

GENOMAS COMPLETOS DE *PARAPOXVIRUS* DE AMOSTRAS BRASILEIRAS REVELAM CIRCULAÇÃO DE LINHAGENS DISTINTAS E DIVERGÊNCIA EM RELAÇÃO A ISOLADOS GLOBAIS

LIMA M. T.^{1,2,3}; DIAS K. L.^{1,3}; BARBOSA NETO J. D.^{3,4}; ADELINO T. É. R.^{2,3}; DOMINGOS I. J. S.^{1,3}; BASTOS P. H.^{1,3}; SILVA M. V. F.^{2,3}; OLIVEIRA D. M. S.^{1,3}; ALMEIDA I. M.^{1,3}; RIBEIRO G. P.^{1,3}; CORGOZINHO M. L. M. V.²; JÚNIOR A. C. G.²; BARBOSA C. C.⁴; BOMJARDIM H. A.⁴; CAMPOS K. F.⁴; ALCANTARA L. C. J.^{3,5}; FLORES E. F.^{3,6}; FONSECA JÚNIOR A. A.⁷; CAMARGOS M. F.⁷; IANI F. C. M.^{2,3}; TRINDADE G. S.^{1,3}; KROON E. G.^{1,3}

¹ Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil.

² Laboratório Central de Saúde Pública de Minas Gerais (LACEN-MG), Fundação Ezequiel Dias (FUNED), Belo Horizonte, MG, Brasil.

³ Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Poxvírus e Doenças Virais Emergentes (INCT-POX), CNPq, Belo Horizonte, MG, Brasil.

⁴ Universidade Federal do Pará (UFPA), Castanhal, PA, Brasil.

⁵ Instituto René Rachou, Fundação Oswaldo Cruz – Fiocruz Minas, Belo Horizonte, MG, Brasil.

⁶ Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil.

⁷ Laboratório Federal de Defesa Agropecuária de Minas Gerais (LFDA-MG), Pedro Leopoldo, MG, Brasil.

E-mail de contato: maurili15@gmail.com

O gênero *Parapoxvirus* (PPV), da família *Poxviridae*, inclui importantes patógenos de ruminantes, como o *Parapoxvirus ovis* (ORFV) e o *Parapoxvirus pseudocowpox* (PCPV), que causam infecções cutâneas em ovinos/caprinos e bovinos/bubalinos, respectivamente, e têm reconhecido potencial zoonótico. No Brasil, a circulação de PPV é presente, porém permanece pouco estudada e dados baseados em genomas completos ainda são inexistentes. Considerando que esses vírus são de difícil isolamento e multiplicação em laboratório, estudos genômicos são necessários para seu entendimento. Neste trabalho, descrevemos os primeiros genomas completos de ORFV e PCPV de amostras brasileiras, com o objetivo de caracterizar a diversidade genética dos PPV circulantes no Brasil. Três amostras PCR-positivas de cada vírus, oriundas do estado do Pará, foram submetidas a metagenômica e sequenciadas na plataforma Illumina MiSeq. Obtiveram-se três sequências de PCPV e duas de ORFV, utilizadas como referência para análises comparativas e desenho de primers para PCR multiplex de sequenciamento. Outras dez sequências de ORFV foram geradas a partir dessa PCR multiplex na plataforma Ion Torrent, usando amostras dos estados do Pará, Mato Grosso, Rio Grande do Sul, Bahia e do Distrito Federal. As análises evolutivas mostraram que as sequências de PCPV do Brasil são significativamente diferentes de outras sequências disponíveis na literatura, agrupando-se em um clado distinto e apresentando ~97% de identidade com outros isolados globais. As sequências de ORFV do Pará, Rio Grande do Sul e Distrito Federal agruparam-se em um clado, juntamente com duas sequências da Argentina, com alto suporte de bootstrap, enquanto as sequências de ORFV do Mato Grosso e da Bahia formaram um clado separado, mais próximo de outras sequências descritas na literatura, como a amostra NZ2. Em conjunto, esses achados indicam a circulação de linhagens distintas de ORFV no Brasil e de uma linhagem de PCPV consideravelmente divergente das já descritas em outras partes do mundo.

Apoio financeiro: INCT-POX; Rede Mineira de Antivirais; CNPq; FAPEMIG;

Palavras-chave: Parapoxvirus; *Parapoxvirus ovis*; *Parapoxvirus pseudocowpox*; Orf virus; Pseudocowpox virus; genômica;