



V Mostra de Extensão, Ciência e Tecnologia

XXX Seminário de Iniciação Científica
XV Salão de Ensino e Extensão
V Mostra da Pós-Graduação Stricto Sensu
IV Seminário de Inovação Tecnológica

De 28 de outubro a
01 de novembro de 2024

INSCRIÇÕES ABERTAS

 **UNISC**

Título:	IMPACTO DA NOVAS MUTAÇÕES GENÉTICAS NA TRANSMISSÃO DO VÍRUS MONKEYPOX		
Autores:	André Piccolo Giuliana Viecilli Castilhos Ingrid Pilz Manuela Jacques Marcelo Carneiro		
Área	<input type="checkbox"/> Humanas <input type="checkbox"/> Sociais Aplicadas <input checked="" type="checkbox"/> Biológicas e da Saúde <input type="checkbox"/> Exatas, da Terra e Engenharias	Dimensão:	<input checked="" type="checkbox"/> Ensino <input type="checkbox"/> Pesquisa <input type="checkbox"/> Extensão <input type="checkbox"/> Inovação
Resumo: INTRODUÇÃO: A evolução genômica dos vírus emergentes é um fator crítico diretamente relacionado à sua transmissibilidade e consequente impacto social. No caso do vírus Monkeypox, responsável pela recente reemergência de surtos em regiões não endêmicas, as novas mutações genéticas observadas suscitam questionamentos quanto à potencial disseminação da doença. OBJETIVO: Avaliar o impacto dos novos padrões genômicos na transmissibilidade da varíola dos macacos. MÉTODO: Trata-se de uma revisão de literatura, analisando as bases de dados “PubMed” e “SciELO”, por meio dos descritores: mutação, monkeypox e transmissão. Foram incluídos artigos dos últimos 5 anos, em língua inglesa, totalizando, após a aplicação da metodologia PRISMA, 9 artigos. Utilizou-se a pergunta norteadora: “Qual o impacto das novas mutações genéticas na transmissão do vírus Monkeypox?”. PRINCIPAIS RESULTADOS: As recentes infecções do surto de mpox em 2022, representadas pelo clado IIB, apresentam maiores taxas de mutações e significativas alterações nos padrões de transmissibilidade. Atualmente há prevalência da transmissão de pessoa para pessoa, por meio do contato direto com fluidos corporais infecciosos, lesões cutâneas ou gotículas respiratórias, com maior indecência entre homens que fazem sexo com homens (HSH), o que sugere que a atual mpox pode ser transmitida sexualmente, tendo como fatores de risco preliminares portadores de HIV ou outras ISTs. Caracteriza-se pela apresentação inicial de erupção cutânea nas áreas genital e perianal do corpo, diferentemente do aparecimento histórico típico que afetava primeiramente a cavidade oral. A distribuição geográfica da doença também sofreu drástica mudança, quando o surto foi observado em países fora das áreas endêmicas anteriores, no continente africano, atingindo nações de alta economia, como EUA e Europa. Além disso,			

Site do Evento: www.unisc.br/Mostra



V Mostra de Extensão, Ciência e Tecnologia

XXX Seminário de Iniciação Científica
XV Salão de Ensino e Extensão
V Mostra da Pós-Graduação Stricto Sensu
IV Seminário de Inovação Tecnológica

De 28 de outubro a
01 de novembro de 2024

INSCRIÇÕES ABERTAS

 **UNISC**

há uma alteração na faixa etária média de indivíduos infectados, que passou de crianças para adultos. O alto potencial de infecção do novo clado do mpox está relacionado às mutações genômicas desencadeadas pelas enzimas APOBEC3, as quais agem por meio de desaminação nas Repetições Terminais Invertidas (ITR), criando uma "pressão seletiva" que força o vírus a evoluir rapidamente. Mutações na proteína de resistência à rifampicina, aumentam a resistência a medicamentos, enquanto na glicoproteína de membrana EEV e na proteína de ligação ao interferon, ocasionam maior evasão do sistema imune. Isso implica que, à medida que o vírus se espalha e se replica, ele pode acumular mutações que aumentam sua virulência ou transmissibilidade. Ademais, o tratamento com Tecovirimat, causou mutações por pressão seletiva na proteína VP37 de pacientes imunocomprometidos, causando resistência ao medicamento no atual surto. **CONCLUSÃO:** As novas mutações genômicas no vírus Monkeypox, particularmente aquelas associadas ao clado IIb, indicam um aumento na transmissibilidade e uma possível mudança nos padrões epidemiológicos da doença. Esse fator, aliado às mutações que conferem maior resistência a tratamentos e evasão imunológica, reforça a necessidade de vigilância contínua e de estratégias de controle adaptativas. Sobretudo, estes achados sublinham a importância de investigações contínuas sobre as mutações genéticas, que podem orientar intervenções mais eficazes na prevenção de epidemias.

Link do Vídeo:

<https://drive.google.com/file/d/1iBIVoyfBM3BjoMCBjSDeboumZOteyxJX/view?usp=sharing>