



Prevalência de Norovírus (Nov) em ambientes aquáticos

Prevalence of Norovirus (Nov) in aquatic environments

Prevalencia del Norovirus (Nov) en ambientes acuáticos

Rayssa de Lima Amoras¹, Laura Palheta de Andrade¹, Jean Lucas Duarte Mendonça¹, Maria Karoliny da Silva Torres¹.

RESUMO

Objetivo: Descrever a prevalência do norovírus em ambientes aquáticos. **Métodos:** Trata-se de uma revisão integrativa da literatura, com busca realizada nas bases de dados: PubMed, SciELO, Cochrane Library e ScienceDirect, abrangendo publicações entre 2015 à 2025. Foram incluídos artigos em inglês e espanhol que abordassem a relação entre norovírus e poluição hídrica, excluindo-se aqueles voltados exclusivamente a aspectos clínicos, métodos de detecção ou fora do recorte temporal. **Resultados:** Estudos indicam que os genogrupos GI e GII do norovírus, especialmente o subtipo GII.4, são os mais frequentemente detectados em alimentos de origem marinha (ostras, camarões e peixes) e em diferentes tipos de água (potável, rios, águas residuais e subterrâneas). A principal fonte de contaminação está relacionada ao lançamento de esgoto doméstico sem tratamento adequado no meio ambiente. A ocorrência do vírus é maior em estações frias e em regiões com infraestrutura sanitária precária. **Considerações finais:** O norovírus é um risco à saúde pública, com ampla presença em águas contaminadas e alimentos marinhos devido sua resistência ambiental e falta de monitoramento viral.

Palavras-chave: Norovírus, Infecções por Norovírus, Água poluída.

ABSTRACT

Objective: Describe the prevalence of norovirus in aquatic environments. **Methods:** This is an integrative literature review, with searches carried out in the following databases: PubMed, SciELO, Cochrane Library and ScienceDirect, covering publications from 2015 to 2025. Articles in English and Spanish that addressed the relationship between norovirus and water pollution were included, while those focused solely on clinical aspects, detection methods, or outside the time frame were excluded. **Results:** Studies indicate that norovirus genogroups GI and GII, especially the GII.4 subtype, are the most frequently detected in marine-derived foods (such as oysters, shrimp, and fish) and various water sources (drinking water, rivers, wastewater, and groundwater). The main cause of contamination is linked to the discharge of untreated domestic sewage into the environment. Viral presence is higher during colder seasons and in regions with poor sanitation infrastructure. **Final considerations:** Norovirus is a public health risk, with widespread presence in contaminated waters and seafood due to its environmental resistance and lack of viral monitoring.

Keywords: Norovirus, Norovirus Infection, Water pollution.

RESUMEN

Objetivo: Describir la prevalencia del norovirus en ambientes acuáticos. **Métodos:** Se trata de una revisión integradora de la literatura, con búsqueda realizada en las bases de datos PubMed, SciELO, Cochrane Library y ScienceDirect, abarcando publicaciones entre 2015 y 2025. Se incluyeron artículos en inglés y español que abordaran la relación entre norovirus y la contaminación hídrica, excluyéndose aquellos enfocados exclusivamente en aspectos clínicos, métodos de detección o fuera del período establecido. **Resultados:** Los

¹ Centro Universitário Metropolitano da Amazônia - UNIFAMAZ, Belém - PA.

estudios indican que los genogrupos GI y GII del norovirus, especialmente el subtipo GII.4, son los más frecuentemente detectados en alimentos de origen marino (ostras, camarones y peces) y en diferentes tipos de agua (potable, ríos, aguas residuales y subterráneas). La principal fuente de contaminación está relacionada con el vertido de aguas residuales domésticas sin tratamiento adecuado al medio ambiente. La presencia del virus es mayor en estaciones frías y en regiones con infraestructura sanitaria deficiente. **Consideraciones finales:** El norovirus es un riesgo para la salud pública, con una amplia presencia en aguas y mariscos contaminados debido a su resistencia ambiental y a la falta de monitoreo viral.

Palabras clave: Norovirus, Infecciones por Norovirus, Polución del agua.

INTRODUÇÃO

Os Norovírus (NoV) pertencem à família *Caliciviridae*, não envelopados e seu genoma viral é de RNA fita simples de sentido positivo. Estruturalmente possuem três quadros de leitura abertos (ORFs), o ORF1 codifica as proteínas não estruturais, enquanto o ORF2 codifica a proteína estrutural do vírus, conhecida como VP1. O ORF3 também está relacionado à proteína estrutural, mas codifica a VP2 (SUN Y, et al., 2023; COSTA JND, et al., 2024). Devido à diversidade nas sequências genéticas da proteína VP1, o vírus apresenta diferentes classificações de genogrupos e genótipos (FLANNERY J, et al., 2012; MAO M, et al., 2024).

Portanto, os NoVs são classificados em dez genogrupos (GI-GX) e 49 genótipos, onde normalmente predominam genogrupo G do genótipo I e o II (GI e GII) (CAMPILLAY-VÉLIZ CP, et al., 2020; MAO M, et al., 2024). Há uma evolução viral associada às áreas ORF1 e ORF2, resultante de mutações e recombinação genética, que gera diversidade genética, ou seja, produz diferentes variedades de cepas do mesmo genótipo e isso dificulta o desenvolvimento de vacinas eficazes contra o vírus, (CAMPILLAY-VÉLIZ CP, et al., 2020; COSTA JND, et al., 2024).

A maioria dos casos de infecção por norovírus é leve, com sintomas como diarreia, vômito, náusea e cólicas abdominais, geralmente durando de 2 a 4 dias. Indivíduos assintomáticos e sintomáticos excretam o vírus e podem transmiti-lo a outras pessoas, sendo a proporção de infecções assintomáticas maior durante a temporada (SHANG X, et al., 2017; HARDSTAFF JL, et al., 2018). Esse vírus está associado em casos de mais de 95% das gastroenterites não bacterianas epidêmicas em todo o mundo, com alguns casos letais, afetando pessoas de todas as idades, no entanto, crianças menores de 5 anos e idosos são os grupos de maior risco, sendo acometidos com a maior taxa de hospitalizações e casos de morbidade (CAMPILLAY-VÉLIZ CP, et al., 2020).

Estima-se que mais de 600 milhões de pessoas sejam acometidas anualmente, resultando em cerca de 19.496 óbitos (COSTA JND, et al., 2024). O NoV é o principal agente de doenças transmitidas por água e alimentos contaminados. Devido ao seu tamanho microscópico e alta capacidade de disseminação, o vírus pode contaminar alimentos com facilidade, sendo necessária apenas uma quantidade ínfima para causar infecções. Sua transmissão ocorre principalmente pela rota fecal-oral, através de alimentos e água contaminados, e pelo contato direto entre pessoas (HARDSTAFF JL, et al., 2018; MOORE MD, GOULTER RM, JASKUS LA, 2015).

O vírus tem baixa dose infecciosa, alta resistência ambiental e pode sobreviver por mais de 2 meses em ambientes aquosos, tornando-se uma das vias mais importantes para a transmissão do NoV (PASALARI H, et al., 2019) logo, a água do mar, água da torneira, água de barril, água de rio e outros corpos d'água podem ser contaminados com NoV por vários motivos, incluindo descarga de navios, falta de medidas de desinfecção e descarga direta de esgoto doméstico (HENNECHART-COLLETTE C, et al., 2022; SHANG X, et al., 2017; SUN Y, et al., 2023; TUBATSI G e KEBABETSWE L, 2022).

Desse modo, observamos que os NoVs são amplamente distribuídos em vários ambientes. Os Numerosos surtos de NoV foram relatados em todo o mundo, com pandemias transmitidas pela água sendo particularmente significativas. Notavelmente, uma grande proporção desses surtos foi atribuída aos NoVs GI e GII (ZHENG DP, et al., 2006). Logo, a persistência em ambientes é ocasionada pela resistência ao tratamento de águas residuais, capacidade de sobreviver no ambiente, baixa dose infecciosa e altas concentrações em esgoto (FLANNERY J, et al., 2012; GLASS RI, PARASHAR UD, ESTES MK, 2009).

A baixa eficiência de remoção viral do tratamento de águas residuais e a forte resistência intrínseca aos processos de desinfecção da água (MONTAZERI N, et al., 2015), podem auxiliar a sobrevivência viral nesse ambiente (YEZLI S e OTTER JÁ, 2011), resultando na contaminação manutenção do vírus em ambientes aquáticos. (JURZIK L, et al., 2010). Embora uma série de procedimentos de tratamento para remover resíduos físicos, químicos e microbiológicos do esgoto sejam realizados, esses processos ainda precisam ser aprimorados para reduzir o conteúdo viral da água (RAMÍREZ-CASTILLO FY, et al., 2015).

A adequação da qualidade da água em corpos hídricos é crucial para determinar a segurança de sua ingestão para o consumo humano. Nosso estudo permitirá a união de dados fundamentais para a observação da circulação desse vírus em ambientes aquáticos e a interação direta com seres humanos e animais, incluindo os genogrupos mais prevalentes que possam estar relacionados a uma maior resistência ambiental, especialmente entre as populações vulneráveis socioeconomicamente.

Estudos como este além de permitirem a detecção ambiental dos norovírus em ambientes aquáticos, identificam os locais mais afetados e os genogrupos predominantes. Portanto, esse estudo subsidiará informações importantes para o aprimoramento dos serviços de saneamento básico sendo uma fonte de um meio de disseminação viral, auxiliando na construção de medidas de prevenção e controle da transmissão. Este estudo tem como objetivo descrever a prevalência do norovírus em ambientes aquáticos.

MÉTODOS

Este estudo é uma revisão integrativa da literatura, com busca nas bases de dados: PubMed, SciELO, Cochrane Library e ScienceDirect, considerando publicações entre 2015 à 2025. As palavras-chave utilizadas foram “Norovirus”, “Norovirus Infection” e “Water Pollution”. A seleção dos artigos ocorreu em etapas: I. Análise dos títulos; II. Leitura dos resumos e, III. Leitura completa do manuscrito.

Foram incluídos artigos em inglês ou espanhol, gratuitos ou pagos, que abordassem a relação entre norovírus e poluição da água. Foram excluídos estudos focados apenas em sintomas clínicos, métodos de detecção, sem relação com o tema ambiental ou fora do recorte temporal. As bases de dados utilizadas são de acesso público, portanto, não houve necessidade de submissão ao Comitê de Ética em Pesquisa, pois o estudo foi realizado com dados secundários de domínio público, sem utilização de dados com identificação dos sujeitos, considerando as Resoluções N° 466/12 e 506/16, pesquisas realizadas em bancos de dados de domínio público não necessitam de apreciação do Comitê de Ética de Pesquisa em Humanos (CEP).

RESULTADOS

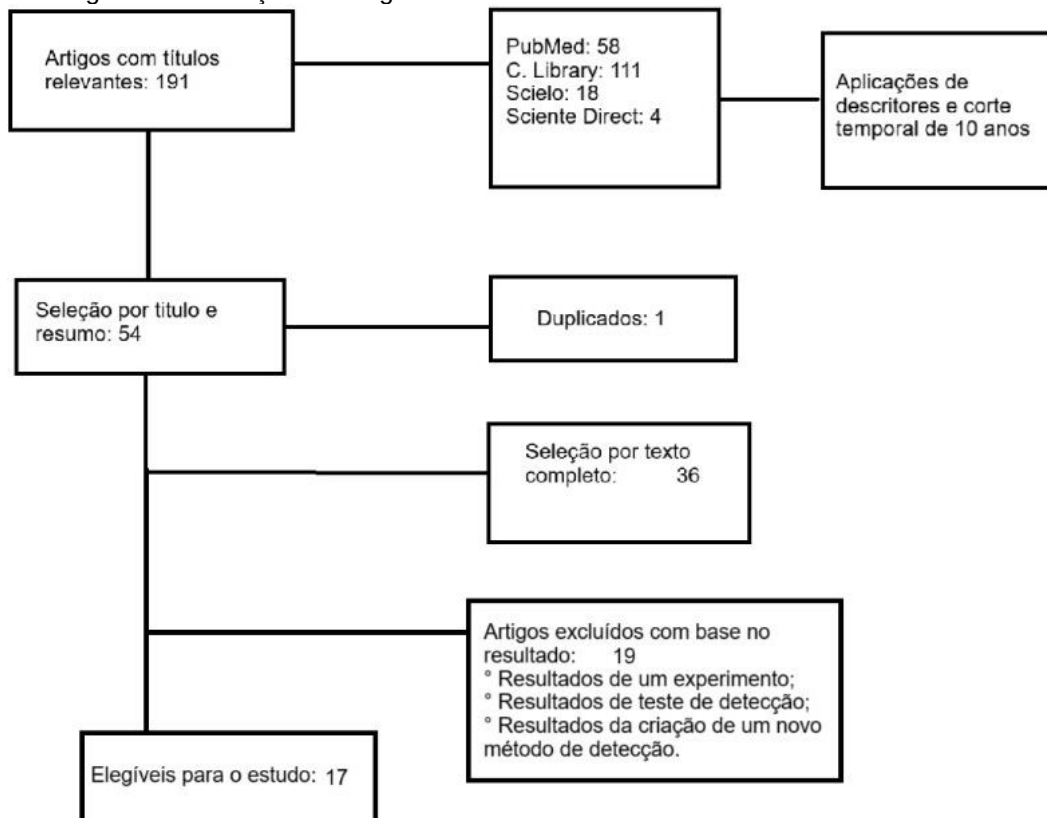
O processo de seleção de artigos científicos foi conduzido com base em critérios rigorosos, incluindo a aplicação de descritores específicos e um corte temporal de 10 anos, para garantir a relevância e atualidade dos estudos. Inicialmente, foram identificados 191 artigos com títulos considerados relevantes para o tema de pesquisa. Esses artigos foram distribuídos em quatro bases de dados principais: 58 artigos foram encontrados no PubMed, 111 na C Library, 18 no Scielo e 4 no Science Direct.

Após a identificação inicial, foi realizada uma triagem com base no título e resumo dos artigos, resultando na seleção de 54 estudos que atendiam aos critérios estabelecidos. Durante essa etapa, foi identificado e removido 1 artigo duplicado, evitando redundâncias na análise. Em seguida, os 54 artigos selecionados foram avaliados em sua íntegra, o que permitiu a exclusão de estudos que não atendiam plenamente aos objetivos da pesquisa. Ao final dessa etapa, 36 artigos foram considerados adequados e incluídos para a revisão da literatura.

Após uma análise criteriosa, 19 artigos foram excluídos por não se alinharem aos objetivos da pesquisa, sendo descartados por apresentarem resultados de experimentos, testes de detecção em ambientes controlados ou o desenvolvimento de novos métodos de detecção. Como o foco da revisão priorizava estudos aplicados a contextos reais, e não abordagens experimentais ou metodológicas, esses artigos foram considerados inadequados para compor a análise final. Os 17 estudos selecionados serão utilizados para a

análise e síntese do tema em questão, contribuindo para uma revisão bibliográfica robusta e atualizada (Figura 1).

Figura 1 - Fluxograma de seleção de artigos científicos com critérios de inclusão e exclusão.



Fonte: Amoras RL, et al., 2025.

Quadro 1 - Síntese dos artigos selecionados sobre norovírus em ambientes aquáticos.

Nº	Autor (Ano)	Análise Instrumental/Objetivo	Assunto/Amostra	Resultado
1	AmroABADI, MA, et al. (2021).	Uma pesquisa quantitativa. A pesquisa foi realizada para avaliar o papel dos peixes e camarões na transmissão de vírus patogênicos e a distribuição de NoV, hAV, hEV e RoV em amostras de peixes e camarões capturados no Golfo Pérsico, Irã.	Vírus transmitidos pela água, como HAV, NoV, RoV e HEV, são facilmente espalhados por frutos do mar contaminados. De maio a maio de 2018, um total de 320 amostras de frutos do mar, incluindo peixes (n = 170) e camarões (n = 150) foram coletadas aleatoriamente nos portos e centros de varejo locais, do Irã.	Uma pesquisa quantitativa avaliou a presença de vírus patogênicos (HAV, HEV, NoV e RoV) em 320 amostras de peixes e camarões coletadas no Golfo Pérsico, Irã. Os resultados mostraram que 15,31% das amostras estavam contaminadas, com maior prevalência de NoV GI (5,93%) e NoV GII (8,43%). Entre os peixes, *S. commerson* apresentou NoV GI (6%) e *P. niger*, NoV GII (8,33%). Entre os camarões, *P. monodon* teve as maiores taxas de NoV GI (12%) e GII (18%). NoV GI e GII foram os vírus mais prevalentes nas amostras analisadas.
2	Biswas S, et al. (2018).	Uma análise molecular. O objetivo do presente estudo foi rastrear a contaminação/retenção de NoV em bivalves durante os meses de verão nas águas marinhas costeiras do Reino Unido.	Identificação de variantes de norovírus, GII.4, de mexilhões azuis coletados em águas do Reino Unido. Oito mexilhões azuis selvagens foram coletados em 2013: oito em abril, em The Mumbles, e quatro em junho, no Royal Dock. Seus tecidos (~3 g) foram agrupados em três amostras: 1 (mexilhões 1 a 4), 2 (5 a 8) e 3 (9 a 12).	Todas as amostras foram positivas para NoV GII; as amostras 2 e 3 também apresentaram NoV GI, e nenhuma apresentou NoV GIV. A análise genética mostrou que as amostras 1 e 2 se agruparam com variantes pandêmicas GII.4, enquanto a amostra 3 se relacionou com cepas GII.2.
3	Costa JND, et al. (2014).	Uma análise transversal retrospectivas descritivas. O trabalho teve como objetivo monitorar casos de gastroenterite por Norovirus na Amazônia brasileira.	Norovírus são altamente infecciosos e requerem vigilância contínua. Entre 2018 e 2022, foram coletadas amostras de fezes de pacientes de 0 a 70 anos em unidades sentinelas da Rede de Vigilância de Gastroenterites Virais, com dados obtidos do sistema Laboratory Environment Manager.	Entre 2018 e 2022, foram analisadas 695 amostras fecais na Rede de Vigilância de Gastroenterites Virais, com 25,8% (179) positivas para NoV. A prevalência variou entre 10,6% (2020) e 30,3% (2021). Todas as faixas etárias foram afetadas, com maior frequência em crianças menores de dois anos (33,3%). A maioria dos casos era do genótipo GII (98,1%), sendo GII.P16/GII.4 o genótipo mais comum (56,6%). Estudos na Amazônia relatam prevalência de NoV entre 12,3% e 38%.
4	Demeter K, et al. (2021).	O estudo de modelagem e simulação, com elementos quantitativos e transdisciplinares. Seu objetivo é uma abordagem integrativa para avaliar esses efeitos, de mudanças climáticas, demográficas e gestão de águas residuais na qualidade microbiológica da água do rio, visando a produção de água potável.	Rios são fontes essenciais de água potável, mas sofrem contaminação por patógenos devido a descargas de estações de tratamento de esgoto (ETAR) e transbordamentos (CSO). Local do estudo está localizado no Rio Danúbio, em Viena, Áustria	O estudo mostrou que os norovírus estavam em concentrações 1.000 vezes maiores que os enterovírus. Sem melhorias, as ETARs foram responsáveis por até 99% da carga viral. Com avanços no tratamento, os CSOs passaram a ser a principal fonte (>99%), reduzindo a carga viral em 4 log ₁₀ , mas ainda com altos picos de contaminação. A prevenção de CSOs e o tratamento eficiente melhoraram a qualidade da água.
5	Farkas F, et al. (2018).	O estudo, de natureza quantitativa. O estudo avaliou o destino de vírus entéricos (NoV, SaV, HAV, HEV, AdV e PyV) em águas residuais, superficiais, sedimentos e moluscos de áreas contaminadas por esgoto.	Vírus entéricos são uma ameaça global à saúde, causando surtos por água e alimentos contaminados. Entre agosto de 2016 e 2017, foram coletadas amostras de esgoto e águas naturais no Rio Conwy e seu estuário, no Norte de Gales, Reino Unido.	Nas águas residuais, NoVGI e NoVGII foram menos abundantes que outros vírus, com picos na primavera (NoVGI) e outono/primavera (NoVGII). Em águas superficiais, a detecção foi baixa (10% NoVGI e 13% NoVGII), com NoVGI em maior concentração. NoVGI também foi mais frequente que NoVGII em sedimentos (18% vs 8%) e moluscos (19% vs 12%).
6	Farkas F, et al. (2024).	Um estudo aplicado e quantitativo. O objetivo é avaliar a poluição fecal de origem animal e humana em duas áreas de coleta de moluscos na Inglaterra.	A poluição por esgoto humano eleva o risco de doenças transmitidas pela água e alimentos. Entre junho de 2019 e abril de 2021, foram coletadas quinzenalmente 153 amostras de ostras e 114 de mexilhões em sete áreas do Estuário de Camel.	A pesquisa identificou NoVGI e NoVGII como os vírus mais comuns em moluscos e águas dos estuários de Camel e Menai, com NoVGII predominante, exceto no Rio Cegin, onde prevaleceu NoVGI. NoVGI não foi detectado em mexilhões do Canal de Ogwen nem na água do Canal de Cegin. As maiores concentrações ocorreram em ostras do Estuário de Camel e na água do Estreito de Menai, principalmente no outono e inverno.

7	Hartard C, et al. (2016).	A pesquisa é um estudo de análise quantitativa. Objetivo deste estudo foi primeiro avaliar o valor do FRNAPH como indicadores de poluição fecal ou viral em moluscos e águas ambientais de uma área de coleta designada	O estudo traz novos dados sobre o uso de fagos FRNAPH para avaliar contaminação fecal ou viral, especialmente em moluscos. Foram coletadas 32 amostras de água em uma região costeira do oeste da França (jan/2014 a jan/2015), além de 8 lotes de mexilhões e 28 lotes de ostras comerciais entre 2014 e 2016 em áreas de coleta na França, Irlanda e Portugal.	NoV GI e GII foram usados como marcadores de poluição viral humana. Amostras de água das áreas 1 e 2, coletadas em 2014, foram positivas para HuNoV e FRNAPH, com altas concentrações de NoV GII em janeiro. Entre ostras e mexilhões, 44% das amostras continham HuNoV, sendo 43% do tipo GII e apenas um caso do tipo GI, detectado em mexilhões de fevereiro de 2014.
8	Jennings WC, et al. (2020).	Aplicação de uma metodologia para análise de dados. O objetivo deste estudo foi testar o crAssphage para avaliar a poluição fecal no Rio Mapocho, Chile.	O estudo testou o crAssphage, um novo marcador viral de contaminação fecal humana. Foram realizadas três campanhas de amostragem no Rio Mapocho: uma espacial, com 6 locais (S1-S6), e duas temporais (subdiária e horária), em dois pontos (T1 e T2) localizados a jusante de S3.	Norovírus foi detectado em 14 das 78 amostras. Três das oito amostras a montante (S1 e S2), uma no centro da cidade e todas as amostras a jusante foram positivas, com medianas de 2,6 log10 cp/100 ml. Não houve detecção nos pontos T1 e T2 durante a campanha temporal. S1 está em área rural a montante. S2-S4 ficam em regiões urbanas com o rio canalizado. Parte da água é desviada para irrigação antes de S2, sendo reabastecida pelo Canal San Carlos entre S2 e S3. S5 e S6 estão em áreas agrícolas a jusante, onde o rio volta a ser não canalizado.
9	Lee JE, et al. (2024).	Um estudo é quantitativo. O estudo avaliou a segurança da água subterrânea usada para consumo, por meio de um monitoramento nacional de cinco anos, analisando norovírus, contaminação microbiana e qualidade da água.	O manejo inadequado da água subterrânea pode causar contaminação fecal e doenças virais. Entre 2019 e 2023, 600 amostras de água potável subterrânea foram coletadas em 83 regiões da Coreia do Sul. Dessas, 11 (1,8%) testaram positivo para norovírus. O genótipo GI.1 foi detectado em três casos (1 na primavera e 2 no outono), e o GII.4 em oito casos (3 na primavera, 2 no verão e 3 no inverno), sendo o GII.4 o mais frequente.	Das 600 amostras de água subterrânea, 11 (1,8%) foram positivas para norovírus. O genótipo GI.1 foi identificado em três casos (1 na primavera e 2 no outono), e o GII.4 em oito casos (3 na primavera, 2 no verão e 3 no inverno), sendo o GII.4 o mais frequente ao longo dos cinco anos de estudo.
10	Malla B, et al. (2019).	Um estudo é quantitativo. O estudo buscou avaliar a presença de vírus patogênicos e indicadores fecais em amostras de TFSs e WT no Vale de Kathmandu, visando identificar fontes de contaminação fecal.	O estudo investigou a qualidade da água e as fontes de poluição fecal. Com 31 amostras de TFS coletadas em 17 locais e 30 amostras de WT, durante as estações seca e chuvosa de 2016.	Foram analisados seis vírus patogênicos em amostras de TFS e WT. O NoV-GII foi o mais frequente, detectado em 23% das amostras de TFS (7/31) e 20% das WT (6/30), incluindo dois TFSs com detecção em ambas as estações. O NoV-GI não foi identificado em nenhuma amostra.
11	Miao J, et al. (2018).	Uma pesquisa quantitativa. O estudo investigou a presença de vírus entéricos, incluindo o norovírus GII, na água do Rio Jinhe, em Tianjin, ao longo de quatro anos, visando desenvolver ferramentas para monitoramento viral.	Vírus entéricos em águas superficiais aumentam o risco de doenças em áreas próximas a bacias hidrográficas e podem causar surtos de doenças transmitidas pela água. Amostras de 150 L foram coletadas mensalmente de março de 2012 a fevereiro de 2016, totalizando 48 amostras.	Entre março de 2012 e fevereiro de 2016, o HuNoVs GII foi o segundo vírus entérico mais prevalente nas amostras de água do Rio Jinhe, com concentração média de 4,32 log10 GC/L e frequência de detecção de 81,3% (39/48). Sua presença foi associada a temperaturas frias e alta condutividade da água, com maiores concentrações nas estações mais frias. Esses resultados indicam que o HuNoVs GII está fortemente relacionado à epidemiologia clínica da área de captação do rio.
12	Nagarajan V, et al. (2021).	Uma pesquisa quantitativa. Teve como objetivo examinar a prevalência, distribuição, distribuição sazonal e diversidade genética de adenovírus (AdVs) e norovírus (NoVs)	Este estudo investigou a prevalência, distribuição e genótipos de AdVs e NoVs no Rio Puzi e áreas vizinhas em Taiwan, com 96 amostras do rio e afluentes, 12 do porto de Dongshi e 60 da área de ostras, coletadas entre dezembro de 2015 e novembro de 2016. Os vírus foram isolados por filtração e seus ácidos nucleicos extraídos.	As taxas de detecção de NoVs foram 11,5% no Rio Puzi, 10,3% nos tributários, 8,3% no porto de Dongshi e 1,7% nas ostras costeiras. A prevalência foi maior no inverno, especialmente no Rio Puzi (45,8%) e no porto de Dongshi (33,3%). Nos tributários, as taxas foram baixas na primavera (10,3%) e verão (3,5%). Os genótipos GI e GII predominaram nas amostras positivas, com 9 genótipos prevalentes. GII.4 foi o mais frequente, mas ausente

				em Dongshi e nas ostras, enquanto GII.17 foi detectado apenas no Rio Puzi. Ostra/GII apareceu em todos os locais.
13	Purparl G, et al. (2019).	Uma pesquisa quantitativa. Este estudo teve como objetivo avaliar a presença de vírus entéricos, incluindo Norovírus (GI, GII e GIV), em moluscos bivalves, água ambiental, alimentos com peixe e/ou vegetais crus, frutas, bagas e swabs de superfícies em áreas de preparação de alimentos na Sicília.	O estudo teve como objetivo avaliar a presença de vírus entéricos por meio de métodos de nested (RT) PCR, PCR em tempo real e análise de sequência. Foram coletadas 108 amostras de mariscos (frescos e congelados) e 23 amostras de água de diversas áreas da província de Siracusa, Messina e outros locais afetados por surtos de NoV e HAV, entre 2012 e 2017. As amostras de água vieram de centros de cultivo de mexilhões e encanamentos.	Das 108 amostras de moluscos, 35 foram positivas para vírus entéricos, sendo que o NoV apresentou uma taxa de 18,5%, com 10,2% referentes ao tipo GI (um GI.1, sete GI.2, dois GI.3 e um GI.8), 5,6% ao tipo GII e 2,8% ao tipo GIV. Das 23 amostras de água, 5 (21,7%) foram positivas para NoV do tipo GII (GII.2 e GII.4). Por fim, a amostra superficial de água doce também foi positiva para NoV GII.4.
14	Rupnik A, et al. (2018).	Uma pesquisa quantitativa. Objetivo desse estudo foi monitorar as concentrações de RNA do norovírus em ostras em um local de produção conhecido por ser impactado por esgoto, contaminado com norovírus e anteriormente associado a um surto.	O estudo analisou a concentração de norovírus em ostras de um local afetado por esgoto com depuração estendida. Entre janeiro e abril de 2015, foram coletadas 10 ostras semanalmente nos três pontos de produção. No inverno, foram coletadas 55 amostras do Sítio 1, 65 do Sítio 2, e 74 e 50 amostras após depuração de curto e longo prazo. No verão, foram 50 amostras do Sítio 1, 36 do Sítio 2 e 89 após depuração de curto prazo.	Concentrações de norovírus acima de 500 cópias/g foram detectadas em 31% das amostras do Sítio 1 no inverno, enquanto no Sítio 2 e após depuração não ultrapassaram esse valor. No Sítio 2, 60% das amostras tinham menos de 100 cópias/g, e após depuração, 88% estavam abaixo desse limite. A depuração de 2–3 dias reduziu as concentrações para abaixo de 100 cópias/g em 84% das ostras, enquanto a de 7–9 dias reduziu 92%. No inverno, as taxas de detecção foram 91% no Sítio 1, 89% no Sítio 2, e 81% após depuração.
15	Siqueira JAM, et al. (2024).	Estudo descritivo transversal. Este estudo teve como objetivo investigar a diversidade microbiológica de corpos d'água em canais de drenagem e rios na área central de Belém, norte do Brasil, usando abordagens convencional e metagenômica.	Este estudo lançou luz sobre problemas seculares de saneamento e tratamento de água envolvendo riachos amazônicos, especialmente aqueles próximos a grandes cidades. Águas residuais de 8 canais de drenagem e amostras de água superficial de um riacho foram coletadas de 4 bacias hidrográficas do centro urbano da cidade de Belém.	Dentre os vírus negligenciados, os Norovírus GI e GII foram encontrados em 8 pontos, circulando nas 4 bacias hidrográficas do município. Além disso, o Norovírus GIV não foi detectado em nenhum dos locais analisados durante o estudo.
16	Tandukar S, Sherchan SP, Haramoto E, (2020).	Uma pesquisa quantitativa. Teve como objetivo avaliar crAssphage juntamente com PMMoV e TMV para sua aplicabilidade como indicadores da redução de vírus entéricos humanos durante o tratamento de águas residuais	O estudo avaliou a aplicabilidade do crAssphage, PMMoV e TMV como indicadores da redução de vírus entéricos humanos no tratamento de águas residuais. Foram coletadas 39 amostras mensalmente por 13 meses em 3 etapas de uma estação de tratamento (esgoto bruto, esgoto tratado e efluente final).	Todas as 13 amostras de esgoto bruto foram positivas para NoVs-GI, prevalentes em 92% das amostras. No esgoto tratado, os NoVs-GII foram os mais detectados (46%). As concentrações de NoVs-GII foram significativamente maiores que as de outros vírus. Nos efluentes finais, NoVs-GI representaram 54% das amostras. O tratamento das águas residuais reduziu significativamente os vírus entéricos.
17	Wen X, et al. (2019).	Uma pesquisa quantitativa. Este estudo teve como objetivos (1) examinar a presença de bactérias e vírus em diferentes períodos e locais, (2) comparar métodos de detecção viral e (3) analisar a relação entre a concentração de bactérias indicadoras e a presença de vírus entéricos.	Este estudo usou vírus entéricos como indicadores de qualidade da água em seis locais no Lago Poyang, Nanchang, entre maio de 2016 e janeiro de 2017. Foram coletadas 36 amostras em 7 períodos, abrangendo as estações seca e chuvosa (sem coletas em julho e agosto). As amostras foram de 10 L para o método do Havaí e 50 L para o método de Tianjin.	No Lago Poyang, o NoV GII foi detectado em seis locais pelo método de Havaí, com taxa de detecção de 36,11%, sem diferença significativa entre estações e locais ($p > 0,05$). Pelo método de Tianjin, a taxa foi de 77,78%, com maior concentração de NoV GII no local de Dukou em novembro de 2016. Houve diferença significativa entre os métodos de Tianjin e Havaí na detecção de NoV GII, EoV e AdV ($p < 0,05$), sendo a taxa de detecção de vírus entéricos maior pelo método de Tianjin.

Fonte: Amoras RL, et al., 2025.

DISCUSSÃO

Nosso estudo prevalência do NoV em ambientes aquáticos de 2015 à 2025, destacando seus processos de veiculação e a rápida disseminação que favorece surtos frequentes. Observamos a presença de vírus entéricos em águas residuais e superficiais indicando que o tratamento não elimina completamente esses patógenos, tornando a água uma possível via de transmissão, resultado do despejo de efluentes de esgoto. A monitorização molecular de amostras de recursos hídricos mostrou que os vírus patogênicos de origem humana estão amplamente disseminados em diversos ecossistemas aquáticos, incluindo corpos d'água superficiais, reservatórios subterrâneos, cursos fluviais, ambientes marinhos e sistemas lacustres (KHAMRIN P, et al., 2020). Os genogrupos de maior relevância epidemiológica foram o GI e GII identificados em amostras de peixes e camarões capturados (AMROABADI MA, et al., 2021).

Além de serem os genogrupos mais prevalentes nos resultados, o NoV GII teve maior frequência geral, e em relação ao genótipo o GII.4 é o mais descrito. Pela sua resistência ambiental essa veiculação hídrica pode alcançar os seres aquáticos do mesmo habitat, onde temperaturas frias e alta condutividade da água, aumentam as concentrações de NoVs em período de inverno. Acredita-se que seres marinhos como os mexilhões também atuem como reservatórios para reter e abrigar os vírus durante todo o ano, até em meses mais quentes, de modo que eles possam contribuir para o fluxo de contaminação de NoVs viáveis nas águas do mar durante o inverno e potencializar uma maior disseminação para causar surtos graves de infecções por NoV durante os meses de inverno (BISWAS S, et al., 2018).

A presença frequente desses vírus entéricos na água, mesmo em baixas concentrações, pode representar uma ameaça à saúde pública, especialmente para aqueles que vivem nas residências vizinhas (MIAO J, et al., 2018). Semelhantemente ao observado no estudo de SIQUEIRA JAM, et al., 2024, onde foram coletadas amostras onde o esgoto era despejado diretamente nos rios. Nessas áreas, foram detectados os NoV GII e GI, circulando nas quatro bacias municipais de Belém/PA. Devido ao despejo de esgoto sem tratamento, a concentração da carga viral do norovírus nos ambientes aquáticos é influenciada.

No entanto, devido à sua resistência a circunstâncias desfavoráveis e ao tratamento de águas residuais, os vírus entéricos podem persistir no efluente do processo de tratamento de águas residuais (ETAR) e reter a capacidade de sobrevivência no ambiente em rios receptores por longos períodos (MIAO J, et al., 2018). Na região da Amazônia, o estudo de COSTA JND, et al., 2014 observa a incidência de infecção por NoV, com frequências relatadas variando de 12,3% a 38%, essa região é caracterizada por populações urbanas, rurais e ribeirinhas com acesso limitado à água tratada e saneamento adequado, o que acaba contribuindo para a disseminação de doenças de veiculação hídrica (OLIVARES AIO, et al., 2021, VIEIRA CB, et al., 2016).

Portanto, populações com vulnerabilidade socioeconômica podem ser as mais afetadas pela circulação viral hídrica. A gestão de tratamento de água deve ser considerada como potencial para evitar o impacto da circulação dos NoVs. A pesquisa de TANKUDAR D, et al. 2020 que coletou amostras de três pontos em estações de tratamento de água identificou no início do processo, com o esgoto bruto, a taxa de detecção de 92% de NoV, enquanto nos efluentes finais essa taxa caiu para apenas 54%, ressaltando a importância do tratamento de esgoto. A pesquisa de NAGARAJAN V, et al. 2021 demonstra o mesmo padrão em que, ao analisar quatro locais de coleta de água, constatou que apenas um deles não detectou genótipos de NoV, local que apresenta um sistema de desinfecção de água significativamente mais eficiente em comparação com os outros três pontos.

Um dos pontos que podem influenciar na sua permanência nesses ambientes é que a maioria dos vírus entéricos é altamente resistente à desinfecção UV e química, portanto, os métodos rotineiramente usados em estações de tratamento de águas residuais podem não reduzir totalmente o número de vírus infecciosos no efluente (SANO D, et al., 2016) e estes podem entrar no ambiente. Os vírus entéricos persistem no ambiente e geralmente precisam de doses infecciosas muito baixas, levando a doenças transmitidas pela água com surtos potencialmente ocorrendo longe da fonte de contaminação. Além disso, os vírus podem se acumular em sedimentos e podem ser ingeridos por moluscos destinados ao consumo humano, resultando em doenças de transmissão alimentar (LANDRY F, et al., 1983; OLIVEIRA J, et al., 2011).

Nos últimos anos, tem-se dedicado expressiva atenção aos surtos de NoV vinculados à ingestão de ostras cruas ou inadequadamente cozidas. Esses moluscos bivalves, que se nutrem por meio de filtração, apresentam a capacidade de bioacumular partículas virais de NoV oriundas de mananciais hídricos contaminados (MAO M, et al., 2023). As ostras podem ser contaminadas devido à influência humana, que contribui para a infecção desses moluscos. De acordo com a pesquisa de Nagarajan V, et al. 2021 foi encontrada uma taxa de 1,7% de ostras contaminadas em uma área de reprodução, onde a presença humana é escassa.

Em contraste, outros locais de coleta apresentaram resultados mais elevados; por exemplo, no porto de Dongshi, onde há um grande fluxo de pessoas, a taxa de contaminação chegou a 8,3%. As águas residuais domésticas são uma grande fonte de poluição porque frequentemente contêm patógenos que podem afetar a saúde das pessoas que usam corpos d'água que recebem descargas para recreação ou consumo de frutos do mar. Esses patógenos, especialmente vírus entéricos como os NoVs, frequentemente sobrevivem ao tratamento de águas residuais e, portanto, vírus viáveis podem entrar no ambiente costeiro por meio de descarga.

Além disso, durante eventos de chuvas intensas, águas residuais não tratadas também entram no ambiente aquático por meio de transbordamentos de tempestades projetados para evitar a sobrecarga das estações de tratamento de águas residuais. Portanto, patógenos humanos estão frequentemente presentes no ambiente estuarino e marinho, incluindo áreas de coleta de moluscos (FARKAS, K, et al., 2024). Esse evento pode ser explicado pela relação do NoV com os parâmetros físico-químicos da água, as concentrações virais tendem a cair com o aumento da temperatura, variando entre 27°C e 32°C, em contraste com as temperaturas mais baixas, entre 2°C e 6°C, há uma maior tendência de sobrevivência do vírus, mantendo altas concentrações (MIAO J, et al., 2018), isso acaba influenciando também a quantidade de carga viral em ostras (RUPNIK A, et al., 2018).

A prevalência de NoVs foi positivamente correlacionada com o aumento do pH e diminuição do oxigênio dissolvido e da temperatura da água mas não foi correlacionada com a contagem bacteriana heterotrófica, coliformes totais, *Escherichia coli* (NAGARAJAN V, et al., 2021). Essa informação levanta um alerta importante para análise hídrica de consumo humano, pois, em muitos países do mundo, a qualidade microbiológica da água potável é avaliada apenas de acordo com padrões bacteriológicos e as análises virológicas não são mencionadas na legislação (GAMAZO P, et al., 2018). Logo, necessita-se de uma análise específica do perigo viral a cerca dos NoVs em ambientes aquáticos.

Uma alternativa seria a possibilidade de identificação viral através de outros meios além da utilização da poluição fecal como marcador microbiológico, como geralmente os NoVs não são cultiváveis, a análise de moluscos envolvidos em surtos de gastroenterite, por exemplo, seria a única garantia da presença de partículas infecciosas no meio aquático (HARTARD C, et al., 2016). Essa má compreensão da correlação entre a qualidade da água e a presença de vírus entéricos humanos e a falha em avaliar a contaminação viral por meio de indicadores virais alternativos dificulta o controle da transmissão de doenças (MAIO J, et al., 2018).

Desse modo o aprimoramento para a detecção do NoV e a identificação de seu genótipo são apenas por métodos ainda exclusivamente moleculares, que elevam os custos, além da limitação na quantidade e qualidade das amostras, o que compromete a eficácia da detecção, vários métodos estão sendo desenvolvidos para uma análise significativa desse patógeno mostrando que ainda há lacunas na sua identificação.

Dois métodos de diagnóstico utilizados na pesquisa de Wen X, et al., 2010, no Tianjin e no Havaí, conseguiram detectar o vírus em seis locais de estudo, com protocolos diferentes. O método de Tianjin permite obter concentrações específicas de vírus entéricos e avaliar os riscos, mas exige um trabalho árduo, tempo prolongado e equipamentos precisos. Por outro lado, o protocolo do Havaí é eficiente e economiza tempo, mas gera resultados qualitativos que não refletem a carga viral real das amostras de água, o que impede conclusões confiáveis sobre sua infectividade e representa um risco para a saúde pública.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante do exposto, é evidente que o Norovírus (NoV) representa um desafio à saúde pública, sobretudo em áreas com infraestrutura sanitária deficiente. Sua ampla disseminação em ecossistemas aquáticos, aliada à alta resistência ambiental e à ineficácia de métodos tradicionais de desinfecção, reforça a urgência de ações mais eficazes de monitoramento e tratamento de efluentes. Entre os tipos de NoV, destacam-se os genogrupos GI e GII, sendo o GII, especialmente o genótipo GII.4, o mais prevalente e frequentemente ligado a surtos. A relação entre fatores físico-químicos da água e a persistência viral, além da bioacumulação em moluscos e da detecção em peixes e camarões, evidencia o risco de transmissão hídrica e alimentar. As limitações metodológicas na detecção também apontam possíveis falhas no controle da contaminação. Garantir resultados confiáveis requer aprimoramento das técnicas laboratoriais e políticas públicas voltadas ao saneamento e controle virológico. Assim, a vigilância viral e o fortalecimento do saneamento básico são cruciais para mitigar os riscos associados ao NoV em ambientes aquáticos.

REFERÊNCIAS

1. AMROABADI MA, et al. Incidence of hepatitis A and hepatitis E viruses and norovirus and rotavirus in fish and shrimp samples caught from the Persian Gulf. *Arq Bras Med Vet Zootec*, 2021; 73(1): 169–78.
2. BISWAS S, et al. Molecular screening of blue mussels indicated high mid-summer prevalence of human genogroup II Noroviruses, including the pandemic "GII.4 2012" variants in UK coastal waters during 2013. *Braz. J. Microbiol*, 2018; 49(2): 279–284.
3. CAMPILLAY-VÉLIZ CP, et al. Human Norovirus Proteins: Implications in the Replicative Cycle, Pathogenesis, and the Host Immune Response. *Frontiers in immunology*, 2020; 11: 961.
4. COSTA JND, et al. Epidemiological and molecular surveillance of norovirus in the Brazilian Amazon: description of recombinant genotypes and improvement of evolutionary analysis. *Rev Inst Med trop S Paulo*, 2024; (66): 22.
5. DEMETER K, et al. Modelling the interplay of future changes and wastewater management measures on the microbiological river water quality considering safe drinking water production. *The Science of the Total Environment*, 2021; 768: 144278.
6. FARKAS K, et al. Assessment of wastewater derived pollution using viral monitoring in two estuaries. *Marine pollution bulletin*, 2024; 200: 116081.
7. FARKAS K, et al. Seasonal and spatial dynamics of enteric viruses in wastewater and in riverine and estuarine receiving Waters. *The Science of the Total Environment*, 2018; 634: 1174-1183.
8. FLANNERY J, et al. Concentration of norovirus during wastewater treatment and its impact on oyster contamination. *Appl Environ Microbiol*, 2012; 78(9): 3400–6.
9. GAMAZO P, et al. Evaluation of Bacterial Contamination as an Indicator of Viral Contamination in a Sedimentary Aquifer in Uruguay. *Food and Environmental Virology*, 2018; 10(3): 305-315.
10. GLASS RI e PARASHAR UD, et al. Norovirus gastroenteritis. *The New England journal of medicine*, 2009; 361(18): 1776–1785.
11. HARDSTAFF JL, et al. Foodborne and food-handler norovirus outbreaks: a systematic review. *Foodborne Pathog*. 2018; 15(10): 589-597.
12. HARTARD C, et al. Relevance of F-Specific RNA Bacteriophages in Assessing Human Norovirus Risk in Shellfish and Environmental Waters. *Applied and environmental microbiology*, 2016; 82(18): 5709-19.
13. HENNECHART-COLLETTE C, et al. Method for detecting norovirus, hepatitis A and hepatitis E viruses in tap and bottled drinking water. *International journal of food microbiology*, 2022; 377: 109757.
14. JENNINGS WC, et al. CrAssphage for fecal source tracking in Chile: Covariation with norovirus, HF183, and bacterial indicators. *Water research X*, 2020; 9: 100071.
15. JURZIK L, et al. Chemical and microbiological parameters as possible indicators for human enteric viruses in surface water. *International journal of hygiene and environmental health*, 2010; 213(3): 210–216.
16. KHAMRIN P, et al. Genetic diversity of norovirus genogroup I, II, IV and sapovirus in environmental water in Thailand. *Journal of infection and public health*, 2020; 13(10): 1481-1489.
17. LANDRY F, et al. Acúmulo de vírus associados a sedimentos em moluscos Aplicação. *Ambiente. Microbiol*, 1983; 45: 238-247.
18. LEE JE, et al. Surveillance of Norovirus in Nationwide Groundwater Sources in South Korea: A Comprehensive Five-Year Study. *Viruses*, 2024; 16(12): 1814.
19. MALLA B, et al. Detection of Pathogenic Viruses, Pathogen Indicators, and Fecal-Source Markers within Tanker Water and Their Sources in the Kathmandu Valley, Nepal. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, 2019; 8(2): 81.

20. MAO M, et al. Spatial Distribution and Enrichment Dynamics of Foodborne Norovirus in Oyster Tissues. *Foods*, 2023; 13(1): 128.
21. MIAO J, et al. Total coliforms as an indicator of human enterovirus presence in surface water across Tianjin city, China. *BMC Infect Dis*, 2018; 18(1): 542.
22. MONTAZERI N, et al. Pathogenic Enteric Viruses and Microbial Indicators during Secondary Treatment of Municipal Wastewater, *Appl Environ Microbiol*, 2015; 81(18): 6436–6445.
23. MOORE MD e GOULTER RM, et al. Human norovirus as a Foodborne Pathogen: challenges and developments. *Ann. Rev. Food. Sci. Technol*, 2015; 6: 411-433.
24. NAGARAJAN V, et al. Prevalence, Distribution, and Genotypes of Adenovirus and Norovirus in the Puzi River and Its Tributaries and the Surrounding Areas in Taiwan. *GeoHealth*, 2021; 5(12): 2021GH000465.
25. OLIVARES AIO, et al. Epidemiology of enteric virus infections in children living in the Amazon region. *Int J Infect Dis*, 2021;108: 494-502.
26. OLIVEIRA J, et al. Microbial contamination and purification of bivalve shellfish: Crucial aspects in monitoring and future perspectives – A mini-review. *Food Control*, 2021; 22(6): 805-816.
27. PASALARI H, et al. Assessment of airborne enteric viruses emitted from wastewater treatment plant: Atmospheric dispersion model, quantitative microbial risk assessment, disease burden. *Environmental pollution*, 2019; 253: 464-473.
28. PURPARI G, et al. Molecular characterization of human enteric viruses in food, water samples, and surface swabs in Sicily. *International journal of infectious diseases*, 2019; 80: 66-72.
29. RAMIREZ-CASTILHO FY, et al. Waterborne Pathogens: Detection Methods and Challenges. *Pathogens*, 2015; 4(2): 307–334.
30. RUPNIK A, et al. The Impact of Winter Relocation and Depuration on Norovirus Concentrations in Pacific Oysters Harvested from a Commercial Production Site. *Food and environmental virology*, 2018; 10(3): 288-296.
31. SANO D, et al. Risk management of viral infectious diseases in wastewater reclamation and reuse: Review. *Environment International*, 2016; 91: 220-229.
32. SHANG X, et al. An outbreak of norovirus-associated acute gastroenteritis associated with contaminated barrelled water in many schools in Zhejiang, China. *PloS on*, 2017; 12(2): 171307.
33. SIQUEIRA JAM, et al. Environmental health of water bodies from a Brazilian Amazon Metropolis based on a conventional and metagenomic approach. *Journal of Applied Microbiology*, 2024; 135(5): 101.
34. SUN Y, et al. Research progress on biological accumulation, detection and inactivation technologies of norovirus in oysters. *Foods*, 2023; 12(21): 3891.
35. TANDUKAR S e SHERCHAN SP, et al. Applicability of crAssphage, pepper mild mottle virus, and tobacco mosaic virus as indicators of reduction of enteric viruses during wastewater treatment. *Scientific reports*, 2020; 10(1): 3616.
36. TUBATSI G e KEBAABETSWE LP. Detection of enteric viruses from wastewater and river water in Botswana. *Food and Environmental Virology*, 2022; 14(2): 157-169.
37. VIEIRA CB, et al. Viruses Surveillance Under Different Season Scenarios of the Negro River Basin, Amazonia, Brazil. *Food Environ Virol*, 2016; 8(1): 57-69.
38. WEN X, et al. Comparative Study of Two Methods of Enteric Virus Detection and Enteric Virus Relationship with Bacterial Indicator in Poyang Lake, Jiangxi, China. *International journal of environmental research and public health*, 2019; 16(18): 3384.
39. YEZILI S e OTTER JA. Minimum Infective Dose of the Major Human Respiratory and Enteric Viruses Transmitted Through Food and the Environmen. *Food and environmental virology*, 2011; 3(1): 1-30.
40. ZHENH D. et al. Norovirus classification and proposed strain nomenclature. *Virology*, 2006; 346(2): 312-323.