



Contents

- 63 Strengthening genomic surveillance capacity for epidemic-prone pathogens by training personnel from public health laboratories in Brazil and Paraguay

Sommaire

- 63 Renforcement des capacités de surveillance génomique des agents pathogènes à tendance épidémique par la formation du personnel des laboratoires de santé publique au Brésil et au Paraguay

Strengthening genomic surveillance capacity for epidemic-prone pathogens by training personnel from public health laboratories in Brazil and Paraguay

Marta Giovanetti,^{a, b, c} Vagner Fonseca,^d Wildo Navegantes,^d Andre de Abreu,^e Rodrigo Stabeli,^d Cynthia Carolina Vazquez,^f Carlos Frederico Campelo de Albuquerque,^d Jairo Andrés Méndez Rico,^g Socorro Gross Galiano,^d Maria Almirong^h and Luiz Carlos Junior Alcantara^{a, b}

Infectious diseases continue to be a leading cause of death worldwide. Viruses, in particular, can evolve and spread rapidly, leading to the emergence of newly mutated, more virulent strains of human pathogens.¹ Moreover, while dengue (DENV) and yellow fever (YFV) viruses have affected several countries in the past 20 years, infection with Zika (ZIKV) and chikungunya (CHIKV) viruses, which caused large outbreaks between 2014 and 2016, has tested the surveillance and response capacity of countries in tropical and subtropical regions.^{2–5} The coronavirus 19 (COVID-19) pandemic has tested genomic surveillance capacity nationally and regionally, exposing gaps in public health and in links with genomics surveillance systems.^{1, 6} Understanding the spread of

Renforcement des capacités de surveillance génomique des agents pathogènes à tendance épidémique par la formation du personnel des laboratoires de santé publique au Brésil et au Paraguay

Marta Giovanetti,^{a, b, c} Vagner Fonseca,^d Wildo Navegantes,^d Andre de Abreu,^e Rodrigo Stabeli,^d Cynthia Carolina Vazquez,^f Carlos Frederico Campelo de Albuquerque,^d Jairo Andrés Méndez Rico,^g Socorro Gross Galiano,^d Maria Almirong et Luiz Carlos Junior Alcantara^{a, b}

Les maladies infectieuses demeurent l'une des principales causes de décès dans le monde. Les virus, en particulier, peuvent évoluer et se propager rapidement, conduisant à l'émergence de nouvelles souches mutées plus virulentes.¹ En outre, alors que les virus de la dengue (DENV) et de la fièvre jaune (YFV) ont touché plusieurs pays au cours des 20 dernières années, les infections par le virus Zika (ZIKV) et le virus du chikungunya (CHIKV), qui ont provoqué d'importantes flambées épidémiques entre 2014 et 2016, ont mis à l'épreuve les capacités de surveillance et de riposte des pays dans les régions tropicales et subtropicales.^{2–5} La pandémie de maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) a également éprouvé les capacités de surveillance génomique aux niveaux national et régional, mettant en lumière des lacunes au niveau de la santé publique et des liens avec les systèmes de surveillance génomique.^{1, 6}

¹ Alcantara LCJ et al. Methods for fighting emerging pathogens. *Nat Meth.* 2022;19:395–7. doi: 10.1038/s41592-022-01441-2.

² Adelino TÉR et al. Field and classroom initiatives for portable sequence-based monitoring of dengue virus in Brazil. *Nat Commun.* 2021;12(1):2296. doi: 10.1038/s41467-021-22607-0.

³ Faria NR et al. Genomic and epidemiological monitoring of yellow fever virus transmission potential. *Science.* 2018;361(6405):894–9. doi: 10.1126/science.aat7115.

⁴ Giovanetti M et al. Genomic and epidemiological surveillance of Zika virus in the Amazon region. *Cell Rep.* 2020;30(7):2275–83. doi: 10.1016/j.celrep.2020.01.085.

⁵ Pereira Gusmão Maia Z et al. Return of the founder chikungunya virus to its place of introduction into Brazil is revealed by genomic characterization of exanthematic disease cases. *Emerg Microbes Infect.* 2019;9(1):53–7. doi: 10.1080/22221751.2019.1701954.

⁶ Giovanetti M et al. Genomic epidemiology of the SARS-CoV-2 epidemic in Brazil. *Nat Microbiol.* 2022;7:1490–1500. doi: 10.1038/s41564-022-01191-z.

¹ Alcantara LCJ et al. Methods for fighting emerging pathogens. *Nat Meth.* 2022;19:395–7. doi: 10.1038/s41592-022-01441-2.

² Adelino TÉR et al. Field and classroom initiatives for portable sequence-based monitoring of dengue virus in Brazil. *Nat Commun.* 2021;12(1):2296. doi: 10.1038/s41467-021-22607-0.

³ Faria NR et al. Genomic and epidemiological monitoring of yellow fever virus transmission potential. *Science.* 2018;361(6405):894–9. doi: 10.1126/science.aat7115.

⁴ Giovanetti M et al. Genomic and epidemiological surveillance of Zika virus in the Amazon region. *Cell Rep.* 2020;30(7):2275–83. doi: 10.1016/j.celrep.2020.01.085.

⁵ Pereira Gusmão Maia Z et al. Return of the founder chikungunya virus to its place of introduction into Brazil is revealed by genomic characterization of exanthematic disease cases. *Emerg Microbes Infect.* 2019;9(1):53–7. doi: 10.1080/22221751.2019.1701954.

⁶ Giovanetti M et al. Genomic epidemiology of the SARS-CoV-2 epidemic in Brazil. *Nat Microbiol.* 2022;7:1490–1500. doi: 10.1038/s41564-022-01191-z.

viral infectious diseases is essential for public health decisions.

In 2018, the genomic surveillance system in Brazilian regions was extended to Paraguay, with the aim of establishing a high-level framework to leverage existing capacity, address barriers and strengthen use of genomic and bioinformatics for rapid detection, monitoring and response to public health threats. In 2020, during emergence of a novel threat of international concern, the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), the COVID Genomic Surveillance Regional Network was established, with the support of the Pan-American Health Organization (PAHO), to strengthen genomic sequencing in the Americas, build national capacity and facilitate access to sequencing reference laboratories, including the Oswaldo Cruz Foundation (Fiocruz) in Brazil.⁷ Genomic surveillance should be considered a crucial part of the laboratory system, and its implementation should reinforce end-to-end capacity, including sample collection, diagnostics, data-sharing and analysis. The goal of the network is to strengthen collaboration between Brazil and Paraguay in epidemic and pandemic control and surveillance, with the aim of extending the network throughout the Latin American region in the near future.

Methods

In 2018, a surveillance system was established in Brazil and Paraguay to monitor emerging and re-emerging viral pathogens through an integrated research initiative that included genomic surveillance in the field with the Oxford Nanopore Technologies sequencing platform and training programmer (*Figure 1*).^{1, 2, 8} This activity for public health workers in central public health laboratories and higher-education institutions in Latin America was implemented by the Brazilian Ministry of Health (BrMoH), the United World Antiviral Research Network (UWARN) of the University of Washington in the USA, with the support of PAHO. A motorhome has been used for travel to neighbouring states, with flights for longer distances (*Figure 1a*).

The activity comprised 6 steps (*Figure 1b*). The first was sample collection and RNA extraction. Samples were then submitted to molecular screening with reverse transcription quantitative polymerase chain reaction and the suitable primers. Next, all positive samples with a cycle threshold value ≤ 35 were selected and underwent nanopore sequencing according to a published protocol.⁴ Sequencing libraries were prepared with the Oxford Nanopore Ligation Sequencing Kit SQK-LSK109. Sequencing libraries were loaded onto a flow cell (FLO-MIN106) for subsequent MinION sequencing. Reads were then assembled either de novo or mapped against

Comprendre la propagation des maladies infectieuses virales est essentiel pour guider les décisions en matière de santé publique.

En 2018, le système de surveillance génomique dans les régions brésiliennes a été étendu au Paraguay, dans le but de mettre en place un cadre de haut niveau pour tirer parti des capacités existantes, éliminer les obstacles et renforcer l'utilisation de la génomique et de la bioinformatique pour la détection, la surveillance et la riposte rapides aux menaces pour la santé publique. En 2020, lors de l'émergence de la nouvelle menace de portée internationale que constituait le coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), le Réseau régional de surveillance génomique pour la COVID a été constitué avec le soutien de l'Organisation panaméricaine de la Santé (OPS) pour renforcer les activités de séquençage génomique dans les Amériques, développer les capacités nationales et faciliter l'accès aux laboratoires de référence pour le séquençage, notamment la Fondation Oswaldo Cruz (Fiocruz) au Brésil.⁷ La surveillance génomique doit être considérée comme une activité cruciale du système de laboratoires, et sa mise en œuvre doit renforcer les capacités de bout en bout, notamment la collecte d'échantillons, le diagnostic, le partage et l'analyse des données. L'objectif de ce réseau est de renforcer la collaboration entre le Brésil et le Paraguay pour surveiller et contrer les épidémies et les pandémies, et d'étendre le réseau à toute l'Amérique latine dans un proche avenir.

Méthodes

En 2018, un système de surveillance a été mis en place au Brésil et au Paraguay pour suivre les agents pathogènes viraux émergents et réémergents dans le cadre d'une initiative de recherche intégrée prévoyant une surveillance génomique sur le terrain à l'aide de la plateforme de séquençage Oxford Nanopore Technologies et des programmes de formation (*Figure 1*).^{1, 2, 8} Ces activités, assurées par le personnel des laboratoires centraux de santé publique et les établissements d'enseignement supérieur d'Amérique latine, ont été mises en œuvre par le Ministère brésilien de la santé et l'United World Antiviral Research Network (UWARN) de l'Université de Washington aux États-Unis d'Amérique, avec le soutien de l'OPS. Les équipes se sont déplacées en camping-car pour se rendre dans les États voisins et en avion pour les plus grandes distances (*Figure 1a*).

Ces activités comprenaient 6 étapes (*Figure 1b*). La première consistait à collecter des échantillons et à en extraire l'ARN. Les échantillons étaient ensuite soumis à un criblage moléculaire par la technique de réaction en chaîne par polymérase quantitative après transcription inverse avec des amorces adaptées. Puis, tous les échantillons positifs avec un seuil de cycles ≤ 35 étaient sélectionnés et soumis à un séquençage par nanopore selon un protocole publié.⁴ Les bibliothèques de séquençage ont été préparées à l'aide de l'Oxford Nanopore Ligation Sequencing Kit SQK-LSK109 et chargées sur une cellule de flux (FLO-MIN106 flow cell) pour le séquençage ultérieur sur MinION. Les lectures étaient ensuite assemblées de novo ou

⁷ Leite JA al. Implementation of a COVID-19 Genomic Surveillance Regional Network for Latin America and Caribbean region. *PLoS One*. 2022 Mar 3;17(3):e0252526. doi: 10.1371/journal.pone.0252526.

⁸ Giovanetti M et al. Promoting Responsible Research and Innovation (RRI) During Brazilian Activities of Genomic and Epidemiological Surveillance of Arboviruses. *Front Public Health*. 2021. 1;9:693743. doi: 10.3389/fpubh.2021.693743.

⁷ Leite JA al. Implementation of a COVID-19 Genomic Surveillance Regional Network for Latin America and Caribbean region. *PLoS One*. 2022 Mar 3;17(3):e0252526. doi: 10.1371/journal.pone.0252526.

⁸ Giovanetti M et al. Promoting Responsible Research and Innovation (RRI) During Brazilian Activities of Genomic and Epidemiological Surveillance of Arboviruses. *Front Public Health*. 2021. 1;9:693743. doi: 10.3389/fpubh.2021.693743.

Figure 1 **Genomic surveillance network for pathogens with pandemic and epidemic potential in Brazil and in Paraguay**
 Figure 1 **Réseau de surveillance génomique des agents pathogènes à potentiel pandémique et épidémique au Brésil et au Paraguay**

Figure 1a

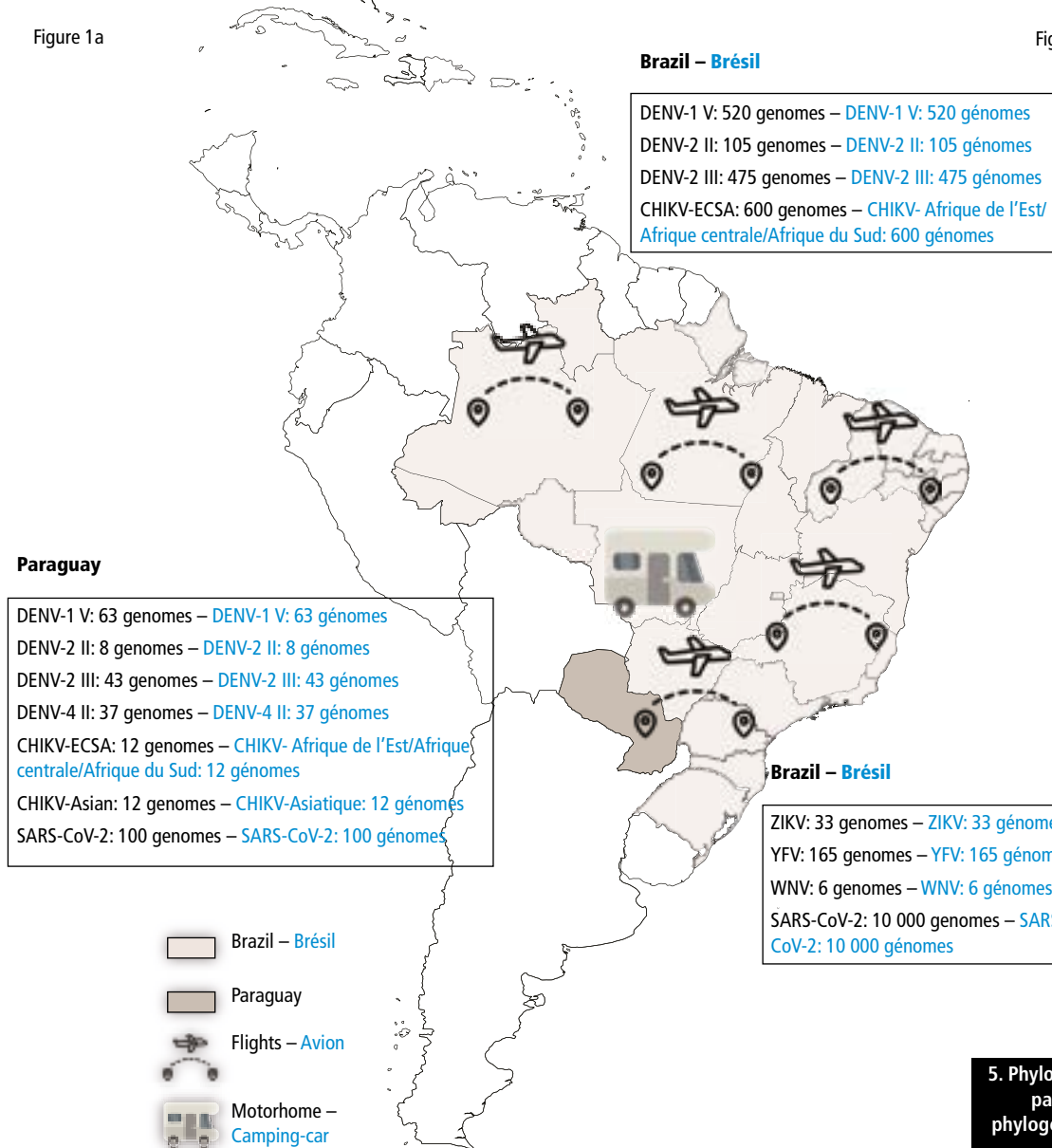
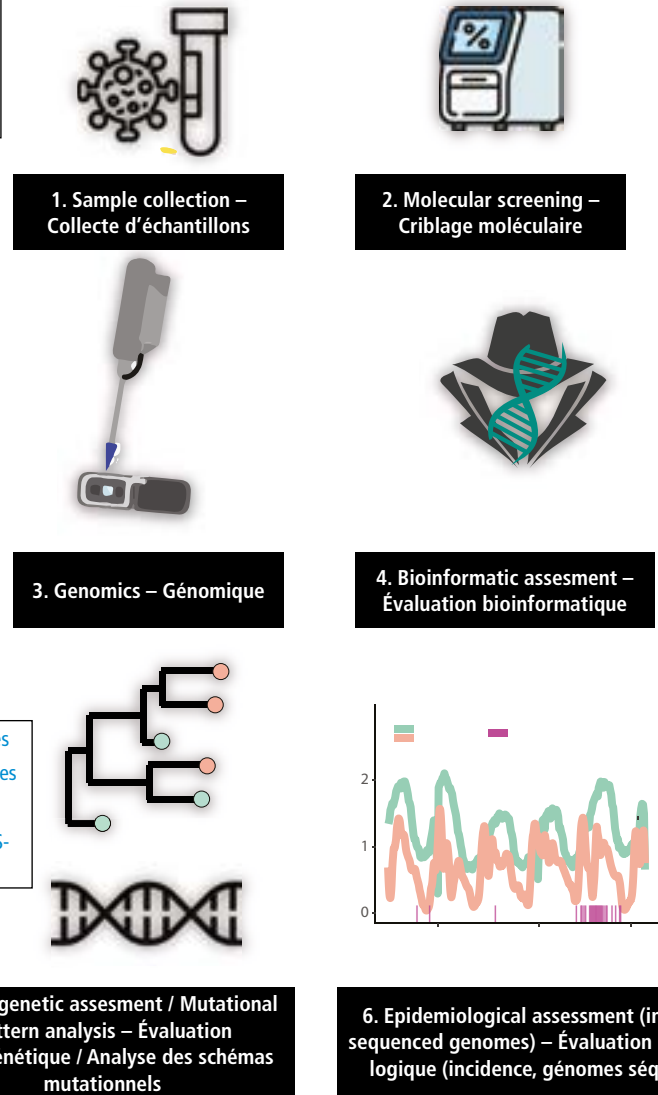


Figure 1b

Genomic surveillance framework – Cadre de surveillance génomique



a reference genome. Subsequently, novel strains were examined by phylogenetic and phylodynamic inference to identify transmission routes, and potential genomic differences were identified by analysis of the mutational pattern profile. In the final step, genomic data were analysed with epidemiological, clinical, climatic and mobility data for large-scale genomic epidemiological investigations. The data were produced and analysed almost in real-time and during training programmes (including workshops). The training programmes included all the surveillance tasks, from hands-on genome sequencing to computational analyses and reporting. The analyses of partial and final results were shared in technical reports to public health authorities (BrMoH) and the Central Laboratories of Public Health and in published articles in indexed scientific journals.²⁻⁵ All data were also rapidly released, both in the Global Initiative on Sharing All Influenza Data and in the public database of the National Centre for Biotechnology Information.

Results

In 2018, the BrMoH, UWARN and Fiocruz, with the support of PAHO, implemented a genomic surveillance programme to respond to circulating epidemic-prone pathogens by using a “lab-in-a-suitcase” and various forms of transport (*Figure 1*) in Brazil and Paraguay. The aim was to identify novel complete genome strains and to use nanopore technology in all central public health laboratories for integrated surveillance to identify emerging viral threats with epidemic potential.

More than 600 public health workers across Latin America were trained in the genomic surveillance programme. Furthermore, a total of 11 904 complete genomes from different viral pathogens were sequenced in Brazil: 520 genomes of the DENV1 genotype V; 105 genomes of the DENV2 genotype II; 475 genomes of the DENV2 genotype III; 600 genomes of CHIKV of the East/Central/South African (ECSA) genotype; 33 genomes from ZIKV; 165 genomes from YFV South American I genotype; 6 genomes from the West Nile virus (WNV) 1a genotype; and 10 000 genomes from SARS-CoV-2 (generated in collaboration with the Butantan Institute of São Paulo) sampled in all Brazilian regions. Similarly, in Paraguay, a total of 275 newly genomic sequences were identified from circulating viral pathogens, comprising 63 from DENV1 genotype V; 8 from DENV2 genotype II; 43 from DENV2 genotype III; 37 from DENV4 genotype II; 12 from the CHIKV ECSA genotype; 12 from CHIKV Asian genotype; and 100 from SARS-CoV-2.

Through molecular phylogenetic reconstructions by public health workers at the central public health laboratories, we followed the replacement of several viral serotypes and lineage regionally and locally, and also identified novel potential clades and strains. A novel DENV2 genotype II clade, BR-4, was detected for the

cartographiées par rapport à un génome de référence. Les nouvelles souches ont fait l'objet d'une étude d'inférence phylogénétique et phylodynamique pour identifier les voies de transmission et d'une analyse du profil mutationnel pour détecter des différences génomiques potentielles. Enfin, l'analyse des données génomiques et des données épidémiologiques, cliniques, climatiques et de mobilité a été effectuée aux fins d'une enquête épidémiologique génomique à grande échelle. Les données étaient produites et analysées quasiment en temps réel dans le cadre des programmes de formation (notamment des ateliers). Ces programmes couvraient toutes les tâches de surveillance, du séquençage de génomes aux analyses informatiques et à la rédaction de rapports. Les analyses des résultats partiels et finaux ont été partagées via des rapports techniques transmis aux autorités de santé publique (Ministère brésilien de la santé) et aux laboratoires centraux de santé publique et des articles publiés dans des revues scientifiques indexées.²⁻⁵ Toutes les données générées ont également été rapidement transmises à l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe et chargées dans la base de données publique du National Centre for Biotechnology Information (NCBI).

Résultats

En 2018, le Ministère brésilien de la santé, l'UWARN et Fiocruz, avec le soutien de l'OPS, ont mis en œuvre un programme de surveillance génomique pour lutter contre les agents pathogènes circulants à tendance épidémique, au moyen de laboratoires compacts portatifs et de différents modes de transport (*Figure 1*) pour les déplacements au Brésil et au Paraguay. L'objectif était de séquencer le génome entier des nouvelles souches à l'aide de la technologie des nanopores, dans tous les laboratoires centraux de santé publique, pour une surveillance intégrée visant à détecter les menaces virales émergentes à potentiel épidémique.

Plus de 600 agents de santé publique ont été formés dans le cadre du programme de surveillance génomique dans les pays d'Amérique latine. Au total, 11 904 génomes complets de différents agents pathogènes viraux ont été séquencés au Brésil: 520 génomes du virus DENV1, génotype V; 105 génomes du virus DENV2, génotype II; 475 génomes du virus DENV2, génotype III; 600 génomes du virus CHIKV, génotype Afrique de l'Est/Afrique centrale/Afrique du Sud; 33 génomes du virus ZIKV; 165 génomes du virus amaril, génotype I sud-américain; 6 génomes du virus du Nil occidental WNV, génotype 1a; et 10 000 génomes du virus SARS-CoV-2 (générés en collaboration avec l'Institut Butantan de São Paulo), provenant d'échantillons prélevés dans toutes les régions brésiliennes. De même, au Paraguay, 275 nouvelles séquences génomiques ont été obtenues à partir d'agents pathogènes viraux circulants, dont 63 génomes du virus DENV1, génotype V; 8 génomes du virus DENV2, génotype II; 43 génomes du virus DENV2, génotype III; 37 génomes du virus DENV4, génotype II; 12 génomes du virus CHIKV, génotype Afrique de l'Est/Afrique centrale/Afrique du Sud; 12 génomes du virus CHIKV, génotype asiatique; et 100 génomes du virus SARS-CoV-2.

Grâce à la reconstruction des phylogénies moléculaires assurée par le personnel des laboratoires centraux de santé publique, nous avons suivi le remplacement de plusieurs sérotypes et lignées de virus à l'échelle régionale et locale et identifié de nouveaux clades et souches potentiels. On a détecté pour la première fois au Brésil un nouveau clade de DENV2, géno-

first time in Brazil in 2019 and a novel DENV2 genotype, Cosmopolitan 1, in 2022.⁹ Phylogenetic reconstructions of ZIKV and CHIKV indicated the persistence of local lineages in some municipalities and re-introduction of novel epidemiological strains from various Brazilian regions, showing a complex dynamic of transmission between epidemic seasons and sample locations.^{4,5} With an increasing number of laboratories participating in the genomic surveillance network, insights were gained on the circulation of WNV (previously, there was only one complete genome from 2018) and novel corridors of spread for YFV.¹⁰⁻¹²

Discussion and conclusions

The output of this national and international network demonstrated the scarcity of data. Although there is sufficient evidence of the circulation and persistence of various arboviruses in the Americas Region, little is known about their local evolution, epidemiology and activity.¹⁰ In order to prevent the introduction of new potential threats of international concern, the network promoted the development and implementation of protocols for sequencing the complete genomes of arboviruses such as Saint Louis, Oropouche, Mayaro and Ilheus, and a protocol for viral detection with metagenomics, which allowed detection of viral strains such as Picobirnavirus and Rinovirus.

These activities and previous research provided expertise in use of genomic monitoring to track the spread of emerging and re-emerging viral pathogens and also the role of educational activities such as technology transfer and training during outbreak response and emergencies.^{2,8} By targeting public health and academic institutions and generating and analysing most data in real time during the training programme, we highlighted the crucial role of portable sequencing technologies for local capacity-building. The network for real-time sequencing, epidemiology, data-sharing and analysis, helped local public health authorities to use up-to-date diagnostic methods and provided data to guide outbreak control responses. Additionally, understanding of the viral landscape helped public health authorities to design and tailor rapid preventive strategies.

Obtaining complete sequences of viral genomes has played a prominent role in the fight against emerging and re-emerging epidemics. The strategies implemented in Brazil and Paraguay allowed us to follow the spread

type II (le BR-4) en 2019, et un nouveau génotype de DENV2 (le génotype Cosmopolitan) en 2022.⁹ La reconstruction phylogénétique du ZIKV et du CHIKV a mis en évidence la persistance de lignées locales dans certaines communautés et la réintroduction de nouvelles souches épidémiologiques provenant de différentes régions brésiliennes. Cela indique une dynamique complexe de la transmission selon les saisons épidémiques et les lieux d'échantillonnage.^{4,5} Grâce au nombre croissant de laboratoires qui participent au réseau de surveillance génomique, on comprend mieux la circulation du virus WNV (dont un seul génome complet était connu en 2018) et les nouveaux corridors de propagation du virus amaril.¹⁰⁻¹²

Discussion et conclusions

Les résultats générés par ce réseau national et international montrent que les données existantes sont rares et, bien qu'il existe suffisamment d'éléments indiquant la circulation et la persistance de différents arbovirus dans le pays, on en sait peu sur leur évolution, leur épidémiologie et leur activité au niveau local.¹⁰ Pour prévenir l'introduction de nouvelles menaces potentielles de portée internationale, le réseau a encouragé l'élaboration et la mise en œuvre de protocoles pour le séquençage génomique complet des arbovirus, comme les virus Saint Louis, Oropouche, Mayaro et Ilheus, et d'un protocole pour détecter les virus en utilisant la métagenomique, qui permet de détecter des souches virales telles que Picobirnavirus et Rinovirus.

Ces activités et les travaux de recherche antérieurs ont permis d'acquérir une expertise dans la surveillance génomique pour suivre la propagation des agents pathogènes viraux émergents et réémergents, et ont souligné le rôle des activités éducatives, telles que le transfert de technologie et la formation pendant les flambées épidémiques et les situations d'urgence.^{2,8} En ciblant les établissements de santé publique et d'enseignement supérieur, et en générant et en analysant la plupart des données en temps réel dans le cadre des programmes de formation, nous avons mis en évidence le rôle crucial des technologies de séquençage portatives pour le développement des capacités locales. Le réseau mis en place pour le séquençage en temps réel, l'épidémiologie, le partage et l'analyse des données a apporté un soutien aux autorités locales de santé publique pour l'utilisation de méthodes de diagnostic actualisées et a permis de générer des données pour guider les mesures de riposte face aux flambées épidémiques. De plus, la compréhension du paysage viral a aidé les autorités de santé publique à concevoir et à adapter des stratégies de prévention rapides.

L'obtention de séquences complètes de génomes viraux a joué un rôle de premier plan dans la riposte aux épidémies émergentes et réémergentes. Les stratégies mises en œuvre au Brésil et au Paraguay nous ont permis de suivre la propagation et

⁹ Giovanetti M et al. Emergence of dengue virus serotype 2 Cosmopolitan genotype, Brazil. *Emerg Infect Dis.* 2022;28(8):1725–7. doi: 10.3201/eid2808.220550.

¹⁰ Costa ÉA et al. West Nile virus in Brazil. *Pathogens.* 2021;10(7):896. doi: 10.3390/pathogens10070896.

¹¹ Fritsch H et al. Retrospective investigation in horses with encephalitis reveals unnoticed circulation of West Nile virus in Brazil. *Viruses.* 2022;14(7):1540. doi: 10.3390/v14071540.

¹² Giovanetti M et al. Genomic epidemiology sheds light on the recent spatio-temporal dynamics of Yellow Fever virus and the spatial corridor that fueled its ongoing emergence in southern Brazil. *MedRxiv*, 2023. doi: 10.1101/2023.01.13.23284525.

⁹ Giovanetti M et al. Emergence of dengue virus serotype 2 Cosmopolitan genotype, Brazil. *Emerg Infect Dis.* 2022;28(8):1725–7. doi: 10.3201/eid2808.220550.

¹⁰ Costa ÉA et al. West Nile virus in Brazil. *Pathogens.* 2021;10(7):896. doi: 10.3390/pathogens10070896.

¹¹ Fritsch H et al. Retrospective investigation in horses with encephalitis reveals unnoticed circulation of West Nile virus in Brazil. *Viruses.* 2022;14(7):1540. doi: 10.3390/v14071540.

¹² Giovanetti M et al. Genomic epidemiology sheds light on the recent spatio-temporal dynamics of Yellow Fever virus and the spatial corridor that fueled its ongoing emergence in southern Brazil. *MedRxiv*, 2023. doi: 10.1101/2023.01.13.23284525.

and real-time evolution of circulating and co-circulating viruses, including those that cause Zika, chikungunya, yellow fever, West Nile encephalitis, COVID-19 and dengue.^{2, 3, 4, 6, 10, 11} Viral genome sequencing can provide crucial knowledge for policy-making to assess viral genetic diversity, reconstruct the origins of epidemics, estimate transmission rates and generate understanding of the mutation landscape of circulating viruses, which is critical for assessing and developing new vaccines, new drugs, as well as serological and molecular diagnostic kits. Further, the programme helped to maximize the scientific and public health value of data generated by public health surveillance in the two countries. The results could be extended to other enzootic viruses to support public health decisions to prevent and control future outbreaks.

Acknowledgements

We thank the General Coordination of Public Health Laboratories and the General Coordination of Arboviruses (BrMoH) and professionals in the public health laboratories in Brazil and Paraguay, central public health authorities, PAHO and UWARN¹³ for financial support and contributions to sequencing and for their commitment and work during the COVID-19 pandemic.

Author affiliations

^a Instituto Rene Rachou, Fiocruz, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil; ^b Laboratório de Flavivírus, Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz, Rio de Janeiro, Brazil; ^c Department of Science and Technology for Humans and the Environment, University of Campus Bio-Medico di Roma, Rome, Italy; ^d PAHO/WHO, Brasília, Distrito Federal, Brazil; ^e Fiocruz, Brasília, Distrito Federal, Brazil; ^f Laboratorio Central de Salud Pública, Asunción, Paraguay; ^g PAHO/WHO, Washington DC, USA.

Corresponding authors: Maria Almiron (almironm@paho.org) and Luiz Carlos Junior Alcantara (alcantara-luiz42@gmail.com). ■

¹³ See <https://cerid.uw.edu/uwam>

l'évolution en temps réel des virus circulants et cocirculants, notamment le virus Zika, le virus du chikungunya, le virus amaril, le virus du Nil occidental, le SARS-CoV-2 et le virus de la dengue.^{2, 3, 4, 6, 10, 11} Le séquençage des génomes viraux peut fournir des connaissances cruciales pour l'élaboration des politiques afin d'évaluer la diversité génétique des virus, de reconstruire l'origine des épidémies, d'estimer les taux de transmission et de comprendre le paysage mutationnel des virus en circulation, sur lesquels reposent l'évaluation et le développement de nouveaux vaccins, de nouveaux médicaments, et de kits de diagnostic sérologique et moléculaire. Ce programme a aussi contribué à renforcer la valeur scientifique et l'utilité pour la santé publique des données générées par les activités de surveillance menées dans les deux pays. Ces résultats pourraient être étendus à d'autres virus enzootiques pour étayer les décisions de santé publique visant à prévenir et à contrer de futures épidémies.

Remerciements

Nous remercions la Coordination générale des laboratoires de santé publique et la Coordination générale des arbovirus (Ministère brésilien de la santé), les professionnels des laboratoires de santé publique du Brésil et du Paraguay, les autorités centrales de santé publique, l'OPS et l'UWARN¹³ pour leur soutien financier et leurs contributions aux activités de séquençage et pour leur engagement et leur travail pendant la pandémie de COVID-19.

Affiliations des auteurs

^a Instituto Rene Rachou, Fiocruz, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brésil; ^b Laboratório de Flavivírus, Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz, Rio de Janeiro, Brésil; ^c Département des sciences et de la technologie pour les humains et l'environnement, Université Campus Bio-Medico di Roma, Rome, Italie; ^d OPS/OMS, Brasília, District fédéral, Brésil; ^e Fiocruz, Brasília, District fédéral, Brésil; ^f Laboratorio Central de Salud Pública, Asunción, Paraguay; ^g OPS/OMS, Washington DC, États-Unis d'Amérique.

Auteurs correspondants: Maria Almiron (almironm@paho.org) et Luiz Carlos Junior Alcantara (alcantara-luiz42@gmail.com). ■

¹³ Voir <https://cerid.uw.edu/uwam>

How to obtain the WER through the Internet

- (1) WHO WWW server: Use WWW navigation software to connect to the WER pages at the following address: <http://www.who.int/wer>
- (2) An e-mail subscription service exists, which provides by electronic mail the table of contents of the *Weekly Epidemiological Record* (WER). To subscribe, please go to the home page of the WER and click on "Subscribe to the WER mailing list" or go directly to <https://confirmsubscription.com/h/d/4759AAD079391CCC>. A request for confirmation will be sent in reply.

Comment accéder au REH sur Internet?

- 1) Par le serveur Web de l'OMS: A l'aide de votre logiciel de navigation WWW, connectez-vous à la page d'accueil du REH à l'adresse suivante: <http://www.who.int/wer>
- 2) Il existe également un service d'abonnement permettant de recevoir chaque semaine par courrier électronique la table des matières du *Relevé épidémiologique hebdomadaire* (REH). Pour vous abonner, merci de vous rendre sur la page d'accueil du REH et de cliquer sur «S'abonner à la liste de distribution du REH» ou directement à l'adresse suivante: <https://confirmsubscription.com/h/d/4759AAD079391CCC>. Une demande de confirmation vous sera envoyée en retour.