ANÁLISE MOLECULAR DE *PORCINE CIRCOVIRUS 2* (PCV2A E PCV2B) EM POPULAÇÕES DE CATETOS E QUEIXADAS: IMPLICAÇÕES PARA A SAÚDE ÚNICA

Autor: Diego Ferreira da Silva

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

A investigação sobre a presença do *Porcine circovirus 2* (PCV2) em catetos (*Pecari tajacu*) e queixadas (*Tayassu pecari*) é fundamental diante do potencial zoonótico desse agente e da interação dessas espécies com humanos em regiões onde fazem parte da dieta. Embora o PCV2 seja amplamente estudado em suínos domésticos, sua circulação em populações selvagens permanece pouco compreendida, evidenciando lacunas relevantes no contexto da saúde única. Neste estudo, foram analisadas 73 amostras — sendo 64 de soro e 9 de tecido — provenientes de 66 animais de áreas de preservação ambiental no estado de São Paulo, Brasil. As análises por qPCR não detectaram os genótipos PCV2a e PCV2b nas amostras testadas, sugerindo baixa prevalência de viremia nos indivíduos analisados. Para evitar falsos negativos, todas as amostras foram testadas quanto à presença de genes endógenos, confirmando a integridade do material genético extraído. Atualmente, a pesquisa encontra-se em fase de expansão, com a inclusão de 93 amostras de fezes dos mesmos indivíduos, coletadas por *swab* retal. Essa etapa busca avaliar a eliminação viral por via fecal — processo que ocorre de forma intermitente —, aumentando a chance de detecção de animais positivos, visto que o período de viremia é curto e poucas amostras de tecido foram analisadas. Além disso, a análise de fezes é relevante para entender o papel dessa via na dispersão ambiental do vírus. A continuidade do estudo pretende aprofundar a compreensão da dinâmica do PCV2 em ecossistemas compartilhados, contribuindo para o desenvolvimento de estratégias preventivas voltadas à saúde pública, animal e ambiental.