

## DIVERSIDADE INTRA-CLONAL DE MONKEYPOX VIRUS DA PRIMEIRA ONDA DE SURTOS NO BRASIL

WITT A.S.A.<sup>1\*</sup>; CARVALHO J.V.R.P.<sup>1</sup>; MAMEDE I.<sup>2</sup>; ADELINO T.E.R.<sup>3,5</sup>; IANI F.C.M.<sup>3,5</sup>; LIMA M.T.<sup>3,5</sup>; ARANTES T.S.<sup>4</sup>; CUNHA D.E.S.<sup>4</sup>; RODRIGUES R.A.L.<sup>1</sup>; TRINDADE G.S.<sup>1,5</sup>; KROON E.G.<sup>1,5</sup>; ARIAS N.E.C.<sup>1</sup>; FRANCO G.R.<sup>2</sup>; ABRAHÃO J.S.<sup>1,5</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Vírus, Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biológicas – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG

<sup>2</sup> Laboratório de Genética Bioquímica, Departamento de Bioquímica, Instituto de Ciências Biológicas – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG

<sup>3</sup> Serviço de Virologia e Riquetsioses, Instituto Octávio Magalhães – Fundação Ezequiel Dias, Belo Horizonte, MG

<sup>4</sup> Centro de Microscopia – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG

<sup>5</sup> Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Poxvírus, Belo Horizonte, MG

\*E-mail: [asawitt1997@gmail.com](mailto:asawitt1997@gmail.com)

Monkeypox virus (MPXV) é um patógeno zoonótico emergente responsável pela mpxo, doença caracterizada por sintomas semelhantes aos da varíola, ocasionalmente fatal. Desde sua descoberta, foram registrados poucos surtos fora de seu ambiente endêmico, onde circula em dois clados de importância médica distinta: clado I da África central (bacia do Congo) e clado II da África ocidental. O maior surto global de mpxo registrado começou em maio de 2022, com mais de 162.000 casos em 140 países (OMS, setembro de 2025), associado à emergência do clado II, o menos virulento. Embora os ortopoxvírus apresentem características muito conservadas, MPXV é considerado um patógeno negligenciado a respeito do qual ainda não se conhece características importantes de sua biologia. Aqui, analisamos a diversidade intra-clonal do MPXV a partir de uma única amostra de lesão cutânea de um paciente do sexo masculino (junho de 2022). Três clones virais foram obtidos após a avaliação fenotípica das características da placa de *lise* do MPXV ao longo de um ciclo de três infecções em células BSC-40. Ao contrário do descrito para o principal modelo de estudos dos ortopoxvírus, o vaccínia vírus Western Reserve, os clones MPXV não produziram cometas, sugerindo uma reduzida liberação de partículas do morfotipo EEV, associado à disseminação viral. Ambos os resultados observados para os fenótipos de placas de *lise* e formação de cometas pelos clones de MPXV dão suporte à literatura recente pós emergência do clado IIb. Análises genômicas comparativas, incluindo sintenia e identificação de SNP, revelaram diferenças intra-clonais e divergências das referências dos clados I e II de MPXV, embora a variedade de mutações encontradas não indique variações em nível proteico. Em conjunto, esses achados sugerem que, embora semelhantes, variantes distintas do MPXV podem circular juntas e ser encontradas em uma única lesão exantemática, oferecendo uma nova perspectiva sobre a caracterização deste vírus.

Apoio financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), e Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Poxvírus (INCT-Pox) 406441/2022-7

Palavras-chave: Monkeypox virus, caracterização fenotípica, genoma, SNPs, MPOX, diversidade intra-clonal