



CASSIANO RONALD MEIRELLES DE PAULA

**A RELAÇÃO ENTRE A INCIDÊNCIA DE COVID-19 E A PRESENÇA
DO SARS-CoV-2 NO ESGOTO DOMÉSTICO DE BELO HORIZONTE:
UM ESTUDO DE CASO.**

LAVRAS –MG

2021

CASSIANO RONALD MEIRELLES DE PAULA

**A RELAÇÃO ENTRE A INCIDÊNCIA DE COVID-19 E A PRESENÇA DO SARS-CoV-2 NO
ESGOTO DOMÉSTICO DE BELO HORIZONTE: UM ESTUDO DE CASO.**

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentada à Universidade Federal de
Lavras, como parte das exigências do
Curso de Engenharia Ambiental e
Sanitária, para a obtenção do título de
Bacharel.

Prof. Dra. Luciene Alves Batista Siniscalchi
Orientadora

Prof. Dr. Marcelo Vieira da Silva Filho
Coorientador

LAVRAS – MG

2021

RESUMO

Em 2020, o mundo passou pela pandemia causada pelo novo coronavírus, o SARS-CoV2. Descoberto em Wuhan na China, esse vírus causador da COVID-19, possui uma letalidade baixa, porém é responsável por uma enorme demanda por leitos hospitalares, devido a complicações da doença. Este trabalho foi dividido em duas partes, onde a primeira tem como objetivo levantar o panorama geral do vírus, como formas de transmissão biologia do vírus, gravidade, infecção e transmissibilidade, dentre outros. A segunda parte deste estudo, pretendeu avaliar a correlação linear entre números de casos confirmados ou óbitos com a carga viral no município de Belo Horizonte. Os dados dos casos confirmados e óbitos foram obtidos na Secretaria Estadual de Saúde (SES-MG) e os dados da carga viral foram coletados pelo INCT ETEs Sustentáveis. Por meio desse estudo, foi possível estabelecer uma relação entre o número de casos confirmados com a carga viral, chegando a ter um R^2 ajustado de aproximadamente 25%, com valor de significância e p de Pearson 0,0001 e 0,537 respectivamente, tais valores indicam que é possível estabelecer uma boa correlação entre a carga viral presente nos esgotos e o número de infectados.

Palavras-chave: Saneamento ambiental, Rt-PCR, Vírus, Epidemia, Pandemia, Infecção, Coronavírus, Epidemiologia de esgoto, Wastewater, Epidemiology.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

FIGURA 1 – Componentes de um vírus animal (um herpes-vírus)

FIGURA 2 – Estrutura do SARS-CoV/SARS-CoV-2

FIGURA 3 – Rotas de infecção do SARS-CoV-2

FIGURA 4 – Tempo de permanência do SARS-CoV-2 em superfícies

FIGURA 5 – Esquema ilustrativo da contaminação e dos órgãos afetados pelo coronavírus.

FIGURA 6 – Distribuição dos pontos de amostragem de esgoto ao longo do sistema de esgotamento sanitário das cidades de Belo Horizonte (sub-bacias dos ribeirões Arrudas e Onça).

FIGURA 7 - Regressão linear, A) Casos confirmados x carga viral total das sub-bacias, B) Óbitos x carga viral total das sub-bacias, C) Casos confirmados x carga viral total ETE Arrudas, D) Casos confirmados x carga viral total ETE Onça.

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 – Casos e óbitos por semanas epidemiológicas

TABELA 2 – Casos confirmados por semanas epidemiológicas

TABELA 3 - Carga viral total de todas as sub-bacias de Belo Horizonte, por semana epidemiológica

TABELA 4 - Carga viral das ETEs Arrudas e Onça, por semana epidemiológica

TABELA 5 - Valores da significância e R^2

TABELA 6 - Valores da significância e R^2

TABELA 7 - Valores da significância e R^2

TABELA 8 - Valores da significância e R^2

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	9
2 REFERENCIAL TEÓRICO	10
2.1 Vírus.....	10
2.2 Características do SARS-CoV-2.....	13
2.3 Origem do SARS-CoV-2	15
2.4 Transmissão do SARS-CoV 2.....	15
2.5 Potencial de transmissibilidade via esgoto doméstico	18
REFERÊNCIAS	20
ARTIGO 1 – A RELAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE CASOS DE COVID-19 E O MONITORAMENTO DO SARS-COV-2 PELO ESGOTO SANITÁRIO NA REGIÃO METROPOLITANA DE BELO HORIZONTE: UM ESTUDO DE CASO.	23
1 INTRODUÇÃO	24
2 OBJETIVO GERAL	25
3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	25
4 MATERIAIS E MÉTODOS	25
4.1 Coleta de dados	25
4.1.1 INCT-ETEs Sustentáveis	26
4.1.2 Secretaria Estadual de Saúde de Minas Gerais (SES-MG).....	28
4.2 Modelo estatístico para análise de correlação entre carga viral e número de casos	28
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
5.2 Dados obtidos	29
5.2.1 Secretaria Estadual de Saúde de Minas Gerais (SES-MG).....	29
5.2.2 INCT ETES Sustentáveis	31

5.3 Modelagem dos dados por regressão linear simples	34
5.3.1 Relação casos confirmados e carga viral das sub-bacias	34
5.3.2 Relação óbitos e carga viral das sub-bacias	35
5.3.3 Relação Casos confirmados e carga viral das ETE Arrudas	35
5.3.4 Relação Casos confirmados e carga viral das ETE Onça.....	35
5.4 Teste estatístico de Pearson	36
6 CONCLUSÃO.....	37
REFERÊNCIAS	38

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

A pandemia causada pelo SARS-CoV-2 responsável pela COVID-19 está apresentando a maior ameaça da saúde pública global. Esse novo vírus tem se espalhado rapidamente sobre o mundo, com isso, há a necessidade de que hajam testes em larga escala com intuito de obter conhecimento da real quantidade de infectados, almejando orientar medidas que abrandem o crescimento exponencial do número de ocorrências, como por exemplo, o isolamento social e, assim, evitar que os casos graves se concentrem em um curto período de tempo. Evitando a sobrecarga dos sistemas de saúde, principalmente o Sistema Único de Saúde (SUS) que é amplamente utilizado pelos brasileiros, assim os sistemas de saúde conseguirão manter o cuidado adequado para os que adoecerem e demandarem cuidados intensivos.

Recentemente, alguns estudos relataram a presença de materiais genéticos do novo coronavírus nas fezes de indivíduos infectados (sintomáticos e assintomáticos) e em amostras de esgotos sanitários. Isso abre brecha para algumas discussões como a possibilidade de transmissão feco-oral, de contágio via contato direto ou indireto com efluentes domésticos que estejam contaminados, também coloca em discussão sobre ações de vigilância dos sistemas de esgoto com análises de carga viral nos mesmos, considerando que com o aumento da circulação do vírus na população, deve-se reconhecer que isso aumentará a carga viral nos sistemas de esgotos das cidades.

Coletar informações sobre a ocorrência e o destino do SARS-CoV-2 no esgoto pode permitir que se conheçam áreas com maior presença do vírus, prevendo possíveis surtos e contribuindo em ações regionalizadas que otimizem as respostas do sistema de saúde, principalmente em países que apresentam deficiências nos serviços de abastecimento de água, coleta e tratamento de esgotos das cidades, como o Brasil.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

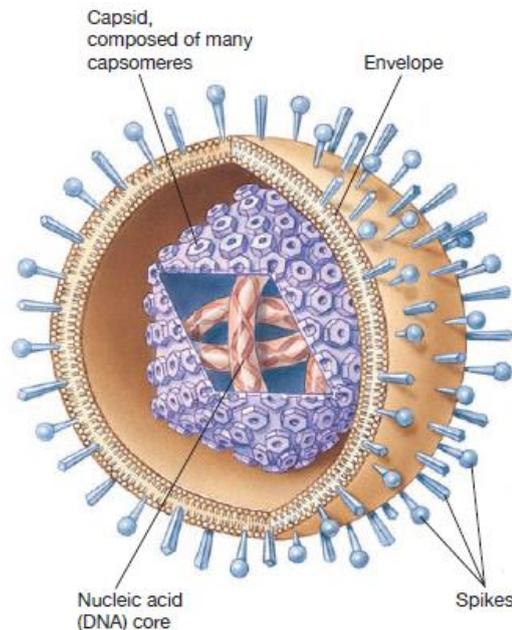
2.1 Vírus

Há cerca de cem anos atrás nenhum pesquisador poderia imaginar a existência de partículas submicroscópicas. Já em 1930, os cientistas começaram a usar a palavra vírus, que do latim significa veneno, para descrever agentes infecciosos. Todavia, a natureza dos vírus permaneceu obscura até 1935, quando Wendell Stanley isolou o vírus do mosaico do tabaco, tornando possível estudos químicos e estruturais pela primeira vez com um vírus purificado. A invenção do microscópio eletrônico aproximadamente na mesma época, possibilitou sua visualização (TORTORA; FUNKE; CASE, 2012).

Os vírus são agentes infecciosos muito pequenos, por isso o microscópio de luz era incapaz de visualizá-los. Eles não possuem núcleo celular, organelas ou citoplasma. Quando eles invadem a célula hospedeira susceptível, o vírus exibe algumas características de organismos vivos, por isso eles ficam na divisória entre organismos vivos e não vivos. Eles podem se replicar, somente dentro da célula hospedeira. Por isso eles são chamados de parasitas intracelulares obrigatórios. Porém, deve-se reconsiderar a tradicional definição de vírus, de acordo com o anúncio de dezembro de 1991 por E. Wimmer, A. Molla, e A. Paul, que conseguiram replicar poliovírus em tubos de ensaio contendo células adultas humanas, mas não vivas. O RNA do poliovírus foi adicionado ao extrato de células livres, e após 5 horas, partículas virais completamente novas começaram a surgir.

Tipicamente os componentes virais são os mostrados na figura 1, esses componentes são o ácido nucleico cercado por uma capa proteica chamado capsídeo, alguns vírus possuem uma dupla camada lipídica chamada de envelope, esse envelope possui estruturas chamadas de espículas. Uma partícula viral completa, incluindo seu envelope, caso tenha, é chamada de vírion ou virião (BLACK; BLACK, 2015).

Figura 1 – Componentes de um vírus animal (um herpes-vírus).



Fonte: Black; Black (2015).

Um dos principais critérios para a classificação de vírus é a separação entre vírus cujo genoma é constituído de DNA (vírus de DNA) e aqueles em que o genoma é constituído de RNA (vírus de RNA). Os retrovírus estão incluídos nos vírus de RNA, embora façam uma cópia de DNA do seu RNA genômico por meio da transcrição reversa. Os vírus de RNA estão mais frequentemente associados à emergência de doenças (BLACK; BLACK, 2015).

A princípio, a evolução é possível somente quando mutantes são introduzidos na população, o que ocorre durante o processo de cópia do ácido nucleico. Quando o genoma viral é replicado, mutações se acumulam na progênie viral. A maioria dos vírus de RNA é replicada com menor fidelidade que os de DNA, ou seja, são mais suscetíveis às mutações. A média da frequência de erros descrita para a replicação do genoma de RNA é de aproximadamente um erro por 10⁴ ou 10⁵ nucleotídeos polimerizados. A taxa de erros estimada da replicação de DNA viral é cerca de 300 vezes menor que a descrita para os vírus de RNA (SATALOFF; JOHNS; KOST, 2015).

Acredita-se que os vírus de RNA evoluem mais rapidamente que os de DNA, devido a uma combinação de índices elevados de erros durante a replicação pela RNA polimerase

ou transcriptase reversa, o tamanho da população viral e a velocidade da replicação. Dessa maneira, a velocidade das mudanças evolutivas torna possível que os vírus de RNA produzam rapidamente mutações, as quais podem ser necessárias à adaptação ao novo ambiente, incluindo a uma nova espécie hospedeira (SATALOFF; JOHNS; KOST, 2015).

O espectro de hospedeiros de um vírus consiste na variedade de células hospedeiras que o vírus pode infectar. Existem vírus que infectam invertebrados, vertebrados, plantas, protistas, fungos e bactérias. No entanto, a maioria é capaz de infectar tipos específicos de células de uma única espécie de hospedeiro. O espectro de hospedeiros de um vírus é determinado pela exigência viral quanto à sua ligação específica à célula hospedeira e pela disponibilidade de fatores celulares do hospedeiro em potencial necessários para a multiplicação. Para que ocorra a infecção da célula hospedeira, a superfície externa do vírus deve interagir quimicamente com receptores específicos presentes na superfície celular. Os dois componentes complementares são unidos por ligações fracas, como ligações de hidrogênio. A combinação de muitos sítios de ligação e receptores resulta em uma forte associação entre a célula hospedeira e o vírus. Para alguns bacteriófagos, o receptor faz parte da célula hospedeira, em outros casos, faz parte das fímbrias ou dos flagelos. No caso de vírus animais, os receptores estão na membrana plasmática das células hospedeiras (TORTORA; FUNKE; CASE, 2012).

Uma questão central na emergência de viroses é a suposição de que praticamente todos os vírus emergentes que acometem seres humanos são oriundos de outras espécies, em um processo de transmissão interespecies. A epidemiologia molecular tem identificado espécies-reservatórios de uma miríade de vírus que infectam seres humanos. Tal questão é ilustrada por meio da rápida descoberta de primatas não humanos ancestrais do vírus da imunodeficiência humana (HIV) e de algumas espécies de morcegos como reservatórios do vírus causador da SARS (Severe Acute Respiratory Syndrome), o SARS-CoV. Contudo, há exceções, e talvez a mais notável seja o vírus Ebola, em que milhares de amostras provenientes de animais foram analisadas sem a identificação precisa da espécie reservatório, embora morcegos tenham sido implicados. O vírus da hepatite C causa uma das “novas” doenças mais prevalentes em seres humanos, mas não foi descoberto nenhum vírus similar que cause infecção em animal (SATALOFF; JOHNS; KOST, 2015).

A questão seguinte a ser considerada é se alguns vírus têm maior capacidade de cruzar barreiras interespecies que outros. Nesse contexto, a ideia mais tentadora é a que existem restrições filogenéticas nesse processo, de maneira que quanto mais próximas

estiverem as espécies hospedeiras em questão, maior a chance de sucesso na transmissão interespecie. Essa teoria é amparada em algumas observações. Em particular, não há evidências de que o vírus que infecta seres humanos venha de organismos tão divergentes como plantas, peixes, répteis ou anfíbios, embora, em alguns casos (tais como vírus de plantas), a exposição ocorra regularmente pelo consumo de alimentos infectados. A maioria dos vírus que infectam seres humanos é originárias de mamíferos, com poucas exceções ocasionais de vírus aviários. Além disso, embora vírus de insetos (os arbovírus) frequentemente infectem populações humanas, esses sempre passam de uma espécie de mamífero para outra, em vez de diretamente do inseto (que funciona como vetor), e tendem a causar infecção terminal no novo hospedeiro (ou seja, não ocorre a transmissão homem-homem) (SATALOFF; JOHNS; KOST, 2015).

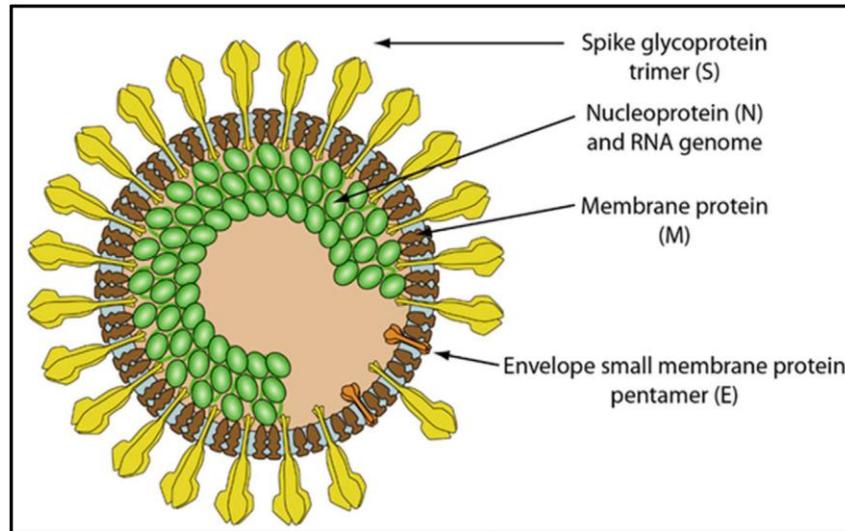
2.2 Características do SARS-CoV-2

O coronavírus é de um diverso grupo de vírus que infecta diferentes animais, e eles podem causar desde brandas a severas infecções respiratórias à humanos. Em 2002 e 2012, respectivamente, dois coronavírus altamente patogênicos de origem zoonótica, Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus (SARS-CoV) e a Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV), surgiram em humanos e causaram doenças respiratórias fatais, tornando o SARS-CoV uma nova preocupação com a saúde no século vinte e um. No final de 2019, o novo coronavírus designado como SARS-CoV-2 surgiu na cidade de Wuhan, China, e causou um surto de incomum pneumonia viral. Sendo altamente transmissível, essa nova doença, também conhecida por doença do Coronavírus 2019 (COVID-19), se espalhou rapidamente pelo mundo (HU et al., 2020).

O virião do coronavírus é esférico e de RNA de fita única, com um diâmetro de 60-220 nm em tamanho. Além disso, ele contém outro envelope viral coberto por um raio de proteção de 9-12 nm. A estrutura do virião do SARS-CoV ou SARS-CoV-2 é mostrado na figura 2 (ATANGANA; OBERHOLSTER; TURTON, 2021a). O virião do SARS-CoV-2 possui uma projeção em formato de pétala que consiste em um Espinho triplo (S) proteico, que é uma estrutura comum no grupo dos coronavírus. A proteína S é a mediadora da ligação do vírus e da fusão de membrana durante a infecção. Além das características da proteína S, o genoma do coronavírus codifica três estruturas proteicas, incluindo a proteína

da Membrana (M), proteína do Envelope (E) e a proteína do Nucleocapsídeo (N) (SHI et al., 2020).

Figura 2 – Estrutura do SARS-CoV/SARS-CoV-2



Fonte: Atangana; Oberholster; Turton (2021).

O SARS-CoV-2 é um vírus altamente contagioso que pode sobreviver no ar durante 2 horas. O tempo de incubação do vírus é entre 4 a 8 dias após a infecção. Embora pessoas de todas as idades sejam vulneráveis à infecção do vírus, os idosos e adultos com comorbidades possuem risco de infecção muito elevado (BROUWER et al., 2020).

A doença infecciosa chamada de COVID-19, é causada pelo SARS-CoV-2, tal doença tem como principais sintomas febre, cansaço e tosse seca. Alguns pacientes podem apresentar dores, congestão nasal, dor de cabeça, conjuntivite, dor de garganta, diarreia, perda de paladar ou olfato, erupção cutânea na pele ou descoloração dos dedos das mãos ou dos pés. Esses sintomas geralmente são leves e começam gradualmente. Porém algumas pessoas são infectadas, mas apresentam apenas sintomas muito leves. Cerca de 80% das pessoas infectadas se recupera sem precisar de tratamento hospitalar. Uma em cada seis pessoas infectadas fica gravemente doente e desenvolve dificuldade de respirar. Pessoas idosas e com algumas comorbidades, como pressão alta, problemas cardíacos e do pulmão, diabetes ou câncer, têm maior risco de ficarem gravemente doentes. No entanto, qualquer pessoa pode pegar a COVID-19 e ficar gravemente doente (OPAS, 2021).

2.3 Origem do SARS-CoV-2

As fontes de infecção do SARS-CoV-2 são animais hospedeiros e outros humanos infectados. Morcegos são os mais considerados para terem sido os hospedeiros iniciais do SARS-CoV-2, enquanto pangolins podem ter sido os hospedeiros intermediários. De mesmo modo, tanto pacientes sintomáticos quanto assintomáticos são considerados passíveis de oferecer risco de contágio. Entretanto, ainda não está claro como a transmissibilidade do vírus pode ser alterada durante o decorrer do histórico natural da doença (SHI et al., 2020).

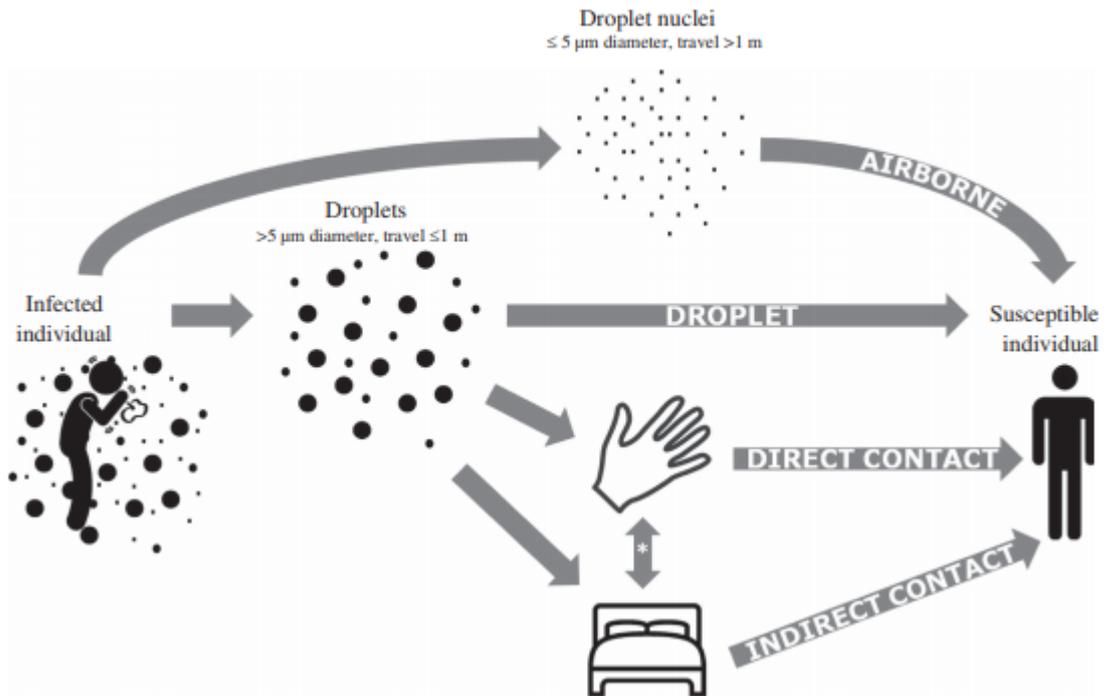
O Centro de Prevenção e Controle de Doenças Chinês (CD), analisou espécies selvagens e amostras de animais do Mercado de Frutos do Mar de Huanan (MFMH) e outros produtos frescos em Wuhan, na China. Os resultados revelaram que 94% do ácido nucleico do SARS-CoV-2 (31/33 casos) veio da parte oeste do MFMH, que possui facilidades para compras de animais selvagens. Morcegos são hospedeiros naturais do SARS-CoV. O SARS-Co-2 é um β coronavírus, similaridades entre o SARS-CoV-2 e os β podem chegar de 89 a 96,2%, que indica que o SARS-CoV-2 pode ter derivado de um coronavírus predecessor que é endêmico nos morcegos. Também é interessante reconhecer que a maior eclosão surgiu durante o inverno, quando os morcegos hibernam. Assim, a data sugere que eles podem ter um ou mais hospedeiros intermediários que conectam os diferentes coronavírus de morcego com os transmitidos para humanos. Alguns resultados de estudos sugerem que o intermediário do SARS-CoV-2 podem ser serpentes, contudo, essa conexão foi questionada por muitos cientistas, dado que serpentes são animais de sangue frio (Classe, Reptiliana) enquanto que os hospedeiros intermediários do SARS e da MERS, foram os camelos e as civetas, que são animais homeotérmicos. O pangolim é atualmente considerado como o mais provável entre os candidatos cotados como hospedeiros intermediários. Uma pesquisa da Universidade Agrícola no Sul da China, identificou que o coronavírus extraído dos pangolins, tinha uma sequência genética 99% similar ao SARS-CoV-2. A principal hipótese atual é que vírus derivados de morcegos evoluíram para infectar pangolins, após uma série de mutações e eventos de recombinações, ele foi transmitido para humano (ZHOU et al., 2020).

2.4 Transmissão do SARS-CoV 2

O modo de transmissão primário é via gotículas respiratórias expelidas quando as pessoas tosse, espirram ou exalam, e também podem ser espalhadas via fômites, como é

representado na **figura 3** (HEIJNEN; BROUWER; MEDEMA, 2020).

Figura 3 – Rotas de infecção do SARS-CoV-2



Fonte: Otter; et al (2016).

Quando a pessoa apresenta os sintomas, é o quadro de maior potencial de contágio, mas dados apontam que a transmissão pode ocorrer antes do aparecimento dos sintomas (ATANGANA; OBERHOLSTER; TURTON, 2021b).

A etiopatologia dessa doença pode estar relacionada com o fato de que células das glândulas salivares e língua são alvos em potencial para o SARS-CoV-2, devido a expressão da ECA2 (Enzima Conversora de Angiotensina). Estudos demonstraram alto grau de similaridade no RBD (Domínio Ligante do Receptor) do SARS-CoV e SARS-CoV-2, ambos aparentam ter como alvo a ECA2 de membranas das células humanas. SARS-CoV-2 usa a ECA2 como porta de entrada na célula hospedeira, portanto, todas as células que expressam a ECA2 são susceptíveis a infecção. Por esse motivo, alguns autores sugerem que conhecer o modelo de expressão da ECA2 em diferentes órgãos e tecidos é de extrema importância para determinar as rotas de entrada do SARS-CoV-2 e entender melhor a patogênese da doença COVID-19. Existem vários órgãos e tecidos que expressam a ECA2, assim como as dos pulmões, coração,

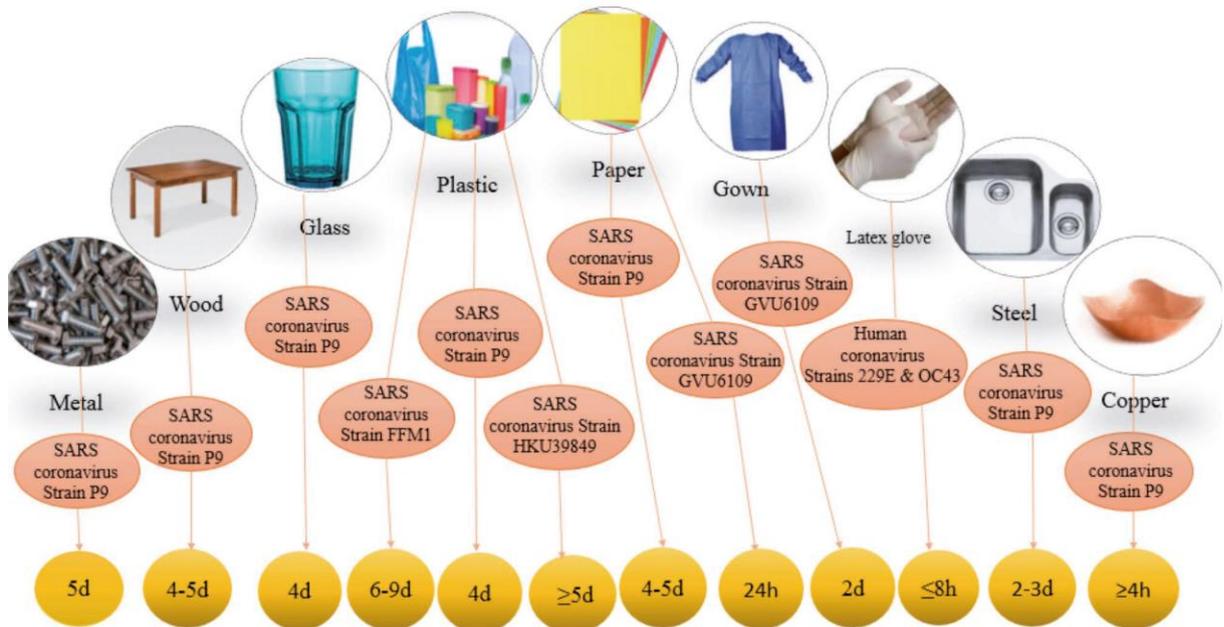
rins, pequena parte dos intestinos grosso e delgado, endotélio de artérias e veias, mucosas orais e glândulas salivares (JAMAL et al., 2021a).

O espalhamento de COVID-19 por transmissão aérea foi reportado recentemente por campos de estudos nos hospitais em Wuhan: RNA do SARS-CoV-2 foi encontrado em amostras de ar coletadas nas enfermarias e em menores quantidades em lugares externos próximos aos hospitais em comparação com as quantidades encontradas dentro dos hospitais. Baseado em avaliações de desfechos, ar deve ser considerado a principal rota de transmissão, especialmente considerando a procedimentos geradores de aerossóis (intubação endotraqueal, broncoscopia, ventilação manual, colocando o paciente na posição prona, traqueostomia, entre outros). O potencial de difusão via transmissão aérea do vírus, realça a importância da adoção de medidas de isolamento (CARRATURO et al., 2020).

Apesar da disseminação do SARS-CoV-2 ser maior através de gotículas respiratórias, a disseminação via superfícies contaminadas também é grande. Estudos recentes mostraram que o SARS-CoV-2 pode persistir em uma grande variedade de superfícies de horas há dias, representado na figura 4. Alguns estudos declaram que o vírus pode persistir por até 9 dias em temperatura ambiente. Esse tempo pode subir para 28 dias para coronavírus veterinário, interessante, se a temperatura for de 30 graus ou mais, a persistência do coronavírus foi menor. Isso indica que uma pessoa pode ter contato com o vírus e ser infectada ao tocar objetos. Apesar da carga de SARS-CoV-2 em superfícies inanimadas no período do surto não é claro, aparentemente há redução da carga viral nas superfícies por meio de desinfetantes, especialmente em superfícies tocadas por pacientes e ao redor dos pacientes, onde há grande carga viral. Usar desinfetantes como hipoclorito pode ser um método efetivo (BROUWER et al., 2020).

A transmissão fecal-oral mostra-se como uma possibilidade, uma vez que o RNA viral do SARS-CoV-2 foi encontrado nas amostras de fezes em alguns pacientes, corroborando com a suspeição de que o trato gastrointestinal é um local em potencial para replicação viral. É importante ressaltar que estudos comprovam a permanência do RNA viral nas fezes mesmo após a remoção do RNA viral do trato respiratório, reforçando mais uma vez o papel do sistema digestivo na via de disseminação (MÉDICA; ALBERTO, 2020).

Figura 4 – Tempo de permanência do SARS-CoV-2 em superfícies

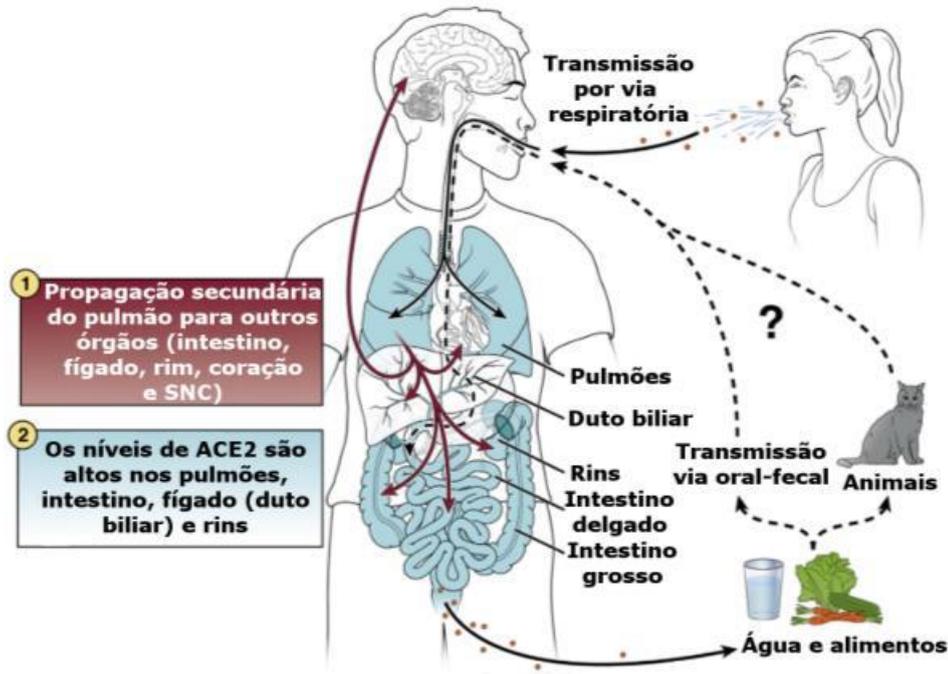


Fonte: Brouwer; et al. (2020).

2.5 Potencial de transmissibilidade via esgoto doméstico

Devido à observação de células do sistema digestório infectadas pelo vírus, existe a possibilidade de ocorrer transmissão oro fecal, demonstrado na figura 5, junto com a transmissão via respiratória (EPIDEMIOLOGICO, 2020).

Figura 5 – Esquema ilustrativo da contaminação e dos órgãos afetados pelo coronavírus.



Fonte: Epidemiológico (2020).

Com o levantamento da possibilidade de transmissão oral-fecal, várias perguntas surgiram sobre as formas de contágio, estendendo as possibilidades de formas de transmissão, como pelo contato com animais contaminados, insetos que circulam por ambientes possivelmente contaminados, que poderiam transportar o vírus em seu corpo e trato digestivo, contaminando as superfícies por onde passam e defecam (HELLER; MOTA; GRECO, 2020).

Há previsões de que a maioria da população irá experimentar somente sintomas leves da COVID 19, logo, permanecerão dentro de casa, tornando a infraestrutura e obras de saneamento, possíveis fontes de contaminação do vírus. É importante ressaltar que o coronavírus pode permanecer estável durante 14 dias no esgoto, porém, substâncias como detergentes e solventes podem diminuir seu tempo de permanência, além de outros fatores como formações de biofilme, temperatura e outras condições ambientais. Apesar de não haver registros de contágio oral-fecal direto, o aumento da carga viral nos esgotos pode aumentar essas chances, elevando o potencial do vírus se tornar aero sólido, particularmente durante o bombeamento das águas residuárias, manutenções nas redes, descargas e transporte subsequente na rede de drenagem (QUILLIAM et al., 2020). Casos de transmissão de SARS-CoV-2 via gotículas de água de fezes por meio de sistemas de ventilação foi reportado no Amoy

Garden em Hong Kong (MEDEMA et al., 2020).

REFERÊNCIAS

ATANGANA, E.; OBERHOLSTER, P. J.; TURTON, A. R. Will the extraction of COVID-19 from wastewater help flatten the curve? **Chemosphere**, v. 271, p. 129429, 2021a.

ATANGANA, E.; OBERHOLSTER, P. J.; TURTON, A. R. Will the extraction of COVID-19 from wastewater help flatten the curve? **Chemosphere**, v. 271, 2021b.

BLACK, J. G.; BLACK, L. J. **MICROBIOLOGY: PRINCIPLES AND EXPLORATION**. 9. ed. Black, Jacquelyn G., Black, Laura J. Microbiology: principles and explorations/Jacquelyn G. Black.—9th ed.: [p. 50-87].

BROUWER, M. C. et al. IN. **LE INFEZION IN MEDICINA**, v. 28, n. June, p. 153–166, 2020.

CARRATURO, F. et al. Persistence of SARS-CoV-2 in the environment and COVID-19 transmission risk from environmental matrices and surfaces. **Environmental Pollution**, v. 265, p. 115010, 2020.

EPIDEMIOLOGICO, T. E. M. A PRESENÇA DO SARS-COV-2 NO ESGOTO : POSSIBILIDADE DE A PRESENÇA DO SARS-COV-2 NO ESGOTO : POSSIBILIDADE DE TRANSMISSÃO E MONITORAMENTO EPIDEMIOLOGICO. n. October, 2020.

GROB, J. **Linear Regression**. Springer ed. [s.l: s.n.].

GÜNER, R.; HASANOĞLU, İ.; AKTAŞ, F. COVID-19 : Prevention and control measures in community. p. 571–577, 2020.

HEIJNEN, L.; BROUWER, A.; MEDEMA, G. Title page Title Presence of SARS-Coronavirus-2 in sewage. Corresponding author contact. **medRxiv**, p. 2020.07.19.20157362, 2020.

HELLER, L.; MOTA, C. R.; GRECO, D. B. COVID-19 faecal-oral transmission: Are we asking the right questions? **Science of the Total Environment**, v. 729, p. 10–12, 2020.

HU, B. et al. Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19. **Nature Reviews Microbiology**, n. December, 2020.

JAMAL, M. et al. Overview of transnational recommendations for COVID-19 transmission control in dental care settings. **Oral Diseases**, v. 27, n. S3, p. 655–664, 2021a.

JAMAL, M. et al. Overview of transnational recommendations for COVID-19 transmission control in dental care settings. v. 27, n. April 2020, p. 655–664, 2021b.

LIU, Y.; KUO, R.; SHIH, S. ScienceDirect COVID-19 : The first documented coronavirus pandemic in history. **Biomedical Journal**, v. 43, n. 4, p. 328–333, 2020.

MCQUAIG, S. M. The development of a human polyomavirus quantitative PCR assay to assess viral persistence, water quality, and human health risks. **ProQuest Dissertations and Theses**, p. 236, 2009.

MEDEMA, G. et al. Title page Presence of SARS-Coronavirus-2 in sewage . Methods Sewage samples. 2020.

MÉDICA, C.; ALBERTO, U. Brazilian Journal of health Review Update on the COVID-19 pandemic : an integrative review Brazilian Journal of health Review. p. 11710–11724, 2020.

OTTER, J. A. et al. Transmission of SARS and MERS coronaviruses and influenza virus in healthcare settings: The possible role of dry surface contamination. **Journal of Hospital Infection**, v. 92, n. 3, p. 235–250, 2016.

QUILLIAM, R. S. et al. COVID-19 : The environmental implications of shedding SARS-CoV-2 in human faeces. **Environment International**, v. 140, n. May, p. 105790, 2020.

SATALOFF, R. T.; JOHNS, M. M.; KOST, K. M. **VIROLOGIA HUMANA**. Santos, Norma Suely de O. (Norma Suely de Oliveira), 1964- Virologia humana/Norma Suely de Oliveira Santos, Maria Teresa Villela Romanos, Marcia Dutra Wigg. – 3. ed. – Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2015: [p. 139-143].

SHI, Y. et al. An overview of COVID-19. v. 21, n. 5, p. 343–360, 2020.

SOARES, A. F. S. et al. Surveillance of the sanitary sewage system and SARS-CoV-2 in Brazil: a necessary discussion TT - Vigilância do sistema de esgotamento sanitário e o novo coronavírus (SARS-CoV-2) no Brasil: uma discussão necessária. 2020.

TORTORA, G.; FUNKE, B.; CASE, C. Vírus, viróides e príons. In: **MICROBIOLOGIA**. Microbiologia [recurso eletrônico] / Gerard J. Tortora, Berdell R. Funke, Christine L. Case ; tradução: Aristóbolo Mendes da Silva ... [et al.] ; revisão técnica: Flávio Guimarães da Fonseca. – 10. ed. – Dados eletrônicos. – Porto Alegre : Artmed, 2012.: [s.n.]. p. 395–396.

WANG, C. et al. A novel coronavirus outbreak of global health concern. **The Lancet**, v. 395, n. 10223, p. 470–473, 2020.

WU, D. et al. International Journal of Infectious Diseases The SARS-CoV-2 outbreak : What we know. v. 94, p. 44–48, 2020a.

WU, Y. et al. Correspondence Prolonged presence of SARS-CoV-2 viral RNA in. **The Lancet Gastroenterology & Hepatology**, v. 5, n. 5, p. 434–435, 2020b.

ZHOU, P. et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. **Nature**, v. 579, n. 7798, p. 270–273, 2020.

SEGUNDA PARTE

ARTIGO 1 – A RELAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE CASOS DE COVID-19 E O MONITORAMENTO DO SARS-COV-2 PELO ESGOTO SANITÁRIO NA REGIÃO METROPOLITANA DE BELO HORIZONTE: UM ESTUDO DE CASO.

1 INTRODUÇÃO

Um surto de internações por problemas respiratórios na cidade de Wuhan, província de Hubei, na China levou a Organização Mundial da Saúde (OMS) a ficar em alerta. Inicialmente, diagnosticada como pneumonia, a doença se espalhava muito rápido entre a população. Foi apenas em janeiro de 2020, que houve a confirmação da descoberta de um novo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, causador da doença COVID-19 (HUANG et al., 2020; ZHU et al., 2020).

Os coronavírus (CoV), pertencentes a família *Coronaviridae*, são vírus de RNA de fita positiva encapsulados, que infectam animais e humanos causando doenças respiratórias, gastrointestinais, hepáticas e neurológicas. Entre as 39 espécies conhecidas na família *Coronaviridae*, destaca-se a síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV) e a síndrome respiratória do Oriente Médio (MERS-CoV) que se assemelham muito ao novo coronavírus, SARS-CoV-2, que recebeu esse nome por sua doença, COVID-19, por causar uma síndrome respiratória aguda grave (SARS) (WU et al., 2020a).

O novo coronavírus é transmitido por meio de contato com secreções contaminadas, como, por exemplo, gotículas de saliva, espirro e tosse. Por essa característica, possuir baixa taxa de mortalidade e outras características como ser assintomática em alguns casos, se espalhou rapidamente pelo mundo, levando a OMS a declarar, em março de 2020, estado de pandemia de COVID – 19 (LIU; KUO; SHIH, 2020). Entre os métodos de prevenção e controle da doença, estão: o uso de máscara, evitar lugares fechados, higienização constante das mãos, desinfecção de superfícies, distanciamento social de pelo menos de 3 a 4 passos e em casos extremos é indicado instaurar quarentena, que é o método mais antigo e eficaz de se conter uma epidemia (GÜNER; HASANOĞLU; AKTAŞ, 2020).

A principal forma de contágio reportada até o momento é por inalação de partículas ou aerossóis de pessoas infectadas (JAMAL et al., 2021b), entretanto, como o SARS-CoV-2 foi detectado em fezes de pacientes contaminados, como também nos esgotos sanitários, este se torna uma potencial fonte de contaminação para o ambiente e para as pessoas (WU et al., 2020b).

O contágio do SARS-CoV-2 por meio de transmissão feco-oral direta ainda não foi confirmada, porém animais e insetos após terem contato com efluente contaminado, podem contaminar superfícies e assim ocasionar a infecção por meio indireto (HELLER; MOTA; GRECO, 2020). Já a transmissão feco-nasal, diferente da feco-oral, foi comprovada em um estudo realizado em um prédio doméstico em Hong Kong na China, onde análises sugeriram

que os aerossóis gerados na descarga do vaso sanitário da família contaminada, chegou aos outros apartamentos pelas chaminés aberturas de drenagem, contaminando as famílias que residiam no mesmo andar (WANG et al., 2020).

Um ponto positivo sobre a presença do SARS-CoV-2, nas águas residuárias é que, segundo Soares; et al. (2020), o material genético do vírus pode ser usado como indicativo de possíveis focos da doença, permitindo o monitoramento e elaboração de planos de controle e prevenção da doença, já que testes de larga escala tem uma grande limitação, devido ao custo e escala.

2 OBJETIVO GERAL

Avaliar a relação entre o número de casos de COVID-19 e o monitoramento do SARS-CoV-2 pelo esgoto sanitário no município de Belo Horizonte.

3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Avaliar através de um modelo estatístico linear o número de casos e a carga viral no esgoto sanitário nas sub-bacias e ETEs Arrudas e Onça de Belo Horizonte;
- Realizar uma revisão de literatura sobre o tema, apontando a importância do entendimento do novo Sars-COV-2 em termos de saúde pública e ambiental.

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Coleta de dados

Para a execução desta pesquisa, foram coletados dados do INCT-ETEs Sustentáveis, sobre a quantidade de carga viral encontrada no esgotamento sanitário da cidade de Belo Horizonte, assim como os métodos empregados para a coleta e análise do material utilizado. Além disso, foram coletados dados sobre os números de infectados e óbitos em Belo Horizonte, por meio da Secretaria Estadual de Saúde de Minas Gérias (SES-MG).

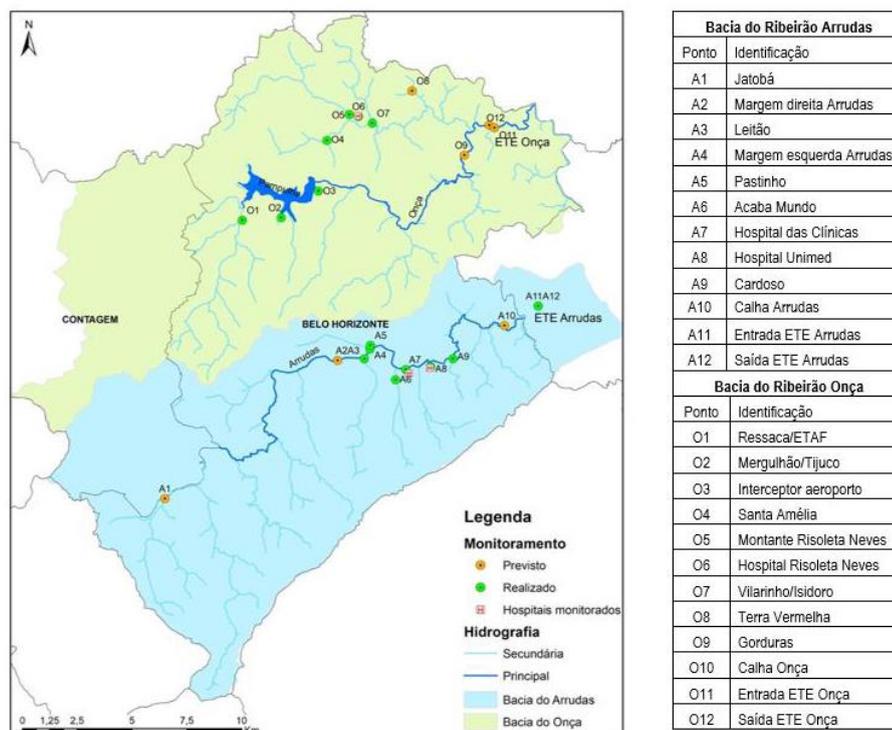
4.1.1 INCT-ETEs Sustentáveis

4.1.1.1 Identificação dos pontos de amostragem

Os pontos de coleta das amostras foram identificados com auxílio dos profissionais da COPASA, buscando-se obter uma representatividade adequada para os municípios de Belo Horizonte. Na escolha dos pontos de amostragem (Figura 6) foram consideradas as seguintes premissas:

- Distribuição espacial homogênea dos pontos de amostragem, abrangendo as sub-bacias dos ribeirões Arrudas e Onça, as quais envolvem todas as regionais de Belo Horizonte.
- Influência de hospitais, tendo em vista a eventual carga viral mais elevada em função do atendimento a pacientes com casos suspeitos e confirmados da COVID-19.
- Índice de vulnerabilidade da saúde, abrangendo amplo espectro de classes sociais.
- Presença e acessibilidade à rede coletora de esgoto, a fim de avaliar a influência do processo de tratamento na remoção do novo coronavírus.

Figura 6. Distribuição dos pontos de amostragem de esgoto ao longo do sistema de esgotamento sanitário da cidade de Belo Horizonte (sub-bacias dos ribeirões Arrudas e Onça).



Fonte: INCT (2020).

Ao final, o planejamento do estudo definiu 24 pontos de monitoramento do esgoto, sendo 12 localizados na sub-bacia do ribeirão Arrudas e outros 12 na sub-bacia do ribeirão da Onça. Do total de pontos monitorados, 22 são representativos do esgoto bruto gerado pela população e pelos hospitais de referência para o tratamento da COVID-19 nestas duas sub-bacias. Os outros 2 pontos representam os efluentes das principais estações de tratamento de esgoto em cada sub-bacia (INCT, 2020).

4.1.1.2 Coletas de amostras de efluentes domésticos urbanos

A coleta das amostras de esgoto nos pontos definidos foi realizada por 6 equipes operacionais da COPASA, com apoio da equipe do INCT ETEs Sustentáveis. Foi realizado o devido isolamento da área ao redor do tampão de acesso ao poço de visita, com isso, foi dado início ao processo de coleta utilizando amostradores automáticos, que mantinham as amostras a 4°C durante todo o período de amostragem, com recipiente de 10 litros. As coletas de amostras foram semicompostas representativas do período da manhã. Após ao término da amostragem, o volume acondicionado no frasco coletor foi homogeneizado e transferido para outro frasco, com volume de 1 litro, o qual foi novamente acondicionado no gelo e em seguida transportado e entregue no laboratório de microbiologia do Departamento de Engenharia Sanitária e Ambiental (DESA)/UFMG (INCT, 2020).

Já as coletas das amostras de esgoto bruto (afluentes) nas ETEs Arrudas e Onça seguem o procedimento normal já adotado nessas duas ETEs, todavia a composição das amostras é feita em 24 horas (INCT, 2020).

4.1.1.3 Análises de amostras de efluentes domésticos urbanos

O processamento das amostras e realização das análises em laboratório se deu em 3 etapas: (1) concentração do vírus; (2) extração do RNA viral; (3) detecção e quantificação do vírus através de reação única de transcrição reversa e PCR em tempo real (One Step Real Time RT-PCR).

A primeira etapa, que envolve o processamento da amostra para concentração do vírus, vem sendo realizada de acordo com a metodologia proposta por Ahmed et al (2015), que se baseia na filtração em membrana carregada negativamente e extração direta do ácido nucleico a partir da membrana, método adaptado de (MCQUAIG, 2009). A segunda etapa consiste na extração do RNA viral, a partir do concentrado obtido na primeira etapa, usando o kit comercial de extração All Prep power Viral DNA/RNA da Qiagen. A terceira etapa consiste na reação de amplificação do material genético do vírus (a partir do RNA extraído) através da técnica RT-PCR em Tempo Real (INCT, 2020).

4.1.2 Secretaria Estadual de Saúde de Minas Gerais (SES-MG)

A SES-MG, disponibiliza dados sobre número de casos e óbitos de COVID-19 no estado de Minas Gerais através de boletins epidemiológicos, porém, no período de julho de 2020 até dezembro de 2021, esses boletins não constavam tais dados separadamente, apenas o total para o estado de Minas Gerais. Por esse motivo, os dados foram obtidos através do painel epidemiológico da SES-MG, que possibilita escolher um município e obter dados de casos e óbitos exclusivos do município escolhido.

4.2 Modelo estatístico para análise de correlação entre carga viral e número de casos

O modelo utilizado para analisar a correlação entre a carga viral (nº de cópias por ml) e o número de casos, foi a regressão linear simples, que é um modelo capaz de investigar a relação entre duas variáveis, sendo uma variável dependente e outra independente. Como primeiro passo, a relação que se deseja investigar deve ser especificada, posteriormente é formulado o modelo da equação linear, como por exemplo, a seguinte equação: $y = b_1 x_{i,1} + \dots + b_n x_{i,p} + a$, onde $i=1, \dots, n$; Sendo “a” o coeficiente angular e “b” o coeficiente linear, Como segundo passo, após a aplicação do modelo, é importante descartar a hipótese nula (H_0), em que $b=0$, ou seja, é imprescindível para a validação da correlação que a regressão obtida expresse melhor a relação do que a média dos pontos analisados (GROB, 2003).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.2 Dados obtidos

5.2.1 Secretaria Estadual de Saúde de Minas Gerais (SES-MG)

Foi realizado uma coleta de dados de óbitos por COVID-19, de acordo com as semanas epidemiológicas, a partir da 28ª semana de 2020 e até a 4ª semana de 2021 (com exceção da 52ª e 53ª semana de 2020), através da Secretaria Estadual de Saúde (SES-MG), representados na tabela 1, que foi utilizada para a correlação de todas as sub-bacias da cidade de Belo Horizonte.

Tabela 1 – Óbitos por semanas epidemiológicas.

<i>Semanas</i>	<i>Óbitos</i>
28/2020	73
29/2020	93
30/2020	117
31/2020	93
32/2020	97
33/2020	128
34/2020	99
35/2020	92
36/2020	83
37/2020	53
38/2020	54
39/2020	63
40/2020	55
41/2020	64
42/2020	57
43/2020	47
44/2020	40
45/2020	36
46/2020	47
47/2020	42
48/2020	33

49/2020	43
50/2020	48
51/2020	46
1/2021	58
2/2021	96
3/2021	129
4/2021	78

Fonte: SES-MG (2021).

A escolha das semanas se deu pelo fato dos dados de carga viral de algumas sub-bacias começar a partir da 28ª semana de 2020 e ir até a 4ª semana de 2021, pelo fato de algumas sub-bacias não possuírem dados da 52ª e da 53ª semana de 2020, optou-se por excluí-las da análise de todas as sub-bacias.

Para a análise das Estações de Tratamento de Esgoto Onças e Arrudas, foram coletados apenas os casos confirmados, porém com uma abrangência maior de semanas, devido à grande quantidade de dados da carga viral, começando da 19ª semana de 2020 e indo até a 14ª semana de 2021, representados na tabela 2.

Tabela 2 – Casos confirmados por semanas epidemiológicas.

<i>Semanas</i>	<i>Casos confirmados</i>		
		28/2020	3057
		29/2020	3082
19/2020	328	30/2020	2970
20/2020	187	31/2020	3606
21/2020	230	32/2020	4160
22/2020	378	33/2020	3517
23/2020	619	34/2020	2362
24/2020	809	35/2020	2787
25/2020	739	36/2020	2227
26/2020	973	37/2020	1804
27/2020	2516	38/2020	2198

39/2020	1770	1/2021	4826
40/2020	1784	2/2021	7181
41/2020	1479	3/2021	6260
42/2020	1336	4/2021	7022
43/2020	987	5/2021	3391
44/2020	1632	6/2021	7152
45/2020	947	7/2021	4337
46/2020	1271	8/2021	5713
47/2020	1765	9/2021	7150
48/2020	1273	10/2021	4418
49/2020	2085	11/2021	6201
50/2020	1620	12/2021	11089
51/2020	1811	13/2021	8225
52/2020	2024	14/2021	8611
53/2020	2222		

Fonte: SES-MG (2021).

5.2.2 INCT ETES Sustentáveis

Através do portal INCT ETES Sustentáveis, foi possível obter dados das cargas virais tanto nas sub-bacias do município de Belo Horizonte, representados pela tabela 3, quanto nas Estações de Tratamento de Esgoto Onça e Arrudas, representados na tabela 4.

Tabela 3 – Carga viral total de todas as sub-bacias de Belo Horizonte, por semana epidemiológica.

<i>Semanas</i>	<i>Carga viral total (cópias/ml)</i>		
		32/2020	400
		33/2020	391.5
		34/2020	363.7
		35/2020	457.4
28/2020	459.1	36/2020	270.7
29/2020	630.5	37/2020	424.2
30/2020	579.7	38/2020	367
31/2020	624.3		

39/2020	406.8	48/2020	1333
40/2020	384.3	49/2020	1655.7
41/2020	274.4	50/2020	1566.3
42/2020	271.5	51/2020	1442.8
43/2020	538.7	1/2021	2597.7
44/2020	428.2	2/2021	1527.5
45/2020	338.7	3/2021	1809.9
46/2020	442.7	4/2021	1011.3
47/2020	1100.9		

Fonte: INCT (2021).

Tabela 4 – Carga viral das ETEs Arrudas e Onça, por semana epidemiológica.

<i>Semanas</i>	<i>Carga viral (cópias/ml)</i>		
	ETE Onças	ETE Arrudas	Soma ETEs
19/2020	0.1	0	0.1
20/2020	0.2	0.3	0.5
21/2020	0	0.2	0.2
22/2020	0.5	1.1	1.6
23/2020	1.8	0.4	2.2
24/2020	3.2	1.6	4.8
25/2020	19.2	11.1	30.3
26/2020	11.2	16.8	28
27/2020	39.2	25.3	64.5
28/2020	25.8	19.8	45.6
29/2020	32.6	32.8	65.4
30/2020	23.9	83.6	107.5
31/2020	40.1	23.7	63.8
32/2020	9.6	15.9	25.5
33/2020	13.8	8.5	22.3
34/2020	10.8	11.4	22.2
35/2020	16.7	17.4	34.1

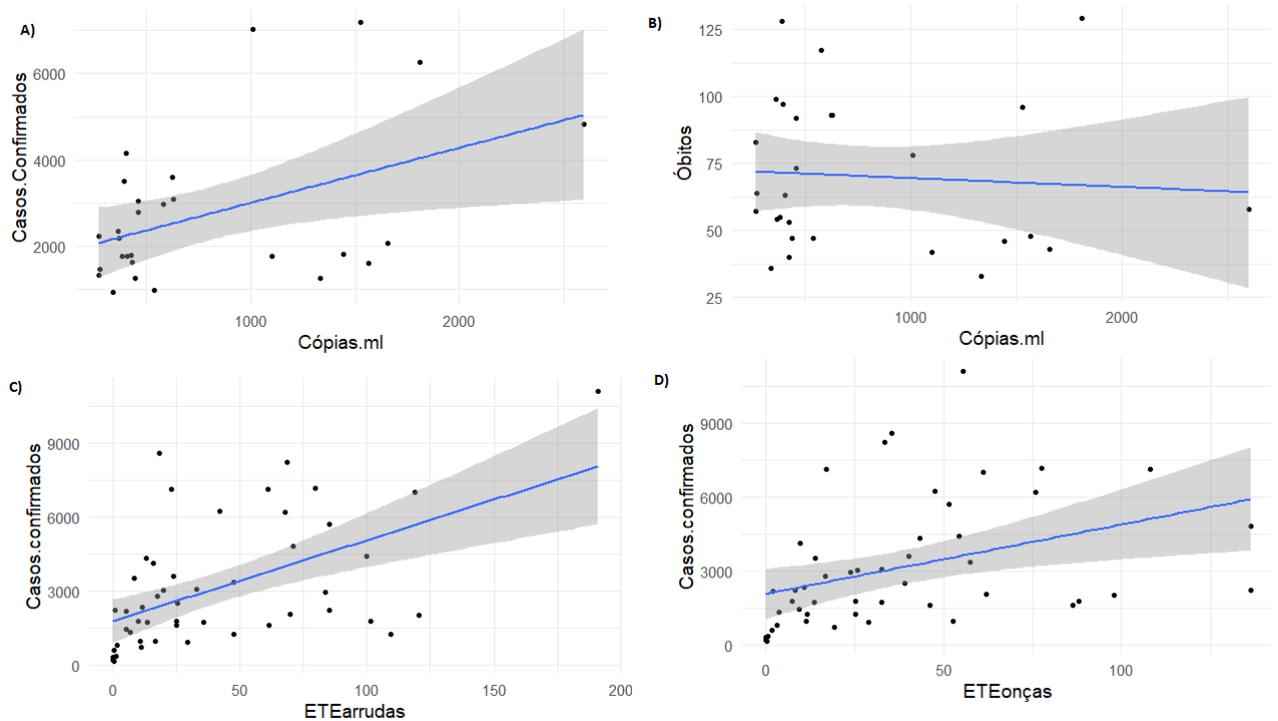
<i>36/2020</i>	8.1	0.9	9
<i>37/2020</i>	7.3	10.1	17.4
<i>38/2020</i>	1.9	5.3	7.2
<i>39/2020</i>	13.7	13.5	27.2
<i>40/2020</i>	25.1	25	50.1
<i>41/2020</i>	9.4	5	14.4
<i>42/2020</i>	3.6	6.8	10.4
<i>43/2020</i>	52.5	10.7	63.2
<i>44/2020</i>	46.2	24.9	71.1
<i>45/2020</i>	28.9	29.3	58.2
<i>46/2020</i>	11.7	47.6	59.3
<i>47/2020</i>	32.5	35.6	68.1
<i>48/2020</i>	25.3	109.3	134.6
<i>49/2020</i>	62.1	69.6	131.7
<i>50/2020</i>	86.3	61.4	147.7
<i>51/2020</i>	88	101.6	189.6
<i>52/2020</i>	97.9	120.4	218.3
<i>53/2020</i>	136.4	85	221.4
<i>1/2021</i>	136.4	70.8	207.2
<i>2/2021</i>	77.6	79.5	157.1
<i>3/2021</i>	47.5	42.1	89.6
<i>4/2021</i>	61.2	119	180.2
<i>5/2021</i>	57.5	47.5	105
<i>6/2021</i>	108.2	61.2	169.4
<i>7/2021</i>	43.2	13.3	56.5
<i>8/2021</i>	51.6	85.3	136.9
<i>9/2021</i>	17	23	40
<i>10/2021</i>	54.4	100	154.4
<i>11/2021</i>	75.9	67.8	143.7
<i>12/2021</i>	55.6	191	246.6
<i>13/2021</i>	33.4	68.7	102.1
<i>14/2021</i>	35.3	18.4	53.7

Fonte: INCT (2021).

5.3 Modelagem dos dados por regressão linear simples

A partir do RStudio, que é um software livre de ambiente de desenvolvimento integrado para R, uma linguagem de programação para gráficos e cálculos estatísticos, foram executados testes estatísticos de regressão linear simples e de Pearson.

Figura 7 – Regressão linear, A) Casos confirmados x carga viral total das sub-bacias, B) Óbitos x carga viral total das sub-bacias, C) Casos confirmados x carga viral total ETE Arrudas, D) Casos confirmados x carga viral total ETE Onça.



Fonte: Do Autor (2021).

5.3.1 Relação casos confirmados e carga viral das sub-bacias

A primeira correlação feita foi a de casos confirmados pela carga viral somada de todas as sub-bacias de Belo Horizonte, inclusive as ETES Arrudas e Onça, o gráfico que representa a regressão linear está representado na figura 7A.

Todas as regressões lineares nesse trabalho foram realizadas pelo RStudio, e assim, foi possível calcular a significância do teste, assim como o valor do R^2 , valores apresentados pela

tabela 5.

Tabela 5 – Valores da significância e R²

Valor de p	R² múltiplo	R² ajustado
0.0179	0.1971	0.1663

Fonte: Do autor (2021).

5.3.2 Relação óbitos e carga viral das sub-bacias

A regressão referente ao número de óbitos e a soma da carga viral das sub-bacias, inclusive as ETEs Arrudas e Onça, é evidenciado na figura 7B, que nos demonstra um nível de significância insuficiente ($>0,05$).

5.3.3 Relação Casos confirmados e carga viral das ETE Arrudas

Quanto a relação de carga viral com a ETE Onças, os valores estão apresentados na tabela 7.

Tabela 7 – Valores da significância e R²

Valor de p	R² múltiplo	R² ajustado
0.0067	0.1460	0.128

Fonte: Do autor (2021).

5.3.4 Relação Casos confirmados e carga viral das ETE Onça

A regressão linear simples para os dados de carga viral de amostras coletadas no fluxo de entrada, ou seja, no afluente da ETE Onça, correlacionando com os números de casos do município de Belo Horizonte, por semana epidemiológica, gráfico representado na figura 7C.

Calculou-se a significância do teste, assim como o valor do R^2 , valores apresentados pela tabela 8.

Tabela 8 – Valores da significância e R^2

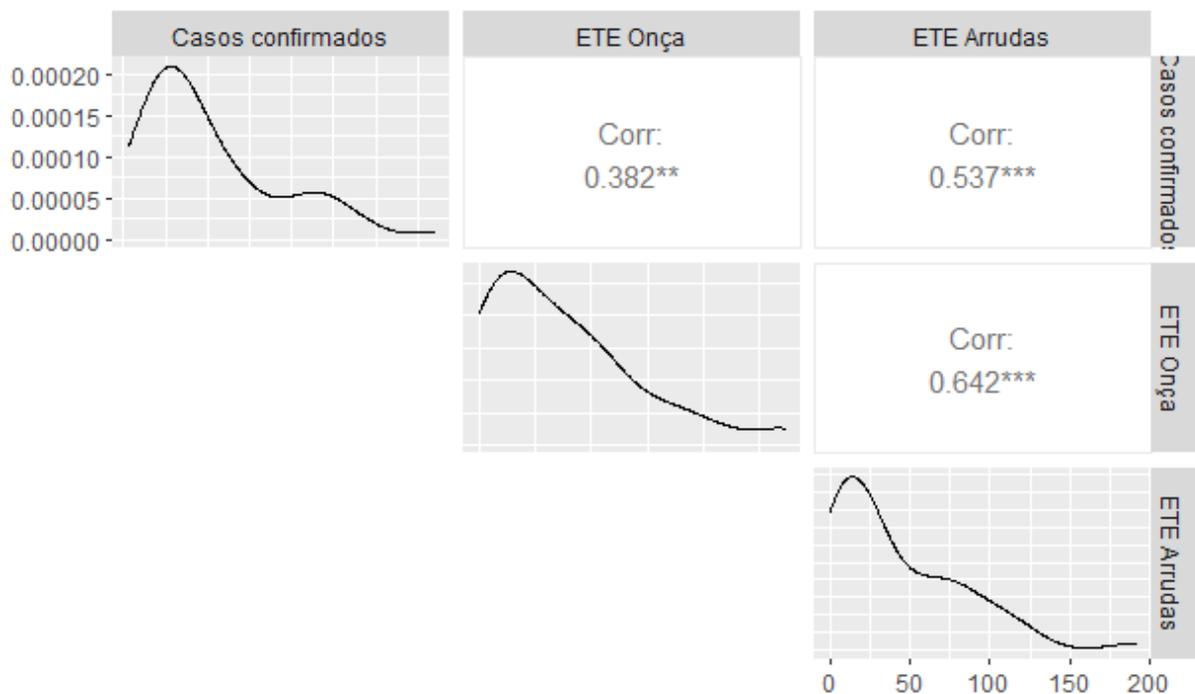
Valor de p	R^2 múltiplo	R^2 ajustado
0.0001	0.2648	0.2491

Fonte: Do autor (2021).

5.4 Teste estatístico de Pearson

O teste estatístico de Pearson foi realizado por meio do RStudio, como os dados que apresentaram melhores resultados de relação entre a variável dependente com a independente, foram os das ETEs, esse teste estatístico foi apenas para esses dados, demonstrados na figura 11.

Figura 8 – Gráfico gerado pelo teste estatístico de Pearson



Fonte: Do autor (2021).

6 CONCLUSÃO

O presente trabalho permitiu avaliar a relação da carga viral analisada nos pontos de coleta do município de Belo Horizonte e fornecida pela INCT ETEs Sustentáveis, com o número de casos e óbitos confirmados deste município, cujos dados foram fornecidos pela Secretaria Estadual de Saúde de Minas Gerais (SES-MG), o cenário foi avaliado entre a 19ª semana epidemiológica de 2020, até a 14ª semana de 2021.

Por meio do ajuste do modelo de regressão linear simples e o teste estatístico de Pearson, foi possível constatar que a carga viral consegue explicar cerca de 25% , valor que não é tão alto, mas por ter uma significância baixa e uma correlação alta revelada pelo teste de Pearson, demonstra que o monitoramento de COVID-19 pelo efluente doméstico urbano é válido, sendo de enorme relevância para utilização de ferramentas epidemiológicas, é de suma importância que o monitoramento por carga viral dos esgotos seja considerada pelos municípios e governo local, por ser uma ferramenta epidemiológica relativamente barata, com grande potencial e que representa um enorme passo para o alinhamento da saúde pública com o meio ambiente para o enfrentamento à essa doença.

REFERÊNCIAS

AHMED, W., HARWOOD, V.J., GYAWALI, P., SIDHU, J.P., TOZE, S., 2015. **Comparison of concentration methods for quantitative detection of sewage-associated viral markers in environmental waters.** *Appl. Environ. Microbiol.* 81 (6), 2042–2049.

ATANGANA, E.; OBERHOLSTER, P. J.; TURTON, A. R. Will the extraction of COVID-19 from wastewater help flatten the curve? **Chemosphere**, v. 271, p. 129429, 2021a.

ATANGANA, E.; OBERHOLSTER, P. J.; TURTON, A. R. Will the extraction of COVID-19 from wastewater help flatten the curve? **Chemosphere**, v. 271, 2021b.

BLACK, J. G.; BLACK, L. J. **MICROBIOLOGY: PRINCIPLES AND EXPLORATION.** 9. ed. Black, Jacquelyn G., Black, Laura J. Microbiology: principles and explorations/Jacquelyn G. Black.—9th ed.: [s.n.].

BROUWER, M. C. et al. IN. **LE INFEZION IN MEDICINA**, v. 28, n. June, p. 153–166, 2020.

CARRATURO, F. et al. Persistence of SARS-CoV-2 in the environment and COVID-19 transmission risk from environmental matrices and surfaces. **Environmental Pollution**, v. 265, p. 115010, 2020.

EPIDEMIOLOGICO, T. E. M. A PRESENÇA DO SARS-COV-2 NO ESGOTO : POSSIBILIDADE DE A PRESENÇA DO SARS-COV-2 NO ESGOTO : POSSIBILIDADE DE TRANSMISSÃO E MONITORAMENTO EPIDEMIOLOGICO. n. October, 2020.

GROB, J. **Linear Regression.** Springer ed. [s.l: s.n.].

GÜNER, R.; HASANOĞLU, İ.; AKTAŞ, F. COVID-19 : Prevention and control measures in community. p. 571–577, 2020.

HEIJNEN, L.; BROUWER, A.; MEDEMA, G. Title page Title Presence of SARS-Coronavirus-2 in sewage. Corresponding author contact. **medRxiv**, p. 2020.07.19.20157362, 2020.

HELLER, L.; MOTA, C. R.; GRECO, D. B. COVID-19 faecal-oral transmission: Are we asking the right questions? **Science of the Total Environment**, v. 729, p. 10–12, 2020.

HU, B. et al. Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19. **Nature Reviews Microbiology**, n. December, 2020.

JAMAL, M. et al. Overview of transnational recommendations for COVID-19 transmission control in dental care settings. **Oral Diseases**, v. 27, n. S3, p. 655–664, 2021a.

JAMAL, M. et al. Overview of transnational recommendations for COVID-19 transmission control in dental care settings. v. 27, n. April 2020, p. 655–664, 2021b.

LIU, Y.; KUO, R.; SHIH, S. ScienceDirect COVID-19 : The first documented coronavirus pandemic in history. **Biomedical Journal**, v. 43, n. 4, p. 328–333, 2020.

MCQUAIG, S. M. The development of a human polyomavirus quantitative PCR assay to assess viral persistence, water quality, and human health risks. **ProQuest Dissertations and Theses**, p. 236, 2009.

MEDEMA, G. et al. Title page Presence of SARS-Coronavirus-2 in sewage . Methods Sewage samples. 2020.

MÉDICA, C.; ALBERTO, U. Brazilian Journal of health Review Update on the COVID-19 pandemic : an integrative review Brazilian Journal of health Review. p. 11710–11724, 2020.

OTTER, J. A. et al. Transmission of SARS and MERS coronaviruses and influenza virus in healthcare settings: The possible role of dry surface contamination. **Journal of Hospital Infection**, v. 92, n. 3, p. 235–250, 2016.

QUILLIAM, R. S. et al. COVID-19 : The environmental implications of shedding SARS-CoV-2 in human faeces. **Environment International**, v. 140, n. May, p. 105790, 2020.

SATALOFF, R. T.; JOHNS, M. M.; KOST, K. M. **VIROLOGIA HUMANA**. Santos, Norma Suely de O. (Norma Suely de Oliveira), 1964- Virologia humana/Norma Suely de Oliveira Santos, Maria Teresa Villela Romanos, Marcia Dutra Wigg. – 3. ed. – Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2015: [s.n.].

SHI, Y. et al. An overview of COVID-19. v. 21, n. 5, p. 343–360, 2020.

SOARES, A. F. S. et al. Surveillance of the sanitary sewage system and SARS-CoV-2 in Brazil: a necessary discussion TT - Vigilância do sistema de esgotamento sanitário e o novo coronavírus (SARS-CoV-2) no Brasil: uma discussão necessária. 2020.

TORTORA, G.; FUNKE, B.; CASE, C. Vírus, viróides e príons. In: **MICROBIOLOGIA**. Microbiologia [recurso eletrônico] / Gerard J. Tortora, Berdell R. Funke, Christine L. Case ; tradução: Aristóblo Mendes da Silva ... [et al.] ; revisão técnica: Flávio Guimarães da Fonseca. – 10. ed. – Dados eletrônicos. – Porto Alegre : Artmed, 2012.: [s.n.]. p. 395–396.

WANG, C. et al. A novel coronavirus outbreak of global health concern. **The Lancet**, v. 395, n. 10223, p. 470–473, 2020.

WU, D. et al. International Journal of Infectious Diseases The SARS-CoV-2 outbreak : What we know. v. 94, p. 44–48, 2020a.

WU, Y. et al. Correspondence Prolonged presence of SARS-CoV-2 viral RNA in. **The Lancet Gastroenterology & Hepatology**, v. 5, n. 5, p. 434–435, 2020b.

ZHOU, P. et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. **Nature**, v. 579, n. 7798, p. 270–273, 2020.