



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ
PRÓ-REITORIA DE ENSINO DE PÓS-GRADUAÇÃO
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM TECNOLOGIAS APLICADAS A
ANIMAIS DE INTERESSE REGIONAL**

**INCIDÊNCIA E DISSEMINAÇÃO GEOGRÁFICA DO SARS-COV-2 NO PIAUÍ,
BRASIL, COM BASE NOS RESULTADOS DO TESTE RT-PCR**

Teresina – PI
2024

MATEUS SÁVIO AMORIM SILVA

**INCIDÊNCIA E DISSEMINAÇÃO GEOGRÁFICA DO SARS-COV-2 NO PIAUÍ,
BRASIL, COM BASE NOS RESULTADOS DO TESTE RT-PCR**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Aplicadas a Animais de Interesse Regional, da Universidade Federal do Piauí Campus Ministro Petrônio Portella, como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências.

Linha de pesquisa: Diagnóstico e Terapêutica em Medicina Veterinária

Orientador: Prof. Dra. Maria do Socorro Pires e Cruz

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial CCA
Serviço de Representação Temática da Informação

S586i Silva, Mateus Sávio Amorim.
Incidência e disseminação geográfica do sars-cov-2 no piauí,
brasil, com base nos resultados do teste RT-PCR / Mateus Sávio
Amorim Silva. -- 2024.
43 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Centro
de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação Tecnologias
Aplicadas a Animais de Interesse Regional, 2024.
“Orientadora: Profa. Dra. “Maria do Socorro Pires e Cruz.”

1. COVID-19. 2. Exame - RT-PCR. 3. Piauí. I. Cruz, Maria do
Socorro Pires e. II. Título.

CDD 614.4

Bibliotecário: Rafael Gomes de Sousa - CRB3/1163

**INCIDÊNCIA E DISSEMINAÇÃO GEOGRÁFICA DO SARS-COV-2 NO PIAUÍ,
BRASIL, COM BASE NOS RESULTADOS DO TESTE RT-PCR**

Mateus Sávio Amorim

Banca examinadora:

Maria do Socorro Pires e Cruz

Profª. Dra. Maria do Socorro Pires e Cruz
(Presidente / Orientadora) DMV/CCA/UFPI

Fabício Pires de Moura do Amaral

Prof. Dr. Fabrício Pires de Moura do Amaral
(Examinador externo) UESPI

Luana Dias de Moura

Profª. Dra. Luana Dias de Moura
(Examinadora externa) UNIFSA

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por sempre me guiar, me fazer ter paciência e ser resiliente. Foi um desafio, mas devemos aceitar e dar o melhor.

À Universidade Federal do Piauí pelo acolhimento e disponibilidade para com tudo que precisei.

A minha mãe (**Antônia**), por sempre confiar em mim, mesmo em ocasiões em que eu mesmo não confiei, duvidando assim da minha capacidade, e por me apoiar em minhas jornadas, sejam elas, acadêmica, profissional ou pessoal, me instruindo a ser alguém melhor. Eternamente grato pelo seu amor, pela sua dedicação e pelos ensinamentos. Eu te amo incondicionalmente.

A minha madrinha, minha segunda mãe (**Neuda**), que sempre acredita e apoia meus sonhos, sabendo a importância em tudo o que vou fazer. Amo sem medida.

A minha namorada **Joana Carolina**, que sempre me incentiva e acredita em mim, sendo a pessoa mais sábia e verdadeira que conheço, o carinho que sempre me acalma e o abraço que sempre me traz conforto. Te amo!

A minha Orientadora magnífica, Prof. Dra **Maria do Socorro Pires e Cruz**, por sempre ser a pessoa em que me balizo quando penso em algo que vou fazer, sendo minha inspiração pois leva o compromisso, a dedicação e amor em tudo que se propõe a fazer.

Aos meus amigos, **Kellen Matuzzy**, uma pessoa comprometida, ética e profissional, em que me espelho; a **Jackeline**, por sempre em momentos de tensão ter doces palavras de incentivo e tranquilidade; ao meu amigo **Araújo** que é a pessoa mais prestativa que conheço.

Ao meu amigo de longa data **Enéas Costa**, por me auxiliar na reta final deste estudo, quero ter sua paciência de Jó (rsrs).

Aos meus amigos de Mestrado que me apoiaram e foi recíproco, e desejo conservar a amizade por longos anos.

RESUMO

No final de 2019, um novo coronavírus surgiu na cidade Wuhan, na China, desencadeando um surto de pneumonia viral incomum, caracterizada por uma alta taxa de transmissibilidade, essa doença ficou conhecida como COVID-19. A mais recente pandemia foi desencadeada pelo SARS-CoV-2, que é um Beta-Coronavirus estreitamente relacionado ao SARS-CoV (Síndrome respiratória aguda grave). O primeiro caso confirmado de COVID-19 no Brasil ocorreu em 26 de fevereiro e no Piauí em 19 de março de 2020 e no decorrer dos 60 dias após a primeira confirmação da infecção pelo SARS-CoV-2 foram confirmados 2.440 casos e 85 óbitos pela doença. O objetivo deste estudo é analisar a distribuição dos casos de SARS-Cov-2 diagnosticados por RT-PCR no Estado do Piauí ocorridos entre março de 2020 a fevereiro de 2022 e correlacionar com as variáveis: sexo, faixa etária, raça/cor e localidade/território de desenvolvimento. Para tanto, foi realizado um estudo descritivo e analítico, realizado por meio do levantamento epidemiológico dos casos de COVID-19 no estado do Piauí entre março de 2020 a fevereiro de 2022, extraídos da plataforma gerenciador de ambiente laboratorial (GAL), do Laboratório Central de Saúde Pública do Estado do Piauí “Dr Costa Alvarenga” (LACEN-PI). Foram considerados apenas os testes realizados por RT-PCR com resultados válidos, correlacionando com as seguintes variáveis: sexo, faixa etária, raça/cor e território do desenvolvimento. O número de amostras registradas no GAL como suspeitas de COVID-19, no período totalizaram 400.988, com 124.099 de teste reagentes, dados utilizados para este estudo, que representa um percentual de positividade geral de 30,94%. Os maiores percentuais de testes RT-PCR positivos foram observados nos meses de junho de 2020 (47,73%), março de 2021 (41,18%) e fevereiro de 2022 (40,63%). A maior prevalência de casos de COVID-19, levando-se em consideração a variável sexo e faixa etária, ocorreu em homens (30,24%) e em pessoas acima de 70 anos (37,48%). Com relação à variável raça/cor, encontramos uma prevalência maior em indígenas (33,45%), seguido da cor amarela, preta, branca e parda (32,7%, 31,52%, 30,41% e 30,40%, respectivamente). O estado do Piauí está dividido em 12 Territórios de Desenvolvimento, assim distribuídos: Planície Litorânea; Cocais; Carnaubais; Entre Rios; Vale do Sambito; Vale do Guaribas; Chapada Vale do Rio Itaim; Vale do Canindé; Serra da Capivara; Tabuleiros dos Rios Piauí e Itaueiras; Tabuleiros do Alto Parnaíba e Chapada das Mangabeiras. Os dados nos permitem afirmar que o território do desenvolvimento do estado do Piauí com a maior ocorrência de casos de COVID-19 foi Entre Rios (322.411), seguido da Planície Litorânea (19.939), Carnaubais (16.951), Vale dos Rios Piauí e Itaueira (16.333), Cocais (14.898), Vale do Rio Guaribas (15.105), Vale do Sambito (5.892), Vale do Canindé (5.616), Chapada do Vale do Itaim (3.617), Serra da Capivara (2.760), Chapada das Mangabeiras (2.889) e Tabuleiro do Alto Parnaíba (492). Entretanto, o território com maior prevalência foi o de Carnaubais que engloba municípios com menor número de habitantes como Jatobá do Piauí (4.494), Cocal de Telha (4.911) e Boa Hora (6.902). Assim concluímos que a pandemia de COVID-19 no estado do Piauí, no período de março de 2020 a fevereiro de 2022, atingiu municípios em todos os territórios do desenvolvimento, se concentrando no território de Entre Rios, onde está localizada a capital do estado, Teresina, que é a cidade mais populosa e a que apresenta a melhor infraestrutura hospitalar. Entretanto, a maior prevalência ocorreu em um território com municípios com menor número de habitantes.

Palavra-Chave: COVID-19; RT-PCR; PIAUÍ

ABSTRACT

The first confirmed case of COVID-19 in Piauí occurred on March 19, 2020, and over the course of 60 days following the initial confirmation of SARS-CoV-2 infection, 2,440 cases and 85 deaths from the disease were confirmed. The aim of this study is to analyze the distribution of SARS-Cov-2 cases diagnosed by RT-PCR in the state of Piauí from March 2020 to February 2022 and correlate them with variables such as gender, age group, race/color, and location/territory of development. To achieve this, a descriptive and analytical study was conducted through an epidemiological survey of COVID-19 cases in the state of Piauí between March 2020 and February 2022, extracted from the Laboratory Central of Piauí's (LACEN-PI) Laboratory Data Management platform (GAL). Only RT-PCR tests with valid results were considered, correlating with the following variables: gender, age group, race/color, and development territory. The number of samples recorded in GAL as suspected COVID-19 cases during the total period was 400,988, with 124,099 reactive test results, data used for this study, representing an overall positivity rate of 30.94%. The highest percentages of positive RT-PCR tests were observed in the months of June 2020 (47.73%), March 2021 (41.18%), and February 2022 (40.63%). The highest prevalence of COVID-19 cases, considering the variables of gender and age group, occurred in men (30.24%) and people above 70 years old (37.48%). Regarding the race/color variable, a higher prevalence was found in Indigenous individuals (33.45%), followed by yellow, black, white, and brown (32.7%, 31.52%, 30.41%, and 30.40%, respectively). The state of Piauí is divided into 12 Development Territories, distributed as follows: Coastal Plain; Cocais; Carnaubais; Between Rivers; Sambito Valley; Guaribas Valley; Chapada Vale do Rio Itaim; Canindé Valley; Serra da Capivara; Tabuleiros dos Rios Piauí e Itaueiras; Tabuleiros do Alto Parnaíba; and Chapada das Mangabeiras. The data allow us to affirm that the development territory in the state of Piauí with the highest occurrence of COVID-19 cases was Entre Rios (322,411), followed by Coastal Plain (19,939), Carnaubais (16,951), Valley of Rivers Piauí and Itaueira (16,333), Cocais (14,898), Guaribas Valley (15,105), Sambito Valley (5,892), Canindé Valley (5,616), Chapada do Vale do Itaim (3,617), Serra da Capivara (2,760), Chapada das Mangabeiras (2,889), and Alto Parnaíba Plateau (492). However, the territory with the highest prevalence was Carnaubais, which includes municipalities with fewer inhabitants such as Jatobá do Piauí (4,494), Cocal de Telha (4,911), and Boa Hora (6,902). In conclusion, the COVID-19 pandemic in the state of Piauí, from March 2020 to February 2022, affected municipalities in all development territories, concentrating in the Entre Rios territory, where the state capital, Teresina, is located, being the most populous city and presenting the best hospital infrastructure. However, the highest prevalence occurred in a territory with municipalities with a lower number of inhabitants

Keywords: COVID-19; RT-PCR; PIAUÍ

LISTA DE ABREVIATURA, SIGLAS E SÍMBOLOS

SARS-COV	Coronavirus da síndrome respiratória aguda grave
MERS-CoV	Síndrome respiratória do Oriente Médio
OMS	Organização Mundial da Saúde
(Ro)	Número reprodutivo básico real
CSG	Grupo de estudos sobre <i>Coronaviridae</i>
ICTV	Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus
HCoV-19	Coronavírus Humano
COVID-19	Doença de Coronavírus 2019
ORFs	Quadro de Leitura
NSP	Proteína não estrutural
S	Espículo
E	Envelope
M	Membrana Membrana
N	Nucleocapsídeo
RaTG13 e RmYN02	Coronavírus de Morcego
MRCA	Ancestral comum recente
COV	Corona
RNA	Ácido Ribonucleico
HE	Hemaglutinina-esterase
ECA 2 e ACE 2	Enzima conversora da angiotensina 2
TMPRSS2	Protease transmembrana serina 2
BoCoVs	Coronavírus Bovino
ESPIN	Emergência de saúde pública de importância nacional
RT-PCR	Reação de transcriptase combinada com a reação da cadeia da polimerase
CK	Creatina quinase
TC	Tomografia Computadorizada
POCTs	Teste laboratorial em postos de atendimento
RDT	Teste de diagnóstico rápido
pCovs	Coronavirus Pangolins

LISTA DE FIGURAS

Página

Figura 1. Número de resultados de testes positivos, negativos e o percentual de positividade por mês, durante o período de março de 2020 a fevereiro de 2022, estado do Piauí, Brasil.....	26
Figura 2. Distribuição dos 12 Territórios de Desenvolvimento do estado do Piauí, de acordo com a Secretaria de Planejamento do Estado.....	29
Figura 3. Distribuição dos casos positivos para COVID-19, detectados por RT-PCR, ocorridos de 2020 a 2022, de acordo com os municípios dos territórios do desenvolvimento do estado do Piauí.....	31
Figura 4. Distribuição dos casos positivos para COVID-19, detectados por RT-PCR, ocorridos em 2020, de acordo com os municípios de acordo com os territórios do desenvolvimento do estado do Piauí.....	33
Figura 5. Distribuição dos casos positivos para COVID-19, detectados por RT-PCR, ocorridos em 2021, de acordo com os municípios de acordo com os territórios do desenvolvimento do estado do Piauí.....	34

LISTA DE QUADROS E TABELAS

Página

Tabela 1. Distribuição de casos e prevalência de COVID-19 por sexo, faixa etária e raça. Piauí, Brasil, Março/2020 a Fevereiro/2022.....	27
Tabela 2. Distribuição de casos e prevalência de COVID-19 por Território de desenvolvimento. Piauí, Brasil, Março/2020 a Fevereiro/2022.....	30

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO E REVISÃO DE LITERATURA	12
1.1 Covid-19.....	12
1.2 Definição Vírus	13
1.3 Taxonomia.....	14
1.4 Agente Etiológico.....	15
1.5 Origem.....	16
1.6 Coronavírus no Mundo.....	17
1.7 Coronavírus no Brasil.....	17
1.8 Covid-19 no Nordeste e Piauí.....	18
1.9 Diagnóstico.....	19
2. OBJETIVOS	21
2.1 Objetivos Gerais.....	21
2.2 Objetivos Específicos.....	21
3. CAPÍTULO	22
INTRODUÇÃO.....	24
METODOLOGIA.....	25
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
CONCLUSÃO.....	35
AGRADECIMENTOS.....	36
REFERÊNCIAS.....	37
4. ANEXOS	38
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41

1. INTRODUÇÃO E REVISÃO DE LITERATURA

1.1 COVID-19

Os coronavírus constituem um grupo diversificado de vírus capazes de infectar diversas espécies animais, podendo ocasionar desde infecções respiratórias leves até quadros mais graves em seres humanos. No início do século XXI, dois coronavírus altamente patogênicos de origem zoonótica, o coronavírus da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV) em 2002, e o coronavírus da síndrome respiratória do Oriente Médio (MERS-CoV) em 2012, emergiram em humanos, resultando em doenças respiratórias fatais e destacando os coronavírus como uma nova preocupação de saúde pública. No final de 2019, um novo coronavírus, denominado SARS-CoV-2, surgiu na cidade de Wuhan, na China, desencadeando um surto de pneumonia viral incomum. Caracterizada por uma alta taxa de transmissibilidade, essa nova doença por coronavírus, também conhecida como COVID-19, propagou-se rapidamente por todo o mundo (Hu *et al.*, 2020).

A COVID-19 parece não ser muito diferente da síndrome respiratória aguda grave no que diz respeito às suas características clínicas. No entanto, apresenta uma taxa de letalidade de 2,3%, inferior à da SARS (9,5%) e muito inferior à da MERS (34,4%). Não se pode excluir a possibilidade de que, devido ao quadro clínico menos grave da COVID-19, esta possa se propagar na comunidade mais facilmente do que a MERS e a SARS. O número reprodutivo básico real (R_0) da COVID-19, aparentemente variando de 2,0–2,5, ainda é discutível. É provavelmente ligeiramente superior ao (R_0) da SARS (1,7–1,9) e superior ao do MERS (<1) (Petrosillo, 2020).

O SARS-CoV-2 faz parte da linhagem B dos beta-coronavírus e está estreitamente relacionado ao vírus SARS-CoV. Aparentemente, a transição do SARS-CoV-2 de animais para humanos ocorreu no mercado de frutos do mar de Huanan, em Wuhan, China. No entanto, os esforços para identificar possíveis hospedeiros intermediários parecem ter sido negligenciados em Wuhan, e a exata via de transmissão necessita ser esclarecida com urgência (Velavan, 2020).

A maioria dos vírus emergentes resulta em zoonoses, impulsionado, em parte, pela expansão humana em áreas anteriormente inexploradas, onde existem espécies selvagens que tinham pouco contato com os seres humanos. Alguns destes animais são capturados para fins comerciais, como alimentação, utilizados como remédios da medicina tradicional ou como animais de estimação. A invasão do habitat destas espécies resulta em contato com sua

microbiota, originando emergências em saúde fortes. A pandemia da COVID-19 provavelmente não será a última emergência sanitária enfrentada pela humanidade. Gradualmente, temos identificado as áreas em que devemos estar preparados, e os governos e organizações supranacionais devem assumir a responsabilidade de coordenar esforços para prevenir danos semelhantes aos causados pela atual emergência do SARS-CoV-2 (Santos, 2021).

Em 20 de janeiro de 2020, a OMS publicou um relatório de situação indicando 282 casos confirmados em laboratório e 6 mortes em todo o mundo. Esse número aumentou significativamente para 21.294.845 casos confirmados em laboratório e 761.779 mortes em 16 de agosto de 2020. Em 11 de março de 2020, a OMS oficialmente declarou a infecção por COVID-19 como uma pandemia. Além disso, a avaliação de risco da OMS classificou a COVID-19 como uma pandemia global de “Alto risco” (Muralidar, 2020).

1.2 DEFINIÇÃO DO VÍRUS (SARS-CoV-2)

A atribuição de um nome a um novo vírus é crucial não apenas para os virologistas a longo prazo, mas também para uma comunicação eficaz com o público em geral. Nos últimos 25 anos, em todos os principais casos de vírus zoonóticos emergentes, a denominação do novo vírus não foi direta, e a maioria passou por um processo de renomeação (Wang, 2020).

Existe uma ampla variedade de vírus cujas características fenotípicas ainda não são conhecidas, o que faz dos seus genomas a única característica precisa conhecida para a grande maioria deles e que pode ser utilizada para identificar vírus específicos. Com base em suas características genotípicas e fenotípicas, o Grupo de Estudos sobre *Coronaviridae* (CSG) do Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV), designou o vírus da COVID-19 como SARSCoV-2 (Gorbalenya, 2019).

Com uma organização estrutural, contendo glicoproteínas ao redor do vírus, foi designado o termo corona, uma vez que esta forma se assemelha a uma coroa aos agentes com esta conformação. Apesar do Grupo de Estudos sobre *Coronaviridae* ter afirmado que não tinha a intenção de fazer qualquer referência à doença SARS, é relevante destacar que a denominação do vírus como SARS-CoV-2 não foi apropriada, uma vez que SARS é o nome de uma doença, e nomear o novo coronavírus desta maneira sugere que o vírus causa SARS ou uma doença semelhante, especialmente para cientistas com conhecimento limitado em virologia e para o público em geral. Além disso, esse nome do vírus não está em consonância com a doença denominada COVID-19, o que pode levar a uma confusão (Kasmi, 2020).

Com base em características clínicas, virológicas e epidemiológicas e com as dúvidas a respeito deste novo coronavírus, para evitar equívocos e auxiliar cientistas, assim como o público com melhor comunicação, um grupo de virologistas da China sugeriu renomear SARS-CoV-2 como coronavírus humano 2019 (HCoV-19), que distingue o vírus do SARS-CoV e mantém consistência com o nome dado à doença pela OMS, COVID-19 (Jiang, 2020^a). Por outro lado, ainda é possível encontrar a designação 2019-nCoV como descritora deste vírus (Jiangb, 2020).

A justificativa da Organização Mundial da Saúde para não utilizar o termo SARS e designar o surto causado pelo novo coronavírus em 2020 como COVID-19 é evitar gerar um temor desnecessário em certas populações, especialmente na Ásia, que foi mais impactada pelo surto de SARS em 2003 (World Health Organization, 2020). Quanto ao nome da doença, a COVID-19 (abreviação de “doença de coronavírus 2019”) representa a denominação de uma enfermidade viral que segue as melhores práticas da Organização Mundial da Saúde (OMS) para nomear novas doenças infecciosas em seres humanos. Esse processo foi desenvolvido em consulta e colaboração com a Organização Mundial para a Saúde Animal (OIE) e a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO) (World Health Organization, 2020).

1.3 TAXONOMIA

O SARS-CoV-2 pertence à categoria dos betacoronavírus, que engloba também o MERS-CoV e o SARS-CoV. A sequência do genoma do SARS-CoV-2 revela aproximadamente 80% de identidade de sequência com o SARS-CoV e cerca de 50% com o MERS-CoV. Seu genoma é composto por 14 quadros de leitura abertos (ORFs), sendo dois terços destes responsáveis por codificar 16 proteínas não estruturais (nsp 1–16) que formam o complexo replicase. O terço restante codifica nove proteínas acessórias (ORF) e quatro proteínas estruturais: espícula (S), envelope (E), membrana (M) e nucleocapsídeo (N). No entanto, é importante destacar que o gene S do SARS-CoV-2 apresenta considerável variabilidade em relação ao SARS-CoV, compartilhando menos de 75% de identidade de nucleotídeos (Harrison, 2020).

Na raiz da filogenia do SARS-CoV-2 estão duas linhagens que simplesmente denominamos como linhagens A e B. Os primeiros vírus da linhagem A, como Wuhan/WH04/2020, compartilham dois nucleotídeos (posições 8782 em ORF1ab e 28144 em ORF8) com os coronavírus de morcegos mais conhecidos (RaTG13 e RmYN02). Diferentes nucleotídeos estão presentes nestes locais em vírus atribuídos à linhagem B, como Wuhan-Hu-1, sendo um dos primeiros representantes desta linhagem. Embora os vírus da linhagem B

tenham sido sequenciados e publicados primeiro, é provável que o ancestral comum mais recente (MRCA) da filogenia do SARS-CoV-2 compartilhe a mesma sequência do genoma com os da linhagem A. É importante ressaltar que isso não implica que o próprio MRCA tenha sido sequenciado, mas sim que nenhuma mutação tenha ocorrido entre o MRCA e as sequências iniciais do genoma da linhagem A (Rambaut *et al.*, 2020).

A linhagem B foi a predominante durante a pandemia e abrange todos os onze genomas sequenciados de humanos diretamente ligados ao mercado de Huanan, incluindo o genoma amostrado mais antigo, Wuhan/IPBCAMS-WH-01/2019, e o genoma de referência, Wuhan/Hu-1/2019 (designado como “Hu-1”), coletados em 24 e 26 de dezembro de 2019, respectivamente. Os primeiros vírus da linhagem A, Wuhan/IME-WH01/2019 e Wuhan/WH04/2020, foram coletados em 30 de dezembro de 2019 e 5 de janeiro de 2020, respectivamente. A linhagem A difere da linhagem B por duas substituições de nucleotídeos, C8782T e T28144C, também encontradas em coronavírus relacionados de morcegos *Rhinolophus*, o suposto reservatório hospedeiro (Pekar *et al.*, 2022).

1.4 AGENTE ETIOLÓGICO

Os coronavírus (CoV) são vírus de RNA de fita simples positiva, envelopados, caracterizando-se pelos maiores genomas de RNA viral conhecidos, com tamanhos variando de 8,4 a 12 kDa. Os genomas virais são constituídos pelos terminais 5' e 3'. O terminal 5' engloba a maior parte do genoma, abrigando quadros de leitura abertos que codificam proteínas envolvidas na replicação viral. Por sua vez, o terminal 3' contém as cinco proteínas estruturais: spike (S), membrana (M), nucleocapsídeo (N), envelope (E) e hemaglutinina-esterase (HE). A proteína S desempenha um papel crucial na ligação e fusão do vírus com a membrana da célula hospedeira, bem como na interação entre células infectadas e não infectadas adjacentes (Umakanthan, 2020).

O SARS-CoV-2 (COVID-19) realiza a ligação com a ECA-2 (enzima conversora de angiotensina 2) por meio de sua proteína spike, facilitando a entrada e infecção nas células. Após esse processo inicial, para completa entrada do vírus na célula, a proteína S deve ser preparada por uma protease denominada TMPRSS2. Para que ocorra a ligação entre o receptor viral (proteína spike) e seu ligante celular (ACE2) é essencial a ativação da TMPRSS2 como uma protease. A replicação e transcrição do genoma do coronavírus têm lugar nas membranas citoplasmáticas e envolvem processos coordenados de síntese contínua e descontínua de RNA, mediados pela replicação viral (Mousavizadeh, 2021).

1.5 ORIGEM DO VÍRUS

Até a primeira identificação dos coronavírus humanos 229E e OC43 no final da década de 1960, as infecções por coronavírus eram consideradas inócua para os humanos. O surto de SARS-CoV no sul da China no inverno de 2002 resultou em uma taxa de mortalidade de 10% entre os pacientes infectados. O vírus disseminou-se rapidamente globalmente, especialmente na Ásia, sendo controlado após julho de 2003. A análise do surto de SARS revelou que os morcegos são reservatórios naturais para SARS-CoVs, com gatos civetas e cães-guaxinim atuando como hospedeiros intermediários. Em 2012, um novo coronavírus altamente patogênico, o MERS-CoV, causador da Síndrome Respiratória do Oriente Médio, foi identificado em humanos, evidenciando que os coronavírus podem ser transmitidos de animais para humanos, resultando em consequências inesperadas para a saúde pública. O MERS-CoV, embora com uma propagação mais lenta, afetou cerca de 1.700 pessoas, apresentando uma taxa de mortalidade de aproximadamente 36%. As fontes animais das infecções por SARS-CoV-2 incluem morcegos, e há indícios de transmissão para gatos, pangolins e cães (Yesudhas, *et al.*, 2021).

Os coronavírus têm uma vasta variedade de hospedeiros animais, com várias espécies abrigando esses patógenos, entretanto apenas algumas delas desenvolvem infecções graves. Exemplos de coronavírus incluem o vírus da hepatite do camundongo, o coronavírus da sialodacrioadenite de rato, o coronavírus de cobaia e os coronavírus de coelho, responsáveis por causar hepatite, enterite e infecções respiratórias em animais de laboratório. Entre animais de grande porte, os coronavírus bovinos (BoCoVs) apresentam potencial zoonótico, uma vez que foram isolados de crianças assintomáticas e também afetam diversos ruminantes domésticos e selvagens. Os coronavírus já ultrapassaram a barreira das espécies em duas ocasiões anteriores durante os surtos de SARS e MERS, e o SARS-CoV-2 foi o terceiro exemplo de quebra da barreira interespecies. Assim, no contexto dos coronavírus zoonóticos recentes, como o SARS-CoV, o MERS-CoV e o SARS-CoV-2, estes agentes ganharam relevância significativa devido à gravidade das doenças que provocaram em humanos e à sua rápida disseminação global. (Tiwari *et al.*, 2020).

A revelação e classificação de coronavírus associados ao SARS-CoV-2 em pangolins foram, de certa forma, surpreendentes. Os pangolins, o único mamífero com escamas, são também os mamíferos mais traficados, com uma distribuição predominante na Ásia e África. Diversos agentes virais foram identificados nestes animais, e o comércio global ilegal de pangolins aumenta consideravelmente os riscos de transmissão de vírus destes animais para os

seres humanos. Durante as investigações sobre o hospedeiro natural do SARS-CoV-2, Huang et al (2023) identificaram coronavírus-pangolins (pCoVs) relacionados ao SARS-CoV-2 em pangolins malaios traficados. Em comparação com os bCoVs, alguns pCoVs demonstraram uma alta afinidade com o ACE2, o receptor do SARS-CoV-2, e experimentos funcionais com pseudovírus confirmaram a capacidade dos pCoVs de infectar em diversas células humanas. (Huang *et al.*, 2023).

1.6 CORONAVÍRUS NO MUNDO

O coronavírus (CoV), inicialmente isolado em 1937, ficou conhecido em 2002 e 2003 por causar uma síndrome respiratória aguda grave no ser humano denominada SARS. Esta epidemia apresentou muitos casos de infecções graves no trato respiratório inferior, contudo foi rapidamente controlada, sendo registrados casos apenas China, Canadá e EUA (Brito et al, 2020).

A compreensão da doença e seu potencial letal foi crucial para o controle da epidemia causada pelo SARS-CoV. Assim, passados dezoito anos da descrição dos primeiros casos da síndrome respiratória aguda grave, o SARS-CoV-2 distingue-se pela maior capacidade de disseminação da doença, embora com taxa de letalidade menor do que os outros integrantes da família, tais como, SARS-CoV e o MERS-CoV, que surgiu em 2012 na Arábia Saudita. Apesar de, aparentemente, os vírus terem se originado de um ancestral comum, o SARS-CoV-2 teve seu maior potencial de propagação observado pela rápida disseminação da doença de forma global (Souza *et al.*, 2021; Martin *et al.*, 2020).

1.7 COVID NO BRASIL

O Brasil apresenta significativas disparidades regionais e socioeconômicas, além de altos índices de desigualdade no acesso aos serviços de saúde. Diante desse cenário, é plausível esperar que tais características exerçam influência sobre a incidência de infecções e óbitos por COVID-19 em diferentes proporções nas diversas regiões do país (Lima *et al.*, 2021).

Em 3 de fevereiro de 2020, o país declarou Emergência de Saúde Pública de Importância Nacional (ESPIN), antes mesmo da confirmação do primeiro caso (Cavalcante *et al.*, 2020), que ocorreu em 26 de fevereiro de 2020 (Almeida *et al.*, 2020).

Tratou-se de um homem brasileiro, de 61 anos, que viajou para a Lombardia, no norte da Itália, e residia no município de São Paulo. A partir de então, o estado tornou-se um grande epicentro da doença no Brasil (Lorenz et al, 2021), seguido pelo estado do Rio de Janeiro, que, em apenas duas semanas apresentou os primeiros casos. Após este período, outros estados das

regiões Sudeste, Nordeste, Centro-Oeste e Sul diagnosticaram casos da COVID-19 (Mota & Teixeira, 2020)

Diante a confirmação dos primeiros casos diversas ações foram implementadas buscando conter e mitigar o avanço da doença no país (Aquino *et al.*, 2020).

Werneck *et al.* (2020), estudando a incidência e a distribuição geográfica do SARS-CoV-2 no estado do Rio de Janeiro, com base nos resultados dos testes RT-PCR, verificaram que as variações geográficas na positividade dos testes indicam a disseminação da epidemia da capital para as cidades do interior, distribuídas pelas regiões de residência da população testada.

1.8 COVID NO NORDESTE E PIAUÍ

O primeiro estado do Nordeste a notificar casos de Covid-19 foi o Ceará, em 15 de março de 2020, seguido pelos demais estados (Ximenes *et al.*, 2021). De acordo com Marinelli *et al.* (2020), o Ministério da Saúde (MS) informou que, até o dia 31 de março de 2020, foram confirmados 5.717 casos de COVID-19, com 201 óbitos. 875 (15,3%) destes casos foram registrados na região Nordeste, segunda região do país com maior número de casos, superada apenas pela região Sudeste.

Kerr *et al.* (2020) analisaram os 09 estados da região nordeste sob aspectos epidemiológicos, verificando que a maior incidência da COVID-19 na região foi registrada em Sergipe (2049/100.000 hab.), seguido pela Paraíba (1713/100.000 hab.) e Ceará (1677/100.000 hab.). O primeiro óbito oficial da região ocorreu em Pernambuco, em 25 de março, com a maior taxa de mortalidade pela COVID-19 ocorreu no Ceará (80,1/100.000 hab.), seguido por Pernambuco (64,4/100,000 hab.). Com relação à realização de testes e identificação de casos ativos, o Piauí foi o estado nordestino que mais testou sua população a cada 100.000 habitantes (5.122), seguido pela Paraíba (4.954) e Ceará (4.219).

O Estado do Piauí localiza-se a noroeste da região Nordeste do Brasil, fazendo limite com cinco estados: Maranhão, Ceará, Pernambuco, Bahia e Tocantins. O Estado possui extensão territorial de 251.616,823 km², com 224 municípios. De acordo com a Secretaria de Estado da Saúde do Piauí, o primeiro caso confirmado de COVID-19 foi em 19 de março de 2020 e no decorrer dos 60 dias após a primeira confirmação da infecção pelo SARS-CoV-2 foram confirmados 2.440 casos e 85 óbitos por COVID-19 (Pacheco; Silva; Soares, 2020).

Diante dos primeiros casos suspeitos de COVID-19 identificados em meados de fevereiro, o governo do estado do Piauí elaborou o Plano de Contingência Estadual e instituiu o Comitê de Gestão de Crise. Ambos foram criados com o objetivo de recomendar e monitorar

medidas, incluindo o distanciamento social e a suspensão de atividades coletivas, como eventos públicos e atividades escolares. Em 16 de março de 2020, por meio do Decreto 18.884/2020, o governo estadual ampliou as medidas preventivas, recomendando a suspensão de todas as atividades coletivas, a vigilância de casos suspeitos, o isolamento por 14 dias de viajantes ou de indivíduos que tiveram contato com casos confirmados, e a implementação de medidas sanitárias (Batista *et al.*, 2020).

1.9 DIAGNÓSTICO

O diagnóstico precoce representou um passo crucial na gestão e tratamento da COVID-19. As ferramentas de diagnóstico comumente utilizadas incluem métodos moleculares, sorologia e cultura viral. As análises laboratoriais iniciais realizadas em pacientes hospitalizados abrangem hemograma completo, testes de coagulação e exames bioquímicos séricos, como creatina quinase (CK), lactato desidrogenase, procalcitonina e avaliação dos eletrólitos. Com base nos resultados laboratoriais, observa-se que a maioria dos pacientes apresentou uma redução significativa no número total de linfócitos, sugerindo que os linfócitos, especialmente os linfócitos T, são provavelmente alvos do SARS-CoV-2. Durante a infecção por COVID-19, as partículas virais iniciam sua disseminação pelo trato respiratório, infectando as células circundantes (Seyed, *et al.*, 2020).

Marcadores laboratoriais de danos nos órgãos desempenham um papel crucial no diagnóstico, prognóstico e predição de pacientes com risco elevado de comprometimento de órgãos múltiplos. A implementação destes biomarcadores na prática clínica é essencial, pois eles refletem o envolvimento de vários órgãos. Esses biomarcadores foram extensivamente estudados em pacientes gravemente enfermos e são empregados para monitorar disfunções em órgãos específicos, abrangendo o sistema respiratório, infecções, resposta inflamatória sistêmica, sistema cardiovascular, coagulação e função metabólica. Diante da desregulação imunológica significativa em pacientes com COVID-19, a interação entre o metabolismo e a imunidade pode desempenhar um papel fundamental no desenvolvimento da doença (Battaglini, *et al.*, 2022).

A Organização Mundial da Saúde (OMS) atualiza constantemente o padrão referencial para os testes de COVID-19, à medida que técnicas mais robustas foram desenvolvidas para o diagnóstico da doença. Em linhas gerais, a primeira etapa de triagem envolve a detecção do material genômico viral por meio da técnica de reação em cadeia da polimerase com transcrição reversa (RT-PCR), seguida por exames radiológicos e sorológicos complementares. O

sequenciamento completo do genoma do novo coronavírus foi realizado rapidamente, possibilitando a análise e seleção de genes específicos do vírus. Este avanço possibilitou a realização de testes altamente precisos para o diagnóstico confirmatório de pacientes infectados, utilizando métodos de biologia molecular em tempo real (RT-PCR). Com base nestas informações, foram desenvolvidos e otimizados primers para RT-PCR, visando a detecção específica do gene spike (S), exclusivo do novo coronavírus. (Sharma, *et al.*, 2021)

A técnica de RT-PCR foi desenvolvida especificamente para a detecção de RNA genômico. Ela se destaca por sua confiabilidade e rapidez, fornecendo resultados em poucas horas com alta eficiência. Atualmente, o RT-PCR é considerado o padrão ouro para a detecção do SARS-CoV-2 devido à sua capacidade de mensurar diretamente as partes genômicas virais, em contraste com biomarcadores secundários, como antígenos ou anticorpos (Yüce; Filiztekin; Özkaya, 2021).

Nas fases iniciais da infecção por COVID-19, radiografias de tórax podem não apresentar sensibilidade suficiente para identificar estas alterações. Por outro lado, a tomografia computadorizada (TC) oferece maior sensibilidade na detecção de doenças em seus estágios iniciais ou leves. Recomenda-se sempre concentrar a atenção nas diversas facetas da COVID-19 para um reconhecimento mais abrangente e um diagnóstico mais preciso (Alsharif e Qurashi, 2021).

Os testes de detecção de antígeno são projetados para identificar a presença de proteínas virais do SARS-CoV-2 em amostras respiratórias. A maioria dos kits disponíveis no mercado comercial exige amostras coletadas da cavidade nasal ou nasofaringe, embora estudos também tenham explorado amostras alternativas, como saliva. Esses testes utilizam tecnologias imunológicas, como imunoenaios sanduíche de fluxo lateral, ensaios de imunofluorescência microfluídica e imunoenaios digitais cromatográficos, com diferentes variações de detecção. Os kits geralmente contêm todos os materiais necessários, tornando-os fáceis de executar e adequados para testes laboratoriais em postos de atendimento (POCTs). Comumente conhecidos como testes de diagnóstico rápido (RDT), eles oferecem resultados em 15–30 minutos. A proteína do nucleocapsídeo viral é frequentemente escolhida como alvo devido à sua presença abundante em amostras clínicas. (Lai, 2021)

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Analisar a distribuição dos casos de SARS-Cov-2 diagnosticados por RT-PCR no Estado do Piauí ocorridos de março de 2020 a fevereiro de 2022 através dos dados extraídos da Plataforma de Gerenciamento de Ambiente Laboratorial (GAL);

2.2 Objetivo Específico

Correlacionar os casos de COVID-19 diagnosticados por RT-PCR no Estado do Piauí ocorridos de março de 2020 a fevereiro de 2022 com as variáveis: sexo, idade, raça e localidade

3. CAPÍTULO I

(Manuscrito pretendido ao periódico “Caderno de Saúde Pública”).

INCIDÊNCIA E DISSEMINAÇÃO GEOGRÁFICA DO SARS-COV-2 NO PIAUÍ, BRASIL, COM BASE NOS RESULTADOS DO TESTE RT-PCR

Mateus Sávio Amorim¹, Kellen Matuzzy Silva de Melo,¹ Everaldo Araújo Ferreira¹, Enéas Costa Junior², Maria do Socorro Pires e Cruz¹

¹ *Laboratório de Imunologia Veterinária, UFPI, Teresina-PI, ²Fioruz-PI, Teresina-PI*

O primeiro caso confirmado de COVID-19 no Piauí ocorreu em 19 de março de 2020 e no decorrer dos 60 dias após a primeira confirmação da infecção pelo SARS-CoV-2 foram confirmados 2.440 casos e 85 óbitos pela doença. O objetivo deste estudo é analisar a distribuição dos casos de SARS-Cov-2 diagnosticados por RT-PCR no Estado do Piauí ocorridos de março de 2020 a fevereiro de 2022 e correlacionar com as variáveis: sexo, faixa etária, raça/cor e localidade/território de desenvolvimento. Para tanto, foi realizado um estudo descritivo e analítico, realizado por meio do levantamento epidemiológico dos casos de COVID-19 no estado do Piauí entre março de 2020 a fevereiro de 2022, extraídos da plataforma gerenciador de dados laboratoriais (GAL), do Laboratório Central do Piauí (LACEN-PI). Foram considerados apenas os testes realizados por RT-PCR com resultados válidos, correlacionando com as seguintes variáveis: sexo, faixa etária, raça/cor e território do desenvolvimento. O número de amostras registradas no GAL como suspeitas de COVID-19, no período totalizaram 400.988, com 124.099 de teste reagentes, dados utilizados para este estudo, que representa um percentual de positividade geral de 30,94%. Os maiores percentuais de testes RT-PCR positivos foram observados nos meses de junho de 2020 (47,73%), março de 2021 (41,18%) e fevereiro de 2022 (40,63%). A maior prevalência de casos de COVID-19, levando-se em consideração a variável sexo e faixa etária, ocorreu em homens (30,24%) e em pessoas acima de 70 anos (37,48%). Com relação à variável raça/cor, encontramos uma prevalência maior em indígenas (33,45%), seguido da cor amarela, preta, branca e parda (32,7%, 31,52%, 30,41% e 30,40%, respectivamente). O estado do Piauí está dividido em 12 Territórios de Desenvolvimento, assim distribuídos: Planície Litorânea; Cocais; Carnaubais; Entre Rios; Vale do Sambito; Vale do Guaribas; Chapada Vale do Rio Itaim; Vale do Canindé; Serra da Capivara; Tabuleiros dos Rios Piauí e Itaueiras; Tabuleiros do Alto Parnaíba e Chapada das Mangabeiras. Os dados nos permitem afirmar que o território do desenvolvimento do estado do Piauí com a maior ocorrência de casos de COVID-19 foi Entre Rios (322.411), seguido da Planície Litorânea (19.939), Carnaubais (16.951), Vale dos Rios Piauí e Itaueira (16.333), Cocais (14.898), Vale do Rio Guaribas (15.105), Vale do Sambito (5.892), Vale do Canindé (5.616), Chapada do Vale do Itaim (3.617), Serra da Capivara (2.760), Chapada das Mangabeiras (2.889) e Tabuleiro do Alto Parnaíba (492). Entretanto, o território com maior prevalência foi o de Carnaubais que engloba municípios com menor número de habitantes como Jatobá do Piauí (4.494), Cocal de Telha (4.911) e Boa Hora (6.902). Assim disponível que a pandemia de COVID-19 no estado do Piauí, no período de março de 2020 a fevereiro de 2022, atingiu municípios em todos os territórios do desenvolvimento, se concentrando no território de Entre Rios, onde está localizada a capital do estado, Teresina, que é a cidade mais populosa e a que apresenta a melhor infraestrutura hospitalar. Entretanto, a maior prevalência ocorreu em um território com municípios com menor número de habitantes.

Palavra-Chave: COVID-19; RT-PCR; PIAUÍ

INTRODUÇÃO

A COVID-19 iniciou-se no final de 2019, na cidade de Wuhan (China), é a mais recente ameaça à saúde global e em 11 de março de 2020 foi oficialmente declarada como pandemia pela Organização Mundial da Saúde (OMS). A enfermidade está relacionada com a síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV-2) e é altamente contagiosa, infectando milhões de pessoas e causando mais de 380 mil mortes nos primeiros 6 meses após a descoberta (SILVA *et al.*, 2020).

Os vetores da disseminação foram as pessoas em circulação, o que desencadeou uma corrida global por medidas de triagem, fechamento de fronteiras terrestres (postos de controle), marítimas (portos) e aéreas (aeroportos), isolamento de grupos de alto risco, implementação de distanciamento social, e a realização de diagnósticos e testagem em larga escala. Desde então, os países têm sido instados pela OMS a “superar as divisões políticas e as fronteiras geográficas para intensificar o apoio a uma resposta proporcional a essa crise sem precedentes”. Essa crise não só representa uma séria ameaça à saúde pública, mas também ao bem-estar social e econômico das nações (Nagamine *et al.*, 2020).

Com medidas de contenção consideradas insuficientes, a ausência de tratamentos eficazes e a falta de disponibilidade de uma vacina, aliadas às mutações do vírus e ao surgimento de novas ondas de surtos em curtos intervalos de tempo, persistia o desafio de controlar a doença. Este desafio foi agravado, principalmente, pelo alto risco enfrentado pelas populações vulneráveis, que incluem “os mais propensos a adoecer e os menos propensos a receber cuidados, como povos indígenas, pessoas de ascendência africana, pessoas em situação de pobreza nas áreas urbanas e populações migrantes”. Na região sul-americana, especialmente no Brasil, que ultrapassou a marca de 1 milhão de casos de Covid-19 em junho de 2020, a transmissão continua disseminada. De acordo com a Organização Pan-Americana de Saúde (OPAS), a perspectiva é que o país possa, ao longo dos próximos anos, continuar a sofrer surtos recorrentes de COVID-19, intercalados com períodos de transmissão limitada. Tal cenário tem desafiado gestores públicos e pesquisadores na busca de soluções que, se por um lado emergem como medidas rápidas e eficientes, por outro se destacam por se inserirem em agendas há muito defendidas em busca de investimentos em ações para o enfrentamento da histórica desigualdade social e econômica (Brasil, 2020).

Assim, o presente estudo analisou o cenário da pandemia de COVID-19 no estado do Piauí, durante o período de março de 2020 a fevereiro de 2022, avaliando os casos detectados por RT-PCR e as variáveis sexo, faixa etária, raça/cor e território de desenvolvimento.

METODOLOGIA

Tipo de estudo:

Trata-se de um estudo descritivo e analítico, realizado por meio do levantamento epidemiológico dos casos de COVID-19 no estado do Piauí entre março de 2020 a fevereiro de 2022.

Local do estudo:

O estudo foi realizado no Laboratório Central de Saúde Pública do Estado do Piauí “Dr Costa Alvarenga (LACEN-PI), analisando os dados relacionados aos casos de COVID-19 ocorridos no estado, registrados no Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL).

Coleta dos dados e Variáveis:

A coleta dos dados foram realizadas utilizando-se os registros encontrados na base GAL (versão 2.18.1), com os seguintes filtros: Agravado COVID-19/SARS-Cov-2; localidade; Faixa etária, Raça/cor e Sexo, ocorridos no período de março de 2020 a fevereiro de 2022. Os casos considerados positivos utilizados neste estudo foram aqueles que foram submetidos ao RT-PCR e tiveram como resultado detectável.

Autorização para a coleta dos dados:

A pesquisa foi submetida ao comitê de avaliação de projetos do LACEN-PI, sendo autorizada a utilização dos dados registrados no banco de dados do Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL) conforme (Termo de Anuência e de Autorização) em anexo I e II respectivamente. Quanto aos aspectos éticos da pesquisa, por se tratar de dados secundários, sem identificação nominal, o estudo foi dispensado de avaliação pelo Comitê de Ética em Pesquisa, em conformidade com a Resolução do Conselho Nacional de Saúde (CNS) nº 510, de 7 de abril de 2016.

Análise estatística:

Os dados registrados no GAL foram analisados utilizando-se o pacote estatístico R versão 4.3.2. Os casos confirmados de COVID-19, testados pelo RT-PCR, foram analisados levando-se em consideração as variáveis gênero, idade e localidade, usando o pacote GLM (Generalized Linear Model) com distribuição binomial, específico para análise de grande quantidade de dados multivariáveis.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número de amostras registradas no GAL como suspeitas de COVID-19, no período de março de 2020 a fevereiro de 2022, totalizaram 424.547 amostras. Quando excluimos 23.559 exames (5,54%), que apresentaram resultados indeterminados, o número total de testes RT-PCR com resultados válidos foi de 400.988, com 124.099 de teste reagentes, que representa um percentual de positividade geral de 30,94%.

Na figura 1 podemos verificar o número de testes positivos, negativos e o percentual de positividade durante o período estudado. Os maiores percentuais foram observados nos meses de junho de 2020 (10.944), março de 2021 (50.465) e fevereiro de 2022 (28.057).

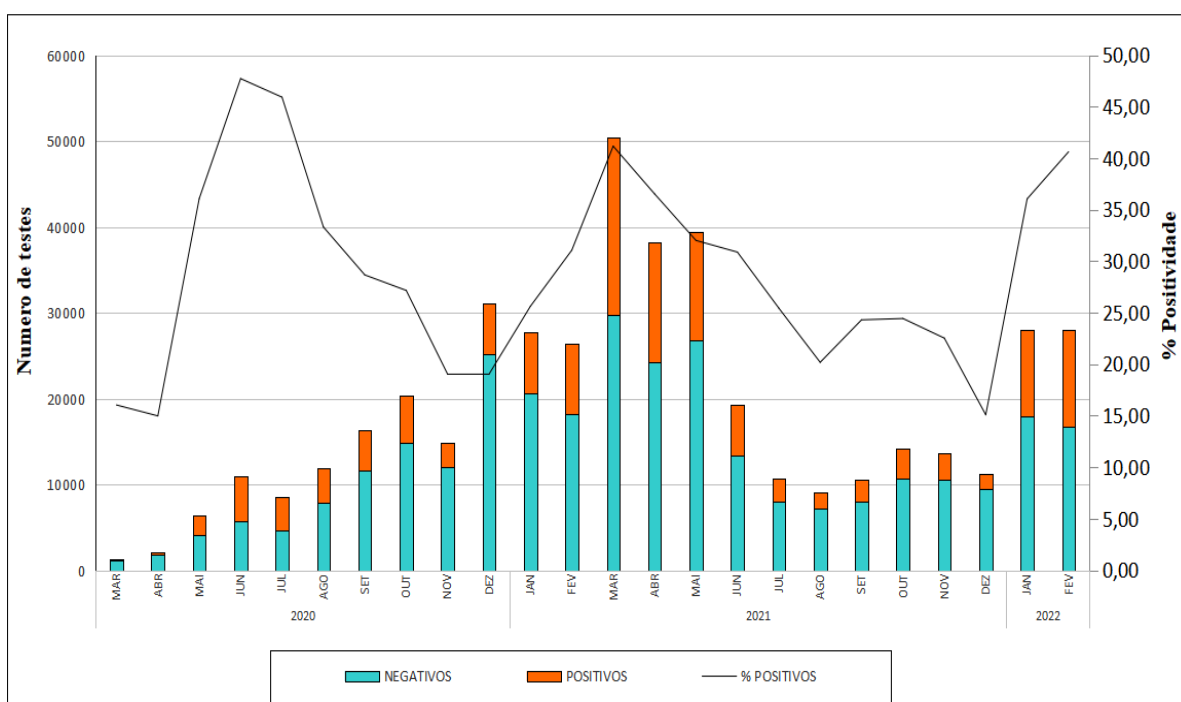


Figura 1: Número de resultados de testes RT-PCR positivos, negativos e o percentual de positividade por mês, durante o período de março de 2020 a fevereiro de 2022, estado do Piauí, Brasil

Pacheco *et al.* (2020), estudando a pandemia no estado do Piauí no período de março a maio de 2020, verificaram a ocorrência de casos confirmados em 113 dos 224 municípios do estado, totalizando 50,4% de positividade. Silva *et al.* (2022), analisando os números da pandemia do município de Teresina, demonstraram uma taxa de positividade de 34,8%. Nossos resultados são similares ao de Silva *et al.* (2022) que, assim como este estudo, analisou os dados em um maior período de tempo.

Na Tabela 1 apresentamos a prevalência de positividade em RT-PCR e as variáveis associadas, incluindo gênero, faixa etária e raça/cor.

Tabela 1 – Distribuição de casos e prevalência de COVID-19 por sexo, faixa etária e raça. Piauí, Brasil, Março/2020 a Fevereiro/2022.

VARIÁVEIS	N	TESTES POSITIVOS	PREVALÊNCIA%
Sexo			
Masculino	201577	60951	30,24
Feminino	247583	74081	29,92
Faixa etária			
<10	19689	3776	19,18
10-19	43119	10025	23,25
20-29	84010	22796	27,13
30-39	84297	25272	29,98
40-49	62202	20141	32,38
50-59	42572	14737	34,62
60-69	24673	9015	36,54
>70	20025	7505	37,48
Raça/Cor			
Amarela	134358	43087	32,07
Branca	48643	14794	30,41
Indígena	293	98	33,45
Parda	135826	41287	30,40
Preta	16852	5311	31,52

Fonte: Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL). Legenda: n – Número Absoluto.

Analisando as variáveis estudadas, podemos observar que a maior prevalência de casos de COVID-19, obtidos por RT-PCR, levando-se em consideração a variável sexo e faixa etária, ocorreu em homens (30,24%), e em pessoas acima de 70 anos (37,48%), conforme aumenta a faixa etária também aumenta a prevalência, esses resultados divergem dos obtidos por Pacheco *et al.* (2020), que encontraram uma maior prevalência em pessoas do sexo feminino (52%) e apenas 8,81% em indivíduos com mais de 70 anos. Isso pode ser devido ao tempo considerado para a análise, pois os autores utilizaram os dados apenas dos primeiros 60 dias de pandemia no estado, enquanto este estudo considerou dois anos. Werneck *et al.* (2020), em um estudo realizado no estado do Rio de Janeiro, entre março a setembro de 2020, verificaram uma maior prevalência em indivíduos do sexo masculino (47,4%) e em indivíduos com mais de 70 anos (53,8%). A maior positividade do RT-PCR em indivíduos do sexo masculino pode estar relacionado à mobilidade e estilo de vida, uma vez que precisavam sair de casa em busca do sustento da família. Com relação a uma maior positividade em idosos, devemos considerar que esta faixa etária é a mais propensa a desenvolver infecção sintomática e assim são mais testados.

Com relação à variável raça/cor, no período analisado, encontramos uma prevalência maior em indígenas (33,45%), seguido da cor amarela, preta, branca e parda (32,7%, 31,52%, 30,41% e 30,40%, respectivamente). No estado do Rio de Janeiro, Werneck e colaboradores (2020) encontraram as seguintes prevalências quanto a raça/cor: indígenas (58,8%), parda (44%), preta (42,7%), branca (40,3%) e asiática (40,2%), o que pode indicar que as diferenças raciais na positividade para a doença pode refletir a desigualdade social, que está presente em nossa sociedade desde a nossa colonização. A maior prevalência entre povos com menos acesso à saúde pode ter causado este aumento uma vez que este grupo só conseguia testar por RT-PCR quando a sintomatologia já estava avançada.

O Estado do Piauí está dividido em 12 Territórios de Desenvolvimento, assim distribuídos: Planície Litorânea; Cocais; Carnaubais; Entre Rios; Vale do Sambito; Vale do Guaribas; Vale do Canindé; Serra da Capivara; Vale dos Rios Piauí e Itaueira; Tabuleiros do Alto Parnaíba; Chapada das Mangabeiras; Tabuleiros do Alto Parnaíba e Chapada Vale do Itaim (Figura 02).

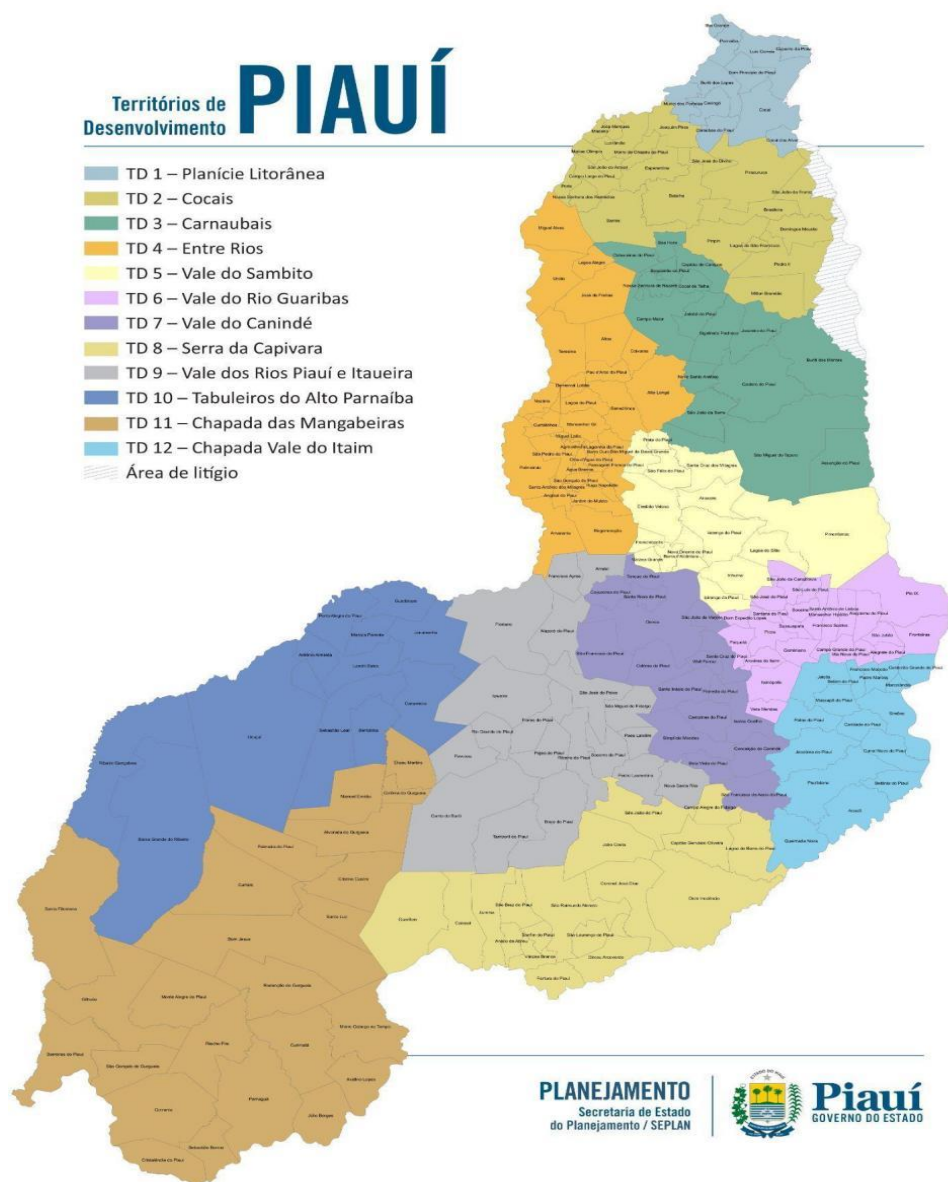


Figura 02. Distribuição dos 12 Territórios de Desenvolvimento do estado do Piauí, de acordo com a Secretaria de Planejamento do Estado (Fonte: SEPLAN).

Na tabela 2, podemos observar a distribuição de casos e prevalência de COVID-19 por territórios de desenvolvimento, no período estudado.

Tabela 2 – Distribuição de casos e prevalência de COVID-19 por Território de desenvolvimento. Piauí, Brasil, Março/2020 a Fevereiro/2022.

TERRITÓRIOS	N	TESTES POSITIVOS	PREVALÊNCIA%
ENTRE RIOS	322411	94349	29,26
PLANÍCIE LITORÂNEA	19939	6892	34,57
CARNAUBAIS	16951	6489	38,28
VALES DOS RIOS PIAUÍ E ITAUEIRA	16333	5854	35,84
VALE DO RIO GUARIBAS	15105	4586	30,36
COCAIS	14898	5597	37,57
VALE DO SAMBITO	5892	2184	37,07
VALE DO CANINDÉ	5616	1683	29,97
CHAPADA DO VALE DO ITAIM	3617	1091	30,16
CHAPADA DAS MANGABEIRAS	2889	653	22,60
SERRA DA CAPIVARA	2760	838	30,36
TABULEIRO DO ALTO PARNAÍBA	492	126	25,61

Fonte: Gerenciador de Ambiente Laboratorial (GAL). Legenda: n – Número Absoluto.

Os dados referentes aos casos de COVID-19 que ocorreram no estado do Piauí, durante a pandemia, no período de março de 2020 a fevereiro de 2022 mostram que a doença foi diagnosticada em todos os territórios do estado. A figura 03 destaca a ocorrência de casos positivos, identificados por testes de RT-PCR, organizados por municípios distribuídos nos 12 territórios do estado, ao longo do período estudado.

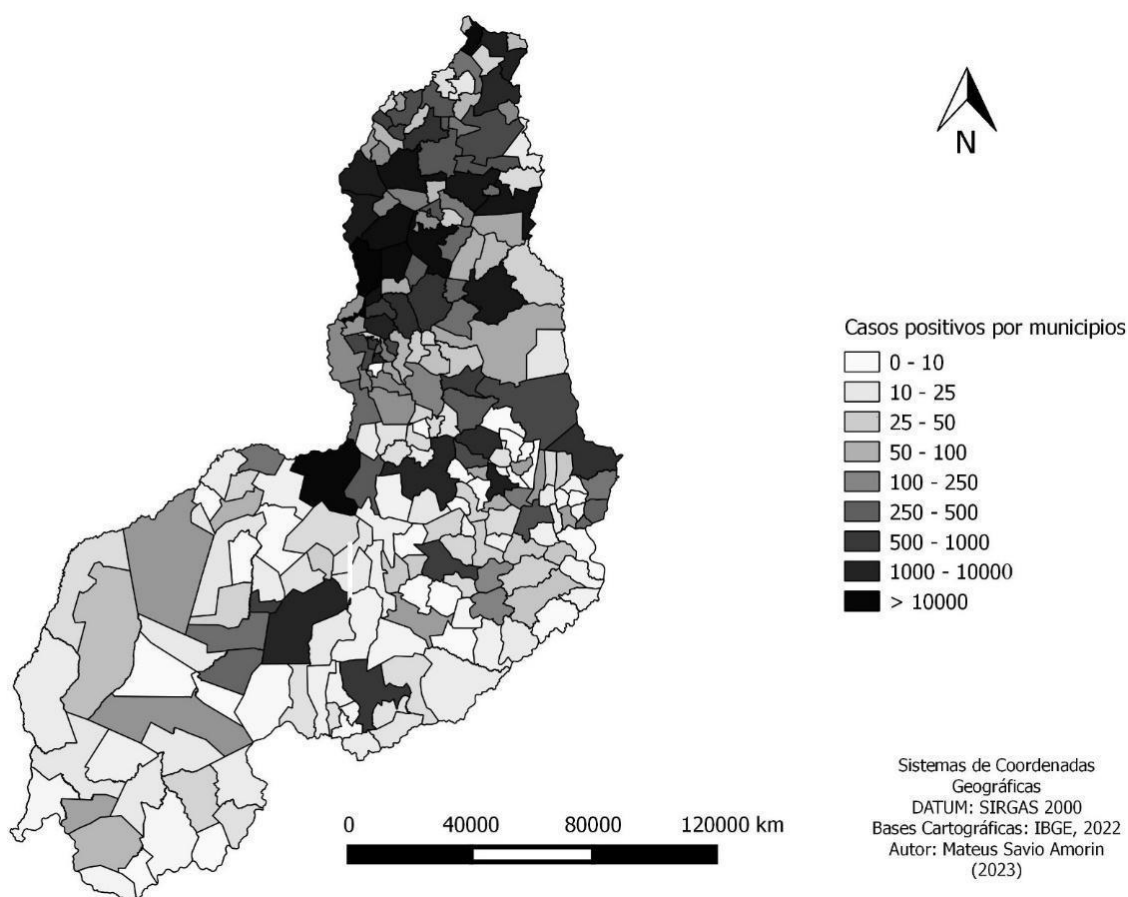


Figura 03. Distribuição dos casos positivos para COVID-19, detectados por RT-PCR, ocorridos de 2020 a 2022, de acordo com os municípios dos territórios do desenvolvimento do estado do Piauí.

Os dados da tabela 2 e da figura 03 nos permitem afirmar que o território do desenvolvimento do estado do Piauí com a maior ocorrência de casos de COVID-19, no período de março de 2020 a fevereiro de 2022 foi o de Entre Rios (322.411), seguido da Planície Litorânea (19.939), Carnaubais (16.951), Vale dos Rios Piauí e Itaueira (16.333), Cocais (14.898), Vale do Rio Guaribas (15.105), Vale do Sambito (5.892), Vale do Canindé (5.616), Chapada do Vale do Itaim (3.617), Serra da Capivara (2.760), Chapada das Mangabeiras (2.889) e Tabuleiro do Alto Parnaíba (492). Apesar do maior número de casos ter sido registrados na região Entre Rio, o território com maior prevalência foi o de Carnaubais que

engloba municípios com menor número de habitantes como Jatobá do Piauí (4.494 ha), Cocal de Telha (4.911 ha) e Boa Hora (6.902 ha). Isso pode se explicar por estes municípios serem rotas de grande trânsito.

O território Entre Rios engloba a capital, Teresina, município que abriga o maior número de habitantes e seus municípios limítrofes, e conseqüentemente concentrou o maior número de casos, com a pandemia avançando para os demais territórios, especialmente para cidades com mais de 50 mil habitantes, como Parnaíba, Picos e Floriano, localizadas nos territórios da Planície Litorânea, Vale do Rio Guaribas e Vale dos Rio Piauí e Itaueira, respectivamente. Devemos destacar que estas cidades possuem uma maior infraestrutura hospitalar e, conseqüentemente, recebeu pacientes de municípios vizinhos, que apresentavam menores condições de atendimento. Batista *et al.* (2020) mostrou a distribuição das unidades de terapia intensiva (UTI), de acordo com os territórios do desenvolvimento e podemos observar que 65,6% dos leitos em UTI estavam concentrados em Teresina, no território de Entre Rios e 100% dos diagnósticos realizados por RT-PCR eram feitos na LACEN-PI, que está localizado na capital do estado.

Na figura 04 estão distribuídos os casos de COVID-19 registrados no GAL no primeiro ano de pandemia (2020), de acordo com os municípios do Piauí.

DISTRIBUIÇÃO DOS CASOS POSITIVOS DE COVID NO ANO DE 2020

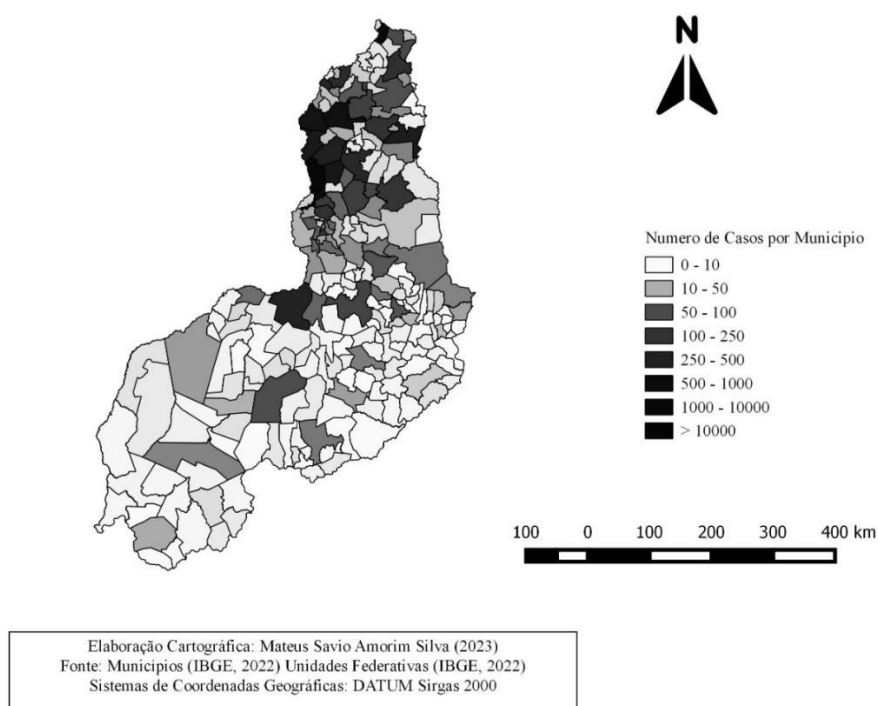


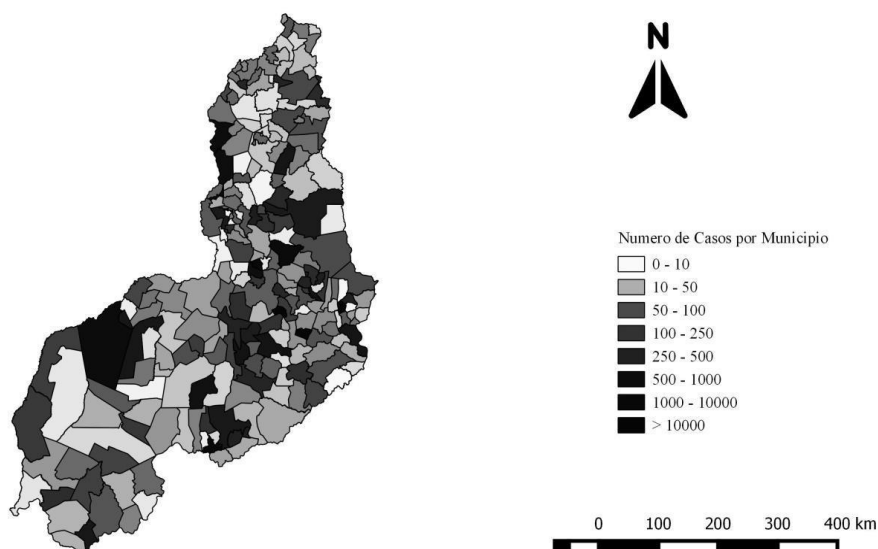
Figura 04. Distribuição dos casos positivos para COVID-19, detectados por RT-PCR, ocorridos em 2020, de acordo com os municípios de acordo com os territórios do desenvolvimento do estado do Piauí.

Com base na distribuição do número de casos positivos da doença nos municípios, podemos verificar que no ano de 2020, o primeiro ano da pandemia de COVID-19, o maior número de casos ocorreu nos territórios Entre Rios (Teresina), Cocais (Piripiri) e Planície Litorânea (Parnaíba), que registrou o primeiro caso confirmado da doença na região norte do estado.

Kerr *et al.* (2020) analisaram dados dos 09 estados da região nordeste sob aspectos epidemiológicos, e verificaram que a maior incidência da COVID-19 na região foi registrada em Sergipe (2049/100.000 hab.), seguido pela Paraíba (1713/100.000 hab.) e Ceará (1677/100.000 hab.). O primeiro óbito oficial ocorreu em Pernambuco, em 25 de março, porém a maior taxa de mortalidade pela COVID-19 ocorreu no Ceará (80,1/100.000 hab.), seguido por Pernambuco (64,4/100,000 hab.). Com relação à realização de testes e identificação de casos ativos, o Piauí foi o estado nordestino que mais testou sua população a cada 100.000 habitantes (5.122), seguido pela Paraíba (4.954) e Ceará (4.219).

Na figura 05 está apresentada a distribuição dos casos positivos, por RT-PCR, de acordo com os municípios, no período de janeiro a dezembro de 2021.

DISTRIBUIÇÃO DOS CASOS POSITIVOS DE COVID NO ANO DE 2021



Elaboração Cartográfica: Mateus Savio Amorim Silva (2023)
Fonte: Municípios (IBGE, 2022) Unidades Federativas (IBGE, 2022)
Sistemas de Coordenadas Geográficas: DATUM Sirgas 2000

Figura 05. Distribuição dos casos positivos para COVID-19, detectados por RT-PCR, ocorridos em 2021, de acordo com os municípios de acordo com os territórios do desenvolvimento do estado do Piauí.

Os resultados obtidos nos permitem afirmar que, no segundo ano de pandemia, a ocorrência de casos de COVID-19 encontra-se disseminada por todos os territórios, atingindo municípios como Várzea Branca, Vera Mendes, Tamboril do Piauí e São José do Divino, cidades com menos de 5.000 habitantes, distribuídas nos territórios da Serra da Capivara, Vale do Rio Guaribas, Vale do Rio Piauí e Itaueira e Cocais, respectivamente. Entretanto, o maior número de casos ainda atinge cidades com maior contingente populacional. Silva *et al.* (2022) relataram que, até maio de 2021, todos os municípios do estado já haviam registrado casos da doença e apenas dois não haviam registrado mortes (São Luis do Piauí e Massapê) ambos do território do Vale do Guaribas.

Os dados referentes a 2022 foram analisados até fevereiro, completando dois anos de análise. Na figura 1 podemos observar que, nos meses de janeiro e fevereiro daquele ano,

ocorreu um aumento no número de casos, o que parece estar relacionado com a 3ª onda de casos novos, que iniciou no final de em 2021 e início de 2022, provocada pela variante Ômicron, da linhagem BA.1 segundo Slavov *et al* (2022).

CONCLUSÃO

A pandemia de COVID-19 no estado do Piauí, no período de março de 2020 a fevereiro de 2022, atingiu municípios em todos os territórios de desenvolvimento, concentrando-se no território Entre Rios, onde está localizada a capital do estado, Teresina, que é a cidade mais populosa e a que apresenta a melhor infraestrutura hospitalar. A partir de então se disseminou para os municípios sede dos territórios, em especial aqueles com mais de 50.000 habitantes, como Parnaíba, Picos e Floriano.

Apesar do maior número de casos ter sido registrado no território de Entre Rios, a maior prevalência concentrou-se no território de Carnaubais, que engloba municípios com menos de 50.000 habitantes, como Jatobá do Piauí, Cocal de Telha e Boa Hora.

No Piauí, pessoas do sexo feminino, idosos e indígenas foram os mais acometidos pela doença.

Concluimos que, assim como outros estados da federação, a pandemia de COVID-19 expandiu-se rapidamente no Piauí, atingindo todo estado e afetando drasticamente toda a população, em especial os mais vulneráveis.

AGRADECIMENTOS

É grande a satisfação de realizar este estudo grandioso sobre COVID-19 no estado do Piauí, agradeço o apoio dado pelo Laboratório Central LACEN-PI e a Universidade Federal do Piauí-UFPI, para que fosse possível chegar ao que almejava.

REFERÊNCIAS

BRASIL, O. P. A. S. Países devem se preparar para enfrentar surtos recorrentes de COVID-19 pelos próximos 2 anos. 2020.

NAGAMINE, Liria Yuri et al. Disseminação da Covid-19 nas faixas de fronteira terrestre e litorânea do Brasil. 2020.

SILVA, D. S. da C., Santos, M. B. dos, & Soares, M. J. N. (2020). Impactos causados pela COVID-19: um estudo preliminar. **Revista Brasileira de Educação Ambiental (RevBEA)**, 15(4), 128–147. disponível em: <https://doi.org/10.34024/revbea.2020.v15.10722>.

PACHECO, E. S.; Silva, V. R. da; Soares, L. S. (2020, jun.). A BRIEF EPIDEMIOLOGICAL ANALYSIS OF COVID-19 IN PIAUÍ, BRAZIL. **Revista Prevenção de Infecção e Saúde**, 6.

BATISTA, F. M. de A., et al. (2020). COVID-19 in Piauí: initial scenario and perspectives for coping. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, 53.

KERR, L., et al. (2020). COVID-19 no Nordeste brasileiro: sucessos e limitações nas respostas dos governos dos estados. **Ciência & Saúde Coletiva**, 25(Supl.2), 4099-4120.

SLAVOV, S. N. et al. Dynamics of Sars-CoV-2 variants of concern in a vaccination model city in the state of São Paulo, Brazil. **Viruses**, [S.l.], v. 15, n. 10, p. 202, 29 set. 2023

WERNECK, G. L., et al. (2021). The incidence and geographical spread of SARS-CoV-2 in Rio de Janeiro, Brazil based on RT-PCR test results. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, 54, 10 fev.

4. ANEXOS

ANEXO I



GOVERNO DO ESTADO DO PIAUÍ
SECRETARIA DE SAÚDE DO ESTADO
LABORATÓRIO CENTRAL DE SAÚDE PÚBLICA



TERMO DE ANUÊNCIA

Eu, Joana Carolina Viana Lima, fiel depositário da base de dados do Laboratório Central de Saúde Pública do Piauí – LACEN declaro que Mateus Sávio Amorim, está autorizado a realizar nesta instituição a pesquisa intitulada “A incidência e disseminação geográfica do SARS-CoV-2 no Piauí, Brasil, com base nos resultados do teste RT-PCR entre 2020 a 2022”. Declaro ainda que a instituição apresenta infraestrutura necessária à realização da referida pesquisa e que esta declaração está de acordo com a resolução nº 510/16 do Conselho Nacional de Saúde para a referida pesquisa.

Ressalto ainda que estou ciente de que serão garantidos os direitos dentre os assegurados pela Resolução 510/16 do Conselho Nacional de Saúde de:

- Garantia de confidencialidade, do anonimato e da não utilização de informações em prejuízo aos outros;
- Os riscos serão mínimos;
- Emprego dos dados somente para fins previstos nesta pesquisa;
- Retorno dos benefícios obtidos através deste estudo para as pessoas e comunidades onde o mesmo foi realizado.

Teresina (PI), 16 de Dezembro de 2022.

Joana Carolina Viana Lima

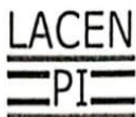
Joana Carolina Viana Lima

Diretora/Substituta do Laboratório Central de Saúde Pública do Estado do Piauí

LACEN-PI

Joana Carolina Viana Lima
Coordenação de Patologia
Clínica do LACEN-PI
Mat. 338639-2 CRBM 4168 21/01/20

Laboratório Central de Saúde Pública “Dr. Costa Alvarenga”
Rua 19 de Novembro, 1945, Primavera
(86) 3216-3657 Fax (86) 3221-9510
www.lacenpiaui.com.br



Termo de Compromisso de Utilização de Dados (TCUD)

1. Identificação da pesquisa

- a) Título do Projeto: A INCIDÊNCIA E DISSEMINAÇÃO GEOGRÁFICA DO SARS-COV-2 NO PIAUÍ, BRASIL, COM BASE NOS RESULTADOS DO TESTE RT-PCR
- b) Departamento/Faculdade/Curso: Programa de Pós-graduação em Tecnologias Aplicadas a Animais de Interesse Regional – PPGTAIR/UFPI
- c) Pesquisador Responsável: Mateus Sávio Amorim Silva

2. Descrição dos Dados

Coleta

- A coleta dos dados será realizada utilizando-se os registros encontrados na base GAL (versão 2.18.1), com os seguintes filtros: Agravo COVID-19/SARS-Cov-2; Localidade; Data de nascimento (Idade) , Gênero e Localidade, ocorridos no período de fevereiro de 2020 a novembro de 2022 no Estado do Piauí. Os dados a serem considerados neste estudo serão os submetidos ao RT-PCR para o vírus SARS-CoV-2.

Método de Pesquisa

- Trata-se de um estudo descritivo, transversal, quali-quantitativo, do qual os dados de RT-PCR COVID-19 que serão obtidos do Sistema Gal (Gerenciador de Ambiente Laboratorial), logo após análise no LACEN – PI.

Análise dos dados

- Os dados registrados no GAL serão analisados utilizando-se o pacote estatístico R versão 4.3.2. Os casos confirmados de COVID-19, testados pelo RT-PCR, serão analisados levando-se em consideração as variáveis gênero, idade e localidade, usando o pacote GLM (Generalized Linear Model) com distribuição binomial, específico para análise de grande quantidade de dados multivariáveis.

3. Declaração dos pesquisadores



O pesquisador envolvido no projeto se compromete a manter a confidencialidade sobre os dados coletados nos arquivos do **LABORATÓRIO CENTRAL DE SAÚDE PÚBLICA – LACEN-PI**, bem como a privacidade de seus conteúdos, como preconizam a Resolução 510/16, e suas complementares, do Conselho Nacional de Saúde.

Declara entender que a integridade das informações e a garantia da confidencialidade dos dados e a privacidade dos indivíduos que terão suas informações acessadas estão sob nossa responsabilidade. Também declara que não pode repassar os dados coletados ou o banco de dados em sua íntegra, ou parte dele, a pessoas não envolvidas na pesquisa.

Os dados obtidos na pesquisa somente serão utilizados para este projeto.

O pesquisador se compromete ao final da pesquisa de apresentar o relatório final a instituição co-participante.

4. Autorização da Instituição

Declaramos para os devidos fins, que cederemos ao pesquisador apresentado neste termo, o acesso aos dados solicitados para serem utilizados nesta pesquisa.

Esta autorização está condicionada ao cumprimento do (a) pesquisador (a) aos requisitos da Resolução 510/16, e suas complementares, comprometendo-se o(a) mesmo(a) a utilizar os dados dos participantes da pesquisa, exclusivamente para os fins científicos, mantendo o sigilo e garantindo a não utilização das informações em prejuízo das pessoas e/ou das comunidades.

Quanto aos aspectos éticos da pesquisa, por se tratar de dados secundários, sem identificação nominal, o estudo foi dispensado de avaliação pelo Comitê de Ética em Pesquisa, em conformidade com a Resolução do Conselho Nacional de Saúde (CNS) nº 510, de 7 de abril de 2016. Ao final da pesquisa, os resultados deverão ser informados à instituição.

Teresina, PI: 18 de agosto de 2022.

Iluska Martins Pinheiro

Coord. Qualidade e Biossegurança LACEN-PI

CPF: 809.846.813-53 Mat: 243459-8

5. REFERÊNCIA

- ALMEIDA, A. L. C., et al. (2020). Repercussions of the COVID-19 Pandemic on the Care Practices of a Tertiary Hospital. **Arquivos Brasileiros de Cardiologia**, 115, 862–870, 21 set.
- ALSHARIF, W., & QURASHI, A. (2021, May). Effectiveness of COVID-19 diagnosis and management tools: A review. **Radiography (Lond)**, 27(2), 682-687.
- AQUINO, E. M. L., et al. (2020). Medidas de distanciamento social no controle da pandemia de COVID-19: potenciais impactos e desafios no Brasil. **Ciência & Saúde Coletiva**, 25(1), 2423–2446, 5 jun.
- BATISTA, F. M. de A., et al. (2020). COVID-19 in Piauí: initial scenario and perspectives for coping. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, 53.
- BATTAGLINI, D., Lopes-Pacheco, M., Castro-Faria-Neto, H. C., Pelosi, P., & Rocco, P. R. M. (2022, Apr 27). Laboratory Biomarkers for Diagnosis and Prognosis in COVID-19. **Front Immunol**, 13, 857573.
- BRITO, S. B. P., et al. (2020). Pandemia da COVID-19: o maior desafio do século XXI. **Revista Visa em Debate**, 8(2), 54-63.
- CAVALCANTE, J. R., et al. (2020). COVID-19 no Brasil até a semana Epidemiológica 20 de 2020. **Epidemiologia e Serviço de Saude**, Brasília, 29(4), e2020376.
- GORBALENYA, A. E., Baker, S. C., Baric, R. S., De Groot, R. J., Drosten, C., Gulyaeva, A. A., ... & Ziebuhr, J. (2020). The species severe acute respiratory syndrome related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. **Nat Microbiol**, 5, 536-544. disponível em: doi: <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0695-z>.
- HARRISON, A. G., Lin, T., & Wang, P. (2020). Mechanisms of SARS-CoV-2 Transmission and Pathogenesis. **Trends in Immunology**, 41(12), 1100-1115. disponível em: doi: [10.1016/j.it.2020.10.004](https://doi.org/10.1016/j.it.2020.10.004).
- HU B, Guo H, Zhou P, Shi ZL. Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19. **Nat Rev Microbiol**. 2021 Mar;19(3):141-154. doi: 10.1038/s41579-020-00459-7. Epub 2020 Oct 6. Erratum in: *Nat Rev Microbiol*. 2022 May;20(5):315. PMID: 33024307; PMCID: PMC7537588.
- HUANG, X. Y., Chen, Q., Sun, M. X., Zhou, H. Y., Ye, Q., Chen, W., ... & Qin, C. F. (2023). A pangolin-origin SARS-CoV-2-related coronavirus: infectivity, pathogenicity, and cross-protection by preexisting immunity. **Cell Discovery**, 9(1), 59. disponível em: doi: [10.1038/s41421-023-00557-9](https://doi.org/10.1038/s41421-023-00557-9).
- JIANG, S., Hillyer, C., & Du, L. (2020). Neutralizing antibodies against SARS-CoV-2 and other human coronaviruses. **Trends in Immunology**, 41(5), 355-359. disponível em: doi: <https://doi.org/10.1016/j.it.2020.03.007>.
- JIANG, S., Shi, Z., Shu, Y., Song, J., Gao, G. F., Tan, W., & Guo, D. (2020). A distinct name is needed for the new coronavirus. **Lancet**, 395(10228), 949. disponível em: doi: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30419-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30419-0).

KASMI, Y., Khataby, K., Souiri, A., & Ennaji, M. M. (2020). **Coronaviridae: 100,000 years of emergence and reemergence**. In M. M. Ennaji (Ed.), **Emerging and reemerging viral pathogens** (Vol. I, pp. 127-149). Elsevier Academic Press. disponível em: doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819400-3.00007-7>.

KERR, L., et al. (2020). COVID-19 no Nordeste brasileiro: sucessos e limitações nas respostas dos governos dos estados. **Ciência & Saúde Coletiva**, 25(Supl.2), 4099-4120.

LAI, C. K. C., & Lam, W. (2021, Jan 29). Laboratory testing for the diagnosis of COVID-19. **Biochem Biophys Res Commun**, 538, 226-230.

LIMA, E. E. C. DE, et al. (2021). Padrão espacial de mortes e infecções por COVID-19 em pequenas áreas do Brasil. **PLOS ONE**, 16(2), e0246808, 11 fev.

LORENZ, C., et al. (2021). COVID-19 no estado de São Paulo: a evolução de uma pandemia. **REV BRAS EPIDEMIOL**, 24, E210040.

MARINELLI, N. P., et al. (2020). Evolução de Indicadores e Capacidade de atendimento à COVID-19 no nordeste. **Epidemiol. Serv. Saude**, Brasília, 29(3), e2020226.

MARTIN, P. S., et al. (2020). História e Epidemiologia da COVID-19. **ULAKES Journal of Medicine**, 1 (EE), 11-22.

MOTA, EDUARDO, & TEIXEIRA, Maria Glória. (2020). Vigilância Epidemiológica e a pandemia da Covid-19 no Brasil: elementos para entender a resposta brasileira e a explosão de casos e mortes. **SAÚDE DEBATE | RIO DE JANEIRO**, 44(ESPECIAL 4), 130-145, DEZEMBRO.

MOUSAVIZADEH, L., & Ghasemi, S. (2021). Genotype and phenotype of COVID-19: Their roles in pathogenesis. **Journal of Microbiology, Immunology and Infection**, 54(2), 159-163. disponível em: doi: [10.1016/j.jmii.2020.03.022](https://doi.org/10.1016/j.jmii.2020.03.022).

MURALIDAR, S., Ambi, S. V., Sekaran, S., & Krishnan, U. M. (2020). The emergence of COVID-19 as a global pandemic: Understanding the epidemiology, immune response and potential therapeutic targets of SARS-CoV-2. **Biochimie**, 179, 85-100. disponível em: doi: [10.1016/j.biochi.2020.09.018](https://doi.org/10.1016/j.biochi.2020.09.018).

PACHECO, E. S.; Silva, V. R. da; Soares, L. S. (2020, jun.). A BRIEF EPIDEMIOLOGICAL ANALYSIS OF COVID-19 IN PIAUÍ, BRAZIL. **Revista Prevenção de Infecção e Saúde**, 6.

PEKAR, J. E., Magee, A., Parker, E., Moshiri, N., Izhikevich, K., Havens, J. L., ... & Worobey, M. (2022). The molecular epidemiology of multiple zoonotic origins of SARS-CoV-2. **Science**, 377(6609), 960-966. disponível em: doi: [10.1126/science.abp8337](https://doi.org/10.1126/science.abp8337).

PETROSILLO, N., Viceconte, G., Ergonul, O., Ippolito, G., & Petersen, E. (2020). COVID-19, SARS and MERS: are they closely related?. **Clinical Microbiology and Infection**, 26(6), 729-734.

RAMBAUT, A., Holmes, E. C., O'Toole, Á., Hill, V., McCrone, J. T., Ruis, C., ... & Pybus, O. G. (2020). A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. **Nature Microbiology**, 5(11), 1403-1407. disponível em: doi: [10.1038/s41564-020-0770-5](https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5).

SANTOS-LÓPEZ, G., Cortés-Hernández, P., Vallejo-Ruiz, V., & Reyes-Leyva, J. (2021). SARS-CoV-2: basic concepts, origin and treatment advances. **Gaceta Médica de México**, 157(1), 84-89. disponível em: doi: [10.24875/GMM.M21000524](https://doi.org/10.24875/GMM.M21000524).

SEYED HOSSEINI, E., Riahi Kashani, N., Nikzad, H., Azadbakht, J., Hassani Bafrani, H., & Haddad Kashani, H. (2020, Dec). The novel coronavirus Disease-2019 (COVID-19): Mechanism of action, detection and recent therapeutic strategies. **Virology**, 551, 1-9.

SHARMA, A., Ahmad Farouk, I., & Lal, S. K. (2021, Jan 29). COVID-19: A Review on the Novel Coronavirus Disease Evolution, Transmission, Detection, Control and Prevention. **Viruses**, 13(2), 202.

SLAVOV, S. N. et al. Dynamics of Sars-CoV-2 variants of concern in a vaccination model city in the state of São Paulo, Brazil. **Viruses**, [S.l.], v. 15, n. 10, p. 202, 29 set. 2023

SOUZA, A. S. R., et al. (2021). **Rev. Bras. Saúde Matern. Infant.**, Recife, 21 (Supl. 1), S47-S64, fev.

TIWARI, R., Dhama, K., Sharun, K., Iqbal Yattoo, M., Malik, Y. S., Singh, R., ... & Rodriguez-Morales, A. J. (2020). COVID-19: animals, veterinary and zoonotic links. **Veterinary Quarterly**, 40(1), 169-182. disponível em: doi: 10.1080/01652176.2020.1766725.

UMAKANTHAN, S., Sahu, P., Ranade, A. V., Bukelo, M. M., Rao, J. S., Abrahao-Machado, L. F., ... & Kv, D. (2020). Origin, transmission, diagnosis and management of coronavirus disease 2019 (COVID-19). **Postgraduate Medical Journal**, 96(1142), 753-758. disponível em: doi: 10.1136/postgradmedj-2020-138234.

VELAVAN, T. P., & Meyer, C. G. (2020). The COVID-19 epidemic. **Tropical Medicine & International Health**, 25(3), 278-280. disponível em: doi: 10.1111/tmi.13383.

WANG, L. F., Anderson, D. E., Mackenzie, J. S., & Merson, M. H. (2020). From Hendra to Wuhan: what has been learned in responding to emerging zoonotic viruses. **The Lancet**, 395(10224), e33-e34. disponível em: doi: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30350-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30350-0).

WERNECK, G. L., et al. (2021). The incidence and geographical spread of SARS-CoV-2 in Rio de Janeiro, Brazil based on RT-PCR test results. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, 54, 10 fev.

World Health Organization (WHO). (2020). Naming the coronavirus disease (COVID-19) and the virus that causes it. **Geneva**. Retrieved April 12, 2020, from [https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-\(covid-2019\)-and-the-virus-that-causes-it](https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-(covid-2019)-and-the-virus-that-causes-it).

World Health Organization (WHO). (2020). Novel coronavirus (2019-nCoV) situation report – 22. **Geneva**. Retrieved from <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200211-sitrep-22-ncov.pdf>.

XIMENES, R. A. DE A., et al. (2021). Covid-19 no nordeste do Brasil: entre o lockdown e o relaxamento das medidas de distanciamento social. **Ciência & Saúde Coletiva**, 26(4), 1441–1456, abr.

YESUDHAS, D., Srivastava, A., & Gromiha, M. M. (2021). COVID-19 outbreak: history, mechanism, transmission, structural studies and therapeutics. **Infection**, 49(2), 199-213. disponível em: doi: 10.1007/s15010-020-01516-2.

YÜCE, M., Filiztekin, E., & Özkaya, K. G. (2021, jan.). Diagnóstico COVID-19 —Uma revisão dos métodos atuais. **Biossensores e Bioeletrônica**, 172, 112752.

