

Os parvovírus são ubíquos e infectam uma ampla gama de espécies de animais domésticos e silvestres. O parvovirus suíno 1 (PPV1) tem ocorrência mundial e é uma das principais causas de perdas reprodutivas na suinocultura. Além disso, estudos demonstram que o PPV1 também circula na população de javalis. O parvovirus suíno 2 (PPV2) foi identificado em soro de suíno em Myanmar, mas nenhuma correlação com doença clínica foi estabelecida. O hokovírus suíno (PHoV) foi primeiramente identificado na China em soro e tecidos de suínos e apresenta estrita relação genética com o PARV4 humano. O parvovirus suíno 4 (PPV4) foi detectado em suínos e javalis na China, Europa e Estados Unidos. Os anelovírus, torque teno sus virus genotipo 1 e 2 (TTSuV1 e TTSuV2), estão presentes na população de suínos e javalis. O objetivo do presente trabalho foi detectar parvovírus e anelovírus em pulmão de javalis de cativeiro. Foram coletadas em abatedouro 60 amostras de pulmão de javalis que apresentavam lesões de consolidação pulmonar, provenientes de dois criatórios no Estado do RS, em 2011. A extração de DNA das amostras foi realizada utilizando um kit comercial à base de sílica. Para detecção de PPV1, foi utilizada uma nested PCR (nPCR), para PPV4, TTSuV1 e TTSuV2 foram utilizados protocolos de PCR já descritos na literatura. Iniciadores foram selecionados para detecção de PPV2 e PHoV. Os produtos da PCR foram visualizados após eletroforese em gel de agarose a 2% sob luz ultravioleta. Das amostras testadas, 33% (20/60) foram positivas para PPV1, 26,6% (16/60) para PPV2, 61,6% (37/60) para PHoV, 53,3% (32/60) para TTSuV1, 51,6% (31/60) para TTSuV2 e 45% (27/60) para PPV4. Na Granja 1, o PHoV foi o vírus mais detectado, apresentando positividade em 87% (27/31) das amostras, seguido de TTSuV2 com 54,8% (17/31), PPV4 com 51,6% (16/31), TTSuV1 com 38,7% (12/31), PPV2 com 29% (9/31) e o PPV1 não foi detectado. Na Granja 2, o TTSuV1 e o PPV1 apresentaram a mesma quantidade de amostras positivas 68,9%, (20/29), seguido de TTSuV2 com 48,3% (14/29), PPV4 com 37,9% (11/29), PHoV com 34,5% (10/29) e o PPV2 com 24,1% (7/29). O maior número de coinfeções foi de 35% (21/60) para PHoV e TTSuV1 e de 28,3% (17/60) para TTSuV1 e TTSuV2. Este é o primeiro relato de detecção destes parvovírus emergentes em javalis de cativeiro no Brasil. O PHoV foi o vírus com maior número de amostras positivas de pulmão, o que já havia sido demonstrado na Europa. Conclui-se que esses vírus estão circulando na população de javalis, no entanto, a patogenicidade desses novos vírus ainda é desconhecida. Em razão disso, estudos epidemiológicos e de patogenia são necessários para compreender se esses vírus estão relacionados com alguma doença clínica.