three protected areas: Ilha do Cardoso State Park (PEIC), Serra do Mar State Park – Santa Virgínia Nucleus (PESM-SV), and Caetetus Ecological Station (EEC). All samples were subjected to endogenous controls to verify DNA integrity and the absence of inhibitors. None of the 166 samples analyzed showed amplification compatible with PPV4 DNA, regardless of sample type or sampling location. The results indicate that, under the conditions evaluated and within the methodological limitations of the study, no evidence of PPV4 occurrence was found in the *T. pecari* populations analyzed. This finding suggests that the virus is either absent or occurs at an extremely low frequency in the sampled areas. However, the interpretation of these results should consider the non-probabilistic nature of the sampling design, the geographic distribution of the evaluated individuals, and the possibility of infections with low viral loads or sporadic occurrence. This study represents one of the first investigations specifically focused on PPV4 in free-ranging *T. pecari*, contributing to the understanding of swine parvovirus dynamics at the wildlife–livestock interface and to the establishment of epidemiological baseline data for neotropical wildlife.

Keywords: *Porcine Parvovirus 4*; *Tayassu pecari*; Atlantic Forest; PCR; wildlife-domestic interface.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Representação esquemática das relações filogenéticas e da classificação taxonômica dos <i>Porcine parvovirus</i> (PPV1–PPV8) nos diferentes gêneros da subfamília <i>Parvovirinae</i>	15
Figura 2 – Distribuição geográfica dos países com registros de detecção do <i>Porcine parvovirus</i> 4 (PPV4) reportados na literatura científica.....	19
Figura 3 – Representação esquemática dos principais tecidos e matrizes biológicas nos quais o PPV4 foi detectado em suínos, com base em estudos moleculares previamente publicados.....	20
Figura 4 – Representação esquemática da interface ecológica e epidemiológica entre <i>Tayassu pecari</i> e suínos domésticos, destacando os potenciais fluxos de transmissão viral (<i>spillover</i> e <i>spillback</i>)	23
Figura 5 – Fluxograma das etapas metodológicas para detecção de <i>Porcine parvovirus</i> 4 (PPV4) em amostras de <i>Tayassu pecari</i>	25
Figura 6 – Mapa das áreas de coleta no estado de São Paulo e distribuição das amostras biológicas (soro, tecido e fezes) obtidas de <i>Tayassu pecari</i>	26
Figura 7 – Validação molecular das amostras analisadas para detecção de <i>Porcine parvovirus</i> 4 (PPV4), evidenciando integridade do DNA, ausência de inibidores da PCR e resultado negativo para o vírus nas 166 amostras validadas.....	30

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABIEPCS – Associação Brasileira da Indústria Produtora e Exportadora de Carne Suína

ABPA – Associação Brasileira de Proteína Animal

CEUA – Comitê de Ética no Uso de Animais

DNA – Ácido desoxirribonucleico (*Deoxyribonucleic acid*)

EEC – Estação Ecológica de Caetetus

GPS – Sistema de Posicionamento Global (*Global Positioning System*)

ICTV – Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (*International Committee on Taxonomy of Viruses*)

IUCN – União Internacional para a Conservação da Natureza (*International Union for Conservation of Nature*)

NGS – Sequenciamento de nova geração (*Next-Generation Sequencing*)

NS1 – Proteína não estrutural 1 (*Non-structural protein 1*)

OR – Razão de chances (*Odds Ratio*)

pb – Pares de bases

PCV2 – Circovírus Suíno 2 (*Porcine circovirus 2*)

PCV3 – Circovírus Suíno 3 (*Porcine circovirus 3*)

PCVAD – Doença associada ao Circovírus Suíno (*Porcine Circovirus Associated Disease*)

PCR – Reação em cadeia da polimerase (*Polymerase Chain Reaction*)

PEIC – Parque Estadual da Ilha do Cardoso

PESM-SV – Parque Estadual da Serra do Mar – Núcleo Santa Virgínia

PPV – Parvovírus Suíno (*Porcine parvovirus*)

PPV1–PPV8 – Parvovírus Suíno genótipos 1 a 8 (*Porcine parvovirus 1–8*)

PPV4 – Parvovírus Suíno 4 (*Porcine parvovirus 4*)

PRDC – Complexo de Doenças Respiratórias Suínas (*Porcine Respiratory Disease Complex*)

PRRSV – Vírus da Síndrome Reprodutiva e Respiratória Suína (*Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus*)

qPCR – PCR quantitativa em tempo real (*Quantitative Real-Time PCR*)

SISBIO – Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade

SMEDI – Natimortos, mumificação, morte embrionária e infertilidade (*Stillbirth, Mummification, Embryonic Death and Infertility*)

UNIP – Universidade Paulista

VU – Vulnerável (*Vulnerable*)

WHO – Organização Mundial da Saúde (*World Health Organization*)

LISTA DE QUADROS

Quadro 1 – Distribuição das amostras por local de coleta e tipo de material biológico.....	26
Quadro 2 – Condições de PCR e critérios de validação dos controles endógenos utilizados nas diferentes matrizes biológicas.....	29
Quadro 3 – Sequência dos <i>primers</i> utilizados para detecção de PPV4 por PCR convencional qualitativa, conforme descrito por Cságola et al. (2012)	29

Sumário

1. INTRODUÇÃO	13
1.1. Interface silvestre-doméstico e desafios sanitários na suinocultura	13
1.2. A família <i>Parvoviridae</i> e a diversidade dos parvovírus	13
1.3. Os parvovírus suínos emergentes: epidemiologia, distribuição e coinfeções	16
1.4. <i>Porcine parvovirus 4</i> (PPV4): detecção, distribuição e tropismo tecidual	18
1.5. <i>Tayassu pecari</i> : biologia, ecologia e conservação	21
1.5.1. Estado de conservação e dinâmica populacional	22
1.5.2. Interface silvestre-doméstico e relevância epidemiológica	22
2. OBJETIVO	24
3. MATERIAL E MÉTODO	25
3.1. Amostras	25
3.2. Extração de ácido nucleico e controles endógenos	27
3.2.1. Amostras de soro e tecido	27
3.2.2. Amostras de fezes	28
3.3. Reação em cadeia da polimerase qualitativa (PCR) para PPV4	29
3.4. Visualização dos fragmentos amplificados	29
3.5. Análise estatística	30
4. RESULTADOS	30
5. DISCUSSÃO	31
6. CONCLUSÃO	35
REFERÊNCIAS	36
ANEXOS	43

1. INTRODUÇÃO

1.1. Interface silvestre-doméstico e desafios sanitários na suinocultura

A patologia ambiental tem se destacado nos últimos anos devido ao impacto das condições ambientais na saúde de animais silvestres e domésticos, refletindo na dinâmica de doenças e na manutenção de patógenos nos ecossistemas (Sleeman et al., 2017; WHO, 2022). Nesse contexto, o Brasil ocupa a quarta posição entre os maiores produtores e exportadores mundiais de carne suína, respondendo por aproximadamente 4,6% da produção global, com volume de 5,3 milhões de toneladas produzidas em 2024 (ABPA, 2025), e os problemas sanitários figuram entre os principais entraves ao setor, com potencial para gerar graves consequências socioeconômicas, incluindo restrições ao comércio internacional de suínos e seus derivados (ABIPECS, 2017).

Paralelamente, espécies silvestres filogeneticamente próximas aos suínos domésticos, como o queixada (*Tayassu pecari*), habitam paisagens cada vez mais fragmentadas e sobrepostas a áreas de produção agropecuária, criando condições favoráveis à circulação bidirecional de agentes infecciosos. A compreensão dos patógenos que circulam nessa interface é, portanto, essencial tanto para a sustentabilidade da suinocultura quanto para a conservação da fauna silvestre neotropical.

Nos últimos anos, o aumento de doenças virais em suínos tem comprometido drasticamente a produção suinícola. Esse cenário resulta de fatores como mudanças demográficas, intensificação agrícola e comércio (Conway; Roper, 2000; Woolhouse et al., 2001; Davies, 2012), que criam ambientes propícios à transmissão viral e à evolução de patógenos por mutação e recombinação. A intensificação da suinocultura nas últimas décadas constitui, provavelmente, o principal fator para o surgimento de novos agentes e variantes, alterando a epidemiologia das doenças (Nichol et al., 2000; Fournié et al., 2015).

1.2. A família *Parvoviridae* e a diversidade dos parvovírus

Na suinocultura mundial, o *Porcine parvovirus* (PPV) destaca-se como um dos patógenos de maior impacto, sendo reconhecido desde a década de 1960 como o principal agente etiológico da síndrome SMEDI (do inglês: *stillbirth*,

mummification, embryonic death and infertility), caracterizada por natimortos, mumificação fetal, morte embrionária e infertilidade, resultando em prejuízos expressivos para a cadeia produtiva suinícola (Mengeling et al., 1980; Wang et al., 2025; Liu et al., 2025).

O Parvovírus Suíno Clássico (*Porcine parvovirus 1* - PPV1) é classificado como autônomo, sendo capaz de completar seu ciclo de replicação independentemente de coinfeção com outros vírus. Seus efeitos citopáticos são relativamente discretos, envolvendo granulação citoplasmática e nuclear, arredondamento celular e eventual lise celular, podendo mimetizar processos de degeneração ou senescência celular. Esse padrão citopático está diretamente relacionado à dependência do vírus por células em divisão ativa, uma vez que os parvovírus utilizam a maquinaria celular da fase S para replicação do DNA viral. Adicionalmente, o vírus possui capacidade de aglutinar hemácias de diferentes espécies (Ruiz et al., 2017), sendo também o único genótipo com papel etiológico bem estabelecido na síndrome SMEDI (Liu et al., 2025).

O PPV1, assim como os demais genótipos suínos, integra a família *Parvoviridae*, composta por vírus de DNA fita simples, não envelopados, com genoma de aproximadamente 4 a 6,3 kb contendo sequências palindrômicas terminais essenciais para a replicação viral. Essas regiões estruturais desempenham papel fundamental na iniciação da replicação por mecanismo de *rolling hairpin*, característico dos parvovírus. Esses vírus apresentam alta estabilidade ambiental e capsídeo icosaédrico, características que contribuem para sua persistência no ambiente e disseminação entre hospedeiros (Liu et al., 2025).

A família é dividida em duas subfamílias com base no hospedeiro: *Parvovirinae*, que infecta vertebrados, e *Densovirinae*, que infecta artrópodes. A subfamília *Parvovirinae* compreende diversos gêneros, incluindo *Protoparvovirus*, *Amdoparvovirus*, *Aveparvovirus*, *Bocaparvovirus*, *Dependoparvovirus*, *Erythroparvovirus*, *Copiparvovirus* e *Tetraparvovirus* (Cotmore et al., 2014) (Figura 1).

No contexto dos suídeos, os parvovírus porcinos (PPVs) apresentam elevada diversidade genética e são atualmente classificados em diferentes gêneros com base na homologia da proteína NS1, considerada marcador molecular chave

para classificação taxonômica. Assim, incluem-se no gênero *Protoparvovirus* (PPV1 e PPV8), *Tetraparvovirus* (PPV2 e PPV3), *Copiparvovirus* (PPV4, PPV5 e PPV6) e *Chapparvovirus* (PPV7) (Liu et al., 2025). Dessa forma, até o momento, são reconhecidos oito genótipos principais (PPV1–PPV8), com perfis biológicos, tropismo tecidual e patogênicos distintos (Cotmore et al., 2014; Ni et al., 2014; ICTV, 2024; Liu et al., 2025) (Figura 1).

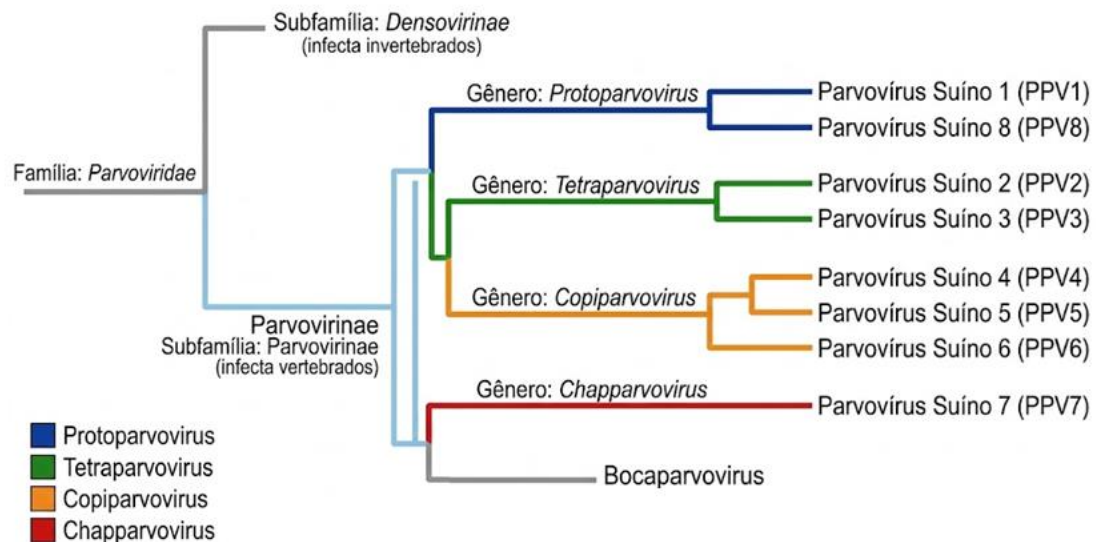


Figura 1. Representação esquemática das relações filogenéticas e da classificação taxonômica dos *Porcine parvovirus* (PPV1–PPV8) nos diferentes gêneros da subfamília *Parvovirinae*. Fonte: Elaborado pelo autor com auxílio de inteligência artificial generativa (Google Gemini), com base em Vargas-Bermudez et al. (2023).

Estudos evolutivos demonstram que os parvovírus suínos apresentam taxas de substituição nucleotídica relativamente elevadas (10^{-5} a 10^{-4} substituições/sítio/ano), comparáveis às de vírus RNA, o que contribui significativamente para sua diversidade genética, adaptação a diferentes hospedeiros e potencial emergência de variantes. Essa elevada taxa evolutiva, aliada à ampla distribuição geográfica e à capacidade de persistência ambiental, reforça a importância desses vírus no contexto da sanidade animal e da vigilância epidemiológica (Ouyang et al., 2019; Lagan Tregaskis et al., 2021; Milék et al., 2019; Liu et al., 2025).

1.3. Os parvovírus suínos emergentes: epidemiologia, distribuição e coinfeções

Nas últimas décadas, o avanço das metodologias moleculares permitiu a identificação de novos parvovírus suínos geneticamente distintos entre si. Inicialmente, foram descritos seis grupos principais (PPV1 – PPV6 e bocavírus suínos), porém estudos mais recentes ampliaram esse espectro para oito genótipos (PPV1 – PPV8) (Liu et al., 2025). Essa expansão taxonômica reflete o avanço das técnicas de sequenciamento de nova geração (NGS), que possibilitaram a identificação de vírus previamente não detectados por métodos convencionais.

Esses vírus foram identificados majoritariamente nas últimas duas décadas, e os genótipos emergentes (PPV2 – PPV8) ainda apresentam patogenicidade pouco elucidada, sendo frequentemente detectados em coinfeções com outros agentes virais, como o *Porcine circovirus 2* (PCV2), e em diferentes tecidos, incluindo pulmões, tonsilas e tecidos linfoides. Esse padrão sugere possível papel como cofatores em síndromes multifatoriais, especialmente no complexo respiratório suíno (PRDC) (Liu et al., 2025).

O PPV5, identificado nos Estados Unidos, apresentou prevalência de 6,6% em amostras de pulmão, ligeiramente superior à do PPV4, que foi de 4,1% nas mesmas amostras, indicando circulação concomitante desses genótipos em tecidos respiratórios (Xiao et al., 2013). Esse achado reforça o possível tropismo respiratório de alguns genótipos emergentes, especialmente no contexto de doenças multifatoriais.

Posteriormente, foi descrito o PPV6, detectado na China a partir de fetos suínos abortados, com prevalência de 50% em fetos e, 75% em leitões provenientes de propriedades com histórico de falha reprodutiva, sugerindo que fatores como idade e estado fisiológico do animal exercem influência significativa sobre os níveis de viremia (Ni et al., 2014). Esses dados indicam possível associação com falhas reprodutivas, embora ainda sem comprovação direta.

Em um estudo retrospectivo conduzido no Reino Unido e em países europeus vizinhos com amostras coletadas entre 1997 e 2012, o PPV2 foi detectado em 1998, enquanto o PPV3 e PPV4 foram identificados a partir de 2000, antecipando

suas datas oficiais de descrição e sugerindo circulação prévia não documentada (Lagan Tregaskis et al., 2021). Esse achado reforça a hipótese de que esses vírus circulavam silenciosamente por anos antes de serem detectados, evidenciando limitações históricas das metodologias diagnósticas.

Na Polônia, estudo envolvendo 19 granjas comerciais demonstrou que o PPV2 foi o genótipo mais prevalente, detectado em 18 das 19 propriedades avaliadas, com altas taxas de soropositividade em animais na fase de terminação (> 69%), enquanto PPV5 e PPV6 também apresentaram elevada frequência de detecção (Milék et al., 2019). Esse padrão sugere maior exposição ao longo da vida produtiva, possivelmente associada à perda de imunidade materna e maior contato entre animais.

Na China, análise metagenômica de leitões com PRDC na província de Sichuan identificou a circulação simultânea de múltiplos genótipos (PPV2, PPV3, PPV4, PPV5 e PPV6) em amostras de soro. Nesse estudo, o PPV6 correspondeu à maior proporção de sequências identificadas no sequenciamento (46,4% das *reads*), seguido por PPV3 (35,1%), evidenciando a elevada diversidade e complexidade das comunidades virais nesses animais (Qin et al., 2018). Esse cenário reforça o papel dos PPVs como componentes de infecções virais mistas, podendo atuar como cofatores em doenças respiratórias e sistêmicas.

Do ponto de vista das associações clínicas, evidências crescentes indicam que os novos parvovírus suínos estão relacionados ao PRDC e à PCVAD (do inglês: *Porcine circovirus associated disease*), principalmente como cofatores em coinfeções, em um contexto multifatorial (Opriessnig et al., 2011; Milék et al., 2019; Lagan Tregaskis et al., 2021).

Nos Estados Unidos, o PPV2 foi detectado em 39% de amostras pulmonares de suínos com PRDC, prevalência superior à observada para o PRRSV (do inglês: *Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus*), o vírus Influenza A suíno e o *Porcine circovirus 2* (PCV2) nas mesmas amostras. Por hibridização *in situ*, o sinal viral foi localizado predominantemente em macrófagos alveolares, com correlação entre carga viral e a quantidade dessas células no tecido pulmonar, sugerindo tropismo por células do sistema imune (Nelsen et al., 2021).

No estudo metagenômico de Qin et al. (2018), a análise caso-controle demonstrou que PPV2 (OR = 4,5; $p = 0,005$), PPV3 (OR = 7,38; $p < 0,001$) e PPV6 (OR = 8,57; $p < 0,001$) apresentam taxas de detecção significativamente mais elevadas em leitões com PRDC do que em controles saudáveis, sendo identificados como vírus candidatos associados à síndrome.

Em análise retrospectiva conduzida no Reino Unido e em países europeus, o PPV2 apresentou associação estatisticamente significativa com lesões respiratórias, incluindo pneumonia, pneumonia bronco-intersticial e edema pulmonar, enquanto os novos parvovírus, de modo geral, também apresentam associação com alterações entéricas. A modelagem por análise de classe latente evidenciou padrões de coinfeção entre PPV2 e PCV2 em suínos com PRDC e PCVAD, não sendo possível estabelecer a mesma associação em infecções isoladas ou em outras combinações virais (Lagan Tregaskis et al., 2021).

O perfil etário dos animais se mostrou consistentemente relevante, com aumento expressivo da prevalência dos novos PPVs em suínos na fase de terminação em comparação com fases de pré-desmame e desmame. Esse padrão, observado em diferentes estudos, pode estar relacionado à dinâmica de exposição, maturação imunológica ou coinfeções, não sendo possível inferir diretamente ausência de transmissão vertical ou proteção conferida por anticorpos maternos (Milék et al., 2019; Lagan Tregaskis et al., 2021; Nelsen et al., 2021).

Embora as associações não permitam estabelecer causalidade direta, em parte devido à dificuldade de isolamento e cultivo celular desses vírus, os dados epidemiológicos disponíveis sugerem que o PPV2, em particular, pode atuar como coagente relevante em síndromes multifatoriais de impacto econômico na suinocultura, especialmente no contexto de coinfeção com PCV2 (Milék et al., 2019; Lagan Tregaskis et al., 2021; Nelsen et al., 2021).

1.4. *Porcine parvovirus 4 (PPV4): detecção, distribuição e tropismo tecidual*

O PPV4 foi inicialmente descrito em 2010, em suínos dos Estados Unidos acometidos por uma doença de início agudo associada a alta mortalidade, registrada na Carolina do Norte no final de 2005, sendo posteriormente detectado também na China, com baixa taxa de detecção em amostras clínicas

(2,1%) (Cheung et al., 2010; Huang et al., 2010). Estudos subsequentes indicam que esse genótipo apresenta ampla distribuição, porém frequentemente com baixa carga viral e associação com coinfeções, o que dificulta a definição de seu papel patogênico.

A distribuição geográfica dos novos parvovírus suínos é ampla, abrangendo diferentes continentes. Estudos moleculares têm identificado PPV2, PPV3 e PPV4 em países como Estados Unidos, China, Hungria, Romênia, Tailândia, Japão, África do Sul, Brasil e Coreia, além de diversos países europeus, incluindo Polônia e Reino Unido (Milék et al., 2019; Lagan Tregaskis et al., 2021). No caso do PPV4, foco deste estudo, os registros de detecção reportados na literatura estão sintetizados na Figura 2. A ocorrência do vírus em diferentes continentes sugere uma ampla distribuição geográfica e indica que o PPV4 está presente em populações suínas de diversos países. Entretanto, essa distribuição deve ser interpretada à luz da disponibilidade de estudos e da intensidade da vigilância epidemiológica em cada região. A disseminação do vírus pode estar relacionada à intensificação dos sistemas de produção e ao comércio internacional de animais e produtos derivados.

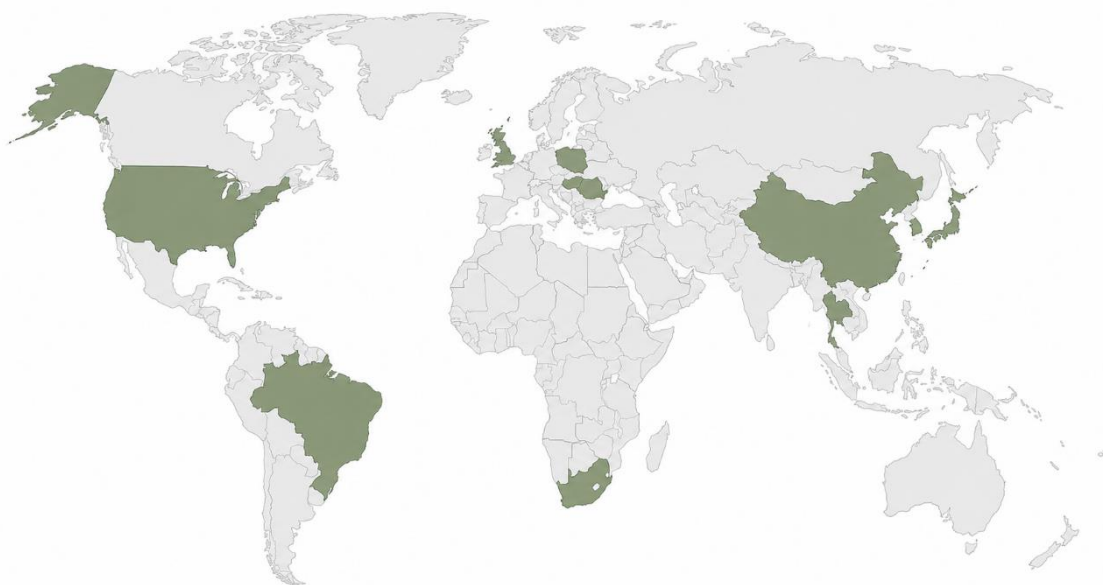


Figura 2. Distribuição geográfica dos países com registros de detecção do *Porcine parvovirus 4* (PPV4) reportados na literatura científica. Fonte: Elaborado pelo autor com auxílio de inteligência artificial generativa (ChatGPT, Open AI), com base em Milék et al. (2019); Lagan Tregaskis et al. (2021).

Quanto ao tropismo tecidual, a detecção do PPV4 tem sido relatada predominantemente em diferentes tipos de amostras clínicas, incluindo soro, tecidos pulmonares e linfonodos, frequentemente em associação com outros agentes virais. Estudos iniciais identificaram o PPV4 em suínos com quadros clínicos sistêmicos, sendo detectado em tecidos como pulmão e fígado, bem como em amostras de sangue, sugerindo distribuição sistêmica do vírus (Cheung et al., 2010; Huang et al., 2010; Liu et al., 2025). Além disso, análises moleculares indicam que o vírus também pode ser identificado em amostras fecais e de trato respiratório, embora geralmente em baixa carga viral, o que pode dificultar sua detecção e interpretação clínica. Esse padrão de detecção sugere uma possível associação do PPV4 com tecidos linfoides e respiratórios, semelhante ao observado para outros parvovírus suínos emergentes. Entretanto, evidências conclusivas sobre seu tropismo celular e tecidual ainda são limitadas (Xiao et al., 2012; Lagan Tregaskis et al., 2021; Liu et al., 2025). Esse padrão de distribuição e os principais sítios de detecção do PPV4 estão representados de forma esquemática na Figura 3.

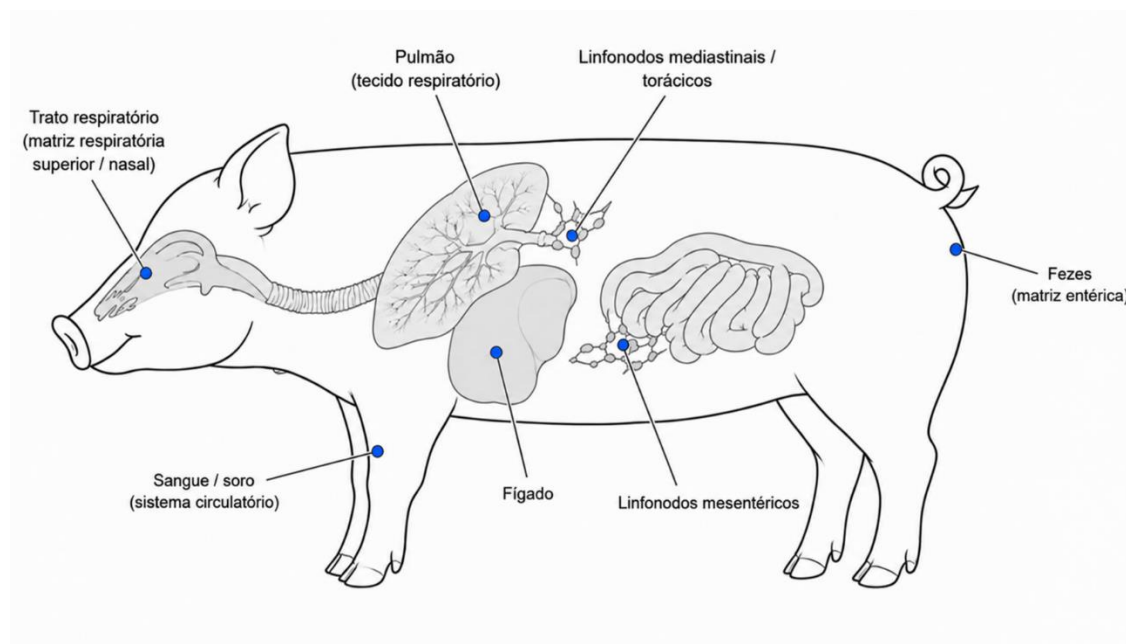


Figura 3. Representação esquemática dos principais tecidos e matrizes biológicas nos quais o PPV4 foi detectado em suínos, com base em estudos moleculares previamente publicados. Fonte: Elaborado pelo autor com auxílio de inteligência artificial generativa (ChatGPT, OpenAI), com base em Vargas-Bermudez et al. (2023).

Apesar de amplamente estudados em suínos domésticos, a presença e os efeitos desses vírus em espécies silvestres ainda são pouco investigados, representando uma lacuna no conhecimento científico atual.

1.5. *Tayassu pecari*: biologia, ecologia e conservação

Tayassu pecari (Link, 1795) pertence à família Tayassuidae, ordem Artiodactyla, subordem Suiformes, grupo irmão da família Suidae, com divergência evolutiva estimada em mais de 37 milhões de anos (Dutra et al., 2016). Essa proximidade filogenética é corroborada por estudos citogenéticos comparativos que identificaram 31 segmentos autossômicos conservados entre *Sus scrofa* ($2n = 38$) e *T. pecari* ($2n = 26$), além da amplificação bem-sucedida de marcadores microsatélites desenvolvidos para suínos domésticos em ambas as espécies de pecari (Bosma et al., 2004; Silva et al., 2010).

Conhecida popularmente como queixada (*white-lipped peccary* ou *cariblanco*), a espécie é um dos maiores representantes da família, caracterizando-se pela formação de grupos sociais permanentes e numerosos (Keuroghlian et al., 2023).

Os tayassuídeos são ungulados neotropicais distribuídos desde o sul do México até o norte da Argentina (Keuroghlian et al., 2013). *T. pecari* ocupa uma ampla variedade de habitats, incluindo florestas tropicais, Cerrado, Pantanal, Chaco e manguezais. Atualmente, os principais redutos populacionais no Brasil concentram-se na Amazônia e no Pantanal (Keuroghlian et al., 2023).

A espécie apresenta comportamento altamente sociável, formando bandos coesos de 100 a 300 indivíduos, organizados em subbandos com dinâmica de fusão e fissão (Keuroghlian et al., 2013; Keuroghlian et al., 2014). Estudos baseados em telemetria por GPS em paisagens agrícolas do Mato Grosso indicam que a espécie apresenta variação sazonal na área de vida, com maior uso de áreas agrícolas durante a estação de cultivo como fonte suplementar de alimento, mantendo preferência por vegetação nativa e proximidade com corpos d'água perenes (Costa et al., 2023).

No Pantanal, a fragmentação ambiental associada ao desmatamento resultou em aumento de até 51% na área de vida em ambientes perturbados em comparação com áreas preservadas (Keuroghlian et al., 2014). *T. pecari* é

frugívora primária, consumindo frutos de ao menos 144 espécies vegetais, que compõem 60 a 80% da dieta; palmeiras como *Syagrus romanzoffiana* e *Euterpe edulis* são recursos-chave em períodos de escassez (Keuroghlian; Eaton, 2008; Keuroghlian et al., 2014). A espécie atua ainda como engenheira de ecossistemas e dispersora de sementes, além de constituir presa preferencial da onça-pintada (*Panthera onca*) e do puma (*Puma concolor*) (Keuroghlian et al., 2013).

1.5.1. Estado de conservação e dinâmica populacional

Globalmente, *T. pecari* é classificada como Vulnerável (VU) na Lista Vermelha da IUCN (*International Union for Conservation of Nature*), enquadrada nos critérios A2cde + A3cde + A4cde, devido à redução populacional estimada em pelo menos 30% ao longo de três gerações (21 anos). Esse declínio está associado principalmente à caça insustentável, perda e fragmentação de habitat, doenças provavelmente introduzidas pelo contato com animais domésticos e eventos de mortalidade em massa de causa ainda não determinada (Keuroghlian et al., 2013; Beck et al., 2025; Fragoso et al., 2022).

A espécie foi extirpada de aproximadamente 21% de sua distribuição histórica, encontrando-se praticamente ausente da Mesoamérica (Altrichter et al., 2012).

Além disso, *T. pecari* apresenta ciclos populacionais intrínsecos de 20 a 30 anos, nos quais as populações atingem picos seguidos de colapsos abruptos, com posterior recuperação populacional gradual, dependente da conectividade entre áreas preservadas. Esse padrão foi documentado em 43 eventos de desaparecimento em nove países, sendo que a fragmentação do habitat pode converter declínios temporários em extinções locais permanentes (Fragoso et al., 2022).

1.5.2. Interface silvestre-doméstico e relevância epidemiológica

T. pecari devido à sua proximidade genética com suídeos domésticos e à coexistência em paisagens agropecuárias, representa um modelo relevante para investigar a circulação de parvovírus na interface vida silvestre e aos animais domésticos.

Os mecanismos de *spillover* e *spillback* são centrais na emergência e manutenção de doenças infecciosas nessa interface, podendo impactar tanto

populações silvestres quanto rebanhos domésticos (Daszak et al., 2000). Os principais componentes ecológicos e epidemiológicos envolvidos na interação entre *T. pecari* e suínos domésticos, incluindo os potenciais fluxos bidirecionais de transmissão de agentes infecciosos, estão representados esquematicamente na Figura 4.

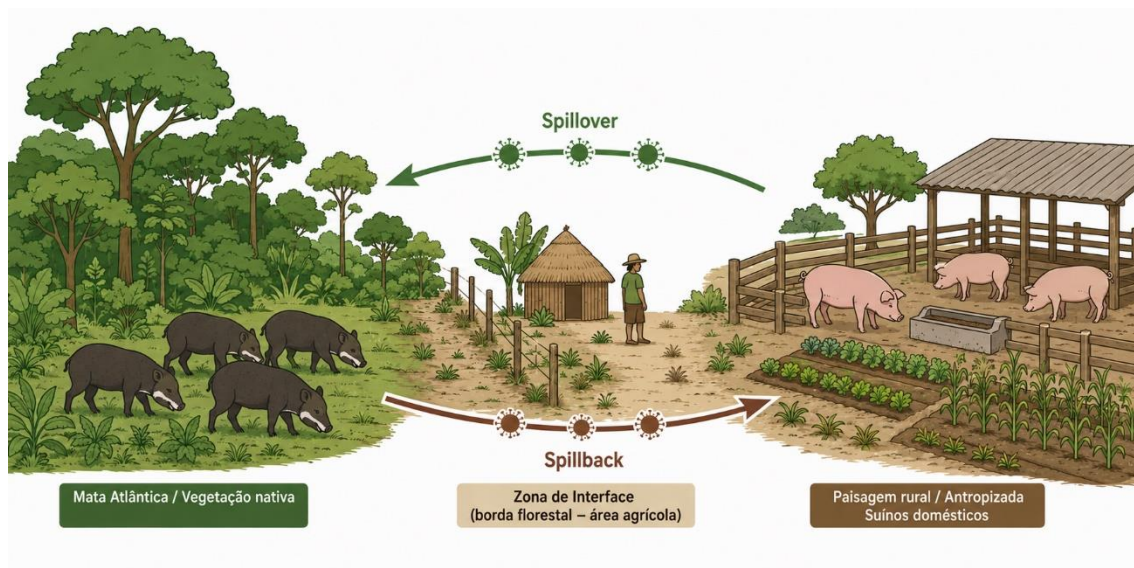


Figura 4. Representação esquemática da interface ecológica e epidemiológica entre *Tayassu pecari* e suínos domésticos, destacando os potenciais fluxos de transmissão viral (*spillover* e *spillback*). Fonte: Elaborado pelo autor com auxílio de inteligência artificial generativa (ChatGPT, OpenAI).

A relevância desse tipo de investigação é corroborada por estudos anteriores envolvendo diferentes espécies silvestres e agentes virais. Em populações de javalis (*Sus scrofa*) na Europa e no Brasil, por exemplo, foram detectados vírus de importância sanitária para a suinocultura, incluindo o *Porcine circovirus 2* (PCV2), o vírus da hepatite E (HEV), o vírus da Doença de Aujeszky e o vírus da peste suína africana (ASFV), evidenciando o potencial desses animais como reservatórios ou hospedeiros envolvidos na manutenção e disseminação de patógenos entre ambientes silvestres e domésticos (Ruiz-Fons et al., 2008; Meng, 2005; Castro et al., 2012).

Situação semelhante tem sido observada em outras interfaces epidemiológicas. Cervídeos silvestres têm sido associados à manutenção de *Mycobacterium bovis* em diversos países, influenciando programas de controle da tuberculose bovina.

Morcegos são reconhecidos como reservatórios de importantes vírus emergentes, incluindo coronavírus, henipavírus e filovírus, enquanto aves silvestres desempenham papel fundamental na ecologia e dispersão global dos vírus da influenza aviária (Webster et al., 1992; Daszak et al., 2000; Plowright et al., 2017). Esses exemplos demonstram que espécies silvestres podem atuar como reservatórios, hospedeiros incidentais ou sentinelas epidemiológicas, influenciando diretamente a dinâmica de transmissão de agentes infecciosos.

No contexto específico dos suídeos, pesquisas sobre a circulação de PCV2 em populações de javalis no Brasil demonstraram a presença do vírus em animais de vida livre, sugerindo que esses hospedeiros podem participar da manutenção do agente em ambientes naturais e reforçando a importância do monitoramento de patógenos em fauna silvestre simpátrica a rebanhos domésticos (Castro et al., 2012). Da mesma forma, estudos moleculares têm documentado a ocorrência de diversos vírus suínos em espécies silvestres filogeneticamente relacionadas, destacando a necessidade de compreender os processos ecológicos que favorecem a circulação desses agentes na interface silvestre-doméstico.

Nesse contexto, o consumo da carne de queixadas por populações tradicionais em determinadas regiões bem como a crescente aproximação entre ambientes naturais e áreas produtivas, representa pontos adicionais de contato entre fauna silvestre, animais domésticos e seres humanos (Oliveira et al., 2022; Antunes et al., 2025). Apesar dessa proximidade ecológica e epidemiológica, a circulação do PPV4 em queixadas de vida livre permanece desconhecida, tornando necessária à sua caracterização em populações naturais.

2. OBJETIVO

Investigar a presença do PPV4 em populações de *T. pecari* de vida livre de diferentes regiões do estado de São Paulo, Brasil, utilizando a técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) convencional, com o propósito de ampliar o conhecimento sobre a epidemiologia desse agente em fauna silvestre neotropical e fornecer subsídios para futuras investigações sobre a interface epidemiológica entre animais silvestres e domésticos.

3. MATERIAL E MÉTODO

O delineamento geral das etapas metodológicas do estudo, incluindo coleta, processamento e armazenamento das amostras, extração de DNA, amplificação por PCR e análise dos dados, está apresentado de forma esquemática na Figura 5, proporcionando uma visão integrada e sequencial do fluxo experimental empregado.

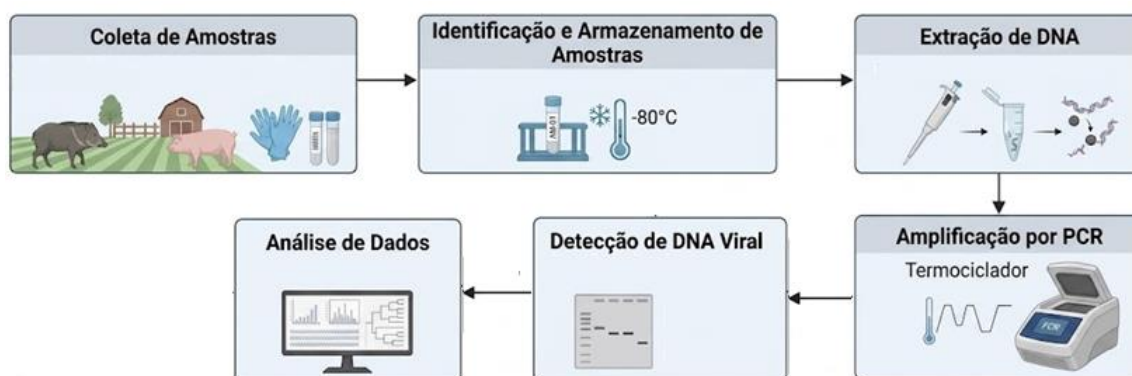


Figura 5. Fluxograma das etapas metodológicas para detecção de *Porcine parvovirus 4* (PPV4) em amostras de *Tayassu pecari*. Fonte: Elaborado pelo autor com auxílio de inteligência artificial generativa (Google Gemini).

3.1. Amostras

As amostras utilizadas neste estudo foram coletadas de *T. pecari* de vida livre, provenientes de áreas de Mata Atlântica em três localidades do estado de São Paulo: Parque Estadual da Ilha do Cardoso (PEIC, Cananéia), Parque Estadual da Serra do Mar - Núcleo Santa Virgínia (PESM-SV, São Luiz do Paraitinga) e Estação Ecológica de Caetetus (EEC, Gália).

As coletas foram realizadas com a devida aprovação do Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA nº 4837100519, Anexo 2) e do Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade (SISBIO nº 51307-5, Anexo 3). O material foi posteriormente disponibilizado ao grupo de pesquisa para fins de investigação científica (Anexo 1).

Ao todo, foram obtidas 167 amostras provenientes de 66 indivíduos distintos capturados por meio de armadilhas. As amostras foram distribuídas em 64 amostras de soro, 94 de fezes e nove de tecidos. As amostras teciduais foram

obtidas de animais que vieram a óbito por hipotermia durante o processo de captura, sem registro de sinais clínicos sugestivos de doença.

O número total de amostras excede o número de indivíduos em razão da coleta de múltiplos tipos de material por espécime. A distribuição das amostras entre as diferentes áreas de estudo variou conforme a disponibilidade de indivíduos e o tipo de material coletado, conforme apresentado no Quadro 1 e representado geograficamente na Figura 6.

Quadro 1. Distribuição das amostras por local de coleta e tipo de material biológico.

PROCEDÊNCIA	AMOSTRAS	SORO	TECIDO	FEZES
PEIC	68	39	-	29
PESM-SV	63	20	09	34
EEC	36	05	-	31
TOTAL	167	64	09	94

PEIC, Cananéia; PESM-SV, São Luiz do Paraitinga; EEC, Gália

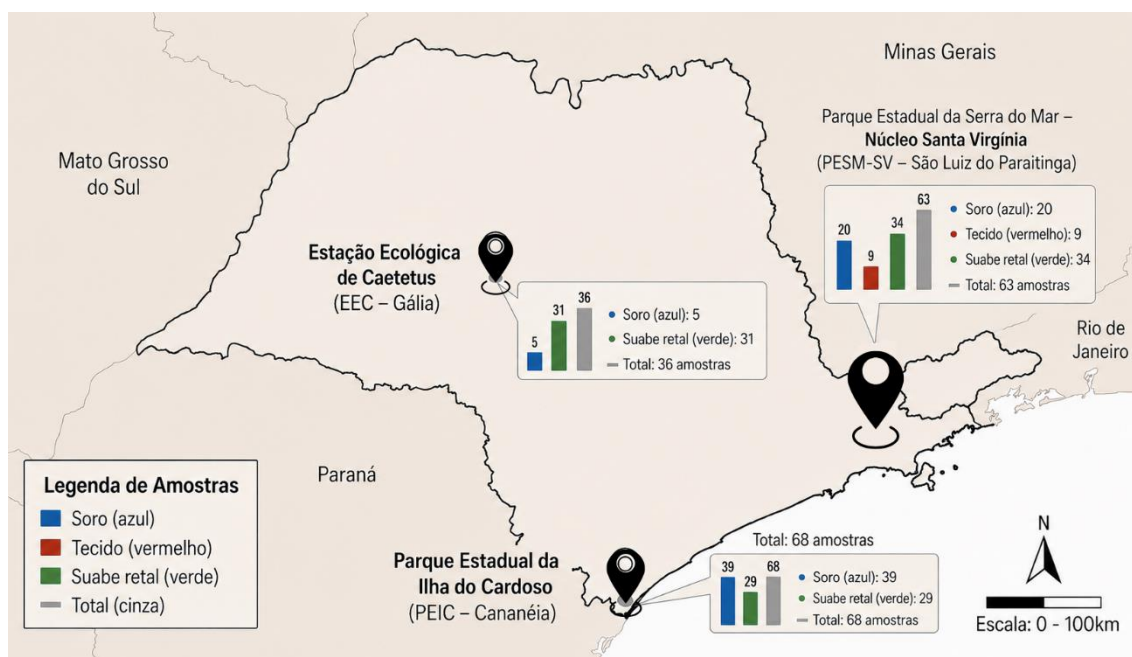


Figura 6. Mapa das áreas de coleta no estado de São Paulo e distribuição das amostras biológicas (soro, tecido e fezes) obtidas de *Tayassu pecari*. Fonte: Elaborado pelo autor com auxílio de inteligência artificial generativa (Google Gemini).

3.2. Extração de ácido nucleico e controles endógenos

A partir da chegada ao laboratório, as amostras foram mantidas armazenadas a -80°C até o momento da extração, a fim de garantir a integridade do material genético.

3.2.1. Amostras de soro e tecido

Para a extração de DNA das amostras de soro, foram utilizadas alíquotas de 200 µL. Para as amostras de tecido, foram utilizadas alíquotas de 200 µL de uma solução salina estéril a 0,9%, contendo aproximadamente 20% (peso/volume) do material biológico.

A extração do DNA foi realizada utilizando o kit EasyPure® para DNA/RNA viral (TransGen Biotech®), seguindo as instruções do fabricante, visando garantir a qualidade e a pureza do material genético obtido.

Após a extração, as amostras foram submetidas à PCR convencional qualitativa para amplificação do gene da β -actina, uma proteína estrutural do citoesqueleto amplamente utilizada como marcador endógeno e gene normalizador. Esse procedimento foi realizado com o objetivo de verificar a integridade do DNA extraído e prevenir a ocorrência de falsos negativos, conforme descrito por Moura et al. (2014) e Langnaese et al. (2008).

A amplificação do fragmento de 850 pb da β -actina foi conduzida em volume final de 25 µL, contendo 2,5 µL de DNA extraído, 12,5 µL de Master Mix Taq Pol 2x (Cellco, EUA), 10 pmol de cada *primer* (AC1-senso: TGA GAC CTT CAC GCC; AC2-anti-senso: ATC TGC AAG GTG GAC) (Raymond et al., 2004) e água ultrapura livre de DNase q.s.p. As condições de amplificação consistiram em desnaturação inicial a 94 °C por 3 minutos, seguida de 50 ciclos de 94 °C por 1 minuto, 55 °C por 30 segundos e 72 °C por 30 segundos, com extensão final a 72 °C por 10 minutos.

Como controles negativos da reação e da extração, foi utilizada água ultrapura estéril. As amostras que não apresentaram amplificação do gene da β -actina foram excluídas das análises subsequentes.

3.2.2. Amostras de fezes

Para as amostras de fezes coletadas por meio de suabe retal, foram utilizadas alíquotas de 200 µL de uma solução salina estéril a 0,9%, contendo aproximadamente 20% (peso/volume) do material biológico.

A extração do DNA foi realizada utilizando o kit EasyPure® para DNA/RNA viral (TransGen Biotech®), seguindo as instruções do fabricante, visando garantir a qualidade e a pureza do material genético obtido.

Considerando a menor celularidade do hospedeiro nesse tipo de amostra, foi realizado um controle endógeno específico para detecção de DNA bacteriano. A menor quantidade de células do hospedeiro em amostras fecais pode comprometer a amplificação de genes endógenos convencionais, enquanto o DNA bacteriano, abundantemente presente nessa matriz, permite validar a integridade do material genético e a ausência de inibidores da PCR, condição frequentemente observada em matrizes fecais ou intestinais (Lager et al., 2012).

Para esse fim, foi utilizado o reagente comercial Endobac® (QIAGEN®), conforme protocolos de controle de qualidade em biologia molecular ambiental e sanitária (QIAGEN, 2020). As reações de PCR qualitativa para o controle bacteriano foram conduzidas em volume final de 25 µL, contendo 12,5 µL de Master Mix, 1 µL de DNA, 0,5 µL de cada *primer* fornecido no kit e água ultrapura.

As condições de amplificação incluíram desnaturação inicial a 95 °C por 5 minutos, seguida de 40 ciclos de 95 °C por 15 segundos, 60 °C por 30 segundos e 72 °C por 30 segundos, com extensão final a 72 °C por 5 minutos.

A amplificação bem-sucedida do fragmento bacteriano foi considerada critério essencial para validação das amostras de fezes. Amostras sem amplificação foram excluídas das análises subsequentes, a fim de evitar resultados falso-negativos nos ensaios de detecção viral.

As condições de amplificação e os critérios de validação dos controles endógenos utilizados nas diferentes matrizes biológicas estão resumidos no Quadro 2.

Quadro 2. Condições de PCR e critérios de validação dos controles endógenos utilizados nas diferentes matrizes biológicas.

Parâmetro	β -actina (controle endógeno)	Endobac® (controle bacteriano)
Tipo de amostra	Soro e tecido	Fezes (suabe retal)
Objetivo	Integridade do DNA	Detecção de inibidores / Integridade do DNA
Referência	Moura et al., 2014; Langnaese et al., 2008	QIAGEN, 2020; Lager et al., 2012

3.3. Reação em cadeia da polimerase qualitativa (PCR) para PPV4

As reações de PCR convencional qualitativa para detecção do PPV4 foram realizadas em volume final de 25 μ L contendo 2,5 μ L de DNA extraído, 12,5 μ L de DreamTaq™ Green PCR Master Mix (2X) (Fermentas), 50 pmol de cada *primer* (Quadro 3) e água ultrapura estéril q.s.p.

Foram incluídos controles negativos (água ultrapura estéril) e controle positivo contendo DNA previamente confirmado para PPV4, a fim de garantir a confiabilidade das reações.

Quadro 3. Sequência dos *primers* utilizados para detecção de PPV4 por PCR convencional qualitativa, conforme descrito por Cságola et al. (2012).

<i>Primers*</i>	Sequência 5'-3' (nt)	Fragmento
PAV F	TCA TAG CAC TAT GGC GAG C	284 pb
PBV R	AGC ATT CTG CGT TGG ACA	

*Identificação pessoal dos *primers*

As amplificações foram realizadas no Termociclador Veriti™ Dx 96 well Thermal Cycler (Applied Biosystems), sob as seguintes condições: desnaturação inicial a 94°C por 3 minutos, seguida de 42 ciclos de 94°C por 1 minuto, 53°C por 30 segundos e 72°C por 30 segundos, finalizando com uma extensão a 72°C por 10 minutos.

3.4. Visualização dos fragmentos amplificados

Os produtos amplificados obtidos nas reações dos itens 3.3 e 3.4 foram analisados por eletroforese em gel de agarose a 1,5 %, seguida de coloração GelRed® (Uniscience), conforme instruções do fabricante.

A visualização dos fragmentos foi realizada sob luz ultravioleta em transiluminador, e o tamanho dos produtos amplificados foi estimado por comparação com marcador de peso molecular de 100 pb (Invitrogen).

3.5. Análise estatística

Os resultados foram analisados utilizando análise descritiva, apresentação em gráficos e/ou tabelas. As frequências de ocorrência foram calculadas pela razão entre o número de amostras positivas pela PCR e o número total de amostras analisadas.

4. RESULTADOS

Das 167 amostras obtidas, uma de fezes foi excluída por não apresentar amplificação no controle endógeno bacteriano, resultando em 166 amostras válidas para os ensaios de detecção de PPV4. Não foi detectado DNA de PPV4 em nenhuma delas (soro, fezes e tecidos), provenientes de 66 queixadas (*T. pecari*) capturados em três unidades de conservação do estado de São Paulo, sob diferentes pressões antrópicas, nas condições experimentais empregadas. Todas as amostras foram previamente validadas quanto à integridade do material genético: as de soro e tecido pela amplificação do gene endógeno β -actina e as de fezes por controle bacteriano específico (Endobac®), confirmando a adequação do material e a ausência de inibidores da PCR, conforme evidenciado na Figura 7.

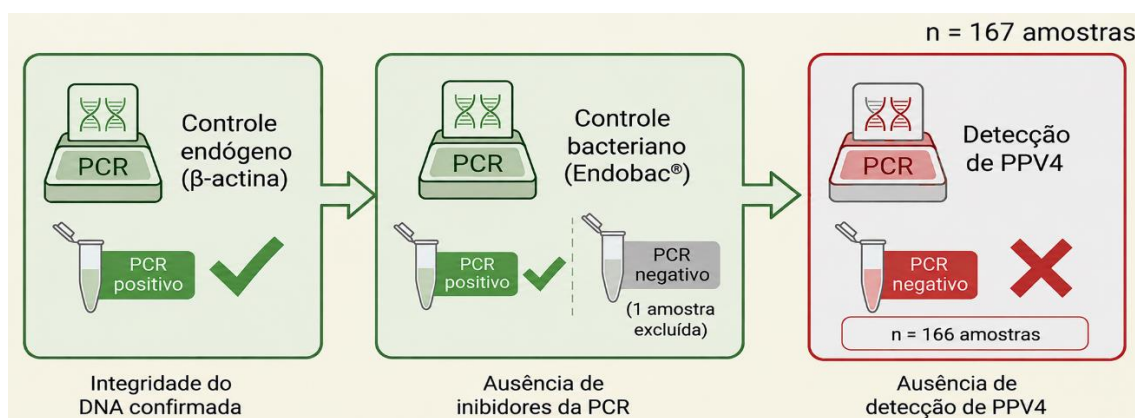


Figura 7. Validação molecular das amostras analisadas para detecção de *Porcine parvovirus 4* (PPV4), evidenciando integridade do DNA, ausência de

inibidores da PCR e resultado negativo para o vírus nas 166 amostras validadas. Fonte: Elaborado pelo autor com auxílio de inteligência artificial generativa (Google Gemini).

5. DISCUSSÃO

A não detecção de DNA de PPV4 nas amostras de *T. pecari* sugere que não foram encontradas evidências da circulação desse agente viral nas populações estudadas da Mata Atlântica no estado de São Paulo. No entanto, esse achado deve ser interpretado com cautela, uma vez que resultados negativos em estudos moleculares não permitem excluir completamente a presença do agente, especialmente em cenários caracterizados por baixa prevalência, distribuição espacial heterogênea, infecções esporádicas ou cargas virais reduzidas (Altman; Bland, 1995).

Os parvovírus suínos emergentes apresentam epidemiologia ainda pouco compreendida, sendo frequentemente detectados em baixas frequência e, na maioria das vezes, associados a coinfeções com outros agentes virais. Especificamente para o PPV4, estudos realizados em suínos domésticos demonstraram prevalências variáveis e, frequentemente, reduzidas. Xiao et al. (2012), por exemplo, relataram baixas taxas de detecção em tecidos pulmonares, enquanto Cheung et al. (2010) identificaram o vírus em animais com diferentes quadros clínicos, sem evidências consistentes de associação causal direta.

No Brasil, a circulação do PPV4 em suínos domésticos já foi documentada. Castro et al. (2018) relataram pela primeira vez a eliminação intermitente do vírus no sêmen de cachaços naturalmente infectados, detectando-o em 43,2% (32/74) das amostras ao longo de seis meses. Embora todos os animais tenham eliminado o vírus em algum momento do período experimental, diversas coletas individuais apresentaram resultado negativo. Esse padrão demonstra que a excreção viral pode ocorrer de forma descontínua, de modo que amostragens pontuais podem não refletir adequadamente o *status* de infecção dos indivíduos. Assim, a ausência de detecção observada nesse estudo não exclui

completamente a possibilidade de infecções subclínicas ou de eliminação viral intermitente em populações de vida livre.

Outro aspecto relevante refere-se aos sítios preferenciais de detecção dos parvovírus suínos. Evidências obtidas para PPV2 e PPV3 indicam maior frequência de detecção em tecidos linfoides e pulmonares quando comparados a amostras fecais ou de soro (Nelsen et al., 2021). Embora tenham sido analisadas diferentes matrizes biológicas neste estudo, a disponibilidade limitada de determinados tecidos potencialmente mais informativos para a detecção viral pode ter influenciado a sensibilidade diagnóstica.

Sob o ponto de vista metodológico, a utilização de PCR convencional qualitativa constitui uma ferramenta amplamente utilizada para triagem molecular, porém apresenta sensibilidade inferior à observada em metodologias quantitativas, como a PCR em tempo real (qPCR) (Bustin et al., 2009). Dessa forma, não se pode descartar a possibilidade de que cargas virais reduzidas tenham permanecido abaixo do limite de detecção do método empregado, especialmente em infecções subclínicas ou persistentes. Abordagens complementares, como qPCR ou metagenômica viral, poderiam aumentar a capacidade de detecção de agentes presentes em baixas concentrações (Blomström et al., 2012).

Sob a perspectiva epidemiológica, a ausência de PPV4 em *T. pecari* pode refletir diferenças na dinâmica de transmissão entre populações domésticas e silvestres. Embora essa espécie apresente proximidade filogenética com *Sus scrofa*, fatores ecológicos, comportamentais e relacionados ao uso do habitat podem influenciar significativamente a exposição a patógenos. A interface entre fauna silvestre e animais domésticos é reconhecida como altamente heterogênea, sendo os processos de transmissão condicionados por múltiplos fatores, incluindo densidade populacional, conectividade da paisagem, sobreposição espacial e práticas de manejo (Daszak et al., 2000). Além disso, as unidades de conservação incluídas neste estudo encontram-se relativamente distantes das principais regiões de produção intensiva de suínos do país, condição que pode reduzir a pressão de infecção e a probabilidade de exposição das populações silvestres a parvovírus suínos. Nesse contexto, a intensidade do contato na interface silvestre-doméstico constitui um dos principais

determinantes do fluxo de patógenos entre populações domésticas e silvestres (Jones et al., 2013).

As três áreas amostradas apresentam características ecológicas distintas quanto à localização, conectividade, grau de isolamento e matriz de entorno. O Parque Estadual da Ilha do Cardoso (PEIC), localizado no extremo sul do litoral paulista, constitui um ambiente insular naturalmente isolado e cercado por áreas com reduzida atividade agropecuária (São Paulo, 2001). O Núcleo Santa Virgínia do Parque Estadual da Serra do Mar (PESM-SV) integra a maior área contínua preservada de Mata Atlântica do Brasil, caracterizada por elevada conectividade florestal e baixa fragmentação (São Paulo, 2006). Em contraste, a Estação Ecológica de Caetetus (EEC) representa um dos principais remanescentes de Floresta Estacional Semidecidual do interior paulista, encontrando-se inserida em matriz predominantemente agropecuária (Tabanez et al., 2005).

Entre as três, a EEC apresenta o maior grau de pressão antrópica, uma vez que consiste em um fragmento florestal isolado imerso na paisagem agrícola do Planalto Ocidental Paulista. Teoricamente, essa condição favoreceria uma maior probabilidade de contato entre animais silvestres e sistemas de produção pecuária quando comparada às demais áreas estudadas (Tabanez et al., 2005). Entretanto, mesmo nesse cenário, nenhuma amostra apresentou detecção de PPV4. Esse resultado sugere que a eventual ocorrência do vírus em populações de *T. pecari* dessas regiões é limitada ou ocorre em frequência muito baixa, embora não possa ser completamente descartada.

Embora os parvovírus suínos tenham sido descritos predominantemente em suínos domésticos, evidências crescentes indicam que esses vírus não estão restritos a essa espécie. Estudos realizados em javalis (*Sus scrofa ferus*), indicam a circulação de diferentes vírus de importância para a suinocultura, incluindo parvovírus, sugerindo que populações silvestres podem participar da manutenção e disseminação desses agentes no ambiente (Ruiz-Fons et al., 2006). Além disso, a ampla diversidade de hospedeiros descritas para a família *Parvoviridae*, incluindo ruminantes, carnívoros e outras espécies de mamíferos, evidencia a capacidade adaptativa desses vírus e o seu potencial de circulação interespecífica (Cotmore et al., 2014).

Um aspecto importante a ser considerado é que outros vírus suínos já foram detectados nesse mesmo conjunto amostral em estudos conduzidos pelo grupo de pesquisa. Koengnikam (2024) identificou DNA de PCV3 em *T. pecari* por qPCR (TaqMan), com prevalência de 7% (4/57), enquanto Silva (2025) detectou o PCV2a e o PCV2b por qPCR multiplex em 19 amostras. Embora esses resultados não permitam inferências diretas sobre a ocorrência de PPV4, eles demonstram que matrizes biológicas semelhantes já foram utilizadas com sucesso em análises moleculares voltadas à detecção de vírus suínos. Adicionalmente, todas as amostras incluídas neste estudo foram validadas por meio de controles endógenos específicos para cada matriz biológica, confirmando a integridade do material genético extraído e a ausência de inibição das reações de PCR. Dessa forma, a não detecção de PPV4 observada neste trabalho não pode ser atribuída, de forma generalizada, à degradação do DNA ou à inadequação das amostras para análise molecular. Entretanto, não se pode descartar limitações inerentes à sensibilidade da PCR convencional, diferenças na distribuição tecidual do vírus ou a ocorrência de cargas virais abaixo do limite de detecção do método empregado.

No contexto da fauna silvestre neotropical, o conhecimento sobre a ocorrência de parvovírus suínos ainda é limitado, especialmente em espécies da família Tayassuidae. A escassez de estudos dificulta a compreensão da distribuição desses agentes, de seus potenciais hospedeiros e da relevância epidemiológica das populações silvestres na manutenção viral. Adicionalmente, processos de transmissão interespecífica tendem a ocorrer de forma complexa e frequentemente esporádica, dependendo de condições ecológicas específicas, como compartilhamento de recursos, uso comum de ambientes e exposição indireta a materiais contaminados (Plowright et al., 2017).

Do ponto de vista amostral, embora tenham sido analisadas 166 amostras, estas correspondem a 66 indivíduos, aspecto que deve ser considerado na interpretação dos resultados devido ao potencial de pseudorreplicação entre matrizes obtidas do mesmo animal. Além disso, a natureza oportunista da amostragem limita inferências sobre a totalidade das populações de *T. pecari* presentes no estado de São Paulo, reforçando a necessidade de cautela na extrapolação dos resultados.

Apesar dessas limitações, o presente estudo fornece informações inéditas e relevantes para a epidemiologia de vírus suínos em fauna silvestre. Trata-se de uma das primeiras investigações direcionadas à pesquisa de PPV4 em *T. pecari*, contribuindo para preencher uma lacuna importante de conhecimento científico sobre a circulação desse agente em hospedeiros silvestres neotropicais. Adicionalmente, a utilização de controles endógenos específicos para cada matriz biológica aumentou a robustez analítica do estudo, reduzindo a probabilidade de resultados falsos-negativos associados à degradação do DNA ou à presença de inibidores da PCR (Schrader et al., 2012).

Em conjunto, os achados reforçam a relevância da vigilância de patógenos na interface silvestre-doméstico, mesmo na ausência de detecção. O estabelecimento de linhas de base sobre a circulação de parvovírus suínos em queixadas de vida livre amplia a capacidade de monitorar processos de *spillover* e *spillback* e a eventual emergência desses agentes em fauna neotropical, subsidiando estratégias de vigilância e conservação.

6. CONCLUSÃO

Este estudo não detectou DNA de PPV4 em nenhuma das 166 amostras validadas de *T. pecari* provenientes de três unidades de conservação sob diferentes pressões antrópicas do estado de São Paulo. Dessa forma, não foram encontradas evidências da ocorrência do PPV4 nas populações avaliadas, embora sua presença em baixa frequência ou em níveis abaixo do limite de detecção do método não possa ser descartada. Este trabalho contribui para o conhecimento da epidemiologia do PPV4 em fauna silvestre e fornece dados de referência para futuras investigações sobre a interface silvestre-doméstico.

REFERÊNCIAS

- ABIEPCS – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES E EXPORTADORES DE CARNE SUÍNA. **Relatório Anual ABPA 2017**. São Paulo, 2017. 68 p. Disponível em: http://abpabr.com.br/storage/files/3678c_final_abpa_relatorio_anual_2016_portugues_web_reduzido.pdf.
- ABPA. **Relatório Anual 2025**. São Paulo: Associação Brasileira de Proteína Animal, 2025. Disponível em: <https://abpa-br.org>.
- ALTMAN, D. G.; BLAND, J. M. Absence of evidence is not evidence of absence. **BMJ**, v. 311, n. 7003, p. 485, 1995. DOI: 10.1136/bmj.311.7003.485.
- ALTRICHTER, M. et al. Range-wide declines of a key Neotropical ecosystem architect, the Near Threatened white-lipped peccary *Tayassu pecari*. **Oryx**, v. 46, n. 1, p. 87–98, 2012. DOI: 10.1017/S0030605311000421.
- ANTUNES, A. P. et al. Healthy forests safeguard traditional wild meat food systems in Amazonia. **Nature**, v. 648, p. 625-633, 2025. DOI: 10.1038/s41586-025-09743-z
- BECK, H. et al. *Tayassu pecari*. The IUCN Red List of Threatened Species 2025: e.T41778A269441699. Gland: IUCN, 2025. DOI: 10.2305/IUCN.UK.2025-2.RLTS.T41778A269441699.en.
- BLOMSTRÖM, A.-L. et al. Viral metagenomic analysis of bushpigs (*Potamochoerus larvatus*) in Uganda identifies novel variants of Porcine parvovirus 4 and Torque teno sus virus 1 and 2. **Virology Journal**, v. 9, p. 192, 2012. DOI: 10.1186/1743-422X-9-192.
- BOSMA, A. A. et al. Comparative chromosome painting between the domestic pig (*Sus scrofa*) and two species of peccary, the collared peccary (*T. tajacu*) and the white-lipped peccary (*T. pecari*): a phylogenetic perspective. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 105, p. 115–121, 2004. DOI: 10.1159/000078017.
- BUSTIN, S. A. et al. The MIQE guidelines: minimum information for publication of quantitative real-time PCR experiments. **Clinical Chemistry**, v. 55, n. 4, p. 611–622, 2009. DOI: 10.1373/clinchem.2008.112797.

CASTRO, A. M. M. G. et al. Detection of genetic characterization of Porcine circovirus 2 (PCV2) in Brazilian wildlife boars. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 43, p. 1022–1025, 2012. DOI: 10.1590/S1517-83822012000300025.

CASTRO, A. M. M. G. de et al. Intermittent elimination of Porcine Parvovirus 4 (PPV4) in naturally infected swine semen: first report. **Semina: Ciências Agrárias, Londrina**, v. 39, n. 5, p. 2281–2286, 2018. DOI: 10.5433/1679-0359.2018v39n5p2281

CHEUNG, A. K. et al. Identification and molecular cloning of a novel porcine parvovirus. **Archives of Virology**, v. 155, p. 801–806, 2010. DOI: 10.1007/s00705-010-0646-8.

CONWAY, D. J.; ROPER, C. Micro-evolution and emergence of pathogens. **International Journal for Parasitology**, v. 30, n. 12–13, p. 1423–1430, 2000. DOI: 10.1016/S0020-7519(00)00126-0.

COSTA, H. C. M. et al. Ranging ecology and resource selection of white-lipped peccaries (*Tayassu pecari*) in the world's largest tropical agricultural frontier. **Ecology and Evolution**, v. 13, e10624, 2023. DOI: 10.1002/ece3.10624.

COTMORE, S. F. et al. The family Parvoviridae. **Archives of Virology**, v. 159, n. 5, p. 1239–1247, 2014. DOI: 10.1007/s00705-013-1914-1.

CSÁGOLA, A. et al. Detection, prevalence and analysis of emerging porcine parvovirus infections. **Archives of Virology**, v. 157, n. 6, p. 1003–1010, 2012. DOI: 10.1007/s00705-012-1257-3.

DASZAK, P.; CUNNINGHAM, A. A.; HYATT, A. D. Emerging infectious diseases of wildlife: threats to biodiversity and human health. **Science**, v. 287, n. 5452, p. 443–449, 2000. DOI: 10.1126/science.287.5452.443.

DAVIES, P. R. One world, one health: the threat of emerging swine diseases. A north American perspective. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 59, n. 1, p. 18–26, 2012. DOI: 10.1111/j.1865-1682.2012.01312.x.

DUTRA, R. P. et al. Phylogenetic systematics of peccaries (Tayassuidae: Artiodactyla) and a classification of South American Tayassuids. **Journal of**

Mammalian Evolution, v. 24, p. 345–358, 2016. DOI: 10.1007/s10914-016-9347-8.

FOURNIÉ, G. et al. Spatiotemporal trends in the discovery of new swine infectious agents. **Veterinary Research**, v. 46, p. 114, 2015. DOI: 10.1186/s13567-015-0226-8.

FRAGOSO, J. M. V. et al. Large-scale population disappearances and cycling in the white-lipped peccary, a tropical forest mammal. **PLoS ONE**, v. 17, n. 10, e0276297, 2022. DOI: 10.1371/journal.pone.0276297.

HUANG, L. et al. Detection of a novel porcine parvovirus, PPV4, in Chinese swine herds. **Virology Journal**, v. 7, p. 333, 2010. DOI: 10.1186/1743-422X-7-333.

INTERNATIONAL COMMITTEE ON TAXONOMY OF VIRUSES (ICTV). **Genus: Copiparvovirus**. In: ICTV Report: a report from the International Committee on Taxonomy of Viruses. Chapter Parvoviridae, Family Parvoviridae, Subfamily Parvovirinae. [S.I.]: ICTV, 2024. Disponível em: <https://ictv.global/report/chapter/parvoviridae/parvoviridae/copiparvovirus>.

JONES, B. A. et al. Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 110, n. 21, p. 8399–8404, 2013. DOI: 10.1073/pnas.1208059110.

KEUROGHLIAN, A.; EATON, D. P. Fruit availability and peccary frugivory in an isolated Atlantic Forest fragment: effects on peccary ranging behavior and habitat use. **Biotropica**, v. 40, n. 1, p. 62–70, 2008. DOI: 10.1111/j.1744-7429.2007.00351.x.

KEUROGHLIAN, A. et al. *Tayassu pecari*. The IUCN Red List of Threatened Species 2013: e.T41778A44051115. Gland: IUCN, 2013. DOI: 10.2305/IUCN.UK.2013-1.RLTS.T41778A44051115.en.

KEUROGHLIAN, A.; ANDRADE SANTOS, M. do C.; EATON, D. P. The effects of deforestation on white-lipped peccary (*Tayassu pecari*) home range in the southern Pantanal. **Mammalia**, v. 79, n. 4, p. 491–497, 2014. DOI: 10.1515/mammalia-2014-0094.

KEUROGHLIAN, A. et al. *Tayassu pecari*. **Sistema de Avaliação do Risco de Extinção da Biodiversidade – SALVE**. Brasília: Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade – ICMBio, 2023. DOI: 10.37002/salve.ficha.9813.2.

KOENGNIKAM, Victor Hugo da Silva. **Detecção de Porcine circovirus 3 (PCV3) em *Tayassu pecari***. 2024. Dissertação (Mestrado em Patologia Ambiental e Experimental) – Universidade Paulista, São Paulo, 2024.

LAGAN TREGASKIS, P. et al. Co-infection status of novel parvovirus's (PPV2 to 4) with porcine circovirus 2 in porcine respiratory disease complex and porcine circovirus-associated disease from 1997 to 2012. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 68, n. 4, p. 1979–1994, 2021. DOI: 10.1111/tbed.13846.

LAGER, K. M. et al. Diversity of viruses detected by deep sequencing in pigs from a common background. **Journal of Veterinary Diagnostic Investigation**, v. 24, n. 6, p. 1177–1179, 2012. DOI: 10.1177/1040638712463212.

LANGNAESE, K. et al. Selection of reference genes for quantitative real-time PCR in a rat asphyxial cardiac arrest model. **BMC Molecular Biology**, v. 9, p. 53, 2008. DOI: 10.1186/1471-2199-9-53.

LIU, Y. et al. Porcine parvovirus in China: recent advances, epidemiology, and vaccine strategies. **Viruses**, v. 17, n. 9, p. 1262, 2025. DOI: 10.3390/v17091262.

MENG, X. J. Hepatitis E virus: cross-species infection and zoonotic risk. **Clinical Microbiology Newsletter**, New York, v. 27, n. 9, p. 65–72, 2005. DOI: 10.1016/j.clinmicnews.2005.03.001.

MENGELING, W. L.; PAUL, P. S.; BROWN, T. T. Transplacental infection and embryonic death following maternal exposure to porcine parvovirus near the time of conception. **Archives of Virology**, v. 65, p. 55–62, 1980.

MILÉK, D. et al. Detection patterns of Porcine parvovirus (PPV) and novel porcine parvoviruses 2 through 6 (PPV2–PPV6) in Polish swine farms. **Viruses**, v. 11, n. 5, p. 474, 2019. DOI: 10.3390/v11050474.

MOURA, A. C. de et al. Transcriptional expression study in the central nervous system of rats: what gene should be used as internal control. **Einstein**, São Paulo, v. 12, n. 3, p. 336–341, 2014. DOI: 10.1590/S1679-45082014AO3042.

NELSEN, A.; LIN, C.-M.; HAUSE, B. M. Porcine parvovirus 2 is predominantly associated with macrophages in porcine respiratory disease complex. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 8, p. 726884, 2021. DOI: 10.3389/fvets.2021.726884.

NI, J. et al. Identification and genomic characterization of a novel porcine parvovirus (PPV6) in China. **Virology Journal**, v. 11, p. 203, 2014. DOI: 10.1186/s12985-014-0203-2.

NICHOL, S. T.; ARIKAWA, J.; KAWAOKA, Y. Emerging viral diseases. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 97, n. 23, p. 12411–12412, 2000. DOI: 10.1073/pnas.210382297.

OLIVEIRA, R. C. et al. Out of the shadows, into the spotlight: invisible zoonotic diseases in Brazil. **Lancet Regional Health – Americas**, v. 8, p. 100202, 2022. DOI: 10.1016/j.lana.2022.100202.

OPRIESSNIG, T.; GIMÉNEZ-LIROLA, L. G.; HALBUR, P. G. Polymicrobial respiratory disease in pigs. **Animal Health Research Reviews**, v. 12, n. 2, p. 133–148, 2011. DOI: 10.1017/S1466252311000120.

OUYANG, T. et al. Co-infection of swine with Porcine circovirus type 2 and other swine viruses. **Viruses**, v. 11, n. 2, p. 185, 2019. DOI: 10.3390/v11020185.

PLOWRIGHT, R. K. et al. Pathways to zoonotic spillover. **Nature Reviews Microbiology**, v. 15, n. 8, p. 502–510, 2017. DOI: 10.1038/nrmicro.2017.45.

QIAGEN. **Endobac® Kit Handbook**: detection of endogenous bacterial DNA. Hilden: QIAGEN GmbH, 2020.

QIN, S. et al. Viral communities associated with porcine respiratory disease complex in intensive commercial farms in Sichuan province, China. **Scientific Reports**, v. 8, p. 13341, 2018. DOI: 10.1038/s41598-018-31554-8.

RAYMOND, K. H. et al. Reverse transcriptase PCR diagnostic assay for the coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome. **Journal of**

Clinical Microbiology, v. 42, n. 5, p. 1994–1999, 2004. DOI: 10.1128/JCM.42.5.1994-1999.2004.

RUIZ, V. L. A. et al. **Parvovirose suína**. São Paulo: Instituto Biológico, 2017. (Boletim Técnico, 31). Disponível em: <http://repositoriobiologico.com.br/jspui/handle/123456789/169>.

RUIZ-FONS, F. et al. Seroprevalence of six reproductive pathogens in European wild boar (*Sus scrofa*) from Spain: the effect on wild boar female reproductive performance. **Theriogenology**, v. 65, n. 4, p. 731–743, 2006. DOI: 10.1016/j.theriogenology.2005.07.001.

RUIZ-FONS, F.; SEGALÉS, J.; GORTÁZAR, C. A review of viral diseases of the European wild boar: effects of population dynamics and reservoir role. **Veterinary Journal**, v. 176, n. 2, p. 158–169, 2008. DOI: 10.1016/j.tvjl.2007.02.017.

SÃO PAULO (Estado). Secretaria do Meio Ambiente. **Plano de manejo do Parque Estadual da Ilha do Cardoso: fase 2**. São Paulo: Secretaria do Meio Ambiente, 2001.

SÃO PAULO (Estado). Secretaria do Meio Ambiente. Instituto Florestal. **Parque Estadual da Serra do Mar: plano de manejo**. São Paulo: Instituto Florestal, 2006.

SCHRADER, C. et al. PCR inhibitors – occurrence, properties and removal. **Journal of Applied Microbiology**, v. 113, n. 5, p. 1014–1026, 2012. DOI: 10.1111/j.1365-2672.2012.05384.x.

SILVA, Diego Ferreira da. **Ocorrência de circovírus porcino tipo 2 (PCV2a e PCV2b) em queixadas de vida livre**. 2025. Tese (Doutorado em Patologia Ambiental e Experimental) – Universidade Paulista, São Paulo, 2025.

SILVA, R. W.; FREITAS, T. R. O. de; SBALQUEIRO, I. J. Evaluation of genetic variability in the collared peccary *Pecari tajacu* and the white-lipped peccary *Tayassu pecari* by microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 33, n. 1, p. 62–67, 2010. DOI: 10.1590/S1415-47572010005000002.

SLEEMAN, J. M.; DeLIBERTO, T.; NGUYEN, N. Optimization of human, animal, and environmental health by using the One Health approach. **Journal of**

Veterinary Science, v. 18, supl. 1, p. 263–268, 2017. DOI: 10.4142/jvs.2017.18.S1.263.

TABANEZ, M. F. et al. Plano de manejo da Estação Ecológica dos Caetetus. **IF Série Registros**, São Paulo, n. 29, p. 1–104, 2005.

VARGAS-BERMUDEZ, D. S. et al. The novel porcine parvoviruses: current state of knowledge and their possible implications in clinical syndromes in pigs. **Viruses**, v. 15, n. 12, p. 2398, 2023. DOI: 10.3390/v15122398.

WANG, Y. et al. Sow reproductive disorders: a key issue affecting the pig industry. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 12, p. 1535719, 2025. DOI: 10.3389/fvets.2025.1535719.

WEBSTER, R. G. et al. Evolution and ecology of influenza A viruses. **Microbiological Reviews**, v. 56, n. 1, p. 152–179, 1992. DOI: 10.1128/MMBR.56.1.152-179.1992.

WOOLHOUSE, M. E. J.; TAYLOR, L. H.; HAYDON, D. T. Population biology of multihost pathogens. **Science**, v. 292, n. 5519, p. 1109–1112, 2001. DOI: 10.1126/science.1059026.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). **A health perspective on the role of the environment in One Health**. Copenhagen: WHO Regional Office for Europe, 2022. Disponível em: <https://www.who.int/europe/publications/i/item/WHO-EURO-2022-5290-45054-64214>.

XIAO, C.-T. et al. Increasing porcine PARV4 prevalence with pig age in the U.S. pig population. **Veterinary Microbiology**, v. 160, n. 3–4, p. 290–296, 2012. DOI: 10.1016/j.vetmic.2012.05.038.

XIAO, C.-T. et al. Characterization of a novel porcine parvovirus tentatively designated PPV5. **PLoS ONE**, v. 8, n. 6, e65312, 2013. DOI: 10.1371/journal.pone.0065312.

ANEXOS

Anexo 1. Termo de doação das amostras

São Paulo, 12 de dezembro de 2022

Como responsável veterinário pelo projeto intitulado "Avaliação genética e sanitária de queixadas (*Tayassu pecari*) em remanescentes de mata atlântica do Estado de SP", auxílio FAPESP N° 2015/20133-0, número SISBIO 51307-5, CEUA UFABC nº 4837100519, declaro que estou cedendo amostras de soro e tecido para diagnóstico molecular de agentes virais potencialmente causadores de doença para a espécie, sob responsabilidade da pesquisadora Alessandra Marnie Martins Gomes de Castro, vinculada ao Programa de Pós Graduação Scrito Sensu em Patologia Ambiental e Experimental – Universidade Paulista UNIP.

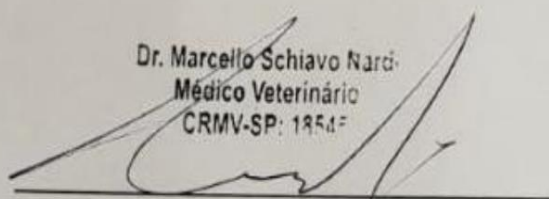
Sem mais para o momento, estou à disposição para maiores esclarecimentos.

Atenciosamente

Dr. Marcello Schiavo Nardi

Médico Veterinário

CRMV-SP: 18542



Marcello Schiavo Nardi

marcellosn@gmail.com

11999376454

Anexo 2. Certificado de aprovação pelo CEUA.

 Universidade Federal do ABC	MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO Fundação Universidade Federal do ABC Comissão de Ética em Uso de Animais	
CERTIFICADO		
Certificamos que a proposta intitulada "Avaliação demográfica, genética e sanitária de populações de queixada (<i>Tayassu pecari</i>) da Mata Atlântica", protocolada sob o CEUA nº 4837100519, sob a responsabilidade de Cibele Biondo e equipe; <i>Anna Carolina Russo Curbelo Martin; Gabriela Schmaedecke; Mozart Sávio Pires Baptista; Alexine Keuroghlian; Marcello Schiavo Nardi</i> - que envolve a produção, manutenção e/ou utilização de animais pertencentes ao filo Chordata, subfilo Vertebrata (exceto o homem), para fins de pesquisa científica ou ensino - está de acordo com os preceitos da Lei 11.794 de 8 de outubro de 2008, com o Decreto 6.899 de 15 de julho de 2009, bem como com as normas editadas pelo Conselho Nacional de Controle da Experimentação Animal (CONCEA), e foi aprovada pela Comissão de Ética no Uso de Animais da Fundação Universidade Federal do ABC (CEUA/UFABC) na reunião de 16/07/2019. We certify that the proposal "Demographic, genetic and sanitary evaluation of white-lipped peccary populations (<i>Tayassu pecari</i>) from the Atlantic Forest", utilizing 90 Brazilian wild species (males and females), protocol number CEUA 4837100519, under the responsibility of Cibele Biondo and team; <i>Anna Carolina Russo Curbelo Martin; Gabriela Schmaedecke; Mozart Sávio Pires Baptista; Alexine Keuroghlian; Marcello Schiavo Nardi</i> - which involves the production, maintenance and/or use of animals belonging to the phylum Chordata, subphylum Vertebrata (except human beings), for scientific research purposes or teaching - is in accordance with Law 11.794 of October 8, 2008, Decree 6899 of July 15, 2009, as well as with the rules issued by the National Council for Control of Animal Experimentation (CONCEA), and was approved by the Ethic Committee on Animal Use of the Federal University of ABC (CEUA/UFABC) in the meeting of 07/16/2019.		
Finalidade da Proposta: Pesquisa (Acadêmica)		
Vigência da Proposta: de 07/2019 a 06/2021		Área: Centro de Ciências Naturais E Humanas
Origem: Não aplicável		
Espécie: Espécies silvestres brasileiras	sexo: Machos e Fêmeas	Idade: 1 a 15 anos N: 90
Linhagem: Tayassu pecari	Peso: 1 a 40 kg	
Registro IBAMA/Sisbio/Etc: SISBIO 51307-5		

Anexo 3. Certificado de aprovação de coletadas de amostra pelo SISBIO.



Ministério do Meio Ambiente - MMA
Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio
Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO

Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 51307-5	Data da Emissão: 25/04/2019 10:22:37	Data da Revalidação*: 25/04/2020
De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.		

Dados do titular

Nome: MARCELLO SCHIAVO NARDI	CPF: 307.513.278-08
Nome da Instituição: PMSP - SVMA - Divisão Técnica de Medicina Veteri	CNPJ: 74.118.514/0004-25

Cronograma de atividades

#	Descrição da atividade	Início (mês/ano)	Fim (mês/ano)
1	Captura e Coleta de Material	10/2017	10/2019