

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
Faculdade De Medicina Veterinária e Zootecnia
Câmpus de Botucatu

MATHEUS RAMALHO PEREIRA

**FATORES DE RISCO PARA A EMERGÊNCIA E VARIAÇÃO DO
PADRÃO ECOEPIDEMIOLÓGICO DO MPOX VÍRUS**

Botucatu
2025

MATHEUS RAMALHO PEREIRA

**FATORES DE RISCO PARA A EMERGÊNCIA E VARIAÇÃO DO
PADRÃO ECOEPIDEMIOLÓGICO DO MPOX VÍRUS**

Trabalho de Conclusão de Curso de Graduação
apresentado à Faculdade de Medicina Veterinária
e Zootecnia da Universidade Estadual Paulista
“Júlio de Mesquita Filho”, Câmpus de Botucatu,
SP, para obtenção do grau de Médico Veterinário

Área de Concentração: Medicina Veterinária
Preventiva

Preceptor: Professor Titular Márcio Garcia
Ribeiro

Coordenadora de Estágios: Professora Ass.
Doutora Camila Michele Appolinário

Botucatu
2025

P436f

Pereira, Matheus Ramalho

Fatores de risco para a emergência e variação do padrão
ecoepidemiológico do Mpxv vírus / Matheus Ramalho Pereira. --
Botucatu, 2025

21 f.

Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado - Medicina
Veterinária) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de
Medicina Veterinária e Zootecnia, Botucatu

Orientador: Márcio Garcia Ribeiro

1. Medicina Veterinária Preventiva. 2. poxvírus. 3. animais
domésticos. 4. zoonoses. 5. saúde pública. I. Título.

MATHEUS RAMALHO PEREIRA

FATORES DE RISCO PARA A EMERGÊNCIA E VARIAÇÃO DO PADRÃO
ECOEPIDEMIOLÓGICO DO MPOX VÍRUS

Trabalho de Conclusão de Curso de Graduação apresentado à Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Campus de Botucatu – SP, para obtenção do título de Bacharel em Medicina Veterinária.

Área de Concentração: Medicina Veterinária Preventiva

Data da defesa: 12/11/2025

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Márcio Garcia Ribeiro
UNESP – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia – Câmpus de Botucatu

Prof. Dr. Wanderson Adriano Biscola Pereira
UNESP – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia – Câmpus de Botucatu

Pós-Graduando Matheus Lopes Ribeiro
UNESP – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia – Câmpus de Botucatu

DEDICATÓRIA

Com imenso apreço, dedico este trabalho aos meus pais, Alessandra Ramalho Peres e Alexandre Neves de Moura (*in memoriam*), que com a grande ternura que lhes cabe, me guiaram em minha trajetória até aqui, regando-a de proteção e ensinamentos. Seus cuidados e amor são os maiores presentes que carrego em vida. Hoje, graças ao trabalho e suor de vossas mãos, ergo-me Médico Veterinário. A vocês, minha eterna gratidão.

AGRADECIMENTOS

A minha mãe, Alessandra Ramalho Peres, agradeço pelo amor incondicional, pelo olhar de crédito em meus sonhos e pelos incontáveis esforços para me manter em uma graduação que exige tantos investimentos. Com você, aprendi sobre amor, cuidado, dedicação e força, e se hoje posso exercer tudo isso para um bem maior, é porque você foi minha primeira e maior inspiração. A você, minha eterna gratidão.

Ao meu pai, Alexandre Neves de Moura (*in memoriam*), agradeço por ser minha motivação diária, além do tanto que fez por mim. Você foi aquela pessoa que me viu crescer, sabia dos meus sonhos e fez de tudo para que eu os alcançasse, porém teve que partir antes que eu pudesse realizá-los. Hoje entendo que onde há amor, você está. Te encontra na fé!

Aos meus irmãos, Dyllian, Victor e Beatriz, agradeço por serem aqueles que me estendem a mão desde quando os tempos eram mais simples. Crescendo com vocês, aprendi a me tornar uma pessoa melhor, junto com a bonificação do privilégio de tê-los nesta vida como irmãos. Em nossos instantes compartilhados, o amor vira certeza e o tempo a nossa morada.

A toda minha família, agradeço por serem minha base e meu ponto de partida, sendo os primeiros a me mostrarem que o amor deve ser cultivado, além de me ensinarem o legítimo significado de casa e construírem um lindo caminho pelo qual posso sempre voltar.

A todos meus amigos, agradeço por me iluminarem de afeto, apoio e amor, além de me mostrarem que é possível encontrar o bem e uma família fora de casa. Aos de longa data, Bruna, Ingrid, Gabriella e Daniel, agradeço por serem meu pilar em muitos momentos e pela tamanha estima que me seguem desde quando os sonhos e ambições da vida pareciam especulações. Aos que a Medicina Veterinária me presenteou, agradeço por tornarem minha jornada até aqui tão significativa e carregada de sentimentos e memórias que moldaram minha alma. Aos meus amados da Turma do Lagis, agradeço por me mostrarem que o meu lugar é perto daqueles que me cercam de apoio, amor e carinho, me proporcionando momentos extraordinários.

Aos meus professores, em especial aos meus orientadores durante a graduação, Márcio Garcia Ribeiro, Jane Megid e Camila Michele Appolinário, por todo ensinamento, confiança, apoio e oportunidades ofertados a mim ao longo da minha trajetória.

RESUMO

Desde maio de 2022, um aumento no número de casos de infecções em humanos pelo Mpox vírus, um poxvírus, passou a ser registrado no mundo em países considerados não endêmicos para a doença. Concomitantemente, uma rápida propagação do patógeno em países da África Central foi observada, incluindo regiões onde a enfermidade é reconhecida como endêmica, como a República Democrática do Congo, Camarões, Nigéria, Costa do Marfim, Serra Leoa e Gabão. Diante do potencial patogênico e de disseminação dos poxvírus, em 14 de agosto de 2024, a OMS determinou, pela segunda vez em dois anos, que o surto global de Mpox vírus configura “Emergência de Saúde Pública de Interesse Internacional”. Esta preocupação por parte das autoridades de saúde global se justifica pelo potencial pandêmico inerente aos poxvírus, como vivenciado pela humanidade com o vírus da varíola.

A disseminação global do Mpox vírus tem sido acompanhada de notáveis mudanças na ecoepidemiologia típica da doença causada pelo patógeno. Tais alterações são marcadas pela ampla disponibilidade de hospedeiros animais em potenciais, assim como o aumento do risco da ocorrência de fenômenos biológicos, como o *spillover*, determinantes para o estabelecimento de surtos e emergências em Saúde Pública em nível global. A adaptação deste agente a ambientes indenes, em combinação com o grande contingente da população mundial desprovida de qualquer imunidade vacinal diante dos *Orthopoxvirus* e a variedade de animais suscetíveis à infecção, podem favorecer a ocorrência de mutações genômicas e o desenvolvimento de novos mecanismos de adaptação viral, com consequente manutenção do agente nessas áreas. Esses fatores de risco que aumentam a possibilidade de surgimento de variantes virais mais patogênicas e modificações no padrão ecoepidemiológico da doença. Neste cenário, o presente estudo revisou os principais aspectos das infecções por Mpox vírus em humanos e animais, com ênfase na ecoepidemiologia e reflexos em Saúde Pública.

Palavras-chave: poxvírus; animais domésticos; zoonoses; saúde pública; ecoepidemiologia.

ABSTRACT

Since May 2022, an increase in the report of cases of infections with the Mpox virus, a poxvirus, has been recorded worldwide in countries considered to be non-endemic for the disease. At the same time, a rapid spread of the pathogen in Central African countries has been observed, including regions where the disease is considered endemic, such as the Democratic Republic of Congo, Cameroon, Nigeria, Ivory Coast, Sierra Leone and Gabon. Faced of the pathogenic potential and spread of poxviruses, on August 14, 2024, the WHO determined, for the second time in two years, which the global outbreak of Mpox virus constitutes a "Public Health Emergency of International Concern". This issue on the part of global health authorities is justified by the pandemic potential inherent in poxviruses, as humanity has already experienced with the smallpox virus.

The global spread of the Mpox virus is accompanied by notable changes in the typical eco-epidemiology of the disease caused by the pathogen. These changes are marked by the wide availability of potential animal hosts, as well as an increased risk of biological phenomena such as *spillover*, which are decisive factors in the establishment of outbreaks and public health emergencies at the global level. The adaptation of this agent to new environments previously free of its circulation, combined with a large contingent of the world population lacking any vaccine immunity to Orthopoxvirus, and the variety of animals susceptible to infection, can favor to the occurrence of genomic mutations and development new viral adaptation mechanisms with the consequent maintenance of the agent in these areas. These risk factors that increase the possibility of the emergence of more pathogenic viral variants and changes in the eco-epidemiological aspects and pattern of the disease. Considering this scenario, we reviewed the main aspects of humans and animals infections by Mpox virus, with emphasis in ecoepidemiology in a One Health perspective.

Keywords: poxvirus; domestic animals; zoonoses; public health; ecoepidemiology.

SUMÁRIO

RESUMO.....	5
ABSTRACT.....	6
1. INTRODUÇÃO	8
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	8
2.1. Aspectos da etiologia	8
2.2. Epidemiologia do Mpox vírus	10
2.3. Mpox vírus no Brasil	11
2.4. Fatores de risco para emergência e reemergência no cenário global	13
2.5. Saúde Pública.....	13
3. CONSIDERAÇÕES FINAIS	14
4. REFERÊNCIAS.....	15

1. INTRODUÇÃO

O Mpox vírus, causador da Mpox, é membro do gênero *Orthopoxvirus*, pertencente à família Poxviridae, com impacto em saúde humana e animal (BUNGE *et al.*, 2022; JADHAV *et al.*, 2025).

Na última década, este agente tem causado preocupação de ordem global devido às mudanças ocorridas em seu padrão epidemiológico. Essas alterações têm sido marcadas por aumento significativo do número de casos, por mudanças na distribuição geográfica do vírus, pela emergência do patógeno em áreas e países indenes e identificação de novas cepas virais com diferenças genótípicas, que apresentam diferentes níveis de patogenicidade e particularidades epidemiológicas (BUNGE *et al.*, 2022; JADHAV *et al.*, 2025).

Devido à ampla gama de hospedeiros que os *Orthopoxvirus* dispõem, a recente dispersão global do Mpox vírus aumenta o risco de que este microrganismo possa se adaptar aos novos ambientes em que está sendo inserido, e ao surgimento de novas variantes de elevada patogenicidade, além da adaptação a novas espécies animais por *spillover* (BUNGE *et al.*, 2022; JADHAV *et al.*, 2025).

Como dito, a ampla disponibilidade de hospedeiros, o ambiente favorável à perpetuação, a possibilidade de mutações e o risco de disseminação descontrolada, possibilitam este agente expressar seu efeito patogênico, gerando preocupação em saúde humana e animal (JADHAV *et al.*, 2025).

A infecção pode desencadear enfermidade cutânea e sistêmica em graus variados, principalmente para população que não dispõem de proteção vacinal diante de *Orthopoxvirus*. Este cenário de mudanças na ecoepidemiologia da Mpox, e a emergência em vários países, parece receber influência de ações antrópicas a sua interação com o meio ambiente e animais, resultando em reflexos em Saúde Única em nível global (JADHAV *et al.*, 2025).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Aspectos da etiologia

Os Poxvírus são pertencentes à família Poxviridae, subdividida em duas subfamílias, a Chordopoxvirinae, que infecta vertebrados, e Entomopoxvirinae, que infecta invertebrados (ICTV, 2024).

A subfamília Chordopoxvirinae é composta por 18 gêneros, dentre os quais o gênero *Orthopoxvirus* (FENNER, 2000; MOSS *et al.*, 2013; ICTV, 2024). Neste gênero estão compreendidos o Variola vírus, o Vaccinia vírus, o Cowpox vírus, o Mpox vírus, o Camelpox vírus, o Akhmeta vírus e outras espécies com potencial zoonótico e epidêmico (WHO, 2022). Os vírus deste gênero possuem sequências genéticas similares, o que se reflete na incapacidade de diferenciação das espécies pelos testes sorológicos e também induzem imunidade protetora cruzada em diferentes níveis (ICTV, 2024; FENNER, 1988; GUBSER *et al.*, 2004; ESSBAUER *et al.*, 2010). Do mesmo modo, os *Orthopoxvirus* são o gênero mais bem caracterizado dentre os poxvírus, pois apresentam grande impacto na saúde humana e animal por suas espécies terem a capacidade de infectar vários hospedeiros animais (domésticos e silvestres), além dos humanos (MOSS *et al.*, 2013; FENNER, 1988).

Os poxvírus são classificados como DNA vírus, onde o gênero *Orthopoxvirus* inclui 13 espécies que podem, ainda, serem subdivididas em dois clados, os ortopoxvírus eurasiáticos/africanos e os ortopoxvírus norte-americanos. Tais clados apresentam diferenças tanto genotípicas quanto epidemiológicas, além de possuírem patogenicidades distintas (XING *et al.*, 2023). A enfermidade decorrente da infecção por poxvírus causa doença exantemática com lesões cutâneas do tipo vesicular e diferentes graus de acometimento sistêmico (XING *et al.*, 2023; WERDEN *et al.*, 2008). Os poxvírus podem ser altamente especializados e restritos a determinados hospedeiros, como o vírus da varíola, ou podem infectar variedade maior de hospedeiros, como o Mpox vírus, o que eleva consideravelmente o risco de *spillover* (XING *et al.*, 2023; WERDEN *et al.*, 2008; REYNOLDS *et al.*, 2018). Além disso, outros fatores colaboram para a eficácia de transmissão viral dos *Orthopoxvirus*, como o Mpox vírus, incluindo alta resistência das partículas virais no ambiente e o desenvolvimento de mecanismos eficientes de evasão do sistema imune independentemente do tipo de hospedeiro (WERDEN *et al.*, 2008). Quase a totalidade das espécies de *Orthopoxvirus* são consideradas zoonóticas, exceto o Variola vírus, que acometia exclusivamente humanos e eram os únicos reservatórios, fato que possibilitou sua erradicação ((ICTV, 2024; GUBSER *et al.*, 2004; ESSBAUER *et al.*, 2010).

A proximidade genética compartilhada entre os *Orthopoxvirus* se reflete na semelhança estrutural e molecular dos representantes desse gênero, o que confere proteção cruzada entre as diferentes espécies virais (ICTV, 2024; GUBSER *et al.*, 2004; ESSBAUER *et al.*, 2010;

BUTANTAN, 2024). Porém, desde 1980, ano em que a varíola foi considerada erradicada do mundo e a vacinação em massa da população contra essa doença foi suspensa, um grande contingente de humanos isentos de qualquer proteção vacinal frente aos *Orthopoxvirus* encontra-se em situação de vulnerabilidade para esses agentes virais (MAHY, 2003; LEFKOWITZ *et al.*, 2006; GALLWITZ *et al.*, 2003; SHCHELKUNOV, 2011). Dentro desses agentes virais já foi constada a existência de extensa reatividade cruzada sorológica e neutralização cruzada entre os vírus do clado eurasiático/africano (ICTV, 2024; EMERSON *et al.*, 2009).

Para o Mpox vírus, existem dois cladogramas (linhagens virais): o da África Ocidental e o da Bacia do Congo (África Central). As infecções humanas com o clado da África Ocidental são caracterizadas por causar doenças menos graves em comparação com o clado da Bacia do Congo, com taxa de mortalidade de 3,6% em comparação com 10,6% para o clado da Bacia do Congo (BUTANTAN, 2024; WHO, 2024).

2.2. Epidemiologia do Mpox vírus

Os poxvírus são relevantes para a saúde animal, uma vez que são capazes de infectar grande variedade de hospedeiros invertebrados e vertebrados, incluindo humanos (SILVA *et al.*, 2021; MUCKER *et al.*, 2015). Esta peculiaridade dessa família de vírus aumenta o risco de emergência dos poxvírus, como o Mpox vírus, de desenvolver o *spillover*, no qual o patógeno consegue se adaptar a uma nova espécie hospedeira a partir de outra previamente suscetível à infecção (REYNOLDS *et al.*, 2018). Seguindo este comportamento, o Mpox vírus é capaz de infectar diferentes espécies de mamíferos terrestres, incluindo humanos, primatas não humanos e roedores silvestres, dos quais os roedores da África são apontados como possíveis hospedeiros primários desse vírus (KHODAKEVICH *et al.*, 1986; PARKER *et al.*, 2007; DOTY *et al.*, 2017).

A relação estabelecida entre essas espécies de mamíferos constitui o pilar que sustenta a cadeia de transmissão e manutenção viral dentro do continente africano, o que justifica o fato de que em regiões onde há o convívio próximo entre humanos e primatas não humanos também apresentarem aquelas com maior número de infecções pelo Mpox vírus (BERTHET *et al.*, 2011; Mc COLLUM *et al.*, 2015; BUNGE *et al.*, 2022).

A partir de maio de 2022, o aumento no número de casos de infecções pelo Mpox vírus passou a ser registrado em países considerados não endêmicos para a doença. Este comportamento representa uma mudança marcante no padrão epidemiológico mundial da

enfermidade (JADHAV *et al.*, 2025). Concomitantemente, rápida propagação do patógeno em países da África Central foi observada, incluindo regiões onde a doença é reconhecida como endêmica, como a República Democrática do Congo, Camarões, Nigéria, Costa do Marfim, Serra Leoa e Gabão (WHO, 2024; PAHO, 2024).

De acordo com o boletim da Organização Mundial de Saúde (OMS), de junho de 2024, o Brasil foi classificado como o segundo país, fora do continente africano, com maior número de casos por Mpox vírus (PAHO, 2024; MS, 2024). Diante deste cenário e, em virtude do potencial patogênico e de disseminação dos poxvírus, em 14 de agosto de 2024, a OMS determinou, pela segunda vez em dois anos, que o surto global de Mpox vírus configura “Emergência de Saúde Pública de Interesse Internacional” (ESPII). Essa variação no comportamento epidemiológico é preocupante, pois o avanço do Mpox pelos demais continentes expõe o vírus a novos cenários, com diferentes características e hábitos das espécies locais, além dos fatores ambientais distintos da região endêmica do patógeno. A associação destes aspectos podem impor pressão seletiva de adaptação a um novo ambiente por meio do desenvolvimento de novos métodos de transmissão ou disseminação por *spillover* a novas espécies hospedeiras. Nesse sentido, os animais domésticos podem assumir papel de relevância na cadeia epidemiológica desse agente, constituindo-se como novo reservatório que favoreceria a perpetuação e manutenção viral dentro destas novas populações (WHO, 2024).

A materialização do risco de *spillover* pode ser exemplificado com o relato de um cão, na França, que se infectou, por contato com seus tutores que se encontravam doentes devido a infecção por Mpox vírus, e que também passou a apresentar sinais clínicos compatíveis com a doença (SEANG *et al.*, 2022). Testes moleculares realizados subsequentemente, demonstram mesma identidade genética entre os agentes virais dos humanos e o do cão, reforçando a necessidade de elucidar a atuação dessas espécies domésticas, até então não reconhecidas como hospedeiros naturais do Mpox vírus, no contexto desse novo perfil epidemiológico da doença (WHO, 2024; SEANG *et al.*, 2022).

2.3. Mpox vírus no Brasil

A eficácia do estabelecimento de Mpox vírus em regiões sem histórico prévio da sua presença, fornece indícios de sua alta capacidade de adaptação diante de situações que, em tese, poderiam vir a interromper a cadeia de transmissão viral. Além disso, a introdução do patógeno em ambiente no qual os indivíduos locais não possuem imunidade prévia contra o agente, associado a ampla variabilidade de espécies e possíveis reservatórios, constroem um panorama

que favorece o surgimento de surtos de doença infectocontagiosa, zoonótica e de considerável patogenicidade em ambiente completamente vulnerável aos efeitos do agente (XING *et al.*, 2023; TAYLOR *et al.*, 2001; WOOLHOUSE & GAUNT, 2007; WOOLHOUSE & GOWTAGE, 2005). Essa é, particularmente, a situação que o Mpox vírus encontra no Brasil, pois, além do território até então não apresentar registros da presença do vírus, possui rica variedade de biomas e fauna suscetível ao contágio, favorecendo a ocorrência do *spillover*, posto que o Mpox vírus possui capacidade de infectar animais silvestres, domésticos e humanos (FENNER, 2000; MOSS *et al.*, 2013; FENNER, 1988; XING *et al.*, 2023). Ainda, o Brasil dispõe de condições ambientais e ecoepidemiológicas propícias ao estabelecimento e perpetuação do Mpox vírus, pois o país apresenta registros da circulação de outros poxvírus, como o Vaccinia vírus (MEGID *et al.*, 2008).

No Brasil, apesar da recente presença do Mpox vírus, a circulação do Vaccinia vírus ocorre há décadas, associada à ocorrência de casos de doença exantemática em humanos e bovinos. Mesmo assim, a identificação dos hospedeiros naturais e reservatórios continuam, em parte, desconhecidos. No entanto, estudos experimentais e soroepidemiológicos, revelaram a susceptibilidade à infecção pelo Vaccinia vírus de grande número de espécies domésticas e selvagens. Esses relatos, em humanos e bovinos, foram registrados em certas localidades do Brasil, inclusive na região Centro-Oeste do estado de São Paulo, o que reforça que as condições ambientais e a fauna do país favorecem à circulação e permanência dos poxvírus (DRUMOND *et al.*, 2008; ABRAHÃO *et al.*, 2009; ASSIS *et al.*, 2012; ABRAHÃO *et al.*, 2017; COSTA *et al.*, 2017; DUTRA *et al.*, 2017; COSTA *et al.*, 2018; MARTINS *et al.*, 2020). Neste contexto, estudos realizados nesta região, identificaram títulos de anticorpos contra *Orthopoxvirus* em animais domésticos e selvagens (MEGID *et al.*, 2008; ANTUNES *et al.*, 2013; MEGID *et al.*, 2016; PERES *et al.*, 2016; PERES *et al.*, 2018a; PERES *et al.*, 2018b; PERES *et al.*, 2013).

Até fevereiro de 2025, foram notificados no Brasil 2.170 casos confirmados ou prováveis de Mpox vírus. A região Sudeste detém cerca de 72% (n = 1.561) desses casos, na qual São Paulo se apresentando a Unidade Federativa da região com 51,4% (n = 1.114) do total de casos no país (COE MPOX, 2025). Em março de 2025, foi confirmada a presença do clado Ib do Mpox vírus em uma paciente de São Paulo, o que impulsionou, em conjunto com o reconhecimento pela OMS (em junho de 2025) da permanência dos critérios de uma ESPII, e a publicação do Plano de Contingência Nacional para Mpox por nova cepa viral, tendo em vista a possibilidade de transmissão sustentada do clado Ib do Mpox vírus no Brasil (MS, 2025; PAINEL MPOX, MS, 2025). Ainda, de acordo com o painel de monitoramento do Ministério da Saúde, o Brasil somou 373 casos confirmados de Mpox até abril de 2025 (WHO, 2025).

2.4. Fatores de risco para emergência e reemergência no cenário global

Na atualidade, os aspectos culturais e sociais da civilização humana, em conjunto com o fenômeno da globalização, o aumento da população mundial e o mercado internacional de animais e produtos de origem animal colaboram para os riscos de disseminação de patógenos. Essa situação é agravada pelo avanço da ocupação humana em áreas intactas de fauna e flora nativa, o que aumenta a proximidade das pessoas com os animais, alterando a maneira pela qual as espécies animais se relacionam com os humanos. Ainda neste contexto, o avanço do desmatamento observado em várias partes, pode predispor os humanos e animais a agentes patogênicos de potencial zoonótico. A globalização do mundo moderno favorece a modificação da ecoepidemiologia de muitos patógenos e sua distribuição no mundo, além de gerar aumento na frequência de surtos de doenças infecciosas emergentes e reemergentes, e o aumento do risco de epidemias e pandemias, como a do COVID-19, que assolou recentemente a humanidade (JADHAV *et al.*, 2025; SILVA *et al.*, 2021; TAYLOR *et al.*, 2001; WOOLHOUSE & GAUNT, 2007; WOOLHOUSE & GOWTAGE, 2005).

2.5. Saúde Pública

A compreensão de determinados aspectos da doença Mpox nos humanos, como forma de transmissão, sinais clínicos, curso da enfermidade e animais passíveis de transmitirem o vírus, é essencial para o desenvolvimento de métodos eficientes de prevenção e controle (BUNGE *et al.*, 2022; JADHAV *et al.*, 2025; MS, 2024).

A transmissão de Mpox para os humanos pode ocorrer por meio do contato com pessoa infectada pelo Mpox vírus, materiais contaminados com o vírus e animais silvestres (roedores e primatas) infectados. Após a infecção humana pelo Mpox vírus, leva cerca de 3 a 16 dias para que se tenha início os sinais clínicos, porém, esse período de incubação pode se estender para até 21 dias. A transmissão veiculadas pelos animais silvestres é observada, principalmente, nas áreas onde a doença é endêmica, com os roedores das florestas tropicais da África (esquilos de corda, esquilos de árvore, ratos da gâmbia e arganazes) e primatas não humanos como os principais transmissores do patógeno ao humano (JADHAV *et al.*, 2025; MS, 2024; COE MPOX 2025).

Os sintomas mais frequentes na Mpox em humanos são erupções cutâneas ou lesões de pele, linfonodos inchados, febre, dor de cabeça, dores no corpo, calafrio e fraqueza. A doença, usualmente, evolui para quadros leves e moderados em grande parte dos humanos infectados,

e pode durar de 2 a 4 semanas. Baseado no histórico clínico epidemiológico e na manifestação sintomatológica, deve-se proceder com o diagnóstico laboratorial da Mpox, realizado por técnicas moleculares (BUNGE *et al.*, 2022; MS, 2024; COE MPOX 2025).

De acordo com a Portaria GM/MS nº 3328 (de 22 de agosto de 2022), que estabelece a obrigatoriedade de notificação imediata de caso de Mpox, o profissional da saúde deve notificar o caso da doença em até 24 horas (COE MPOX 2025).

A pessoa infectada pelo Mpox vírus, pode transmiti-lo desde o momento em que os sintomas se iniciam até quando as lesões e erupções cutâneas cicatrizarem. Assim, a principal forma de transmissão da Mpox ocorre por meio do contato direto pessoa a pessoa, através do contato com erupções e lesões cutâneas e fluidos corporais, além de que a exposição próxima e prolongada com gotículas e demais secreções respiratórias também pode veicular a transmissão. O humano também pode propagar o patógeno por meio de objetos contaminados (fômites) com o Mpox vírus como toalhas, roupas e lençóis (BUNGE *et al.*, 2022; JADHAV *et al.*, 2025; MS, 2024; COE MPOX 2025).

Entre os métodos de prevenção para a doença Mpox destacam-se o isolamento dos casos positivos, evitar contato direto com pessoas com suspeita ou confirmação da doença, utilizar-se de equipamento de proteção individual (EPI) em situações que exijam o contato direto, lavar as mãos regularmente e manter bons hábitos de higiene afim de barrar a disseminação do vírus. Atualmente, a estratégia vacinal adotada pelo Ministério da Saúde (MS), prioriza grupos de pessoas com maior risco de infecção e de evoluir para formas graves da doença, visto que a disponibilidade do imunizante é limitada globalmente (JADHAV *et al.*, 2025; MS, 2024; COE MPOX 2025).

3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Dadas as ações antrópicas que podem favorecer o fluxo de microrganismos patogênicos ao redor do planeta, fica evidente o risco de participação dos humanos na ecoepidemiologia do Mpox vírus. A facilidade encontrada na sociedade moderna em promover o trânsito intercontinental de microrganismos, as inúmeras peculiaridades culturais encontradas na população humana global e o aumento do contato entre humanos e animais silvestres, certamente influenciam em alterações ecoepidemiológicas de agentes virais, como o Mpox vírus. Assim, podem ser considerados como fatores de risco para a emergência do Mpox vírus em áreas isentas de sua circulação, a alta demanda do transporte intercontinental de materiais,

tecidos orgânicos e animais possivelmente carreadores de agentes infecciosos; o desmatamento e ocupação humana de áreas nativas (predispondo ao contato íntimo de humanos e animais silvestres); a relação entre diferentes sociedades humanas com os animais e o meio ambiente; e ausência de políticas públicas que visam minimizar e prevenir as consequências da disseminação global do Mpox vírus e demais agentes virais do gênero *Orthopoxvirus*, incluindo a grande massa populacional (a partir de 1980) que não possui proteção vacinal contra o vírus.

Posto que o papel dos animais domésticos (como cães, gatos e bovinos) na epidemiologia do Mpox vírus ainda continua em parte desconhecido, estudos de vigilância epidemiológica e persistência viral no ambiente contribuem para o entendimento destas espécies dentro da cadeia de transmissão e manutenção viral. Essas pesquisas atuam como marcadores de vigilância epidemiológica e ambiental, podendo fornecer subsídios e base científica de dados para o desenvolvimento de futuras medidas e políticas públicas de saúde para controlar o avanço deste agente viral. Neste momento, em que o mundo se depara com a circulação global do Mpox vírus, as atividades de vigilância são fundamentais para detectar possíveis adaptações e alterações genotípicas, patogênicas e ecoepidemiológicas deste patógeno.

4. REFERÊNCIAS

Bunge, E. M.; Hoet, B.; Chen, L.; Lienert, F.; Weidenthaler, H.; Baer, L. R.; Steffen, R. (2022). The changing epidemiology of human monkeypox-A potential threat? A systematic review. *PLoS Neglected Tropical Diseases* **2022**, 16(2), e0010141.

Jadhav V.; Paul A.; Trivedi V.; Bhatnagar R.; Bhalsinge R.; Jadhav SV. Global epidemiology, viral evolution, and public health responses: a systematic review on Mpox (1958-2024). *J Glob Health*. **2025** Mar 7;15:04061. doi: 10.7189/jogh.15.04061. PMID: 40048320; PMCID: PMC11893143.

Fenner, F. Adventures with poxviruses of vertebrates. *FEMS Microbiol. Rev.* **2000**, 24, 123–133.

Moss, B. Poxviridae: The viruses and their replication. In *Fields Virology*; Fields, B.N., Knipe, D.M., Howley, P.M., Griffin, D.E., Eds.; Lippincott Williams & Wilkins: Philadelphia, PA, USA, **2013**; Volume 2, pp. 2126–2159. ISBN 9781451105636.

International Committee on Taxonomy of Viruses: ICTV. Official Taxonomic Resources. Subfamily: Chordopoxvirinae, Genus: *Orthopoxvirus* [acesso 2024, set. 18]. Disponível em: <<https://ictv.global/report/chapter/poxviridae/poxviridae/orthopoxvirus>>.

- Fenner, F. The Poxviruses. In *Portraits of Viruses—A History of Virology*; Gibbs, A., Ed.; Karger: Basel, Switzerland, **1988**; pp. 1–23.
- Gubser, C.; Hué, S.; Kellam, P.; Smith, G.L. Poxvirus genomes: A phylogenetic analysis. *J. Gen. Virol.* **2004**, *85*, 105–117.
- Essbauer, S.; Pfeffer, M.; Meyer, H. Zoonotic poxviruses. *Vet. Microbiol.* **2010**, *140*, 229–236.
- Lu, J., Xing, H., Wang, C. et al. Mpox (formerly monkeypox): pathogenesis, prevention and treatment. *Sig Transduct Target Ther* **8**, 458 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41392-023-01675-2>.
- Werden, S.J.; Rahman, M.M.; McFadden, G. Chapter 3 Poxvirus Host Range Genes. *Adv. Virus Res.* **2008**, *71*, 135–171.
- Reynolds, M.G.; Guagliardo, S.A.J.; Nakazawa, Y.J.; Doty, J.B.; Mauldin, M.R. Understanding orthopoxvirus host range and evolution: From the enigmatic to the usual suspects. *Curr. Opin. Virol.* **2018**, *28*, 108–115.
- PORTAL DO BUTANTAN. Variola dos macacos: sintomas, transmissão, origem e número de casos são atualizados pela OMS [acesso 2024, set. 10]. Disponível em: <<https://butantan.gov.br/noticias/variola-dos-macacos-sintomas-transmissao-origem-e-numero-de-casos-sao-atualizados-pela-oms>>.
- World Health Organization (WHO). Mpox [acesso 2024, ago. 28]. Disponível em: <<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/mpox>>.
- Mahy, B.W.J. An overview on the use of a viral pathogen as a bioterrorism agent: Why smallpox? *Antiviral Res.* **2003**, *57*, 1–5.
- Lefkowitz, E.J.; Wang, C.; Upton, C. Poxviruses: Past, present and future. *Virus Res.* **2006**, *117*, 105–118.
- Gallwitz, S.; Schutzbank, T.; Heberling, R.L.; Kalter, S.S.; Galpin, J.E. Smallpox: Residual antibody after vaccination. *J. Clin. Microbiol.* **2003**, *41*, 4068–4070.
- Shchelkunov, S.N. Emergence and reemergence of smallpox: The need for development of a new generation smallpox vaccine. *Vaccine* **2011**, *29*, D49–D53.
- Emerson GL, Li Y, Frace MA, Olsen-Rasmussen MA, Khristova ML, Govil D, Sammons SA, Regnery RL, Karem KL, Damon IK, Carroll DS. The phylogenetics and ecology of the orthopoxviruses endemic to North America. *PLoS One.* **2009** Oct 29;4(10):e7666. doi: 10.1371/journal.pone.0007666. PMID: 19865479; PMCID: PMC2764843.
- Silva, N.I.O.; de Oliveira, J.S.; Kroon, E.G.; Trindade, G.d.S.; Drumond, B.P. Here, There, and Everywhere: The Wide Host Range and Geographic Distribution of Zoonotic Orthopoxviruses. *Viruses* **2021**, *13*, 43.

Mucker, E.M.; Chapman, J.; Huzella, L.M.; Huggins, J.W.; Shamblin, J.; Robinson, C.G.; Hensley, L.E. Susceptibility of marmosets (*Callithrix jacchus*) to monkeypox virus: A low dose prospective model for monkeypox and smallpox disease. *PLoS ONE* **2015**, *10*, e0131742.

Khodakevich, L.; Ježek, Z.; Kinzanzka, K. Isolation of monkeypox virus from wild squirrel infected in nature. *Isol. Monkeypox Virus Wild Squirrel Infected Nat.* **1986**, 98–99.

Parker, S.; Nuara, A.; Schultz, D.A. Human monkeypox: An emerging zoonotic disease. *Future Microbiol.* **2007**, *2*, 17–34.

Doty, J.B.; Malekani, J.M.; Kalemba, L.N.; Stanley, W.T.; Monroe, B.P.; Nakazawa, Y.U.; Id, M.R.M.; Bakambana, L.; Liyandja, T.; Liyandja, D.; et al. Assessing Monkeypox Virus Prevalence in Small Mammals at the Human—Animal Interface in the Democratic Republic of the Congo. *Viruses* **2017**, *9*, 1–13.

Berthet, N.; Nakouné, E.; Whist, E.; Selekon, B.; Burguire, A.M.; Manuguerra, J.C.; Gessain, A.; Kazanji, M. Maculopapular lesions in the Central African Republic. *Lancet* **2011**, 378, 1354.

McCollum, A.M.; Nakazawa, Y.; Ndongala, G.M.; Pukuta, E.; Karhemere, S.; Lushima, R.S.; Ilunga, B.K.; Kabamba, J.; Wilkins, K.; Gao, J.; et al. Case report: Human monkeypox in the kivus, a conflict region of the Democratic Republic of the Congo. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* **2015**, *93*, 718–721.

World Health Organization (WHO). WHO Director-General declares mpox outbreak a public health emergency of international concern [acesso 2024, ago. 15]. Disponível em: <<https://www.who.int/news/item/14-08-2024-who-director-general-declares-mpox-outbreak-a-public-health-emergency-of-international-concern>>.

Pan America Health Organization (PAHO). Mpox [acesso 2024, set. 17]. Disponível em: <<https://www.paho.org/pt/mpox>>.

Brasil. Ministério da Saúde (MS). Mpox [acesso 2024, set. 18]. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/m/mpox>>.

WOAH. World Organization for Animal Health. Remaining on alert how monkeypox could spread back to animals from humans [acesso 2024, set. 5]. Disponível em: <<https://www.woah.org/en/remaining-on-alert-how-monkeypox-could-spread-back-to-animals-from-humans/>>.

Seang, S.; Burrell, S.; Todesco, E.; Leducq, V.; Monsel, G.; Le Pluart, D.; Cordevant, C.; Pourcher, V.; Palich, R. Evidence of human-to-dog transmission of monkeypox virus. *The Lancet* **2022**, 400 (10353).

Taylor, L.H.; Latham, S.M.; Woolhouse, M.E.J. Risk factors for human disease emergence. *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* **2001**.

Woolhouse, M.; Gaunt, E. Ecological origins of novel human pathogens. *Crit. Rev. Microbiol.* **2007**.

Woolhouse, M.E.J.; Gowtage-Sequeria, S. Host range and emerging and reemerging pathogens. *Emerg. Infect. Dis.* **2005**.

Drumond, B.P.; Leite, J.A.; da Fonseca, F.G.; Bonjardim, C.A.; Ferreira, P.C.P.; Kroon, E.G. Brazilian Vaccinia virus strains are genetically divergent and differ from the Lister vaccine strain. *Microbes Infect.* **2008**, *10*, 185–197.

Abrahão, J.S.; Guedes, M.I.M.; Trindade, G.S.; Fonseca, F.G.; Campos, R.K.; Mota, B.F.; Lobato, Z.I.P.; Silva-Fernandes, A.T.; Rodrigues, G.O.L.; Lima, L.S.; et al. One more piece in the VACV ecological puzzle: Could peridomestic rodents be the link between wildlife and bovine vaccinia outbreaks in Brazil? *PLoS ONE* **2009**, *4*, e7428.

Assis, F.L.; Borges, I.A.; Peregrino Ferreira, P.C.; Bonjardim, C.A.; de Souza Trindade, G.; Portela Lobato, Z.I.; Maldonado Guedes, M.I.; Mesquita, V.; Kroon, E.G.; Abrahão, J.S. Group 2 vaccinia virus, Brazil. *Emerg. Infect. Dis.* **2012**.

Abrahão, J.S.; de Souza Trindade, G.; Pereira-Oliveira, G.; de Oliveira Figueiredo, P.; Costa, G.; Moreira Franco-Luiz, A.P.; Lopes Assis, F.; Bretas de Oliveira, D.; Mattos Paim, L.R.; de Araújo Oliveira, C.E.; et al. Detection of Vaccinia virus during an outbreak of exanthemous oral lesions in Brazilian equids. *Equine Vet. J.* **2017**.

Costa, G.B.; Miranda, J.B.; Almeida, G.G.; Silva de Oliveira, J.; Pinheiro, M.S.; Gonçalves, S.A.; Pimenta Dos Reis, J.K.; Gonçalves, R.; Ferreira, P.C.P.; Bonjardim, C.A.; et al. Detection of Vaccinia Virus in Urban Domestic Cats, Brazil. *Emerg. Infect. Dis.* **2017**, *23*, 360–362.

Dutra, L.A.L.; de Freitas Almeida, G.M.; Oliveira, G.P.; Abrahão, J.S.; Kroon, E.G.; Trindade, G.d.S. Molecular evidence of Orthopoxvirus DNA in capybara (*Hydrochoerus hydrochaeris*) stool samples. *Arch. Virol.* **2017**, *162*, 439–448.

Costa, G.B.; de Almeida, L.R.; Cerqueira, A.G.R.; Mesquita, W.U.; de Oliveira, J.S.; Miranda, J.B.; Saraiva-Silva, A.T.; Abrahão, J.S.; Drumond, B.P.; Kroon, E.G.; et al. Vaccinia virus among domestic dogs and wild coatis, Brazil, 2013–2015. *Emerg. Infect. Dis.* **2018**, *24*, 2338–2342.

Martins da Costa, P.S.P.; Oliveira, J.S.; Domingos, I.J.d.S.; e Silva, P.H.B.; Dutra, A.G.S.; Amaral, C.D.; Abrahão, J.S.; Richini Pereira, V.B.; Kroon, E.G.; Barbosa Costa, G.; et al. Circulation of vaccinia virus in southern and south-eastern wildlife, Brazil. *Transbound. Emerg. Dis.* **2020**.

Megid, J.; Appolinario, C.M.; Langoni, H.; Pituco, E.M.; Okuda, L.H. Vaccinia virus in humans and cattle in southwest region of São Paulo State- Brazil. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* **2008**, *79*, 647-651.

Antunes, J. M. A. P.; Appolinario, C.M.; Allendorf, S. D.; Peres, M.G.; Megid, J. Persistence and dissemination of Vaccinia virus zoonotic infection in central west region of São Paulo State - Brazil. *Revista Científica Eletrônica de Medicina Veterinária* **2013**, *20*, 1-7.

Megid, J.; Peres, M.G.; Bacchiega, T.S.; Appolinário, C.M.; Vicente, A.F.; Ribeiro, B.L.D.; Fonseca, C.R.; Abrahão, J.; Ferreira, F. Vaccinia virus in feces of wild rodents from São Paulo State, Brazil. *International Journal of Infectious Diseases*, **2016**, *53*, 128-128.

Peres, M.G.; Barros, C.B.; Appolinário, C.M.; Antunes, J.M.A.P.; Mioni, M.S.R.; Bacchiega, T.S.; Allendorf, S.D.; Vicente, A.F.; Fonseca, C.R.; Megid, J. Dogs and opossums positive for vaccinia virus during outbreak affecting cattle and humans, São Paulo State, Brazil. *Emerg. Infect. Dis.* **2016**, *22*, 271–273.

Peres, M.G.; Bacchiega, T.S.; Appolinário, C.M.; Vicente, A.F.; Mioni, M.S.R.; Ribeiro, B.L.D.; Fonseca, C.R.; Pelícia, V.; Ferreira, F.; Oliveira, G.; Abrahão, J.; Megid, J. Vaccinia Virus in Blood Samples of Humans, Domestic and Wild Mammals in Brazil. *Viruses-Basel* **2018a**, *10*, 42-46.

Peres, M.G.; Bacchiega, T.S.; Appolinário, C.M.; Vicente, A.F.; Mioni, M.S.R.; Ribeiro, B.L.D.; Fonseca, C.R.; Pelícia, V.; Ferreira, F.; Oliveira, G.; Abrahão, J.; Megid, J. Vaccinia virus in Feces and Urine of Wild Rodents from São Paulo State, Brazil. *Viruses-Basel* **2018b**, *10*, 51-60.

Peres, M. G.; Bacchiega, T.S.; Appolinário, C. M.; VICENTE, A.F.; Allendorf, S.D.; Antunes, J.M.A.P.; Legatti, S.A.; Legatti, EMERSON; Fonseca, C.R.; Pituco, E.M.; Okuda, L.H.; Pantoja, J.C.F.; Ferreira F.; Megid, J. Serological study of vaccinia virus reservoirs in areas with and without official reports of outbreaks in cattle and humans in São Paulo, Brazil. *Archives of Virology* **2013**, *1*, 1-9.

Centro de Operações de Emergências (COE MPOX). Informe Semanal, edição nº 17 - SE 01/2024 a 05/2025 [acesso 2025, mai. 23]. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/composicao/svsa/coes/mpox/informes/informe-semanal-no-17-mpox-se-01-2024-a-05-2025-4-de-fevereiro-de-2025>>.

BRASIL. Ministério da Saúde (MS). Ministério da Saúde confirma primeiro caso de Mpox pela cepa 1b [acesso 2025, ago. 10]. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/canais-de-atendimento/sala-de-imprensa/notas-a-imprensa/2025/ministerio-da-saude-confirma-primeiro-caso-de-mpox-pela-cepa-1b>>.

BRASIL. Ministério da Saúde. Painel Mpox. [Brasília, DF]: Ministério da Saúde, **2025** [acesso 2025, jun. 06]. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/composicao/svsa/cnie/painelmpox>>.

WHO. Multi-country outbreak of mpox, External situation report #46 - 28 January, **2025** [acesso em 2025, jul. 29]. Disponível em: <https://www.who.int/publications/m/item/multi-country-outbreak-of-mpox--external-situation-report--46_28-january-2025>.