

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

BACHARELADO EM BIOTECNOLOGIA

MARIA LAURA DE OLIVEIRA PEREIRA

**O AVANÇO DAS TECNOLOGIAS DE DIAGNÓSTICO APÓS A PANDEMIA DE  
COVID-19 NO BRASIL: INOVAÇÕES E PERSPECTIVAS PARA AS DOENÇAS  
RESPIRATÓRIAS, ARBOVIROSES E INFECÇÕES SEXUALMENTE  
TRANSMISSÍVEIS**

**SÃO CARLOS**

**2025**

MARIA LAURA DE OLIVEIRA PEREIRA

**O AVANÇO DAS TECNOLOGIAS DE DIAGNÓSTICO APÓS A PANDEMIA DE COVID-19 NO BRASIL: INOVAÇÕES E PERSPECTIVAS PARA AS DOENÇAS RESPIRATÓRIAS, ARBOVIROSES E INFECÇÕES SEXUALMENTE TRANSMISSÍVEIS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de Bacharelado em Biotecnologia da Universidade Federal de São Carlos, como parte para obtenção do título de bacharel.

Orientadora: Profa. Dra. Maria Cristina da Silva Pranchevicius

SÃO CARLOS

2025

## **AGRADECIMENTOS**

À minha família por todo o apoio fornecido, o qual me possibilitou chegar até aqui e que jamais serei suficientemente grata, esse sonho é nosso mãe! Também dedico esse trabalho ao meu gato Loki que me acompanhou todos esses anos de estudos, desde o ensino médio e que se foi durante a escrita do presente estudo, sinto sua falta todos os dias.

À professora Dra. Maria Cristina Pranchevicius, por ter aceitado ser orientadora deste presente trabalho.

Aos meus amigos Rai, Circo, Bia, Neit, Jota, Gu, Bru, Oli e Alice por todos os rolês, conselhos, risadas, conversas, e presença por todos esses anos. A companhia de cada um de vocês foi imprescindível, e sou eternamente grata por tê-los em minha vida.

Aos meus colegas do estágio David Marini, Náira Lenharo, Lia Vezenfard, Mariana de Souza, minha gestora Jessica de Lima e todos os profissionais da Wama Diagnóstica por tornarem esse período tão gratificante, alegre e pela oportunidade de crescimento.

Aos meus orientadores Natalia Zampar, Rodrigo Duarte, supervisores sr. Odílio Garrido e sra. Henriette Azeredo, colegas Raquel Alves, Fabiana Manarelli, Jackson Medeiros, Breno Bozzo, João Cinegaglia e todos os funcionários da Embrapa Instrumentação, por todo o suporte, ajuda, conversas e boas lembranças que foram imprescindíveis na minha formação, crescimento profissional e pessoal. Sou eternamente grata pelas experiências nesses dois anos como aluna de IC.

Aos meus companheiros e amigos da CSB Júnior e NuSC que me aproximaram do Movimento Empresa Júnior e me formaram não só como pessoa, mas também como profissional.

Aos professores do curso de Bacharelado em Biotecnologia, técnicos e profissionais do curso por todo auxílio e atenção.

A todas as pessoas que, de alguma forma, me auxiliaram em minha trajetória e fizeram parte de mais um capítulo da minha história.

## EPÍGRAFE

*“Não há saúde pública sem ciência; não há futuro sem saúde.”*

- (Paráfrase inspirada em Oswaldo Cruz)

*“É preciso ter esperança, mas ter esperança do verbo esperar;  
porque tem gente que tem esperança do verbo esperar.  
E esperança do verbo esperar não é esperança, é espera.”*

- Paulo Freire

*“Temos uma mensagem simples para todos os países: testem, testem,  
testem. Todos os países que não conseguirem encontrar, testar, isolar  
e tratar todos os casos estão se arriscando a ter problemas maiores.”*

- Dr. Tedros Adhanom Ghebreyesus  
(Diretor-Geral da Organização Mundial da Saúde)

## RESUMO

A pandemia de COVID-19 foi um ponto de virada na história das inovações diagnósticas, impulsionando o avanço e a implementação de métodos destinados à identificação rápida e precisa de patógenos. O objetivo do presente trabalho foi avaliar os impactos desse período no progresso das tecnologias de diagnóstico no Brasil, examinando os principais métodos estabelecidos após a pandemia, em comparação com o que já está consolidado, e suas possíveis direções futuras para as doenças respiratórias, arboviroses e infecções sexualmente transmissíveis. A pesquisa fundamentou-se em uma revisão bibliográfica, empregando as bases de dados Google Acadêmico, PubMed e Scielo, com intervalo temporal de 2015 a 2025, para comparar com o período antes do início da pandemia e após. Foram incorporados estudos clínicos e institucionais a respeito de metodologias diagnósticas e estratégias de saúde pública, complementados por dados disponíveis nos portais do Ministério da Saúde. Os resultados mostram que a pandemia acelerou a expansão e a modernização das plataformas moleculares e o aumento da capacidade de testagem no país. Simultaneamente, as tecnologias de ponto de atendimento (PoC), como os testes rápidos de antígeno e anticorpo, tornaram-se fundamentais para a descentralização dos diagnósticos, resultando em novas regulamentações pela ANVISA (RDC 786/2023 e 978/2025) para variadas doenças infecciosas. O sequenciamento genético, que antes era restrito a projetos de pesquisa, agora faz parte de maneira contínua da vigilância epidemiológica, graças ao Consórcio de Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 e a programas como o Genomas SUS. Dessa forma, é possível concluir que a pandemia impulsionou um progresso tecnológico significativo no diagnóstico brasileiro, ampliando o uso de plataformas automatizadas, reduzindo os custos e tempo para um diagnóstico e possibilitando o acesso à população. No entanto, ainda existem desafios em relação à distribuição igualitária dessas tecnologias, levando em consideração as diversas regiões do país. Para consolidar os progressos feitos e assegurar um sistema de diagnóstico mais resiliente e acessível, é essencial fortalecer a infraestrutura laboratorial e continuar investindo em inovação de Norte a Sul do país.

**Palavras-Chaves:** Diagnóstico. Tecnologias de diagnóstico. COVID-19. Biotecnologia. SUS.

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABRAMED	Associação Brasileira de Medicina Diagnóstica
AIDS	Síndrome da Imunodeficiência Adquirida
ANVISA	Agência Nacional de Vigilância Sanitária
CLIA	Imunoensaio Quimioluminescente
DPOC	Doença Pulmonar Obstrutiva Crônica
ELISA	Ensaio de Imunoabsorção Enzimática
FIA	Imunoensaios Fluorescentes
Fiocruz	Fundação Oswaldo Cruz
HIV	Vírus da Imunodeficiência Humana
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IA	Inteligência Artificial
LACEN	Laboratório Central de Saúde Pública
LAMP	Amplificação Isotérmica Mediada por Loop
mNGS	Sequenciamento Metagenômico
MERS-CoV	Coronavírus da Síndrome Respiratória do Oriente Médio
MS	Ministério da Saúde
NGS	Sequenciamento de Nova Geração
OMS	Organização Mundial da Saúde
PCR	Reação em Cadeia da Polimerase
PET-CT	Tomografia por Emissão de Pósitrons acoplada à Tomografia Computadorizada
PNS	Pesquisa Nacional de Saúde
PNSP	Programa Nacional de Segurança do Paciente
PoC	<i>Point of Care</i> (Ponto de Atendimento)
PrEP	Profilaxia Pré-Exposição
qPCR	PCR Quantitativo ou em Tempo Real
RM	Ressonância Magnética
RT-LAMP	Amplificação Isotérmica Mediada por Loop com Transcriptase Reversa
RT-PCR	Reação em Cadeia da Polimerase com Transcriptase Reversa
RT-qPCR	PCR em Tempo Real com Transcriptase Reversa
SARS-CoV-2	Coronavírus da Síndrome Respiratória Aguda Grave 2

SBMM	Sociedade Brasileira de Microscopia e Microanálise
SPECT	Tomografia Computadorizada por Emissão de Fóton Único
SUS	Sistema Único de Saúde
TB	Tuberculose
TARV	Terapia Antirretroviral
UTI	Unidade de Terapia Intensiva
WES	Sequenciamento de Exoma
WGS	Sequenciamento de Genoma Completo

## ÍNDICE DE ILUSTRAÇÕES

**Figura 1** – Cronologia da pandemia de COVID-19 e Influenza ..... 24

**Figura 2** – Mandala da Prevenção Combinada ..... 42

## ÍNDICE DE TABELA

**Tabela 1** - Principais tecnologias de diagnóstico utilizadas no Brasil e suas características  
..... 21

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	10
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
2.1. Conceitos de diagnóstico laboratorial e clínico	11
2.2. Tecnologias de diagnóstico	14
2.2.1. Microscopia óptica e cultura microbiológica	14
2.2.2. Diagnóstico por imagem	15
2.2.3. Testes de Antígeno	16
2.2.4. Testes de Anticorpos	16
2.2.5. Reação em Cadeia da Polimerase	18
2.2.6. Sequenciamentos genéticos	18
2.3. Doenças no Brasil	23
2.3.1. Doenças respiratórias	23
2.3.2. Arboviroses	25
2.3.3. Infecções Sexualmente Transmissíveis	26
3. OBJETIVOS	27
3.1. Objetivo Geral	27
3.2. Objetivo Específico	27
4. MATERIAIS E MÉTODOS	28
4.1. Critérios de Elegibilidade	28
4.2. Bases de Dados e Estratégia de Busca	29
4.3. Seleção dos Estudos	29
4.4. Processo de Coleta e Análise de Dados	30
5. RESULTADOS	30
6. DISCUSSÕES	37
7. CONCLUSÃO	42
8. BIBLIOGRAFIA	44

## 1. INTRODUÇÃO

Em dezembro de 2019, a Organização Mundial da Saúde (OMS) foi alertada sobre um surto de pneumonia de origem desconhecida em Wuhan, na província chinesa de Hubei. Pouco tempo depois, identificou-se o agente causador como um novo coronavírus, nomeado SARS-CoV-2, o agente responsável pela doença chamada COVID-19. Esse evento marcou o início de uma das maiores crises sanitárias da história recente, marcada pela rápida disseminação global deste vírus, e pelo impacto devastador sobre os sistemas de saúde (SOUZA A. R. 2021).

Embora a maioria das infecções por coronavírus em humanos se manifeste como sintomas clínicos leves, os surtos instigados por dois outros betacoronavírus — o coronavírus da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV) e o coronavírus da síndrome respiratória do Oriente Médio (MERS-CoV) — já haviam revelado o potencial pandêmico desses agentes, com taxas de letalidade próximas a 10% e 37%, respectivamente (HUANG, C. et al., 2020). Considerando que os coronavírus que foram identificados anteriormente podem constituir apenas um subconjunto das possíveis variantes existentes, a gravidade se mostra pela possibilidade de novos e mais graves incidentes zoonóticos no futuro (SOUZA A. R. 2021). Como resposta inicial, governos e a comunidade científica se mobilizaram para encontrar evidências empíricas para orientar as melhores práticas de prevenção, gestão, diagnóstico e tratamento. E assim, a OMS classificou a situação como uma “emergência de saúde pública de interesse internacional” e em poucos meses a COVID-19 já havia atingido milhões de pessoas em todo o mundo, com uma taxa de letalidade global de 6,2% até maio de 2020 (MAGNO L, et al. 2020).

Enquanto isso no Brasil, o primeiro caso confirmado foi relatado no final de fevereiro de 2020. Contudo, a situação foi agravada por falhas na gestão federal da crise, marcadas por instabilidade política — incluindo a substituição de dois ministros da saúde — e pela negação contínua das recomendações científicas de autoridades sanitárias. Como consequência, o país ultrapassou, ainda em setembro de 2020, a marca de 5 milhões de casos e mais de 142 mil mortes, tornando-se um dos epicentros globais da pandemia (SOUZA A. R. 2021).

As respostas epidemiológicas dividem-se, essencialmente, em estratégias de supressão e mitigação, medidas inicialmente utilizadas no território brasileiro. Segundo Souza A. R. (2021), enquanto a supressão se esforça para manter a incidência de casos no nível mais baixo possível por meio de intervenções oportunas e eficazes até que vacinas específicas ou opções terapêuticas estejam disponíveis; a mitigação visa gerenciar gradualmente a transmissão do vírus, promovendo o desenvolvimento da imunidade coletiva sem sobrecarregar a infraestrutura de

saúde. Naquele momento inicial, diante da inexistência de vacinas ou tratamentos específicos, a principal estratégia para evitar a sobrecarga dos sistemas de saúde foi a adoção combinada de distanciamento social e testagem em massa. Mesmo com a retomada gradual das atividades, no chamado “novo normal”, a testagem ampla permaneceu indispensável, juntamente com a utilização de máscaras faciais, protocolos de higiene e etiqueta respiratória, de acordo com as recomendações da OMS (SOUZA A. R. 2021).

Ao longo do século XX, as pandemias serviram como um motor fundamental para o avanço científico e tecnológico na medicina, impulsionando melhorias em diagnósticos e terapias. Uma análise comparativa das pandemias de influenza de 1918 e 1957 revela um avanço notável na compreensão médica — a transição de uma completa falta de vacinas e farmacoterapias antivirais para os domínios da virologia, do cultivo viral e da formulação de imunizações eficazes. Essa trajetória de progresso persistiu com a pandemia do HIV durante a década de 1980, quando avanços na biologia molecular facilitaram a identificação do retrovírus e o advento dos tratamentos antirretrovirais, transformando assim uma doença anteriormente letal em uma condição controlável. Esses marcos significativos exemplificam como cada crise de saúde pública catalisa a aplicação pragmática de pesquisas pré-existentes, promovendo inovações que redefinem a capacidade da humanidade de responder a emergências de saúde pública e proteger vidas (CASADEVALL, A. 2024).

Assim, com a pandemia de COVID-19 não poderia ser diferente, já que reforçou a importância crítica do diagnóstico precoce e preciso para a contenção de surtos e para o planejamento de ações de saúde pública. Vale ressaltar que a ampliação da testagem e o aprimoramento das técnicas diagnósticas tornaram-se pilares fundamentais no enfrentamento da doença, impulsionando avanços científicos e tecnológicos na área (CASADEVALL, A. 2024). Diante disso, compreender os conceitos e fundamentos do diagnóstico é crucial para analisar como essas ferramentas evoluíram e se consolidaram após a pandemia.

## **2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

### **2.1. Conceitos de diagnóstico laboratorial e clínico**

O diagnóstico é uma etapa crucial na assistência à saúde, servindo como base para a identificação de enfermidades, lesões ou outras condições médicas e, simultaneamente, para orientar as intervenções terapêuticas apropriadas. Em geral, o diagnóstico clínico refere-se ao processo de identificação de uma patologia, por meio dos sinais e sintomas do paciente,

juntamente com sua história e achados do exame físico (CANCER GOV, 2022). Sabendo que se trata de um processo complexo e dinâmico, que visa traduzir o conjunto de sinais e sintomas em hipóteses patológicas, isso deve ser facilitado pelo raciocínio clínico e pela integração de informações de múltiplas fontes (GILBERT E. H. et al., 2022).

Conforme estruturado pelo Programa Nacional de Segurança do Paciente (PNSP), o processo diagnóstico é, por natureza, focado no paciente e engloba diversas fases, que vão desde a coleta e análise de dados até a formulação e o aprimoramento das hipóteses. Por conta disso, é necessário a integração entre diferentes profissionais de saúde e da fusão das evidências clínicas e laboratoriais, já que o principal objetivo é reduzir a incerteza diagnóstica, garantindo que o plano de tratamento esteja alinhado à condição médica do paciente. Entretanto, diagnósticos equivocados ou tardios podem levar a desfechos adversos, atrasar o início de tratamentos e elevar os custos hospitalares (BRASIL, 2014). Além disso, o processo diagnóstico ocorre em um ambiente de complexidade crescente, onde a multiplicação de modalidades de exames, a presença de múltiplas doenças (comorbidades) e o avanço das evidências biomédicas exigem um raciocínio clínico cada vez mais sofisticado e fundamentado em dados objetivos (BRASIL, 2014).

Já a análise clínica, se refere ao campo da ciência médica que, por meio da análise de amostras biológicas, gera as informações clínicas, permitindo a identificação, quantificação e caracterização de biomarcadores que podem ser relevantes para o diagnóstico (CAMPANA; OPLUSTIL, 2011). Com isso, os exames laboratoriais cumprem múltiplas funções no cuidado contínuo, sendo utilizados para rastreamento (triagem), confirmação diagnóstica, avaliação de prognóstico, monitoramento de tratamentos e prevenção de doenças (FERREIRA; ÁVILA, 1996). Segundo estudos de Vaz e seus colaboradores (2020), cerca de 70% a 80% de todas as decisões médicas no mundo são, direta ou indiretamente, influenciadas por resultados laboratoriais. No Brasil, estudos indicam que o ensino e a integração da patologia clínica nos currículos de medicina ainda são inadequados, o que reforça a necessidade de melhorar a formação dos profissionais na interpretação de resultados e na correlação clínico-laboratorial. Essa lacuna na formação pode afetar negativamente os processos de decisão e comprometer a segurança do paciente como evidente nos relatos de Vaz et al. (2020).

Ferreira e Ávila (1996) defendem que a correlação clínico-laboratorial é essencial para a interpretação precisa dos testes, visto que os resultados só adquirem real valor quando contextualizados no quadro clínico do paciente. Vale ressaltar que o diagnóstico laboratorial não

substitui o diagnóstico clínico; ele atua como um complemento, sendo ambos fundamentalmente interdependentes. No cenário brasileiro, Menezes et al. (2018) enfatizam a importância de formular políticas públicas que harmonizem os serviços de diagnóstico laboratorial com a rede de assistência à saúde, a fim de reforçar o papel central do diagnóstico nas ações de vigilância, prevenção e atenção integral no contexto do Sistema Único de Saúde (SUS).

Além dos aspectos estruturais e educacionais, os avanços tecnológicos modificaram profundamente o panorama do diagnóstico laboratorial. A automação e a digitalização dos processos diagnósticos proporcionam maior precisão, padronização e conveniência na disseminação dos resultados, o que eleva a eficácia do diagnóstico (CAMPANA; OPLUSTIL, 2011). A incorporação de tecnologias inovadoras, como sistemas automatizados, inteligência artificial e diagnóstico molecular, expandiu as possibilidades de detecção precoce e de personalização de intervenções terapêuticas, indicando um caminho de evolução contínua para o futuro da medicina laboratorial.

Para exemplificar o esforço conjunto entre o diagnóstico clínico e o laboratorial no Brasil é possível citar pesquisas como a de Spinelli e seus colaboradores (2021), que analisaram dados clínicos, laboratoriais e epidemiológicos de crianças com leishmaniose visceral na região amazônica. Assim, essa abordagem integrativa permitiu uma compreensão mais ampla das manifestações clínicas da doença, dos fatores de risco associados e das estratégias de intervenção mais adequadas. Em conclusão, Spinelli et al. relata que casos como esse ressaltam a necessidade de combinar o discernimento clínico com as análises laboratoriais, especialmente no contexto de doenças infecciosas e tropicais, que são prevalentes no Brasil.

Resumindo, o diagnóstico clínico e o laboratorial são processos complementares e interdependentes. O primeiro é responsável por fornecer o arcabouço interpretativo e o contexto da condição do paciente, enquanto o segundo por oferecer dados objetivos que vão confirmar ou refutar as hipóteses diagnósticas. Por isso, a união desses dois domínios é crucial para uma prática médica mais segura, eficiente e centrada no paciente. No Brasil, a implementação de políticas públicas de diagnóstico, a melhoria da qualificação profissional e a aplicação criteriosa de tecnologias emergentes constituem desafios e, ao mesmo tempo, oportunidades para o fortalecimento do sistema de saúde e o avanço das práticas diagnósticas

## 2.2. Tecnologias de diagnóstico

O diagnóstico laboratorial ocupa papel central na detecção e no acompanhamento contínuo de patologias infecciosas, sendo as metodologias moleculares, sorológicas e os testes rápidos as abordagens predominantes e amplamente utilizadas e, que se tornaram pilares da vigilância em saúde. No cenário brasileiro, especialmente durante a pandemia de COVID-19, a expansão dessas tecnologias demonstrou ser de importância crítica tanto para o manejo epidemiológico quanto para a vigilância em saúde (VEDOVA-COSTA J. M. D. et al., 2021).

O primeiro sequenciamento completo do genoma do SARS-CoV-2 causado pela COVID-19 no Brasil foi realizado por um grupo de pesquisadores brasileiros liderado pela biomédica Jaqueline Goes de Jesus, que coordenou a equipe responsável por decodificar o material genético do vírus em cerca de 48 horas após a confirmação do primeiro caso no país, um marco importante na resposta científica à pandemia. Essa conquista inicial, que aproveitou experiência prévia com vírus como Zika e dengue, permitiu treinar mais de 20 laboratórios em todo o Brasil na técnica de sequenciamento e foi fundamental para capacitar a vigilância genômica nacional, fornecendo dados essenciais para rastrear a entrada e a disseminação de diferentes linhagens do vírus no território brasileiro. Esse esforço conjunto impulsionou o avanço das tecnologias de sequenciamento no país, ampliando a infraestrutura científica e colaborativa que depois sustentou a identificação de variantes, a compreensão de mutações e a resposta em saúde pública ao longo da pandemia (FERREIRA, et al., 2022).

Além disso, durante a emergência sanitária, os testes rápidos — baseados na detecção de antígenos ou anticorpos — ganharam protagonismo devido à sua ampla disponibilização em unidades de atenção primária e farmácias, já que possuem execução simples e curto tempo de resposta. Por conta disso, a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) flexibilizou algumas normas regulatórias para permitir a implementação emergencial desses ensaios. Em contrapartida, exigiu que os fabricantes apresentassem dados de validação suplementares no prazo de um ano e tornou mandatória a inclusão da frase “Aprovado para uso emergencial” nos rótulos dos produtos (VEDOVA-COSTA J. M. D. et al., 2021).

Segundo a síntese de Vedova-Costa e colaboradores (2021), no ano de 2021, a ANVISA comunicou a aprovação de mais de 500 testes diagnósticos, sendo a maior parte de origem estrangeira, cenário evidencia a dependência brasileira da importação de recursos diagnósticos, um fato que pode ser atribuído a falta de investimento em pesquisa, desenvolvimento e inovação

tecnológica nacional. Porém, não são só os testes rápidos que compõem as tecnologias utilizadas para o diagnóstico laboratorial.

### **2.2.1. Microscopia óptica e cultura microbiológica**

A microscopia óptica foi uma das primeiras ferramentas laboratoriais aplicadas à identificação de microrganismos e permanece essencial na formação de profissionais e na rotina diagnóstica. Sua introdução no Brasil, no final do século XIX, esteve associada à consolidação da microbiologia e da saúde pública, impulsionada por nomes como Oswaldo Cruz e Vital Brazil. Segundo a Sociedade Brasileira de Microscopia e Microanálise (SBMM), o desenvolvimento dessa técnica, aliado à cultura microbiológica, consolidou a base do diagnóstico laboratorial, permitindo a caracterização de agentes infecciosos e o avanço das políticas sanitárias nacionais (MEDEIROS, 2020; SBMM, s.d.).

Essa incorporação viabilizou a formação de profissionais qualificados e o estabelecimento de laboratórios voltados à observação de agentes etiológicos, o que contribuiu para o controle de surtos e para o desenvolvimento das políticas sanitárias nacionais. Segundo Medeiros S. A. (2020) a evolução da cultura microbiológica, enquanto método complementar à análise microscópica, fortaleceu a função dos laboratórios brasileiros na identificação de agentes patogênicos. Com isso, a fusão dessas duas técnicas firmou-se, no decorrer do século XX, como o alicerce do diagnóstico laboratorial no país, possibilitando um entendimento mais profundo dos mecanismos infecciosos e propiciando o desenvolvimento de estratégias terapêuticas mais eficientes.

Atualmente, a microscopia óptica segue exercendo um papel crucial, não só na pesquisa, mas também na qualificação de profissionais de saúde e nas rotinas de diagnóstico clínico. O progresso tecnológico introduziu aperfeiçoamentos, tais como a microscopia de contraste de fase, a fluorescência e os sistemas digitais para captura e análise de imagens, os quais expandiram a exatidão e as possibilidades de aplicação do método. Desta forma, a microscopia se mantém como uma tecnologia acessível e versátil, servindo de alicerce para o diagnóstico e a vigilância epidemiológica no Brasil contemporâneo, segundo a Sociedade Brasileira de Microscopia e Microanálise e BARROS et al. (2021).

### **2.2.2. Diagnóstico por imagem**

Os métodos de diagnóstico por imagem representam um dos pilares da medicina moderna, permitindo avaliar de forma não invasiva estruturas anatômicas e funcionais do organismo. No Brasil, os métodos mais empregados incluem a radiografia convencional, a ultrassonografia, a tomografia computadorizada (TC), a ressonância magnética (RM) e a medicina nuclear, com destaque para o Tomografia por Emissão de Pósitrons acoplada à Tomografia Computadorizada (PET-CT) e o Tomografia Computadorizada por Emissão de Fóton Único (SPECT). Esses recursos possibilitam desde avaliações anatômicas básicas até o diagnóstico precoce e o acompanhamento terapêutico de doenças complexas (PINTO et al., 2022). Nas últimas décadas, essas técnicas evoluíram significativamente com o avanço da computação digital e da inteligência artificial (IA), que têm aprimorado a resolução das imagens, reduzido o tempo de processamento e ampliado a capacidade de análise automatizada. Além disso, a IA, em especial, vem sendo aplicada à radiologia e à tomografia, contribuindo para a detecção precoce de lesões, a padronização de laudos e o auxílio em decisões clínicas (BARROS et al., 2021).

No decorrer da pandemia de COVID-19, a função das tecnologias de imagem adquiriu uma relevância ainda maior. Exames como a tomografia computadorizada e o raio-X de tórax foram fundamentais para o diagnóstico e o monitoramento de pacientes com comprometimento pulmonar, impulsionando o desenvolvimento de softwares e protocolos automatizados para análise e interpretação de imagens médicas (PINTO et al., 2022). Esse período marcou um ponto de inflexão para a digitalização dos serviços diagnósticos e para a integração de tecnologias emergentes ao cotidiano da saúde pública e privada no Brasil.

### **2.2.3. Testes de Antígeno**

Os testes de antígeno identificam proteínas virais sintetizadas durante o ciclo de replicação do vírus, o que permite detectar infecções ativas de forma rápida e específica. Apesar de apresentarem menor sensibilidade em comparação aos testes moleculares, sua aplicação é vantajosa pela rapidez (cerca de 15 minutos), baixo custo e fácil execução, o que os torna ideais para triagens populacionais e uso descentralizado. No Brasil, segundo síntese de Vedova-Costa et al. (2021), os testes de antígeno representaram cerca de 13% dos dispositivos aprovados pela ANVISA até 2021. O método mais comum para essa detecção é a imunocromatografia (fluxo lateral), que utiliza anticorpos monoclonais marcados para detectar proteínas virais, principalmente as proteínas S e N do SARS-CoV-2. Esses testes são adequados para testagens

em massa e triagem inicial, embora apresentem risco de resultados falso-negativos quando a carga viral é baixa ou a coleta inadequada (VEDOVA-COSTA J. M. D. et al., 2021).

#### **2.2.4. Testes de Anticorpos**

Os testes sorológicos destinam-se a detectar anticorpos que o sistema imunológico gera subsequentemente a uma infecção ou à vacinação. Esses ensaios são cruciais para mensurar a resposta imune em nível populacional, identificar indivíduos assintomáticos ou em fase de convalescença, e acompanhar a soroconversão decorrente de campanhas de imunização (VEDOVA-COSTA J. M. D. et al., 2021).

Dentre os testes que receberam aprovação da ANVISA, segundo Vedova-Costa et al. (2021), cerca de 71% eram de natureza sorológica, abrangendo distintas plataformas, como a imunocromatografia, o ELISA (Ensaio de Imunoabsorção Enzimática), o imunoensaio quimioluminescente (CLIA) e os imunoensaios fluorescentes (FIA). A performance desses testes está atrelada ao tipo de imunoglobulina que detectam: a IgM, que emerge nos dias iniciais da infecção; a IgG, que surge mais tardiamente, porém se mantém por semanas; e, em menor grau, a IgA, de detecção precoce, mas com menor sensibilidade (VEDOVA-COSTA J. M. D. et al., 2021)

Os antígenos mais frequentemente empregados nos testes sorológicos, devido à sua elevada antigenicidade, são as proteínas N (nucleocapsídeo) e S (spike) do vírus. A seleção de antígenos específicos ou de regiões proteicas menores exerce influência direta sobre a sensibilidade e a especificidade do ensaio. Metodologias como ELISA e CLIA, por exemplo, demonstram alta sensibilidade (superior a 90%) e especificidade (acima de 95%), sendo largamente utilizadas em laboratórios para triagens em grande escala (VEDOVA-COSTA J. M. D. et al., 2021; MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2013). Já a técnica de imunocromatografia, aplicada tanto para a detecção de antígenos quanto de anticorpos, possui uso difundido devido à sua praticidade e custo acessível, tendo correspondido a mais da metade (55,6%) das solicitações aprovadas pela ANVISA em 2021. Por outro lado, os testes ELISA e suas variantes (CLIA e FIA) são indicados para análises quantitativas e automatizadas, sendo frequentemente empregados em laboratórios centrais e instituições de referência (VEDOVA-COSTA J. M. D. et al., 2021).

Vale ressaltar que o Ministério da Saúde (2013) adverte que, apesar da utilidade dos testes sorológicos tanto para o diagnóstico quanto para a vigilância epidemiológica, existe a possibilidade de resultados falso-positivos. Por isso, recomenda-se a utilização de testes confirmatórios que empreguem antígenos distintos. Ademais, em patologias infecciosas como sífilis e HIV, a permanência de anticorpos após a conclusão do tratamento pode ser indicativa de uma infecção pregressa, não necessariamente de uma infecção ativa recente.

Em suma, a diversidade dos testes diagnósticos disponíveis, que abrangem desde métodos rápidos de triagem até ensaios laboratoriais de maior complexidade, atesta o avanço e a relevância da biotecnologia diagnóstica no Brasil. Esse leque de abordagens possibilita um maior alcance populacional, confere eficiência à vigilância epidemiológica e proporciona maior agilidade para a tomada de decisões em saúde pública (LEONY, L. M., 2024; THOMPSON, C. R. et al, 2023; VEDOVA-COSTA et al., 2021; MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2013).

### **2.2.5. Reação em Cadeia da Polimerase**

A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) constitui uma das metodologias mais potentes no campo da biologia molecular, operando essencialmente como um sistema de "fotocópia" de material genético. Esse apelido se deve à técnica possibilitar que um segmento específico de DNA ou RNA, presente em uma amostra, seja multiplicado milhões de vezes, viabilizando assim sua detecção e análise. É imprescindível realizar a distinção dessa técnica molecular do exame sanguíneo para a Proteína C-Reativa, o qual, embora utilize a mesma sigla (PCR), funciona como um marcador inflamatório inespecífico (MENÊSES, M. S. L. et al., 2019).

No âmbito do diagnóstico, a variante da técnica de maior relevância para vírus como o SARS-CoV-2, HIV e Influenza é a RT-PCR (PCR com Transcriptase Reversa). Esta modalidade primeiramente converte o RNA viral em DNA para, subsequentemente, amplificá-lo (MENÊSES, M. S. L. et al, 2019). Já a qPCR (PCR quantitativo ou em tempo real) consolidou-se como o "padrão-ouro", pois permite não apenas a detecção, mas também a quantificação do material genético em tempo real, sendo de importância crucial, por exemplo, para a mensuração da carga viral em pacientes (ABRAMED, 2024).

Anteriormente à pandemia de COVID-19, a utilização do PCR no Brasil, embora robusta, era restrita a centros especializados, laboratórios de referência e ao sistema de saúde suplementar. No contexto do Sistema Único de Saúde (SUS), sua aplicação mais difundida era o monitoramento da carga viral em pacientes portadores de HIV e Hepatite C, representando um

pilar essencial do tratamento com antirretrovirais. Adicionalmente, a tecnologia era empregada na genotipagem do Papilomavírus Humano (HPV), o que auxiliava na identificação de cepas de alto risco para o desenvolvimento do câncer de colo do útero, como relata MENÊSES, M. S. L. et al. (2019). Vale ressaltar que, seu uso na vigilância epidemiológica de arboviroses, como Dengue e Zika, existia, porém estava concentrado nos Laboratórios Centrais de Saúde Pública (LACENs) e em institutos de pesquisa, não se encontrando disponível como ferramenta de diagnóstico rotineiro na atenção primária. A utilização dessa tecnologia era limitada devido ao seu alto custo, à complexidade da infraestrutura laboratorial necessária (Nível de Biossegurança 2) e à exigência de profissionais altamente qualificados, segundo Ministério da Saúde (2016).

### **2.2.6. Sequenciamentos genéticos**

Antes da pandemia de Covid-19, a utilização de técnicas como o sequenciamento genético para o diagnóstico de enfermidades já estava se consolidando como um instrumento fundamental na medicina de precisão e na vigilância epidemiológica. As metodologias mais comumente empregadas eram o sequenciamento de Sanger, o sequenciamento de nova geração (NGS) — que inclui o sequenciamento de exoma (WES) e o sequenciamento de genoma completo (WGS) — e o sequenciamento metagenômico, cada um apresentando aplicações e níveis de complexidade específicos (CHIU, C. Y., & MILLER, S. A., 2019).

O sequenciamento de Sanger, desenvolvido em 1977, representou por décadas a principal técnica para a determinação da sequência de DNA, permanecendo em uso extensivo até o início dos anos 2010. No contexto diagnóstico, o método era aplicado para a confirmação de mutações genéticas específicas associadas a doenças raras, como síndromes hereditárias e certas formas de câncer. No Brasil, laboratórios de referência, como o Instituto Adolfo Lutz e o Hospital de Amor (Barretos), adotaram esse método como padrão para a análise de genes individuais, em virtude de sua alta precisão e custo relativo baixo em pequena escala. Contudo, sua reduzida capacidade de processamento restringia sua aplicabilidade em estudos populacionais ou em diagnósticos que exigiam uma varredura genômica ampla (LEFTEROVA, M. I., et al, 2014).

Assim, a introdução do Sequenciamento de Nova Geração (NGS) representou uma revolução no diagnóstico molecular. Como essa tecnologia permitiu o sequenciamento simultâneo de milhares de fragmentos de DNA, se tornou possível a identificação de múltiplas mutações em uma única análise. Segundo Chiu e Miller (2019), antes da pandemia, o NGS já estava sendo empregado em diversos países, incluindo o Brasil, para o diagnóstico de doenças raras e

oncológicas, além de ser usado na investigação de doenças infecciosas complexas nas quais os testes convencionais falhavam. Por conta disso, no cenário nacional, instituições públicas e privadas começaram a investir em plataformas de NGS voltadas para doenças genéticas. Centros como o Hospital Israelita Albert Einstein, a USP e a Fiocruz desenvolveram programas piloto de diagnóstico genético via exoma, aplicando painéis personalizados para patologias hereditárias e síndromes de difícil diagnóstico. Apesar disso, o custo elevado, a escassez de profissionais de bioinformática e a ausência de políticas públicas para a incorporação tecnológica ainda limitavam o uso clínico rotineiro da técnica (CHIU, C. Y., & MILLER, S. A., 2019).

Já o sequenciamento de exoma (WES), que se restringe apenas às regiões codificantes do genoma humano, acabou ganhando destaque na medicina diagnóstica justamente por seu equilíbrio entre custo e eficiência. De acordo com Savage e colaboradores (2018), essa técnica demonstrou ser altamente eficaz para decifrar doenças raras de etiologia genética, permitindo a detecção de mutações que antes eram inacessíveis aos métodos convencionais. Por isso no Brasil, alguns programas de pesquisa, como o Genomas Raros e iniciativas do CNPq, começaram a utilizar o exoma em caráter experimental, principalmente em universidades e centros de pesquisa.

Ademais, o sequenciamento de genoma completo (WGS), embora fosse tecnologicamente mais abrangente, era pouco difundido antes da pandemia, estando restrito a projetos de pesquisa e não à rotina clínica. Sua aplicação focava-se na identificação de variantes estruturais complexas e na caracterização de novos patógenos em estudos de microbiologia e saúde pública (LEFTEROVA, M. I., et al, 2014).

Por fim, o sequenciamento metagenômico (mNGS) despontou como uma ferramenta promissora para o diagnóstico de infecções de etiologia desconhecida. Essa abordagem não exige hipóteses prévias sobre o agente causador, permitindo a detecção de bactérias, vírus e fungos diretamente de amostras clínicas dos pacientes. Antes da pandemia, pesquisas conduzidas por centros da Fiocruz e da Universidade Federal do Rio de Janeiro já utilizavam o mNGS em investigações de surtos e em casos de infecção hospitalar sem diagnóstico conclusivo. Conforme descrito por Chiu e Miller (2019), a técnica apresentou elevada sensibilidade e especificidade, embora enfrentasse desafios técnicos, como o custo, já que é necessário sequenciar o genoma do hospedeiro humano e nem todos os genomas estão disponíveis, além disso, está sujeito à contaminação por espécies ambientais.

A **Tabela 1** sintetiza as principais tecnologias diagnósticas empregadas no Brasil, abrangendo métodos moleculares, imunológicos, ópticos e de imagem. São apresentados suas aplicações clínicas e epidemiológicas, sensibilidade, especificidade, tempo de resposta, requisitos de infraestrutura e limitações.

<b>Técnica</b>	<b>Princípio</b>	<b>Principais aplicações</b>	<b>Sensib.</b>	<b>Especif.</b>	<b>Vantagens</b>	<b>Limitações</b>	<b>Referências</b>
<b>Microscopia óptica</b>	Observação direta de estruturas celulares e microbianas com luz visível.	Diagnóstico de parasitoses, tuberculose e hematologia	Moderada	Moderada	Baixo custo; fácil operação	Baixa precisão para agentes pequenos (vírus); depende de operador experiente	MINISTÉRIO DA SAÚDE (2013)
<b>Diagnóstico por imagem (radiologia, tomografia, ultrassonografia, ressonância magnética)</b>	Utiliza radiação ionizante ou ondas sonoras para gerar imagens anatômicas e funcionais	Doenças respiratórias, oncológicas, cardiovasculares e neurológicas	Alta	Alta	Não invasivo; avaliação anatômica detalhada	Alto custo e desigualdade na distribuição regional	SILVA ET AL. (2024); FIOCRUZ (2023)
<b>Testes de antígeno (imunocromatografia)</b>	Deteção de proteínas virais (geralmente N e S) por anticorpos monoclonais	Diagnóstico rápido de COVID-19, Influenza e outras infecções virais agudas.	60–85%	90–98%	Rápido (15 min); barato; fácil execução	Falsos negativos em baixa carga viral; menor sensibilidade	VEDOVA-COSTA J. M. D. ET AL. (2021)
<b>Testes de anticorpos (ELISA, CLIA, FIA, imunocromatografia)</b>	Deteção de IgM, IgG e IgA contra antígenos virais (S e N)	Monitoramento sorológico, resposta vacinal e vigilância epidemiológica.	85–98%	90–99%	Avalia imunidade populacional; automatizável	Falsos positivos; não distingue infecção recente de passada	VEDOVA-COSTA J. M. D. ET AL. (2021); MINISTÉRIO DA SAÚDE (2013)
<b>PCR / RT-PCR / qPCR</b>	Amplificação de DNA/RNA viral por enzimas específicas	Diagnóstico molecular de COVID-19, HIV, Hepatite C, HPV, arboviroses.	>95%	>98%	Alta sensibilidade; padrão-ouro para vírus	Alto custo e necessidade de infraestrutura e pessoal especializado	MENÊSES, M. S. L. ET AL. (2019); MINISTÉRIO DA SAÚDE (2016)

<b>Sequenciamento de Sanger</b>	Leitura de sequência de DNA por terminação de cadeia	Confirmação de mutações genéticas e estudos de doenças raras	Alta	Alta	Elevada precisão para análises pontuais	Baixa capacidade de processamento	LEFTEROVA ET AL. (2014)
<b>Sequenciamento de nova geração (NGS)</b>	Sequenciamento simultâneo de múltiplos fragmentos de DNA	Diagnóstico genético, oncológico e de doenças infecciosas complexas	>95%	>99%	Analisa múltiplos genes em uma única corrida; aplicável à medicina de precisão	Custo elevado; exige bioinformática avançada	CHIU & MILLER (2019)
<b>Sequenciamento de exoma (WES)</b>	Sequencia apenas regiões codificantes do genoma.	Diagnóstico de doenças genéticas raras e síndromes complexas	90–95%	>99%	Equilíbrio entre custo e abrangência	Não detecta mutações em regiões não codificantes	SAVAGE ET AL. (2018)
<b>Sequenciamento de genoma completo (WGS)</b>	Sequencia todo o genoma humano ou microbiano	Identificação de variantes estruturais e novos patógenos	Alta	Alta	Deteção abrangente; ideal para pesquisa e vigilância	Alto custo e grande volume de dados	LEFTEROVA ET AL. (2014)
<b>Sequenciamento metagenômico (mNGS)</b>	Sequencia o material genético total de uma amostra clínica	Diagnóstico de infecções de etiologia desconhecida	Muito alta	Alta	Não requer hipótese prévia sobre o agente etiológico	Custo e complexidade computacional elevados	CHIU & MILLER (2019)

**Tabela 1.** Principais tecnologias de diagnóstico utilizadas no Brasil e suas características.

**Legenda:** Sensib. = sensibilidade, que é a capacidade de identificar corretamente os indivíduos doentes (verdadeiros positivos); Especif. = especificidade, que se refere à correta identificação dos indivíduos sadios (verdadeiros negativos).

**Fonte:** Elaborado pela autora com base em MINISTÉRIO DA SAÚDE (2013; 2016); VEDOVA-COSTA J. M. D. ET AL. (2021); MENÊSES, M. S. L. ET AL. (2019); LEFTEROVA ET AL. (2014); SAVAGE ET AL. (2018); CHIU & MILLER (2019); SILVA ET AL. (2024); FIOCRUZ (2023).

### **2.3. Doenças no Brasil**

As doenças infecciosas permanecem entre os maiores desafios para os sistemas de saúde pública, especialmente em países de grande extensão territorial e marcadas desigualdades regionais, como o Brasil. Entre os principais grupos de enfermidades que exigem constante vigilância e aprimoramento das estratégias diagnósticas, destacam-se as doenças respiratórias, as arboviroses e as infecções sexualmente transmissíveis. Esses grupos de doenças precisam de uma atenção já que apresentam expressivo impacto epidemiológico e social, e compartilham a necessidade de métodos diagnósticos sensíveis, específicos e acessíveis, capazes de possibilitar tanto a detecção precoce quanto o monitoramento eficaz de surtos e infecções crônicas (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2019).

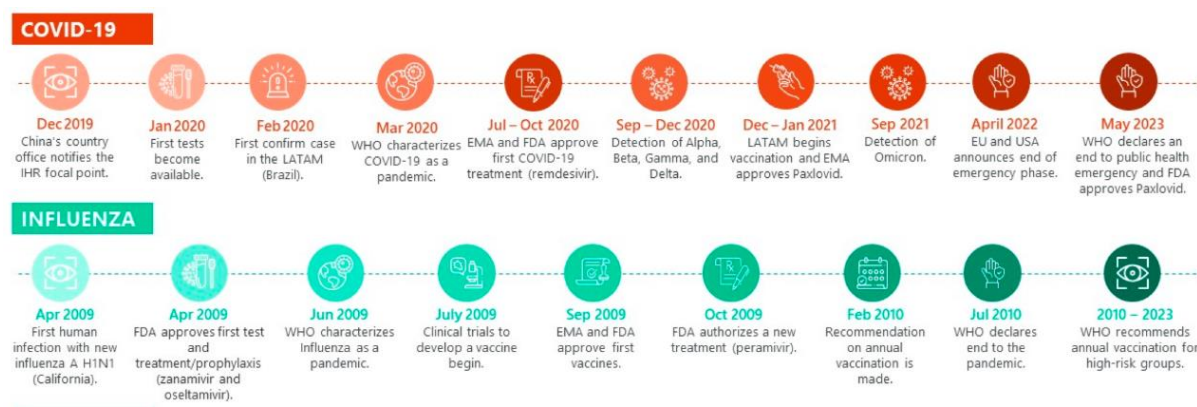
#### **2.3.1. Doenças respiratórias**

Considerando os cinco anos anteriores à pandemia, o Brasil já vivenciava uma situação alarmante referente às doenças respiratórias, as quais se firmavam como a segunda causa principal de hospitalizações no território nacional. Este conjunto de patologias impunha um fardo substancial ao sistema de saúde, sendo um reflexo tanto da incidência de infecções agudas quanto da prevalência de enfermidades crônicas do sistema respiratório (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2020).

De acordo com os relatórios do Ministério da Saúde (2020), as enfermidades respiratórias causaram 486.410 mortes nesse período de cinco anos, sendo as infecções respiratórias agudas líderes das estatísticas, ressaltando a dupla “Influenza e Pneumonia”, responsável por mais da metade das mortes registradas, superando 84 mil óbitos somente em 2016. Vale considerar que, só a pneumonia, de forma isolada, gerou mais de 3 milhões de hospitalizações no SUS durante esse tempo, ao passo que a influenza demonstrou picos sazonais de mortalidade notáveis, como o ocorrido em 2019. Em paralelo às infecções agudas, as doenças respiratórias crônicas sustentavam um impacto significativo na mortalidade populacional. Em primeiro lugar, têm-se a Doença Pulmonar Obstrutiva Crônica (DPOC), muitas vezes relacionada ao tabagismo, aparecia como a quinta principal causa de óbito no Brasil, com uma taxa de mortalidade anual estimada em 51,5 mortes por 100 mil habitantes. Logo em seguida, a asma igualmente exibia alta prevalência: de acordo com a Pesquisa Nacional de Saúde (PNS) de 2019, aproximadamente 8,4 milhões de adultos no Brasil tinham um diagnóstico médico dessa condição (IBGE, 2020). Adicionalmente às condições crônicas e às infecções virais, o país também enfrentava de modo contínuo doenças endêmicas persistentes, como a tuberculose. Esta registrava, no início de

2016, cerca de 69 mil novos casos e 4,5 mil mortes por ano, segundo informações do Plano Nacional pelo Fim da Tuberculose (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2017).

Ademais, a partir de 2020, a pandemia de COVID-19 provocou uma transformação profunda no panorama das doenças respiratórias e nas abordagens de diagnóstico laboratorial. Segundo Alvarez-Moreno (2024) que evidencia sobre as ações implementadas em resposta à COVID-19, relata que foi seguido uma cronologia similar à observada durante a pandemia de influenza de 2009, como ilustra a **Figura 1**, principalmente no que tange ao desenvolvimento acelerado de tecnologias diagnósticas, terapêuticas e de imunização. Especificamente para a COVID-19, o desenvolvimento e a implementação de testes moleculares e imunológicos aconteceram logo no primeiro mês após a detecção dos casos iniciais, estabelecendo um marco na resposta diagnóstica em escala global. Assim, com o crescimento do número de casos, tornou-se necessária uma expansão na capacidade laboratorial, dando prioridade ao SARS-CoV-2 em detrimento dos outros vírus respiratórios (ALVAREZ-MORENO, 2024).



**Figura 1.** Cronologia da pandemia de COVID-19 e Influenza.

**Legenda.** A cronologia das medidas tomadas e os principais eventos que caracterizaram a pandemia de gripe dez anos antes são semelhantes, especialmente no que diz respeito ao desenvolvimento acelerado e à introdução de tecnologias de tratamento e imunização.

**Fonte:** Adaptada de ALVAREZ-MORENO, 2024.

Conforme o mesmo autor relata, ainda que o diagnóstico de influenza tenha sido extensamente estruturado devido à pandemia de 2009, seus protocolos mantiveram-se quase inalterados até 2020. Foi com a chegada do novo coronavírus, que impôs uma reformulação nas prioridades de testagem e vigilância. Desse modo, mesmo que reestabelecido gradualmente o monitoramento de outros

patógenos, o SARS-CoV-2 continua sendo o agente prioritário nas políticas de diagnóstico e vigilância respiratória, tanto no Brasil quanto mundialmente (Alvarez-Moreno, 2024).

### 2.3.2. Arboviroses

Considerando o período pré-pandêmico, observou-se um marco crítico para a saúde pública no Brasil, caracterizado pela disseminação simultânea e massiva de múltiplos vírus transmitidos pelo *Aedes aegypti*. Esse marco brasileiro configurou o cenário que se tornou conhecido como a “tríplice epidemia” — dengue, Zika e Chikungunya —, e expôs as vulnerabilidades do sistema de vigilância epidemiológica perante emergências sanitárias complexas. Segundo Everton e colaboradores (2024), a dengue, já estabelecida como endêmica no país, alcançou picos históricos nesse período, com 1,68 milhão de casos prováveis e 986 óbitos em 2015, números esses novamente elevados em 2019, quando se registraram mais de 1,5 milhão de casos e 782 mortes, culminando em mais de 5,6 milhões de notificações no período de 2015 a 2019. Já a emergência do vírus Zika em 2015, segundo Everton et al. (2024), elevou o patamar de preocupação e após o pico de transmissão em 2016 — com mais de 216 mil casos notificados —, o vírus obteve repercussão global ao ser comprovada sua associação com o aumento de casos de microcefalia e outras malformações congênitas, o que caracterizou a Síndrome Congênita do Zika. Essa correlação levou o Ministério da Saúde a declarar Emergência de Saúde Pública de Importância Nacional, devido ao potencial de disseminação e ao impacto social das infecções (EVERTON et al., 2024).

De forma paralela, a Chikungunya, introduzida no território brasileiro em 2014, alastrou-se rapidamente, gerando picos epidêmicos expressivos em 2016 e 2017, com centenas de milhares de casos. Seu principal impacto clínico é decorrente da elevada taxa de cronificação da doença, que acarreta morbidade significativa e incapacidade prolongada em função das dores articulares persistentes. E foi também em 2016 que o país enfrentou o maior surto de febre amarela silvestre em décadas, devido à expansão do surto da região amazônica para o Sudeste, atingindo áreas densamente povoadas e causando centenas de óbitos, o que demandou campanhas emergenciais de vacinação em massa (EVERTON et al., 2024).

Nesse contexto de epidemias sobrepostas, o diagnóstico laboratorial das arboviroses exerceu um papel fundamental. Sua relevância não se limita à identificação do agente etiológico; ela se estende à diferenciação entre infecções primárias e secundárias, especialmente relevante nos casos de dengue. Considerando que a infecção inicial tende a seguir um curso clínico leve ou assintomático, são as

infecções subsequentes por sorotipos distintos que podem levar a manifestações graves, como a febre hemorrágica ou a síndrome do choque da dengue, relatado por BHATT et al., (2020). Ademais, o diagnóstico é indispensável na condução de estudos de soroprevalência, já que permite estimar o grau de exposição da população, e na vigilância de novas epidemias, principalmente quando associadas a rotas alternativas de transmissão ou a modificações no perfil genético dos vírus circulantes (NOBRE T. F. et al. 2025; EVERTON et al., 2024; ). Assim, é necessário que as metodologias diagnósticas, associadas a uma vigilância integrada, se fortaleçam como um elemento essencial para o controle e a prevenção das arboviroses no Brasil (NOBRE T. F. et al. 2025; BHATT et al., 2020).

### **2.3.3. Infecções Sexualmente Transmissíveis**

O panorama das Infecções Sexualmente Transmissíveis (ISTs) no Brasil durante o período de 2015–2019 foi marcado por discrepâncias significativas entre progressos terapêuticos e desafios epidemiológicos emergentes. Por um lado, o país consolidava com os frutos de décadas de políticas públicas focadas no combate ao HIV/Aids; por outro, lidava com uma epidemia crescente de sífilis, que se estabeleceu como um dos principais desafios de saúde pública daquela década. Conforme os Boletins Epidemiológicos do Ministério da Saúde (2019), a sífilis adquirida demonstrou um crescimento expressivo em sua taxa de detecção, que subiu de 34,1 casos por 100 mil habitantes em 2014 para 75,8 casos em 2018, o que reflete um aumento superior a 120% em apenas quatro anos. Esse avanço teve repercussões alarmantes nas taxas de sífilis em gestantes, que quadruplicaram no mesmo intervalo, e na sífilis congênita, cuja incidência alcançou 9,0 casos por 1.000 nascidos vivos em 2018, resultando em centenas de óbitos infantis que poderiam ser evitados. Tais dados evidenciam tanto uma expansão da capacidade diagnóstica quanto a persistência de lacunas na prevenção e no acompanhamento pré-natal (ARAÚJO et al, 2024).

Em contrapartida, o cenário da infecção pelo HIV exibia avanços notáveis. Em virtude da política de acesso universal à terapia antirretroviral (TARV), a taxa de mortalidade por Aids declinou 17,1% entre 2014 e 2019, consolidando o Brasil como uma referência internacional no tratamento gratuito e contínuo, graças ao SUS. No entanto, o desafio da prevenção permanecia, sobretudo entre homens jovens de 15 a 29 anos, faixa etária que registrou um aumento nas novas infecções (Ministério da Saúde, 2020). Diante dessa conjuntura, o país implementou, a partir de 2017, a Profilaxia Pré-Exposição (PrEP) também no SUS, uma estratégia inovadora de prevenção biomédica que diversificou o leque de intervenções disponíveis.

Além disso, o período também foi marcado por progressos em frentes de prevenção e tratamento de outras ISTs. Em 2017, o Programa Nacional de Imunizações (PNI) ampliou a vacinação contra o HPV para o público masculino infantil, uma medida que visa prevenir não apenas o câncer de colo do útero, mas também outros tumores anogenitais e orofaríngeos ligados à infecção pelo papilomavírus humano. No mesmo contexto, o SUS incorporou os antivirais de ação direta (DAAs) para o tratamento da Hepatite C, atingindo taxas de cura superiores a 95%, o que configurou uma das mais relevantes conquistas terapêuticas em doenças infecciosas no país (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2018).

Mas é no ponto de vista laboratorial que o diagnóstico das ISTs apresenta desafios singulares. Muitos dos sintomas dessas infecções são inespecíficos e podem ser originados por distintos agentes etiológicos, o que exige abordagens diagnósticas precisas para um manejo clínico adequado. De acordo com o Manual de Diagnóstico Laboratorial de Doenças Sexualmente Transmissíveis (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2013), os testes laboratoriais são fundamentais não só para a confirmação diagnóstica, mas também para a gestão de parceiros sexuais e para o aperfeiçoamento dos algoritmos de manejo sindrômico. Outro aspecto relevante é o intervalo entre a coleta do teste e a liberação do resultado, um fator crítico para a eficácia do tratamento e para a interrupção da cadeia de transmissão. A demora na notificação pode resultar na perda de acompanhamento do paciente, na progressão da doença e ampliação do risco de transmissão. Em virtude disso, as estratégias de diagnóstico rápido e descentralizado tornaram-se prioritárias nas políticas públicas de ISTs no Brasil, com foco especial na sífilis e no HIV (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2013).

### **3. OBJETIVOS**

#### **3.1. Objetivo Geral**

Analisar o impacto da pandemia de Covid-19 no avanço das tecnologias de diagnóstico, destacando as inovações geradas e suas perspectivas de uso futuro em território brasileiro.

#### **3.2. Objetivo Específico**

- Identificar as principais tecnologias de diagnóstico que emergiram ou se consolidaram após a pandemia, comparando com o período antes da pandemia.
- Avaliar o impacto dessas tecnologias na detecção precoce e no monitoramento de doenças.
- Investigar como essas inovações têm sido incorporadas nas regiões brasileiras.

- Discutir os desafios e limitações dessas novas tecnologias no cenário pós-pandêmico.

#### **4. MATERIAIS E MÉTODOS**

Este estudo consiste em uma revisão de literatura, focada em analisar a evolução e os desafios do diagnóstico de doenças respiratórias, arboviroses e infecções sexualmente transmissíveis no Brasil, com ênfase nos impactos gerados pela pandemia de COVID-19 e nos avanços tecnológicos subsequentes.

##### **4.1. Critérios de Elegibilidade**

Para a seleção dos trabalhos, foram definidos os seguintes critérios de inclusão e exclusão:

##### **Critérios de Inclusão:**

- **Período Temporal:** O foco principal da pesquisa foram publicações no período após o início da pandemia (2020-2025), para capturar os impactos e avanços tecnológicos recentes. No entanto, artigos e documentos fundamentais publicados no período de 2015-2020 (pré-pandemia) foram incluídos quando essenciais para fornecer contexto histórico sobre as tecnologias antes da pandemia e sobre as doenças respiratórias, arboviroses, ISTs.
- **Idioma:** Foram selecionados trabalhos publicados em português e inglês.
- **Tipo de Publicação:** Foram incluídos artigos científicos originais, revisões de literatura (narrativas, sistemáticas, integrativas), teses, dissertações, boletins epidemiológicos, relatórios de organizações de saúde (como Ministério da Saúde, OPAS/OMS) e manuais técnicos.
- **Temas Principais:** Os documentos deveriam abordar, no mínimo, um dos seguintes eixos temáticos:
  1. Diagnóstico de doenças respiratórias, Arboviroses (Dengue, Zika, Chikungunya), ou Infecções Sexualmente Transmissíveis (ISTs) no contexto brasileiro.
  2. Impactos da pandemia de COVID-19 no diagnóstico e controle de outras doenças relacionadas.
  3. Avanços em tecnologias de diagnóstico (ex: PCR em tempo real, NGS, GeneXpert, Inteligência Artificial em imagem).

### **Cr terios de Exclus o:**

- Foram exclu dos artigos de opini o, editoriais, resenhas de livros, trabalhos de congresso com resumos indispon veis e publica es cujo texto completo n o p de ser acessado.

### **4.2. Bases de Dados e Estrat gia de Busca**

A pesquisa foi realizada em m ltiplas fontes para garantir uma cobertura abrangente do tema.

#### 1. Bases de Dados Bibliogr ficas:

- Scientific Electronic Library Online (SciELO)
- U.S. National Library of Medicine (PubMed)
- Google Acad mico (para capturar teses, disserta es e literatura adicional)

#### 2. Literatura e Fontes Adicionais:

- Documentos e manuais do Minist rio da Sa de do Brasil (MS).
- Relat rios da Organiza o Pan-Americana da Sa de (OPAS/OMS).
- Dados epidemiol gicos contextuais do Sistema de Informa o de Agravos de Notifica o (SINAM).
- Publica es de associa es relevantes (ex: ABRAMED, PNCQ) e do Instituto Nacional da Propriedade Industrial (INPI) sobre patentes de diagn stico.

A estrat gia de busca combinou termos em portugu s e ingl s, utilizando os operadores booleanos AND e OR. Os descritores centrais foram:

- (COVID-19 OR Arboviroses OR IST OR Infec es Sexualmente Transmiss veis)
- AND (Diagn stico OR Diagnostic OR Teste R pido OR Rapid Test OR Sequenciamento OR "Intelig ncia Artificial")
- AND (Brasil OR Brazil)
- AND ("Impactos da pandemia" OR "Avan o de tecnologias")

### **4.3. Sele o dos Estudos**

O processo de sele o foi conduzido em tr s etapas:

1. **Triagem Inicial:** Os títulos e resumos dos artigos identificados nas buscas foram analisados para verificar sua relevância frente aos critérios de inclusão.
2. **Análise Completa:** Os artigos que passaram pela triagem inicial foram lidos na íntegra para confirmar sua elegibilidade e adequação aos objetivos da revisão.
3. **Busca Manual:** As listas de referências dos artigos selecionados foram examinadas manualmente para identificar estudos adicionais relevantes que não foram capturados na busca inicial.

#### **4.4. Processo de Coleta e Análise de Dados**

Após a seleção final dos estudos, os dados foram extraídos e organizados em uma planilha eletrônica para facilitar a análise. A extração focou nos seguintes itens:

- **Identificação:** Autor(es), ano de publicação, título, tipo de documento.
- **Foco da doença:** (COVID-19, Arboviroses, ISTs etc.).
- **Tipo de tecnologia de diagnóstico:** (PCR, Teste Rápido, NGS, Imagem, IA etc.).
- **Principais resultados:** (Impactos da pandemia, desafios, avanços tecnológicos identificados, desigualdades regionais).
- **Conclusões Relevantes:** (Recomendações, lacunas no conhecimento).

A coleta foi realizada por um único pesquisador. Os dados extraídos foram, então, sintetizados e agrupados por eixos temáticos (conforme os objetivos do estudo) e analisados de forma narrativa para construir uma visão coesa sobre o panorama do diagnóstico no Brasil e suas transformações recentes.

## **5. RESULTADOS**

A COVID-19 foi um divisor de águas para o diagnóstico no Brasil, pois, impulsionou a inovação, expos fragilidades e catalisou grandes progressos em algumas áreas da saúde.

A emergência sanitária da pandemia requisitou a adoção e o aprimoramento de tecnologias diagnósticas, com destaque para os testes moleculares. Por conta disso, a técnica de RT-PCR em tempo real (RT-qPCR) consolidou-se como o "padrão-ouro" e o padrão nacional para o diagnóstico molecular da COVID-19, por proporcionar uma análise rápida, específica e sensível (LICÍNIO, C. O. L, 2021). Como a eficácia desse tipo de ensaio diagnóstico é avaliada por seus principais parâmetros: a sensibilidade, que é a capacidade de identificar corretamente os indivíduos doentes (verdadeiros positivos), e a especificidade, que se refere à correta identificação dos indivíduos sadios (verdadeiros negativos). Testes com baixa sensibilidade podem gerar falsos negativos, enquanto aqueles com baixa

especificidade tendem a produzir falsos positivos. Esses parâmetros também afetam o limite de detecção, isto é, a menor quantidade de material genético (RNA ou DNA) que o teste consegue detectar e o risco de reações cruzadas (LICÍNIO, C. O. L, 2021; GOMES, A. L. V. et al. 2021). Geralmente, os ensaios de RT-qPCR demonstram altíssima sensibilidade, sendo capazes de detectar menos de 100 cópias de RNA por reação, com alguns valores adjacentes para detecção viral próximos de 5,3 cópias. Outra vantagem que vale ressaltar é a quantificação do material durante a reação, o que diminui o tempo total de análise e minimiza os riscos de contaminação cruzada, um ponto crítico em amostras de RNA, cuja estabilidade é reduzida (LICÍNIO, C. O. L, 2021).

No contexto brasileiro, as técnicas moleculares de RT-PCR e suas variantes provaram ser fundamentais não apenas para a detecção viral, mas também para a diferenciação de sorotipos e genótipos circulantes, oferecendo uma contribuição direta ao controle epidemiológico e à definição de medidas preventivas (EVERTON et al., 2024).

A RT-qPCR permite, ainda, a detecção simultânea de múltiplos patógenos em uma única reação (qPCR multiplex), o que é alcançado pelo emprego de sondas com diferentes fluoróforos. O desenho dos primers, auxiliado por ferramentas de bioinformática, tem aprimorado significativamente a sensibilidade e a especificidade, ao focar em regiões genômicas únicas que distinguem o patógeno-alvo de outros microrganismos filogeneticamente próximos, (LICÍNIO, C. O. L 2021; GOMES, A. L. V. et al. 2021). Essa capacidade multiplex é especialmente relevante no diagnóstico de infecções arbovirais. Segundo Kingwara L. (2025), o uso da PCR para o vírus da dengue (DENV), vírus da Zika (ZIKV) e da Chikungunya (CHIKV) oferece vantagens consideráveis sobre os métodos sorológicos, que frequentemente apresentam problemas como reatividade cruzada, latência na detecção de anticorpos e respostas imunes inconsistentes, levando a falsos negativos na fase inicial. Dessa forma a PCR, identifica diretamente o RNA viral, permitindo a detecção precoce e precisa durante a fase aguda, o que é crucial para o manejo do paciente e para a implementação de medidas de saúde pública (KINGWARA, L et al., 2025)

Sendo assim, os avanços na tecnologia de PCR multiplex são capazes de otimizar os fluxos de trabalho e a eficiência diagnóstica ao permitir a detecção simultânea de múltiplos vírus. Os estudos de Kingwara L. e colaboradores (2025) demonstraram a eficácia desses ensaios na identificação e quantificação, utilizando métodos de validação de Melhoria de Laboratório Clínico e amostras residuais provenientes de surtos de DENV, CHIKV e ZIKV, do Quênia, Brasil e República Democrática do Congo. Com isso, a adoção desses ensaios mostrou a maior especificidade e sensibilidade em comparação com a sorologia, o que é vital em regiões onde esses vírus circulam

simultaneamente, facilitando diagnósticos precisos e melhorando a alocação de recursos durante surtos (KINGWARA, L et al., 2025; NOBRE T. F. et al. 2025).

No período pós-pandemia, observou-se no Brasil um movimento concreto de consolidação e expansão das tecnologias de diagnóstico rápido, impulsionado pela experiência adquirida durante a crise da COVID-19. O principal resultado visível foi a alteração do marco regulatório pela ANVISA, que inicialmente foi publicada a Resolução da Diretoria Colegiada (RDC) 786/2023, posteriormente atualizada e substituída pela RDC 978/2025 (ANVISA, 2023; LABTOLAB PARDINI, 2025). Esta legislação estabeleceu novos requisitos para os serviços que executam Exames de Análises Clínicas (EAC) e formalizou a classificação de farmácias e consultórios isolados como "Serviço tipo I" (PNCQ, 2023). Como resultado direto dessa nova classificação, as farmácias foram autorizadas a expandir seu portfólio de testes rápidos para além da glicemia e da COVID-19, passando a incluir exames de triagem para diversas outras condições, como dengue (Antígeno NS1 e anticorpos), Influenza A/B, HIV, Sífilis e Hepatites Virais, como explica o Conselho Regional De Farmácia Da Bahia (2023).

Paralelamente, no âmbito do SUS, foi registrado também um direcionamento estratégico da tecnologia de testagem rápida para outras políticas de saúde pública, já que em outubro de 2023, o Ministério da Saúde anunciou um investimento de R\$ 27 milhões destinado à aquisição de testes rápidos duplos, ou seja, capazes de detectar simultaneamente as infecções por HIV e Sífilis (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2023). Ainda no campo da saúde pública, vale ressaltar que instituições de referência passaram a focar no controle de qualidade dessa nova realidade. A Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz), por exemplo, publicou estudos em 2024 sobre o monitoramento pós-mercado dos testes rápidos de antígeno, avaliando seu desempenho após o período de uso emergencial, a fim de garantir a disponibilização de produtos de qualidade, seguros e eficazes no mercado nacional, além de subsidiar as tomadas de decisão por parte de autoridades brasileiras regulatórias (CARVALHO; ADATI; BORGES, 2024)

Além disso, no âmbito das tecnologias, vale destacar a plataforma GeneXpert® (CEPHEID, EUA) um sistema automatizado de biologia molecular capaz de realizar todas as etapas da PCR — desde a extração até a amplificação e detecção do material genético — utilizando cartuchos descartáveis específicos para cada tipo de teste (AGUILAR-JIMÉNEZ, J. R. 2024). Entre esses testes, destaca-se a tecnologia Xpert MTB/RIF, um avanço notável no diagnóstico da tuberculose (TB) no Brasil, por se tratar de um ensaio molecular automatizado baseado em PCR em tempo real, que identifica simultaneamente o DNA do complexo *Mycobacterium tuberculosis* e mutações associadas à resistência à rifampicina. De acordo com estudos de Villalva-Serra, K. J. et al (2024), esse método é

classificado como uma tecnologia de diagnóstico molecular em ponto de atendimento (point-of-care, PoC), operando por meio de um sistema de cartucho que automatiza as etapas de preparação da amostra, extração do DNA, amplificação e detecção em um único processo, possibilitando resultados em cerca de duas horas, um avanço significativo em relação aos métodos de cultura tradicionais, que podem levar semanas (WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2010; BOEHME et al., 2010; CEPHEID, 2023).

Por conta disso, a introdução dessa tecnologia teve impacto comprovado na detecção e no controle da tuberculose no Brasil, aumentando substancialmente a identificação de casos e o diagnóstico de resistência à rifampicina, conforme demonstrado por uma análise nacional em série temporal conduzida entre 2011 e 2022 (VILLALVA-SERRA et al., 2024; AGUILAR-JIMÉNEZ, J. R. 2024). No contexto pós-pandemia, observa-se que a infraestrutura de diagnóstico molecular rápido, especialmente as plataformas do GeneXpert®, que foi expandida e reorientada para fortalecer o diagnóstico de infecções oportunistas. Inicialmente utilizada em programas federais voltados à tuberculose e amplamente empregada durante a crise da COVID-19, essa tecnologia passou a integrar de forma mais robusta as redes estaduais e municipais de vigilância laboratorial. Relatos de secretarias de saúde indicam que o GeneXpert® se consolidou como a “primeira opção” para o diagnóstico da tuberculose, superando métodos de menor sensibilidade, como a baciloscopia (RIBEIRO R. R et al., 2025; AGUILAR-JIMÉNEZ, J. R. 2024). Vale ressaltar, que essa expansão demonstrou particular relevância no rastreamento da coinfeção TB/HIV, que se confirmam com a implementação desses equipamentos em Centros de Testagem e Aconselhamento (CTA), reforçando o diagnóstico de infecções oportunistas em populações vivendo com HIV (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2024).

A resposta à pandemia de COVID-19 também incluiu o desenvolvimento de testes moleculares PoC, já que a crise sanitária expôs a importância estratégica de tecnologias diagnósticas rápidas e precisas, especialmente em locais com infraestrutura limitada. Nesse contexto, destacou-se o uso de ensaios moleculares isotérmicos, como o RT-LAMP (Amplificação Isotérmica Mediada por Loop com Transcriptase Reversa), frequentemente combinado a métodos inovadores de extração simplificada de RNA, viabilizando a testagem em modelos PoC. O RT-LAMP é uma técnica molecular sensível e específica que viabiliza a detecção direta do RNA viral via amplificação isotérmica, o que dispensa os ciclos térmicos exigidos na PCR tradicional. Por ser rápido, de baixo custo e permitir leitura visual (colorimétrica), ele ganhou notoriedade como uma alternativa eficaz ao RT-qPCR, principalmente em regiões carentes de laboratórios avançados. Sua versatilidade também permite o uso de amostras não invasivas, como a saliva, ampliando sua aplicação em triagens populacionais (YOSHIKAWA G. T et al., 2024).

Os estudos de Yoshikawa G. T. e colaboradores (2024) apresentam o desenvolvimento de um método de teste molecular PoC para COVID-19, que utiliza um dispositivo de extração de RNA baseado em papel filtrante. Este dispositivo, acondicionado em um cassete impresso em 3D com plástico biodegradável, realiza a purificação do material genético viral de forma eficiente e econômica, substituindo etapas complexas que exigiriam centrífugas e reagentes caros. Após a extração, realiza-se um ensaio colorimétrico RT-LAMP que mira três regiões genômicas do SARS-CoV-2. A análise é feita a olho nu, com resultados rosa indicando amostras negativas e amarelo, positivas (cores como laranja foram tidas como inconclusivas e analisadas por um grupo consistente de avaliadores). Esse teste, desenvolvido e validado durante a pandemia, provou ser simples, robusto e consistente, fornecendo resultados de swabs nasofaríngeos ou saliva bruta em até 45 minutos, possibilitando intervenções precoces em diversos ambientes de saúde (Yoshikawa, 2024).

Assim, as aplicações clínicas dessa tecnologia abrangem desde o diagnóstico de casos suspeitos até a vigilância epidemiológica. Segundo Yoshikawa et al (2024), testes com 1.348 amostras clínicas demonstraram alta sensibilidade e especificidade, notadamente em amostras de saliva matinal, reforçando a viabilidade de métodos menos invasivos. Portanto, o impacto dessa abordagem foi significativo já que descentraliza a testagem, democratiza seu acesso e reduz a sobrecarga dos laboratórios centrais (Yoshikawa, 2024). A adoção de soluções PoC como esta representa um novo paradigma na biotecnologia diagnóstica, focado em escalabilidade, rapidez e inclusão, onde simplicidade e eficiência coexistem.

Adicionalmente, os resultados pós-pandemia apontam para a consolidação de dispositivos PoC voltados para outras aplicações, como o monitoramento de condições crônicas. No contexto da diabetes mellitus, a regulamentação da ANVISA (RDC 786/2023 e RDC 978/2025) consolidou a permissão para que farmácias (Serviços Tipo I) realizem exames de triagem, como o monitoramento da hemoglobina glicada (HbA1c), ampliando seu escopo para além da verificação glicêmica tradicional (ANVISA, 2023; SANTOS, K. B. M. et al, 2023; MALTA, D. C. et al, 2022). Por fim, a tecnologia de testes de fluxo lateral (imunocromatografia) também se firmou como a plataforma técnica dominante para a maioria dos exames de triagem descentralizados. Isso engloba não apenas os testes de antígeno e sorológicos para COVID-19, mas também os testes rápidos para HIV, sífilis, hepatites virais e dengue, implementados em larga escala tanto no SUS quanto nas farmácias (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2023).

A pandemia de Covid-19 também estabeleceu um marco de inflexão no uso do sequenciamento genético para o diagnóstico de enfermidades, tanto no Brasil quanto no âmbito global. A urgência em

monitorar a propagação do SARS-CoV-2 e suas variantes serviu como catalisador para investimentos públicos e privados em infraestrutura de sequenciamento de nova geração (NGS). Foi esse movimento que promoveu a integração definitiva dessa tecnologia ao sistema de saúde e à vigilância epidemiológica nacional. Assim, o sequenciamento, que antes era uma ferramenta restrita à pesquisa acadêmica, transformou-se em um instrumento estratégico de diagnóstico, vigilância genômica e inovação tecnológica (FARIA, N. R., et al, 2021).

Com a progressão da pandemia, o sequenciamento de genoma completo (WGS) firmou-se como o método principal para a detecção e o monitoramento das variantes do SARS-CoV-2. Instituições como a Fiocruz, o Instituto Butantan, a USP e a UFMG criaram redes de cooperação para o sequenciamento em larga escala, o que culminou na formação do Consórcio de Vigilância Genômica do SARS-CoV-2 (BRASIL, 2023).

Conforme estudos de Faria, N. R. e colaboradores (2021), essa estrutura foi responsável por sequenciar milhares de amostras em tempo real, viabilizando o rastreamento da introdução e da disseminação de variantes, como a Gama (P.1) e a Ômicron (Linhagem Pango B.1.1.529), em distintas regiões do território nacional. De acordo com Faria, N. R., et al (2021), a utilização do WGS, anteriormente restringida por custos e limitações computacionais, passou a ser rotineiramente incorporada para a caracterização molecular de patógenos respiratórios e emergentes. Essa incorporação resultou em um legado de infraestrutura, qualificação técnica e protocolos de bioinformática, pavimentando o caminho para sua aplicação em outras enfermidades infecciosas, como dengue, zika, Chikungunya e influenza (BRASIL, 2023). Adicionalmente, a experiência adquirida com o SARS-CoV-2 incentivou a criação de bancos de dados genômicos nacionais e de políticas para o compartilhamento de informações, a exemplo das plataformas GISAID e Genoma Brasil, segundo o Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovação (2023).

Já o sequenciamento de exoma (WES) igualmente progrediu de forma considerável no período pós-pandemia, impulsionado pela expansão das plataformas de NGS e pela demanda crescente por diagnósticos genéticos de precisão. No Brasil, instituições hospitalares de referência, como o Albert Einstein e o Hospital das Clínicas da USP, ampliaram a utilização do exoma para o diagnóstico de enfermidades raras e hereditárias complexas, frequentemente associadas a manifestações clínicas similares àquelas vistas em complicações pós-COVID 19. Estudos recentes de Wright, C. F. e colaboradores (2024) indicam que o WES está sendo progressivamente considerado como uma ferramenta de triagem de primeira linha, em substituição a painéis genéticos mais restritos. Dessa forma, a técnica passou a fazer parte de projetos de saúde pública e pesquisa translacional,

fortalecendo o campo da medicina genômica no país. Iniciativas em desenvolvimento, como o Genoma SUS, que têm como objetivo democratizar o acesso a exames genéticos avançados, reflete a expansão do uso do sequenciamento para diagnósticos para além da Covid-19. Segundo a *Portaria GM/MS nº 6.581/2025* (BRASIL, 2025), o Genomas SUS, financiado pelo Ministério da Saúde no contexto do Programa Nacional de Genômica e Saúde Pública de Precisão - Genomas Brasil, tem como um dos seus objetivos gerar e analisar dados de 21 mil genomas completos de brasileiros a serem sequenciados. Esse programa foi criado em 2020 e o sequenciamento genômico pode prever o risco de doenças, permitindo tratamentos mais seguros e eficazes para os pacientes, e emprego de terapias avançadas, como as terapias celulares, gênicas e de tecidos engenheirados à base de células humanas. Integram o Genoma SUS oito centros de pesquisa em seis estados (São Paulo, Minas Gerais, Rio Grande do Sul, Pará, Pernambuco, Goiás), além de dois no Paraná: em Guarapuava, com atividades desenvolvidas na Universidade Estadual do Centro-Oeste (Unicentro), em parceria com o Instituto para Pesquisa do Câncer (Ipec), e em Curitiba, no Instituto Carlos Chagas (ICC) vinculado à FIOCRUZ (BRASIL, 2025).

Durante e após a pandemia, o sequenciamento metagenômico (mNGS) consolidou-se como uma técnica de grande potencial para o diagnóstico diferencial de infecções complexas no Brasil, especialmente em cenários onde os painéis diagnósticos convencionais, sejam sorológicos ou moleculares (RT-qPCR), falham em fornecer uma etiologia clara. Síndromes febris, como a febre hemorrágica viral, representam um desafio particular devido à similaridade de sintomas e ao vasto espectro de patógenos causadores (BRESSAN C. D. S. 2023). Um estudo de Iani e colaboradores (2024), conduzido em Minas Gerais (FUNED), ilustra perfeitamente esse desafio, já que amostras de pacientes com febre hemorrágica, que testaram negativo no painel padrão (DENV, ZIKV, CHIKV, Febre Amarela, entre outras), foram submetidas ao mNGS, que identificou DENV-2 (do novo genótipo Cosmopolita) em um paciente oncológico, cujo diagnóstico inicial havia falhado porque seu teste de IgM foi negativo, levando à sua exclusão dos testes moleculares subsequentes. Da mesma forma, outro estudo focado em surtos de arbovírus em Alagoas (SOUZA, J. V. C. et al., 2022) que analisou amostras de pacientes com histórico clínico compatível, mas cujos resultados de RT-qPCR para DENV, ZIKV e CHIKV foram inconclusivos — um indicativo de possível amplificação ineficiente por PCR— novamente, o mNGS foi capaz de resolver a etiologia, identificando DENV-2 (genótipo Asiático/Americano) e CHIKV (genótipo ECSA) com alta cobertura. Juntos, esses estudos brasileiros reforçam a utilidade da metagenômica como um método potente e imparcial, capaz de identificar agentes infecciosos em amostras complexas, seja superando resultados inconclusos de PCR

ou contornando falhas em algoritmos de diagnóstico padrão, como visto no caso do paciente oncológico (IANI, F. C. M. et al., 2024; SOUZA, J. V. C. et al., 2022).

Considerando o pós-pandemia, um dos desfechos mais notáveis no progresso tecnológico do diagnóstico foi o amadurecimento e a expansão das ferramentas de Inteligência Artificial (IA) direcionadas à radiologia. Durante a crise sanitária, foi desenvolvida a plataforma RadVid19, uma iniciativa colaborativa que envolveu o InovaHC (Hospital das Clínicas da FMUSP), a FIOCRUZ o Colégio Brasileiro de Radiologia (CBR) e empresas do setor de tecnologia (FIOCRUZ, 2023; INOVAHC, 2021; PREFEITURA DE SP, 2020). O resultado dessa iniciativa foi a construção de um dos maiores bancos de dados abertos de imagens radiológicas, incluindo radiografias de tórax e tomografias computadorizadas, da América Latina, com foco em pacientes diagnosticados com COVID-19. Após o término da emergência sanitária, esse vasto acervo de dados converteu-se em um ativo estratégico, em que pesquisadores e *healthtechs* brasileiras começaram a aplicar esse banco de dados para o desenvolver e validar novos algoritmos de IA. Em eventos científicos recentes, como a Jornada Paulista de Radiologia nos anos de 2023 e 2024, foram apresentados os resultados de estudos nacionais. Essas pesquisas aplicam IA, frequentemente treinada com dados do acervo RadVid19, para finalidades que transcendem a própria COVID-19. Com isso, os resultados atuais englobam a detecção de outras patologias pulmonares, tais como nódulos pulmonares (para o rastreamento de câncer), tuberculose e enfisema. Essas condições podem ser identificadas como achados incidentais durante a realização de exames torácicos (BELLANDA, V. C. F. et al., 2025; CARMO D. et al., 2021; NETO M. K. et al., 2020).

Para além da pesquisa, foram documentados resultados de implementação prática. Redes hospitalares no Brasil, abrangendo tanto o SUS quanto a rede privada, começaram a integrar ferramentas de IA em seus Sistemas de Arquivamento e Comunicação de Imagens (PACS). Essas ferramentas passaram a operar na triagem de exames, realizando a classificação automática de exames por ordem de prioridade — identificando, por exemplo, pneumotórax ou AVC — e auxiliando na detecção de achados críticos (CARMO D. et al., 2021; NETO M. K. et al., 2020).

## 6. DISCUSSÕES

A pandemia de COVID-19 evidenciou de forma decisiva as desigualdades regionais no acesso e na capacidade de realização de testes diagnósticos no Brasil. Embora o país tenha apresentado uma rápida expansão da testagem molecular, com redistribuição de reagentes de RT-PCR e ativação de centros de

alta capacidade, essa expansão ocorreu de maneira desigual entre as regiões. Como descreve Barberia L. et al. (2023), a alocação de suprimentos e reagentes pelo Ministério da Saúde não apresentou correlação clara com a incidência local de casos ou óbitos, demonstrando fragilidades na coordenação centralizada e na definição de critérios técnicos para distribuição de recursos. Apesar da existência de uma rede de laboratórios públicos consolidada, estruturada em níveis nacional, estadual e municipal, as desigualdades históricas de infraestrutura e de capacitação técnica persistiram durante a pandemia (BARBERIA L. et al. 2023; PEREIRA C. C. A. et al. 2021; MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2021). Por conta disso, as regiões com maior concentração de universidades públicas e centros de pesquisa — notadamente o Sudeste e o Sul — apresentaram maior capacidade de processamento e qualificação para realizar testes moleculares, enquanto o Norte e o Centro-Oeste permaneceram com menor cobertura diagnóstica. De acordo com Barberia L. et al. (2023), o Sudeste concentrava aproximadamente 53,9% das universidades públicas brasileiras, contrastando com apenas 7,6% no Norte e 7,2% no Centro-Oeste, refletindo uma desigualdade estrutural na distribuição da infraestrutura científica.

Além disso, essas disparidades impactaram diretamente a vigilância epidemiológica e a emissão de relatórios diagnósticos, resultando em atrasos no monitoramento da disseminação do SARS-CoV-2 nas regiões menos desenvolvidas (Fundação Oswaldo Cruz, 2022). Em concordância com observações de outros autores, a limitação da capacidade laboratorial e da oferta de insumos comprometeu a detecção precoce de surtos e a tomada de decisão em nível local (KAMEDA, K. et al. 2021). Essa situação é consistente com o cenário global descrito pela OMS, em que países e regiões com menor poder econômico e menor capacidade tecnológica realizaram proporcionalmente menos testes — apenas 0,4% dos testes globais de COVID-19 ocorreram em países de baixa renda (OMS, 2021).

Vale ressaltar que, a introdução dos testes rápidos de antígeno, embora tenha proporcionado maior agilidade e menor custo por teste, acabou reduzindo o foco nos testes moleculares e na vigilância genômica (BARBERIA L. et al. 2023). Desse modo, a partir de 2021, observou-se uma diminuição dos esforços de testagem molecular no sistema público, enfraquecendo a capacidade de rastreamento e acompanhamento de variantes virais. Esse processo contribuiu para ampliar as desigualdades regionais, uma vez que os laboratórios com menor infraestrutura permaneceram dependentes dos centros de referência localizados em regiões mais desenvolvidas (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2022).

De forma geral, relata Barberia L. e seus colaboradores que a experiência brasileira durante as três primeiras ondas da pandemia reforça que a simples disponibilidade tecnológica não garante equidade diagnóstica. A ausência de uma coordenação estratégica eficaz e de mecanismos de redistribuição

equitativa de recursos laboratoriais contribuiu para perpetuar as disparidades regionais (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2021). Mesmo com um sistema de saúde universal e uma rede laboratorial prévia, a capacidade de resposta do Brasil foi limitada por fatores estruturais, logísticos e administrativos. Assim, conforme concluem Barberia L. et al. (2023), o Brasil apresentava capacidade nominal para desenvolver e expandir rapidamente os testes moleculares de RT-PCR, mas enfrentou sérios obstáculos para sustentar níveis adequados de testagem durante uma emergência prolongada. As desigualdades regionais em infraestrutura e acesso à tecnologia diagnóstica comprometeram a efetividade da vigilância epidemiológica e demonstraram a necessidade de políticas públicas voltadas à descentralização tecnológica e ao fortalecimento dos laboratórios regionais, de modo a reduzir as assimetrias na resposta a emergências sanitárias (FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ, 2022; MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2022).

O debate acerca da implementação de novas tecnologias diagnósticas, tais como a Inteligência Artificial e os testes PoC, adquire maior clareza quando contrastado com as diretrizes governamentais e o cenário epidemiológico real do Brasil após a pandemia. Esse período não somente apresentou desafios inéditos, como a "tripledeemia" (COVID-19, Influenza e RSV) (InfoGripe/Fiocruz, 2024; SILVA D. et al. 2022), mas também agravou crises sanitárias preexistentes, em consequência da interrupção dos serviços de atenção primária (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2025).

As diretrizes recentes do Ministério da Saúde (2025) espelham essa complexidade. No âmbito das enfermidades respiratórias, observa-se um esforço para unificar a vigilância dos vírus agudos e, concomitantemente, estruturar a Rede de Atenção à Saúde (RAS) para patologias crônicas, como a DPOC, que demanda exames funcionais como a espirometria. Como a a vigilância de doenças respiratórias foi, de fato, reconfigurada, a unificação dos dados no SIVEP-Gripe e o monitoramento pelo InfoGripe/Fiocruz permitiram identificar a "tripledeemia" como um desafio sazonal nacional. No entanto, esse avanço tecnológico na vigilância de vírus agudos contrasta com o legado da disrupção pandêmica: o colapso sanitário no Norte (Manaus, 2021) e a subnotificação da Tuberculose (Boletim, 2023) na mesma região e no Nordeste representam uma crise de diagnóstico tardio iminente, apesar da existência de tecnologias como o GeneXpert. É neste ponto que o legado pandêmico se divide: enquanto a vigilância de vírus agudos foi favorecida pelo aumento dos testes rápidos (PoC) e pela análise preditiva, o diagnóstico de afecções crônicas e sequelas pulmonares permanece dependente da superação das desigualdades estruturais no acesso a exames funcionais e de imagem (KOCK & COSTA, 2019). É nesse último cenário que a IA emerge como um instrumento para otimizar os escassos recursos de radiologia (BARROS et al., 2021).

Contudo, é no combate às arboviroses que a lacuna entre as diretrizes e a realidade se revela mais crítica. Embora as normativas nacionais (Ministério da Saúde, 2023; 2025) e estaduais (SESAB, 2024) especificam fluxos baseados em RT-PCR (para a fase aguda) e sorologia (para a fase convalescente), o país experienciou a pior epidemia de dengue de sua história em 2024, atingindo 5 milhões de casos em cinco meses, que teve seu epicentro no Sudeste (Minas Gerais e São Paulo) e no Centro-Oeste (Distrito Federal e Goiás), mas demonstrou uma mudança geográfica drástica ao atingir o Sul (especialmente o Paraná) com taxas de incidência altíssimas. Isso ocorreu em paralelo a surtos severos de Chikungunya no Nordeste (Piauí e Ceará em 2023), ilustrando a falha do sistema em lidar com a co-circulação de múltiplos vírus, conforme apontado pelos Boletins de Arboviroses (2024). Segundo estudos de Sena e colaboradores (2024) a escassez de opções de diagnóstico rápido no ponto de atendimento no SUS, a circulação simultânea dos quatro sorotipos de DENV e a elevada taxa de coinfeções com Zika e Chikungunya não estão sendo devidamente registradas. Com isso, a forte dependência da detecção de IgM, um marcador transitório, e a carência de testes IgG para o mapeamento do perfil imunológico populacional, expõem uma defasagem tecnológica que os testes rápidos de antígeno/anticorpo, já acessíveis no setor privado, poderiam atenuar (SENA et al., 2024; RIBEIRO V. S. T., et al. 2020).

Adicionalmente, publicações oficiais salientam a necessidade de integrar o diagnóstico laboratorial à vigilância entomológica e ao monitoramento epidemiológico, visando possibilitar a detecção antecipada de surtos e a adoção de medidas de controle mais eficazes (Ministério da Saúde, 2025). Apesar dos avanços, as Diretrizes Nacionais para Prevenção e Controle das Arboviroses Urbanas (Ministério da Saúde, 2025) admitem que o diagnóstico clínico das arboviroses no Brasil continua a enfrentar obstáculos significativos. Isso se deve, em especial, à sobreposição sintomática e ao acesso restrito a exames moleculares em certas localidades. Tal dificuldade reitera a importância de estratégias integradas de vigilância e diagnóstico, que associem as análises clínica, laboratorial e epidemiológica, a fim de assegurar maior acurácia na detecção e no controle dessas doenças em todo o país, conforme corrobora Sena et al. (2024).

Da mesma forma, as diretrizes voltadas às ISTs evoluíram para o conceito de "Prevenção Combinada" (**Figura 2**) (BRASIL, 2022), que estabelece a testagem regular como pilar central., ou seja, uma das mudanças mais significativas observadas é a transição gradual de uma abordagem puramente sindrômica — que trata com base em sinais e sintomas, como corrimentos ou úlceras — para uma abordagem que prioriza o diagnóstico etiológico, isto é, a identificação do agente causador específico da infecção. No entanto, a efetividade dessa estratégia é comprometida por deficiências

estruturais no diagnóstico. A subnotificação maciça de sífilis gestacional, com ênfase nas regiões Norte e Nordeste (OLIVEIRA G. L. et al, 2023), e a elevada concentração de sífilis adquirida nessas mesmas localidades (Serrão F. S., et al. 2024), expõem que o acesso ao diagnóstico no ponto de atendimento não está atingindo as populações mais vulneráveis, o que perpetua o ciclo da sífilis congênita. Essa situação é confirmada por pesquisas focadas na Doença Avançada pelo HIV (DAH), já que estudos de Pasqualotto A. C. (2025) e Oliveira, G. L. (2023) no contexto brasileiro evidenciam que, apesar da universalidade do acesso à Terapia Antirretroviral (TARV), a mortalidade decorrente de infecções oportunistas ainda persiste. As pesquisas concluem que a incorporação de testes PoC para criptococose, histoplasmose e tuberculose (a exemplo do GeneXpert) na rotina do programa de HIV otimiza significativamente a capacidade diagnóstica e diminui a mortalidade.

Portanto, apesar de todo avanço nas tecnologias de diagnóstico no país após a pandemia, principalmente focada na vigilância e diagnóstico molecular respiratório impulsionado pela COVID-19 (Barberia L. et al. 2023), ainda existe uma carência visível na implementação tecnológica para arboviroses e ISTs (Sena B. F., 2024; Nobre T. F. et al. 2025; Oliveira G. L. et al, 2023). Vale ressaltar que, as diretrizes ministeriais atualizadas (Ministério da Saúde, 2023; 2025) são claras em seus objetivos, porém são os dados epidemiológicos que demonstram: sem a implementação equitativa de tecnologias PoC e moleculares o país continuará a sofrer com diagnósticos tardios, subnotificação e falhas na vigilância, perpetuando o ciclo de desigualdade em saúde (Pan American Health Organization, 2023).



**Figura 2.** Mandala da Prevenção Combinada.

**Legenda.** O termo “Prevenção Combinada” remete ao conjunto de diferentes ações para prevenção às IST, HIV, hepatites virais e seus fatores associados, combinando intervenções biomédica, comportamental e estrutural (marcos legais), aplicadas ao âmbito individual e coletivo. Essa mandala representa a combinação e a ideia de movimento de algumas das diferentes estratégias de prevenção, em que não há hierarquização entre as estratégias, sendo centrada nas pessoas, nos grupos a que elas pertencem e na sociedade em que estão inseridas, considerando as especificidades dos sujeitos e dos seus contextos.

**Fonte:** Brasil (2022, p. [21]).

## 7. CONCLUSÃO

Este trabalho teve como objetivo analisar a evolução das tecnologias de diagnóstico no Brasil, tendo como marco transformador a pandemia de COVID-19. A emergência do SARS-CoV-2, em 2020, expôs fragilidades históricas na capacidade diagnóstica nacional e, ao mesmo tempo, catalisou uma série de inovações científicas, regulatórias e produtivas. Assim como observado em outras crises sanitárias ao longo da história (CASADEVALL, A. 2024), o contexto pandêmico acelerou o desenvolvimento de métodos laboratoriais, a digitalização de fluxos clínicos e a incorporação de novas

tecnologias no sistema de saúde público e privado, reposicionando o diagnóstico como eixo central das políticas de controle epidemiológico (Souza A. R., 2021; Magno L. et al., 2020).

Dessa forma, os resultados deste estudo apontam que o legado da pandemia é duplo: uma revolução tecnológica-regulatória e uma mudança cultural na percepção social sobre o diagnóstico. Assim, a criação de normas da Anvisa (RDC 786/2023; RDC 978/2025) consolidou a descentralização dos testes, permitindo que farmácias se tornassem polos de testagem rápida. Simultaneamente, o avanço da Inteligência Artificial aplicada à radiologia — como demonstrado na plataforma RadVid19 — evidenciou o potencial da integração entre análise de dados e saúde pública. Em paralelo, a percepção social mudou, já que o diagnóstico deixou de ser visto apenas como confirmação de doença e passou a ser valorizado como ferramenta de prevenção, vigilância e autonomia do paciente (Ministério da Saúde, 2025).

Entretanto, a análise crítica das evidências revela que o progresso tecnológico não foi acompanhado de uma democratização estrutural. As melhorias em pesquisa, testagem molecular e automação laboratorial foram distribuídas de forma desigual entre as regiões do país (NOBRE T. F. et al., 2025; SERRÃO F. S. et al., 2024; SENA B. F. 2024; Oliveira G. L et al., 2023; BARBERIA L. et al., 2023). Com isso, o contraste entre centros urbanos altamente equipados e municípios com infraestrutura precária ilustra o chamado “apartheid tecnológico”, como nomeia Kock & Costa (2019), ilustrando como o acesso à inovação depende mais da geografia e da renda do que da necessidade epidemiológica, como por exemplo, o avanço da IA do Sudeste colidindo com a escassez de tomógrafos nas regiões Norte e Nordeste.

Essa desigualdade se torna ainda mais evidente quando confrontada com o panorama das doenças analisadas. Como relatado por Sena et al. (2024), a maior epidemia de dengue da história brasileira (2024) ocorreu sob escassez de testes rápidos disponíveis no SUS, e os esforços para eliminar a sífilis congênita e reduzir a mortalidade por Doença Avançada pelo HIV são frustradas pela subnotificação e pela falha em implementar testes PoC e moleculares que já demonstraram salvar vidas (PASQUALOTTO A.C., 2025). Vale ressaltar que mesmo com diretrizes atualizadas e estratégias avançadas, como a “Prevenção Combinada” presente no atual protocolo clínico para pessoas com IST (BRASIL, 2022) e os protocolos revisados para arboviroses (Ministério da Saúde, 2025), a infraestrutura diagnóstica pública, fora do papel, segue insuficiente.

Desse modo, a principal reflexão que surge é que a inovação diagnóstica só cumpre sua função social quando alcança quem mais precisa dela. A pandemia demonstrou a capacidade científica e produtiva do Brasil, mas também expôs a dependência tecnológica, pois a fabricação de produtos e

insumos exige a importação de outros países em vez de uma fabricação nacional. Provavelmente, essa diferença se explica pelo financiamento relativamente baixo para projetos de pesquisa, desenvolvimento e inovação, o que acaba deixando o país dependente do mercado internacional e a ausência de políticas sustentáveis de investimento e distribuição (VEDOVA-COSTA J. M. D. et al, 2021). O desafio contemporâneo não é mais inventar novas tecnologias, mas assegurar sua implementação equitativa, com políticas de Estado que integrem ciência, indústria e saúde pública, de modo sustentável (LOPES, C. B. et al. 2021).

Portanto, conclui-se que a COVID-19 foi um marco de inflexão na história do diagnóstico brasileiro. O país avançou em capacidade técnica, regulação e percepção social, mas ainda enfrenta barreiras estruturais que impedem que essas conquistas se traduzam em justiça sanitária. A sustentabilidade da inovação e a autossuficiência nacional são cruciais, mas sem políticas públicas ativas que utilizem essas novas tecnologias para corrigir as desigualdades regionais e estruturais, o Brasil terá consolidado um sistema de diagnóstico de ponta para alguns, enquanto perpetua a subnotificação e a mortalidade evitável para a maioria. A consolidação de um sistema de diagnóstico inclusivo, sustentável e autossuficiente é, portanto, não apenas um imperativo técnico, mas um compromisso ético e civilizatório com a saúde pública brasileira. Por isso, o verdadeiro legado da pandemia não reside apenas na tecnologia, mas na consciência de que o acesso ao diagnóstico é um direito e um instrumento de equidade.

## 8. BIBLIOGRAFIA

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE MEDICINA DIAGNÓSTICA (ABRAMED). Pandemia de COVID-19 movimentando mercado de biologia molecular. **Abramed**, 26 ago. 2020. Disponível em: <https://abramed.org.br/1780/pandemia-de-covid-19-movimentando-mercado-de-biologia-molecular/>. Acesso em: 14 jul. 2025.

AGUILAR-JIMÉNEZ, J. R. et al. How has the municipal availability of the GeneXpert®MTB/RIF system affected the detection of drug-resistant tuberculosis in Brazil?. **Tropical Medicine & International Health**, [S.l.], v. 29, n. 1, p. 57-62, jan. 2024. DOI: 10.1111/tmi.13945. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37919228/>. Acesso em: 5 out. 2025.

ALVAREZ-MORENO, C. A. et al. Differential Diagnosis in the Management of Acute Respiratory Infections through Point-of-Care Rapid Testing in a Post-Pandemic Scenario in Latin America: special

focus on COVID-19, Influenza, and Respiratory Syncytial Virus. **COVID**, Basel, v. 4, n. 2, p. 221-260, Feb. 2024. DOI: 10.3390/covid4020016. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2673-8112/4/2/16>. Acesso em: 7 de jun. 2025.

BARROS, J. A. et al. Inteligência artificial na radiologia: aplicações e impactos na ressonância magnética e tomografia computadorizada. **Revista Científica Cleber Leite**, [S.l.], v. 2, n. 1, p. e0292025, 2024. DOI: 10.48051/2965.4513reccl.v2i1.29. Disponível em: <https://reccl.com/index.php/123/article/view/29>. Acesso em: 22 set. 2025.

BELLANDA, V. C. F.; MEDEIROS, A. S.; FERRAZ, D. A. Transformando a saúde brasileira com IA: progresso e perspectivas futuras. **Discovery Health Systems**, [S.l.], v. 4, p. 47, 2025. DOI: 10.1007/s44250-025-00227-5. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s44250-025-00227-5>. Acesso em: 19 ago. 2025.

BOEHME, C. C. et al. Rapid molecular detection of tuberculosis and rifampin resistance. **New England Journal of Medicine**, [S.l.], v. 363, n. 11, p. 1005–1015, 2010. DOI: 10.1056/NEJMoa0907847. Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/nejmoa0907847>. Acesso em: 30 jun. 2025.

BRASIL. Instituto Nacional da Propriedade Industrial (INPI). **Testes para Diagnóstico**. (Boletim de Tecnologias para COVID-19). Brasília: INPI, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/inpi/pt-br/servicos/patentes/tecnologias-para-covid-19/Diagnostico>. Acesso em: 11 out. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Diagnóstico laboratorial de doenças sexualmente transmissíveis, incluindo o vírus da imunodeficiência humana**. Brasília: Ministério da Saúde, 2013. Disponível em: [https://bvsm.s.saude.gov.br/bvs/publicacoes/diagnostico\\_laboratorial\\_doencas\\_sexualmente\\_transmissiveis.pdf](https://bvsm.s.saude.gov.br/bvs/publicacoes/diagnostico_laboratorial_doencas_sexualmente_transmissiveis.pdf). Acesso em: 8 jul. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Protocolo Clínico e Diretrizes Terapêuticas para Atenção Integral às Pessoas com Infecções Sexualmente Transmissíveis (IST)**. Brasília: Ministério da Saúde, 2020. Disponível em: [https://bvsm.s.saude.gov.br/bvs/publicacoes/pcdt\\_atencao\\_integral\\_pessoas\\_infecoes\\_sexualmente\\_transmissiveis.pdf](https://bvsm.s.saude.gov.br/bvs/publicacoes/pcdt_atencao_integral_pessoas_infecoes_sexualmente_transmissiveis.pdf). Acesso em: 15 ago. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Guia para diagnóstico laboratorial em saúde pública**. Brasília: Ministério da Saúde, 2021. (Referente a Rede Nacional de Laboratórios de Saúde Pública - RELAB). Disponível em: [https://bvsmis.saude.gov.br/bvs/publicacoes/guia\\_laboratorial\\_sistema\\_nacional.pdf](https://bvsmis.saude.gov.br/bvs/publicacoes/guia_laboratorial_sistema_nacional.pdf). Acesso em: 29 out. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Painel COVID-19: Evolução da testagem e vigilância genômica no SUS**. Brasília: MS, 2022. Disponível em: [Inserir URL do Painel]. Acesso em: 3 set. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Protocolo Clínico e Diretrizes Terapêuticas para Prevenção da Transmissão Vertical do HIV, Sífilis e Hepatites Virais**. Brasília: Ministério da Saúde, 2022. Disponível em: <https://portaldeboaspraticas.iff.fiocruz.br/biblioteca/pcdt-2022-transmissao-vertical-do-hiv-sifilis-e-hepatites-virais/>. Acesso em: 18 jun. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Manual de recomendações para o controle da tuberculose no Brasil**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2023. Disponível em <https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/svsa/tuberculose/manual-de-recomendacoes-e-controle-da-tuberculose-no-brasil-2a-ed.pdf/view>. Acesso em: 25 jul. 2025.

BRESSAN, C. D. S. **Desafios no diagnóstico de doenças febris em centro nacional de doenças infecciosas no RJ** [Título provável: Challenges of acute febrile illness diagnosis in a national infectious diseases center in Rio de Janeiro: 16-year experience of syndromic surveillance]. 2023. Tese (Doutorado em Pesquisa Clínica em Doenças Infecciosas) – Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Nacional de Infectologia Evandro Chagas, Rio de Janeiro, 2023. Disponível em: [https://www.oasisbr.ibict.br/vufind/Record/BR\\_43801\\_131103](https://www.oasisbr.ibict.br/vufind/Record/BR_43801_131103). Acesso em: 12 ago. 2025.

CARMO, D. et al. Rapidly deploying a COVID-19 decision support system in one of the largest Brazilian hospitals. **Health Informatics Journal**, [S.l.], v. 27, n. 3, 2021. DOI: 10.1177/14604582211033017. Disponível em: <https://journals.sagepub.com/doi/10.1177/14604582211033017>. Acesso em: 4 ago. 2025.

CEPHEID. **GeneXpert® System and Xpert® MTB/RIF Assay – Product Information**. Sunnyvale, CA: Cepheid, 2023. Disponível em: <https://www.cepheid.com>. Acesso em: 28 out. 2025.

CHIU, C. Y.; MILLER, S. A. Clinical metagenomic next-generation sequencing for pathogen detection. **Annual Review of Pathology: Mechanisms of Disease**, [S.l.], v. 14, p. 319–338, 2019.

DOI: 10.1146/annurev-pathmechdis-012418-012851. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6345613/>. Acesso em: 9 jun. 2025.

EVERTON, Ingrid et al. **Manejo clínico e diagnóstico das arboviroses: impactos para a população brasileira**. [S.l.]: [s.n.], 2024. DOI: 10.70353/edufor.repos.0015. Disponível em: <https://doi.org/10.70353/edufor.repos.0015>. Acesso em: 30 set. 2025.

FARIA, N. R. et al. Genomics and epidemiology of the P.1 SARS-CoV-2 lineage in Manaus, Brazil. **Science**, [S.l.], v. 372, n. 6544, p. 815–821, 21 mai. 2021. DOI: 10.1126/science.abh2644. Disponível em: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abh2644>. Acesso em: 2 out. 2025.

Ferreira G.M. et al. Molecular characterization and sequencing analysis of SARS-CoV-2 genome in Minas Gerais, Brazil. **Biologicals**. 2022 Oct;80:43-52. doi: 10.1016/j.biologicals.2022.08.001. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36175304/>. Acesso em: 5 dez. 2025.

FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ (FIOCRUZ). **Boletim Observatório COVID-19: desigualdades regionais e testagem diagnóstica no Brasil**. Rio de Janeiro: Fiocruz, 2022. Disponível em: <https://fiocruz.br/observatorio-covid-19>. Acesso em: 17 set. 2025.

HUANG, Chaolin et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. **The Lancet**, [S.l.], v. 395, p. 497-506, fev. 2020. DOI: 10.1016/S0140-6736(20)30183-5. Disponível em: [https://www.thelancet.com/article/S0140-6736\(20\)30183-5/fulltext](https://www.thelancet.com/article/S0140-6736(20)30183-5/fulltext). Acesso em: 21 jun. 2025.

IANI, F. C. M. et al. Metagenomic Analysis for Hemorrhagic Fever Diagnosis in Minas Gerais, Brazil. **Microorganisms**, [S.l.], v. 12, n. 4, p. 769, 2024. DOI: 10.3390/microorganisms12040769. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2607/12/4/769>. Acesso em: 21 jul. 2025.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Pesquisa Nacional por Amostra de Domicílios Contínua: Educação 2021**. Rio de Janeiro: IBGE, 2022. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/sociais/educacao/17270-pnad-continua.html%3Feducacao%3D34870>. Acesso em: 10 out. 2025.

KAMEDA, K. et al. A testagem para COVID-19 no Brasil: esforços fragmentados e desafios para ampliar a capacidade diagnóstica no Sistema Único de Saúde. **Cadernos de Saúde Pública**, [S.l.], v. 37, n. 3, p. e00277420, 2021. DOI: 10.1590/0102-311X00277420. Disponível em: <https://www.scielosp.org/article/csp/2021.v37n3/e00277420/>. Acesso em: 27 ago. 2025.

KOCK, K. S.; COSTA, R. S. A. Distribuição de equipamentos de diagnóstico por imagem no Brasil, estados brasileiros e unidade federativa: séries temporais e comparação com renda per capita. **Tempus, Actas de Saúde Coletiva**, Brasília, v. 13, n. 2, p. 250-264, 2019. DOI: 10.18569/tempus.v13i2.2036. Disponível em: <https://tempus.unb.br/index.php/tempus/article/view/2036>. Acesso em: 14 jun. 2025.

LABTEST. Atualizações no diagnóstico molecular da COVID-19. **Labtest Blog**, 07 out. 2021. Disponível em: <https://labtest.com.br/blog/atualizacoes-no-diagnostico-molecular-da-covid-19-2/>. Acesso em: 6 ago. 2025.

LEFTEROVA, M. I. et al. The diagnosis of infectious diseases by whole genome next generation sequencing: a new era is opening. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, [S.l.], v. 4, p. 25, 2014. DOI: 10.3389/fcimb.2014.00025. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fcimb.2014.00025/full>. Acesso em: 19 set. 2025.

LI, Y. et al. Metagenomic sequencing in the ICU for precision diagnosis of critical infectious illnesses. **Critical Care**, [S.l.], v. 27, p. 43, 2023. DOI: 10.1186/s13054-023-04321-4. Disponível em: <https://ccforum.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13054-023-04321-4>. Acesso em: 5 jul. 2025.

LICÍNIO, C. O. L. et al. The use of real time PCR for arboviruses diagnostics: integrative review. **Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial**, Rio de Janeiro, v. 57, p. e2882021, 2021. DOI: 10.5935/1676-2444.20210034. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/jbpm/a/K8wzPZtCqJ6mP4Wq5Zf8YmC/>. Acesso em: 11 jul. 2025.

LOPES, C. B. et al. Análise dos gastos com diagnóstico por imagem no Brasil. **Cadernos de Saúde Coletiva**, [S.l.], v. 29, n. 3, p. e29030397, 2021. DOI: 10.1590/1414-462X202129030397. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cadsc/a/StHFDS8s6nrsgKrpZKtGr9x/>. Acesso em: 28 jun. 2025.

MALTA, D. C. et al. Indicadores da linha de cuidado de pessoas com diabetes no Brasil: Pesquisa Nacional de Saúde 2013 e 2019. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, Brasília, v. 31, n. esp. 1, p. e2021382, 2022. DOI: 10.1590/ss2237-9622202200011.especial. Disponível em: [http://scielo.iec.gov.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1679-49742022000500312](http://scielo.iec.gov.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1679-49742022000500312). Acesso em: 23 ago. 2025.

MELLO, M. A. R. O diagnóstico laboratorial da COVID-19. **Revista Uningá**, [S.l.], v. 58, p. eUningá3612, 2021. DOI: 10.46311/2318-0579.58.eUningá3612. Disponível em: <https://revista.uninga.br/uninga/article/view/3612>. Acesso em: 10 set. 2025.

MENÊSES, M. S. L.; TORALLES, M. B. P.; MENDES, C. M. C. Evolução da técnica de PCR: sua contribuição no diagnóstico da infecção por HPV. **Revista de Ciências Médicas e Biológicas**, Salvador, v. 18, n. 3, p. 361-366, set./dez. 2019. DOI: 10.9771/cmbio.v18i3.29857. Disponível em: <https://portalseer.ufba.br/index.php/cmbio/article/view/29857>. Acesso em: 17 jul. 2025.

NASCIMENTO, B. C. et al. Os impactos da pandemia da COVID-19 no diagnóstico e tratamento da tuberculose. **Revista Eletrônica Acervo Saúde**, [S.l.], v. 23, n. 8, p. e13033, ago. 2023. DOI: 10.25248/reas.e13033.2023. Disponível em: <https://acervomais.com.br/index.php/saude/article/view/13033>. Acesso em: 29 ago. 2025.

NOBRE, T. F. et al. Seroprevalence of dengue, Zika, and chikungunya in São Sebastião, Brazil (2020–2021): a population-based survey. **BMC Infectious Diseases**, [S.l.], v. 25, n. 1, p. 129, 2024. DOI: 10.1186/s12879-025-10516-2. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39871200/>. Acesso em: 7 set. 2025.

OLIVEIRA, G. L. et al. Estimating the real burden of gestational syphilis in Brazil, 2007–2018: a Bayesian modeling study. **The Lancet Regional Health - Americas**, [S.l.], v. 24, p. 100564, ago. 2023. DOI: 10.1016/j.lana.2023.100564. Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/lanam/article/PIIS2667-193X\(23\)00115-3/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lanam/article/PIIS2667-193X(23)00115-3/fulltext). Acesso em: 3 jul. 2025.

PAN AMERICAN HEALTH ORGANIZATION (PAHO). **Recommendations for Laboratory Detection and Diagnosis of Arbovirus Infections in the Region of the Americas**. Washington, D.C.: PAHO, 2023. DOI: 10.37774/9789275125878. Disponível em: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/57253>. Acesso em: 26 out. 2025.

PASQUALOTTO, A. C. et al. Impact of the introduction of a package of care involving early detection of opportunistic infections, a prospective multicenter cohort study of people living with HIV/AIDS in Brazil. **The Lancet Regional Health - Americas**, [S.l.], v. 45, p. 101085, abr. 2025. DOI: 10.1016/j.lana.2025.101085. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.lana.2025.101085>. Acesso em: 1 jun. 2025.

PINTO, Y. V.; GONTIJO, R. M. G.; FERREIRA, A. V. Medical imaging technologies applied to the COVID-19 context. **Brazilian Journal of Radiation Sciences**, [S.l.], v. 10, n. 4, 2022. DOI: 10.15392/bjrs.v10i4.1950. Disponível em:

<https://www.redalyc.org/articulo.oa%3Fid%3D722277896012>. Acesso em: 8 ago. 2025.

PROGRAMA NACIONAL DE CONTROLE DE QUALIDADE (PNCQ). Tabela do SUS alterada inclui exames do Coronavírus. **PNCQ**, 22 mai. 2020. Disponível em: <https://pncq.org.br/tabela-do-sus-alterada-inclui-exames-do-coronavirus/>. Acesso em: 20 jul. 2025.

RIBEIRO, R. R. et al. Repercussão da pandemia da COVID-19 nas ações de controle da tuberculose na atenção primária à saúde: revisão de escopo. **Ciência & Saúde Coletiva**, [S.l.], v. 30, n. 7, p. e00992024, 2025. DOI: 10.1590/1413-81232025307.00992024. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1413-81232025307.00992024>. Acesso em: 28 out. 2025.

RIBEIRO, V. S. T.; TELLES, J. P.; TUON, F. F. Arboviral diseases and COVID-19 in Brazil: Concerns regarding climatic, sanitation, and endemic scenario. **Journal of Medical Virology**, [S.l.], v. 92, n. 11, p. 2390-2391, nov. 2020. DOI: 10.1002/jmv.26079. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32462677/>. Acesso em: 5 set. 2025.

SANTOS, Erimar Portela dos; SANTOS, Viviane Marinho dos. Criptococose em indivíduos com HIV/AIDS: perfil epidemiológico, prevalência e implicações clínicas. **Revista Foco Interdisciplinary Studies**, São Luís, v. 18, n. 9, p. e176, 2025. DOI: 10.54751/revistafoco.v18n9-176. Disponível em: <https://doi.org/10.54751/revistafoco.v18n9-176>. Acesso em: 13 jul. 2025.

SAVAGE, S. A.; ALTER, B. P.; CHANOCK, S. J. Diagnostics of rare disorders: whole-exome sequencing deciphering locus heterogeneity in telomere biology disorders. **Orphanet Journal of Rare Diseases**, [S.l.], v. 13, p. 64, 2018. DOI: 10.1186/s13023-018-0808-x. Disponível em: <https://ojrd.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13023-018-0808-x>. Acesso em: 24 jun. 2025.

SENA, B. F.; HERRERA, B. B.; MARTINS, D. B. G. Advancing arbovirus diagnosis in Brazil: strengthening diagnostic strategies and public health data collection. **Brazilian Journal of Infectious Diseases**, [S.l.], v. 28, p. 103766, 2024. DOI: 10.1016/j.bjid.2024.103766. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S141386702400030X>. Acesso em: 16 jul. 2025.

SERRÃO, F. S.; SILVA, M. S. C.; LEITE, D. S. Epidemiological profile of acquired syphilis in the northern region of Brazil from 2011 to 2021. **Revista de Ciências da Saúde Nova Esperança**, [S.l.],

v. 22, n. 2, p. 154-163, 2024. DOI: 10.17695/rcsne.vol22.n2.p154-163. Disponível em: <https://rcsne.com.br/index.php/RCSNE/article/view/1004>. Acesso em: 29 jul. 2025.

SILVA DE SOUZA, S.; MARINHO DOS SANTOS, V. O Impacto das Infecções Sexuais na Saúde dos Adolescentes. **Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences**, [S.l.], v. 6, n. 10, p. 2305-2319, 2024. DOI: 10.36557/2674-8169.2024v6n10p2305-2319. Disponível em: <https://doi.org/10.36557/2674-8169.2024v6n10p2305-2319>. Acesso em: 22 jun. 2025.

SILVA, R. F. et al. Challenges and recommendations to increasing the use of exome sequencing and whole genome sequencing for diagnosing rare diseases in Brazil: an expert perspective. **International Journal for Equity in Health**, [S.l.], v. 22, p. 18, 2023. DOI: 10.1186/s12939-023-01826-4. Disponível em: <https://equityhealthj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12939-023-01826-4>. Acesso em: 1 out. 2025.

SOUZA, Alex Sandro Rolland et al. Aspectos gerais da pandemia de COVID-19. **Revista Brasileira de Saúde Materno Infantil**, Recife, v. 21 (Supl. 1), p. S47-S64, fev. 2021. DOI: 10.1590/1806-9304202100S100004. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbsmi/a/8phGbzmbSsynCQRWjpXJL9m/?lang=pt&format=pdf>. Acesso em: 21 jun. 2025.

SOUZA, J. M. S. et al. Severe acute respiratory syndrome and COVID-19 under the hierarchy of the urban network of municipalities in the state of Acre, western Brazilian Amazon region, 2020-2021: a cross-sectional study. **Sao Paulo Medical Journal**, São Paulo, v. 140, n. 3, p. e20210711, 2022. DOI: 10.1590/1516-3180.2021.0711.r1.20122021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/spmj/a/dvm93h7jfKffwXcVZwr9ZyN/>. Acesso em: 10 ago. 2025.

SOUZA, J. V. C. et al. Viral Metagenomics for the Identification of Emerging Infections in Clinical Samples with Inconclusive Viral Amplification of Dengue, Zika, and Chikungunya. **Viruses**, [S.l.], v. 14, n. 9, p. 1933, 2022. DOI: 10.3390/v14091933. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1999-4915/14/9/1933>. Acesso em: 30 ago. 2025.

VEDOVA-COSTA, Jaqueline Maria De et al. A Review on COVID-19 Diagnosis Tests Approved for Use in Brazil and the Impact on Pandemic Control. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, [S.l.], v. 64, p. e21210023, 2021. DOI: 10.1590/1678-4324-2021210023. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/babt/a/Dv69YpJgvgymMmnk5VMZfvy/>. Acesso em: 15 jun. 2025.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). **Policy statement: automated real-time nucleic acid amplification technology for rapid and simultaneous detection of tuberculosis and rifampicin resistance: Xpert MTB/RIF system.** Geneva: WHO, 2010. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789241501545>. Acesso em: 7 jun. 2025.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). **ACT-Accelerator Diagnostics Partnership Progress Report.** Geneva: WHO, 2021. Disponível em: <https://www.who.int/publications/m/item/act-accelerator-outcomes-report--2020-22>. Acesso em: 25 out. 2025.

WRIGHT, C. F. et al. Genome sequencing as a generic diagnostic strategy for rare disease. **Genome Medicine**, [S.l.], v. 16, p. 101, 2024. DOI: 10.1186/s13073-024-01384-y. Disponível em: <https://genomemedicine.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13073-024-01384-y>. Acesso em: 12 out. 2025.