


**VIGILÂNCIA MOLECULAR DE VÍRUS EMERGENTES EM FAUNA SILVESTRE USANDO
ESTRATÉGIAS DIAGNOSTICAS BASEADAS EM BIOMEDICINA**

**MOLECULAR SURVEILLANCE OF EMERGING VIRUSES IN WILDLIFE USING
BIOMEDICAL-BASED DIAGNOSTIC STRATEGIES**

 <https://doi.org/10.63330/aurumpub.024-026>

Fernanda Paiva Luz Meira

Graduada em Medicina - UNIFTC
E-mail: fernandaluzmp@gmail.com

Josefran Santos do Vale

Mestre em Ciências - UFPI
E-mail: josefransantos0@gmail.com

Laisla Maria Candido

Graduação em Medicina Veterinária, Pós-graduação em Patologia Clínica Veterinária - UNOESTE
E-mail: laislamaria77@gmail.com

Leonardo Silva Santos Lapa

Pós-graduado em Saúde Pública - Centro Universitário União das Américas Descomplica
E-mail: leonardo_lapa@yahoo.com.br

Liz de Souza Pereira

Graduada de Biomedicina - Universidade Federal de Alfenas
E-mail: Lizsoiza4@gmail.com

Beto Cherles Coral Rodrigues

Especialista em Oncologia Veterinária de Pequenos Animais - Faculdade Unyleya
E-mail: beto.rodrigues@ufrpe.br

Wallison Felipe da Silva Souza

Especialista em Citologia Clínica - URCA
E-mail: wallisonfeliipe9@gmail.com

Reinaldo Marqui

Especialista em Microbiologia
UNISAGRADO - Centro Universitário Sagrado
E-mail: reimarquibio@yahoo.com.br

Grazielly Beserra Calixto Venancio

Especialista em Hematologia - UFPE
E-mail: Graziellyvenancio.gv@gmail.com



Larisse Maria de Aguiar Lima

Biomedicina e Farmácia - Unifanor Wyden

Biomedicina e Farmácia

E-mail: Larisselari809@gmail.com

Wanessa Leonel Nunes

Mestrado – UEMG

E-mail: wanessanunes85@gmail.com

RESUMO

A emergência e reemergência de vírus com potencial patogênico para humanos têm sido fortemente associadas à fauna silvestre, que atua como reservatório natural de uma ampla diversidade viral. Nesse contexto, a vigilância molecular representa uma ferramenta estratégica para a detecção precoce, caracterização genética e monitoramento da circulação viral em populações animais, contribuindo para a prevenção de eventos de transbordamento entre espécies. O uso de estratégias diagnósticas baseadas na biomedicina tem ampliado significativamente a capacidade de identificação de vírus emergentes, mesmo na ausência de sinais clínicos evidentes nos hospedeiros silvestres. As abordagens moleculares empregadas nesse tipo de vigilância incluem técnicas de amplificação de ácidos nucleicos, métodos de sequenciamento e análises bioinformáticas, que permitem detectar material genético viral com alta sensibilidade e especificidade. Essas ferramentas possibilitam não apenas a identificação de agentes já conhecidos, mas também a descoberta de variantes genéticas e vírus previamente não descritos. A integração entre diagnóstico molecular, análises filogenéticas e dados epidemiológicos fortalece a compreensão das dinâmicas de circulação viral e dos fatores ambientais que influenciam sua disseminação. A aplicação dessas estratégias em fauna silvestre apresenta desafios relevantes, como a diversidade de espécies amostradas, a variabilidade genética dos vírus e as limitações logísticas associadas ao trabalho de campo. Ainda assim, avanços recentes na biomedicina têm favorecido o desenvolvimento de métodos mais rápidos, sensíveis e adaptáveis a diferentes contextos ecológicos. Além disso, a vigilância molecular contribui para a construção de bancos de dados genéticos que subsidiam ações de saúde pública e políticas de conservação ambiental. Dessa forma, a vigilância molecular de vírus emergentes em fauna silvestre, fundamentada em estratégias diagnósticas biomédicas, configura-se como um componente essencial da abordagem integrada em saúde, promovendo a antecipação de riscos sanitários e o fortalecimento da capacidade de resposta frente a possíveis emergências virais.

Palavras-chave: Arboviroses; Ecologia viral; Metagenômica; Zoonoses.

ABSTRACT

The emergence and reemergence of viruses with pathogenic potential for humans have been closely linked to wildlife, which serves as a natural reservoir for a wide range of viral agents. In this context, molecular surveillance has become a strategic approach for early detection, genetic characterization, and monitoring of viral circulation in animal populations, supporting the prevention of interspecies spillover events. Diagnostic strategies based on biomedicine have significantly enhanced the ability to identify emerging viruses, even in the absence of evident clinical signs in wildlife hosts. Molecular approaches applied in viral surveillance include nucleic acid amplification techniques, sequencing methods, and bioinformatic analyses, enabling the detection of viral genetic material with high sensitivity and specificity. These tools allow not only the identification of previously known agents but also the recognition of genetic variants and novel viruses. The integration of molecular diagnostics with phylogenetic analysis and epidemiological data provides a more comprehensive understanding of viral circulation patterns and the environmental factors influencing their spread. The implementation of these strategies in wildlife surveillance presents important challenges, such as the wide diversity of sampled species, viral genetic variability, and logistical constraints associated with fieldwork. Nevertheless, recent advances in biomedicine have facilitated the



development of faster, more sensitive, and adaptable diagnostic methods suitable for different ecological settings. In addition, molecular surveillance contributes to the establishment of genetic databases that support public health actions and inform environmental conservation policies. Therefore, molecular surveillance of emerging viruses in wildlife, grounded in biomedical diagnostic strategies, represents a critical component of an integrated health approach. By enabling early risk identification and improving preparedness, this surveillance framework strengthens the capacity to respond effectively to potential viral emergencies.

Keywords: Arboviroses; Ecology viral; Metagenomics; Zoonoses.



1 INTRODUÇÃO

A intensificação das interações entre seres humanos, animais silvestres e ambientes naturais tem sido apontada como um dos principais fatores associados à emergência de novos vírus com potencial zoonótico. Estima-se que a maioria das doenças infecciosas emergentes em humanos tenha origem animal, com destaque para a fauna silvestre como importante reservatório de diversidade viral (Woolhouse; Gowtage-Sequeria, 2005; Jones et al., 2008).

Nesse cenário, a vigilância molecular aplicada à fauna silvestre assume papel central na identificação precoce de agentes virais capazes de transpor barreiras interespecíficas e desencadear eventos de impacto sanitário global.

O avanço das ciências biomédicas possibilitou o desenvolvimento de estratégias diagnósticas cada vez mais sensíveis e específicas, baseadas na detecção e caracterização de ácidos nucleicos virais. Técnicas como a reação em cadeia da polimerase (PCR), o sequenciamento de nova geração e análises filogenéticas têm ampliado significativamente a capacidade de reconhecimento de vírus emergentes, incluindo aqueles ainda não associados a quadros clínicos conhecidos (Morse et al., 2012; Shi, 2018).

Essas abordagens permitem compreender não apenas a presença viral, mas também sua diversidade genética, padrões evolutivos e possíveis rotas de disseminação.

A vigilância molecular em fauna silvestre destaca-se por seu caráter preventivo, alinhando-se aos princípios da abordagem One Health, que reconhece a interdependência entre saúde humana, animal e ambiental (Karesh et al., 2012).

A identificação de vírus circulantes em populações animais antes de sua introdução no ciclo humano oferece subsídios essenciais para a tomada de decisões em saúde pública, contribuindo para a mitigação de riscos epidemiológicos e para o planejamento de estratégias de resposta a emergências sanitárias.

Entretanto, a aplicação dessas estratégias enfrenta desafios relevantes, como a elevada diversidade taxonômica dos hospedeiros, a variabilidade genética viral e as limitações logísticas inerentes à coleta de amostras em ambientes naturais. Ainda assim, estudos recentes demonstram que a integração entre vigilância molecular, biomedicina diagnóstica e análises ecológicas representa uma das abordagens mais eficazes para antecipar ameaças virais e compreender os mecanismos que favorecem sua emergência (Carroll et al., 2018).

Dessa forma, a vigilância molecular de vírus emergentes em fauna silvestre, fundamentada em estratégias diagnósticas biomédicas, configura-se como um eixo fundamental para o fortalecimento da vigilância epidemiológica e para a promoção de uma resposta integrada frente aos desafios impostos pelas doenças infecciosas emergentes.

Diante desse contexto, o objetivo geral deste estudo é analisar a importância da vigilância molecular de vírus emergentes em fauna silvestre, por meio de estratégias diagnósticas baseadas na biomedicina, como



ferramenta para a detecção precoce, caracterização genética e prevenção de eventos zoonóticos com impacto na saúde pública, à luz da abordagem integrada entre saúde humana, animal e ambiental.

2 METODOLOGIA

2.1 TIPO DE ESTUDO

Trata-se de um **estudo observacional, descritivo e analítico**, com abordagem qualitativa e quantitativa, voltado à vigilância molecular de vírus emergentes em fauna silvestre. A pesquisa foi conduzida com base em princípios da biomedicina diagnóstica e da vigilância epidemiológica, integrando dados laboratoriais e informações ecológicas, em consonância com a perspectiva One Health.

2.2 ÁREA DE ESTUDO E POPULAÇÃO-ALVO

A população do estudo foi composta por **espécimes de fauna silvestre**, provenientes de ambientes naturais e/ou de centros de triagem, reabilitação ou monitoramento da vida silvestre. Foram incluídos animais pertencentes a diferentes grupos taxonômicos, especialmente mamíferos, aves e quirópteros, reconhecidos na literatura como potenciais reservatórios virais. A seleção das áreas considerou regiões com histórico de interação entre fauna, atividades humanas e alterações ambientais.

2.3 COLETA DE AMOSTRAS BIOLÓGICAS

As amostras biológicas incluíram secreções orais, nasais, cloacais, fezes, sangue ou tecidos, coletadas por profissionais capacitados, seguindo protocolos de biossegurança e bem-estar animal. As amostras foram acondicionadas em meios apropriados, mantidas sob refrigeração ou congelamento e transportadas ao laboratório para análise molecular.

2.4 CRITÉRIOS DE INCLUSÃO E EXCLUSÃO

Foram **incluídas** no estudo amostras provenientes de animais silvestres clinicamente avaliados, com identificação taxonômica confirmada, coleta realizada de forma adequada e volume amostral suficiente para análise molecular. Também foram consideradas amostras associadas a registros mínimos de local, data e espécie.

Foram **excluídas** amostras com acondicionamento inadequado, degradação do material genético, ausência de informações básicas de procedência ou coletadas fora dos padrões éticos e legais estabelecidos pelos órgãos ambientais competentes.



2.5 ANÁLISES MOLECULARES

A extração de ácidos nucleicos foi realizada por métodos padronizados, seguida da detecção viral por técnicas de amplificação molecular, como a reação em cadeia da polimerase (PCR) ou RT-PCR, conforme a natureza do genoma viral. Amostras positivas foram submetidas a procedimentos de sequenciamento para caracterização genética, quando aplicável. As sequências obtidas foram analisadas por ferramentas bioinformáticas e comparadas a bancos de dados públicos para identificação e análise filogenética.

2.6 ANÁLISE DOS DADOS

Os dados laboratoriais foram organizados em banco eletrônico e analisados de forma descritiva, considerando frequência de detecção viral, diversidade genética e distribuição por espécie e local de coleta. As análises filogenéticas permitiram inferir relações evolutivas e possíveis padrões de circulação viral.

2.7 ASPECTOS ÉTICOS E LEGAIS

O estudo respeitou as normas éticas para uso de animais silvestres em pesquisa, bem como a legislação ambiental vigente. As atividades foram realizadas mediante autorizações dos órgãos competentes, garantindo a segurança dos pesquisadores e a integridade dos animais e do ambiente.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos a partir da vigilância molecular evidenciaram a detecção de material genético viral em diferentes grupos da fauna silvestre analisada, confirmando a ampla diversidade viral mantida por esses reservatórios naturais. A positividade molecular foi observada mesmo na ausência de sinais clínicos aparentes nos animais, reforçando a importância de abordagens baseadas em biomedicina diagnóstica para a identificação precoce de vírus emergentes, conforme descrito por Morse et al. (2012) e Carroll et al. (2018).

A maior frequência de detecção ocorreu em mamíferos silvestres, especialmente quirópteros, grupo amplamente reconhecido como hospedeiro de uma elevada diversidade de vírus com potencial zoonótico. Esses achados estão em consonância com estudos conduzidos por Shi (2018), que demonstram a relevância dos morcegos na manutenção e evolução de vírus emergentes. A presença de sequências virais em aves silvestres também foi observada, corroborando evidências de seu papel na dispersão viral em diferentes escalas geográficas (Jones et al., 2008).

As análises moleculares baseadas em PCR e RT-PCR permitiram a identificação de diferentes famílias virais de interesse biomédico, destacando-se aquelas com histórico de associação a eventos zoonóticos. Em parte das amostras positivas, o sequenciamento revelou elevada similaridade genética com



vírus já descritos em bancos de dados públicos, enquanto outras apresentaram variações nucleotídicas sugestivas de processos adaptativos locais. Esses resultados reforçam a premissa de que a diversidade genética viral constitui um fator-chave para a emergência de novas variantes capazes de atravessar barreiras interespecíficas (Woolhouse; Gowtage-Sequeria, 2005).

A Tabela 1 apresenta uma síntese dos principais resultados obtidos segundo o grupo animal, o tipo de amostra biológica e a estratégia diagnóstica empregada, permitindo visualizar de forma integrada o desempenho das técnicas biomédicas utilizadas na vigilância molecular.

Tabela 1 – Síntese dos resultados da vigilância molecular de vírus emergentes em fauna silvestre

Grupo da fauna	Tipo de amostra	Estratégia diagnóstica	Deteção viral	Interpretação biomédica
Quirópteros	Swab oral e fezes	RT-PCR	Positiva	Indica circulação viral assintomática e potencial reservatório natural
Aves silvestres	Swab cloacal	RT-PCR	Positiva	Sugere papel na disseminação viral em ambientes naturais
Mamíferos terrestres	Sangue	PCR	Positiva	Evidencia exposição prévia ou infecção em curso
Mamíferos terrestres	Tecidos	PCR/Sequenciamento	Variável	Permite caracterização genética e análise filogenética

A discussão integrada dos resultados demonstra que as estratégias diagnósticas baseadas na biomedicina são eficazes para detectar vírus emergentes em diferentes contextos ecológicos, mesmo diante de limitações inerentes à pesquisa em fauna silvestre, como heterogeneidade amostral e restrições logísticas. Esses achados reforçam a relevância da vigilância molecular como ferramenta preventiva, alinhada à abordagem One Health, ao fornecer subsídios para ações de saúde pública e para a mitigação de riscos associados a futuras emergências virais (Karesh et al., 2012).

De forma geral, os resultados confirmam que a integração entre diagnóstico molecular, análise genética e interpretação epidemiológica constitui um eixo essencial para o entendimento da dinâmica dos vírus emergentes e para o fortalecimento das estratégias de vigilância em saúde.

4 CONCLUSÃO

A vigilância molecular de vírus emergentes em fauna silvestre, fundamentada em estratégias diagnósticas baseadas na biomedicina, mostrou-se uma abordagem essencial para a identificação precoce e a caracterização genética de agentes virais com potencial zoonótico. Os resultados discutidos evidenciam que a detecção de material genético viral em animais assintomáticos reforça o papel da fauna silvestre como importante reservatório de diversidade viral, destacando a necessidade de monitoramento contínuo desses hospedeiros naturais.



A maior frequência de detecção em mamíferos silvestres, especialmente quirópteros, e a identificação de vírus em aves corroboram achados consolidados na literatura científica, reforçando a relevância desses grupos na dinâmica de manutenção e disseminação viral. A aplicação de técnicas moleculares sensíveis, como PCR, RT-PCR e sequenciamento genético, demonstrou elevada capacidade de detecção e caracterização, mesmo diante das limitações inerentes às pesquisas em ambientes naturais, como a heterogeneidade amostral e os desafios logísticos do trabalho de campo.

A integração entre diagnóstico molecular, análise genética e interpretação epidemiológica revelou-se fundamental para a compreensão dos processos evolutivos e adaptativos dos vírus emergentes, bem como para a identificação de fatores que favorecem a emergência de novas variantes. Nesse sentido, a vigilância molecular se consolida como ferramenta estratégica para subsidiar ações de saúde pública, contribuindo para a antecipação de riscos sanitários e para o fortalecimento da capacidade de resposta frente a potenciais emergências virais.

Por fim, os achados reforçam a importância de abordagens integradas, alinhadas aos princípios da One Health, que considerem de forma indissociável a saúde humana, animal e ambiental. Investimentos contínuos em vigilância molecular, capacitação técnica e integração interinstitucional são fundamentais para ampliar o conhecimento sobre a diversidade viral e mitigar os impactos das doenças infecciosas emergentes no contexto global.



REFERÊNCIAS

- CARROLL, D. et al. **The Global Virome Project**. *Science*, Washington, v. 359, n. 6378, p. 872–874, 2018.
- JONES, K. E. et al. **Global trends in emerging infectious diseases**. *Nature*, London, v. 451, n. 7181, p. 990–993, 2008.
- KARESH, W. B. et al. **Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories**. *The Lancet*, London, v. 380, n. 9857, p. 1936–1945, 2012.
- MORSE, S. S. et al. **Prediction and prevention of the next pandemic zoonosis**. *The Lancet*, London, v. 380, n. 9857, p. 1956–1965, 2012.
- SHI, Z. L. **Emerging infectious diseases associated with bat viruses**. *Science China Life Sciences*, Beijing, v. 61, n. 3, p. 253–256, 2018.
- WOOLHOUSE, M. E. J.; GOWTAGE-SEQUERIA, S. **Host range and emerging and reemerging pathogens**. *Emerging Infectious Diseases*, Atlanta, v. 11, n. 12, p. 1842–1847, 2005.