

# EPIDEMIOLOGIA MOLECULAR APLICADA ÀS DOENÇAS INFECCIOSAS: FERRAMENTA ESTRATÉGICA PARA O CONTROLE DE ENDEMIAS E EPIDEMIAS



<https://doi.org/10.22533/at.ed.6411325230510>

*Data de aceite: 16/09/2025*

### **Pâmela Gomes Santos**

Universidade Federal do Maranhão-UFMA  
<http://lattes.cnpq.br/7818949201806939>

### **Luma Crys Pinheiro Lima Goffi**

Faculdade Presidente Antônio Carlos-  
FAPAC/ITAPAC  
<http://lattes.cnpq.br/2340558715518727>

### **Josilene da Conceição Gomes**

Centro Universitário Estácio Juiz de Fora-  
ESTÁCIO

### **Rosimeire da Silva Nascimento**

Faculdade Maurício de Nassau-  
UNINASSAU  
<http://lattes.cnpq.br/6474375030656675>

### **Jamylle Ravanne Campos Rocha**

Faculdade Maurício de Nassau  
-UNINASSAU  
<http://lattes.cnpq.br/9128085579645430>

### **Antônio Sérgio Mathias**

Faculdade de Ciências Médicas de São  
José dos Campos-FCM-SJC  
<http://lattes.cnpq.br/2531616183729189>

### **Patrícia Santos Quaresma**

Centro Universitário de Caratinga-UNEC  
<http://lattes.cnpq.br/6580865983970671>

### **Letícia Diman Pereira**

Universidade de Mogi das Cruzes-UMC  
<http://lattes.cnpq.br/1848310492855224>

### **Carolinne Alves Oliveira Souza**

Centro Universitário Doutor Leão  
Sampaio- UNILEAO  
<http://lattes.cnpq.br/3066663004203203>

### **Gabriela Demboski Silveira**

Universidade do Sul de Santa Catarina-  
UNISUL  
<http://lattes.cnpq.br/7746401473334854>

### **Marcus Vinicius de Oliveira Silva**

Universidad Central Del Paraguay-UCP  
<http://lattes.cnpq.br/7780913404885242>

### **Fabio José de Oliveira Nascimento**

Centro Universitário Augusto Motta-  
UNISUAM  
<http://lattes.cnpq.br/0745916589575494>

**RESUMO:** A epidemiologia molecular (EM) consolidou-se, entre 2020 e 2025, como uma ferramenta estratégica no enfrentamento das doenças infecciosas. A integração entre as tecnologias dessa área permitiu avanços notáveis na compreensão da dinâmica de transmissão de microrganismos. Diante

disso, esse estudo teve como objetivo discutir conceitos fundamentais, métodos e aplicações da epidemiologia molecular na saúde pública. Para isso foi realizada uma revisão narrativa de literatura, de caráter exploratório e descritivo; foram selecionados artigos científicos publicados entre 2020 e 2025, a partir de buscas realizadas nas bases Google Scholar, Web of Science, Scopus, SciELO e PubMed. Os resultados apontaram que a aplicação das técnicas de EM tem fortalecido a vigilância epidemiológica, contribuído para a detecção precoce de surtos e subsidiado decisões estratégicas em saúde pública. Ao destacar estudos de caso reais, enfatiza-se a relevância do olhar interdisciplinar e da perspectiva de Saúde Única, fundamentais para mitigar o impacto das doenças infecciosas e preparar sistemas de saúde para novos desafios globais.

**PALAVRAS-CHAVES:** Saúde Única, Vigilância Genômica, Epidemiologia molecular.

## MOLECULAR EPIDEMIOLOGY APPLIED TO INFECTIOUS DISEASES: A STRATEGIC TOOL FOR CONTROLLING ENDEMIC AND EPIDEMIC DISEASES

**ABSTRACT:** Molecular epidemiology (ME) has established itself as a strategic tool in combating infectious diseases between 2020 and 2025. The integration of technologies in this field has enabled remarkable advances in the understanding of the transmission dynamics of microorganisms. In this context, this study aimed to discuss fundamental concepts, methods, and applications of molecular epidemiology in public health. To this end, a narrative literature review was conducted, exploratory and descriptive in nature; scientific articles published between 2020 and 2025 were selected based on searches conducted in the databases Google Scholar, Web of Science, Scopus, SciELO, and PubMed. The results indicated that the application of EM techniques has strengthened epidemiological surveillance, contributed to the early detection of outbreaks, and supported strategic decisions in public health. By highlighting real case studies, the importance of an interdisciplinary approach and the One Health perspective is emphasized, which are essential to mitigate the impact of infectious diseases and prepare health systems for new global challenges.

**KEYWORDS:** One Health, Genomic Surveillance, Molecular Epidemiology.

## INTRODUÇÃO

As doenças infecciosas acompanham a trajetória humana, impactam sociedades, provocam colapsos populacionais e desafiam os sistemas de saúde. No entanto, os avanços tecnológicos das últimas décadas possibilitaram a incorporação de novas ferramentas ao arsenal da saúde no combate e controle dessas infecções. Nesse cenário, a epidemiologia molecular surge como uma ponte entre a análise genética dos microrganismos de interesse clínico e a compreensão de sua disseminação nas populações humanas, o que oferece uma perspectiva integrada e inovadora para a prevenção e contenção tanto de endemias persistentes quanto epidemias emergentes (Tibayrenc, 2011; Riley; Blanton, 2018).

Tradicionalmente, a epidemiologia clássica se baseou em indicadores clínicos, laboratoriais e estatísticos para mapear padrões de ocorrência de doenças. Esse modelo, embora fundamental, é limitado diante da necessidade de rastrear rapidamente a origem de surtos, identificar rotas de transmissão e prever a evolução desses microrganismos em

tempo real. Frente a essa lacuna, a epidemiologia molecular ganhou espaço, ao aliar a precisão do sequenciamento genético com a robustez da análise epidemiológica (Eyboosh *et al.*, 2017).

A pandemia da COVID-19 é o exemplo mais recente dessa integração. Em poucos meses, laboratórios do mundo inteiro compartilharam milhões de sequências do SARS-CoV-2, revelando a dinâmica de surgimento de variantes e subsidiando decisões políticas, como a adoção de medidas de restrição e a atualização de vacinas. Esse episódio evidenciou que a epidemiologia molecular é uma ferramenta crucial na mitigação e contenção de crises sanitárias globais (John *et al.*, 2021).

No entanto, a relevância desse recurso não se limita à COVID-19, essa ferramenta também é importante no enfrentamento de outras doenças como tuberculose, HIV (*Human Immunodeficiency Virus*), malária e as chamadas superbactérias e superfungos, que se configuram como ameaças concretas à saúde, sobretudo em países de baixa e média renda. A aplicação de técnicas de tipagem molecular e sequenciamento de nova geração (NGS) viabilizam o entendimento acerca da resistência microbiana, identificam reservatórios ambientais e mapeiam surtos hospitalares, fornecendo orientações práticas para o controle e prevenção dessas doenças (Escalante; Pacheco, 2019).

Importante destacar também o caráter interdisciplinar da epidemiologia molecular. Seu desenvolvimento envolve não apenas biólogos e epidemiologistas, mas também bioinformatas, matemáticos, engenheiros e gestores de saúde. Essa característica torna o campo dinâmico e complexo, exigindo a integração de saberes para que a informação gerada no laboratório seja efetivamente traduzida em políticas públicas e ações de vigilância eficazes (Tibayrenc, 2011).

Entre 2020 e 2025, vimos o fortalecimento de redes colaborativas de vigilância genômica em escala global. Iniciativas como o *Global Initiative on Sharing all Influenza Data* (GISAID), Nextstrain e a Rede Genômica Fiocruz no Brasil exemplificam a importância do compartilhamento rápido de dados para compreender a evolução dos microrganismos. Essa cooperação entre as instituições acelera a resposta às emergências, mas também destacam as desigualdades de acesso a tecnologias entre países, demonstrando que a epidemiologia molecular é também um tema de justiça social e equidade em saúde (Tigistu-Sahle *et al.*, 2023).

Diante disso, esta pesquisa teve como objetivo discutir conceitos fundamentais, métodos e aplicações em saúde pública, assim como também mostrar estudos de caso ocorridos entre 2020 e 2025, trazendo uma reflexão sobre como essa área pode contribuir para sociedades mais resilientes, capazes de enfrentar os desafios das endemias e epidemias que moldam nosso tempo.

METODOLOGIA

Trata-se uma revisão exploratória de artigos publicados entre 2020 e 2025. A escolha deste período justifica-se pela intensidade de pesquisas geradas durante e após a pandemia da COVID-19, que evidenciou avanços significativos em sequenciamento genômico, vigilância molecular e estratégias de contenção de epidemias. Para a busca dos artigos se utilizou as bases de dados PubMed, Scopus e Web of Science, com o uso dos descritores presentes na tabela 1. Estudos que apresentassem dados anteriores a 2020, não revisados por pares ou relatórios de baixa relevância metodológica foram descartados. Os dados obtidos foram sintetizados em tópicos, de forma a sistematizar os principais achados (Imagem 1).

Descritores controlados e livres (DeCS/MeSH)
“Molecular epidemiology” OR “Infectious diseases” OR “Genomic surveillance” AND (“COVID-19” OR “One Health” OR “Pathogen genomics”)

Tabela 1. Descritores controlados e livres (DeCS/MeSH) utilizados para a busca bibliográfica.

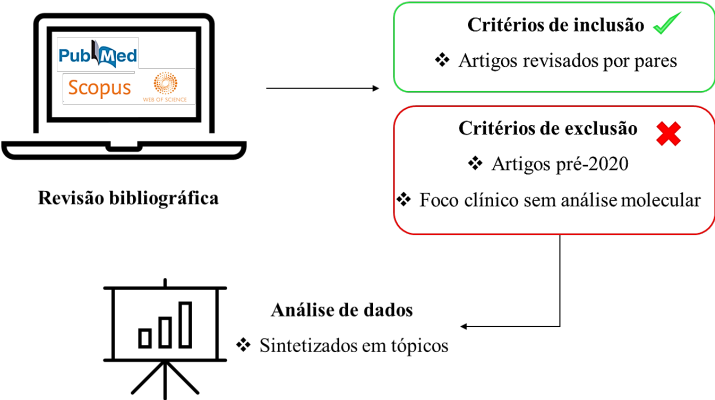


Imagem 1: Fluxograma metodológico

RESULTADOS

A epidemiologia molecular é uma extensão da epidemiologia tradicional, que agrega ferramentas da biologia molecular e da genética para investigar a origem, disseminação e dinâmica das doenças infecciosas. Enquanto a epidemiologia clássica baseia-se em informações clínicas, populacionais e estatísticas, a vertente molecular adiciona a identificação e o mapeamento genético das cepas desses microrganismos. Esse detalhe é crucial, por exemplo, para distinguir se um surto hospitalar é causado por uma única linhagem bacteriana disseminada entre pacientes ou por múltiplas introduções independentes do mesmo microrganismo (Machado *et al.*, 2021).

Esse campo consolidou-se a partir da década de 1980, com o avanço das técnicas de tipagem molecular, como a eletroforese em campo pulsado e o polimorfismo de fragmentos de DNA. Essas tecnologias representaram um salto no rastreamento de microrganismos, possibilitando caracterizações antes inacessíveis. Entretanto, com a popularização do sequenciamento de nova geração a partir dos anos 2000, a epidemiologia molecular se consolidou como ferramenta estratégica no combate a surtos infecciosos, ao permitir a análise completa do genoma de vírus, bactérias, fungos e protozoários em tempo hábil para influenciar decisões de saúde pública (Machado *et al.*, 2021).

Do ponto de vista conceitual, a epidemiologia molecular opera em uma lógica de complementaridade. Ela não substitui a epidemiologia clássica, mas fornece dados que ampliam a compreensão das interações entre agente, hospedeiro e ambiente. A capacidade de identificar mutações específicas, regiões genômicas associadas à resistência e mecanismos de adaptação microbiana traz uma visão abrangente dos fatores que sustentam a persistência e a propagação das doenças infecciosas (Li *et al.*, 2023).

Os marcadores moleculares estão no centro dessa ferramenta. Genes de resistência, assinaturas genômicas de virulência, sequências repetitivas em tandem e polimorfismos de nucleotídeo único são alguns dos exemplos de elementos utilizados para diferenciar e monitorar microrganismos. Essa abordagem revela não apenas o “quem” está causando a doença, mas também o “como” e o “porquê”, respondendo a perguntas que a epidemiologia clássica não consegue elucidar de forma isolada (Gerace *et al.*, 2022).

Outro ponto fundamental está na capacidade da epidemiologia molecular de contribuir para a compreensão das cadeias de transmissão. Em epidemias de grande escala, como a de SARS-CoV-2, a identificação rápida de variantes e sublinhagens mostrou-se vital para prever tendências de disseminação, orientar campanhas de vacinação e recomendar medidas de restrição. No caso de doenças endêmicas, como a tuberculose, o sequenciamento genômico tem revelado padrões de transmissão intrafamiliar e comunitária, permitindo estratégias de intervenção mais precisas (Wehbe *et al.*, 2021).

Além de seu papel técnico, a epidemiologia molecular é essencial para a vigilância a nível global, rompendo barreiras geográficas, uma vez que o compartilhamento digital de dados genômicos permite que cientistas e gestores de saúde de diferentes países acompanhem, em tempo real, a evolução de microrganismos de interesse comum. Isso insere um elemento de inteligência coletiva no combate às doenças infecciosas, mas ao mesmo tempo coloca em evidência desafios relacionados à governança de dados, à equidade de acesso e às questões éticas sobre privacidade e soberania científica (Wang *et al.*, 2025).

É importante reconhecer as limitações ainda existentes na área. A alta resolução das técnicas moleculares pode, em alguns casos, gerar excesso de dados difíceis de traduzir em ações concretas de saúde pública. Além disso, o acesso desigual a tecnologias de ponta cria um cenário em que países de baixa renda permanecem vulneráveis, sem

poder usufruir plenamente dos benefícios da epidemiologia molecular. Reconhecer essas fragilidades não diminui sua importância, mas ressalta a necessidade de equilibrar inovação científica com políticas inclusivas e sustentáveis que garantam impacto real na vida das populações (Yang *et al.*, 2021).

## MÉTODOS E TÉCNICAS

Os métodos utilizados na epidemiologia molecular evoluíram nas últimas décadas, passando de técnicas de tipagem relativamente simples para abordagens de alta complexidade e resolução. Inicialmente, o arsenal incluía técnicas como a eletroforese em campo pulsado, o polimorfismo no comprimento de fragmentos de restrição e a tipagem por repetição em número variável em tandem. Embora ainda úteis em contextos específicos, essas ferramentas apresentam limitações quanto à sensibilidade, reprodutibilidade e comparabilidade entre laboratórios, fatores que motivaram a transição para metodologias mais modernas e robustas (Castro; Ungria, 2022).

O sequenciamento genômico, em especial as tecnologias de nova geração, transformou o panorama da epidemiologia molecular. O que antes era inviável devido ao custo e ao tempo de processamento, hoje se tornou uma rotina em muitos centros de referência. Plataformas como Illumina e Oxford Nanopore permitem sequenciar genomas completos de microrganismos em poucas horas, gerando dados de alta qualidade que possibilitam análises filogenéticas detalhadas. Essas informações revelam relações evolutivas entre as cepas e permitem rastrear com precisão a disseminação geográfica de microrganismos durante surtos (Bejaoui *et al.*, 2025).

Além do sequenciamento, existem outras ferramentas como a metagenômica, que permite estudar comunidades microbianas inteiras sem necessidade de isolamento prévio de microrganismos em cultura. Essa abordagem é particularmente útil em ambientes complexos, como o trato respiratório, a microbiota intestinal ou águas residuais, onde a diversidade de microrganismos impede análises tradicionais. A transcriptômica, que analisa padrões de expressão gênica, possibilitando compreender como microrganismos respondem a estímulos ambientais ou terapêuticos, o que abre novas perspectivas para estudos de patogenicidade e resistência (Srivastava *et al.*, 2024).

Nos últimos anos, diagnósticos moleculares rápidos ganharam espaço no cenário epidemiológico. Ensaio baseados em reação em cadeia da polimerase (PCR) já são amplamente utilizados, mas metodologias mais inovadoras, como os testes CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats), têm se mostrado promissoras pela alta sensibilidade, especificidade e rapidez de detecção. Além disso, biossensores portáteis e dispositivos de ponto de cuidado (point-of-care testing) estão ampliando o acesso ao diagnóstico em regiões remotas, reduzindo o tempo entre a suspeita clínica e a confirmação laboratorial, fator crítico no controle de surtos (Aydin *et al.*, 2022; Song *et al.*, 2024).

Outro aspecto essencial é a integração da biologia molecular com ferramentas computacionais. A análise dos grandes volumes de dados gerados por sequenciamento exige pipelines bioinformáticos capazes de processar, comparar e interpretar genomas em tempo real. Softwares de análise filogenômica, bancos de dados colaborativos e, mais recentemente, algoritmos de inteligência artificial e aprendizado de máquina têm sido incorporados para prever padrões de disseminação, identificar mutações emergentes e até mesmo sugerir potenciais alvos terapêuticos. Essa fusão entre ciência laboratorial e ciência de dados redefiniu o campo, tornando-o cada vez mais interdisciplinar.

Sequenciadores portáteis, como o MinION da Oxford Nanopore, possibilitaram análises diretamente em áreas afetadas por epidemias, sem necessidade de envio de amostras a laboratórios de referência. Essa descentralização democratiza o acesso à informação genômica, permitindo que equipes locais de saúde pública tomem decisões rápidas e baseadas em evidências. Essa experiência já se mostrou eficaz em surtos de Ebola, ZIKA e COVID-19, onde a resposta imediata foi determinante para reduzir a velocidade da propagação (Rahman *et al.*, 2025).

## APLICAÇÕES NA SAÚDE

A epidemiologia molecular tem se consolidado como uma ferramenta estratégica para a saúde, especialmente no campo da vigilância. Durante a pandemia da COVID-19, o sequenciamento genômico permitiu a rápida identificação de variantes como Alfa, Delta e Ômicron, orientando campanhas de vacinação, medidas de restrição de mobilidade e estratégias de comunicação. Essa experiência evidenciou que a integração entre vigilância molecular e políticas de saúde deve ser contínua. No Brasil, a criação da Rede Genômica Fiocruz foi essencial para monitorar a evolução do SARS-CoV-2, subsidiando decisões governamentais. Em outros países, como Reino Unido e Estados Unidos, plataformas de compartilhamento rápido de dados genômicos foram decisivas para alinhar respostas em escala global (Ortiz-Prado *et al.*, 2020; Leite *et al.*, 2022).

Esse mesmo potencial da vigilância molecular também se aplica ao enfrentamento da resistência microbiana, considerada um dos maiores desafios da saúde a nível mundial. Técnicas como genotipagem e sequenciamento permitem identificar genes e mutações responsáveis pela ineficácia de antimicrobianos, possibilitando rastrear a disseminação de cepas multirresistentes e orientar o uso racional desses medicamentos. Em países de baixa e média renda, onde o acesso a novos fármacos é limitado, a detecção precoce da resistência se torna ainda mais crucial para prolongar a eficácia dos tratamentos disponíveis (Genovese *et al.*, 2020).

Além de monitorar microrganismos resistentes, essa ferramenta também aprimora a vigilância e o manejo clínico de doenças específicas. Na tuberculose, por exemplo, a tipagem de cepas de *Mycobacterium tuberculosis* ajuda a distinguir entre reinfecção e

recidiva, o que orienta condutas terapêuticas e estratégias de prevenção. No HIV, a análise molecular permite identificar variantes circulantes e acompanhar falhas relacionadas à resistência retroviral. Enquanto em doenças tropicais negligenciadas, como Malária e Leishmaniose, marcadores moleculares têm sido empregados para diferenciar espécies e variantes, favorecendo a adaptação de esquemas terapêuticos e o entendimento dos padrões de transmissão (Conceição *et al.*, 2021).

Recentemente, o conceito de vigilância foi ampliado com a aplicação da Wastewater-Based Epidemiology (WBE). Essa abordagem inovadora permite detectar fragmentos de RNA viral, genes de resistência e outros marcadores diretamente em águas residuais, funcionando como um sistema de alerta precoce para surtos comunitários. Durante a COVID-19, a WBE foi empregada para identificar a presença do SARS-CoV-2 em populações, inclusive antes da notificação oficial de casos. Atualmente, a técnica vem sendo aplicada também no rastreamento de poliovírus, enterovírus e até no monitoramento do consumo de drogas em áreas urbanas, demonstrando sua versatilidade e potencial como ferramenta de vigilância em saúde pública (Zhang *et al.*, 2023).

## ESTUDOS DE CASOS

A pandemia de COVID-19 representou o maior laboratório vivo de aplicação da epidemiologia molecular na história recente. No Brasil, a criação da Rede Genômica Fiocruz em 2020 marcou um marco de cooperação científica e vigilância em saúde pública. Essa rede integrou laboratórios de diferentes regiões para monitorar a evolução do SARS-CoV-2, possibilitando a rápida identificação das variantes Gama e Delta, inicialmente detectadas no território nacional. No Reino Unido, o consórcio COG-UK sequenciou centenas de milhares de genomas de SARS-CoV-2, sendo pioneiro na identificação da variante Alfa.

Além da COVID-19, surtos de outras doenças infecciosas no período entre 2020 e 2025 reforçaram a importância dessa análise. Um exemplo foi a emergência da MPOX (antigamente chamada de varíola dos macacos), cujo sequenciamento rápido dos genomas do vírus Monkeypox permitiu entender sua adaptação a novas cadeias de transmissão, inclusive sexual. A resposta global contou com sequenciadores portáteis, como o MinION, que foram utilizados em campo para análises rápidas em países da África e da Europa.

Entre 2021 e 2024, diversos hospitais brasileiros utilizaram sequenciamento de genomas completos para rastrear a origem de surtos hospitalares envolvendo os membros do grupo ESKAPE (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Enterobacter* spp.) e implementar medidas de contenção. Em um caso documentado em São Paulo, a análise genômica revelou a transmissão cruzada de uma cepa de *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenêmicos entre diferentes unidades de terapia intensiva, permitindo a adoção de protocolos específicos de isolamento e desinfecção.



Outra aplicação notável ocorreu no monitoramento de arboviroses, como Dengue, Zika e Chikungunya. Entre 2020 e 2025, a vigilância molecular permitiu identificar novos genótipos de dengue circulando simultaneamente, o que elevou o risco de formas graves da doença. O sequenciamento também auxiliou na detecção de coinfeções por arbovírus, que podem agravar quadros clínicos e dificultar o diagnóstico diferencial.

Doença/Microrganismo	Metodologia Molecular	Principais Achados	Relevância para a saúde pública	Referências
Tuberculose / <i>Mycobacterium tuberculosis</i>	Sequenciamento genômico completo	Mapeamento de mutações	Auxiliou no aprimoramento do diagnóstico molecular	Esteves <i>et al.</i> , 2024
Dengue vírus (DENV-2)	RT-qPCR + Filogenia molecular	Detecção precoce de surtos em áreas urbanas	Otimizou a alocação de recursos de controle vetorial	Naveca <i>et al.</i> , 2023
Leptospirose / <i>Leptospira</i> spp.	Captura por hibridização + Sequenciamento genômico completo	Genotipagem diretamente de amostras, sem cultivo	Potencializa vigilância molecular rápida e precisa em contextos clínicos	Grillova <i>et al.</i> , 2023
COVID-19 / Sars-Cov-2)	Sequenciamento genômico completo	Identificação de novas variantes circulantes no Brasil	Contribuiu para estratégias de vacinação e vigilância genômica	Sant'Anna <i>et al.</i> , 2021
Candidemia / <i>Candida auris</i>	Tipagem molecular	Identificação de cluster hospitalar de transmissão	Implementação de medidas de contenção em UTI	Alfouzan <i>et al.</i> , 2020

Tabela 2. Estudos epidemiológicos de doenças infecciosas (2020-2025)

## DISCUSSÃO

A análise integrada dos fundamentos, métodos, aplicações e estudos de caso da epidemiologia molecular demonstra que essa abordagem se consolidou como eixo essencial da saúde pública contemporânea. O período entre 2020 e 2025 foi decisivo para evidenciar seu potencial, sobretudo durante a pandemia de COVID-19, em que a capacidade de sequenciamento e análise de dados genômicos permitiu respostas rápidas para combater o surto. Essa ferramenta permite mapear rotas de transmissão invisíveis à vigilância clássica, identificar mutações críticas de patógenos em tempo real e orientar estratégias de controle mais precisas. Contudo, ao mesmo tempo em que amplia o horizonte de ação da saúde pública, também exige a superação de desafios estruturais, como a dependência de equipamentos de alto custo, capacitação técnica e integração com bancos de dados globais (Wehbe *et al.*, 2021; Ortiz-Prado *et al.*, 2020; Leite *et al.*, 2022).

Outro ponto relevante refere-se às questões éticas e regulatórias. O uso de dados genômicos humanos e microbianos deve estar alinhado a princípios de privacidade e segurança da informação, respeitando legislações como a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD) no Brasil e diretrizes internacionais de compartilhamento responsável de dados.

Além disso, o princípio FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable) vem sendo adotado para garantir que os dados gerados não apenas sirvam a interesses imediatos, mas possam ser reutilizados por diferentes grupos de pesquisa em benefício da coletividade.

A pandemia também revelou a necessidade de integração entre diferentes abordagens científicas. A epidemiologia molecular mostrou maior efetividade quando associada a análises de mobilidade populacional, estudos clínicos e vigilância ambiental. Essa visão dialoga com o conceito de One Health, que reconhece a interdependência entre saúde humana, animal e ambiental. Ao incluir arboviroses, zoonoses emergentes e resistência antimicrobiana nessa perspectiva, amplia-se a capacidade de prever e mitigar riscos antes que se transformem em crises sanitárias globais.

## CONCLUSÃO

A análise apresentada na pesquisa demonstra que a epidemiologia molecular deixou de ser apenas uma ferramenta de pesquisa para tornar-se um eixo central da saúde pública contemporânea. O sequenciamento de nova geração, aliado a modelos computacionais avançados, mostrou-se decisivo na identificação de variantes virais, na caracterização de surtos bacterianos resistentes e na compreensão de dinâmicas zoonóticas complexas. No contexto do Brasil, a aplicação dessas ferramentas no combate a doenças infecciosas revela a necessidade de políticas públicas que consolidem redes de sequenciamento e bancos de dados acessíveis. Diante disso, a epidemiologia molecular deve ser compreendida como uma estratégia de saúde global, indispensável para responder a desafios atuais e prevenir crises futuras, sempre fundamentada em cooperação internacional, investimento em ciência e compromisso com o princípio de Saúde Única.

## REFERÊNCIAS

Castro, A. E.; Ungria, M. C.A. Methods used in Microbial Forensics and Epidemiological Investigations for Stronger Health Systems. **Forensic Sciences Research**. v.7, n.4, p.650-661, 2022.

Sant'Anna, F. H. *et al.* Emergence of the novel SARS-CoV-2 lineage VUI-NP13L and massive spread of P.2 in South Brazil. **Emerg Microbes Infect.** v.10, n.1, p. 1431-1440, 2021.

Naveca, F. G. *et al.* Reemergence of Dengue Virus Serotype 3, Brazil, 2023. **Emerging Infectious Diseases**. v.29, n.7, p.1482-1484, 2023.

Esteves, L. S. *et al.* Genetic Characterization and Population Structure of Drug-Resistant *Mycobacterium tuberculosis* Isolated from Brazilian Patients Using Whole-Genome Sequencing. **Antibiotics**. v.13, n.6, p. 1-10, 2024.

Abid, F. B. *et al.* Molecular characterization of *Candida auris* outbreak isolates in Qatar from patients with COVID-19 reveals the emergence of isolates resistant to three classes of antifungal drugs. **Clin Microbio Infect.** v.29, n.8, p. 1-13, 2023.

Grillova, L. *et al.* Core genome sequencing and genotyping of *Leptospira interrogans* in clinical samples by target capture sequencing. **BMC infections diseases**. v.23, n.1, p. 1-13, 2023.

Zhang, S. *et al.* Wastewater-based epidemiology of *Campylobacter* spp.: A systematic review and meta-analysis of influent, effluent, and removal of wastewater treatment plants. **Science of the total environment**. v.903, p. 1-17, 2023.

Leite, J. A. *et al.* Implementation of a COVID-19 Genomic Surveillance Regional Network for Latin America and Caribbean region. **PlosOne**. v.17, n.3, p.1-12, 2022.

Genovese, C. *et al.* Molecular epidemiology of antimicrobial resistant microorganisms in the 21th century: a review of the literature. **ACTA Biomedica**. v.91, n.2, p.256-273, 2020.

Conceição, E. C. *et al.* Open-access Molecular epidemiology of *Mycobacterium tuberculosis* in Brazil before the whole genome sequencing era: a literature review. **Review**. v.116, p.1-15, 2021.

Ortiz-Prado, E. *et al.* Clinical, molecular, and epidemiological characterization of the SARS-CoV-2 virus and the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19), a comprehensive literature review. **Diagnostic Microbiology and Infectious Disease**. v.98, n.1, p. 1-13, 2020.

Song, R. *et al.* The CRISPR-Cas system in molecular diagnostics. **Clinica Chimica Acta**. v.516, n.15, p. 1-12, 2024.

Eydin, E. *et al.* Molecular epidemiological typing of *M. tuberculosis* isolates isolated from Turkey's Eastern Anatolia with in house PCR method. **Cukurova Medical Journal**. v.47, n. 1, p.191-198, 2022.

Rahman, M. M. *et al.* Development of a culture-independent whole-genome sequencing of Nipah virus using the MinION Oxford Nanopore platform. **Microbial Spectrum**. v.4, n.1, 1-9, 2025.

Bejaoui, S. *et al.* Comparison of Illumina and Oxford Nanopore sequencing data quality for *Clostridioides difficile* genome analysis and their application for epidemiological surveillance. **BMC Genomics**. v.26, n.92, p.1-15, 2025.

Srivastava, U. *et al.* Chapter 2 - Types of omics data: Genomics, metagenomics, epigenomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, and phenomics. **Integrative Omics**. v.6, n.1, p.13-34, 2024.

Tibayrenc, M. Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics of Infectious Diseases. **New Frontiers of Molecular Epidemiology of Infectious Diseases**, v.3, n. 1, p. 29-43, 2011.

Wang, Q. *et al.* The mechanisms of resistance, epidemiological characteristics, and molecular evolution of carbapenem-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*. **Laboratory Medicine**. v.56, n.4, p.323-335, 2025.

Li, L. *et al.* Epidemiological characteristics and antibiotic resistance mechanisms of *Streptococcus pneumoniae*: An updated review. **Microbiological research**. v.266, p. 1-20, 2023.

Yang, X. *et al.* Molecular epidemiology of human cryptosporidiosis in low-and-middle-income countries. **Clinical Microbiology Reviews**. v.34, n.2, p.1-10, 2021.

Gerace, E. *et al.* Recent advances in the use of molecular methods for the diagnosis of bacterial infections. **Pathogens**. v.11, n.6, p.1-9, 2022.

Machao, L. F. A. *et al.* The epidemiological impact of STIs among general and vulnerable populations of the Amazon region of Brazil: 30 years of surveillance. **Viruses**. v.13, n.5, p.855-865, 2021.

Wehbe, Z. *et al.* Molecular and biological mechanisms underlying gender differences in COVID-19 severity and mortality. **Frontiers**. v.12, p.1-10, 2021.

Escalante, A. A.; Pacheco, M. A. Malaria Molecular Epidemiology: An Evolutionary Genetics Perspective. **Microbiology spectrum**. v.7, n.4, p.1-10, 2019.

Tigistu-Sahle, F. *et al.* Challenges and opportunities of molecular epidemiology: using omics to address complex One Health issues in tropical settings. **Review article**. v.4, n.3, p. 1-12, 2023.

Eyboosh, S. *et al.* Molecular epidemiology of infectious diseases. **Electronic Physician**. v.9, n.8, p.5149-5158, 2017.

Riley, L. W.; Blanton, R. E. Advances in Molecular Epidemiology of Infectious Diseases: Definitions, Approaches, and Scope of the Field. **Microbiology spectrum**. v.6, n.6, p. 1-15, 2018.

John, G. *et al.* Next-Generation Sequencing (NGS) in COVID-19: A Tool for SARS-CoV-2 Diagnosis, Monitoring New Strains and Phylodynamic Modeling in Molecular Epidemiology. **Current Issues in Molecular Biology**.