



**XXXIII SIC** SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2021
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Vigilância ambiental de SARS-CoV-2
<b>Autor</b>	MARIA FERNANDA RECH
<b>Orientador</b>	FABIANA HORN

## Vigilância Ambiental de SARS-CoV-2

Maria Fernanda Rech, Fabiana Horn (orientadora) (UFRGS)

O monitoramento da prevalência do vírus SARS-CoV-2 na população baseado em esgoto tem se mostrado de grande ajuda no controle de incidência da doença. Isso porque, em muitos países, o número de infectados excede a capacidade de testagem dos sistemas públicos de saúde. Uma vez que os vírus envelopados apresentam uma maior afinidade por partículas sólidas a quantificação do SARS-CoV-2 no lodo de esgoto apresenta-se como um método epidemiológico capaz de fornecer resultados e uma medida rápida do nível de contaminação da comunidade, com potencial para prever o aumento ou a diminuição do número de casos. Assim, este trabalho tem como objetivo testar a aplicabilidade e eficiência desse tipo de monitoramento em Porto Alegre.

Para tanto, amostras de lodo foram coletadas da Estação de Tratamento de Esgoto Serraria (ETE Serraria) semanalmente desde janeiro de 2021. A extração de RNA é realizada no mesmo dia com o Kit RNEASY Powersoil Total RNA, da Qiagen, e a quantificação do RNA viral é feita por RT-qPCR, utilizando o *primer* N1, publicado pelo CDC.

Todas as amostras apresentaram resultado positivo para a presença de SARS-CoV-2. Notamos, porém, uma baixa correlação entre o número de cópias virais obtidas e os dados epidemiológicos (novos casos diários, hospitalizações e acúmulo de 20 dias). Estamos analisando novas abordagens para uma melhor correlação, como o uso de um normalizador (PMMoV) e/ou um aumento na frequência das coletas. Além disso, a primeira tentativa de identificar por PCR variantes do SARS-CoV-2 nas amostras de lodo mostrou um resultado positivo para a cepa referência em todas as amostras testadas. As amostras de março e abril obtiveram resultado positivo para variante P1, coincidindo com o início do predomínio dessa variante na população. Ademais, estamos avaliando a possibilidade de sequenciamento dos genomas detectados.