

Transferência tecnológica durante a pandemia de covid-19: relato do primeiro treinamento prático presencial no Brasil

Fernanda Khouri Barreto¹, Luciane Amorim Santos², Marta Giovanetti³,
Vagner Fonseca⁴, Flavia Aburjaile⁵, Joscelio Aguiar Silva⁶, Carla Freitas⁷,
Cassio Roberto Leonel Peterka⁶, Jairo Mendez Rico⁸, Maria Almiron⁸,
Carlos Frederico Campelo de Albuquerque e Melo⁴, Luiz Carlos Júnior Alcântara³

¹Universidade Federal da Bahia, Instituto Multidisciplinar em Saúde, Vitória da Conquista, BA, Brasil

²Escola Bahiana de Medicina e Saúde Pública, Salvador, BA, Brasil

³Fundação Instituto Oswaldo Cruz, Laboratório de Mosquitos Vetores – Endossimbiontes e Interação Patógeno-Vetor, Belo Horizonte, MG, Brasil

⁴Organização Pan-Americana da Saúde, Organização Mundial da Saúde, Brasília, DF, Brasil

⁵Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil

⁶Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente, Coordenação-Geral das Arboviroses, Brasília, DF, Brasil

⁷Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente, Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública, Brasília, DF, Brasil

⁸Organização Pan-americana da Saúde, Departamento de Emergências em Saúde, Washington, DC, Estados Unidos

RESUMO

O relato descreveu o primeiro curso presencial visando capacitar profissionais de saúde pública na realização de vigilância genômica em tempo real, durante períodos pandêmicos. Relato de experiência sobre um curso teórico-prático com foco em pesquisa e vigilância genômica, incluindo tecnologias de sequenciamento móvel, bioinformática, filogenética e modelagem epidemiológica. O evento contou com 162 participantes e foi o primeiro grande treinamento presencial realizado durante a epidemia de covid-19 no Brasil. Não foi detectada infecção pelo SARS-CoV-2 ao final do evento em nenhum participante, sugerindo a segurança e efetividade de todas as medidas de segurança adotadas. Os resultados do evento sugerem que é possível executar capacitação profissional com segurança durante pandemias, desde que seguidos todos os protocolos de segurança.

Palavras-chave: Covid-19; Pandemia; Capacitação Profissional; Capacitação de Recursos Humanos em Saúde.

INTRODUÇÃO

As pandemias integram o grupo de desastres de origens naturais desencadeados por fenômenos e desequilíbrios socioambientais que afetam as populações. Nesse contexto, no dia 30 de janeiro de 2020, a Organização Mundial da Saúde (OMS) caracterizou o surto de Coronavirus Disease 2019 (covid-19). Tendo-se iniciado em Wuhan, na China, como uma Emergência em Saúde Pública de Importância Internacional,¹ rapidamente a doença transformou-se em um grande desafio global; e, em março de 2020, foi classificada como pandemia, exigindo uma resposta sanitária rápida.²

Compreender a propagação de doenças infecciosas virais potencialmente capazes de desencadear um processo pandêmico é fundamental no sentido de embasar as decisões em saúde pública. Uma importante forma de acompanhamento dessas doenças é a vigilância genômica e epidemiológica, que possibilita a rápida identificação desses agentes infecciosos.³ Desde o início da pandemia, a disseminação do agente causador – Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) – da covid-19 vem sendo acompanhada mundialmente, com diferentes estratégias de vigilância, pelas quais a evolução do vírus pode ser observada e compartilhada em tempo real.⁴

No Brasil, cada Unidade da Federação (UF), incluído o Distrito Federal, conta com um Laboratório Central de Saúde Pública (LACEN), sob a Coordenação-Geral de Laboratórios de Saúde Pública (CGLAB), da Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente do Ministério da Saúde. Os LACENs têm, como principal função, auxiliar os estados nas áreas de vigilância epidemiológica, sanitária e ambiental (Lei Orgânica nº 8080).⁵ Por conseguinte, esses laboratórios atuam no diagnóstico e monitoramento de doenças de interesse em saúde pública e são responsáveis por grande parte do diagnóstico de doenças emergentes e reemergentes, como arboviroses e a covid-19.

Contribuições do estudo

Principais resultados

A transferência tecnológica pode acontecer em grandes eventos, desde que protocolos de segurança sejam executados rigorosamente. É importante disseminar, nesses eventos, os conceitos do movimento Responsible Research and Innovation (RRI).

Implicações para os serviços

Treinamentos presenciais são fundamentais para a capacitação de profissionais de saúde pública. A transferência tecnológica entre instituições de pesquisa e serviços de saúde resulta na atualização e melhora do desempenho do sistema de saúde.

Perspectivas

A partir do sucesso da transferência tecnológica relatada, será incorporado um novo módulo na próxima edição do VEME (Panamá, 2022), intitulado Virus Evolution to Public Health Policy Makers.

Durante a pandemia de covid-19, os LACENs tornaram-se fundamentais na identificação de variantes de preocupação, visto que recebem amostras provenientes de todas as regiões do país. Entretanto, ademais da infraestrutura básica, é de extrema importância a atualização das ferramentas de bioinformática necessárias à análise dos dados gerados. Essa análise ainda representa um grande desafio para os profissionais de saúde pública, visto que se trata de técnicas específicas da área da pesquisa científica e pouco utilizadas na prática nos LACENs.

Na tentativa de fortalecer a ação da vigilância epidemiológica nacional, mediante a transferência tecnológica, em setembro de 2021, realizou-se o primeiro treinamento presencial no Brasil, no qual os dados epidemiológicos e genômicos gerados foram analisados pelos profissionais de saúde dos LACEN, durante o evento intitulado

Bioinformatics Workshop on Virus Evolution and Molecular Epidemiology (VEME).

O VEME é um curso tradicional, cujo objetivo é treinar para o uso de ferramentas de bioinformática aplicadas a epidemiologia e evolução viral. Ele conta com professores especialistas na área e aclamados internacionalmente, sendo sua fundadora e organizadora a Prof. Anne-Mieke Vandamme da KU Leuven, University of Leuven, Bélgica. Trata-se de um evento anual, com mais de 26 edições realizadas, cada qual em uma diferente cidade do mundo.⁵ O evento possui, como premissa básica, a disseminação do conhecimento científico, treinamento e capacitação de qualidade, além de transferência de tecnologia para estudantes e profissionais provenientes de todos os continentes.

Com o apoio da Organização Pan-Americana da Saúde/Organização Mundial da Saúde (OPAS/OMS), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Secretaria de Vigilância em Saúde/Ministério da Saúde (SVS/MS), em setembro de 2021, o VEME foi realizado no Brasil.⁶

Este relato de experiência visa discorrer sobre um curso teórico-prático, realizado presencialmente, durante a pandemia de covid-19, para profissionais da saúde pública, com foco em pesquisa e vigilância genômica, que incluiu tecnologias de sequenciamento móvel, bioinformática, filogenética e modelagem epidemiológica.

MÉTODOS

Tradicionalmente, as 26 edições do VEME anteriores ocorreram no formato presencial. Diante da pandemia de covid-19, no ano de 2021, o VEME teve duas versões: (i) o COVEME, evento no formato de *webinar* e tendo como foco a aplicação de ferramentas de bioinfor-

mática para o estudo dos coronavírus; e (ii) o VEME *light* ou VEME *face to face*, um evento presencial, focado no treinamento e transferência de tecnologia. A realização do evento em ambos os formatos utilizou como base o conceito Responsible Research and Innovation (RRI), ou Pesquisa e Inovação Responsável, que busca reforçar as interações entre ciência e sociedade.^{7,8}

Como estratégia didática para o treinamento e atualização dos profissionais de saúde inscritos no curso, foram selecionadas as ferramentas de bioinformática mais utilizadas nas pesquisas de alto impacto: Genome Detective, para montagem de genomas; Mafft, para alinhamento de sequências; Aliview, para edição manual de sequências; Iqtree, para estimar o sinal filogenético e construir árvores de máxima verossimilhança; Tempest, para estimar o sinal temporal; Beast, para construir árvores datadas; Figtree, para visualização das árvores filogenéticas geradas; e R Studio, para análises epidemiológicas e visualização dos dados trabalhados.⁹⁻¹⁶

O VEME *light* foi realizado entre os dias 5 e 10 de setembro de 2021, no Ouro Minas Palace Hotel, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, conforme programa de atividades descrito no Quadro 1. No intuito de garantir a segurança de todos os participantes, a equipe organizadora do evento definiu os protocolos sanitários a serem cumpridos.

Todos os participantes, professores e organizadores ficaram hospedados em quartos individuais, no hotel onde se realizou o evento. As refeições foram servidas em formato de *buffet*, com disponibilização de álcool em gel para higienizar as mãos antes de vesti-las com as luvas (para pegar os alimentos) e acomodar-se em um salão especialmente organizado para os participantes.

Quadro 1 – Descrição das atividades realizadas durante o VEME light

Domingo, 5 de setembro
Registro e credenciamento + coleta de amostras para diagnóstico de SARS-CoV-2
Linux por linha de comando
Panorama e vigilância da covid-19 no Brasil e na América Latina
Panorama e vigilância de arboviroses no Brasil
Vírus da febre amarela, Mayaro e Oropouche nas regiões do Norte e Nordeste brasileiro
Vírus da Zika, dengue e Chikungunya nas regiões do Sudeste e do Nordeste brasileiro
SARS-CoV-2 no Brasil
Zoonoses e o surgimento da covid-19
Segunda-feira, 6 de setembro
Linux por linha de comando
Montagem de genomas por referência e algoritmos de correção de erros
Vigilância genômica em tempo real de SARS-CoV-2 na África do Sul
Montagem de genomas por metodologia de novo e utilizando-se o <i>software</i> Genome Detective
Terça-feira, 7 de setembro
Construindo uma base de dados apropriada, baseada na ferramenta <i>online</i> do NCBI
Algoritmos de alinhamento e Aliview
Covid-19: como o compartilhamento, comunicação e Nextstrain desempenharam seu papel na epidemia
IQ-TREE
Alinhamento e sinal filogenético
Quarta-feira, 8 de setembro
Métodos para reconstrução de árvore filogenética (NJ e ML)
TempEST
Preveno a transmissão por mosquitos com uso de dados climáticos
IQ-TREE e TempEST
Quinta-feira, 9 de setembro
Relógio molecular (aplicações + TreeTime)
TreeTime e BEAST
Sexta-feira, 10 de setembro
Rstudio
Coleta de amostras para diagnóstico de SARS-CoV-2

As atividades do curso foram realizadas no Salão Centenário, capacitado para acolher 900 pessoas, dispendo-se as mesas e mantendo-se o distanciamento social necessário. Cada aluno recebia um assento e computador específico, destinado à realização das práticas *in silico*, não sendo permitida a troca do equipamento no decorrer dos dias do evento. Os assentos e os computadores foram organizados de forma a garantir um distanciamento mínimo

de 2 metros entre eles. A higienização dos computadores e mesas com álcool isopropílico 70% era realizada diariamente, pela equipe de limpeza do hotel. A água era servida em ambiente externo à sala das aulas, de forma a se respeitar o distanciamento necessário.

Alunos e professores receberam *faceshield* e um quantitativo de máscaras NK95/PFF2 que possibilitou sua troca a cada cinco horas. O uso desses equipamentos de proteção individual

(EPIs) foi obrigatório durante todo o período do curso, sempre com a recomendação para usar álcool 70% em gel na higienização das mãos.

Todos foram aconselhados a não deixar o hotel durante os dias do evento.

Os participantes do treinamento, a comissão organizadora, professores e funcionários do hotel foram testados para detecção de SARS-CoV-2 antes do início do evento e ao seu final. Para tanto, realizou-se a coleta de amostras de nasofaringe e o teste de reação em cadeia da polimerase [*Polymerase Chain Reaction (PCR)*] por funcionários da Fundação Ezequiel Dias (LACEN/MG), em uma sala temporária equipada, no local do evento. A PCR foi realizada mediante ensaio Allplex 2019-nCoV (Seegene), visando à detecção do envelope (E), da RNA polimerase dependente de RNA-Replicase (RdRp) viral e do gene do nucleocapsídeo (N).

RESULTADOS

O VEME light teve um total de 162 participantes, dos quais 146 alunos e 16 professores. Entre os alunos, 131 provinham de 21 diferentes instituições brasileiras: 64 funcionários dos LACENs e CGLAB; e 67 de outras instituições municipais, acadêmicas e de pesquisa

que trabalham diretamente com infecções emergentes e reemergentes. Os demais 15 discentes eram de outros países: México, Paraguai, Uruguai, Guatemala, República Dominicana e Senegal.

Para a seleção dos alunos, cumpriu-se a equidade de gênero, além da participação de dois a três representantes de cada um dos 27 LACENs da Federação. Estes profissionais trabalham diretamente com a produção de sequências do SARS-CoV-2 e análises dos dados. Com o treinamento, eles se encontravam capacitados a realizar as análises necessárias para a vigilância genômica (montagem do genoma, análises filogenéticas, identificação de variantes virais), e assim, por conseguinte, diversas publicações científicas de autoria desses profissionais estão acontecendo.¹⁷⁻²⁰

Todos os 162 participantes, bem como os funcionários do Ouro Minas Palace Hotel, foram testados para detecção de SARS-CoV-2 antes do início do evento. Apenas um funcionário do hotel testou positivo e foi afastado de suas atividades; entre os demais, não foi detectada infecção pelo SARS-CoV-2, nem antes, nem ao final do evento, sugerindo a segurança e efetividade de todas as medidas adotadas (Figura 1).

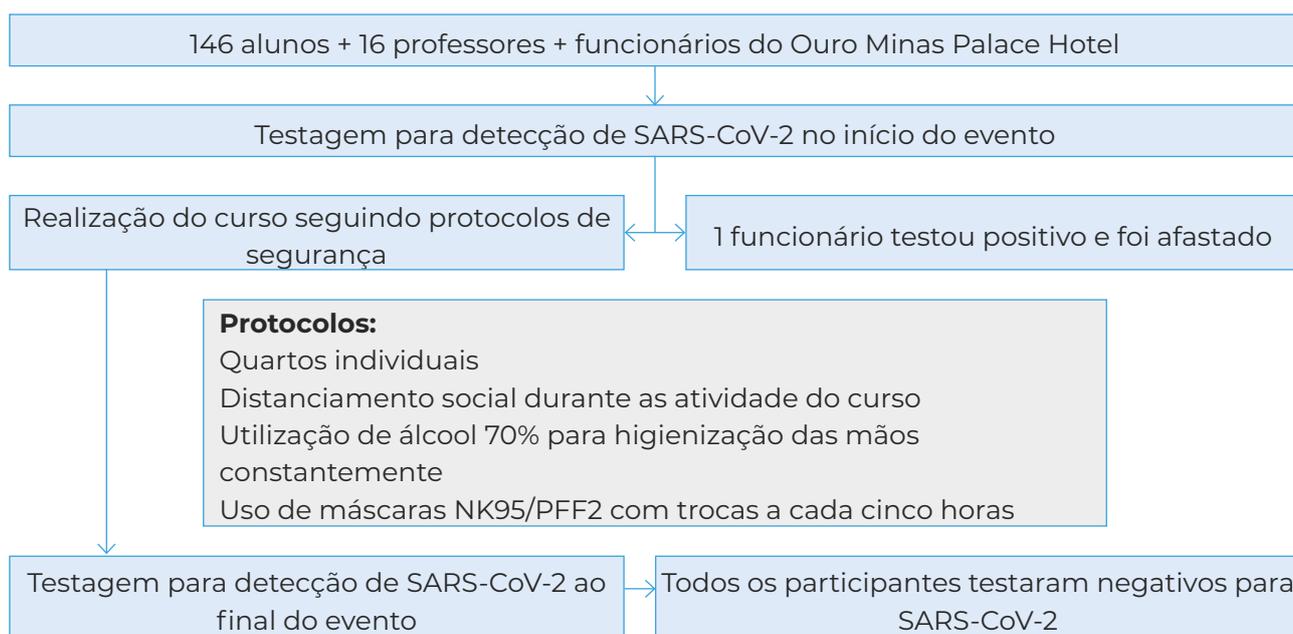


Figura 1 – Fluxograma de realização do VEME light com descrição dos protocolos de segurança

DISCUSSÃO

Nos últimos anos, por iniciativa do Ministério da Saúde, os LACENs passaram a implementar diferentes estratégias de Sequenciamento de Nova Geração [*Next-Generation Sequencing* (NGS)] para realizar a vigilância genômica. Esse processo permitiu a cada LACEN estar capacitado na geração de genomas completos de patógenos virais emergentes e reemergentes, circulantes e cocirculantes em cada estado. Nesse cenário, surgiu a necessidade de treinar os agentes de saúde para a utilização de ferramentas de bioinformática, tornando-os capazes de analisar os dados genômicos gerados em seus laboratórios em tempo real. Isso teria facilitado a rápida divulgação – entre as autoridades da saúde pública – de quantos eram os genótipos e subtipos das cepas virais circulantes detectadas por cada um dos 27 LACENs, para que medidas de controle fossem prontamente atuadas. Tendo em vista a demanda, este treinamento permitiu o início do processo de transferência tecnológica e a capacitação dos profissionais de saúde pública do Brasil para o monitoramento e análise de dados genômicos em tempo real.

É importante ressaltar que, durante a realização do VEME *light*, foram trabalhados conceitos do RRI, movimento que visa reestruturar a forma como a ciência está inserida na sociedade.^{7,8} No Brasil, a sigla RRI é todavia pouco adotada e divulgada; porém, muitas práticas corriqueiras cabem dentro do espírito da RRI, de buscar uma ciência e tecnologia mais responsiva, reflexiva, inclusiva, e mais socialmente responsável.

O conceito do RRI envolve cinco princípios-chave: Educação; Acesso Aberto; Ética; Engajamento Social; Igualdade de Gênero.^{7,8} Estes princípios foram praticados no treinamento, mantendo-se a educação como centro do VEME.

A educação é a base para a transferência de tecnologias e capacitação, permitindo a disseminação e o exercício do conhecimento.²¹ Durante o VEME, além da participação de pro-

fessores especialistas na área e reconhecidos internacionalmente por seus trabalhos, as aulas tiveram sua base teórica focada na prática do aprendizado.

A estratégia didática utilizada garantiu que os estudantes aplicassem, em tempo real, as ferramentas trabalhadas, e que os conteúdos abordados fossem mais adequados à prática de cada LACEN. Além disso, para que cada estudante e agente de saúde pública tivesse domínio das ferramentas apresentadas, foi-lhe garantida a autonomia para aplicar e disseminar o conhecimento por ele adquirido no VEME *face to face*, em seu estado.

O VEME permitiu a agentes de saúde pública de todos os estados brasileiros o acesso a conhecimento e ferramentas utilizados pelos grandes centros de pesquisas mundiais. Essa capacitação tornou a detecção – e monitoramento – das variantes virais circulantes nos estados muito mais rápida, pois os profissionais de saúde treinados passaram a realizar a vigilância genômica em tempo real e publicar seus resultados em revistas de alto impacto.¹⁷⁻²⁰

O fato de a organização do evento apenas aconselhar os participantes a permanecerem no hotel durante os dias do evento, sem obrigá-los, e tampouco haver controle de entrada e saída dos participantes, apresentam-se como uma limitação do estudo. Entretanto, o espírito de colaboração dos professores e alunos inscitos refletiu-se na permanência de todos no local do treinamento, respeitando-se os protocolos de segurança propostos.

A realização de transferência tecnológica em um curso presencial, durante a epidemia de covid-19 no Brasil, foi de grande relevância para a capacitação dos profissionais de saúde pública envolvidos. Os tópicos abordados durante o evento possibilitaram não apenas a geração de dados genômicos, mas também sua análise rápida. Esse processo de capacitação foi fundamental para o acompanhamento da evolução da epidemia no nível local. Motivado no sucesso dessa experiência, deve ser

incorporado um novo módulo à próxima edição do VEME no Panamá, em 2022, intitulado Virus Evolution to Public Health Policy Makers. Essa capacitação de agentes de saúde em análise de dados genômicos representa um marco na

vigilância epidemiológica, permitindo ao Brasil não apenas monitorar de forma eficiente as cepas endêmicas, mas também prever novos surtos, por meio de um monitoramento ativo e análise de dados em tempo real.

CONTRIBUIÇÃO DOS AUTORES

Barreto FK, Santos LA, Giovanetti M e Alcântara LCJ contribuíram na concepção e delineamento do estudo, análise e interpretação dos resultados, redação e revisão crítica do conteúdo do manuscrito. Fonseca V, Aburjaile F, Freitas C, Santos LA e Giovanetti M contribuíram no planejamento e execução do curso, análise e interpretação dos resultados. Silva JA, Peterka CRL, Rico JM, Almiron M, Medeiros AC, Melo CFCA e Alcântara LCJ contribuíram com financiamentos e viabilidade, análise e interpretação dos resultados. Todos os autores aprovaram a versão final do manuscrito e são responsáveis por todos os seus aspectos, incluindo a garantia de sua precisão e integridade.

CONFLITOS DE INTERESSE

Os autores declararam não haver conflitos de interesse.

FINANCIAMENTO

O autor Luiz Carlos Júnior Alcântara contou com o apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico/Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovações (CNPq/MCTI) (SCON2021-00180).

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem aos responsáveis pelos Laboratórios Centrais em Saúde Pública, pelo esforço no combate à covid-19 no Brasil; a todos os professores e alunos envolvidos no curso Bioinformatics Workshop on Virus Evolution and Molecular Epidemiology (VEME), por sua participação, assim como aos funcionários do Ouro Minas Palace Hotel; e especialmente, à Dra. Anne-Mieke Vandamme, da Catholic University of Leuven, Bélgica.

Correspondência: Luiz Carlos Júnior Alcântara | luiz.alcantara@fiocruz.br

Recebido em: 18/08/2022 | **Aprovado em:** 06/06/2023

Editor associado: Lúcia Rolim Santana de Freitas

REFERÊNCIAS

1. Marques RC, Silveira AJT, Pimenta DN. A pandemia de covid-19: interseções e desafios para a história da saúde e do tempo presente. In: Reis TS, Souza CM, Oliveira MP, Lyra Júnior AA, organizadores. Coleção história do tempo presente: volume 3. Boa Vista: Editora da UFRR; 2020. p. 225-49.
2. Organização Pan-Americana da Saúde. OMS afirma que COVID-19 é agora caracterizada como pandemia [Internet]. [Washington]: Organização Pan-Americana da Saúde; 2020 [atualizado 2020 Mar 11; citado 2022 Mar 15]. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/news/11-3-2020-who-characterizes-covid-19-pandemic>
3. Giovanetti M, Faria NR, Lourenço J, Jesus JG, Xavier J, Claro IM, et al. Genomic and epidemiological surveillance of zika virus in the Amazon region. *Cell Rep.* 2020;30(7):2275-83.e7. doi: 10.1016/j.celrep.2020.01.085
4. Adelino TÉR, Giovanetti M, Fonseca V, Xavier J, Abreu ÁS, Nascimento VA, et al. Field and classroom initiatives for portable sequence-based monitoring of dengue virus in Brazil. *Nat Commun.* 2021;12(1):2296. doi: 10.1038/s41467-021-22607-0
5. Brasil. Ministério da Saúde. Lei nº 8.080, de 19 de setembro de 1990. Dispõe sobre as condições para a promoção, proteção e recuperação da saúde, a organização e o funcionamento dos serviços correspondentes e dá outras providências [Internet]. Diário Oficial da União, Brasília (DF), 1990 Set 20 [citado 2022 Mar 15], Seção 1:18055. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/l8080.htm
6. Bioinformatics Workshop on Virus Evolution and Molecular Epidemiology - Face-to-face Workshop (VEME Light) [Internet]; 2021 Sep 5-10. Belo Horizonte: KU Leuven [cited 2022 Mar 15]. Available from: <https://rega.kuleuven.be/cev/veme-workshop/2021/bioinformatics-workshop-2021>
7. Colizzi V, Mezzana D, Ovseiko PV, Caiati G, Colonnello C, Declich A, et al. Structural Transformation to Attain Responsible BIOSciences (STARBIOS2): protocol for a Horizon 2020 Funded European Multicenter Project to Promote Responsible Research and Innovation. *JMIR Res Protoc.* 2019;8(3):e11745. doi: 10.2196/11745
8. Declich A. RRI implementation in bioscience organisations: guidelines from the STARBIOS2 project [Internet]. Uppsala: Uppsala University; 2020 [cited 2020 Aug 12]. Available from: <http://uu.diva-portal.org/smash/get/diva2:1396179/FULLTEXT01.pdf>
9. Vilsker M, Moosa Y, Nooij S, Fonseca V, Ghysens Y, Dumon K, et al. Genome detective: an automated system for virus identification from high-throughput sequencing data. *Bioinformatics.* 2019;35(5):871-3. doi: 10.1093/bioinformatics/bty695
10. Katoh K, Rozewicki J, Yamada KD. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Brief Bioinform.* 2019;20(4):1160-6. doi: 10.1093/bib/bbx108
11. Larsson A. AliView: a fast and lightweight alignment viewer and editor for large datasets. *Bioinformatics.* 2014;30(22):3276-8. doi: 10.1093/bioinformatics/btu531
12. Nguyen LT, Schmidt HA, von Haeseler A, Minh BQ. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Mol Biol Evol.* 2015;32(1):268-74. doi: 10.1093/molbev/msu300
13. Rambaut A, Lam TT, Carvalho LM, Pybus OG. Exploring the temporal structure of heterochronous sequences using TempEst (formerly Path-O-Gen). *Virus Evol.* 2016;2(1):vew007. doi: 10.1093/ve/vew007
14. Suchard MA, Lemey P, Baele G, Ayres DL, Drummond AJ, Rambaut A. Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10. *Virus Evol.* 2018;4(1):vey016. doi: 10.1093/ve/vey016
15. Rambaut A. Molecular Evolution, Phylogenetics and Epidemiology [Internet]. [Edinburgh]: [Rambaut A]; c2007 [cited 2022 Aug 18]. Available from: <http://tree.bio.ed.ac.uk/>
16. Chernomor O, von Haeseler A, Minh BQ. Terrace Aware Data Structure for Phylogenomic Inference from Supermatrices. *Syst Biol.* 2016;65(6):997-1008. doi: 10.1093/sysbio/syw037

17. Posit. RStudio: Open source & professional software for data science teams [Internet]. Boston: Posit; c2022 [cited 2022 Aug 18]. Available from: <https://www.rstudio.com/>
18. Oliveira EC, Fonseca V, Xavier J, Adelino T, Claro IM, Fabri A, et al. Short report: introduction of chikungunya virus ECSA genotype into the Brazilian midwest and its dispersion through the Americas. *PLoS Negl Trop Dis*. 2021;15(4):e0009290. doi: 10.1371/journal.pntd.0009290
19. Pereira F, Tosta S, Lima MM, Silva LRO, Nardy VB, Gómez MKA, et al. Genomic surveillance activities unveil the introduction of the SARS-CoV-2 B.1.525 variant of interest in Brazil: case report. *J Med Virol*. 2021;93(9):5523–6. doi: 10.1002/jmv.27086
20. Giovanetti M, Pereira LAP, Santiago GA, Fonseca V, Mendoza MPG, Oliveira C, et al. Emergence of dengue virus serotype 2 cosmopolitan genotype, Brazil. *Emerg Infect Dis*. 2022;28(8):1725–7. doi: 10.3201/eid2808.220550
21. Giovanetti M, Alcantara LCJ, Dorea AS, Ferreira QR, Marques WA, Barros JJF, et al. Promoting Responsible Research and Innovation (RRI) during Brazilian activities of genomic and epidemiological surveillance of arboviruses. *Front Public Health*. 2021;9:693743. doi: 10.3389/fpubh.2021.693743