MÁRIO TAUZENE AFONSO MATANGUE

AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DE RISCO MICROBIOLÓGICO APLICADA AO USO DE ÁGUAS RESIDUÁRIAS PARA IRRIGAÇÃO – CONTRIBUIÇÕES AO ESTADO DA ARTE DO CONHECIMENTO

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil, para obtenção do título de Doctor Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2015

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa

T
M425a
2015

Matangue, Mário Tauzene Afonso, 1979-
Avaliação quantitativa de risco microbiológico aplicada ao uso de águas residuárias para irrigação : contribuições ao estado da arte do conhecimento / Mário Tauzene Afonso Matangue. – Viçosa, MG, 2015.
xxx, 664f. : il. ; 29 cm.

Inclui anexos.
Orientador: Rafael Kopschitz Xavier Bastos.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.261-272.

1. Irrigação com águas residuais. 2. Águas residuais - Microbiologia. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Engenharia Civil. Programa de Pós-graduação em Engenharia Civil. II. Título.

CDD 22. ed. 628.3623

MÁRIO TAUZENE AFONSO MATANGUE

AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DE RISCO MICROBIOLÓGICO APLICADA AO USO DE ÁGUAS RESIDUÁRIAS PARA IRRIGAÇÃO – CONTRIBUIÇÕES AO ESTADO DA ARTE DO CONHECIMENTO

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil, para obtenção do título de Doctor Scientiae.

APROVADA: 11 de agosto de 2015.

Luiz Alexandre Peternelli

Maria Inês Zanoli Sato

Maria Tereza Pepe Razzolini

Marcelo de Souza Lauretto

Rafael Kopschitz Xavier Bastos

(Orientador)

AGRADECIMENTOS

À DEUS pela minha existência, misericórdia, salavação e que me ensina a ser forte e tolerante nas adversidades da vida,

Ao professor e orientador Rafael Bastos, meus sinceros agradecimentos pelos ensinamentos, confiança, amizade, confiança e muita paciência na realização deste trabalho,

À banca de qualificação agradeço as contribuições dadas a este trabalho,

Ao professor Prof. Luiz Alexandre Peternelli pela paciência e ajuda na concepção dos códigos do programa R ,

Aos meus amados pais, Cristina Inácio e Tauzene Afonso Matangue pela eduação e apoio. À minha amada esposa Cláudia Antonio Nhanala pelo incentivo e suporte e às minhas filhas Naomy e Quézia pelo amor e carinho. Ao meu grande e único amigo de infância Rui Alexandre Niquice,

A todos os colegas da pós-graduação da ETA, pela disponilidade em ajudar sempre que solicitados e aos servidores da DAG UFV (Raimundo, Sebastião e Daniel e Janderson) pela agradável convivência diária,

A todos os amigos, companheiros da república (Manuel Talacuece, Rufino Infante, Daniel Matsinhe e Edson Guambe),

À Universidade Federal de Viçosa ao Departamento de Engenharia Civil e ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil, pela formação e condições de trabalho proporcionadas,

Ao povo Brasileiro e a CAPES pela disponibilidade e concessão da Bolsas de doutorado,

BIOGRAFIA

MARIO TAUZENE AFONSO MATANGUE, filho de Tauzene Afonso Matangue e Cristina Inácio, nascido no dia 07 de maio de 1979, em Chimoio, Província de Manica-Moçambique.

Cresceu na cidade Chimoio e terminou o ensio médio na Escola Comercial e Industrial Joaquim Marra em 1998.

Em Agosto de 1999, iniciou o curso de agronomia na Universidade Edurado Mondlane e finalizou em Maio de 2005. Foi monitor da disciplina de fitopatologia de 2003-2005 na mesma Universidade. De 2004-2006 foi professor do ensino básico nas disciplinas de Matemática e Química na penitenciaria de maxima segurança em Maputo-Moçambique. Desde 2007 é professor do Instituto Superior Politécnico de Gaza, no qual leccinou as discilplinas de ciências do solo e produção de culturas alimentares da divisão de agricultura.

Em março de 2009, iniciou o Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Engenharia Agrícola, área de Concentração, Construções Rurais e Ambiência, na Universidade Federal de Lavras e finalizou em Fevereiro de 2011.

Fevereiro de 2011 ingressou no doutorado na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa tese em agosto de 2015.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS vi
LISTA DE QUADROS xiv
LISTAS DE TABELAS xv
RESUMO xxvii
ABSTRACT xxix
1. INTRODUÇÃO 1
1.1. CARACTERIZAÇÃO DO PROBLEMA 1
1.2. OBJETIVOS E HIPÓTESES 3
1.2.1.Objetivo geral 3
1.2.2.Objetivos específicos 3
1.2.3. Hipóteses 3
2. REFERENCIAL TEÓRICO 4
2.1. AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DE RISCO MICROBIOLÓGICO (AQRM) - ASPECTOS CONCEITUAIS INTRODUTÓRIOS 4
2.2. AVALIAÇÃO DA EXPOSIÇÃO EM AQRM – ASPECTOS CONCEITUAIS E APLICADOS À IRRIGAÇÃO COM ESGOTOS SANITÁRIOS 9
2.3 MODELOS DOSE RESPOSTA 15
2.3.1. Bases conceituais sobre os modelos dose-resposta utilizados em AQRM 15
2.3.2. Modelo Exponencial 20
2.3.3. Modelo Beta-Poisson 21
2.3.4. Modelo beta-binomial 25
2.3.5. Função hipergeométrica gaussiana e o Modelo Fractional Poisson 26
2.3.6. Modelo Weibull-gama 29
2.3.7. Outros modelos dose-resposta 30
2.3.8. Síntese sobre os modelos dose-resposta aplicáveis em AQRM 36
2.4. CARACTERIZAÇÃO DO RISCO 43
2.5. MODELAGEM ESTOCÁSTICA EM AQRM 44
2.5.1. Modelos determinísticos e estocásticos – aspectos conceituais introdutórios 44
2.5.2. Método da máxima verossimilhança 46
2.5.3. Amostragem aleatória em variáveis de entrada – simulação de Monte Carlo 49
2.5.4. Bootstrapping 51
2.5.4.1. Bootstrapping não paramétrico 51
2.5.5. Monte Carlo via Cadeias de Markov 57
2.5.6. Inferência Bayesiana 61
2.5.7. A distribuição PERT 66
3. DESENVOLVIMENTO DO TRABALHO 70
3.1. DEFINIÇÃO GERAL DO CENÁRIO DE EXPOSIÇÃO 70
3.2. DELINEAMENTO GERAL DO TRABALHO 73
3.3. MODELOS DE EXPOSIÇÃO 78
3.3.1. Concentração de E.coli na água de irrigação 80
3.3.2. Concentração de patógenos na água de irrigação ou nas hortaliças 82
3.3.3. Estimativa de contaminação das hortaliças 83

3.3.4. Remoção de patógenos por higiene dos alimentos 87
3.3.5. Padrão de consumo de hortaliças 89
3.4. MODELOS DOSE RESPOSTA 92
3.4.1. Estimativas dos parâmetros dos modelos dose-resposta por bootstrapping 95
3.4.2. Determinação das estimativas dos parâmetros dos modelos dose-resposta por métodos Bayesianos 98
3.5. CARACTERIZAÇÃO DO RISCO 105
3.6. ANÁLISES DOS DADOS 107
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO 112
4.1. ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS DOS MODELOS DOSE-RESPOSTA 112
4.1.1.1. Bootstrapping observations 112
4.1.1.2. Inferência Bayesiana 116
4.1.1.3. Bootstrapping Bayesiano 126
4.1.2. Discussão 135
4.1.3. Síntese dos resultados 137
4.2. ESTIMATIVAS DE RISCOS DE INFECÇÃO 139
4.2.5. Síntese dos resultados 196
4.4. ANÁLISE COMPARATIVA DAS ESTIMATIVAS DE RISCO OBTIDAS NOS DIFERTENTES CENÁRIOS. 207
4.4.1. Cenário 1 - Riscos de infecção anual estimados com concentração de E.coli nos efluentes das lagoas segundo distribuição lognormal 208
Os resultados apresentados nesta seção permitem, de certa forma, conclusões similares às da seção anterior (4.2), porém revestidas de abordagem estatística. 240
4.5. ANÁLISE DE SENSIBILIDADE 242
4.5.1. Análise “convencional” 242
4.5.2. Método de máxima verossimilhança – hortaliças folhosas (Tabela 4.63) 243
4.5.3. Inferência Bayesiana – hortaliças frutosas (Tabela 4.64) 248
4.5.4. Bootstrapping Bayesiano - hortaliças folhosas e frutosas (Tabela 4.65) 253
4.5.5. Discussão e síntese dos resultados 256
5. CONCLUSÕES 258
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 261
EDITORS, JOURNAL OF INFECTIOUS DISEASES ADVANCE. Correspondence. Two Human Challenge Studies Confirm High Infectivity of Norwalk Virus. 2014 263
ANEXOS 273

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1. Exemplo de curva dose-resposta produzida a partir do modelo exponencial, plotada com a dose em base logarítmica (log dose) versus resposta (Figura 2.1A) e com dose e resposta em base logarítmica (Figura 2.1B) 19

Figura 2.2. Comparação entre as curvas dos modelos exponencial, beta-Poisson e log-probit, com detalhe ilustrando que em doses menores (10-6 a 103) na escola log, a relação dose-resposta em todos três modelos é linear..... 25

Figura 2.3. Ajuste dos dados experimentais dose-resposta de infecção por Campylobacter jejuni usando os modelos beta-Poisson simplificado (a) e beta-Poisson exato(b)..... 26

Figura 2.4. Função densidade de probabilidade do modelo beta-Poisson com parâmetros α =0.04 e β = 0.055..... 30

Figura 2.5. Valores gerados por bootstrapping no ajuste do parâmetro α do modelo beta-Poisson em dados de rotavírus..... 61

Figura 2.6. Modelo dose-resposta ajustado por máxima verossimilhança e respectivos limites de confiança obtidos por bootstrapping..... 62

Figura 2.7. O valor mais provável..... 73

Figura 2.8. O exemplo de distribuição PERT modificado com diferentes valores de γ..... 75

Figura 3.1. Ilustração esquemática de delineamento do estudo com destaque para as variações testadas em termos de modelos de exposição..... 83

Figura 3.2. Ilustração esquemática de delineamento do estudo com destaque para as variações testadas em termos de modelos dose-resposta..... 84

Figura 3.3. Ilustração esquemática de delineamento do estudo com destaque para as variações testadas em termos de estimativas de risco anual a partir de diferentes combinações de modelos de exposição e modelos dose-resposta..... 85

Figura 3.4.ETE Violeira, Viçosa, MG: sistema UASB + BF (à esquerda) e série experimental de lagoas (à direita)..... 89

Figura 3.5.Gráficos da Função Densidade de Probabilidades das estimativas do volume remanescente de água sobre a superfície das hortaliças folhosas e florais, distribuição PERT (à esquerda) e distribuição uniforme (à direita)..... 93

Figura 3.6. Gráficos da Função Densidade de Probabilidades das estimativas do volume remanescente de água sobre a superfície das hortaliças frutosas, distribuição normal truncada (à esquerda) e distribuição uniforme (à direita)..... 93

Figura 3.7. Gráficos da Função Densidade de Probabilidades do volume remanescente de água sobre a superfície das hortaliças como um todo, distribuição PERT (à esquerda) e distribuição uniforme (à direita)..... 94

Figura 3.8. Gráficos da Função Densidade de Probabilidades da variável de "remoção de patógenos por lavagem"....

97

Figura 3.9. Histogramas e curvas ajustadas de distribuições de probabilidades selecionadas a partir de dados de consumo das hortaliças folhosas e florais: dados originais sem bootstrapping (à esquerda) e 10.000 dados obtidos por bootstrapping não-paramétrico (à direta)..... 99

Figura 3.10. Histogramas e curvas ajustadas de distribuições de probabilidades selecionadas a partir de dados de consumo de hortaliças frutosas: dados originais sem bootstrapping (à esquerda) e 10.000 dados obtidos por bootstrapping não-paramétrico (à direta)..... 101

Figura 3.11. Histogramas e curvas ajustadas de distribuições de probabilidades selecionadas a partir de dados de consumo do total de hortaliças: dados originais sem bootstrapping (à esquerda) e 10.000 dados obtidos por bootstrapping não-paramétrico (à direta)..... 101

Figura 4.1a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-Poisson referente à rotavírus. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %..... 127

Figura 4.1b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-Poisson referente à rotavírus. Das 1000 iterações, 20 não foram plotadas porque α>10. O marcador azul mostra os pares de valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais..... 127

Figura 4.2a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) da função hipergeométrica de confluente referente à rotavírus. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %..... 128

Figura 4.2b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) da função hipergeométrica de confluente referente à rotavírus Das 1000 iterações, 10 não foram plotadas porque α>10. O marcador vermelho mostra os pares de valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais..... 128

Figura 4.3a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-binomial referente à rotavírus. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %..... 129

Figura 4.3b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-binomial referente à rotavírus. Das 1000 iterações, 10 não foram plotadas porque α>10. O marcador azul mostra os pares O marcador vermelho mostra os pares dos valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais..... 129

Figura 4.4 a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %..... 130

Figura 4.4b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni. Das 1000 iterações, 10 não foram plotadas

porque α>10. O marcador vermelho mostra os pares dos valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais..... 130

Figura 4.5a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %..... 131

Figura 4.5b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni.Das 1000 iterações, 20 não foram plotadas porque α>10. O marcador vermelho mostra os pares dos valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais..... 131

Figura 4.6a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-binomial referente ao Campylobacter jejuni. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %..... 132

Figura 4.6b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-binomial referente ao Campylobacter jejuni. Das 1000 iterações, 20 não foram plotadas porque α>10. O marcador vermelho mostra os pares dos valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais..... 132

Figura 4.7. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β do modelo beta-Poisson referente à rotavírus –Inferência Bayesiana..... 135

Figura 4.8. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β da função hipergeométrica referente à rotavírus - Inferência Bayesiana..... 136

Figura 4.9. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência do parâmetro r do modelo exponencial referente à Cryptosporidium parvum - Inferência Bayesiana..... 137

Figura 4.10. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana..... 138

Figura 4.11. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana..... 139

Figura 4.12. Histograma e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro α do modelo beta-Poisson referente à rotavírus - Inferência Bayesiana..... 141

Figura 4.13. Histograma e curva ajustada à distribuição Inversa Gaussiana para o parâmetro β do modelo beta-Poisson referente à rotavírus – Inferência Bayesiana..... 141

Figura 4.14 Histograma e curva ajustada à distribuição normal para o parâmetro α da função hipergeométrica referente à rotavírus - Inferência Bayesiana..... 142

Figura 4.15. Histograma e curva ajustada à distribuição Lognormal para o parâmetro β da função hipergeométrica referente à rotavírus- Inferência Bayesiana..... 142

Figura 4.16. Histograma e curva ajustada à distribuição Lognormal para o parâmetro r do modelo exponencial referente à Cryptosporidium parvum - Inferência Bayesiana.....; 142

Figura 4,17. Histograma e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para o parâmetro α do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana..... 143

Figura 4.18 Histogramas e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para o parâmetro β do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana..... 143

Figura 4.19. Histogramas e curva ajustada à distribuição logormal para o parâmetro α da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana..... 143

Figura 4.20. Histogramas e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para parâmetro β da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni- Inferência Bayesiana..... 143

Figura 4.21. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β do modelo beta-Poisson referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano..... 147

Figura 4.22 Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β da função hipergeométrica referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano..... 148

Figura 4.23. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência do parâmetro r do modelo exponencial referente à Cryptosporidium parvum - Bootstrapping Bayesiano..... 148

Figura 4.25. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β da função hipergeométrica confluente referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano..... 150

Figura 4.26. Histograma e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro α do modelo beta-Poisson referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano..... 151

Figura 4.27. Histograma e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro β do modelo beta-Poisson referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano..... 151

Figura 4.28. Histograma e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro α da função hipergeométrica referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano..... 151

Figura 4.29.Histograma e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro β da função hipergeométrica referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano..... 151

Figura 4.30. Histograma e curva ajustada à distribuição lognormal para parâmetro r do modelo exponencial referente à Cryptosporidium parvum - Bootstrapping Bayesiano..... 152

Figura 4.31 Histograma e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro α do modelo beta referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano..... 152

Figuras 4.32. Histograma e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para o parâmetro β do modelo beta referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano..... 152

Figura 4.33. Histograma e curva ajustada à distribuição Normal para o parâmetro α da função hipergeométrica conflunte referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano..... 153

Figura 4.34. Histograma e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversaGaussiana inversa para o parâmetro β da função hipergeométrica confluente referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano..... 453

Figura 4.35. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças frutosas, Cenário 1..... 229

Figura 4.36. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "remoção de patógenos por lavagem"- distribuição uniforme e distribuição PERT, modelos de Shuval (esquerda) e de Bastos (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1..... 230

Figura 4.37. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças"- com bootstrapping e sem bootstrapping, modelos de Shuval (esquerda) e de Bastos (direita), hortaliças frutosa..... 231

Figura 4.38. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta, modelos de Shuval e de Bastos, "remoção de patógenos por lavagem" com distribuição PERT (esquerda) e uniforme (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1..... 232

Figura 4.39. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelos dose-resposta, modelos de Shuval e de Bastos, "remoção de patógenos por lavagem" com distribuição PERT (esquerda) e uniforme (direita) hortaliças frutosas, Cenário 1..... 233

Figura 4.40. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (valores médios) com os estimadores Pnaive e Pgold por lagoas, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda) e modelos dose-resposta (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1. 234

Figura 4.41. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelos de Shuval , métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda) e modelos dose-resposta (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1..... 235

Figura 4.42. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive (esquerda) e Pgold (direita), variável "consumo de hortaliças" com bootstrapping e sem bootstrapping, hortaliças frutosas, Cenário 1..... 236

Figura 4.43. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças frutosas, Cenário 1..... 237

Figura 4.44. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças"- com bootstrapping e sem bootstrapping, modelo de Bastos, hortaliças frutosas, Cenário 1.....

238

Figura 4.45. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com o estimador Pnaive, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1..... 238

Figura 4.46. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com o estimador Pgold, modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1..... 239

Figura 4.47. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos hortaliças frutosas, Cenário 1..... 240

Figura 4.48. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 1..... 241

Figura 4.49. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "remoção de patógenos por lavagem"- distribuição uniforme e distribuição PERT, modelos de Shuval (esquerda) e de Bastos (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1..... 241

Figura 4.50. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças"- com bootstrapping e sem bootstrapping, modelos de Shuval (esquerda) e de Bastos (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1..... 242

Figura 4.51. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) estimadas com os estimadores Pnaive e Pgold através do modelo de Shuval (a direita) e Bastos (esquerda), métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta, hortaliças folhosas, Cenário 1..... 243

Figura 4.52. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive (esquerda) e Pgold (direita), modelos dose-resposta, hortaliças folhosas, Cenário 1..... 244

Figura 4.53. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (valores médios) com os estimadores Pnaive e Pgold por lagoas, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda) e modelos dose-resposta (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1. 244

Figura 4.55. Estimativas de risco anual de infecção por Cryptosporidium (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1..... 245

Figura 4.56. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 1..... 246

Figura 4.57. Estimativas de risco anual de infecção por Cryptosporidium (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelo de Bastos (esquerda), modelo de Shuval (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1..... 247

Figura 4.58. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças" com bootstrapping e sem bootstrapping, modelo de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 1..... 247

Figura 4.59. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1..... 248

Figura 4.60. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1..... 248

Figura 4.61. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 1..... 249

Figura 4.62. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%), estimadores Pnaive e Pgold, modelo de Bastos (esquerda) e modelo de Shuval (direita) , hortaliças folhosas, Cenário 1..... 250

Figura 4.63. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelo de Shuval, variável "consumo de hortaliças" com bootstrapping e sem bootstrapping, variável "remoção de patógenos por lavagem" descrita por distribuição PERT (esquerda) e distribuição uniforme (direita), hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1..... 251

Figura 4.64. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelo de Shuval, variável "volume remanescente" descrita por distribuição uniforme ou PERT, variável "remoção de patógenos por lavagem" descrita por distribuição PERT (esquerda) e distribuição uniforme (direita), hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1..... 252

Figura 4.65. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta, estimadores Pnaive e Pgold (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1..... 253

Figura 4.66. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), dos modelos dose-resposta (esquerda), estimadores Pnaive e Pgold (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1..... 254

Figura 4.67. Estimativas de risco anual de infecção (medianas e percentis 95%) por norovírus (esquerda) e Cryptosporidium (direita) com os estimadores Pnaive e Pgold, hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1..... 255

Figura 4.69. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, métodos de estimativa dos parâmetros dos

modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita) hortaliças frutosas e folhosas. Cenário 1. 256

Figura 4.70. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita) hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1. 257

Figura 4.71. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%), estimadores Pnaive e Pgold, hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1..... 258

Figura 4.72. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 2..... 259

Figura 4.73. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças" com bootstrapping e sem bootstrapping, variável "remoção de patógenos por lavagem" descrita por distribuição PERT e distribuição uniforme, modelos de Bastos e de Shuval, hortaliças folhosas, Cenário 2..... 259

Figura 4.74 Estimativas de risco anual de infecção por norovírus (medianas e percentis 95%)," com os modelos de Shuval e de Bastos (esquerda), variável "remoção de patógenos por lavagem" descrita por distribuição uniforme e PERT (direita), hortaliças folhosas, Cenário 2..... 261

Figura 4.75. Estimativas de risco anual de infecção por Cryptosporidium (medianas e percentis 95%) com os modelos de Shuval e de Bastos (esquerda), estimadores de risco anual Pnaive e Pgold (direita), hortaliças folhosas, Cenário 2..... 261

Figura 4.76. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os modelos de Shuval e de Bastos (esquerda), estimadores de risco anual Pnaive e Pgold (direita), hortaliças folhosas, Cenário 2..... 262

Figura 4.77. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%) com os modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 2..... 262

Figura 4.78. Estimativas de risco anual de infecção por rotavirus, norovirus, Campylobacter, Cryptosporidium e Ascaris (medianas e percentis 95%), concentração de E coli nos efluentes das lagoas com distribuição lognormal, e em faixas genéricas de valores com distribuição lognormal, hortaliças folhosas..... 263

Figura 4.79. Estimativas de risco anual de infecção por rotavirus, norovirus, Campylobacter, Cryptosporidium e Ascaris (medianas e percentis 95%), concentração de E coli nos efluentes das lagoas com distribuição lognormal, e em faixas genéricas de valores com distribuição lognormal, hortaliças frutosas..... 264

Figura 4.80. Estimativas de risco anual de infecção por rotavirus, norovirus, Campylobacter, Cryptosporidium e Ascaris (medianas e percentis 95%), concentração de E coli nos efluentes das lagoas com distribuição lognormal, e em faixas genéricas de valores com distribuição lognormal, hortaliças folhosas e frutosas..... 265

LISTA DE QUADROS

Quadro 2.1. Características dos principais modelos dose-resposta que podem ser obtidos pela atribuição do parâmetros r diferentes função densidades de probabilidades..... 42

Quadro 2.2. Modelos dose resposta disponíveis na literatura para aplicação em AQRM..... 46

Quadro 2.3. Função de máxima verossimilhança e respectivas distribuições a priori conjugadas..... 72

Quadro 3.1. Código usado no programa R para gerar amostras bootstrap de dados de aquisição domiciliar per capita de hortaliças..... 99

Quadro 3.2. Código usado no programa R para gerar réplicas de dados dose-reposta segundo o método bootstrapping observations..... 106

Quadro 3.3. Código usado no programa R para obter estimadores da máxima verossimilhança, cujos dados de entrada provinham de réplicas bootstrap..... 107

Quadro 3.4. Código usado no programa R para gerar os gráficos de dispersão de pares de parâmetros (alfa e beta) e intervalos de confiança (90, 95, 99%) 109

Quadro 3.5. Código do programa OpenBUGS usado para avaliar os parâmetros dos modelos dose resposta..... 115

Quadro 3.6. Código utilizado no programa R para estimar riscos anuais de infeção por rotavírus por meio do estimador Pgold e das seguintes combinações: (i) Modelo de exposição- Shuval et al. (1997); (ii) Modelo dose resposta - função hipergeométrica confluente de Kummer; (iii) Método de estimativa dos parâmetros α e β- Inferência Bayesiana..... 118

Quadro 3.7. Código utilizado no programa R para análise de variância experimentos em fatorial duplo com um tratamento adicional em delineamento em Blocos casualizados, considerando o modelo fixo..... 127

LISTAS DE TABELAS

Tabela 3.1. Concentração de E.coli nos efluentes das lagoas de polimento nas séries de dados selecionadas para utilização no modelo de AQRM, medianas e percentis utilizados para caracterização da distribuição lognormal 89

Tabela 3.2. Concentração de E.coli expressa em faixas genéricas de valores e descritas por distribuição uniforme..... 89

Tabela 3.3. Número de patógenos por 10^5 E .coli, faixas de valores e respectivas distribuições de probabilidades..... 92

Tabela 3.4. Volume de água remanescente sobre a superfície das hortaliças, faixas de valores e respectivas distribuições probabilidades..... 92

Tabela 3.5. Remoção de patógenos por lavagem das hortaliças, distribuições de probabilidades e valores dos respectivos parâmetros..... 95

Tabela 3.6. Dados de literatura de estimativas dos parâmetros dose-resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança..... 103

Tabela 3.7. Dados originais de experimentos dose-resposta em humanos com rotavírus..... 104

Tabela 3.8. Dados originais de experimentos dose-resposta em humanos Cryptosporidium parvum..... 105

Tabela 3.9. Dados originais de experimentos dose-resposta em humanos com Campylobacter jejuni..... 119

Tabela 4.1. Amostras bootstrap dos dados dose-resposta de rotavírus 124

Tabela 4.2. Amostras bootstrap dos dados dose-resposta de Campylobacter jejuni 125

Tabela 4.3 Estimativas dos parâmetros (média e desvio padrão) e os respectivos intervalos de confiança dos diferentes modelos dose-resposta estimados por Inferência Bayesiana..... 132

Tabela 4.4. Funções densidade de probabilidades e os respetivos valores relativos aos parâmetros dos diferentes modelos dose-resposta estimados por Inferência Bayesiana..... 144

Tabela 4.5. Estimativas dos parâmetros (média e desvio padrão) e os respectivos intervalos de confiança dos diferentes modelos dose-resposta estimados por Bootstrapping Bayesiano 145

Tabela 4.6. Funções densidade de probabilidades e os respetivos valores dos diferentes modelos dose-resposta estimados por Bootstrapping Bayesiano..... 153

Tabela 4.7. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada

pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive..... 158

Tabela 4.8. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive..... 159

Tabela 4.9. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive..... 160

Tabela 4.10. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive..... 161

Tabela 4.11. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive..... 162

Tabela 4.12. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrito por distribuição PERT , parâmetros dos

modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive..... 163

Tabela 4.13. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrito por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive. 164

Tabela 4.14. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive..... 165

Tabela 4.15. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..... 166

Tabela 4.16. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..... 167

Tabela 4.17. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme,, remoção de patógenos por higiene dos alimentos

descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..... 168

Tabela 4.18. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..... 169

Tabela 4.19. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..... 170

Tabela 4.20. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..... 171

Tabela 4.21. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..... 172

Tabela 4.22. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..... 173

Tabela 4.23. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive. 174

Tabela 4.24. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive. 175

Tabela 4.25. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive..... 176

Tabela 4.26. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive..... 177

Tabela 4.27. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive..... 178

Tabela 4.28. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT e remoção de

179

patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive.

Tabela 4.29. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive..... 180

Tabela 4.30. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive..... 181

Tabela 4.31. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 182

Tabela 4.32. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 183

Tabela 4.33. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 184

Tabela 4.34. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 185

Tabela 4.34. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 186

Tabela 4.35. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 187

Tabela 4.36. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 188

Tabela 4.37. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 189

Tabela 4.38. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos

descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive..... 190

Tabela 4.39. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold..... 191

Tabela 4.41. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold..... 192

Tabela 4.42. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold..... 193

Tabela 4.43. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold..... 194

Tabela 4.44. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold..... 195

Tabela 4.45. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade

(E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold..... 196

Tabela 4.46. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold..... 197

Tabela 4.47. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive..... 198

Tabela 4.48. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive..... 199

Tabela 4.49. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive..... 200

Tabela 4.50. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos

alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive..... 201

Tabela 4.51. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive..... 202

Tabela 4.52. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive..... 203

Tabela 4.53. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive..... 204

Tabela 4.54. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive..... 205

Tabela 4.55. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..... 206

Tabela 4.56. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..... 207

Tabela 4.57. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..... 208

Tabela 4.58. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..... 209

Tabela 4.59. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..... 210

Tabela 4.60. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..... 211

Tabela 4.61. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas

descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..... 212

Tabela 4.62. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..... 213

RESUMO

MATANGUE, Mário Tauzene Afonso, D.Sc.,.Universidade Federal de Viçosa, Agosto de 2015. **Avaliação Quantitativa de Risco Microbiológico aplicada ao uso de águas residuárias para irrigação – Contribuições ao estado da arte do conhecimento.** Orientador: Rafael Kopschitz Xavier Bastos.

A atual escassez geral de água e a degradação dos mananciais provocadas pela seca e a descarga inadequada de efluentes, remetem o resuso de águas residuárias tratadas na agricultura como uma alternativa ambientalmente viável e aceite na economia de água potável. Uma das formas mais rentavel de reuso água residuárias tratadas na agricultura é a irrigação de hortaliças consumidas cruas, pois, além da elevada demanda hídrica, elas também possui uma elevada demanda alimentar uma vez que são importante fonte de fibras, nutrientes e vitaminas. Proceder à avaliação crítica do conhecimento acumulado sobre Avaliação Quantitativa do Risco microbiológico (AQRM) aplicada uso ao agrícola de águas residuárias, identificando aspectos consolidados, lacunas de informação, avanços, e necessidades de pesquisa. Procedeu- se à avaliação comparativa de riscos estimados a partir de diferentes modelos de AQRM relatados na literatura, com especial ênfase na avaliação crítica dos modelos de exposição que fundamentam as Diretrizes da OMS para uso agrícola de águas residuárias. No que tangue aos modelos de exposição, foram utilizados dois modelos de exposição, a saber, o Shuval e de Bastos et. al. (2008). O Primeiro foi adoptado pela WHO (2006) e tem como pressuposto o volume de água remanescente na superfície da planta e o segundo a na predição da qualidade de hortícolas em função da qualidade de efluente. Como organismos-referência, foram utilizados, dois vírus (rotavírus e norovírus), uma bactéria (Campylobacter jejuni), um protozoário (Cryptosporidium parvum) e nematoides (Ascaris).Os modelos dose-resposta utilizados para rotavírus e Campylobacter jejuni foram modelo β-Poisson, função hipergeométrica confluente de Kummer e modelo β-binomal; para norovírus a função hipergeométrica gaussiana, modelo exponencial para determinação de infecção diária por Cryptosporidium parvum e novamente o modelo β-Poisson para Ascaris. Estimativas dos parâmetros de modelos dose resposta dados em valores fixos e função densidade de probabilidades, foram obtidas a partir dos diferentes métodos, nomeadamente, o de máxima

verossimilhança, bootstrapping observation, Inferência Bayesiana e Bootstrap Bayesiano. Dois estimadores anuais de risco foram usados a saber o Panive e Pgold em cada modelo de exposição. Os modelos de exposição de Shuval et al. (1997) e Bastos et al. (2008) produziram estimativas de risco estatisticamente diferentes, sendo as do primeiro inferiores em todos padrões de consumo. E o mais importante, o modelo de Shuval et al. (1997), assume que os agentes patogénicos contidos no volume remanescente na superficie das culturas irrigadas permanecem aderidos às culturas, mesmo depois volume de água remanescente ter se evaporado, com essa suposição, este modelo se torna muito conservador, em relação ao modelos de Bastos et al. (2008). Não se verificaram diferenças significativas, em estimativas de risco obtidas por diferentes métodos de estimativas de parâmetros dose resposta em todos patógenos com exceção do 'bootstrapping observation' no estimador Pnaive. Contrariamente, foram observadas diferenças significativas em estimativas obtidas pelo Pnaive e Pgold, e no que tange aos modelos dose resposta, o modelo beta-binomial resultou em estimativas de risco diferentes do beta-Poisson e função hipergeométrica de confluente de Kummer.O uso da distribuição uniforme na concentração da E.coli conforme a metodologia da OMS (2006) em ambos modelos de exposição, em todos métodos de estimação de parâmetros dose-resposta e pelo Pnaive e Pgold, resultou estimativas de risco estatisticamente maiores que as obtidas pela distribuição lognormal a qual foi utilizada na concentração de E.coli em efluentes das lagoas de polimento.

ABSTRACT

MATANGUE, Mário Tauzene Afonso, D.Sc., .Universidade Federal de Viçosa, August de 2015. **Quantitative Microbial Risk Assessment applied to wastewater irrigation – Contributions to the state of art knowledge.** Advisor: Rafael Kopschitz Xavier Bastos.

The current general scarcity of water and degradation of water sources caused by drought and inadequate effluent discharge, provides opportunities of using the reclaimed water in agriculture as an environmentally viable alternative and accepted for potable water savings One of the most economically feasible agricultural uses of reclaimed water is the irrigation of high-value consumption rate of salad crops, which typically have high returns per volume of water invested in. The consumption of salad crops is becoming popular worldwide because it is agreed as healthy food, since they are important source of fibre, nutrients and vitamins.The aim of this work was, making a critical assessment on the state-of-the-art knowledge in Quantitative Microbiological Risk Assessment (QMRA) applied to the agricultural use of wastewater, identifying consolidated aspects, information gaps, advances, and research need. Also, it was carried out the comparative risk assessment estimates from different models AQRM reported in the literature, with special emphasis on the critical evaluation of the exposure models that underlie the WHO guidelines for agricultural use of wastewater. With respect to exposure models, two exposure models were used, namely Shuval et al. (1997) and Bastos et. al. (2008). The first was adopted by WHO (2006) and is based upon the volume of water remaining on the surface of the plant and the latter is based upon to the prediction of the quality of vegetables according to the effluent quality. The following reference organisms were used: two viruses (rotavirus and norovirus), bacteria (Campylobacter jejuni), a protozoa (Cryptosporidium parvum) and nematodes (Ascaris). For daliy infection probilility, Beta-Poisson, confluent hypergeometric function of Kummer and beta-binomal models was used for rotavirus and Campylobacter jejuni; Gaussian hypergeometric function for norovirus, Exponential for Cryptosporidium parvum and again the β-Poisson model for Ascaris. Dose response model paramters estimates given by points estimates and probability density function were obtained from the different methods, namely, the maximum likelihood, bootstrapping observation, Bayesian inference and Bayesian Bootstrap. Two annual risk estimators were used,

Panive and Pgold in each exposure model. The Shuval et al. (1997) and Bastos et al. (2008) exposure models produced statistically different risk estimates (medians and 95th percentile) from two annual estimator Pnaïve and Pgold and in both annual risks estimates from first model were less than from Bastos et al. (2008). The Shuval et al. (1997) model than assumes that any pathogens contained in the residual wastewater remaining on the irrigated crops would cling to the crops even after wastewater itself evaporated and this assumption means that this model is very conservative because does not consider the die-off due to this process and in this context Bastos et al.´s model sounded to be an attractive and alternative. Overall, the different methods of parameters estimation were statistically not different in both exposure models either by Pnaïve or Pgold estimators with the exception of 'bootstrapping observation' in Pnaive estimator. In contrast, significant differences were observed in estimates obtained by Pnaive and Pgold, and with respect to dose-response models, the beta-binomial model resulted in different risk estimates of beta-Poisson and Kummer confluent hypergeometric function. The use of uniform distribution in concentration of E. coli according to the methodology (WHO 2006) in both exposure models, in all methods of estimation of dose-response parameters and in the Pnaive and Pgold, overall, resulted in risk estimates statistically higher than those obtained by the lognormal distribution which was used in the concentration of E.coli in the effluent from polishing pond.

1. INTRODUÇÃO

1.1. CARACTERIZAÇÃO DO PROBLEMA

Já há muitos anos se tem verificado incremento no uso de águas residuárias em irrigação, tanto nos países em desenvolvimento quanto nos industrializados e como razões para tal têm sido apontadas: o aumento da escassez de recursos hídricos, a degradação dos mananciais de água doce provocada pelo lançamento inadequado de efluentes; o crescimento da população mundial e, consequentemente o aumento da demanda por alimentos.

Em 2006 estimava-se que, nos próximos 50 anos, mais de 40% da população mundial enfrentaria problemas críticos de falta de água e que a competição por água de boa qualidade entre a agricultura e o consumo urbano, particularmente em zonas áridas, semiáridas e em regiões densamente povoadas, aumentararia a pressão sobre esse escasso recurso (WHO, 2006). Isso indubitavelmente impõe a necessidade de uso mais racional e eficiente dos recursos hídricos, tanto nos ambientes rurais quanto nos urbanos.

No contexto agrícola, o uso de águas residuárias em irrigação pode ser uma opção atrativa. Além de disponibilizar recurso hídrico valioso, pode interferir positivamente em propriedades físicas e químicas, promover o acúmulo de macro e micronutrientes e o desenvolvimento da biota do solo; isto é, pode contribuir para a melhoria da aptidão agrícola do solo.

Contudo, além de eventuais impactos ambientais, há que se considerar riscos potenciais à saúde humana decorrentes da irrigação com águas residuárias, particularmente: (i) risco ao consumidor no caso da irrigação de hortaliças ingeridas cruas, prática esta chamada na literatura de irrigação irrestrita, e (ii) risco ocupacional, ou seja, risco ao trabalhador em práticas de irrigação restrita, isto é, restrita a culturas comestíveis que não são ingeridas cruas ou de culturas não comestíveis.

A mitigação de riscos à saúde inclui regulamentação da irrigação com águas residuárias e a definição de padrões microbiológicos de qualidade de efluentes associados a diferentes cenários de exposição em práticas de irrigação restrita e irrestrita. Conforme sintetizado por Bastos e Bevilacqua (2006), as diretrizes dos Estados Unidos (EUA) (USEPA, 2006) e da Organização Mundial da Saúde (OMS) (WHO, 2006) constituem importantes referências no cenário

internacional, de certa forma antagônicas. A primeira, na visão de alguns, é extremamente rigorosa, aparente e pretensiosamente baseada na ideia do risco nulo (BLUMENTHAL et al., 2000; CARR et al., 2004). A segunda é baseada em evidências epidemiológicas e, ou em Avaliação Quantitativa de Risco Microbiológico (AQRM), quer dizer, no estabelecimento da qualidade da água de irrigação correspondente a estimativas de riscos decorrentes de determinado cenário de exposição (por exemplo, irrigação restrita ou irrestrita, risco ao consumidor ou ao trabalhador) compatíveis com nível de risco considerado tolerável (WHO, 2006).

Em sua primeira edição, as diretrizes da OMS para uso agrícola de águas residuárias (WHO, 1989) eram inteiramente baseadas nas evidências epidemiológicas então disponíveis e em um modelo teórico de avaliação de risco (AR); modelo este qualitativo, baseado apenas em características dos microrganismos patogênicos e com o intuito de hierarquizar e priorizar perigos microbiológicos. Isto é, a primeira edição ainda não trazia a abordagem de AQRM, o que veio a ocorrer na segunda edição (WHO, 2006). Ainda que isso signifique avanço importante, por outro lado, há que se reconhecer que as atuais diretrizes (incluindo os critérios de qualidade microbiológica sugeridos para água de irrigação) são baseados em cenários hipotéticos e específicos de exposição e, por isso, nem sempre de fácil generalização.

Como destacado por Bastos et al. (2009), antecedendo ou dando suporte ao desenvolvimento das diretrizes da OMS ou, posteriormente, avaliando-as criticamente, diversos estudos envolvendo AQRM têm sido publicados. Tais estudos abrangem diferentes graus de complexidade e ampla variedade de cenários de exposição, de considerações sobre as variáveis de entrada dos respectivos modelos de exposição e, ainda que em menor extensão, dos modelos de dose-resposta. Por conseguinte, inevitavelmente, as estimativas de risco nesses estudos são, por vezes, bem diversas e nem sempre de comparação imediata. Ainda de acordo com Bastos et al. (2009), se por um lado isso é de certa forma inerente à AQRM, por outro, pode trazer dificuldades aos tomadores de decisão.

Porém, como destacado por Mara et al. (2007) e Zwietering (2009), nem sempre o mais complexo é o melhor, quer dizer, modelos simples podem eventualmente bem expressar determinada situação (complexa que seja) ao ponto de estimar riscos tão bem quanto modelos mais

complexos. Esta é uma hipótese que se quer testar neste trabalho e que, se confirmada, constitui informação relevante aos formuladores de políticas e de marcos regulatórios.

1.2. OBJETIVOS E HIPÓTESES

1.2.1.Objetivo geral

Contribuir para o estado da arte do conhecimento sobre Avaliação Quantitativa do Risco Microbiológico (AQRM) aplicada ao uso agrícola de águas residuárias, identificando aspectos consolidados, lacunas de informação, avanços, e necessidades de pesquisa.

1.2.2.Objetivos específicos

- Proceder à avaliação comparativa de riscos estimados a partir de diferentes modelos de AQRM relatados na literatura, com especial ênfase na avaliação crítica dos modelos de exposição que fundamentam as Diretrizes da OMS para uso agrícola de águas residuárias.
- Construir modelos de AQRM e estimar os riscos correspondentes baseados em cenários de exposição que reflitam a realidade brasileira
- Testar e comparar diferentes métodos de estimativas de parâmetros em modelos dose- resposta aplicados à exposição por uso agrícola de esgoto sanitário, nomeadamente, bootstrapping, inferência Bayesiana e bootstrapping Bayesiano.

1.2.3. Hipóteses

- Modelos simples de AQRM estimam riscos associados a determinado patógeno e cenário de exposição tão bem quanto modelos mais sofisticados.
- Os modelos de AQRM que fundamentam as Diretrizes da OMS apresentam fragilidades importantes que necessitam de melhor apropriação/abordagem de forma que possam ser generalizados de forma mais segura.
- Algumas dessas fragilidades se expressam em variáveis de entrada dos modelos de AQRM determinantes das estimativas de risco e que, portanto, devem receber atenção em termos de investigação.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DE RISCO MICROBIOLÓGICO (AQRM) - ASPECTOS CONCEITUAIS INTRODUTÓRIOS

Desde que a cólera foi identificada e associada a doenças de veiculação hídrica na Índia em 1846, mas principalmente com o surto em Londres em 1854 e o trabalho investigativo de John Snow, a epidemiologia esteve à frente dos estudos de transmissão de doenças infecciosas e sua associação com condições ambientais onde a população está inserida. A epidemiologia sempre foi aplicada e sempre permanecerá como parte integrante da avaliação de risco microbiológico, dado seu reconhecimento científico em lidar com infecções em tempo real (HAAS et al., 1999).

Todavia, estudos epidemiológicos podem apresentar limitações em termos de sensibilidade para identificar riscos baixos. Além disso, em estudos epidemiológicos os dados referentes à exposição são, por vezes, incompletos ou imprecisos e caracterizados por fatores de confundimento, tornando difícil a identificação mais clara de fatores de risco.

Como historiado por Rose et al. (2008), nas décadas 1980 e 1990, a National Academy of Science (NAS) dos Estados Unidos (EUA) desenvolveu um modelo de risco, publicado no famoso Red Book, que viria a compor a base para avaliação de risco com fundamentação científica e para a formulação de estratégias regulatórias para poluentes ambientais, naquele momento, essencialmente poluentes químicos. Trata-se de uma abordagem matemática com o intuito de estimar a probabilidade de um desfecho adverso de saúde, isto é, um modelo de avaliação quantitativa de risco (AQR), originalmente risco químico (AQRQ), composto fundamentalmente por quatro etapas, descritas a seguir conforme sintetizado por Bastos e Bevilaqua (2006) e Bastos et al. (2009).

i. Identificação do perigo: compreende a avaliação do conhecimento disponível e a descrição de efeitos adversos à saúde, crônicos ou agudos, associados a um determinado perigo (agente químico, físico, ou microbiologico) ou situação (evento perigoso)

ii. Avaliação da exposição: visa à caracterização da população exposta, a quantidade ingerida do agente, a frequência, a duração e as prováveis vias de exposição.

iii. Avaliação da dose-resposta: consiste na avaliação do potencial que o agente possui em causar resposta a qual pode se traduzir infeção, resposta ou doença, em diversos níveis de exposição. Para determinados agentes, a definição da dose causadora dos efeitos adversos é estabelecida a partir de estudos experimentais, com voluntários humanos (principalmente no caso de agentes microbiólogicos), ou em ensaios de laboratório com cobaias (para agentes químicos, principalmente). Em outros casos, essencialmente de risco microbiológico, são utilizadas informações de estudos expermintais.

iv. Caracterização do risco: nessa etapa, as informações sobre exposição e dose-resposta são analisadas conjuntamente para o cálculo de probabilidades do desfecho (risco) associadas a determinado cenário de exposição a um perigo específico. Esta etapa inclue a análise de incertezas e sensibilidade.

Porém, como chamam atenção Petterrson e Ashbolt (2003), a aplicação direta e acrítica da AQR em estudos microbiológicos (AQRM) teria limitações decorrentes de diferenças entres agentes químicos e microbiológicos e os respectivos agravos à saúde, como, por exemplo:

(i) diferentemente das substâncias químicas, a concentração dos patógenos em determinada matriz ambiental pode crescer ou decair devido à reprodução ou inativação;

(ii) microrganismos não estão uniformemente distribuídos em determinada matriz ambiental, por exemplo devido à sua capacidade de agregação;

(iii) as doenças infecciosas em geral, diferentemente das intoxicações, podem ser transmitidas de uma pessoa para outra;

(iv) existem variações mais nítidas de susceptibilidade aos agentes microbiológicos, por exemplo, com o desenvolvimento de imunidade ou entre grupos populacionais mais sensíveis (crianças, idosos, gestantes, imunocomprometidos) .

Em aprimoramentos posteriores, o International Life Sciences Institute (ILSI) e a Agência de Proteção Ambiental dos EUA (EPA) desenvolveram uma estrutura mais específica para lidar com riscos microbiológicos (ILSI, 1996, 2000). Em resumo, nessa estrutura, incorporada às Diretrizes da OMS para qualidade da água para consumo humano (WHO, 2011) e para uso agrícola de esgotos sanitários (PETTERSON e ASHBOLT, 2003; WHO, 2006), o processo de AQRM pode

ser sistematizado em três etapas: (i) formulação do problema; (ii) a fase de análise e (iii) a de caracterização do risco. Essas etapas são descritas a seguir como em Bastos e Bevilacqua (2006), cujo texto tem como base ILSI (2000) e Petterson e Ashbolt (2003).

A etapa de formulação do problema constitui uma abordagem mais ampla da fase de identificação de perigos da formulação original de AQRQ. Envolve o planejamento sistemático de todo o processo, a começar pela definição do propósito e do escopo da avaliação de risco em questão, a caracterização inicial da exposição e dos efeitos adversos com a elaboração de um modelo conceitual que descreva o bioagente patogênico ou o ambiente de interesse, definindo população e cenários de exposição.

A fase de análise envolve a caracterização mais detalhada da exposição e dos efeitos adversos à saúde. A caracterização da exposição envolve a avaliação da interação entre o patógeno, o ambiente e a população humana. Para isso, são necessárias a caracterização do patógeno (incluindo aspectos de infectividade e patogenicidade), a caracterização da ocorrência do patógeno (distribuição, forma de ocorrência, sobrevivência maturação, transformação ou multiplicação no meio ambiente, isto é, informações sobre o ciclo biológico dos patógenos) e a análise da exposição (caracterização da fonte e do tempo de exposição). Com isso, é elaborado o perfil de exposição, com a descrição quantitativa ou qualitativa da magnitude, frequência e padrões de exposição para os cenários desenvolvidos na etapa de formulação do problema.

Ainda na fase de análise, a caracterização dos efeitos adversos à saúde, envolve:

(i) caracterização do hospedeiro - avaliação das características da população humana exposta ou potencialmente exposta que podem influenciar a susceptibilidade a um patógeno específico, como: idade, estado imune, uso de medicamentos, predisposição genética, gestação, estado nutricional; deve-se ainda considerar a existência de condições sociais ou comportamentais que possam influenciar a suscetibilidade ao agente e, ou a gravidade dos efeitos;

(ii) efeitos à saúde - são caracterizados os agravos associados com o patógeno, incluindo as manifestações clínicas (infecções ou doença), duração e severidade (ex.: letalidade, sequelas);

(iii) avaliação da dose-resposta - avalia a relação entre dose, infectividade e manifestação da doença, estabelecida a partir de estudos experimentais ou epidemiológicos. Todos esses

elementos são utilizados para a elaboração do perfil patógeno-hospedeiro, com a descrição qualitativa e, ou quantitativa da natureza e da magnitude dos efeitos adversos para os cenários elaborados na etapa de formulação do problema.

Por fim, na etapa de caracterização do risco as informações sobre os perfis de exposição e patógeno-hospedeiro são analisadas conjuntamente para:

(i) estimativa da probabilidade de risco de infecção ou doença associada a um determinado cenário de exposição a um patógeno especifico;

(ii) descrição do risco, em que todas as pressuposições feitas para a avaliação do risco devem ser claramente identificadas e seus impactos devidamente analisados, incluindo as incertezas que permeiam a formulação do problema, a fase de análise e a própria caraterização do risco. Deve também ser considerada a confiabilidade das estimativas de risco, incluindo a suficiência e a qualidade dos dados utilizados. Por fim, se deve discutir, se as estimativas de risco são compatíveis com as questões delineadas na etapa de formulação do problema.

Os resultados podem ser expressos em base temporal (por exemplo, risco diário ou anual) de estimativas de risco individual (por exemplo, uma chance em um milhão) ou populacional (por exemplo, um caso entre cada milhão de pessoas). Desde a perspectiva populacional, riscos microbiológicos devem ainda, idealmente, ser modelados tendo em conta a dinâmica da transmissão das infecções ou doenças, isto é, incorporando aspectos tais como a existência de reservatórios intermediários, transmissão secundária e imunidade do hospedeiro (EISENBERG et al. 1996; EISENBERG et al. 2004).

Em resumo, modelos de AQRM são compostos por modelos concetuais de exposição e modelos dose-resposta (DR). Os modelos de exposição permitem a estimativa da dose ingerida (ou inalada) de determinado patógeno em cada evento de exposição, que computada em determinado modelo dose-resposta, permite a estimativa do risco.

Muitas vezes, a estimativa da dose em modelos de exposição parte da quantificação do patógeno em um dado produto ou ambiente (por exemplo, água bruta, esgoto bruto, lodo de esgoto) e da respectiva remoção em processos de tratamento. Outras vezes inclui considerações sobre a dinâmica do patógeno no ambiente (tais como decaimento ou incremento; transferência de matriz,

por exemplo, água-solo, solo-planta, água-planta, no caso de irrigação) antes do evento de exposição propriamente dito (por exemplo. ingestão via consumo de água ou de alimentos irrigados, ingestão involuntária de solo, ou inalação de aerossóis).

Porém, como destacado por Petterson et al. (2006), umas das maiores fragilidades do emprego de AQRM são as a próprias características das séries de dados de patógenos em matrizes ambientais: escassez, restritas em termos numéricos, elevados números de observações abaixo do limite de detecção. Isso faz com que muitas vezes se recorra a organismos indicadores e relações proporcionais (questionáveis) com patógenos para avaliar o grau de contaminação de determinado ambiente ou produto, bem como a remoção de patógenos em processos de tratamento ou o decaimento no ambiente.

Modelos de exposição podem então ser de formulação mais ou menos complexa e suas variáveis de entrada podem estar cercadas de incertezas, sejam incertezas verdadeiras ou variabilidade, decorrentes, respectivamente, do desconhecimento sobre, ou de variações inerentes ao comportamento de determinada variável ou fenômeno (MORGAN e HENRION, 2007). Os modelos DR também trazem incertezas importantes, pois em sua maioria, são obtidos de experimentos com administração de doses orais elevadas de patógenos, cuja cepa utilizada pode não ser a mais virulenta, a grupos muito pequenos, em geral constituídos por indivíduos adultos e sãos. Portanto, a generalização dos resultados por tipo ou grupo de patógenos pode ser problemática, bem como a extrapolação dos resultados para exposição ambiental a baixas doses e grupos populacionais heterogêneos (HAAS et al., 1999).

Assim, um aspecto crítico da metodologia de AQRM prende-se à escolha de valores numéricos para cada variável de entrada do modelo e à apropriação das incertezas em torno das mesmas. Incertezas verdadeiras podem ser contornadas, por exemplo, por meio de monitoramento mais intenso, mas variabilidade não pode ser eliminada nem sequer reduzida, apenas mais bem descrita (MORGAN e HENRION, 2007). Bem se apropriar das incertezas é, portanto, bem descrevê-las (por exemplo, por meio de distribuições de probabilidades) e propagá-las ao longo do modelo, de tal maneira que a resposta (estimativa de risco) seja também descrita probabilisticamente. Isso caracteriza os modelos estocásticos ou probabilísticos e os difere dos

modelos determinísticos, nos quais as variáveis de entrada, e por conseguinte as de saída, são descritas por estimativas pontuais.

2.2. AVALIAÇÃO DA EXPOSIÇÃO EM AQRM – ASPECTOS CONCEITUAIS E APLICADOS À IRRIGAÇÃO COM ESGOTOS SANITÁRIOS

O principal objetivo dessa etapa é estimar a probabilidade e a magnitude da exposição ao perigo, a partir do conhecimento do número ou da quantidade de microrganismos patogênicos ingeridos por indivíduos ou populações por cada evento de exposição ou em exposições múltiplas (HAAS et al., 1999; FAO, 2006; WHO, 2006). Segundo Rose et al. (2008), essa etapa pode ser divida em duas partes, que em conjunto formam o cenário de exposição, a saber:

(i) identificação das vias que permitem que os microrganismos sejam veiculados desde a matriz até o contato com indivíduos ou populações;

(ii) estimativa da quantidade de exposição, ou seja, a quantidade de microrganismos ingeridos por evento de exposição (dose) ou em exposições múltiplas.

Dose é definida como a combinação da concentração (quantidade por unidade de volume) de microrganismos presentes em determinado produto ou meio (água, ar, solo, alimentos, por exemplo) com o volume ingerido (ou inalado) do produto ou meio em cada evento de exposição, por exemplo, por dia (litros de água, metros cúbicos de ar, ou grama de alimentos ingeridos por dia, por exemplo) (Equação 2.1)

$$D = C.V \qquad (2.1)$$

Onde:

D = Dose ingerida de patógenos a cada evento de exposição; C = concentração de microrganismos no meio ou produto ao qual, indivíduos ou populações estão expostos; e V = volume ingerido do meio ou produto por exposição.

Os modelos de exposição usualmente empregados em AQRM assumem que os microrganismos ingeridos seguem distribuição de Poisson. O uso da distribuição de Poisson é baseado no pressuposto que um indivíduo consome matrizes contaminadas (por exemplo, água) a

partir de uma fonte na qual os agentes patogênicos são distribuídos de forma aleatória, não agregada e com concentração constante durante a exposição. O número de agentes patogénicos consumido será, em média, igual ao produto da concentração na fonte e a quantidade da matriz contaminada consumida, conforme mostra a Equação 2.1. Ou seja, se os organismos são distribuídos "aleatoriamente", em um volume V, então, a probabilidade de uma amostra (j) conter organismos será dada pela distribuição de Poisson (Equação 2.2).

$$P(j|\lambda) = \frac{e^{-\lambda}.\lambda^{j}}{j!} \qquad (2.2)$$

Onde:

$$\lambda = \overline{\mu}.V$$

λ = dose média ingerida de patógenos a cada evento de exposição, na qual a concentração média de microrganismos $\bar{\mu}$ é assumida constante entre as amostras em determindo volume V; e j = número de microrganismos ingeridos em cada dose.

Já que essa distribuição possui apenas um parâmetro (λ), então, uma vez conhecidas suas estimativas, os correspondentes valores da distribuição massa de probabilidade também serão definidos. Se admitirmos que as amostras são coletadas de forma aleatória em uma matriz de grandes dimensões (por exemplo, saída de uma ETA ou ETE), na qual em cada amostra os microrganismos são mensurados através de técnicas laboratóriais especificas (contagem de colônias de bactérias cultivadas em meios próprios em placa de Petri, inoculação de vírus em cultura de tecido, ou mesmo contagem direta em microscópio ou instrumentos próprios), a estimativa do parâmetro da Equação 2.1 pode ser feita, usado o principio de máxima verossimilhança, o qual será abordado na Seção 2.5.3.

Em outras palavras, assumir a distribuição aleatória dos patógenos na matriz quer dizer que a probabilidade de exposição a j organismos de uma amostra com concentração média($\bar{\mu}$), segue distribuição de Poisson, ou que indivíduos ou populações ingerem microrganismos em número tal que representa uma amostra randômica de uma distribuição de Poisson com média (λ) (HAAS, 2002; PETTERSON et al., 2006).

No entanto, é preciso esclarecer que enquanto a dose média de patógenos é uma variável contínua, podendo, portanto, assumir qualquer valor, o número real de organismos que um indivíduo ou populações podem ingerir constitui uma variável discreta. Como exemplificado por Petterson et al. (2006), considerando uma dose média de 2,67, isso quer dizer que a maioria dos indivíduos de uma população consome entre 2 e 3 organismos, enquanto outros, poucos, consomem números menos elevados (por exemplo zero ou 1) ou mais elevados (seis ou sete, por exemplo). Além disso, como discutido por Haas (2002), o próprio pressuposto da distribuição randômica dos organismos no meio é questionável, mas é possível expressar risco como função direta da dose de fato ingerida, tornando viável que outras distribuições para a exposição aos microrganismos possam ser consideradas.

Como antecipado no item 2.1, modelos de exposição podem envolver o detalhamento das rotas de veiculação dos patógenos, incluindo, por exemplo, sua dinâmica no ambiente, de forma a se estimar a quantidade de microrganismos presentes no meio ou produto no momento ou na forma em que se efetive a exposição. Com essas informações e o conhecimento da taxa de ingestão do meio ou produto, que pode variar de acordo com a idade, sexo, estado de saúde e com as atividades exercidas no cotidiano, se modela então o cenário de exposição concebido com a finalidade de determinar a dose, a qual será utilizada nos modelos DR e, assim, estimar o risco.

Modelos para estimar a dose por evento de exposição (D_i) decorrente do consumo de produtos agrícolas irrigados com águas residuárias (irrigação irrestrita, risco aos consumidores), ou da ingestão involuntária de solo (irrigação restrita, risco aos trabalhadores), podem ser descritos, genérica e simplificadamente, como na Equação 2.3.

$$D_i = C_i . R . M \quad (2.3)$$

Onde: D_i = dose por evento de exposição; C_i = concentração de patógenos na superfície das culturas irrigadas ou no solo irrigado (número de patógenos / g do produto ou de solo ingerido); $R=10^{-x}$ representa a redução de patógenos no intervalo de tempo compreendido entre a última irrigação ou colheita e o evento de exposição (consumo de produtos irrigados ou ingestão acidental de partículas de solo), por decaimento natural nas culturas ou no solo irrigado, ou por remoção durante o processamento ou higiene dos alimentos. M = consumo per capita de produtos irrigados ou ingestão de partículas de solo por evento de exposição (g).

Vários autores têm recorrido à AQRM para a estimativa de riscos associados à irrigação com esgotos sanitários, incluindo a aplicação de modelos determinísticos (ASANO et al., 1992; ROSE et al., 1996; SHUVAL et al., 1997; BASTOS et al., 2008) ou de modelos estocásticos (TANAKA et al., 1998; van GINNEKEN e ORON, 2000; PETTERSON et al., 2001; HAMILTON et al., 2006a; MARA et al., 2007; PAVIONE et al., 2013).

Trabalhos publicados incluem ampla variedade de cenários de exposição testados, tais como: (i) risco ao consumidor e ao trabalhador; (ii) tipo de cultura irrigada; (iii) métodos de irrigação; (iv) estimativas ou medidas de contaminação das culturas irrigadas; (v) dados de patógenos propriamente ditos ou de organismos indicadores; (vi) padrão de consumo de alimentos. A maioria dos trabalhos tende a enfocar riscos associados a Campylobacter, Cryptosporidium e rotavírus, tendo sido estes os organismos tomados como referência nas Diretrizes da OMS (WHO, 2006), mas há também trabalhos com outros patógenos como norovírus (MARA e SLEIGH, 2010a) e Ascaris (SEIDU et al., 2008; MARA e SLEIGH, 2010b).

A grande maioria dos trabalhos trata de risco ao consumidor. Um dos poucos que se dedica a avaliação de risco ao trabalhador (Mara et al., 2007), serviu de base para a contrução do cenário de exposição de irrigação restrita que fundamenta as Diretrizes da OMS (WHO, 2006) e seguiu como referência para vários trabalhos posteriores: ingestão involuntária 1-10 mg e 10-100 mg de partículas de solo por dia, respectivamente em cenários de agricutura tecnificada (baixo nível de exposição) e de mão de obra intensiva (elevado nível de exposição).

O cenário, a seguir descrito, de exposição para irrigação irrestrita desenhado por Mara et al. (2007), refinando e ampliando suposições de Shuval et al. (1997), também constituiu a base para a formulação das Diretrizes da OMS e permaneceu como referência para muitos outros trabalhos.

(i) qualidade da água de irrigação (efluente) estimada com base em relações proporcionais empíricas patógenos / indicadores: 0,1–1 rotavirus e Campylobacter por 10^5 E.coli; 0,01–0,1 oocistos de Cryptosporidium por 10^5 E.coli para alface e 1–10 rotavirus e Campylobacter por 10^5 E.coli; 0,01–0,1 oocistos de Cryptosporidium por 10^5 E.coli para cebola (WHO, 2006)

(ii) qualidade das culturas irrigadas estimada com base em suposições de volume de água remanescente na superfície das plantas: 10-15 mL por 100 g alface (extrapolado a partir do dado

médio de 10,8 mL obtido por Shuval et al., 1997 em experimentos envolvendo imersão total de alfaces) e 1-5 mL por 100 g de cebola (suposição de Mara et al., 2007).

(iii) decaimento do número de patógenos entre irrigação /colheita e o consumo: 2–3 log para rotavirus e Campylobacter e 0–1 log para Cryptosporidium no caso de alfaces

(iv) consumo per capita de 100 g de alface a cada dois dias (sugestão original de Shuval et al., 1997 com base na realidade de Israel) e de 100 g de cebolas por semana (suposição de Mara et al., 2007).

Alguns poucos trabalhos recorrem a dados primários de vírus em efluentes e, destes, a maioria utiliza dados de enterovirus em efluentes secundários de ETEs nos EUA, obtidos por Asano et al. (1992): Tanaka et al. (1998); van Ginneken e Oron, 2000; Petterson et al. (2001); Hamilton et al. (2006a). Outros se valem das relações patógenos / E.coli acima referidas e utilizadas nas Diretrizes da OMS (SHUVAL et al., 2000; BASTOS et al., 2008; SEIDU et al., 2008; PAVIONE et al., 2013; BARKER et al., 2014).

No que se refere à contaminação das culturas irrigadas, a grande maioria dos trabalhos recorre a estimativas com base no critério de volume de água remanescente sobre a superfície das plantas, utlizando as sugestões acima referidas de Shuval et al. (1997) e Mara et al. (2007) e, ou expandindo para outras culturas, por estimativas ou com base em dados experimentais (van GINNEKEN e ORON, 2000; PETTERSON et al., 2001; HAMILTON et al., 2006a).

Também são poucos os trabalhos que usam dados primários e locais de contaminação propriamente ditas das culturas, porém a maioria recorre a dados de indicadores (STINE et al., 2005; SEIDU et al., 2008; BASTOS et al., 2008) e raros são aqueles que utilizam dados primários de patógenos (SEIDU et al., 2008; no caso dados de Ascaris).

O trabalho de Bastos et al. (2008) apresenta como particularidades modelos empíricos preditivos da qualidade das culturas irrigadas em função da qualidade da água de irrigação, em termos de E.coli.. Com base em dados experimentais de irrigação, com regadores, de hortaliças com efluentes de lagoas de estabilização (série de quatro lagoas), foram ajustados dois modelos: (i) para plantas que se desenvolvem rente ao solo, desenvolvida com dados de irrigação de alface,

espinafre e rúcula (Equação 2.4); (ii) plantas que se desenvolvem distantes do solo, desenvolvida com dados de couve e pimentão (Equação 2.5).

Plantas que se desenvolvem rente ao solo

$$\log_{10}(E.C_{horta}) = 0{,}83\log_{10}(E.C_{efluente}) - 0{,}73 \quad (2.4)$$

Plantas que se desenvolvem distantes do solo:

$$\log_{10}(E.C_{horta}) = 0{,}45\log_{10}(E.C_{efluente}) - 0{,}67 \quad (2.5)$$

Onde:

EC_{horta}: concentração de E.coli por grama na superfície da planta;

$EC_{efluente}$: concentração de E.coli por 100mL na água de irrigação.

A literatura, majoritariamente, traz avaliações de risco associados ao consumo de um ou mais produtos isoladamente: alface (predominantemente), brocolis, couve, pimentão, pepino, repolho (SHUVAL et al., 1997; STINE et al., 2005; SEIDU et al., 2008; HAMILTON et al., 2006a; BASTOS et al., 2008; MOTTA et al., 2009; BARKER et al., 2012). Poucos são os trabalhos que consideram miscelânea de produtos (van GINNEKEN e ORON, 2000; PAVIONE et al., 2013)**.**

No que diz respeito ao consumo de produtos irrigados, alguns trabalhos recorrem à referência original de Shuval et al. (1997) para consumo de alface assumida nas Diretrizes da OMS (PETTERSON et al., 2001) e vários utilizam dados dos EUA, independentemente do contexto em que se insiram (van GINNEKEN e ORON, 2000; STINE et al., 2005; HAMILTON et al., 2006a; HAMILTON et al., 2006b). Poucos têm por base dados locais (BASTOS et al., 2008; SEIDU et al., 2008; BARKER et al., 2012; PAVIONE et al., 2013; MOK et al., 2014).

2.3 MODELOS DOSE RESPOSTA

2.3.1. Bases conceituais sobre os modelos dose-resposta utilizados em AQRM

Como sintetizado por Teunis (1997), a ingestão de patógenos entéricos pode resultar em diferentes desfechos, tais como infecção, doença aguda ou crônica ou, em condições extremas, óbito. Uma infecção pode ser entendida como o resultado do êxito da passagem do patógeno por barreiras múltiplas (mecanismos de defesa) no organismo do hospedeiro, particularmente no trato intestinal, e subsequentemente o alcance de um sítio propício à colonização e multiplicação. A infecção precede, portanto, a doença, que vem a ocorrer quando o patógeno logra multiplicar-se em números elevados. Cada barreira apresenta uma eficácia, diferente das outras, na eliminação ou inativação de agentes patogênicos dependendo do agente (patogenicidade e virulência, por exemplo) e do hospedeiro (por exemplo, estado imunológico) e o êxito em vencer cada uma dessas barreiras pode ser expresso probabilisticamente.

Esse processo pode então ser traduzido quantitativamente, sendo que a probabilidade de *j* microrganismos, de um universo de m, atravessarem uma barreira pode ser modelada de acordo com distribuição binomial, o que, conjugado ao pressuposto da probabilidade de exposição a esses j organismos seguir distribuição de Poisson (ver item 2.2), dá origem aos modelos DR tradicionalmente utilizados em AQRM. Tais modelos têm os seguintes fundamentos: (i) não há dose infectante mínima, quer dizer, um único organismo é capaz de provocar infecção, mesmo que em probabilidade muito baixa; (ii) os organismos ingeridos atuam de forma independente, ou seja, cada um dentre os j organismos ingeridos têm a mesma capacidade de provocar infecção independentemente do número de organismos ingeridos; em ouras palavras, não são consideradas eventuais ações sinergéticas entre os organismos; (iii) os organismos se apresentam e se comportam no meio como partículas discretas, isto é, não formam aglomerados (clumping).

A hipótese de ação independente dos microrganismos ingeridos assume que a probabilidade média p de um patógeno provocar infecção é independente do número de agentes patogênicos que compõem a dose (FAO,WHO, 2003). Em contraste, hipóteses de sinergismo entre os patógenos, postulam que ocorra cooperação entre os patógenos de tal forma que o valor de p aumenta à medida que a dose aumenta. Diversos estudos experimentais têm tentado testar essas

hipóteses, porém os resultados têm sido, em geral, consistentes com a hipótese de ação independente (TEUNIS, 1997; FAO, WHO, 2003; TEUNIS e HAVELAAR, 2000).

Conforme já mencionado, a principal fonte de dados usados para obtenção dos modelos de dose-resposta foi, e continua sendo, estudos com voluntários humanos. Tais dados empíricos relativos à resposta de um grupo de indivíduos expostos a doses variadas de patógenos, quando plotados, frequentemente apresentavam forma sigmoidal (Figura 2.1A). Este aspecto era tradicionalmente interpretado como indicativo de existência de um nível limiar (treshold) de agentes patogênicos, os quais, uma vez ingeridos, poderiam produzir infecção ou doença. Esta constatação conduziu ao conceito de "dose infectante mínima", que prevaleceu durante algum tempo na literatura, mas que atualmente caiu em desuso (FAO,WHO 2003).

Segundo Haas et al. (1999), o processo de infecção ocorre em dois passos sequenciais e combinados, a saber:

(i) ingestão de um ou mais microrganismos viáveis e capazes de causar infecção no hospedeiro;

(ii) no organismo do hospedeiro, os patógenos podem sofrer inativação pela resposta do hospedeiro e apenas uma fração, ou mesmo um só microrganismo, logra chegar ao sítio de infecção.

Considerando que esses passos descrevem dois processos independentes, a probabilidade total de k organismos sobreviverem ao ponto de iniciarem focos de infecção no hospedeiro é dada pela Equação 2.6.[1]

[1] Para efeito de padronização e harmonização das notações e equações, recorreu-se a terminologia usada por Hass et al. (2014): j refere-se ao número de organismos ingeridos em cada dose e k à parte dos ou todos os j organismos que sobrevivem depois de atravessar m barreiras. No que tange à dose, foi usado o símbolo λ para representar dose média referente à concentração média na matriz em estudo, a qual pode conter um ou mais organismos discretos, e o símbolo D para representar a dose conhecida, conforme Vose (2009).

$$P(k) = \sum_{k=k\,min}^{\infty} \sum_{k=j}^{\infty} P_1(j|\lambda).P_2(k|j) \text{ sendo } k \leq j \qquad (2.6)$$

Onde:

$P_1(j|\lambda)$ = probabilidade de ingerir j patógenos em uma exposição cuja dose média é D. A função P_1 incorpora as variações de indivíduo para indivíduo no que diz respeito à concentração média de microrganismos ingeridos (dose).

$P_2(k|j)$ = Probabilidade de k patógenos ($k \leq j$) sobreviverem para iniciar um processo infeccioso. A função P_2 expressa os fatores envolvidos na interação patógeno-hospedeiro in vivo, os quais permitem a sobrevivência de alguns patógenos no hospedeiro que posteriormente poderão iniciar o processo de infecção.

A Equação 2.6 fundamenta que a infecção ocorre efetivamente quando pelo menos certo número mínimo crítico de patógenos (k_{min}) sobrevive dentro do hospedeiro. Segundo Haas et al. (1999), k_{min} deve ser entendido como uma distribuição de probabilidades, da qual vários modelos DR poderão ser deduzidos, desde os mais simples aos mais complexos.

Uma hipótese alternativa ao conceito de dose infectante mínima é conhecida como single-hit concept, que pressupõe que, devido ao potencial dos patógenos se multiplicarem no organismo do hospedeiro, a infecção pode resultar da sobrevivência de apenas e tão somente um microrganismo patogênico. Isso significa que, do ponto de vista matemático, não importa quão baixa for a dose, haverá sempre uma probabilidade não nula de infecção e doença, e obviamente esta probabilidade aumenta com a dose.

Todavia, dados experimentais estão sempre sujeitos a um limiar de observação (o limite de detecção experimental), além do qual uma resposta muito pequena pode não ser observada. Uma solução prática para contornar este problema seria ajustar, sem limiar (isto é, sem descontinuidade matemática), modelos de informação dose-resposta para descrever a curva sigmoidal inteira. Esses modelos são flexíveis o suficiente para permitir uma forte curvatura em baixas doses, o que imitaria

um aparente limiar de dose infectante, mas na verdade são caracterizados por uma relação dose-resposta linear para doses baixas, conforme mostrado na Figura 2.1 (BUCHANAN et al., 2000).

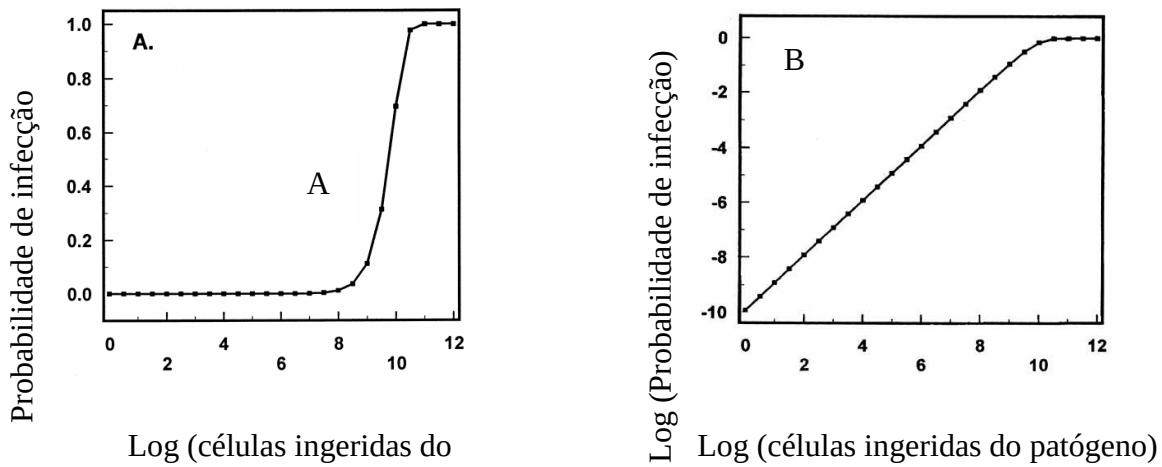


Figura **2.1**. Exemplo de curva dose-resposta produzida a partir do modelo exponencial, plotada com a dose em base logarítmica (log dose) versus resposta (Figura 2.1A) e com dose e resposta em base logarítmica (Figura 2.1B)
Fonte: Buchanan et al. (2000).

Segundo a hipótese de single-hit, quando um patógeno é ingerido, a probabilidade de que ultrapasse barreiras no organismo do hospedeiro até atingir um local de infecção é diferente de zero (TEUNIS e HAVELAAR, 2000; FAO/WHO, 2003; VOSE, 2008). Conforme desenvolvido por Teunis (1997), a probabilidade de infecção nos modelos single hit pode ser descrita como a seguir.

Se for admitido que cada microrganismo age de forma independente, então a probabilidade de infecção pode ser considerada como um processo binomial (infecção ou não infecção) conforme a Equação 2.7, que expressa a probabilidade π de k dentre j organismos ingeridos ultrapassarem determinada barreira e causarem infecção.

$$P(k|j,\pi) = \mathrm{Bin}(k,j,\pi) = \binom{n}{k}\pi^{k}(1-\pi)^{j-k} \tag{2.7}$$

Como no hospedeiro se apresentam m barreiras, a probabilidade de k dentre j organismos ingeridos atravessarem tais barreiras P($\pi_1, \pi_2 ... \pi_m$) é dada pela Equação 2.8.

$$P(k|j,\pi_1,...,\pi_m) = \text{Bin}(k, j, p_m) \tag{2.8}$$

Onde: $p_m = \prod_{i=1}^{m} \pi_i$.

A probabilidade contrária, ou seja, de um microrganismo não causar infecção, é dada pelo complemento $(1-p_m)$. Na ingestão da segunda célula, a probabilidade do hospedeiro não ser infectado será $(1-p_m)^2$. Após uma série de eventos independentes j (isto é, vários microganismos ingeridos), a probabilidade do hospedeiro não ser infectado será dada pelo produto dos complementos $(1-p_m)^n$. Assim, a probabilidade de um ou mais células de patógenos, dentre j ingeridos, atravessarem tais barreiras é dada Equação 2.9.

$$P(k \geq 1|n,\pi_1,...,\pi_m) = 1-(1-p_m)^n . \tag{2.9}$$

Combinando a distribuição de Poisson dada pela Equação 2.2, a qual descreve a dose média, com a distribuição binomial, que por sua vez descreve o processo de infecção dado pela Equação 2.7, obtém-se a Equação 2.10, a qual descreve a probabilidade de pelo menos um organismo sobreviver todas as barreiras e iniciar uma infecção.

$$P(\text{inf}|\lambda) = \sum_{n=1}^{\infty} P_1(j|\lambda).P_2(k \geq 1|j,\pi_m) \tag{2.10}$$

Desenvolvendo a equação 2.10 e assumindo que k=1 obtem-se a equação (2.11).

$$P(\text{inf}|\lambda) = 1-e^{-\lambda p_m} \tag{2.11}$$

Se for assumido que p_m, pode ter um valor constante r para um dado patógeno e hospedeiro, obtem-se a equação 2.12, que corresponde ao modelo exponencial.

$$P(\text{inf}|\lambda) = 1-e^{-r.\lambda} \tag{2.12}$$

Onde: λ representa a dose média ingerida e r = é a probabilidade constante de cada patógeno sobreviver dentro de hospedeiro de forma a desencadear uma infeção.

A Equação 2.13 representa a expressão mais simples dos single hit models (o modelo exponencial, explorado em mais detalhes a seguir), cuja fórmula canônica é dada pela Equação 2.13 (TEUNIS e HAVELAAR, 2000).

$$P(\text{inf}|\lambda,\theta) = \int_{r=0}^{1} \left(1 - e^{-r.\lambda}\right).f(r|\theta)dr = 1 - \int_{r=0}^{1} e^{-r.\lambda}.f(r|\theta)\,dr \qquad (2.13)$$

Onde: $f(r|\theta)dr =$ função densidade de probabilidades com origem nas variações patôgeno-patógeno ou hospedeiro-hospedeiro, descritas por r; e Θ é o vetor paramétrico da função densidade de probabilidades.

Segundo esses autores, qualquer modelo que possa ser descrito como uma combinação de função exponencial e de uma função densidade de probabilidades na qual o parâmetro r varie segundo o intervalo $0 < r \leq 1$ pode ser considerado um single hit model.

Admitindo que o processo de infecção no hospedeiro possa ser descrito pelo parâmetro r e que o mesmo possa assumir diversas distribuições de probabilidades, diversas relações doses-resposta podem ser deduzidas.

2.3.2. Modelo Exponencial

Como já dito, o modelo exponencial é o mais simples dos single hit models, segundo o qual a distribuição dos microrganismos patogênicos entre doses é aleatória (i.e. Poisson) e cada patógeno possui probabilidade independente e constante (r) de sobrevivência no organismo do hospedeiro. O modelo é dado pela Equação 2.12, que em caso de doses baixas ($r.\lambda << 1$) se aproxima da Equação 2.14.

$$P(\text{inf}|\lambda, r) \approx r.\lambda \qquad (2.14)$$

Esse modelo possui um único parâmetro (r) que caracteriza o processo de infecção. A infectividade de um organismo é frequentemente expressa como a dose na qual metade da

população exposta exibe resposta, ou dose infectante média (DI_{50}), que se relaciona com o parâmetro r conforme a Equação 2.15.

$$DI_{50} = \frac{\ln(2)}{r} \tag{2.15}$$

Quando r = 1, o risco de infecção é máximo e nesse caso a Equação 2.12 pode ser reescrita como na Equação 2.16 .

$$P(\text{inf}|\lambda = 1, r = 1) = 1 - e^{-\lambda} \tag{2.16}$$

A curva de risco máximo representa o ‘‘cenário mais desfavorável’’ dos modelos DR e pode ser aplicada para avaliação do risco de patógenos com propriedades desconhecidas, o que seria uma abordagem conservadora cabível para patógenos altamente infecciosos, mas exagerada para patógenos menos infecciosos.

2.3.3. Modelo Beta-Poisson

Como descrito anteriormente, o modelo exponencial assume que a probabilidade de qualquer patógeno sobreviver e dar início a um processo infeccioso, a qual é dada pelo parâmetro r, é constante e omite, portanto, heterogeneidades que possam existir devidas a variações na infectividade do patógeno e, ou na suscetibilidade do hospedeiro. Como forma de transpor essa limitação, admite-se que o processo infeccioso obedeça à distribuição beta, que constitui uma função flexível, composta por dois parâmetros: α e β (Equação 2.17).

$$f(r|\alpha,\beta) = \frac{\Gamma(\alpha+\beta)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)} r^{\alpha-1}(1-r)^{\beta-1} \tag{2.17}$$

O modelo beta-Poisson, à semelhança do modelo exponencial, admite que a distribuição das doses durante o processo de exposição siga distribuição de Poisson. Assim, combinando as equações 2.13 e 2.17 se obtém a expressão do modelo beta-Poisson na sua forma mais genérica, conforme na Equação 2.18.

$$P(\text{inf}|\lambda, p_m) = 1 - (1 - \text{Beta}(\alpha,\beta))^{\text{Poisson}(D)} \tag{2.18}$$

Incorporando a distribuição beta (Equação 2.17) na Equação 2.19, se obtém:

$$P(\inf|\lambda, r) = 1 - \int_0^1 \left[\frac{\Gamma(\alpha+\beta)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)} r^{\alpha-1}(1-r)^{\beta-1} \right] e^{-r\lambda} .dr \quad (2.19)$$

A integração da Equação 2.19, resulta em uma função hipergeométrica confluente, ou na função hipergeométrica confluente de Kummer, também conhecida como função beta- Poisson exata (HAAS et al., 1999), conforme mostra a Equação 2.20.

$$P(\inf|\lambda, \alpha, \beta) = 1 -_1 F_1(\alpha, \alpha+\beta, -\lambda) \approx \frac{\alpha}{\alpha+\beta}\lambda - \frac{\alpha(1+\alpha)}{2(\alpha+\beta)(1+\alpha+\beta)}\lambda^2 + \frac{\alpha(1+\alpha)(2+\alpha)}{6(\alpha+\beta)(1+\alpha+\beta)(2+\alpha+\beta)}\lambda^3 + \ldots \quad (2.20)$$

Onde:

$_1F_1(\ )$ = Função hipergeométrica confluente de Kummer ,

α = parâmetro de forma e β = parâmetro de escala.

Quando β >>1 e α << β a Equação 2.20 se aproxima de um modelo mais simples, proposto por Furumoto e Mickey (1967) e conhecido por beta- Poisson simplificado (Equação 2.21).

$$P(\inf|\lambda, \alpha, \beta) \approx 1 - \left(1 + \frac{\lambda}{\beta}\right)^{-\alpha} \approx \frac{\alpha}{\beta}\lambda - \frac{\alpha(1+\alpha)}{2\beta^2}\lambda^2 + \frac{\alpha(1+\alpha)(2+\alpha)}{6\beta^3}\lambda^3 + \ldots$$

(2.21)

Em baixas doses, isto é, relação (α/β).λ << 1, o modelo beta- Poisson simplificado se aproxima de uma relação linear (Equação 2.22) e quando α→∞, β→∞ e α/β→r, o modelo beta-Poisson se traduz no modelo exponencial.

$$P(\inf|\lambda, \alpha, \beta) \approx \left(\frac{\alpha}{\beta}\right).\lambda \quad (2.22)$$

A dose média infectante nesse caso é dada pela Equação 2.23, com a qual a Equação 2.21 pode ser reparametrizada, tomando a forma da Equação 2.24.

$$DI_{50} = \beta\left(2^{\frac{1}{\alpha}} - 1\right) \tag{2.23}$$

$$P\left(\inf \middle| \lambda, \alpha, \beta\right) \approx 1 - \left[1 + \left(\frac{\lambda}{DI_{50}}\right)\left(2^{1/\alpha} - 1\right)\right]^{-\alpha} \tag{2.24}$$

Por possuir dois parâmetros, o modelo beta-Poisson apresenta maior flexibilidade que o modelo exponencial, que possui um só parâmetro. Uma comparação entre as curvas desses dois modelos permite observar que o modelo beta-Poisson expressa relação dose-resposta menos íngreme ou acentuada que o exponencial (Figura 2.2). Isto é, o modelo beta-Poisson produz superestimativas de risco em relação ao modelo exponencial para valores mais baixos de doses e, em contrapartida, subestimativas para doses mais elevadas. O exemplo da Figura 2.2 inclui ainda comparações com o modelo log-probit - outro modelo single hit que pode eventualmente se ajustar aos dados observados (ver item 2.3.6.6).

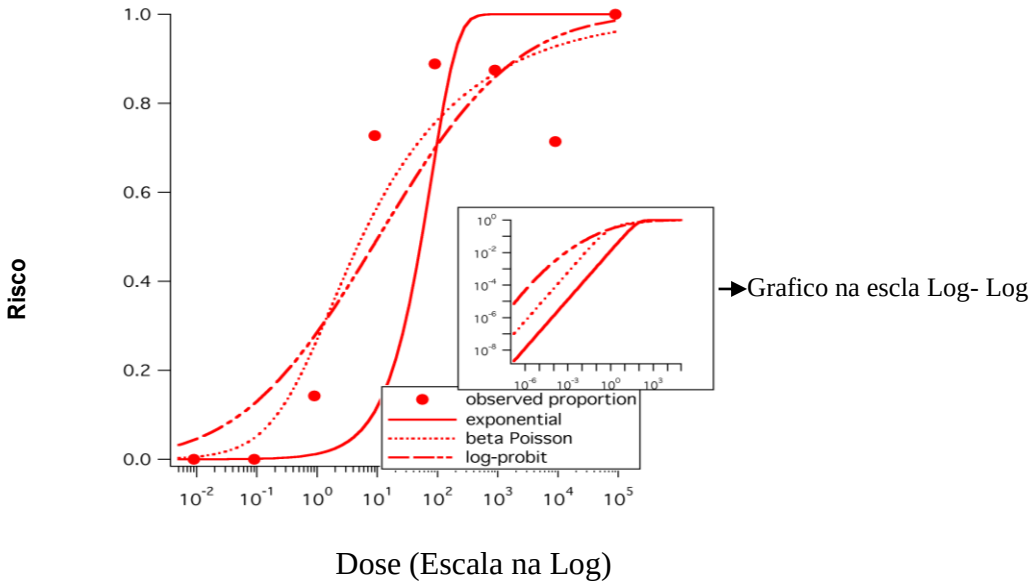
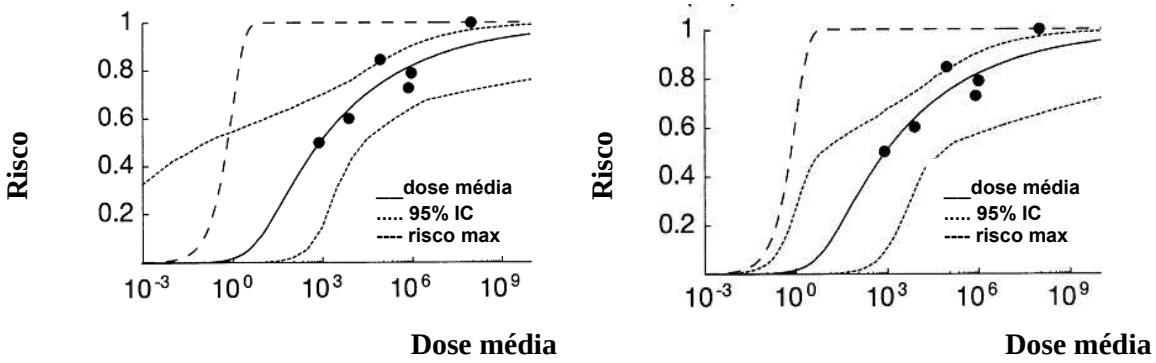


Figura 2.2. Comparação entre as curvas dos modelos exponencial, beta-Poisson e log-probit, com detalhe ilustrando que em doses menores (10-6 a 103) na escola log, a relação dose-resposta em todos três modelos é linear.

Fonte: Haas et al. (1999).

Por outro lado, o modelo beta-Poisson simplificado, ao contrário dos modelos exponencial e beta-Poisson exato, não retém as propriedades da curva de risco máximo, produzindo estimativas de risco maiores que o risco máximo em valores mais baixos de dose (Figura 2.3), o que não é teoricamente possível. Isso acontece quando $\alpha > \beta$, implicando risco de infecção previsto pelo beta-Poisson maior do que o risco de exposição, o que não é biologicamente plausível e explica porque Teunis e Havelaar (2000) ponderam que o modelo beta-Poisson simplificado não é, de fato, um modelo single hit.



(a) Modelo beta-Poisson simplificado (b) Função hipergeométrica confluente

Figura 2.3**.** Ajuste dos dados experimentais dose-resposta de infecção por Campylobacter jejuni usando os modelos beta-Poisson simplificado (a) e beta-Poisson exato (b).
Fonte: Teunis e Havelaar (2000).

Teunis et al. (1996) afirmam, entretanto, que mesmo quando as condições dadas por Furumoto e Mickey para o emprego da Equação 2.18 não forem atendidas, o modelo beta-Poisson simplificado permanece uma descrição válida, porque a utilização da abordagem exata conduz apenas à ligeiras diferenças nos valores dos parâmetros (α, β) ou na forma da curva dose-resposta. Em estudos posteriores, Teunis e Havelaar (2000) demonstraram que a discrepância entre os resultados obtidos com os modelos beta-Poisson aproximado e a função hipergeométrica confluente de Kummer não é muito grande, desde que estejam satisfeitas as condições dadas por Furumoto e Mickey. Todavia, também demonstraram que as diferenças podem se tornar maiores

quando poucos dados de dose resposta estiverem disponíveis, especialmente em situações de baixas doses, as quais, por sinal, constituem a região de interesse para muitas aplicações de avaliação de risco.

2.3.4. Modelo beta-binomial

Esse modelo é uma modificação do modelo beta-Poisson no qual, à semelhança do modelo beta-Poisson, a probabilidade de um patógeno infectar um indivíduo é dada pela distribuição beta (Equação 2.17). No entanto, ao contrário do modelo beta-Poisson, supõe-se que a quantidade de organismos ingeridos é igual à própria dose (VOSE, 2008). Desse modo, a Equação 2.18 pode ser reescrita como na Equação 2.25.

$$P(\text{inf}|D) = 1 - (1 - \text{Beta}(\alpha, \beta))^{D} \tag{2.25}$$

Em outras palavras, o modelo beta-binomial fornece a probabilidade de infecção resultante da exposição a uma dose conhecida (D), ao contrário do modelo de beta-Poisson que diz respeito à dose média, a qual segue a distribuição de Poisson. O modelo beta-binomial é dado pela Equação 2.26.

$$P(\text{inf}|D) = 1 - \frac{\Gamma(D+\beta)\Gamma(\alpha+\beta)}{\Gamma(\alpha+\beta+D)\Gamma(\beta)} \tag{2.26}$$

De acordo com Vose (2008), o modelo beta-binomial utiliza os mesmos parâmetros α e β do modelo beta-Poisson. Dessa forma, se o modelo de AR simular cenários de exposição nos quais a dose é conhecida, então se pode afirmar que o modelo beta-binomial é o mais adequado a ser aplicado, com as mesmas estimativas α e β do modelo beta-Poisson ajustados aos dados dose-resposta.

Hamilton et al. (2006a) argumentam que o modelo beta-binomial é mais adequado para ser utilizado em modelagem estocástica com simulação Monte Carlo, onde uma dose específica é obtida através de processos de amostragem aleatória em cada iteração do modelo. No entanto, os mesmos autores constataram, a partir da base dados de rotavírus obtida por Ward et al. (1986), que

os modelos beta-binomial e beta-Poisson diferem marcadamente apenas em doses baixas (cerca de $< 10^{-1}$) e que tal diferença é praticamente desconsiderável em doses mais elevadas.

2.3.5. Função hipergeométrica gaussiana e o Modelo Fractional Poisson

A função hipergeométrica gaussiana, descrita pela Equação 2.27, foi desenvolvida por Teunis et al. (2008) para estimar o risco de infeção por norovírus. Diferentemente dos outros modelos DR, possui um terceiro parâmetro que expressa o grau de agregação dos vírus.

.

$$P_{inf}(c, V, a, \alpha, \beta) = 1 - {}_2F_1\left(\alpha, \frac{c.V(1-a)}{a}, \alpha+\beta; \frac{-a}{1-a}\right) \quad (2.27)$$

Onde:

C = concentração de agregados de vírus, D = dose administrada, a = tamanho dos agregados do vírus dado pela 'Poisson stopped logarithmic series distribution'; V= Volume do inóculo administrado por dose, α e β são parâmetros da distribuição beta; ${}_2F_1(.)$ repesenta o fatorial generalizado ou símbolo de Pochhammer.

A principal diferença entre este modelo e o modelo beta-Poisson (simplificado ou função hipergeométrica confluente de Kummer) reside no fato de que a dose, ao invés da habitual distribuição de Poisson, é descrita pela "Poisson stopped logarithmic series distribution". A combinação dessa distribuição com a distribuição beta (Equação 2.17) resulta na função hipergeométrica gaussiana, dada pela Equação 2.27, conforme publicado po Teunis et al. (2008).

Entretanto, como altertado por Barker et al. (2012), o uso da função hipergeométrica gaussiana na base de dados de um inóculo combinado, via de regra, deve satisfzer a condição de convergência, isto é, matematicamte o módulo da várivel dose de ser menor que 1, ou seja $|\lambda| < 1$. Todavia, o ajuste feito por Teunis et al. (2008) resultou em $|\lambda| = 3332$ e, para transpor essa limitação, Barker et al. (2012) utilizaram a Pfaff transformation, tendo resultado na Equação 2.28.

$$P(\text{inf}\,|\lambda,\alpha,\beta,a) = 1 - \left[{}_2F_1\left(\left(\beta, \frac{\lambda(1-a)}{a}, \alpha+\beta; a\right)\right)\left(\frac{1}{1-a}\right)^{-\left(\frac{\lambda(1-a)}{a}\right)}\right] \quad (2.28)$$

Uma das particularidades matemática da Equação 2.28, consiste em produzir indeterminações quando a dose for maior que 33323 vírus ingeridos pppd (por pessoa por dia), isto é λ >33323, $\rightarrow$ $P(\text{inf}\,|\lambda,\alpha,\beta,a) = \infty$. Nestas situações, recomenda-se o emprego da função hipergeométrica confluente de Kummer (Equação 2.20), visto que esta oferece a melhor aproximação em torno da Equação 2.28. Mais detalhes sobre Pfaff transformation podem ser vistos em Barker et al. (2012) e Weisstein (2013).

Em outro estudo sobre norovírus, Atmar et al. (2013) concluíram que a dose infectante (DI_{50}) variou de 1320 - 2800 gEq (equivalentes genômicos, tradução literal de genomic Equivalent), valores estes maiores que os obtidos por Teunis et al. (2008): 8 -1015 gEq. Porém, uma comparação feita pela comissão editorial do Journal of Infectious Diseases (2014) mostrou que ambos os estudos produziram resultados similares e que as discrepâncias entre as duas faixas eram decorrentes dos altos níveis de incertezas estatisticas envolvidas na determinação da dose infectante (DI_{50}).

O modelo Fractional Poisson desenvolvido por Messner et al. (2014) é considerado um caso especial do modelo de Teunis et al. (2008), que assume total imunidade e susceptibilidade na população em estudo; a dose, à semelhança dos outros modelos aqui abordados, é dada pela distribuição de Poisson. Esse modelo pretende superar algumas fragilidades inerentes ao uso da distribuição beta para o parâmetro de infectividade r no modelo de Teunis et al. (2008); por exemplo, para valores de α=0,04 e β = 0, a distribuição beta se torna extramente bimodal com valores concentrados nos extremos, isto é torno de 0 ou 1 conforme mostra a Figura 2.4.

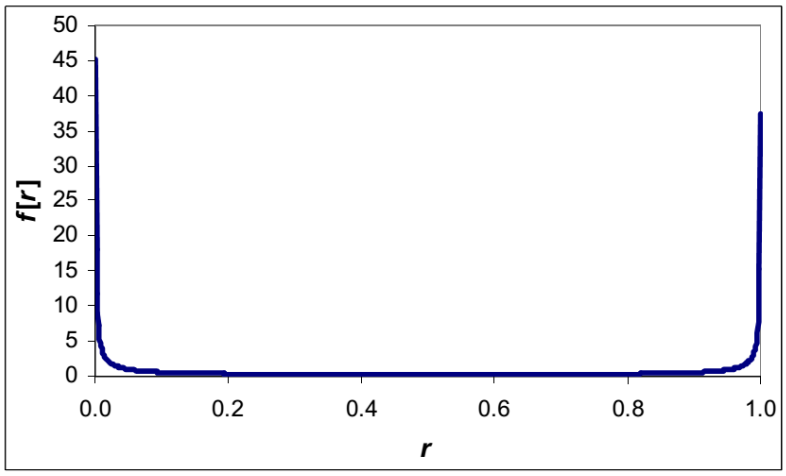


Figura 2 1 . Função densidade de probabilidade do modelo beta-Poisson com parâmetros α=0.04 e β = 0.055.

Fonte : Teunis (2014, Comunicação Pessoal)

Nesse caso, ilustrado na Figura 2.4, segundo Messner et al. (2014), Schmidt (comunição pessoal em 2014), a distribuição beta não é apropriada para norovírus visto que o parâmetro infectividade (r) varia de 0,001 a 0,999, porém a massa de probabilidades nessa faixa é de apenas 0,27; em outras palavras, 73% da massa de probabilidades cai abaixo de 0,001 ou acima de 0,999.

Segundo esses autores, essas observações remetem ao entendimento de que a população em estudo é composta com indivíduos quase perfeitamente imunes ou susceptíveis à infeção por norovírus e, com isso, se pode excluir os restantes valores de função de probabilidade com execção de 0 (para perfeitamente imune) e 1 (para perfeitamente susceptíveis). Tendo isso em conta, o modelo Fractional Poisson (Equação 2.29) foi deduzido, assumindo que a infeção ocorre segundo a distribuição de Bernoulli.

$$P(\inf|\lambda, P) = P.\left(1 - e^{\frac{-\lambda}{\mu}}\right) \tag{2.29}$$

Onde P = fração perfeitamente susceptível e $1 - e^{-\lambda}$ é a probabilidade de ingerir 1 ou mais patógenos; μ = parâmetro de agregação do vírus.

Este modelo é bastante simples, plausível e bastante amigável quando comparado com o modelo de Teunis et al. (2008), e as respectivas estimativas dos parâmetros P e μ pelo método de máxima verossilhança foram 0,722 e 987. As vantagens, desvantagens, bem como outras observações sobre os dois modelos (Teunis et al., 2008 e Messner et al., 2014) referentes ao norovírus podem ser encontradas em Schimidt (2014).

2.3.6. Modelo Weibull-gama

O modelo Weibull-gama, outro modelo de natureza não limiar, também tem sido proposto para modelar a relação dose-resposta (VOSE, 2008). Este modelo tem como suposição que a probabilidade de qualquer organismo individualmente causar infecção é descrita pela função de distribuição cumulativa de uma distribuição Weibull (Equação 2.30).

$$P(\text{inf}|D) = 1 - \exp(-aD^b) \tag{2.30}$$

Onde: $P(\text{inf}|D)$= probabilidade de um individuo não ser infectada dada dose média [representa a probabilidade de um individuo não ser infectado até que o n^o organismo de uma dose D chegue ao hospedeiro]; a = probabilidade que um organismo infecte o hospedeiro de forma independente dos demais que compõem a dose; b =descreve o quão rapidamente o sistema imunológico do hospedeiro se desgasta.

Como apresentado por Vose (2008), a distribuição de Weibull é comumente utilizada em teoria da confiabilidade para descrever o tempo de falha de um sistema ou de um componente. Aplicada ao contexto de AQRM, o tempo é substituído pela dose e a falha do componente pela incapacidade do sistema imunológico em combater a exposição aos microrganismos patogênicos.

Nesse caso, pressupõe-se que a probabilidade de qualquer organismo individualmente causar infecção seja distribuída segundo a função gama, de modo que o parâmetro b da Equação 2.30 é substituído por uma função gama (α, β), conforme mostrado na Equação 2.31.

$$P(\text{inf}|D) = 1 - \exp(\text{Gamma}(\alpha,\beta).D^b) \tag{2.31}$$

A distribuição gama aplicada à dose é dada pela Equação 2.32

$$f(D) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \beta^{-\alpha} D^{\alpha-1} e^{-\beta D} \tag{2.32}$$

Onde: α = parâmetro de forma e β = Parâmetro de escala

Após a integração da distribuição gama (Equação 2.32), a probabilidade de infecção (Equação 2.31) pode ser reescrita conforme a Equação 2.33.

$$P(\text{inf}|D) = 1 - \left[1 + \left(\frac{D^b}{\beta}\right)\right]^{-\alpha} \tag{2.33}$$

Como pode ser observado, este modelo possui três parâmetros, o que lhe confere flexibilidade para se ajustar a variados bancos de dados, porém à custa de incerteza mais elevada (VOSE, 2008). Dentre as propriedades do modelo Weibull-Gama, podem ser destacadas:

(i) b >>1 implica que mais rápido é o desgaste ou o colapso do sistema imunológico;

(ii) b = 1 significa que o sistema imunológico é "sem memória"; em outras palavras, o sistema imunológico enfrentará o último organismo como se fosse o primeiro e nessa condição, matematicamente, este modelo se aproxima do modelo beta-Poisson (HOLCOMB et al., 1999).

(iii) b < 1 significa que o sistema imunológico torna-se cada vez mais robusto em lidar com os patógenos à medida que este chegam no organismo hospedeiro.

(iv) quando α = 1 o modelo Weibul-Gama reduz-se ao log-logistico (HOLCOMB et al., 1999).

2.3.7. Outros modelos dose-resposta

A seguir são apresentados outros modelos dose-resposta, porém empíricos e biologicamente pouco plausíveis porque nao se aproximam da infecciosidade experimental do microrganismo para expressar a probabilidade de infecção como resultado da ingestão de um determinado número de microrganismos e a medição da resposta (Haas et al., 1999).

Não obstante, com o oargumento de que os “single-hit models” sobrestimam riscos em doses baixas (FAO/WHO, 2003). esees modelos podem constituir alternativa em estudos de AQRM.

Os modelos empíricos partem do pressuposto de que uma população de indivíduos suscetíveis possui uma distribuição de tolerância intrínseca ao efeito adverso de determinado agente. Dessa forma, quando a população for exposta a determinado nível do agente, todos os indivíduos da população que possuem nível de tolerância menor ou igual ao nível da dose exibirão efeitos adversos

Os modelos empíricos aqui descritos foram obtidos a partir da Equação 2.34 proposta por Kodell et al. (2002), a qual é composta por três funções.

$$P(\inf|\lambda_i,\theta)=\sum_{j=1}^{\infty} g(j|\lambda_i)\int_{-\infty}^{\infty} P(r|j).f(r|\theta)\,dr \qquad (2.34)$$

Onde:

$g(j|\lambda_i)$ = função massa de probabilidade, a qual governa a dose (média ou conhecida) real de exposição de indivíduos em determinada população, assumindo que as doses são independentes e que em cada uma delas são ingeridos j microrganismos;

$P(r|j)$ = probabilidade com parâmetro r de um individuo ser infectado após um evento de exposição a j microrganismos; traduz a probabilidade de um microrganismo iniciar a infecção desde que esteja viável; é expressa pela Equação 2.13

$f(r|\theta)$ = função densidade de probabilidade atribuída à infecção, expressa pelo parameto r.

Para dedução de modelos DR limiares (threshold models), a probabilidade de infecção $P(r|j)$ a ser incorporada na Equação 2.34 é dada pela Equação 2.35.

$$P(r|j)=I_{[t,\infty]}(j)=\begin{cases}1 & \text{se } r\le j\\ 0 & \text{caso contrário}\end{cases} \qquad (2.35)$$

Esta equação realça que para cada indivíduo em determinada população existe um número limiar de microrganismos (threshold) a ser ingerido para iniciar a infecção. Nos treshold models, o processo infeccioso é dado pela função cumulativa de densidade de probabilidade da função $f(r|\theta)$.

A seguir, são apresentadas, de forma sumária, deduções de alguns modelos dDR limiares e não limiares, além dos não limiares já discutidos.

2.3.7.1. Modelo exponencial-exponencial

Sejam:

(i) $g(j|\lambda_i)$: Distribuição de Poisson caracterizada pela média $\alpha + \beta D_i (\alpha > 0 ; \beta > 0)$

(ii) $P(r|j)$: Probabilidade de infecção não limiar ($j \geq 1$) dada pela Equação 2.13

(iii) $f(r|\theta)$: Distribuição exponencial com parâmetro $\gamma > 0$.

Da conjugação dessas funções se obtém o modelo DR exponencial-exponencial, que possui três parâmetros: α = parâmetro forma, β = parâmetro de escala e τ =parâmetro de posição (Equação 2.36) (KODELL et al., 2002).

$$P(\inf|\lambda_i, \alpha, \beta, \tau) = 1 - \left(1 + \frac{\alpha}{\gamma} + \frac{\beta\lambda_i}{\gamma}\right)^{-1} \quad (2.36)$$

2.3.7.2. Modelo Exponencial-Gama

Sejam:

$g(j|\lambda_i)$: Distribuição de Poisson caracterizada pela média λ,

$P(r|j)$: Probabilidade de infecção não limiar (j ≥ 1) (Equação 2.13), e

$f(r|\theta)$: Distribuição gama com parâmetros $\alpha > 0$, $\beta > 0$, $\tau > 0$, na qual τ é o parâmetro de posição.

Da conjugação dessas funções se obtém o modelo dose-reposta Exponencial-Gama (EG) expressa pela Equação 2.37. Quando τ = 0 esse modelo se reduz ao modelo beta-Poisson (KODELL et al., 2002).

$$P(\text{inf}|\lambda_i, \alpha, \beta, \tau) = 1 - \frac{\exp(-\tau\lambda_i)}{\left(1 + \frac{\lambda_i}{\beta}\right)^{\alpha}} \quad (2.37)$$

Este modelo também possui três parâmetros, a saber: α = parâmetro de forma, β = parâmetro de escala e τ =parâmetro de posição.

2.3.7.3. Modelo Weibull – Exponencial

Sejam:

$g(j|\lambda_i)$: Distribuição do Poisson caracterizada pela dose média D,

$P(r|j)$: Probabilidade de infecção não limiar (j ≥1) (Equação 2.13), e

$f(r|\theta)$: Distribuição exponencial com parâmetros β e τ.

Da conjugação dessas funções, se obtém o modelo dose-resposta Weibull-Exponencial expresso pela Equação 2.38 e caracterizado por α = parâmetro forma, β = parâmetro de escala e τ = parâmetro de posição (KODELL et al., 2002).

$$P(\inf|\lambda_i, \alpha, \beta, \tau) = 1 - \frac{\exp(-\tau\lambda_i)}{\left(1 + \frac{\lambda_i^{\gamma}}{\beta}\right)^{\alpha}} \quad (2.38)$$

Quando $\tau = 0$ esse modelo se reduz ao modelo dose-resposta log-logístico

2.3.7.4. Modelo Shifted-Weibull

Sejam:

$g(j|\lambda_i)$: função indicadora ($I_{[j=di]}$),

$P(r|j)$: probabilidade de infecção limiar (j > 1)

$f(r|\theta)$: distribuição Weibull (α, β, γ)

A combinação desses componentes resulta no modelo DR denominado Shifted-Weibull, mostrado na Equação 2.39 (HOLCOMB et al., 1999 ; KODELL et al., 2002).

$$P(\inf|\lambda_i, \alpha, \beta, \gamma) = \begin{cases} 1 - \exp\left\{-\left[\frac{(\lambda_i - \alpha)}{\beta}\right]^{\gamma}\right\} & \lambda_i \geq \alpha \\ 0 & 0 < D_i < \alpha \end{cases} \quad (2.39)$$

O parâmetro α representa a população da dose infectante que define a forma do gráfico, β é o parâmetro de escala e γ o parâmetro de posição.

2.3.7.5. Modelo Gompertz

Sejam:

$g(j|\lambda_i)$: Distribuição de Poisson caracterizada pela dose média $\alpha + \beta \log \lambda_i$,

$P(r|j)$: probabilidade de infecção limiar (j > 1)

$f(r|\theta)$: Distribuição discreta (point-mass distribuition),

Da conjugação dessas funções se obtém o modelo DR Gompertz, dado pela Equação 2.40 (KODELL et al., 2002); essa função é também conhecida por distribuição de valores extremos (COLEMAN e MARKS, 1999).

$$P(d_i;\alpha,\beta)=1-\exp[-\exp(\alpha+\beta\log d_i)], \quad -\infty<\alpha<\infty, \quad \beta>0 \tag{2.40}$$

O parâmetro α representa o parâmetro de forma e β o de escala.

2.3.7.6. Modelo log-probit

Contrariamente aos modelos acima arrolados, a dedução do modelo DR lognormal ou log-probit, dado pela Equação 2.41, leva em consideração apenas a Equação 2.35 e a componente $f(r|\theta)$, que corresponde à função densidade cumulativa lognormal. (HAAS, 1999; HOLCOMB et al., 1999; KODELL et al., 2002)

$$P(\text{inf}|D)=\Phi\left(\frac{1}{q_2}\ln\frac{D}{q_1}\right) \tag{2.41}$$

Onde: Φ = Função cumulativa da distribuição normal, q_1 = Intercepto, q_2 = coeficiente angular dado em função da dose,

2.3.7.7. Modelo log-logístico

A dedução do modelo DR log-logístico (Equação 2.42) leva em consideração a Equação 2.35 e a componente $f(r|\theta)$ dada pela Equação 2.13, a qual assume a função densidade cumulativa log-logística. (HAAS, 1999; HOLCOMB et al., 1999; KODELL et al., 2002).

$$P(\text{inf}|D)=\frac{1}{1+\exp[q_1-q_2\ln(d)]} \tag{2.42}$$

Onde: q_1 = Intercepto, q_2 = coeficiente angular que expressa a forma da curva ao longo do eixo correspondente à dose.

2.3.8. Síntese sobre os modelos dose-resposta aplicáveis em AQRM

O Quadro 2.1 resume as caraterísticas dos principais modelos DR acima descritos.

Em geral, os modelos dose-resposta são considerados biologicamente plausíveis para agentes patogênicos se, em primeiro lugar, considerarem (i) a natureza discreta e aleatória dos organismos patogênicos na matriz e (ii) a ação independente entre os patógenos. Essa condição tem sido cumprida pela utilização da distribuição de Poisson na descrição da dose ingerida durante o processo de exposição (FAO/WHO, 2003; HAAS et al., 2014). Em segundo lugar, os modelos devem observar o pressuposto que a infecção pode ocorrer a partir de um ou mais patógenos que sobrevivam às várias barreiras no interior do hospedeiro a partir de uma dose inicial; esta condição tem sido cumprida pela escolha de funções densidade de probabilidades apropriadas, tais como a distribuição binomial e a distribuição beta (FAO/WHO, 2003; HAAS et al., 2014). .

.

Os single-hit models pertencem a um conjunto específico de uma ampla classe de modelos, chamados mecanísticos, e têm sido os modelos de escolha para aplicação em AQRM, ainda que apresentem várias fragilidades em seus próprios pressupostos teóricos, bem com em relação aos dados dose-resposta que lhes deram origem.

HAAS et al. (1999) descrevem outros modelos, os quais admitem a existência de limiares, isto é, um número mínimo de organismos sobreviventes no hospedeiro (maior que 1) necessários para provocar infecção. Entretanto, a própria base conceitual desses modelos, que ignoram a probabilidade (baixa que seja) de risco em doses baixas, constitui a grande limitação de seu emprego em AQRM aplicada à exposição ambiental, caracterizada por exposição a doses baixas.

Dado o argumento intuitivo que os single-hit models superestimam o risco em baixas doses (FAO/WHO, 2003), modelos empíricos, tais como o log-logístico, log-probit e Weibull-Gama acima descritos, também têm sido propostos para a modelagem da relação dose-resposta. Entretanto, como já discutido, esses modelos, também apresentam sérias restrições ao emprego em AQRM e, de acordo com Haas (1999), têm sido mais bem empregados em estudos de toxicidade química.

Quadro 2.1. Características dos principais modelos dose-resposta que podem ser obtidos quando são atribuídas diferentes funções densidades de probabilidades ao parâmetro r

Tipo de modelo	Função (densidade) de probabilidade relativa a dose $g(j\|\lambda_i)$	Probabilidade de infecção $P(r\|j)$	Densidade de probabilidade $f(r\|\theta)$	Modelo Dose-Resposta	Estado dos microganismos na matriz	Fonte
Não limiar Single hit model	Poisson (Eq 2.1)	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	-	Exponencial (Eq 2.14)	Dispersos	Haas (1999); FAO/ WHO (2003)
	Poisson (Eq 2.1)	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distribuição Beta (Eq 2.17)	Beta-Poisson simplificado (Eq 2.21). Se: β>>1 e α<<β	Dispersos	Haas (1999); Kodell et al. (2002); FAO/ WHO (2003)
	Poisson (Eq 2.1)	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distribuição Beta (Eq 2.17)	Função hipergeométrica de Kummer (Eq 2.20)	Dispersos	Haas (1999) Kodell et al. (2002); FAO/ WHO (2003)
	Binomial negativa	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distribuição Beta (Eq 2.17)	Beta-Poisson*	Agregados	Teunis (1997)
	Poisson com dose média (λ_i^{γ})	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distribuição Gama (Eq 2.32)	Weibull-Gama (Eq 2.31)	Dispersos	Holcomb et al. (1999); Kodell et al. (2002); FAO/ WHO (2003)
	Poisson com media d = α+βdi (α>0; β > 0).	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distribuição exponencial	Exponencial-Exponencial (Eq 2.36)	Dispersos	Kodell et al. 2002; FAO/ WHO (2003)
λ	Poisson com media d	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distribuição Gama (α>0,β>0, τ>0	Exponencial-Gama (Eq 2.37)	Dispersos	Kodell et al. (2002); FAO/ WHO 2003
	Poisson com dose média (λ_i^{γ})	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distribuição Exponencial β>0, τ>0)	Weibull-Exponencial (Eq 2.38)	Dispersos	Kodell et al. (2002); FAO/ WHO 2003
	Poisson stopped logarithmic series distribution	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distribuição Beta (Eq 2.17)	Hipergeométrica com parâmetro "a" (Eq 2. 27)	Agregados	Teunis et al. (2008)
	Poisson (Eq 2.1)	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Distibuição de Bernoulli	Fractional Poisson (Eq 2.29)	Agregado	Messner et al. (2014)
	Poisson com media (α+βlgλ).	Probabilidade de infecção (j≥1) (Eq 2.13)	Função distribuição de probabilidades	Gompertz (Eq 2.40)	Dispersos	Holcomb et al. (1999); Kodell et al. (2002);
Limiar Threshold model	Função distribuição de probabilidades	Probabilidade de infecção (j>1) (Eq 2.35)	Função densidade probabilidade cumulativa lognormal	Probit (Eq 2.41)	Dispersos	Holcomb et al. (1999); Kodell et al. (2002)
	Função distribuição de probabilidades	Probabilidade de infecção (j>1) (Eq 2.35)	Função densidade probabildade cumulativa log logística	Log - logístico (Eq 2.42)	Dispersos	Holcomb et al. (1999); Kodell et al.(2002)
	Poisson com media	Probabilidade de infecção (j>1) Eq (2.35)	Função densidade probabildade cumulativa Weibull	Shifted Weibull (Eq 2.39)	Dispersos	Kodell et al. (2002)

Pressuposições diferentes da distribuição aleatória (Poisson) dos organismos no meio também têm sido testadas. Por exemplo, Haas (2002) avaliou a "superdispersão" dos organismos, representada por distribuições binomial negativa e Poisson log-normal, concluindo que essa condição de exposição por ingestão, em geral, reduz o risco associado a uma dada dose, mas que esse efeito é menor em doses baixas, região onde a relação dose-resposta tende a permanecer linear. De forma similar, e como explorado no item 2.3.5, Teunis et al. (2008) analisaram o efeito de agregação de vírus (norovírus), indicando que essa situação leva à estimativas mais baixas de risco do que o modelo beta-Poisson tradicional à medida que a dose decresce, mas que isso se vê minimizado para valores mais baixos de dose. Concluiu-se, então, que o pressuposto de distribuição aleatória e discreta (ao contrário da agregação) dos organismos na matriz (água, esgosto, alimentos etc) leva a estimativas conservadoras de risco, o que, do ponto de vista de proteção à saúde, joga a favor da segurança.

Em suma, apesar das suas limitações, os modelos DR não limiares fornecem uma base prática e útil para AQRM e muitos dos estudos dedicados à modelagem da relação dose-resposta têm respaldado o uso dos modelos exponencial (principalmente para protozoários) e beta-Poisson (principalmente para bactérias e vírus). O Quadro 2.2 mostra algumas das variantes desses modelos, cujos parâmetros foram, em sua maioria, calculados pelo método de máxima verossimilhança.

No Quadro 2.2 se nota o destaque às referências à Teunis et al. (1996), um dos primeiros, e ao mesmo tempo mais completos, estudos de ajuste de modelos DR a dados experimentais com humanos. Esses autores constataram que, em geral, o modelo beta-Poisson, com suas características de respostas menos acentuadas e intervalos de confiança mais largos, se apresentava como o mais adequado aos dados então existentes, tipicamente limitados; mais adequado, em geral, do que o modelo exponencial, que se mostrava, entretanto, apropriado para modelar dose-reposta de protozoários (Giardia e Cryptosporidium).

Trabalhos posteriores têm reavaliado os parâmetros dos modelos inicialmente propostos ou mesmo a adequação dos modelos DR para alguns patógenos. Por exemplo, Teunis et al. (2005) propuseram um segundo modelo para Campylobacter, mais conservador (isto é, estima riscos mais elevados) que o inicialmente apresentado por Medema et al. (2006) para doses baixas e, em

contrapartida, subestima os riscos de infecção associados à doses mais elevadas. Em outros estudos foi investigada a variabilidade na infectividade de Cryptosporidium, entre diferentes cepas (TEUNIS et al., 2002a) e entres hospedeiros (TEUNIS et al., 2002b); um novo modelo beta-Poisson foi ajustado aos dados combinados das diferentes cepas de Cryptosporidium, o qual, para doses baixas, chega a estimar riscos duas ordens de magnitude mais elevados do que o modelo original (PETTERSON et al., 2006).

Por fim, no que diz respeito aos patógenos, até recentemente estudos de AQRM se limitavam a bactérias, vírus e protozoários, pois não se dispunha de informações dose-resposta para helmintos. Navarro et al. (2009) propuseram o emprego de um modelo beta-Poisson (com os parâmetros especificados no Quadro 2.2) para a estimativa de riscos de infecção por Ascaris lumbricoides. O modelo foi estimado com base em dados de qualidade de água residuária utilizada para irrigação no México, em estimativas de contaminação de hortaliças irrigadas com estas águas, em cenários hipotéticos de exposição por consumo de hortaliças (tudo isso compondo o modelo de exposição) e em dados epidemiológicos obtidos de populações expostas ao consumo de hortaliças irrigadas com águas residuárias (também no México, mas não na mesma localidade do dados de qualidade da água residuária). Entretanto, por conta das próprias bases do modelo proposto por Navarro et al. acima apresentadas sumariamente, Bastos (2009) questiona sua essência como modelo dose-resposta e recomenda cautela em seu emprego. São argumentos de Bastos (2009):

(i) A base de dados utilizada, não provém de um estudo específico e direto de dose (isto é, de ensaios de ingestão de A. lumbricoides em humanos), portanto, os valores dos parâmetros obtidos não representam infectividade real (por exemplo, DI_{50} não é uma medida real da dose infecciosa média para A. lumbricoides), mas sim valores empíricos decorrentes de análises estatísticas.

(ii) A base de dados referentes à dose e resposta, da qual foi ajustada a equação de dose-resposta, provém de diferentes fontes. Os dados de resposta (infecção) provêm de um estudo epidemiológico sobre a prevalência de A. lumbricoides entre uma dada população (crianças com menos de 15 anos de idade) expostas à irrigação com águas residuais no Vale do Mezquital, México (CIFUENTES et al., 1991, 1993; BLUMENTHAL et al., 1996). A

informações de dose provêm de dados de A. lumbricoides em efluente utilizado para irrigação no mesmo Vale, porém em tempo e lugar distintos (JIMENEZ et al., 1992).

(iii) As doses de Ascaris foram apenas estimadas (não medidas) com base na qualidade das águas residuárias (como descrito acima) e recorrendo aos seguintes pressupostos: (a) um valor fixo de 10 ml de água residuária restantes sobre 100 g de culturas irrigadas com água residuárias, tal como proposto por Shuval et al. (1997); (b) um valor fixo para consumo per capita de 100g de culturas cruas por semana, durante um ano (com base em taxas de consumo das culturas para população dos Estados Unidos, ao invés de taxas de consumo referentes população Mexicana onde o estudo foi realizado).

Em relação aos demais patógenos, embora haja dados e modelos DR disponíveis para ampla variedade de organismos (principalmente para bactérias e vírus), Campylobacter, rotavírus e Cryptosporidium têm sido os organismos de referência mais comumente utilizados em estudos de AQRM, porque, dentre as bactérias, os vírus e os protozoários, são organismos com elevada infectividade e, ou por causa da sua importância epidemiológica associada às doenças de veiculação hídrica ou alimentar.

Porém, mais recentemente, com a disponibilização de modelos DR para norovírus (TEUNIS et al., 2008) e dado que estes vírus são os principais agentes de gastroenterite viral em todo o mundo, tem sido proposto que norovírus seja utilizado como referência em modelos de AQRM, em lugar de rotavírus (MARA e SLEIGH, 2010ab).

Quadro 2.2. Modelos dose-resposta disponíveis na literatura para aplicação em AQRM.

Microrganismo		**Cepa**	**Modelo DR**	**Valor dos parâmetros (Intervalo de confiança 95%)**				**Análise dos modelos dose-resposta**	**Referência dos dados Experimentais**
				r	**α**	**β**	**DI_{50}**		
Vírus	Rotavírus	CNJ	β-Poisson	-	0,253	0,422	6,11E	Teunis et al. (1996)	Ward et al. (1986) 62 voluntário (18-45 de idade)
			F.hipergeométrica	-	0,167	0,191	$1,19x\ 10^{1}$	Tenuis e Havelaar (2000)	Ward et al. (1986) 62 voluntário (18-45 de idade)
	Echovirus	Echovirus 12	β-Poisson	-	0,401	227,2	$1,05\ x\ 10^{3}$	Teunis et al. (1996)	Schiff et al. (1984) 149 Voluntário (18-45 de idade)
	Poliovírus	Poliovirus 1SM	β-Poisson	-	$3,8x10_{6}$	$7,7x10^{6}$	1,49	Teunis et al. (1996)	Koprowski (1956) 13 adultos Voluntários
			Exponencial	0,491			1,4		
	Poliovirus	1 (LSc2ab	β-Poisson		0,114	159	$6,93\ x\ 10^{3}$	Teunis et al. (1996)	Lepow et al. (1962) (272 recém -nascidos < 5 dias),
	Poliovirus	1	Exponencial	$9,1x10^{-3}$ ($4.98x10^{-3}$-$15.3x10^{-3}$)	-	-	$7,62\ x\ 10^{1}$	Teunis et al. (1996)	Minor et al.(1981) Crianças de 2 meses
	Poliovirus	3Fox	Exponencial	$2,992x10^{-2}$	-	-	$2,32\ x\ 10^{1}$	Teunis et al. (1996)	Plotkin et al. (1959) Crianças com peso de 1740-2160 gramas
			β-Poisson	-	0,533	2,064	5,51		
	Poliovirus	3Fox (enfraquecido)	Exponencial	0,182	-	-	3,81	Teunis et al. (1996)	Katz e Plotkin et al,(1959) 22 crianças prematuras
			β-Poisson	-	0,299	0,552	5,05		
	Norwalk virus humano	Norovírus (8fiia)	Exponencial	0,095	-	-	7,30	Teunis et al. (1996)	Teunis et al. (2008)
			β-Poisson	-	0,111	32,81	$1,69\ x\ 10^{4}$		
Microrganismo		**Cepa**	**Modelo DR**	**Valor dos parâmetros**				**Análise dos modelos dose-resposta**	**Referência dos dados Experimentais**
				r	**α**	**β**	**ID_{50}**		
Bactérias do gênero Campylobacter	C.. jejuni	A3249 81176	β-Poisson	-	0,145	7,589	$8,97\ x\ 10^{2}$	Teunis et al. (1996)	Black et al. (1988) Voluntário
	C.. jejuni	A3249 81176	F.hipergeométrica	-	0,45	8,007	$2.94x\ 10^{1}$	Tenuis e Havelaar (2000)	
Bactérias do gênero Salmonella	S. meleagridis	I+II+III	β-Poisson	-	,429	5685	$2,29\ x\ 10^{4}$	Teunis et al. (1996)	McCullough e Eisele (1951a) Voluntário (reclusos)
	S. anatum	I+II+III	β-Poisson	-	0,451	15177	$5,54\ x\ 10^{4}$		
	S. newport		Exponencial	$3,97x10^{-6}$ ($1.98x10^{-6}$-$7.46x10^{-6}$)	-	-	$1,75\ x\ 10^{5}$	Teunis et al. (1996)	McCullough e Eisele (1951b) Voluntários
	S. derby		Exponencial	$2,19x10^{-7}$ ($1.28x10^{-7}$-$3.51x10^{-7}$)	-	-	$3,17\ x\ 10^{6}$	Teunis et al. (1996)	
	S. bareilly		Exponencial	$3,19x10^{-6}$ ($1.65x10^{-6}$-$5.81x10^{-6}$)	-	-	$2,17\ x\ 10^{5}$	Teunis et al. (1996)	
	S. pullorum	I+II+III+V	Exponencial	$3,48x10^{-10}$ ($2.18x10^{-10}$-$5.50x10^{-10}$)	-	-	$1,99\ x\ 10^{9}$	Teunis et al.(1996)	McCullough e Eisele (1951c) Voluntários
	S. typhi	Quailes	β-Poisson	-	0.203	29173	$8,58\ x\ 10^{5}$	Teunis et al. (1996)	Hornick et al. (1970) Voluntários homens

Quadro 2.2. Modelos dose-resposta disponíveis na literatura para aplicação em AQRM (continuação)

Microrganismos		**Cepa**	**Modelo DR**	**Valor dos parâmetros (Intervalo de confiança 95%)**				**Análise dos modelos dose-resposta**	**Referência dos dados Experimentais**
				r	**α**	**β**	**DI_{50}**		
Bactéria do gênero Pleisonomas	P. Shigelloides	P009-P013	β-Poisson		0,057	1174	$2,24 \times 10^{8}$	Teunis et al. (1996)	Herrington et al. (1987) 33 Voluntários homens (18-31)
Bactéria do gênero Shigella	S. flexineri	2457T	β-Poisson	-	0,143	284,3	$3,59 \times 10^{4}$	Teunis et al. (1996)	DuPont et al. (1969) Voluntario homens (21-44 anos)
	S. flexineri	WFWI	Exponencial	$3,85 \times 10^{-9}$ (1.07×10^{-9}-13.3×10^{-9})	-	-	$1,80 \times 10^{8}$	Teunis et al. (1996)	Shaughnessy et al. (1946) Voluntários reclusos
	S. dysenteriae	A-1+ M131	β-Poisson	-	0,157	9,16	$7,48 \times 10^{2}$	Teunis et al. (1996)	Levine et al.(1973)
	S. dysenteriae	-	β-Poisson	-	0,157	9.17	$7,42 \times 10^{2}$	Powell et.al. (2000)*	Levine et al. (1973)
Bactéria do gênero Vibro	V. cholerae	Inaba 569b+Ogawa 395	β-Poisson	1.76×10^{-9} (4.28×10^{-10}-4.84×10^{-9})	0,508	$7,52 \times 10^{7}$	$2,19 \times 10^{8}$	Teunis et al. (1996)	Cash et al (1974) 111 voluntários saudáveis
Bactéria do gênero E.coli	E.coli O157: H7	-	β-Poisson	-	0,49		$5,95 \times 10^{5}$	Haas et al. (1999)*	Pai et al. (1986)
	E.coli O157: H7	EPEC	β-Poisson	-	0,221	8722.480		Powell et al.,(2000)	Levine et al. (1973)
Microrganismos		**Estirpe**	**Modelo DR**	**Valor dos parâmetros (Intervalo de confiança 95%)**				**Análise dos modelos dose-resposta**	**Referência dos dados Experimentais**
				r	**α**	**β**	**ID_{50}**		
Protozoários	G. lamblia	-	Exponencial	$1,99 \times 10^{-2}$ (4.4×10^{-3}-5.66×10^{-2})	-	-	$3,48 \times 10^{1}$	Teunis et al. (1996)	Rendtorff (1954) Voluntários (reclusos)
	C. parvum	Isolados de Bezerro	Exponencial	4.005×10^{-3} (2.05×10^{-3}-7.23×10^{-3})	-	-	$1,73 \times 10^{2}$	Teunis et al. (1996)	DuPont et al.(1995) Voluntários saudáveis
	Entamoeba coli	Isolados humanos	β-Poisson	-	0,106	0,295	$8,59 \times 10^{2}$	Teunis et al. (1996)	Rendtorff (1954) Voluntários (reclusos)
Microrganismos		**Cepa**	**Modelo DR**	**Valor dos parâmetros (95% de Intervalo de confiança)**				**Análise dos modelos dose-resposta**	**Referência dos dados Experimentais**
				r	**α**	**β**	**ID_{50}**		
Helmintos	Ascaris lumbricoides		β-Poisson	-	0,104	1,096	859	Navarro et al.(2009)	Jimenez et al. 1992
			Exponencial	0,039	-	-	-		

* Parâmetros estimados usando o método dos desvios dos quadrados do teste χ^2. Fonte: adaptado de Bastos (2009)

2.4. CARACTERIZAÇÃO DO RISCO

A etapa de caracterização do risco envolve o cálculo de probabilidade total de infecção, usualmente probabilidade anual [$P_{I(A)}$], a partir das estimativas de probabilidade de infecção por evento de exposição [$P_{I(d)}$] (Equação 2.43)

$$P_I(A) = 1 - \left[1 - P(\text{inf}|D)\right]^n \tag{2.43}$$

Onde: $P_I(A)$ é o risco anual de infecção a partir de n exposições à dose d; $P_I(A)$ também pode ser interpretada como o risco ao longo de períodos mais curtos, ou mais longos, por exemplo, n exposições durante m meses.

Esta equação resulta do entendimento de que, se as exposições consecutivas são consideradas independentes, a probabilidade total de uma ou mais infecções pode ser calculada de acordo com os pressupostos de um processo binomial (uma série de eventos com apenas dois resultados possíveis - infecção ou não infecção).

No entanto, a Equação 2.43 assume que a dose e, por conseguinte, a probabilidade de infecção correspondente, é constante em cada evento de exposição. Em outras palavras, esta equação requer apenas uma única estimativa da probabilidade de infecção por evento de exposição (por exemplo, diária) para se estimar a probabilidade total de infecção (por exemplo, anual).

Como discutido por Karavarsamis e Hamilton (2010), a abordagem da Equação 2.43 é válida em modelagem determinística, onde a dose e, por conseguinte, a probabilidade de infecção, é representada por valor único, por exemplo, uma estimativa pontual da dose diária ou da dose diária média. No entanto, conforme esses autores, essa abordagem tem sido, errônea e amplamente, utilizada também em estudos estocásticos de AQRM, na perspectiva de considerar incertezas na estimativa da probabilidade anual de infecção.

Neste caso, como pontuam esses autores, como a Equação 2.43 assume probabilidade constante de infecção, determinada através de valor única de dose, isto leva à estimativa de risco anual imprecisa; portanto, repetir o cálculo muitas vezes por meio de simulação através da equação 2.43 apenas gera uma distribuição de estimativas imprecisas dos riscos anuais. De acordo com

Karavarsamis e Hamilton, este processo pode ser visto como uma pseudo-replicação. Assim, para uma abordagem apropriada da variabilidade do risco anal de infecção $P_{I(A)}$ em modelagem estocástica, a Equação 2.44 deve ser usado em vez da equação 2.43 (Benke e Hamilton, 2008; Karavarsamis e Hamilton, 2010)

$$P_{I(A)} = 1 - \prod_{i=1}^{n_p} (1 - p_{I(Di)})^{n_q} \qquad (2.44)$$

Onde $P_{I(A)}$ = representa a i-ésima probabilidade de infecção periódica; n_p = representa o número de probabilidades periódicas de infecção $p_{I(Di)}$ em um ano, e n_q representa o período durante o qual se estende a suposição da probabilidade constante diária de infecção.

A Equação 2.44 assume independência estatística das "probabilidades de infecção periódicas" e permite estimar 365 probabilidades de infecção diárias (no caso de estimativa de risco anual) ou, em outras bases temporais (periódicas), por exemplo, semanal, mensal.

Em vista do exposto, Karavarsamis e Hamilton (2010) chamam as estimativas de risco obtidas com as Equações 2.43 e 2.44, respectivamente de naive (Pnaive) e gold (Pgold), denominações estas mantidas no presente trabalho.

2.5. MODELAGEM ESTOCÁSTICA EM AQRM

2.5.1. Modelos determinísticos e estocásticos – aspectos conceituais introdutórios

Modelos de AQRM podem ser divididos em duas categorias: determinísticos e estocásticos. Na abordagem determinística, cada parâmetro de entrada do modelo é representado por valor único, usando representações estatísticas de um determinado conjunto de dados como, por exemplo, medidas de tendência central (tais como mediana, média aritmética, média geométrica) ou, em nome da cautela, percentis mais elevados para representar cenários desfavoráveis. Consequentemente, os modelos determinísticos também produzem um valor único para a variável-resposta (no caso, estimativa de risco), por exemplo, valor médio, ou um valor mais conservador.

No entanto, a maior limitação da abordagem determinística reside no fato de não levar em consideração a incerteza e a variabilidade que estão intrinsecamente associadas, na maioria dos casos, às variáveis de entrada de modelos de exposição e dos parâmetros de modelos DR. Incertezas surgem devido à falta de conhecimento preciso dos valores de entrada, ou do próprio sistema ou fenômeno que está sendo modelado. Variabilidade refere-se a diferenças atribuíveis à heterogeneidade ou diversidade natural, inerentes a uma variável ou fenômeno (MORGAN e HENRION, 2007). Portanto, a incerteza pode ser reduzida, muitas vezes pelo aprimoramento da pesquisa (mais dados, mais conhecimento e mais dados específicos), enquanto que a variabilidade, via de regra, não; porém pode ser mais bem caracterizada. (ZWIETERING e van GERWEN, 2000). Embora a variabilidade e incerteza tenham origem e significados diferentes, usualmente são consideradas em conjunto em modelos de risco, sob a denominação geral de "incertezas" ou "incerteza total" (VOSE, 2008).

Por sua vez, modelos estocásticos são aqueles em que as variáveis de entrada são assumidas em faixas de valores e de acordo com determinada distribuição de frequência ou de probabilidades, isto é, levando em consideração incertezas em torno de seus valores (MORGAN e HENRION, 2007). Nesses modelos, as variáveis de entrada podem tomar a forma de: (i) função massa de probabilidades (FMP)(ou simplesmente função de probabilidades), a qual define a probabilidade de uma variável aleatória discreta ser igual a um valor especificado, (ii) função densidade de probabilidades (FDP), a qual define a probabilidade de uma variável contínua assumir um valor dentre determinada faixa de valores. Além de descrever incertezas nas variáveis de entradas dos modelos de AQRM, a modelagem estocástica também fornece informações sobre a incerteza na variável de saída, ou seja, as estimativas de risco também são dadas como funções de probabilidade.

Uma vez atribuídas incertezas às variáveis de entrada, por exemplo, por meio de FMP ou FDP, o próximo passo na modelagem estocástica é avaliar como as incertezas se propagam através dos modelos e como impactam a estimativa de risco. Para tanto, como descrito por Morgan e Henrion (2007), se pode lançar mão dos seguintes tipos de métodos: (i) cálculo de incertezas na saída ou no resultado do modelo (output), induzidas pelas incertezas das variáveis de entrada, isto é métodos de propagação de incertezas; (ii) comparação da importância das incertezas das variáveis de entrada em termos de suas contribuições relativas às incertezas dos resultados, isto é,

métodos de análise de incerteza; (iii) cômputo dos efeitos de mudanças nas variáveis de entradas sobre as predições do modelo, isto é, análise de sensibilidade.

A seguir são discutidas algumas técnicas de análise e de propagação de incertezas em modelagem estocástica, particularmente úteis à aplicação em AQRM.

2.5.2. Método da máxima verossimilhança

O método de máxima verossimilhança pode ser usado na obtenção de valores dos parâmetros de um dado modelo (por exempplo, modelos DR) e também para construir intervalos de confiança dos mesmos.

Seja x_1, x_2,...,x_n uma amostra aleatória de uma população com função densidade de probabilidades $f(x|\theta)$ determinada pelos parâmetros θ_i, i= 1, 2,...,k. Para uma amostra particular x_1, x_2,...,x_n, o estimador de máxima verossimilhança ($\hat{\theta}$) do parâmetro θ é aquele que maximiza a densidade conjunta de x_1, x_2,...,x_n.(FERREIRA, 2009). Em virtude dos valores amostrais x_1, x_2,...,x_n, serem independentes, é possível definir a função densidade de probabilidades conjunta, ou função de verossimilhança (L), pelo produtório das densidades de cada x_i (i =1, 2,..,n). Assim, a função de verossimilhança L é definida pela Equação 2.47.

$$L(x_1, x_2, ...x_n|\theta) = \prod_{i=1}^{n} f(x_i|\theta) \tag{2.47}$$

O estimador de máxima verossimilhança é aquele que maximiza o valor de L. Uma das formas possíveis de sua obtenção consite em tomar a primeira derivada de L em relação ao parâmetro θ, igualar a zero e resolver para θ. Quanto se tem mais de um parâmetro como, por exemplo, nos casos do modelo beta-Poisson e Weibull, tomam-se as derivadas parciais de L com respeito a cada um dos parâmetros, iguala-se cada derivada a zero e resolve-se o sistema formado, obtendo-se os estimadores de máxima verossimilhança dos parâmetros. Por outro lado, quando não se conhece a(s) derivada(s) de L se pode utilizar métodos numéricos de aproximação como, por exemplo, o de Nelder-Mead.

Em muitas situações, porém, é difícil encontrar o máximo da função verossimilhança, mas como os valores que maximizam a função verossimilhança são os mesmos que maximizam o seu

logaritimo, uma vez que função logarítmica é monótona, geralmente se utiliza a função suporte ℓ , dada por $\ell = \ln L(\theta)$ ou $\ell = \log L(\theta)$ (CECON et al., 2012).

Como vantagens desse método, destaca-se o fato de ser assintoticamente não enviesado e também de poder ser usado em pequenas amostras sem perder rigor de precisão, sendo ainda possível se obter um estimador de variância mínima e intervalo de confiança (TEUNIS et al., 1996).

A título de exemplo dessa abordagem em estudos de AQRM, suponhamos que k_i (i=1,2,..,k), doses foram administradas em vários grupos de indivíduos T_i dos quais I_i foram infectados. Então, o número de indivíduos não infectados será dado pela diferença entre os grupos de indivíduos na qual as doses foram administradas (T_i) e os grupos de indivíduos infectados, isto é $T_i - I_i$ .Neste contexto, a função log verossimilhança será dada pela Equação 2.48 (TEUNIS et al., 1996):

$$\ell(\alpha,\beta|D) = -2\sum_{i=1}^{k}\{I_i \log f(\alpha,\beta|D) + (T_i - I_i)\log[1 - f(\alpha,\beta|D)]\} \quad (2.48)$$

Onde: D é a dose média, T_i total de indivíduos submetidos a dose ki e I_i é o número de infectados , α eβ são os parâmetros do modelo Beta-Poisson.

Na Equação 2.48 já está incorporada a seguinte relação dose-resposta (Equação 2.49), que vem a ser o modelo beta- Poisson simplificado definido no item 2.21.

$$f(\alpha,\beta|D) = 1 - \left(1 + \frac{D}{\beta}\right)^{-\alpha} \quad (2.49)$$

Onde: D = dose ingerida, α e β = parâmetros do modelo beta-Poisson.

Os valores dos parâmetros que maximizam essa função são chamados estimadores de máxima verossimilhança (EMV), que são $\hat{\alpha}$ e $\hat{\beta}$ e com os quais a relação dose resposta melhor se ajusta a uma dada base dados experimental. O grau com o qual a função do modelo se ajusta à base de dados (goodness of fit) pode ser avaliado pela diferença (desvio) entre a máxima verossimilhança já definida acima e a possível máxima verossimilhança (em inglês, likelihood

supremum) que pode ser calculada pela relação da probabilidade de infecção referente às frações observadas para cada dose aplicada (Equação 2.50).

Em estudos de dose-resposta, o likelihood supremum consiste na inserção à distribuição binomial.das proporções dos números infectados (I_i/T_i) em relação aos indivíduos exposto por cada dose.

$$\ell_{sup} = -2\sum_{i=1}^{k}\left\{ I_i \log\left(\frac{I_i}{T_i}\right) + \left(T_i - I_i\right)\log\left(\frac{T_i - I_i}{T_i}\right) \right\} \qquad (2.50)$$

Onde: $I_i > 0$ ou $T_i - I_i > 0$

A diferença entre as equações 2.49 e 2.50 é chamada de deviance (D), sendo expressa pela Equação 2.51.

$$D = \ell(\alpha,\beta) - \ell_{sup} \sim \chi^2_{k-2} \qquad (2.51)$$

Onde: D é a deviance, $\ell(\alpha,\beta)$ é a função log-verossimilhança e ℓ_{sup} é o likelihood supremum.

Em teste de razão de verossimilhança, a deviance pode ser aproximada a uma variável aleatória qui-quadrado, com graus de liberdade igual ao número de grupos de dosagem menos o número de parâmetros do modelo, que nesse caso são dois (alfa e beta); isso explica a expressão (k-2) na equação 2.51.

Cumpre esclarecer que teste da razão de verossimilhança é um teste estatístico utilizado para comparar a qualidade do ajuste (I) dos dois modelos, um dos quais é conhecido por modelo nulo e o outro por modelo alternativo. O teste baseia-se na razão de probabilidade, que expressa o número de vezes mais provável em que os dados estão sob um modelo do que o outro. Esta razão de probabilidade, ou seu logaritmo, pode então ser utilizado para computar o p-value, para se decidir a rejeição do modelo nulo em favor do modelo alternativo (WILKS 1937; HUELSENBECK e CRANDALL 1997; CASELA e BERGER, 2001).

2.5.3. Amostragem aleatória em variáveis de entrada – simulação de Monte Carlo

Como forma de assegurar a propagação, através do modelo, das incertezas em torno das variáveis de entrada, amostras de cada uma dessas variáveis são aleatoriamente tomadas em suas respectivas funções distribuição de probabilidades para o cômputo da variável de saída. Este processo é repetido m vezes (m iterações), produzindo m cenários independentes com seus respectivos valores de saída, os quais constituem uma amostra aleatória da distribuição de probabilidades induzida pelas distribuições de probabilidades das variáveis de entrada. Assim, a precisão dessa simulação depende do tamanho da amostra, ou seja, do número de iterações.

Simulação Monte Carlo (SMC) é a forma mais usual de computar e propagar incertezas em determinado modelo e tem sido amplamente utilizada há décadas em vários campos, como na engenharia (particularmente na avaliação de risco), negócios e análise financeira.

Para entendimento da base matemática da integração Monte Carlo, sergundo explanação de Robert e Casella (2010), suponhamos que h(x), dada pela Equação 2.45, seja uma integral "intratável", ou difícil de ser resolvida analiticamente.

$$E_f\left[h(X)\right] = \int_{\gamma} h(x) f(x)\, dx \qquad (2.45)$$

Onde: γ denota o conjuto em que a variável aleatória x tem seus valores, o qual é geralmente igualado à função suporte que é a densidade f(x).

O princípio do método de Monte Carlo para aproximar a Equação 2.46, consite em gerar uma amostra (x_1, $x_{1,}$.., x_n) a partir da densidade f(x) e propô-la como uma aproximação da média empírica para $\bar{h}(x)$,a qual, pela lei dos grandes números, converge para cada seqüência gerada para [h (X)] (Equação 2.46)

$$\bar{h}(x) = \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{n} h\left(x_j\right) \qquad (2.46)$$

Em poucas palavras, a integração Monte Carlo avalia [h(X)] pela extração de amostras {X_i, i = 1,..., n} a partir de uma função de distribuição de probabilidades (fx) tal que a média da população f(X) é estimada pela média das amostras. Quando as amostras Xi são independentes, a

lei dos grandes números garante que a aproximação pode ser tão precisa quanto desejada à medida que o tamanho da amostra aumenta.

No entanto, Vose (2008) salienta que a aleatoriedade "pura" da técnica de amostragem da SMC pode sub ou superamostrar várias partes das distribuições de entrada e, por isso, pode não ser confiável para replicar a forma de determinada distribuição de entrada, a menos que um número muito elevado de iterações seja executado (o que, porém, com os recursos computacionais atuais, não constitui problema). Um recurso para contornar esse problema (disponível em alguns dos softwares mais utilizados em AR, como o @Risk e o Crystal Ball) é a amostragem aleatória estratificada, como por exemplo, a técnica de Amostragem por Hipercubo Latino (AHL).

Na AHL, para gerar m amostras, cada distribuição de entrada é dividida em m intervalos de igual probabilidade, sendo m também o número de iterações a serem executadas no modelo. Um valor único é amostrado aleatoriamente em cada um desses intervalos, de acordo com a distribuição de probabilidades, e isso é repetido para todas as entradas probabilísticas; porém o intervalo utilizado na primeira iteração é "marcado" como já tendo sido utilizado e, por conseguinte, não irá ser amostrado novamente nas iterações subsequentes, ou seja, AHL é uma técnica de amostragem estratificada sem reposição (VOSE, 2008). Porém, Morgan e Henrion (2007) ponderam que se houver muitas variáveis de entradas contribuindo para a incerteza total do modelo e se este se distanciar da forma linear, a AHL pode não apresentar muitas vantagens em relação à SMC. Não obstante, a AHL tem sido utilizada em vários trabalhos de AQRM, no entendimento de que essa técnica é particularmente útil para lidar com valores extremos de dada distribuição de probabilidades (HAMILTON et al., 2006a).

Em todo caso, nesses processos de simulação estocástica é importante verificar a existência de correlações entre variáveis de entrada, pois isso pode resultar em iterações com combinações sem sentido de variáveis de entrada (IMAN e CONOVER, 1982; SMITH et al., 1992; HAAS et al., 1999). Novamente, esse problema é contornado com relativa facilidade nos softwares mais utilizados em AR, que trazem recursos para se induzir matrizes de correlação entre múltiplas variáveis de entrada, permitem identificar variáveis aleatórias correlacionadas assegurando que não se tenham combinações indesejáveis, ao mesmo tempo mantendo a aleatoriedade da amostragem (IMAN e HELTON, 1988). Não obstante, alguns autores sugerem que o impacto de

correlações entre variáveis de entrada é considerável apenas para altas correlações e variâncias elevadas e que, dependendo da situação, mais importante que a análise de correlação é bem descrever as incertezas em torno de variáveis-chave de entrada (SMITH et al.1992; BUKOWSKI et al.,1995).

2.5.4. Bootstrapping

Bootstrapping é uma técnica de reamostragem introduzida por Efron (1979). Como tal, trata uma amostra observada como uma população finita, a partir da qual são geradas amostras para estimar características populacionais e fazer inferências sobre a população.

A distribuição da população finita representada pela amostra pode ser encarada como uma pseudopopulação com características análogas às da verdadeira população. Através da geração repetida de amostras aleatórias destsa pseudopopulação (reamostragem), a distribuição de amostragem de uma estatística pode ser estimada. Esta técnica não depende de suposições estatísticas clássicas (teste de hipóteses) sobre a população para avaliar a significância estatística, mas, ao invés disso, faz sua avaliação baseada somente em dados amostrais (HAIR et al., 2009). Geralmente é utilizada para estimar de forma experimental e empírica características de interesse, tais como viés, variância, quantis ou distribuição de amostragem da estatística em foco. Essa técnica pode ser considerada em abordagens paramétrica ou não paramétrica.

2.5.4.1. Bootstrapping não paramétrico

Considere-se uma amostra aleatória de tamanho n, $x_n = (x_1, , \dots, x_n)$, de uma população (ou amostra original decorrente de um experimento) com função de densidade de probabilidades desconhecida F. A teoria de bootstrapping diz que a verdadeira distribuição F pode ser razoavelmente aproximada pela distribuição $\hat{F}$ de valores observados. Constrói-se então a distribuição $\hat{F}$ a partir de n valores observados através de reamostragem aleatória (com reposição) na amostra original; nessa distribuição $\hat{F}$ n geralmente mantem-se constante e por cada "amostra bootstrap" a estatística de interesse é obtida. As iterações (as reamostragem e cálculo estatístico)

são repetidas por várias vezes até que uma distribuição razoavelmente estável da estatística de interesse seja obtida ($\hat{F}$), a qual corresponde à distribuição de incerteza do parâmetro (Vose, 2008).

Em outras palavras, cada ponto, ou observação, ou mesmo elemento (x_n), da população (dados originais) tem probabilidade de 1/n de ser amostrado. Essa suposição permite criar amostras alternativas a partir da extração aleatória de pontos da base de dados experimentais. A amostragem feita por bootstrapping na população (dados experimentais ou originais) ocorre com reposição o que significa que um determinado elemento de uma população pode ser escolhido mais de uma vez durante o processo de amostragem (ROSE et al.,2008).

É por essa razão que a base de dados das subamostras é ligeiramente diferente da base original de dados, uma vez que algumas observações aparecerão várias vezes na base de dados das subamostras (x_n^*), enquanto outras não serão amostradas da base original. Portanto, obtida a base de dados das subamostras (x_n^*), o próximo passo é calcular a estimativa do parâmetro desejado (média, variância, percentil 90º, etc).

Os valores das subamostras são considerados amostras discretas, através dos quais são determinados estimadores dos parâmetros (médias, variâncias, percentis). O erro padrão dos estimadores do parâmetro pode ser calculado como o desvio padrão do parâmetro dos diferentes estimadores, refletindo desde modo as incertezas do parâmetro (ROSE et al., 2008).

Segundo VOSE (2008), os passos necessários para executar bootstrapping não paramétrico são:

(i) coletar do conjunto de dados (x_n) n amostras $(x_1, , \dots, x_n)$;

(ii) criar a amostra B bootstrap $x_n^* = (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$, onde x_1^* é uma amostra aleatória com reposição $(x_1, , \dots, x_n)$;

(iii) Para cada amostra bootstrap $x_n^* = (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$ calcula-se as requeridas estimativas estatísticas ($\hat{\theta}$). A distribuição das estimativas das amostras bootstrapp ($\hat{\theta}$) do parâmetro θ representam a estimativa de incertezas acerca do verdadeiro valor de θ.

2.5.4.2. Bootstrapping paramétrico

Conforme abordado no item anterior, a técnica de bootstrapping não paramétrico não faz suposições sobre a função distribuição de probabilidades da população (dados originais). Por sua vez, o bootstrapping paramétrico permite usar a informação relativa ao parâmetro de função densidade de probabilidades. Assim, os procedimentos, indicados a seguir para o bootstrapping paramétrico, são similares aos do não paramétrico, com exceção da etapa de distribuição de estimadores..

(i) Selecionar a distribuição que melhor descreve os dados originais e depois determinar as estimativas de máxima verossimilhança dos parâmetros da distribuição.

(ii) Simulação de amostragem de dados: assim como no bootstrapping não paramétrico este passo consiste em substituir cada observação por uma amostra retirada aleatoriamente da função distribuição de probabilidade ajustada aos dados originais.

(iii) Calcular as estatísticas da amostra.

(iv) Executa-se um grande número de iterações, onde em cada uma se gera uma nova réplica de subamostras (bootstrap), para cada umas da quais se calculam os estimadores de interesse. A distribuição dos estimadores das amostras bootstrap ($\hat{\theta}$) representam as estimativas de incertezas acerca do verdadeiro valor de θ .

2.5.4.3. Booststrapping observations

A construção de amostras bootstrap a partir de dados de dose-resposta ainda é pouco explorada e foge do tradicional do conceito de bootstrapping encontrado na literatura. Segundo Hinckley (1989), quando as variáveis dependentes são discretas, como é o caso dos dados dose-resposta, ainda há muito que se aprender sobre a teoria de bootstrapping. Essa afirmativa de 1989 foi reforçada mais recentemente por Haas et al. (2014), segundo quem nem a própria monografia de Efron e Tibshirani, que foram os principais autores que lançaram a ideia de bootstrapping nos anos 1986, cobre tópicos relacionados àvariáveis dependentes discretas.

Nesse campo surge a ténica de booststrapping observations, termo cunhado por Haas et al. (2014) para referir-se ao processo de booststrapping no qual cada amostra bootstrap consiste em

um conjunto de doses para as quais os indivíduos positivos p_i^m (denotando o número de indivíduos positivos ao nível da dose i na m amostra de bootstrapping) representam um conjunto de indivíduos n_i escolhidos de tal modo que existe uma probabilidade de p_i / n_i de ser positivo. Em outras palavras:

$$p_i^m = Binomial\ (\pi_i^0, ni) \tag{2.47}$$

Onde :

p_i^m é o número de indivíduos positivos ao nível da dose i na m amostra de Bootstrap,

π_i^0 é o a proporção dos números infectados por cada dose i isto é p_i / n_i ,

ni é número total de indivíduos que foram testados no experimento

No processo de bootstrapping observations a dose e o número total de indivíduos permanecem constantes para todas as repetições bootstrap, mas o número original de indivíduos positivos se altera segundo a Equação (2.47).

Haas et al. (1993) foram os primeiros a recorrer a essa metodologia para avaliação de risco diário de infecção, morbidade e mortalidade por rotavírus associado ao consumo de água. Além de estimar os parâmetros (α e DI_{50}), Haas et al. (1993) utilizaram bootstrapping observations para estimar os respectivos intervalos de confiança. Dessa forma, limitações decorrentes da escassez e do pequeno tamanho da série de dados originais estariam sendo contornadas, pois a estimação de intervalos de confiança baseada no método da máxima verossimilhança a partir dados originais poderia produzir resultados incorretos.

Teunis et al. (1996) também recorreram ao bootstrapping observations para estimar intervalos de confiança dos parâmetros dose-resposta do modelo Beta-Poisson aplicado à avaliação de riscos associados a protozoários, vírus e bactérias.

Posteriormente, Haas et al. (1999) usaram bootstrapping observations na estimativa de risco anual de infecção por Salmonella sp decorrente do consumo de frango conservado após cozimento. Naquele trabalho, foram geradas 1000 amostras bootstrap, cinco das quais foram consideradas outliers e descartadas porque as estimativas de DI_{50} foram menores que 10, bem inferiores às demais, obtidas tanto por bootstrap quanto dos dados originais.

O grande mérito do bootstrapping observations é converter as estimativas dos pares dos parâmetros dos modelos dose-resposta em uma distribuição empírica bootstrap, a qual é usada como variável aleatória de entrada bivariada para cômputo do risco.

Porém, Schmidt et al. (2013) criticam essa técnica, afirmando que tende a meramente avaliar a variabilidade nas estimativas dos parâmetros ao invés de descrever ou caracterizar as incertezas propriamente ditas, as quais estão contidas nos parâmetros dos modelos. Contudo, os mesmos autores relativizam a crítica, reconhecendo que os pares das estimativas dos parâmetros obtidos nesse método podem facilmente ser incorporados no processo de caracterização do risco.

Outra crítica é levantada por Teunis e Haavalar (2000), que consideram que bootstrapping observations é um procedimento bastante tedioso, visto que, para cada amostra bootstrap gerada é necessária a respectiva otimização através do método de máxima verossimilhança. Além disso, os mesmos autores argumentam que vários bancos de dados dose-resposta relatados na literatura são constituídos por poucas observações por dose, resultando em discretização pesada nos dados bootstrap. Uma forma de minimizar a discretização das estimativas bootstrap seria definir intervalos de confiança, por exemplo 95%, e usar somente os pares contidos nesse intervalo.

Haas et al. (2014) ponderam ainda que a técnica de bootstrapping observations possui limitações decorrentes do uso de distribuição binomial na geração de amostras, pois se a proporção dos números de indivíduos infectados em um ou mais níveis da dose for zero ($\pi_i^0 = 0$) ou um ($\pi_i^0 = 1$), então todas amostras bootstrap geradas naquele nível da dose terão valor 0 ou 1, o que terá como consequência a subestimação das incertezas dos parâmetros dose-resposta. Para contornar essa limitação, os autores propõem uma nova técnica de amostragem conhecida como bootstrapping residuals.

2.5.4.4. Aplicação da técnica de bootstrapping à determinação de intervalos de confiança em modelos dose-resposta

Para avaliar a precisão com qual a função dose-resposta é determinada, isto é as incertezas, é necessário calcular o intervalo de confiança da função e, por conseguinte, os limites superior e inferior. Para isso, pode-se recorrer à técnica de bootstrapping.

A título de exemplo, a partir de dados experimentais com rotavírus referentes à dose, indivíduos totais expostos e indivíduos infectados, Rose et al. (2008) recorram a bootstrapping para determinar o ajuste do parâmetro α do modelo beta-Poisson, conforme ilustrado na Figura 2.5. Nessa figura estão apresentados resultados de uma iteração de 1000 réplicas de bootstrap para os dados de rotavírus, sendo possível observar que a distribuição bootstrapping circunda claramente a estimativa de máxima verossimilhança (marcador no centro) a partir dos dados originais e, qualitativamente, cobre uma área semelhante a uma região de confiança que seria coberta pela máxima verossimilhança. Estas 1000 repetições podem então ser usadas como variáveis de entrada para cálculos subsequentes, refletindo a distribuição das incertezas na relação dose-resposta.

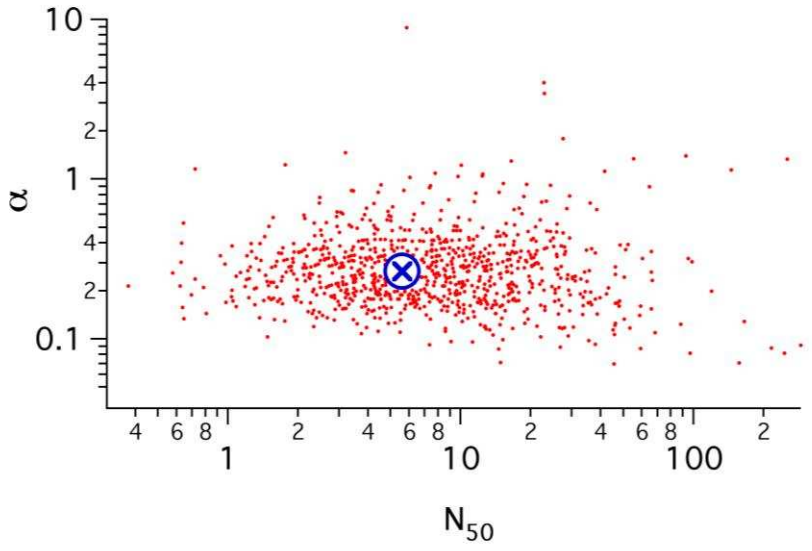


Figura 2.**5.** Valores gerados por bootstrapping no ajuste do parâmetro α do modelo beta-Poisson em dados de rotavírus

Fonte: Rose et al. (2008)

Os parâmetros dose-resposta obtidos da amostragem bootstrapping também podem ser utilizados para construir intervalos de confiança para a curva dose-resposta, em comparação com a base de intervalos de verossimilhança, como na Figura 2.6.

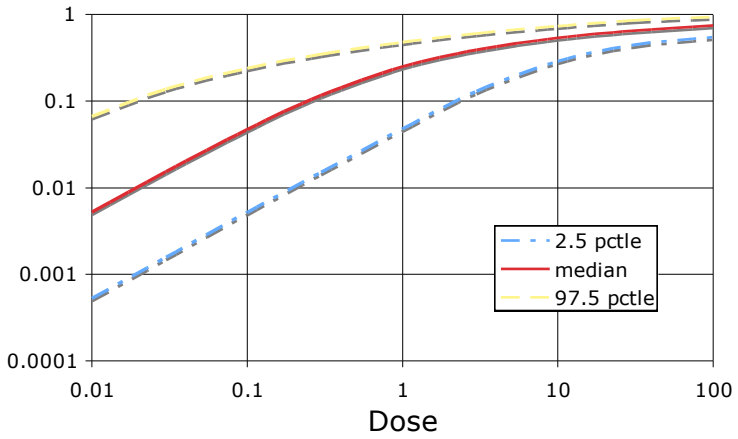


Figura 2.6. Modelo dose-resposta ajustado por máxima verossimilhança e respectivos limites de confiança obtidos por bootstrapping

Fonte: Rose et al. (2008)

2.5.5. Monte Carlo via Cadeias de Markov

As técnicas de Simulação de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCCM) tiveram início no ano de 1953 a partir do artigo publicado por Nicholas Metropolis, Arianna Rosenbluth, Marshall Rosen-Bluth, Augusta Teller e Edward Teller (GEYER, 1992).

Segundo Robert e Casella (1999), desde então, essas técnicas têm sido bastante aplicadas em vários campos de domínio científico, com particular enfoque em problemas complexos multidimensionais que exigem otimização e integração dos parâmetros, tais como análise de imagens, genética, radioatividade, etc.

Na Estatística Bayesiana este método tem sido bastante usado para solucionar problemas de normalização, marginalização dos parâmetros e cálculo da esperança matemática nas distribuições a posteriori. Na estatística clássica pode ser usado para estimar parâmetros de funções densidade probabilidade complexas.

Para ilustrar a aplicação dos métodos de MCCM, em especial para problemas de otimização e integração, é dado o exemplo a seguir (NASCIMENTO, 2009).

Seja o vetor $X = (X_1,...,X_d)$, um vetor aleatório d-dimensional em Φ com a seguinte distribuição de probabilidade:

$$\pi(x) = \begin{cases} cf(x) & \text{se } x \in \Phi \\ 0 & \text{caso contrario} \end{cases} \tag{2.53}$$

Onde: C é uma constante (possivelmente desconhecida) e pretende-se calcular a esperança matemática (I) da função π (Equação 2.54).

$$I = E(h(X)) = c\int h(x) f(x) dx \tag{2.54}$$

Segundo Nascimento (2009) o valor I pode ser obtido analiticamente, porém quando o vetor aleatório é grande, a solução torna-se inviável. Para contornar o problema de alta dimensionalidade, diversas técnicas de computação intensiva têm sido usadas tais como:

(i) Integração numérica (fórmula de Newton-cotes: fórmula dos trapézios e a fórmula de Simpson): difícil e imprecisa quando o valor de C for maior,

(ii) Simulação Monte Carlo: com este método nem sempre é fácil obter uma amostra da distribuição de probabilidades, principalmente quando se trata de um vetor aleatório de variáveis dependentes. Outra situação que inviabiliza a utilização do método ocorre quando se conhece apenas o núcleo da função de probabilidades, isto é a constante C é desconhecida.

(iii) A simulação MCCM surge para contornar estas e outras dificuldades. A proposta é simular π via construção de uma Cadeia de Markov em Φ tendo π como sua única distribuição estacionária. Os métodos MCCM garantem que após um tempo suficientemente longo de simulação, elementos de Φ possa ser amostrados com distribuição aproximadamente igual a π (NASCIMENTO, 2009).

2.5.5.1. Cadeias de Markov

Chama-se Cadeia de Markov a um processo estocástico no qual a probabilidade condicional de qualquer evento futuro $[X(t_{k+1})=x_{k+1}]$, dado qualquer evento passado $[X(t_{k-1})=x_{k-1}]$ e o estado presente $[X(t_k)=x_k]$, é independente do evento passado e dependente somente do estado presente.

Este tipo de processo, expresso pela Equação 2.55, é denominado “sem memória”, uma vez que o passado é esquecido (KONSTANTOPOULOS, 2009).

$$P\,[X(t_{k+1}) \leq x_{k+1} | X(t_k) = x_k, X(t_{k-1}) = x_{k-1,\ldots}, X(t_1) = x_1, X(t_0) = x_0] = P\,[X(t_{k+1}) \leq x_{k+1} | X(t_k) = x_k]$$

Para $t_0 \leq t_1 \leq t_k \leq t_{k+1} = 0,1...$ e toda a sequência $k_0, k_{1,\ldots}, k_{t-1}, k_t, k_{t+1}$. (2.55)

As probabilidades condicionais $P\,[X(t_{k+1})=x_{k+1} | X(t_k)=x_k]$ são denominadas probabilidades de transição e representam a probabilidade do estado $X(t_{k+1})$ ser x_{k+1} no instante $t_{k+1,}$ dado que o estado $X(t_k)$ é x_k no instante $t_{k.}$

Denomina-se estado a um elemento pertencente à sequência (finita ou infinita) de variáveis aleatórias.

Neste contexto, seja $\{X_{n,}\, n \in \Phi\}$ uma sequência (finita ou infinita) de variáveis aleatórias, onde Φ é o subconjunto de números inteiros. Diz-se que a esta sequência tem propriedades de Markov se: $n \in \Phi$, o processo futuro ($X_{m,}\, m > n, m \in \Phi$) for independente do processo passado ($X_{m,}$ $m < n, m \in \Phi$), tendo como condição o presente X_n.

Normalmente $\Phi = Z+ = \{0,1,2,3...\}$ ou $N = \{1,2,3...\}$ e cada elemento de X_n é denominado de estado e seu o conjunto (Φ) é denominado de espaço de estados.

Os estados podem ser classificados como discretos, quando X(t) é definido sobre um conjunto discreto ou, caso contrário, contínuos. Semelhantemente, o tempo é classificado como discreto ou contínuo.

Se para cada $X(k+1)$ e X_k tem-se:

$$P\,[X(t_{k+1}) \leq x_{k+1} | X(t_k) = x_k] = P\,[X(1) \leq x_1 | X(0) = x_0] \quad (2.56)$$

Então as probabilidades de transição são ditas estacionárias, quer dizer, não variam com o tempo. As probabilidades expressas na Equação 2.56, são ditas probabilidades de transição de passo 1. A existência de probabilidades de transição estacionárias de passo implica que para cada x_{k+n} e x_k e (n =0,1,2,...) tem-se (NOGUEIRA, s.d):

$$P\,[X(t_{k+n}) \leq x_{k+n} | X(t_k) = x_k] = P\,[X(n) \leq x_1 | X(0) = x_0] \quad (2.57)$$

$\forall$ sequência 1,2..., k-1, k, k+1.

Para simplificação da notação, adotando x_{k+n} e x_k de j e de i, respectivamente, pode-se definir a Equação 2.57 na forma da Equação 2.58 (n =0,1,2,...).

$$P_{ij} = P[X_{(k+1)} = j | X(k) = i] \text{ e } P_{ij}^{n} = [X(k+n) = j \,|\, X(k) = i] \tag{2.58}$$

Uma das formas de se apresentar as probablidades de passo n é através da matriz de transição expressa pela Equação 2.59.

$$P_{ji}^{n} = \begin{bmatrix} P_{00}^{n} & P_{01}^{n} & \cdots & P_{0M}^{n} \\ P_{10}^{n} & P_{11}^{n} & \cdots & P_{1M}^{n} \\ \cdots & \cdots & \cdots & \cdots \\ P_{M0}^{n} & P_{M1}^{n} & \cdots & P_{MM}^{n} \end{bmatrix} \tag{2.59}$$

A matriz P_{ij} é denominada de transição de passo n. Quando n =1, a matriz é denominada apenas de matriz de transição.

É a partir dessa matriz que se infere predição a longo prazo e para tal todos seus elementos devem ser positivos. A multiplicação da matriz de transição de vários passos pelo vetor probabilidade que expressa o estado inicial resulta em vetor de equilíbrio ou matriz invariável (V), dado pela Equação (2.59). Este tipo de cadeias de Markov é denominado de cadeia homogênea, isto é para obter o estado $X_{(t+1),}$ dado o $X_{n,}$ não depende do tempo.

$$v.p^{n} = V \tag{2.60}$$

Onde: v = vetor inicial de estados; p = matriz de transição, n = número de passos, V = distribuição de interesse.

Ou seja, à medida que n aumenta o produto $v.p^n$ se aproxima de um determinado e especifico vetor V, dado o vetor v e a probabilidade p. O vetor V é obtido pela resolução do sistema de equações lineares obtidas através da matriz p^n. Para mais detalhes, recomenda-se a leitura de Konstantopoulos (2009) e Norris (1988).

Como propriedades desejáveis, as cadeias de Markov devem ser irredutíveis, aperiódicas e não absorventes. Diz-se que uma cadeia de Markov é irredutível quando cada estado pode ser alcançado a partir de qualquer outro estado, ou seja, os estados são comunicantes. Diz-se aperiódico a um estado que não pode ser alcançado novamente de n, 2n, 3n...n, onde n>1. Por fim,

diz-se que um estado é absorvente quando a cadeia tem um ou mais conjuntos fechados e, uma vez nesse estado, a cadeia permanece estagnada. Quando a cadeia for irredutível e aperiódica diz-se que é ergódiga (GILKS et al., 1996).

Os principais algoritmos usados para produzir passeios aleatórios dentro do universo de valores do parâmetro incluem o algoritmo de Metropolis-Hastings e amostrador de Gibbs. A distribuição gerada pelo algoritmo é denominada de distribuição estacionária da cadeia e reflete a convergência do procedimento de MCCM. Dessa distribuição, são extraídas várias amostras e suas respectivas estatísticas usando Simulação Monte Carlo de forma a se obter descrições desejadas da distribuição do parâmetro de interesse (VOSE 2008; NASCIMENTO, 2009).

2.5.6. Inferência Bayesiana

A Inferência Bayesiana é uma técnica extremamente poderosa utilizada para aprimorar o estimador de determinado parâmetro pertencente a uma base de dados.

Essa técnica consiste, essencialmente, em três passos: (i) determinar a distribuição a priori dos parâmetros; (ii) encontrar uma função de verossimilhança apropriada para os dados observados; e (iii) calcular os estimadores dos parâmetros da distribuição a posteriori - os quais refletem as incertezas dos parâmetros em estudo - através da multiplicação da distribuição a priori pela função de verossimilhança e, em seguida, proceder à normalização do resultado de forma que a área sob a curva seja igual a 1.

O âmago da Inferência Bayesiana consiste em descrever matematicamente o processo de aprendizagem, o qual tem como ponto de partida uma opinião, porém vaga, e, em seguida, é modificada quando confrontada por evidências.

A Inferência Bayesiana é baseada no teorema de Bayes (aplicado a variáveis), o qual é expresso pela Equação 2.61. Cumpre destacar que se optou aqui pela notação usada por Vose (2008).

$$f(\theta|x) = \frac{\pi(\theta)\ell(x|\theta)}{\int \pi(\theta)\ell(x|\theta)d\theta} \tag{2.61}$$

Onde:

$\pi(\theta)$ = (distribuição a priori): corresponde à função densidade que reflete uma opinião a priori sobre o valor do parâmetro θ, antes da observação dos dados, ou seja, $\pi(\theta)$ não é uma distribuição de probabilidades de θ, mas uma distribuição de incerteza que representa adequadamente um determinado estado sobre θ antes da observação de x dados.

$\ell(x|\theta)$ = função verossimilhança: probabilidade calculada dos x dados aleatoriamente observados para um dado valor de θ.

$f(\theta|x)$ = distribuição a posteriori: descreve o estado de conhecimento de θ resultante da observação dos dados e da opinião dada sobre o valor de θ antes da observação de x dados.

O denominador na Equação 2.61, simplesmente normaliza a distribuição a posteriori de modo que a área total abaixo da curva seja igual a 1.

Se a forma da função verossimilhança corresponde fortemente à distribuição a priori, então se pode afirmar que a quantidade de informação extra, incorporada pela função verossimilhança é relativamente pequena e a distribuição a posteriori não será significativamente diferente da distribuição a priori. Em outras palavras, não se aprendeu o suficiente a partir dos dados. Por outro lado, se a forma da função verossimilhança for muito diferente da distribuição a priori ter-se-á aprendido o suficiente com os dados e, nesse contexto, a contribuição da distribuição a priori pode ser omitida.

Como visto, as distribuições a priori descrevem o estado de conhecimento sobre o parâmetro em estudo antes da observação dos dados. A determinação da distribuição a priori é o principal foco de críticas à Inferência Bayesiana, pois, inexoravelmente, pressupõe conhecimentos para a escolha de uma dada distribuição a priori em detrimento de outra.

As distribuições a priori se subdividem em: (i) não informativa, (ii) conjugada e (iii) subjetiva

2.5.6.1. Distribuição a priori não informativa

Distribuições a priori podem ser amplas, planas, uniformes, quando se conta com poucos dados (priori não informativa), ou podem se concentradas com um ápice quando se possui mais informações (priori informativa).

É considerada uma distribuição a priori não informativa aquela que, em princípio, não adiciona informações à Inferência Bayesiana, sendo usada exclusivamente para especificar a possível faixa de valores do parâmetro em questão (VOSE, 2008). As distribuições a priori não informativas são usadas quando se espera que a informação dos dados seja dominante, ou seja, não existe informação a priori palpável.

Na essência, a distribuição a priori não informativa surge para responder situações de incorporação de informação prévia na Inferência Bayesiana sobre as quantidades desconhecidas do problema em estudo, tendo como dificuldade a transformação da tal informação em uma distribuição de probabilidades, ou questões relacionadas à ausência de informação das quantidades em estudos.

À primeira vista, pode parecer que as distribuições a priori não informativas sejam uniformes, dado que nesse tipo de distribuição, todos os possíveis valores possuem o mesmo peso. Porém, é comum o uso de distribuições tais como Poisson e Gaussiana como priori não informativas através da transformação Jacobiana, o que permite sua reparametrização, tornando-as distribuições a priori informativas (VOSE, 2009).

Métodos como o de Lapalce, Jeffreys e distribuições a priori de referência são bastante utilizados para a obtenção de priori não informativas. Para mais detalhes sobre esses métodos recomenda-se a seguinte bibliografia: Casella e Berger (2002); Bernardo (2005).

2.5.6.2. Distribuição a priori conjugada

Segundo Vose (2008), uma distribuição a priori conjugada é aquela que possui a mesma forma funcional em θ da função de verossimilhança, sendo que isso conduz a uma distribuição posterior pertencente à mesma família da distribuição a priori. Por exemplo, a distribuição Beta (α_1, α_2), tem a função de densidade de probabilidades $f(\theta)$ dada pela equação 2.62.

$$f(\theta) = \frac{\theta^{\alpha_1 - 1}(1-\theta)^{\alpha_2 - 1}}{\int_0^1 t^{\alpha_1 - 1}(1-t)^{\alpha_2 - 1} dt} \tag{2.62}$$

O denominador é constante para determinados valores de α_1 e α_2 e, dessa forma, a Equação 2.62 pode ser rescrita como na Equação 2.63.

$$f(\theta) \propto \theta^{\alpha_1 - 1}(1-\theta)^{\alpha_2 - 1}) \tag{2.63}$$

Se s sucessos em n ensaios forem observados e as respectivas tentativas de estimar a verdadeira probabilidade de sucesso p forem executadas, a função de verossimilhança $\ell(s, n\theta)$ será dada através da função massa de probabilidades da distribuição binomial, escrita utilizando θ para representar o parâmetro desconhecido (p) conforme a Equação 2.64.

$$\ell(s, n; \theta) = \binom{n}{s} \theta^s (1-\theta)^{n-s} \tag{2.64}$$

Pode-se observar que a distribuição beta e a função de verossimilhança binomial têm a mesma forma funcional em θ, ou seja $\theta^a(1-\theta)^b$, onde a e b são constantes. A distribuição a posteriori também terá a mesma forma funcional, segundo a Equação 2.65, uma vez que é produto da distribuição a priori pela função de verossimilhança.

$$f(\theta|s, n) \propto \theta^{\alpha_1 - 1 + s}(1-\theta)^{\alpha_2 - 1 + n - s} \tag{2.65}$$

Outras distribuições a priori conjugadas com funções de verossimilhança estão ilustradas no Quadro 2.3.

Quadro 2.3. Funções máxima verossimilhança e respectivas distribuições a priori conjugadas

Distribuição	Função densidade de probabilidade	Parâmetros estimados	Distribuição a priori	Distribuição a posteriori
Binomial	$\binom{n}{x} p^x (1-p)^{n-x}$	Probabilidade p	Beta (α_1,α_2)	$\alpha'_1=\alpha_1+x$ $\alpha'_2=\alpha_2+n-x$
Exponencial	$\lambda e^{-\lambda x}$	Média$^{-1}=\lambda$	Gama (α,β)	$\alpha'_1=\alpha_1+x$ $\beta'=\frac{\beta}{1+\beta\sum_i xi}$
Normal (com σ conhecida)	$\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}}\exp\left[-\frac{1}{2}\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)^2\right]$	Media μ	Normal (μ_μ, σ_μ)	$\mu'_\mu=\frac{\mu_\mu\left(\sigma^2/n\right)+\bar{x}\sigma_\mu^2}{\sigma^2/n+\sigma_\mu^2}$ $\sigma'_\mu=\sqrt{\frac{\sigma_\mu^2\sigma^2}{n\sigma_\mu^2+\sigma^2}}$
Poisson	$e^{-\lambda t}\frac{(\lambda t)^x}{x!}$	Média de eventos por unidade de tempo λ	Gama (α,β)	$\alpha'_1=\alpha_1+x$ $\beta'=\frac{\beta}{1+\beta t}$

2.5.6.3. Distribuições a priori subjetivas

As distribuições a priori subjetivas descrevem a opinião dada sobre o valor de um parâmetro antes da coleta de dados e podem ser representadas como uma série de pontos em um gráfico. É um exercício simples o suficiente para se ler um grande número de pontos de tais gráficos e utilizar o pico de cada ponto como um substituto para *π (θ).*

Isso faz com que seja muito difícil normalizar a distribuição posterior, mas alguns softwares, tais como @risk, ModelRisk, BestFit® eRiskView Pro®, têm técnicas de Simulação Monte Carlo que podem ajudar na extração de uma distribuição estimativa e em seguida ajustá-la à distribuição paramétrica.

2.5.7. A distribuição PERT

Esta seção apresenta as propriedades da distribuição PERT. Esta distribuição é aqui destacada pelo fato de algumas variavéis de entrada em modelos de exposição que serão abordados posteriormente neste trabalho serem descritas pela mesma e também por ser uma distrubuição pouco conhecida em processos estocásticos de simulação, em especial na área de AQRM.

A distribuição PERT (**P**rojet **E**valuation and **R**eview **T**ecnique) é freqüentemente usada para modelar a opinião de um especialista. Embora seja, estritamente falando, uma distribuição paramétrica, ela foi adaptada de modo que o perito só forneça estimativas do mínimo, valores mais prováveis (moda) e máximo para a variável em estudo e a função PERT encontra uma forma de encaixar essas restrições paramétricas Essa distribuição se assemelha da distribuição triangular, que também requere os três parâmetros (o mínimo, moda e o máximo). A expressão da distribuição PERT é dada pela Equação 2.66:

$$\text{PERT}(a,b,c) = \text{Beta}(\alpha_1,\alpha_2)*(c-a)+a \qquad 2.66$$

Onde: $\alpha_1 = \dfrac{(\mu-a)\times(2b-a-c)}{(b-\mu)\times(c-a)}$ e $\alpha_2 = \dfrac{\alpha_1\times(c-\mu)}{(\mu-a)}$

α_1 e α_2 = parâmetros que definem a forma da distribuição, a = mínimo, b= o valor mais provável (moda) e c = máximo

A sua média (μ) é dada pela Equação 2.67:

$$\text{Média }(\mu) = \frac{a+4\times b+c}{6} \qquad 2.67$$

A equação 2.67 é uma restrição assumida de forma a se determinar os valores de α1 e α2; esta equação informa que a média da distribuição PERT é quatro vezes mais sensível para o valor mais frequente (moda) que os valores máximo e mínimo, enquanto que na distribuição triangular a média é igualmente sensível para cada parâmetro. Essa diferença faz com que a distribuição PERT, não sofra, portanto, na mesma medida de potenciais problemas de viés sistemático da distribuição triangular, isto é, não produz valores demasiadamente maiores de estimativas riscos (mediana, média e percentil 95). O desvio padrão da distribuição PERT também é menos sensível à estimativa dos extremos. Embora a equação para o desvio padrão da distribuição PERT seja

bastante complexa, o seu valor pode ser ilustrado melhor através de métodos gráficos conforme mostra Figura 2.7, na qual se comparam os desvios-padrão das distribuições triangulares e PERT tendo ambas os mesmos valores do mínimo, moda e máximo.

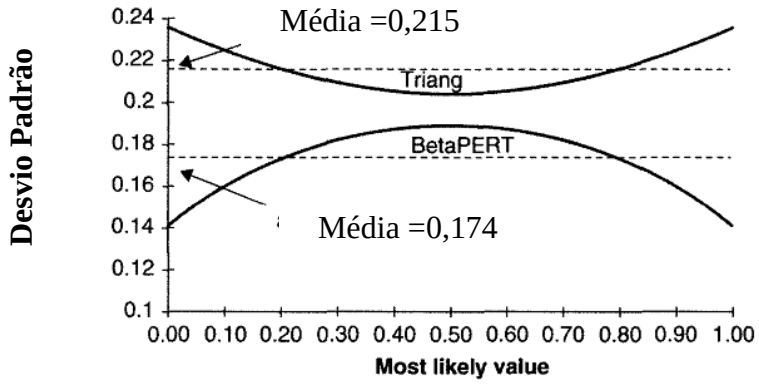


Figura 2. **7**. Desvios-padrão e valores mais prováveis (moda) para distribuições PERT e triangular
Fonte: Vose (2008)

Para a construção dos gráficos ilustrados na 2.7 foram utilizados valores de 0 e 1, para o mínimo e máximo respectivamente, e admitiu-se que a moda variasse entre 0 e 1. Pode-se observar que a distribuição PERT produz sistematicamente um desvio padrão menor que a distribuição triangular, particularmente onde a distribuição é altamente desigual (ou seja, quando a moda estiver perto de 0 ou 1).

O desvio-padrão da distribuição PERT é de cerca de 88% menor do que a da distribuição triangular. Isso implica que o uso de distribuições PERT ao longo de um modelo de custo ou cronograma, ou qualquer outro modelo aditivo, exibirá cerca de 10% menos incerteza do que o modelo equivalente usando distribuições triangulares. Além do mais, a distribuição PERT tem a propriedade de apresentar uma frequência de valores em volta da moda que cai no seu entorno com suavidade configurável, ao contrário da distribuição riangular, que diminui abruptamente da moda na direção dos extremos (BUCHSBAUM, 2012).

Existe também a distribuição PERT modificada, que é mais versátil porque a média é calculada de forma mais flexível, podendo ser manipulada para produzir formas com diferentes graus de incerteza para o mesmo mínimo, moda e máximo, alterando o pressuposto em relação à média. A distribuição PERT modificada é dada expressão 2.68.

$$\mu = \frac{a + \gamma \times b + c}{\gamma + 2} \qquad 2.68$$

Onde: γ é o fator de ponderação ou peso da distribuição PERT modificada

A distribuição PERT modificada se transforma distribuição PERT quando (γ =4). No entanto, se o valor de γ aumenta, por exemplo para 8, a distribuição se torna progressivamente mais repicada (curtose mais elevada) e concentra-se em torno da moda, minimizando desta forma as incertezas. Por outro lado, se o valor de γ diminui, por exemplo para1, a distribuição torna-se mais plana (curtose menor) e mais incerta. A Figura 2.8.8 ilustra o efeito desses três valores diferentes de γ para a distibuição PERT com minimo =5, moda=7 emaximo= 10, ou seja PERT (5,7, 10).

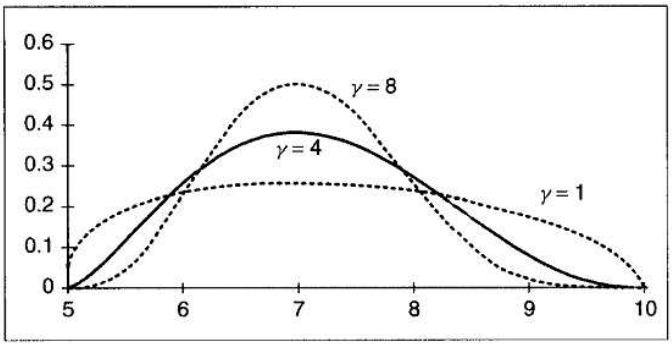


Figura 2.8. O exemplo de distribuição PERT modificada com diferentes valores de γ
Fonte Vose (2008)

O especialista é solicitado a estimar esse três valores (isto é, mínimo, mais provável e máximo). Em seguida, um conjunto de distribuições PERT é plotado e o especialista é convidado a selecionar a forma que encaixa a sua opinião de forma mais precisa..

3. DESENVOLVIMENTO DO TRABALHO

3.1. DEFINIÇÃO GERAL DO CENÁRIO DE EXPOSIÇÃO

Conforme discutido na revisão bibliográfica (Seção 2), modelos de AQRM são cenário-específicos, ou seja, permitem a avaliação de risco de infecção provocado por determinado patógeno em determinado cenário de exposição de um grupo de risco específico. Por conseguinte, cabe de início definir o cenário geral explorado neste trabalho.

- Categoria de irrigação: irrigação irrestrita com esgoto sanitário, isto é, irrigação de culturas ingeridas cruas (hortaliças).
- Grupo e tipo de risco: risco ao consumidor, mais especificamente, risco de infecção do público brasileiro em geral por ingestão de hortaliças irrigadas com esgotos sanitários.
- Organismos patogênicos: Campylobacter, Cryptosporidium, rotavírus, norovirus e Ascaris.

Organismos referência

Procurou-se, assim como nas Diretrizes da OMS, trabalhar com pelos menos um representante de cada grupo de organismos. Nesse sentido, a escolha de Campylobacter, Cryptosporidium e rotavírus se deu por conta: (i) desses organismos apresentarem elevada infecciosidade comparativamente a outras bactérias, protozoários e vírus entéricos; (ii) da disponibilidade de dados dose-resposta sobre os mesmos; e (iii) de sua relevância epidemiológica associada à transmissão hídrica e alimentar. São exatamente essas razões que fizeram com que estes organismos fossem tomados como referência na formulação das Diretrizes da OMS e na grande maioria de publicações sobre AQRM.

A inclusão de norovírus se justifica pelo fato de que, como discutido no item 2.3.7, com a disponibilização mais recente de modelos DR para estes vírus e como são tidos como os principais agentes de gastroenterites virais em todo o mundo, tem sido proposto que sejam utilizados como referência em modelos de AQRM em lugar de rotavírus.

Por fim, a opção por Ascaris pretendeu compensar a escassez de estudos de AQRM com helmintos, em que pesem as ressalvas feitas no item 2.3.7 sobre a robustez do modelo DR disponível na literatura sobre esse organismo.

Grupo de risco (população exposta)

Quanto ao grupo de risco, se diz "público brasileiro em geral" porque no modelo de exposição, como detalhado no item 3.2.5, foram utilizados dados de aquisição alimentar domiciliar per capita da Pesquisa de Orçamentos Familiares (POF) do IBGE (2010). A POF fornece dados para o Brasil como um todo, por grandes regiões e por estado. Para cada grupo de hortaliças considerado neste trabalho, o padrão de "consumo" resultou da soma dos dados de consumo por Unidade da Federação.

Cumpre esclarecer que os dados da POF não se referem exatamente a consumo, mas sim à aquisição alimentar domiciliar, monetária e não monetária. Assim sendo, em relação ao consumo propriamente dito, as estimativas de risco podem eventualmente estar superestimadas, visto que o cômputo do riso teve como base a quantidade de hortícolas adquirida per capita e não a consumida.

Culturas irrigadas

Da base de dados da POF foram selecionadas hortaliças que são usualmente consumidas cruas e que atendessem também às seguintes condições impostas por outros grupos de variáveis, particularmente pelos modelos utilizados para estimativa de contaminação das culturas irrigadas (ver item 3.2): (i) hortaliças sobre as quais existissem dados de literatura sobre volume de água remanescente nas culturas após a irrigação; e (ii) sobre as quais fosse possível estabelecer correspondências com grupos de hortaliças que crescem rente ao solo ou distantes do solo, ou seja que pudessem ser consistentemente utilizadas nos modelos de estimativa de contaminação das culturas irrigadas a partir da qualidade da água de irrigação (equações 2.4 e 2.5).

Assim, foram considerados três subcenários. Um primeiro, composto por três hortaliças do grupo da POF de "folhosas e florais": alface, couve-brócolis e repolho. Essas hortaliças foram associadas à Equação 2.4 relativa às hortaliças que se desenvolvem rente ao solo. Apesar da couve-brócolis ser uma hortaliça que cresce distante do solo, assumiu-se isso como um pormenor que não iria impactar as estimativas do risco, dada a menor contribuição dessa cultura no padrão de consumo dessas hortícolas.

O segundo subcenário foi composto por três hortaliças do grupo da POF de "frutosas": tomate, pepino e pimentão. Nesse caso, as hortaliças foram associadas à Equação 2.5 referente a hortaliças que se desenvolvem distantes do solo. Ressalva similar à feita para brócolis no subcenário anterior caberia aqui para pepino, que não necessariamente cresce distante do solo, mas cuja contribuição relativa para o padrão de consumo do grupo como um todo é pequena.

Em cada um desses dois subcenários os riscos foram estimados para o conjunto das respectivas hortaliças, isto é somando os respectivos dados de consumo. Nesse mesmo sentido, um terceiro subcenário resultou da mistura das seis hortaliças consideradas nos grupos anteriores.

Foram computados também riscos relativos ao consumo isolado de cada hortícola em estudo; porém, dado que os valores assim obtidos foram bem mais baixos e também partindo do pressuposto que, em geral, o consumo de hortícolas envolve mais do que uma hortaliça, optou-se por apresentar apenas os riscos correspondentes à soma dos respectivos dados de consumo. Essa abordagem procurou simular a situação em que o consumidor se serve de mais de uma hortaliça em seu "prato" cotidiano. Supera assim, a nosso ver, uma limitação da maioria dos estudos de AQRM que considera riscos associados ao consumo de apenas uma hortaliça isoladamente (por exemplo, Hamilton et al., 2006a) ou, no outro extremo, conjuntos muito grandes e variados de produtos, como no caso de Pavione et al. (2013) que estimaram riscos para o conjunto das hortaliças folhosas e florais listadas na POF.

Tipo de irrigação

Por fim, cabe esclarecer que os dois modelos utilizados para estimativa de contaminação das culturas irrigadas simulam condições de intenso contato da água com a superfície das culturas irrigadas, portanto de elevado potencial de contaminação, pois: (i) no modelo baseado no volume de água remanescente nas culturas após a irrigação, essas informações foram obtidas de experimentos de imersão total das plantas (SHUVAL et al., 1997) ou por irrigação por aspersão (HAMILTON et al., 2006a); e (ii) os modelos de estimativa de contaminação das culturas irrigadas a partir da qualidade da água de irrigação (equações 2.4 e 2.5) foram obtidos de experimentos de irrigação com regadores (BASTOS et al., 2008).

3.2. DELINEAMENTO GERAL DO TRABALHO

Como discutido na revisão de literatura, modelos de AQRM são compostos por modelos de exposição e modelos DR, podem se apresentar em formulações mais ou menos complexas e suas variáveis de entrada, em geral, estão cercadas de incertezas.

Incertezas verdadeiras e, mais frequentemente, variabilidade em torno das variáveis de entrada dos modelos de exposição têm sido frequentemente tratadas na literatura por funções densidade de probabilidade matematicamente definidas e reconhecidas por bem descrever algumas dessas variáveis (por exemplo, distribuição lognormal). Na ausência desse conhecimento, adotam-se distribuições mais simples tais como a uniforme ou triangular[2].

Também como já discutido, modelos DR também trazem incertezas importantes, mas em geral não são consideradas nem propagadas no modelo de AR, isto é, os parâmetros matemáticos dos modelos DR (que expressam relações patógeno-hospedeiro) são assumidos em valores únicos em geral obtidos por ajustes de máxima verossimilhança.

Feita no item 2 uma breve recapitulação dos princípios e estado da arte de AQRM, para verificar a hipótese central posta neste trabalho ("modelos simples de AQRM estimam riscos associados a determinado patógeno e cenário de exposição tão bem quanto modelos mais avançados"), procedeu-se à avaliação de risco para o cenário de exposição acima descrito com as seguintes variantes de abordagem e comparações (constituindo, portanto subcenários de exposição).

[2] As distribuições uniforme e triangular encontram aplicação nos casos em que escassez de dados dificulta a descrição mais bem detalhada da probabilidade de ocorrência de determinado valor entre um dado intervalo. Na distribuição uniforme, a forma mais simples de representar incerteza, essa densidade de probabilides é a mesma para qualquer valor. Na distribuição triangular, considera-se que os valores mais centrais têm maior probabilidade de ocorrência que os extremos; pode ser vista como uma representação simplificada ou conservadora da distribuição normal (FINLEY et al., 1994, MORGAN e HENRION, 2007).

Modelo de exposição – estimativa da dose diária

(i) qualidade da água de irrigação (efluentes) – variável definida por: (a) banco de dados de efluentes de lagoas de polimento descritos por distribuição lognormal; e (b) faixas genéricas de valores de E.coli possíveis de ocorrer em esgotos tratados, definidas por distribuição uniforme (ver item 3.2.1).

(ii) contaminação das culturas irrigadas - variável estimada com base nos seguintes critérios: (a) volume de água remanescente nas plantas após a irrigação - "modelo Shuval" e (b) modelos preditivos a partir da qualidade da água de irrigação – "modelo Bastos" (ver item 3.2).

(ii.1) volume de água remanescente nas culturas após a irrigação – variável descrita por (a) distribuição uniforme e (b) distribuição PERT (ver item 3.2.3)

(iii) remoção de patógenos por lavagem das culturas irrigadas - variável descrita por (a) distribuição uniforme e (b) distribuição PERT (ver item 3.2.4)

(iv) padrão de consumo de hortaliças irrigadas – variável definida em faixas de valores descritas por funções distribuição de probabilidade ajustadas ao: (a) banco de dados original da POF IBGE; e (b) redefinido por técnica de reamostragem (ver item 3.2.5).

A descrição estatística e os respectitvos valores destes parâmetros podem também ser visto com detalhes no item 3.2.

Modelos dose-resposta e estimativa de risco diário (exposição única)

(v) modelos DR: (a) mais usualmente utilizados em estudos publicados de AQRM (beta-Poisson e exponencial) e (b) também citados na literatura, mas menos frequentemente utilizados (beta-Poisson exato, beta-binomial, função hipergeométrica Gaussiana) (ver item 3.3.1)

(vi) parâmetros dos modelos DR descritos por: (a) informações de literatura - valores únicos obtidos pelo método da máxima verossimilhança e (b) faixas de valores definidas por técnicas de reamostragem (ver item 3.3.2).

Caracterização do risco – estimativa de risco associado a múltiplas exposições

(vii) estimativa de risco anual por: (a) estimador Pnaive e (b) estimador Pgold (ver item 3.4).
Enfim, para verificar a hipótese central acima referida, procedeu-se à avaliação comparativa de riscos estimados com "modelos simples" e "modelos complexos".

Por "modelos simples" entendem-se aqui aqueles: (i) cujas variáveis de entrada dos modelos de exposição foram definidas por distribuição uniforme ou sem reamostragem (bootstrapping não paramétrico); (ii) que se valeram dos modelos DR mais usuais (beta-Poisson e exponencial) e (iii) cujos parâmetros foram tomados em valores únicos obtidos por máxima verossimilhança e tradicionalmente utilizados na literatura; e (iv) em que os riscos anuais foram computados pelo estimador naive.

Por sua vez, "modelos complexos" seriam aqueles: (i) cujas variáveis de entrada dos modelos de exposição foram definidas por distribuição PERT ou por reamostragem; e (ii) que se valeram dos modelos DR menos usuais (beta-Poisson exato, beta-binomial, função hipergeométrica Gaussiana) e (iii) cujos parâmetros, destes e dos "usuais" (beta-Poisson e exponencial), foram tomados em faixas de valores definidas por técnicas de reamostragem; e (iv) em que os riscos anuais foram computados pelo estimador Pgold

As Figuras 3.1, 3.2 e 3.3 ilustram esquematicamente esses procedimentos. As combinações entre os diversos cenários e subcenários criados para os modelos de exposição e dose-resposta para os diferentes organismos patogênicos resultou em 1440 modelos de AR e, por conseguinte, igual número de simulações de Monte Carlo e de distribuições de probabilidades de estimativas de risco de infecção.

Nos itens a seguir são detalhadas informações sobre os dados utilizados para caracterizar as variáveis de entrada dos modelos de exposição e de dose-resposta, bem como sobre as abordagens para atribuição de incertezas a estas variáveis.

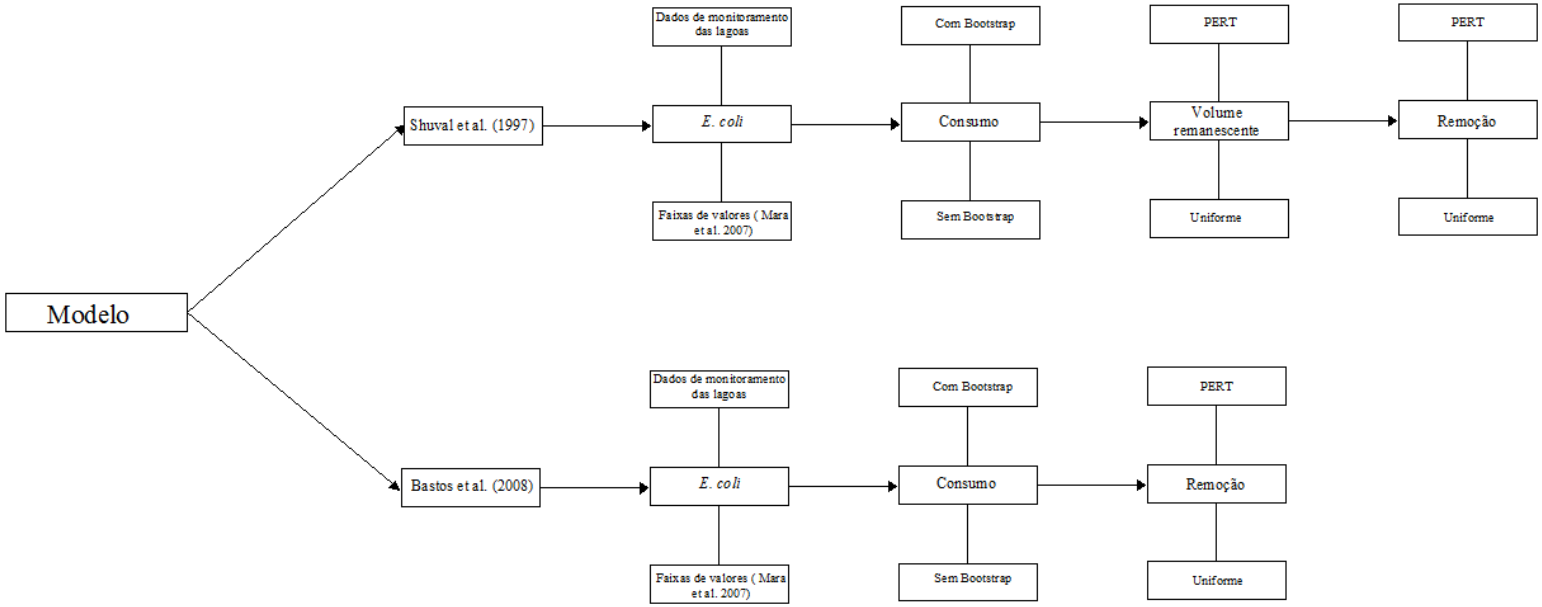


Figura 3.1. Ilustração esquemática de delineamento do estudo com destaque para as variações testadas em termos de modelos de exposição

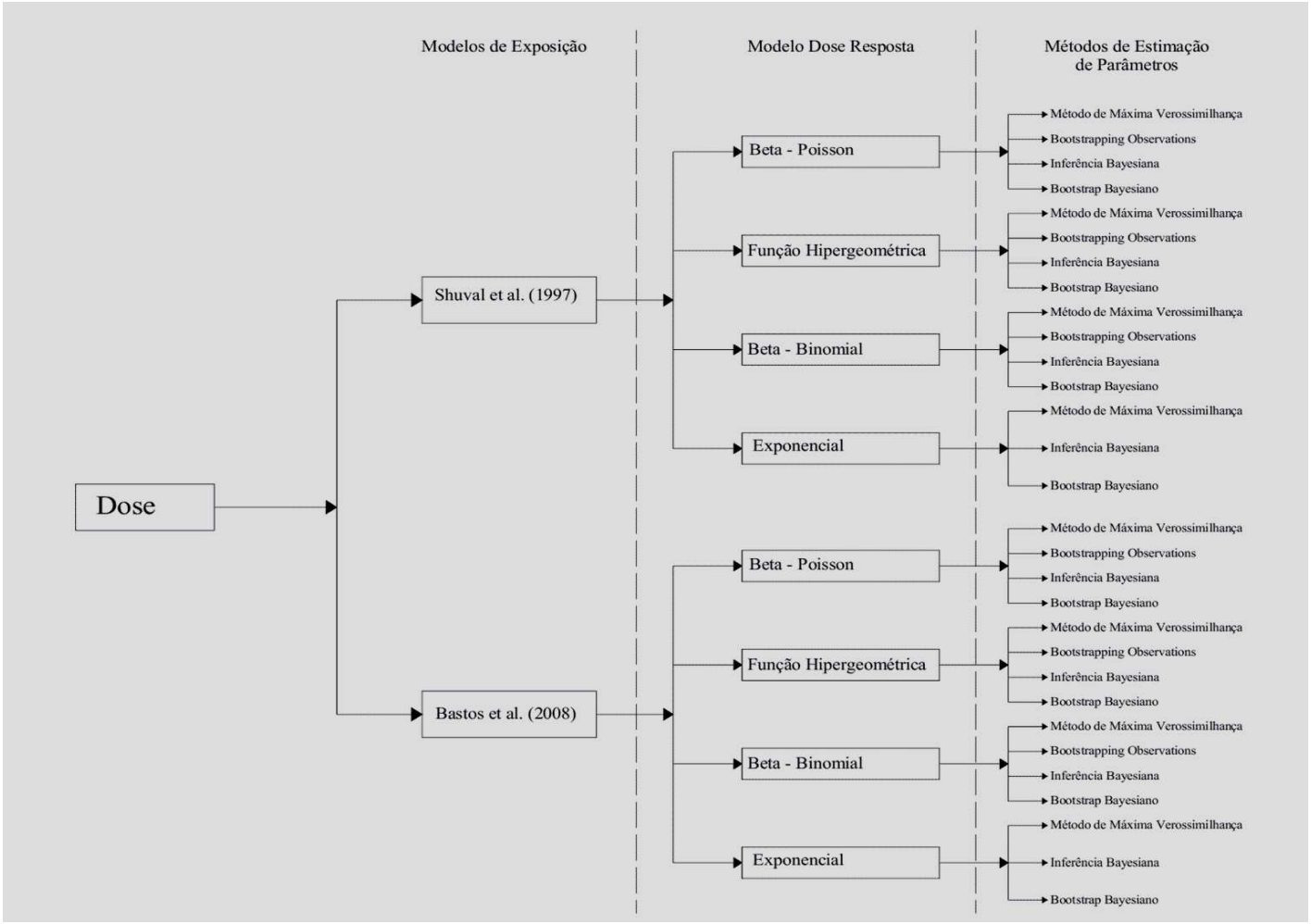


Figura 3.2. Ilustração esquemática de delineamento do estudo com destaque para as variações testadas em termos de modelos dose-resposta

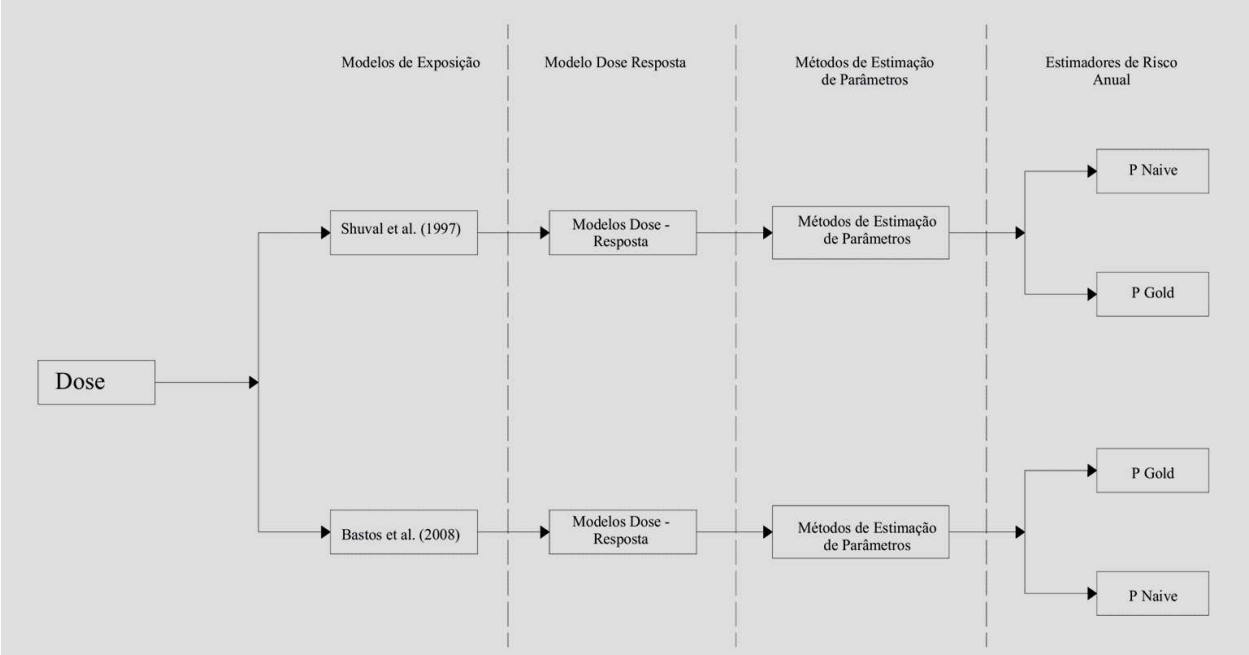


Figura 3.3. Ilustração esquemática de delineamento do estudo com destaque para as variações testadas em termos de estimativas de risco anual a partir de diferentes combinações de modelos de exposição e modelos dose-resposta.

3.3. MODELOS DE EXPOSIÇÃO

Conforme apresentado na Seção 2, a Equação 2.3 a seguir reproduzida permite, genérica e simplificadamente, estimar a dose ingerida de determinado patógeno por evento de exposição - consumo de produtos agrícolas irrigados com águas residuárias - a partir das seguintes variáveis: (i) concentração de patógenos na superfície das culturas irrigadas (C_i) (número de patógenos / g do produto); (ii) redução de patógenos no intervalo de tempo compreendido entre a última irrigação ou colheita e o evento de exposição, por decaimento natural nas culturas ou por remoção durante o processamento ou higiene dos alimentos ($R=10^{-x}$); e (iii) M = consumo per capita de produtos irrigados ou ingestão de partículas de solo por evento de exposição (g).

$$D = C_i . R . M$$

Também como referido na seção anterior (item 2.2), para efeito de estimativa da contaminação das culturas irrigadas, muitos trabalhos partem da estimativa da qualidade da água

de irrigação (efluente) com base em relações proporcionais empíricas patógenos / indicadores, inicialmente propostas por Shuval et al. (1997), ampliadas por Mara et al. (2007) e incorporadas nas Diretrizes da OMS (WHO, 2006). Adicionalmente, a grande maioria dos trabalhos sobre o tema em questão utiliza o critério de volume de água remanescente sobre a superfície das plantas. Assim, a Equação 2.3 pode ser detalhada como na Equação 3.1, a qual expressa o modelo de Shuval et al. (1997).

$$D = \left[\left(\frac{EC}{10^5}\right)\right].N.10^{-x}.M.V \qquad (3.1)$$

Onde:

D = Dose de patógenos ingerida em cada evento de exposição
EC = Concentração de E. coli por 100 mL na água de irrigação (efluente)
N = Número de patógenos por 10^5 E.coli
10^{-x} = Remoção de patógenos por higiene dos alimentos (lavagem)
M = Consumo per capita de hortaliças (g/d)
V = Volume de esgoto na superfície da planta em (mL/100g)
x = Fator de remoção de patógenos

Este foi um dos modelos de exposição utilizados no presente trabalho e, por sua origem, foi aqui denominado de "modelo de Shuval". Para efeito de comparação, foram utilizados os modelos propostos por Bastos et al. (1998) ("modelos de Bastos", assim aqui denominados) que têm como principal característica a estimativa de contaminação das culturas irrigadas (E. coli/g) em função da qualidade da água de irrigação (E.coli/100mL), conforme as Equações 2.4 e 2.5 a seguir reproduzidas:

<u>Plantas que se desenvolvem rente ao solo</u>

$$\log_{10}(E.C_{horta}) = 0{,}83\log_{10}(E.C_{efluente}) - 0{,}73$$

Plantas que se desenvolvem distantes do solo:

$$\log_{10}(E.C_{horta}) = 0{,}45\log_{10}(E.C_{efluente}) - 0{,}67$$

Onde: EC_{horta}: concentração de E.coli por grama na superfície da planta; $EC_{efluente}$: concentração de E.coli por 100mL na água de irrigação.

As constantes nos modelos empíricos de Bastos foram obtidas a partir de ajuste dos dados experimentais em modelos de regressão linear simples. Nos experimentos que geraram essas equações, as hortaliças foram regadas manualmente conforme explicado no item 2.2. Nesse caso, a Equação 2.3 pode ser detalhada como na Equação 3.2.

$$D = \left[\left(\frac{EC}{10^5}\right)\right].M.10^{-x}.Co \qquad (3.2)$$

Onde:

D = dose de patógenos ingerida em cada evento de exposição

EC = concentração de E.coli por grama de hortaliça no momento da colheita (estimativa com base nas equações 2.4 e 2.5)

N = Número de patógenos por 10^5 E.coli

10^{-x} = Remoção de patógenos por higiene dos alimentos (lavagem)

M = Consumo de hortaliças (g/dia)

x = Fator de remoção de patógenos

A seguir passa-se descrição de cada variável de entrada desses modelos de exposição.

3.3.1. Concentração de E.coli na água de irrigação

Como água de irrigação foram considerados os efluentes (esgoto sanitário) de uma série de quatro lagoas de polimento - unidades experimentais de pós-tratamento de um sistema reator UASB - biofiltro aerado submerso (UASB + BF) (Figura 3.4).

Trata-se de uma unidade experimental instalada em 2001 no âmbito do Programa de Pesquisa em Programa de Pesquisa em Saneamento Básico (PROSAB) - rede de pesquisas

financiada e coordenada pela FINEP – e que até 2011 esteve a serviço do grupo de pesquisa coordenado pelo orientador deste autor. Neste trabalho foi utilizado o banco de dados referente à cerca de sete anos (2001-2008) de monitoramento de E. coli nos efluentes das lagoas, ao qual Pavione (2010) ajustou distribuição lognormal. Os dados originais de Pavione foram expressos em termos de percentis (Tabela 3.1), a partir dos quais foram obtidas as médias e os desvios padrão das distribuições lognormal utilizando o programa @Risk 5.5.

Figura 3.4. ETE Violeira, Viçosa, MG: sistema UASB + BF (à esquerda) e série experimental de lagoas (à direita).

Tabela 3.1 - Concentração de E.coli nos efluentes das lagoas de polimento nas séries de dados selecionadas para utilização no modelo de AQRM, medianas e percentis utilizados para caracterização da distribuição lognormal.

Lagoa	Percentil (E. coli / 100 mL)		
	5%	50%	95%
L1	$6{,}63 \times 10^{3}$	$1{,}60 \times 10^{5}$	$5{,}20 \times 10^{5}$
L2	$1{,}91 \times 10^{2}$	$3{,}25 \times 10^{3}$	$1{,}49 \times 10^{4}$
L3	$2{,}00 \times 10^{0}$	$3{,}10 \times 10^{1}$	$6{,}86 \times 10^{2}$
L4	$1{,}00 \times 10^{1}$	$1{,}00 \times 10^{2}$	$1{,}89 \times 10^{3}$

Fonte: Pavione (2010)

Para efeito de comparação de estimativas de risco, tal qual nos estudos que fundamentaram as Diretrizes da OMS (Mara et al., 2007), concentrações teóricas de E. coli foram consideradas em faixas genéricas de valores descritas por distribuição uniforme (Tabela 3.2).

Tabela 3.2 - Concentração de E.coli expressa em faixas genéricas de valores e descritas por distribuição uniforme.

Faixas	E.coli / 100mL	Nível equivalente de tratamento do esgoto
Faixa1	10^7-10^8	Esgoto bruto ou efluente primário, por exemplo
Faixa 2	10^6-10^7	de fossas sépticas
Faixa3	10^5-10^6	
Faixa4	10^4-10^5	Efluente tratado, por exemplo em lagoas de
Faixa5	10^3-10^4	estabilização
Faixa6	10^2-10^3	
Faixa7	10^1-10^2	Esgoto tratado de alta qualidade, por exemplo
Faixa8	10^0-10^1	efluentes de tratamento terciário.

3.3.2. Concentração de patógenos na água de irrigação ou nas hortaliças

As concentrações de patógenos na água de irrigação ou nas hortaliças foram obtidas a partir do pressuposto de relações entre patógenos e E.coli (relações empíricas entre patógenos e indicadores) conforme indicado nas equações 3.1 e 3.2. As faixas de valores adotadas para essa variável e as respectivas distribuições (uniformes em todos os casos) se encontram na Tabela 3.3.

Tabela 3.3. Número de patógenos por 10^5 E .coli, faixas de valores e respectivas distribuições de probabilidades.

Patógeno	Distribuição	Fonte
Rotavírus	Uniforme (0,1-1)	Shuval et al. (1997) e Mara et al. (2007)
Norovírus	Uniforme (0,1-1)	Mara e Sleigh (2010a)
Cryptosporidium	Uniforme (0,01-0,1)	Mara et al.(2007)
Campylobacter	Uniforme (0,1-1)	Mara et al.(2007)
Ascaris	Uniforme (0,01-0,1)	Bastos *et al.* (2003)

Nos casos de rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter foram adotados os mesmos valores por 10^5 E. coli sugeridos por Shuval et al. (1997) (no caso de rotavírus) e Mara et al. (2007), os quais foram incorporados na formulação das Diretrizes da OMS. Na ausência de maiores informações sobre norovírus, foi adotado o critério utilizado por Mara e Sleigh (2010a), que parecem ter simplesmente assumido a mesma relação da usualmente empregada para rotavírus. Também na ausência de maiores informações sobre Ascaris, foi adotada a mesma faixa de valores de Cryptosporidium, o que, de certa forma encontra respaldo na literatura (BASTOS et al., 2003).

3.3.3. Estimativa de contaminação das hortaliças

Modelo de Shuval

Conforme já referido, neste modelo a contaminação das hortaliças é estimada a partir de valores de volume de água (efluente) remanescente sobre a superfície das culturas após a irrigação – variável "V" na Equação 3.1.

Essa variável é dependente do tipo de hortaliça, conforme se vê na Tabela 3.4 que resume os valores adotados para as hortaliças selecionadas.

Para cada uma das três hortaliças folhosas e florais selecionadas (alface, brócolis e repolho) foram assumidos valores médios e distribuições citadas em literatura. Para essas hortaliças como um todo foi assumida distribuição PERT, cujos valores característicos – mínimo, moda e máximo - foram adotados correspondentemente aos valores médios das distribuições de cada uma das hortaliças.

A distribuição PERT foi adotada a partir de consulta a especialistas (Vose, 2008) e tendo ainda em conta indicações de Barker et al. (2012); Barker et al. (2014) e Mok et al. (2014). Para efeito de comparação foi também utilizada a distribuição uniforme com os mesmos valores mínimo e máximo da distribuição PERT.

Tabela 3.4. Volume de água remanescente sobre a superfície das hortaliças, faixas de valores e respectivas distribuições de probabilidades.

Culturas	Distribuição	Caracterização das distribuições (valores em mL/g)	Fonte
Hortaliças folhosas e florais (alface, brócolis e repolho)			
Alface	Normal	0,108 (1)	Shuval et al.(1997); Hamilton et al. (2006a)
Brócolis	Lognormal	0,0184 (1)	Hamilton et al. (2006a)
Repolho	Lognormal	0,0349(1)	Hamilton et al. (2006a)
Total folhosas e florais	PERT	(0,0184;0,0349; 0,108) (2)	
Total folhosas e florais	Uniforme	(0,0184; 0,108) (3)	
Hortaliças frutosas (tomate, pepino e pimentão)			
Total frutosas	Normal	(0,0036 ± 0,0012)(4)	Shuval *et al.(*1997); Hamilton *et al.* (2006)
Total frutosas	Uniforme	(0,0024;0,0048)	
Hortaliças (total)			
Total hortaliças	PERT	(0,0024, 0,0036, 0,127)	
Total hortaliças	Uniforme	(0,0024, 0,127)	

(1) valor médio; (2) mínimo, moda e máximo; (3) mínimo e máximo; (4) média e desvio padrão;

Na Figura 3.5 estão ilustrados histogramas de frequências do "volume remanescente" para as hortaliças folhosas e florais, obtidos por simulação de Monte Carlo a partir das distribuições e respectivos parâmetros mostrados na Tabela 3.3.

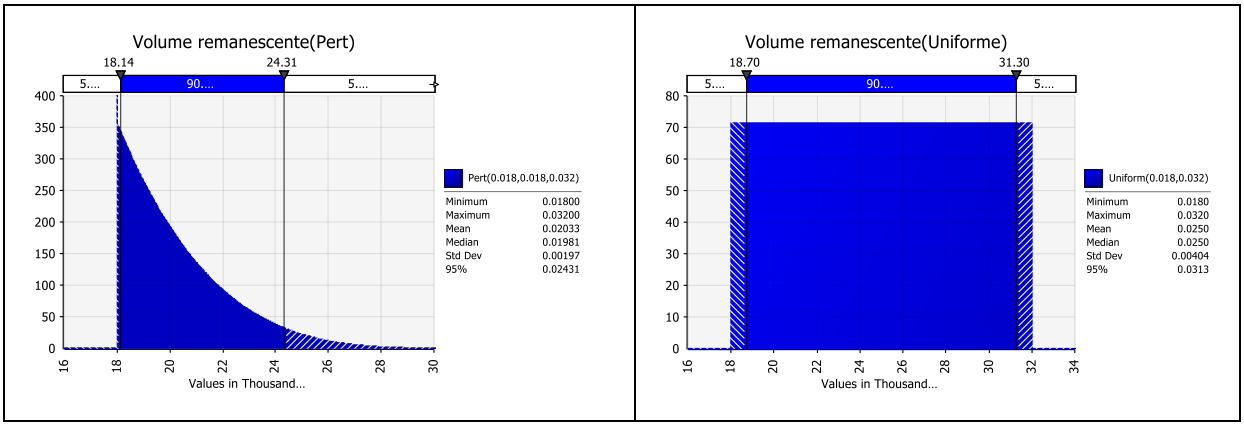


Figura 3.5. Histogramas de frequências das Funções Densidade de Probabilidades das estimativas do volume remanescente de água sobre a superfície das hortaliças folhosas e florais, distribuição PERT (à esquerda) e distribuição uniforme (à direita)

Para as hortaliças frutosas (tomate, pepino e pimentão) foram adotados distribuição (normal) e os respectivos parâmetros (média e desvio padrão) sugeridos por Shuval et al. (2007) e Hamilton et al. (2006b) para pepino. Admitiu-se aqui que a similaridade das superfícies (lisas) dessas três culturas permitisse a extrapolação da informação sobre pepinos para as outras duas.
A título de comparação foi testada também a distribuição uniforme, para a qual foram adotados valores mínimo e máximo coincidentes com os valores das caudas (percentis 5% e 95%) da distribuição normal, como mostram os histogramas de frequências da Figura 3.6.

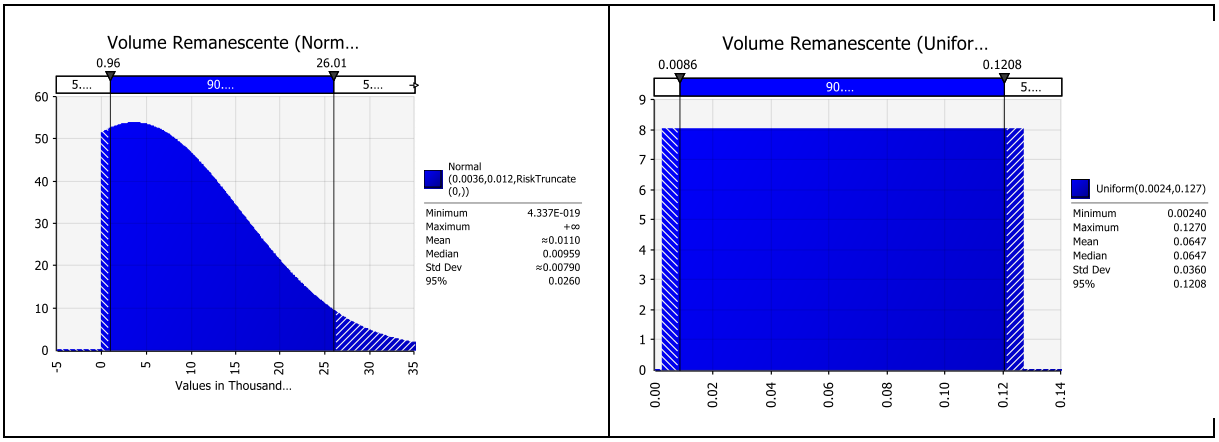


Figura 3.6. Histogramas de frequências das Funções Densidade de Probabilidades das estimativas do volume remanescente de água sobre a superfície das hortaliças frutosas, distribuição normal truncada (à esquerda) e distribuição uniforme (à direita).

Para o total de hortaliças foi adotada distribuição PERT com os seguintes parâmetros: (i) mínimo igual ao percentil 5% da distribuição normal referente às hortaliças frutosas; (ii) média igual ao valor médio da distribuição adotada para as hortaliças frutosas; (iii) máximo igual ao percentil 95% da distribuição normal referente às hortaliças folhosas.

Esse caso também foi submetido à comparação com a distribuição uniforme, com limites máximo e mínimo iguais aos da distribuição PERT, conforme mostrado na Figura 3.7.

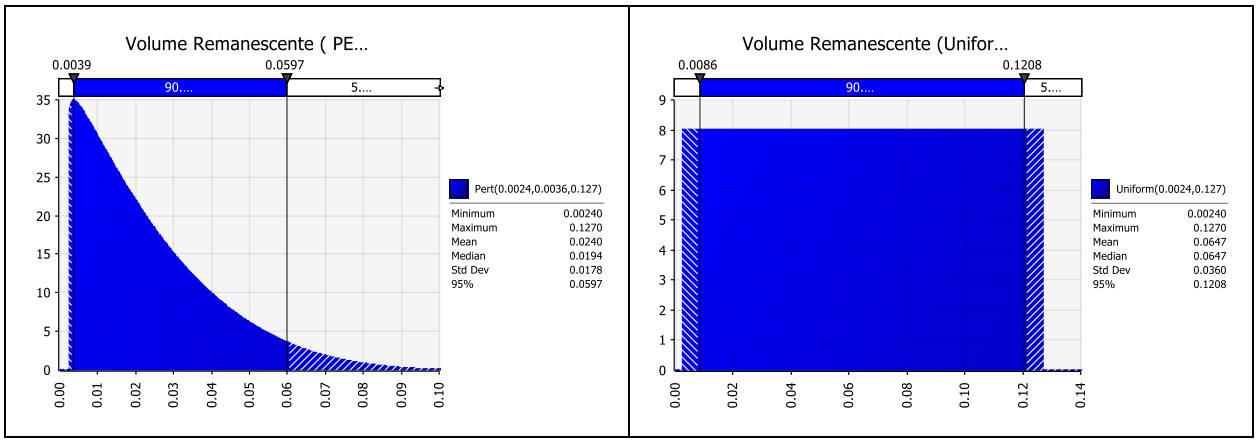


Figura 3.7. Histogramas de frequências das Funções Densidade de Probabilidades do volume remanescente de água sobre a superfície das hortaliças como um todo, distribuição PERT (à esquerda) e distribuição uniforme (à direita).

Modelos de Bastos

Os modelos de Bastos para "plantas que se desenvolvem distantes do solo" (Equação 2.4) e "plantas que se desenvolvem rente ao solo" (Equação 2.5) foram utilizados para comparação das estimativas de risco efetuadas com o modelo de Shuval aplicado, respectivamente, às hortaliças folhosas e florais (alface, brócolis e repolho) e às hortaliças frutosas (tomate, pepino e pimentão).

Para o subcenário das hortaliças como um todo não foi possível utilizar o modelo de Bastos devido à falta de uma equação empírica que pudesse associar simultaneamente hortaliças que se desenvolvem rentes e distantes do solo; por conta disso, o cômputo da dose e, por conseguinte, do risco foi realizado usando somente o modelo de Shuval.

Cabe esclarecer que as estimativas de contaminação de hortaliças a partir da qualidade da água de irrigação foram computadas pontualmente, isto é não foram consideradas incertezas em torno das equações 2.4 e 2.5. Em outras palavras, cada dado de entrada (qualidade da água de irrigação) nas equações 2.5 e 2.5 gerou um dado de saída (contaminação das hortaliças). Assim, no conjunto, as informações sobre contaminação das hortaliças foram descritas por distribuição lognormal ou distribuição uniforme, dependendo da descrição adotada para os dados de qualidade da água (ver item 3.2.1).

3.3.4. Remoção de patógenos por higiene dos alimentos

No modelo de exposição das Diretrizes da OMS, se considera redução de patógenos entre a última irrigação ou colheita e o consumo por decaimento (die-off) ou por remoção, por exemplo por práticas de higiene alimentar (lavagem ou desinfecção). No presente trabalho, por pressuposto teórico considerou-se apenas redução por lavagem, admitindo ser esta uma prática corrente no Brasil no preparo de hortaliças para consumo, independentemente do extrato social. Não se considerou, entretanto, decaimento entre a última irrigação e a colheita ou consumo, entendendo que hortaliças podem ser irrigadas até a "última hora" para manter o frescor e o apelo comercial.
Na Tabela 3.5 se encontram as faixas de valores de remoção de patógenos por lavagem (variável 10^{-x} nas equações 3.1. e 3.2), as respectivas distribuições adotadas (PERT e uniforme) e as referências utilizadas como respaldo. Na Figura 3.8 essas informações são representadas graficamente, isto é as Funções Densidade de Probabilidades obtidas através de progrma @risk 5.5 (PALISADE COPERATION). Dada sua flexibilidade em modelar diferentes ideias, sobretudo de especialistas, Barker et al. (2012); Barker et al. (2014) e Mok et al. (2014) também usaram essa distribuição para decrever a remoção de patógenos.

Para efeito de comparação de estimativas de risco, foi também utilizada distribuição uniforme com os mesmos valores mínimo e máximo da distribuição PERT.

Tabela 3.5. Remoção de patógenos por lavagem das hortaliças, distribuições de probabilidades e valores dos respectivos parâmetros.

Patógeno	Distribuição	Fonte
Rotavírus	Pert (10^{-2},10^{-1},$10^{-0,1}$) Uniforme (10^{-2}, $10^{-0,1}$)	Mok et al. (2014).
Norovírus	Pert (10^{-2},10^{-1},$10^{-0,1}$), Uniforme (10^{-2}, $10^{-0,1}$)	Mok et al. (2014).
C. parvum	Uniforme (10^{-2}, 10^{-1})	Mara et. al. (2007)
C. jejuni	Uniforme ($10^{-1,585}$,$10^{-0,6021}$)	Bonilha e Falcão (1994)
A. lumbricoides	Uniforme (10^{-2}, 10^{-1})	Mara et. al. (2007)

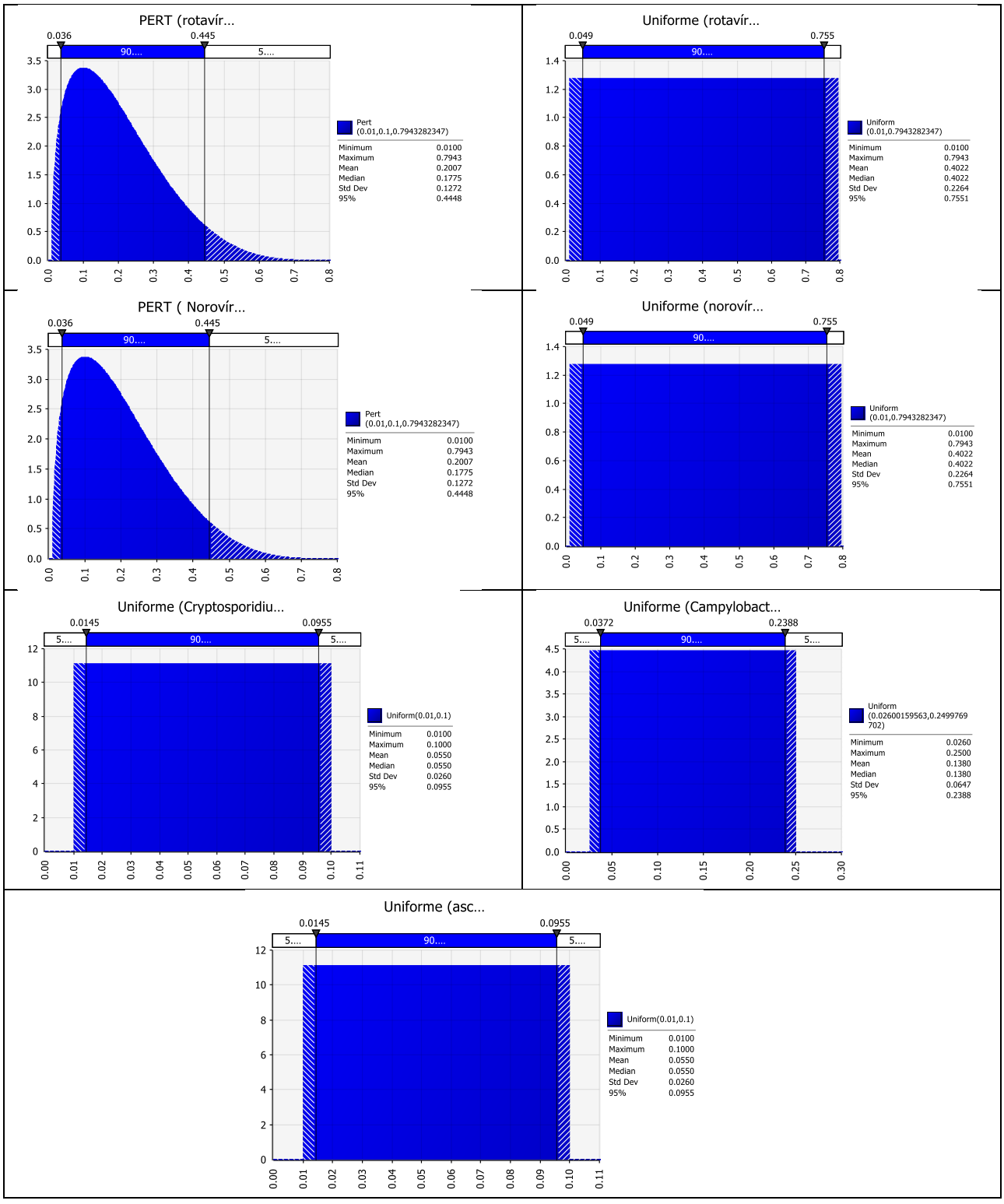


Figura 3.8. Histogramas de frequências das Funções Densidade de Probabilidades da variável de "remoção de patógenos por lavagem".

3.3.5. Padrão de consumo de hortaliças

Como já referido, as informações referentes ao padrão de consumo de hortaliças foram obtidas da base de dados Pesquisa de Orçamentos Familiares (POF 2008-2009) do IBGE. Como os dados da POF são disponibilizados em kg/ano, para o propósito do cômputo do risco por pessoa por dia os valores originais foram divididos por 365. Em cada um dos subcenários a seguir descritos (grupo de hortaliças), o padrão de consumo resultou da soma dos dados das hortícolas selecionadas por Unidade da Federação, tendo isso resultado em amostras de 27 dados. Tratando-se de uma base dados relativamente pequena, o método de reamostragem por bootstrapping, em particular bootstrapping não-paramétrico, foi utilizado com vistas a contornar essa limitação e também para assegurar uma abordagem mais consistente acerca de incertezas em torno da base de dados. O código utilizado para gerar amostras bootstrap no programa R está ilustrado no Quadro 3.1.

Quadro 3.1. Código usado no programa R para gerar amostras bootstrap de dados de aquisição domiciliar per capita de hortaliças.

```
set,seed(333);x<-c( dados de consumo de hortícolas (g/dia))
bootMean<-rep(NA,10000);
for(i in 1:10000){bootMean[i]<-mean(sample(x,replace=TRUE))}
plot(density(bootMean))
matrix(bootMean, ncol=1)
```

Por meio do programa @Risk 5.5, os dados originais e os obtidos por bootstrapping (10.000 dados) foram submetidos a testes de aderência a distribuições de probabilidades (Teste de Anderson-Darling). Dessa forma, o cômputo do risco por Simulação de Monte Carlo levou em consideração dois subcenários relativos o padrão de consumo de cada um dos grupos de hortaliças :sem e com bootstrapping não-paramétrico.

Cumpre esclarecer que, diferentemente de outras variáveis das Equações 3.1 e 3.2, a distribuição uniforme não foi atribuída ao “consumo de hortaliças”, no entendimento que a base de dados utilizada é suficiente para bem descrever esta variável.

3.2.5.1. Hortaliças folhosas e florais (alface, brócolis e repolho)

Como resultado, foram selecionadas a distribuição Gaussiana inversa para os dados originais (sem bootstrapping) e a distribuição lognormal para os obtidos por bootstrapping. Os histogramas e curvas ajustadas dessas distribuições estão mostrados na Figura 3.9.

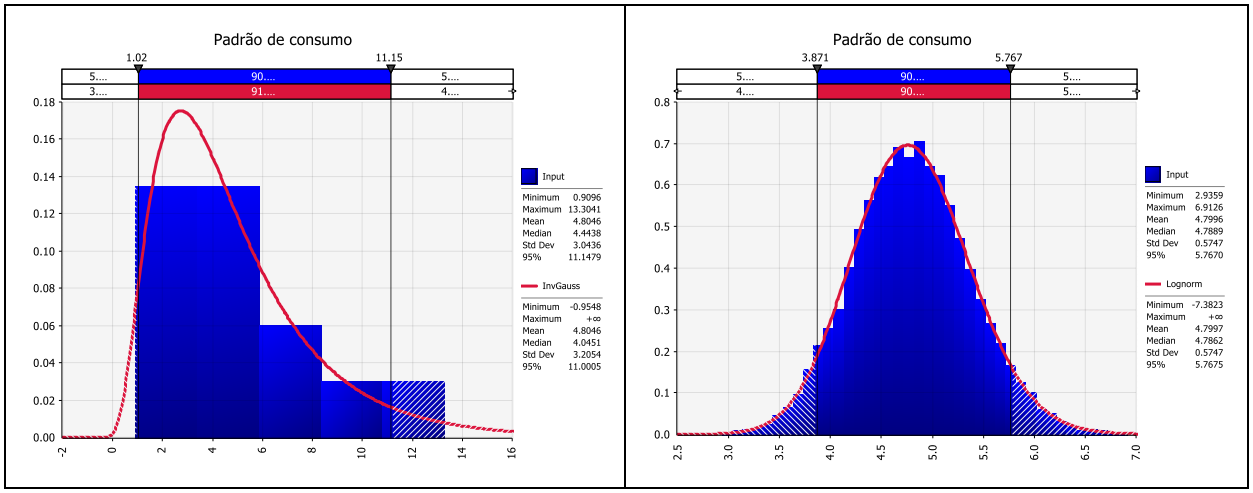


Figura 3.9. Histogramas de frequência e curvas ajustadas de distribuições de probabilidades selecionadas a partir de dados de consumo das hortaliças folhosas e florais: dados originais sem bootstrapping (à esquerda) e 10.000 dados obtidos por bootstrapping não-paramétrico (à direta).

3.2.5.2. Hortaliças frutosas (tomate, pepino e pimentão)

Com base nos resultados do teste de Anderson Darling, foram selecionadas a distribuição log-logística para os dados originais e a distribuição beta para os dados gerados por meio de bootstrapping (Figura 3.10).

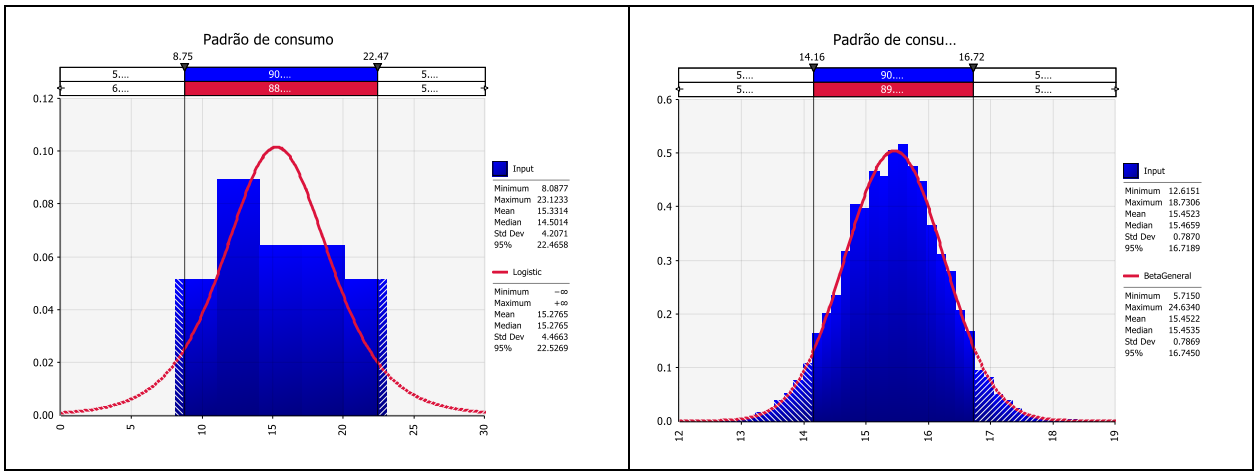


Figura 3.10. Histogramas de frequência e curvas ajustadas de distribuições de probabilidades selecionadas a partir de dados de consumo de hortaliças frutosas: dados originais sem bootstrapping (à esquerda) e 10.000 dados obtidos por bootstrapping não-paramétrico (à direta).

3.2.5.3. Total de hortaliças (alface, brócolis, repolho, tomate, pepino e pimentão)

Quando computados os dados das seis hortaliças, foi selecionada a distribuição lognormal, tanto para os dados originais quanto para os gerados por meio de bootstrapping (Figura 3.11).

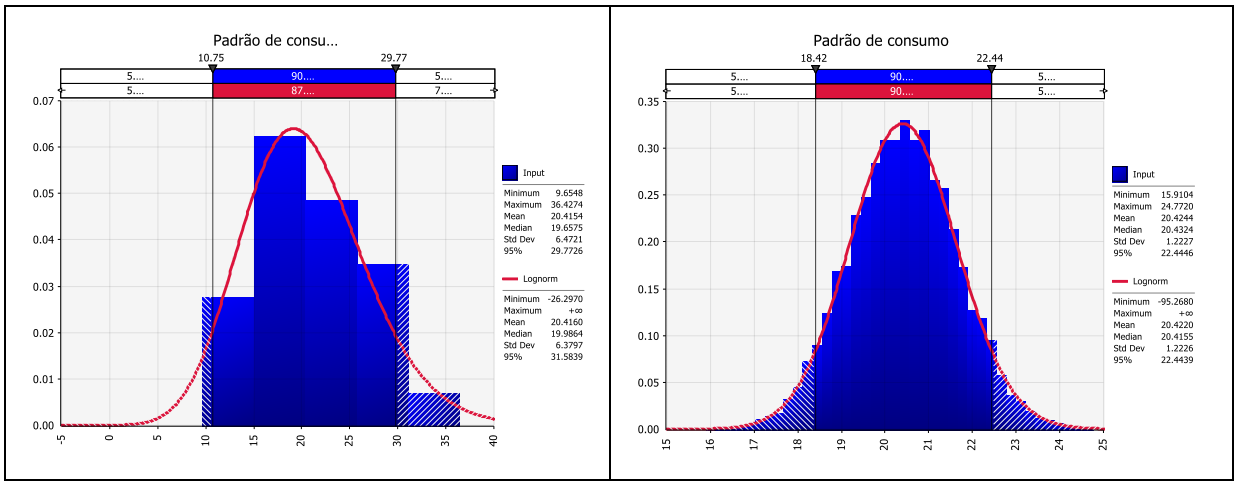


Figura 3.11 Histogramas de frequência e curvas ajustadas de distribuições de probabilidades selecionadas a partir de dados de consumo do total de hortaliças: dados originais sem bootstrapping (à esquerda) e 10.000 dados obtidos por bootstrapping não-paramétrico (à direta).

3.4. MODELOS DOSE RESPOSTA

Levando em consideração o que foi abordado na revisão de literatura (Seção 2) no que diz respeito à adequação aos organismos patogênicos em estudo, foram utilizados os seguintes modelos DR, os quais estão listados na tabela 3.6:

(i) Beta-Poisson (Equação 2.19) para rotavírus, Campylobacter jejuni e A. lumbricoides

(ii) Função hipergeométrica confluente de Kummer (Beta-Poisson exato) (Equação 2.18) para rotavírus e Campylobacter jejuni

(iii) Função hipergeométrica Gaussiana (Equação 2.26) para norovírus

(iv) Beta-binomial (Equação 2.24) para rotavírus, Campylobacter jejuni e A. lumbricoides

(v) Exponencial (Equação 2.10) para Cryptosporidium parvum.

A Figura 3.2 mostra esses modelos, acompanhados dos métodos utilizados para obtenção dos respectivos parâmetros. Melhor dizendo, para cada um dos modelos DR, informações de literatura dos valores únicos dos respectivos parâmetros, obtidos pelo método da máxima verossimilhança, foram comparados com outros valores para os mesmos parâmetros obtidos por métodos de reamostragem a partir dos dados originas de dose-resposta, ou seja incorporando incertezas aos parâmetros dos modelos.

As estimativas dos parâmetros dose-resposta obtidas pelo método de máxima verossimilhança, encontradas na literatura e recorrentemente usadas em AQRM, estão ilustradas na Tabela 3.6

A base de dados experimentais usada para estimar os parâmetros dos modelos DR por métodos de bootstrapping e por métodos Bayesianos está ilustrada nas tabelas 3.7, 3.8 e 3.9. Esses dados foram obtidos de trabalhos de Teunis et al. (1996), Messeners (2001) e Hass et al. (2014), que os utilizaram para determinar as estimativas dos parâmetros dos modelos DR por máxima verossimilhança e para o cômputo de riscos em vários cenários.

Tabela 3.6. Dados de literatura de estimativas dos parâmetros dose-resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança.

Organismo	Modelo	Parâmetros	Estimativas	Fonte
Rotavírus	Beta-Poisson	α	0,253	Hass et al. (1999)
		DI_{50}	6,17	Teunis e Havelaar (2000)
	Função hipergeométrica confluente	α	0,1673	Schimdt et al. (2013)
		β	0,192	
	Beta-binomial	α	0,1673	Schimdt et al. (2013)
		β	0,192	
Norovírus	Função hipergeométrica Gaussiana	α	0,005	Teunis et al. (2008)
		β	0,005	
		a	0,9997	
Cryptosporidum	Exponencial	r	0,004	Teunis (1997), Hass et al. (1999)
Campylobacter	Beta-Poisson	α	0,145	Teunis e Havelaar (2000)
		DI_{50}	896	
	Função hipergeométrica confluente	α	0,145	Teunis e Havelaar (2000)
		β	7,589	
	Beta-Poisson	α	0,145	Teunis e Havelaar (2000)
		β	7,589	
Ascaris	Beta-Poisson	α	0,104	Navarro et al. (2009)
		DI_{50}	859	
	Beta-binomial	α	0,104	Navarro et al. (2009)
		DI_{50}	1,096	

Na Tabela 3.7 consta a base de dados oriunda de estudos realizados por Ward et al. (1986), envolvendo experimentos de dose-resposta com rotavírus estirpe CJN em humanos – no total, 62 adultos do sexo masculino com idade entre 18 a 45 anos. Mais detalhes podem ser vistos em Teunis et al.(1997) e Teunis e Havelaar (2000).

Tabela 3.7. Dados originais de experimentos dose-resposta em humanos com rotavírus

Dose (UFF) [1]	Número de indivíduos submetidos à dose	Número de indivíduos infectados [2]
90000	3	3
9000	7	5
900	8	7
90	9	8
9	11	8
0,9	7	1
0,09	7	0
0,009	7	0

(1) unidades formadoras de foco, (2) excreção de rotavírus, soro conversão ou ambos.

Fonte: Ward et al. (1986)

A Tabela 3.8 refere-se à base de dados de experimentos dose-resposta em humanos com Cryptosporidium parvum (isolado a partir bezerro), obtida de estudos de Dupont et al. (1995) e atualizada por Messener (2001). A base de dados inicial foi obtida com 29 indivíduos saudáveis entre estudantes e funcionários da Texas Medical Center, em Houston, com idade entre 20 a 45 anos.

Tabela 3.8. Dados originais de experimentos dose-resposta em humanos Cryptosporidium parvum

Dose	Número de indivíduos submetidos à dose	Número de indivíduos infectados
30	5	2
100	8	4
300	3	2
500	6	5
1000	2	2
10000	3	3
100000	1	1
1000000	1	1

Fonte: Dupont et al. (1995) e Messener (2001)

A Tabela 3.9 traz a base de dados de experimentos dose-resposta com Campylobacter jejuni obtida do trabalho de Teunis et al. (1997). A mesma base pode ser encontrada no trabalho de Haas et al.(2014), a qual foi originalmente desenvolvida em estudo de Black et al. (1988), envolvendo jovens adultos em Baltimore, EUA.

Tabela 3.9. Dados originais de experimentos dose-resposta em humanos com Campylobacter jejuni.

Dose	Número de indivíduos submetidos à dose	Número de indivíduos infectados
800	10	5
8000	10	6
90000	13	11
800000	11	8
1000000	19	15
100000000	5	5

Fonte: Black et al. (1988)

3.4.1. Estimativas dos parâmetros dos modelos dose-resposta por bootstrapping

Neste trabalho recorreu-se à técnica de booststrapping observations (HAAS et al., 2014), descrita no item 2.5.4.3. O código usado no programa R usando a Equação 2.52 para gerar réplicas de amostras bootstrap pode ser visto no Quadro 3.2.

Quadro 3.2. Código usado no programa R para gerar réplicas de dados dose-reposta segundo o método bootstrapping observations.

```
dose<-c (Dados referentes a dose) # primeira coluna de cada tabela referentes aos dados originais

total<-c (Total de indivíduos) # segunda coluna de cada tabela referentes aos dados originais

positivos <-c(Indivíduos infetados ou seja positivos)

tabela <-cbind(dose, total, positivos)

tabela

nlim<-length(tabela[,1])

nlim

tabela2 <- matrix(NA,nlim,1000)

for (i in 1:nlim)

{tabela2[i,]<-rbinom(1000,tabela[i,2],tabela[i,3]/tabela[i,2])}

tabela2

tabela3<-cbind (tabela,tabela2)

tabela3
```

O Quadro 3.3 ilustra a titulo de exemplo o código usado para determinar os parâmetros de alpha e beta referentes à função hipergeométrica confluente através do método de otimização sem restrição usando o algoritmo simplex de Nelder-Meads. A otimização consiste em obter valores de alpha e beta que minimizam a deviance mostrada pela Equação (2.48) na seção 2.5.4.3 .

Para cada amostra bootstrapping gerada, um par de estimativas alpha e beta é obtida por método de máxima verossimilhança; dessa forma, para 1000 amostras bootstrapping são também gerada 1000 pares de estimativas (alfa e beta), dando origem aos gráficos ilustrados nas Figuras (4.1-6a) os quais foram plotados pelo código ilustrado no Quadro 3.4.

Quadro 3.3. Código usado no programa R para obter estimadores da máxima verossimilhança, cujos dados de entrada provinham de réplicas bootstrap.

```
require(gsl)
dose<-c (Dados referentes a dose)
total<-Total de indivíduos)
positivos<-c(Indivíduos infetados ou seja positivos)
dataframe=data.frame(dose=dose,total=total,positivos=positivos)
-----------------------------------------------------------
#Função para retornar valor previsto de acordo com parâmetros
# pred.funcaohipergeometrica corresponde a função hipergeomtrica confluente
pred.funcaohipergeometrica<-function(alpha,beta,data){
f<- 1-(hyperg_1F1(alpha,alpha+beta,-1*dose))
return(f)
}
-----------------------------------------------------------
#Função para retornar a Deviance
deviance<-function(params,data){
alpha=params[1]
beta=params[2]
fpred<-pred.funcaohipergeometrica(alpha,beta,data)
fobs<-data$positives/data$total
Y1<-data$positives*log(fpred/(fobs+1e-15))
Y2<-(data$total-data$positives)*log((1-fpred)/(1-fobs+1e-15))
Y<--2*(sum(Y1)+sum(Y2))
return(Y)
}
-----------------------------------------------------------
best<-optim(c(0.5,10),deviance,gr=NULL,dataframe,
method="Nelder-Mead",control=list(trace=10))
print(best)
```

Quadro 3.4. Código usado no programa R para gerar os gráficos de dispersão de pares de parâmetros (alfa e beta) e intervalos de confiança (90, 95, 99%)

```
library(car)
getwd()
setwd("Localizção da pasta onde se encontra o ficheiro”)
getwd()
dados1<-read.csv2( ficheiro)
dados1
dados1 [,1]
dados1 [,2]
Me <- dados1 [,1]
Ne <- dados1 [,2]
Me1<-log(Me)
Ne1<-log(Ne)
dataEllipse (Me1,Ne1, levels=c(0.5, 0.9),xlab = deparse(substitute(lg(beta))),
    ylab = deparse(substitute(lg(alpha))))
dataEllipse (Me1,Ne1, levels=c(0.90,0.95, 0.99), center.pch = FALSE, robust = TRUE,xlab = deparse(substitute(lg(beta))),
ylab = deparse(substitute(lg(alpha))),  col=palette()[1], lwd=1, fill=TRUE, fill.alpha=0.3, grid=TRUE, )
```

3.4.2. Determinação das estimativas dos parâmetros dos modelos dose-resposta por métodos Bayesianos

3.4.2.1. Inferência Bayesiana

No que se refere ao uso de inferência Bayesiana na determinação dos parâmetros dose-resposta, recorreu-se à Equação 3.61, item 2.5.6, na qual foram introduzidos os dados dose-resposta de cada organismo patogênico na função verossimilhança e, em seguida, foram atribuídas distribuições a priori para os parâmetros de interesse.

No modelo exponencial foi adotada uma priori não informativa, concretamente a distribuição beta com hiperparâmetros (α=1, β=1) para o parâmetro r, como mostra a Equação 3.3. A escolha de uma priori não informativa foi realizada para que a distribuição posterior obtida seja diretamente proporcional à função verossimilhança, a qual representa os dados dose-resposta. A distribuição beta como hiperparâmetros (α=1, β=1) se reduz ou é equivalente a uma distribuição uniforme (a=1, b=1).

$$P_i(r) \sim \text{Beta}(1,1) \tag{3.3}$$

Semelhantemente, foi adotada uma priori não informativa para os modelos beta-Poisson e beta-binomial, a saber: uniforme para os parâmetros alfa (α) e beta (β), os quais foram sujeitos a um amplo de intervalo, de 10^{-6}-10^{6}, segundo sugerido pelo Teunis e Havelaar (2000), Donald et al. (2011) eSchmidt et al. (2013) em estudos feito com Vibrio choleare e Salmonella. As equações 3.4 e 3.5 expressam a priori não informativa na qual, são mostrados o valores mínimo e máximo da distribuição uniforme.

$$g_i(\alpha) \sim \text{duni}(10^{-6},10^{6}) \tag{3.4}$$

$$g_i(\beta) \sim \text{duni}(10^{-6},10^{6}) \tag{3.5}$$

Para efeito de flexibilidade no cômputo das distribuições a priori no programa OpenBugs, as mesmas foram transformadas para escala logarítmica.O programa OpenBUGS é uma ferramenta bastante útil nos problemas que envolvem modelagem Bayesiana, porém não tão amigável quanto o programa R (VOSE, 2008). Para seu uso não é necessário o conhecimento das distribuições condicionais completas a posteriori (DCPP), sendo suficiente especificar a distribuição dos dados, as priori e os valores iniciais da cadeia.

As expressões analíticas das funções de verossimilhança para cada modelo dose-resposta estão expressas pelas equações 3.6, 3.7 e 3.8. Em experimentos dose-resposta, números conhecidos de indivíduos são expostos a doses específicas e o número de indivíduos que apresentem sinais de

infecção (por vezes, os sintomas da doença) é registrado. Tal delineamento faz com que a função de verossimilhança em cada modelo dose resposta seja caracterizada por distribuição binomial.

(i) Função exponencial:

$$f\left(p_{inf}|r\right)=\prod_{i=1}^{k}\binom{N_i}{I_i}\left[\left(1-e^{-rD_i}\right)\right]^{I_i}\left[\left(1-e^{-rD_i}\right)\right]^{N_i-I_i} \tag{3.6}$$

(ii) Modelo Beta-Poisson

$$f\left(p_{inf}|\alpha,\beta\right)=\prod_{i=1}^{k}\binom{N_i}{I_i}\left[1-\left(1+\frac{\mu_i}{\beta}\right)\right]^{I_i}\left[1-\left(1+\frac{\mu_i}{\beta}\right)\right]^{N_i-I_i} \tag{3.7}$$

(iii) Modelo Beta-Binomial ou Função hipergeométrica

$$f\left(p_{inf}|\alpha,\beta\right)=\prod_{i=1}^{k}\binom{N_i}{I_i}\left[\left(1-{}_1F_1\left(\alpha,\beta,D_i\right)\right)^{I_i}\right]\left[\left(1-{}_1F_1\left(\alpha,\beta,D_i\right)\right)^{N_i-I_i}\right] \quad \beta \gg \alpha,\ \beta \gg 1 \tag{3.8}$$

Onde:

i é 1, 2...k representa grupos de doses i; N_i os indivíduos em grupos i e I_i os indivíduos infectados no mesmo grupo de dose i

Cumpre esclarecer que o modelo beta-binomial (Equação 2.26) pode se desdobrar na função hipergeométrica confluente de Kummer (Equaççção 2.20)

Usando o método da máxima verossimilhança sobre os dados originais dose-resposta de rotavírus, verifica-se que os parâmetros alpha e beta do modelo beta-Binomial possuem valores aproximados aos dos os parâmetros alpha e beta da função hipergeométrica (TEUNIS e HAVELAAR, 2000; HAMILTON et al., 2006a; HAAS et al., 2014; SCHIMDT, 2014). Assim, e devido à complexidade de implementação da função hipergeométrica confluente de Kummer no OpenBugs, optou-se pela equação Equação 2.26, item 2.3.6 (SCHIMDT, 2014, comunicação pessoal) em detrimento da função hipergeométrica confluente de Kummer.

Por fim, as expressões analíticas das distribuições a posteriori dos parâmetros de interesse, as quais foram obtidas pela combinação das distrubuições a priori com a função de verossimilhança, estão apresentadas nas equações 3.9, 3.10 e 3.11

(i) Distribuição condicional a posteriori para o modelo exponencial

$$P_i\left(r|p_{inf}\right) \propto \prod_{i=1}^{k}\binom{N_i}{I_i}\left[\left(1-e^{-rD_i}\right)\right]^{I_i}\left[\left(1-e^{-rD_i}\right)\right]^{N_i-I_i} \times \text{Beta}(1,1) \tag{3.9}$$

(ii) Distribuição condicional a posteriori para o modelo β-Poisson

$$P_i\left(\alpha,\beta|p_{inf}\right) \propto \prod_{i=1}^{k}\binom{N_i}{I_i}\left[1-\left(1+\frac{\mu_i}{\beta}\right)\right]^{I_i}\left[1-\left(1+\frac{\mu_i}{\beta}\right)\right]^{N_i-I_i} \times \left[\left(\frac{1}{\alpha_{max}-\alpha_{min}}\right)\times\left(\frac{1}{\beta_{max}-\beta_{min}}\right)\right] \tag{3.10}$$

(iii) Distribuição condicional a posteriori para o modelo Beta-Binomial ou Função hipergeométrica

$$P_i\left(\alpha,\beta|p_{inf}\right) \propto \prod_{i=1}^{k}\binom{N_i}{I_i}\left[\left(1-{}_1F_1(\alpha,\beta,D_i)\right)^{I_i}\right]\left[\left(1-{}_1F_1(\alpha,\beta,D_i)\right)^{N_i-I_i}\right]\times\left[\left(\frac{1}{\alpha_{max}-\alpha_{min}}\right)\times\left(\frac{1}{\beta_{max}-\beta_{min}}\right)\right] \tag{3.11}$$

A partir das distribuições posteriores de cada modelo, percebe-se que por mais que se tenha usado uma distribuição a priori simples (distribuição uniforme), a obtenção de estimativas dos parâmetros de interesse não é tarefa fácil, em particular para modelo beta-Poisson e beta-binomial, uma vez que para obtenção das mesmas é necessário derivar as distribuições posteriores marginais conjuntas. A Equação 3.9, representa genericamente a posterior marginal conjunta dos modelos Beta-Poisson e Beta-Binomial.

$$P_i(p_{inf}) = \int\int f_i\left(p_{inf}|\alpha,\beta\right).\times g_i\left(\alpha\right)\times g_i\left(\beta\right).d\alpha\beta \tag{3.12}$$

A distribuição a posteriori marginal de α é dada a partir da Equação 3.13

$$P_i\left(\alpha|p_{inf}\right) = \int P_i\left(\alpha,\beta|p_{inf}\right).d\beta \tag{3.13}$$

A distribuição a posteriori marginal de β é dada pela Equação 3.14.

$$P_i(\beta|p_{inf}) = \int P_i(\alpha,\beta|p_{inf})d\alpha \quad (3.14)$$

Para contornar o problema de integração e obter amostras das distribuições a posteriori marginais, por meio das quais se fez inferências sobre os parâmetros de interesse, recorreu-se ao método Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCCM), mais especificamente ao amostrador de Gibbs através do programa OpenBUGS (Bayesian Inference Using Gibbs Sampler).

No entanto, como o modelo exponencial tem apenas um parâmetro de incerteza (r), não possível aplicar amostrador de Gibbs e, para transpor esse problema recorreu-se a técnica de slice sampling, que já está embutida no programa Openbug 3.2.3. Para mais informações sobre slice sampling recomenda-se o trabalho de Neal (2003).

No que tange ao modelo beta-binomial (função hipergeométrica confluente), recorreu-se a dois métodos MCCM no programa Openbug 3.2.3, a saber: (i) Discrete Slice Sampling para dose consumida e (ii) Adaptive Metropolis Block Updating para os parâmetros α e β, ambos também embutidos no programa. O algoritmo Adaptive Metropolis Block Updating também foi usado para determinação dos parâmetros dos modelos beta-Poisson (α e β).

Para identificação e monitoramento da convergência da sequência ou entre as cadeias foi usado o critério de Gelman-Rubin, embutido no OpenBUGS. Essa técnica consiste na observação gráfica da convergência ou aproximação das duas ou mais cadeias usadas em torno do fator de redução de escala potencial (da sigla inglesa potential scale reduction fator - PSRF), o qual pode ser interpretado como um fator de diagnóstico da convergência. Se o PSRF aproxima-se de 1, pode-se concluir que cada m conjunto de n iterações se aproxima da distribuição de interesse. Mais detalhes sobre a técnica de Gelman-Rubin e outras usadas na análise de convergência podem ser encontradas no trabalho de Nogueira et al. (2004).

Para obtenção dos parâmetros dos modelos DR foram geradas 10000 iterações, das quais 1000 foram usadas para aquecimento (burn-in) das cadeias iniciais, sendo posteriormente descartadas. Com vistas a quebrar ou evitar correlação entre as amostras selecionadas pelo método MCCM foi usado um thin, ou salto, de 10. A convergência foi avaliada pelo método de Gelman-Rubin usando duas cadeias iniciais, cujos hiperparâmetros já foram citados.

3.4.2.2. Bootstrapping Bayesiano

O Bootstrapping Bayesiano consistiu em utilizar na função verossimilhança amostras bootstrap geradas para cada modelo dose-resposta através de bootstrapping observations, mantendo as mesmas priori da Inferência Bayesiana. Assim sendo, o mesmo roteiro, isto é, o número de iterações, o tamanho da amostra para aquecimento das cadeias (burn-in), o tamanho do salto e a convergência usados na Inferência Bayesiana para a determinação dos parâmetros dos modelos DR, foram também usados no Bootstrapping Bayesiano. Cabe especificar que das 1000 amostras bootstrap geradas, foram aleatoriamente selecionadas 200 amostras para cada modelo dose reposta na função verossimilhança. Esse tamanho amostral foi assumido como representativo e, além do mais, acima disso o programa Openbugs apresentava erros e lentidão no processamento dos resultados. Os códigos referentes aos modelos DR estão ilustrados no Quadro 3.5.

Quadro 3.5. Código do programa OpenBUGS usado para avaliar os parâmetros dos modelos dose-resposta

```
 1. Modelo Exponencial
model
{
r~dbeta(1,1)    # priore Uniforme, 0<r<1
for (i in 1:m){
 P[i]<-1-exp(-r*N[i])
X[i]~dbern(P[i])
}
}
2.Modelo beta-Poisson
model {
 # Priori g(a,b)=k/ab, com a,b restritos em [10^-6, 10^6]
loga~dunif(-6,6)
 logb~dunif(-6,6)
 a <- pow(10,loga) b <- pow(10,logb)
 for (i in 1:m) {P[i] <- 1-pow(1+N[i]/b,-a)
X[i] ~ dbern(P[i])
}
}
Função hipergeométrica
model {
 # Priori g(a,b)=k/ab, com a,b restritos em [10^-6, 10^6]
  loga ~ dunif(-6,6)
  logb ~ dunif(-6,6)  # logb ~ dunif(0,6) com b>1
  a <- pow(10,loga)
  b <- pow(10,logb)
  for (i in 1:m) {
  d[i] ~ dpois(N[i])
    # probabilidade de infecção Beta-binomial
    P[i]  <-  1  -  exp(loggam(a+b)  +  loggam(d[i]+b)  -  loggam(b)  -
loggam(d[i]+a+b))
  X[i] ~ dbern(P[i])
 }
}
```

Fonte: Schmidt et al. (2013) , Schmidt (Comunição pessoal em 2015)

3.5. CARACTERIZAÇÃO DO RISCO

A Figura 3.3 apresentada no início desta seção ilustra o roteiro completo e a finalização do processo de estimativa de riscos anuais: para cada uma das combinações de modelos de exposição e modelos DR (com as respectivas variantes de atribuição e propagação de incertezas em torno das variáveis de entrada) foram estimados riscos anuais de infecção por dois métodos: estimador Pnaive e estimador Pgold (ver item 2.4)

Para a estimativa do risco anual recorreu-se aos estimadores Pnaive (Equação 2.41) e Pgold (Equação 2.43), por meio da simulação aleatória via amostragem por Hipercubos Latinos. O primeiro estimador foi computado com o programa @Risk 5.5 (PALISADE CORPORATION) envolvendo 10000 iterações. O segundo com o programa R 3.1.2 (R Development Core Team, 2015) através do pacote lhs (latin hipercube sampling), sendo necessárias 3650000 iterações na distribuição da dose de forma a gerar 10000 estimativas de risco anual.

Contudo, cabe esclarecer que os riscos anuais Pnaive e Pgold relativos à infeção por rotavírus e norovírus foram computados no programa R com recurso ao pacote gsl (Gnu Scientific Library), posto que o programa @Risk 5.5 está desprovido das funções hipergeométrica confluente de Kummer e hipergeométrica gaussiana.

O Quadro 3.6 mostra um exemplo de código escrito no programa R para cômputo do risco anual usando o estimador Pgold, em simulação estocástica via amostragem por Hipercubos Latinos.

Quadro 3.6. Código utilizado no programa R para estimar riscos anuais de infeção por rotavírus por meio do estimador Pgold e das seguintes combinações: (i) Modelo de exposição- Shuval et al. (1997); (ii) Modelo dose resposta - função hipergeométrica confluente de Kummer; (iii) Método de estimativa dos parâmetros α e β- Inferência Bayesiana.

```
doseFunction <- function(Ecoli,V,N,D,C)
{
  return(Ecoli *V*N*D*C/1E7)
}
require (mc2d)               #pacote referente a distribuição PERT,
require(lhs)                    #pacote referente a amostragem por hipercubo
latino,
require (gsl)                   #pacote referente a função hipergeométrica de
kummmer,
desiredMean<- 183.4738         #media da distribuição lognormal referente ao
E.coli na lagoa 3,
desiredStd <- 1086.1839       #desvio da distribuição lognormal referente ao
E.colina lagoa 3,
lognormalparameterMean                                                    <-
log((desiredMean^2)/sqrt(desiredStd^2+desiredMean^2))
lognormalParameterStd <- sqrt(log(1+desiredStd^2/desiredMean^2))
Media1 <- 0.45737
Desvio1 <- 0.0087625
consumo3 <- log((Media1^2)/sqrt(Desvio1^2+Media1^2))
consumo4 <- sqrt(log(1+Desvio1^2/Media1^2))
***************
Modelo de exposição*****************************************************
set,seed(1904)
X <- randomLHS(3650000, 7)
Y <- as,data,frame(matrix(NA, nrow(X), ncol(X)))
names(Y) <- c("Ecoli","V","N", "D","C")
Y$Ecoli <- qlnorm(X[,1], lognormalparameterMean, lognormalParameterStd)
Y$V <- qpert(X[,2], 0.0184, 0.0184,0.174) # Volume atribuído a distribuição
Pert,
Y$N <- qunif(X[,3], 0.1, 1)              # numero de patógenos por 10^5 E.coli
Y$D <- qunif(X[,4], 1E-3, 1E-2)          # decaimento uniforme
Y$C <- qbeta(X[,5], 73.791,69.582)       # consumo dado segundo a distribuição
beta obtido por bootstrap não paramétrico
dose <- doseFunction(Y$Ecoli, Y$V, Y$N, Y$D, Y$C)
dose2<-matrix(dose, 10000)
```

Quadro 3.6. Código utilizado no programa R para estimar riscos anuais de infeção por rotavírus por meio do estimador Pgold e das seguintes combinações: (i) Modelo de exposição- Shuval et al. (1997); (ii) Modelo dose resposta - função hipergeométrica confluente de Kummer; (iii) Método de estimativa dos parâmetros α e β- Inferência Bayesiana (continuação)

```
Modelo de dose-resposta**************************************************
Y$alpha <- qnorm(X[,6], 0.225104,0.012008)  # parâmetro alfa obtido pela inferência Bayesiana
Y$beta <-qlnorm (X[,7],consumo3, consumo4) # parâmetro beta obtido pela inferência Bayesiana
dailypinf <-    1-(hyperg_1F1(Y$alpha,Y$alpha+Y$beta,-1*dose2))    # função hipergeométrica de kummer
matrix,dailypinf<-matrix(dailypinf,nrow=1000)
PA<-function(matrix,dailypinf){1-prod(1-matrix,dailypinf)}  # estimador do PGold
apply(matrix,dailypinf,1, PA)
m<-apply(matrix,dailypinf,1, PA)
********************
Sumário do risco anual estimativa Pgold**********************************
summary(m)
# estatísticas do PGold
quantile(m, c(.25, .50,,95, .99))
hist(m, breaks=100, col="blue", main="Risco anual", prob=T)
nrow(m)
rm(list=ls())

ls()
```

3.6. ANÁLISES DOS DADOS

Teste de aderência a distribuição de probabilidades.

Os resultados das técnicas de reamostragem aplicadas a variáveis dos modelos de exposição (dados de consumo de hortaliças) e dos modelos dose-resposta (parâmetros dos modelos) foram submetidos a testes estatísticos de aderência à distribuições de probabilidades, particularmente ao teste de Anderson Darling. Este teste foi escolhido em detrimento dos testes Qui-quadrado e Kolmogorov-Smirnov, dado que: (i) o primeiro perde informação devido ao agrupamento dos dados em intervalo de classe, fato, que o torna ainda menos rigoroso em amostras pequenas; (ii) o segundo trata de observações individuais separadamente, porém peca pelo fato de

ter como foco o centro da distribuição e não nas caudas, como o teste Anderson-Darling faz (RAZALI e WAH, 2011). Estes testes foram realizados com o programa @RISK

Análise de sensiblidade

Foram realizados testes de análise de sensibilidade, mais especificamente, correlação de Spearman, com intuito de identificar as variáveis de entrada dos modelos de exposição e dos modelos dose-resposta com maior impacto sobre a variável de saída (estimativa do risco anual). Melhor dizendo, quais variáveis dos modelos cuja variação determinam de forma mais nítida a variação da resposta. Estes testes foram realizados com o programa @RISK

Análise comparativa das estimativas de risco

Com vista a efetuar comparações entre as estimativas de risco decorrentes das diferentes combinações de modelos de AQRM recorreu-se ao experimento fatorial com delineamento em blocos casualizados e à análise de variância (ANOVA). Na sequência, para comparação de médias foi utilizado o teste de Tukey. Em ambos os testes foi considerado nível de significância de 5%. O delineamento experimental foi fatorial 2^5x4x3, em delianeamento de blocos completamente casualizados e como blocos foram consideradas as lagoas (Figura 3.12). Os testes foram realizados no programa R para situações que envolveram três fatores e no Mintab 16 para aquelas que apresentaram mais de quatro fatores.

O modelo estatístico e os respectivos testes de hipótese estão apresentados a seguir.

Y =μ+ bloco+ modelo (Shuval e Bastos) +Estimador de risco (Pnaive e P gold) +Consumo (sem ou com bootstrap) + Volume (Pert ou Uniforme) + Decaimento (Pert e Uniforme) + Métodos de obtenção de parâmetros (EMV, Boot, Infer. Bayesiana, Bootstrap Bayesiana) + *modelos (β-Poisson, FHK, β*-binomial) + Interações + Resíduo,

A variável Y corresponde à resposta, a qual equivale ao risco anual expressa pela mediana e o percentil 95. Então, a referida média do modelo (μ) e dos fatores nas hipóteses refere-se à média das medianas e dos percentis 95.

Em função dos fatores deste modelo estatístico, foram montadas as seguintes hipóteses de interesse:

1. Fator: Modelo de exposição (Shuval e Bastos)

H_{o1}: A média modelo de Shuval = A média modelo de Bastos,

H_{a1}*: A média modelo de Shuval ≠ A média modelo de Shuval*

2. Fator: Estimador de risco (Pnaive e P gold)

H_{o2} : A média do estimador de risco (Pnaive) = A média do estimador (Pgold) ,

H_{a2}: A média do estimador de risco (Pnaive) ≠ A média do estimador (Pgold),

3. Fator: Consumo de hortícolas (Com bootstrap ou sem bootstrap)

H_{o3}: A média de consumo com bootstrap = A média de consumo sem bootstrap ,

H_{a3}: A média de consumo com bootstrap ≠ A média de consumo com bootstrap

4. Fator: Volume remanescente (Pert ou Uniforme)

H_{o4}: A média do volume dado pela distribuição Pert = A média do volume dado distribuição uniforme H_{a4}: A média do volume dado distribuição Pert ≠ A média do volume dado distribuição uniforme,

5. Fator: remoção de patógeno por lavagem (Pert ou Uniforme)

H_{o5}: A média da remoção dada pela distribuição Pert = A média da remoção dada pela distribuição Uniforme,

H_{a5}*: A média da remoção dada pela distribuição Pert ≠ A média da remoção dada pela* distribuição Uniforme,

6. Fatores: Métodos de obtenção de parâmetros dose resposta (EMV, Boot, Infer. Bayesiana, Bootstrap Bayesiano)

H_{o6}: A média dos métodos de obtenção dos parâmetros dose resposta é igual entre eles ($\mu_{EMV} = \mu_{Boot} = \mu_{IF} = \mu_{BoB}$)

H_{a6}: Pelo menos uma média dos tratamentos acima difere das demais

7. **Fatores: Modelos (β-Poisson, FHK, β-binomial)**

H_{o6}: A média dos modelos beta-Poisson, FHK, beta-binomial ($\mu_{BP} = \mu_{FHCK} = \mu_{BB}$),

H_{a6}: Pelo menos uma média dos tratamentos acima difere das demais

7. Interações entre os fatores

Este modelo pode ser visualizado por meio do esquema ilustrado na Figura 3.12..

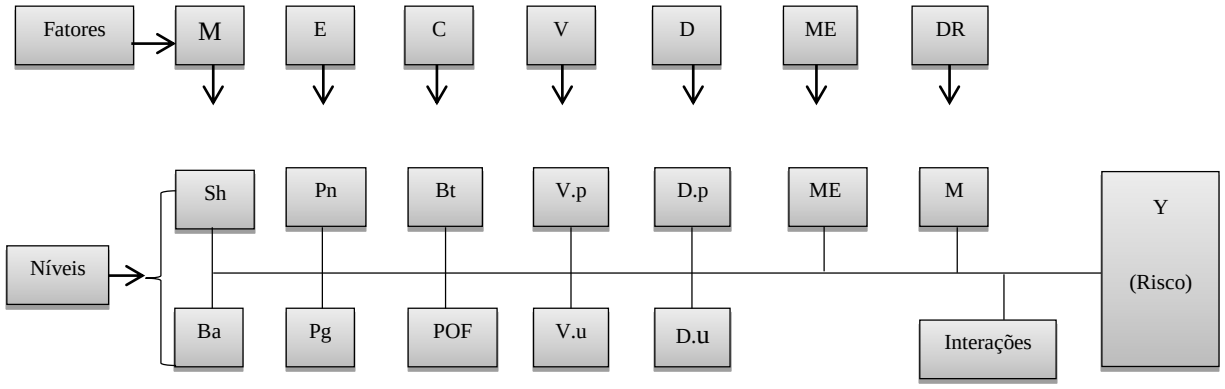


Figura 3.12: ilustração esquemática dos diferentes componentes do modelo estatístico usado para ANOVA.

Onde:

M = Representa o fator modelo o qual possui dois níveis Shuval (shu) e Bastos (Bas);

E = Representa o fator estimador o qual possui dois níveis Pnaive (Pn) e Pgold (Pg),

C = Representa o fator consumo o qual possui dois níveis dados gerados por Bootstrap e dados originais da POF,

V = Representa o fator volume remanescente, que por sua vez possui dois níveis, a saber, Volume Pert e Volume Uniforme,

D = Representa fator remoção, com dois níveis, a saber, remoção PERT (D.p) e Uniforme (D.u),

ME = Métodos de estimativas de parâmetros dose resposta, cujos, níveis são: estimativas de máxima verossimilhança, 'Bootstrap obseravation', Inferência Bayesiana, Bootstrap Bayesiano,

DR= Representa o fator dose resposta cujos, níveis são modelo beta-Poisson, Função hipergeométrica de confluente de kummer e o modelo beta-binomial

Y= Variável resposta o qual corresponde Risco,

Suposições para o modelo: Os erros são independentes (aleatorização); Os erros possuem variância constante, os erros são variáveis aleatórias independentes e identicamente distribuídas, tendo distribuição normal com média zero e variância constante. O código usado no programa R pode ser visto no Quadro 3.7.

Quadro 3.7. Código utilizado no programa R para análise de variância experimentos em fatorial duplo com um tratamento adicional em delineamento em Blocos casualizados, considerando o modelo fixo.

```
getwd()
setwd("C:/Users/THAUZENE/Documents/R")
getwd()
dados1<-read.csv("mario.csv",sep=",",dec=".")
attach(dados1)
dados1
library(ExpDes.pt)
fat3.dbc(metodo,modelo,prob,bloco,mediana,quali=c(TRUE,TRUE,TRUE),mcomp="tukey")
```

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS DOS MODELOS DOSE-RESPOSTA

4.1.1. Resultados

4.1.1.1. Bootstrapping observations

As Tabelas 4.1 e 4.2, mais especificamente nas colunas A, B, C, mostram os resultados do bootstrapping observations obtidos dos dados originais de dose-resposta de, respectivamente, rotavírus e Campylobacter jejuni, por meio de três iterações bootstrap através do código mostrado no Quadro 3.2.

Tabela 4.1. Amostras bootstrap dos dados dose-resposta de rotavírus

Dose (UFF) [1]	Dados originais		Amostra bootstrap (infectados)		
	Número de indivíduos submetidos à dose	Número de indivíduos infectados	A	B	C
90000	3	3	3	3	3
9000	7	5	6	5	4
900	8	7	8	7	7
90	9	8	8	9	9
9	11	8	8	8	8
0,9	7	1	1	0	0
0,09	7	0	0	0	0
0,009	7	0	0	0	0

(1) unidades formadoras de foco

Tabela 4.2. Amostras bootstrap dos dados dose-resposta de Campylobacter jejuni

	Dados originais		Amostra bootstrap (infectados)		
Dose	Número de indivíduos submetidos à dose	Número de indivíduos infectados	A	B	C
800	10	5	4	6	7
8000	10	6	7	4	7
90000	13	11	10	11	9
800000	11	8	9	9	8
1000000	19	15	16	15	15
10000000					
0	5	5	5	5	5
800	10	5	4	6	7
8000	10	6	7	4	7

Foram obtidas 1000 amostras bootstrap no programa R para rotavírus e Campylobacter jejuni e, em seguida, para cada amostra bootstrap foram determinados pares de parâmetros dos modelos ($\hat{\alpha}$ e $\hat{\beta}$) usando o método da máxima verossimilhança pelo código mostrado no Quadro 3.2. O resultado consistiu, assim, em 1000 pares parâmetros (alfa e beta) obtidos por bootstrapping, para cada modelo dose-resposta (DR) e organismo, isto é, modelo beta-Poisson, função hipergeométrica confluente e modelo beta-binomal para rotavírus e Campylobacter jejuni.

As distribuições bootstrap dessas estimativas (distribuições amostrais bivariadas) podem ser vistas nas figuras 4.1 a 4.6 e representam as incertezas (d) a serem atribuídas às variáveis dose-resposta (parâmetros dos modelos DR) na simulação Monte Carlo.

Cabe notar que nos gráficos referentes ao modelo beta-Poisson, o eixo da abcissas é caracterizado pela dose média infectante (DI_{50}) ao invés de parâmetro β. A relação entre esses parâmetros já foi discutida na Equação 2.23, Seção 2.3.3

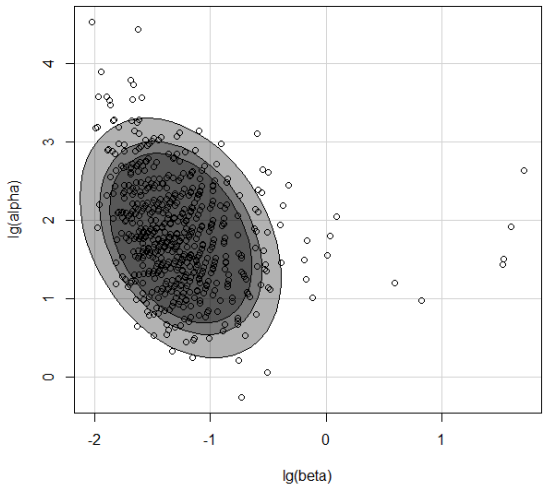


Figura 4.1a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-Poisson referente à rotavírus. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %.

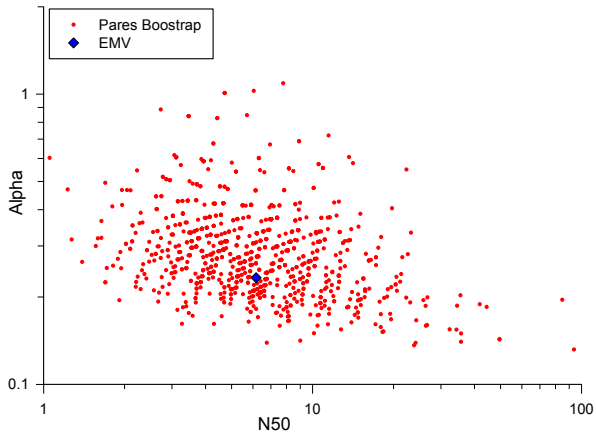


Figura 4.1b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-Poisson referente à rotavírus. Das 1000 iterações, 20 não foram plotadas porque α>10. O marcador azul mostra os pares de valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais.

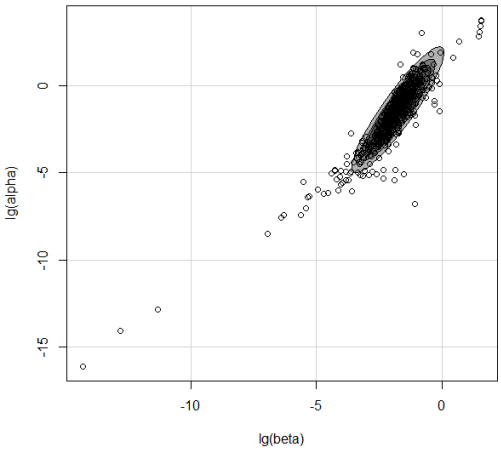


Figura 4.2a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) da função hipergeométrica de confluente referente à rotavírus. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %.

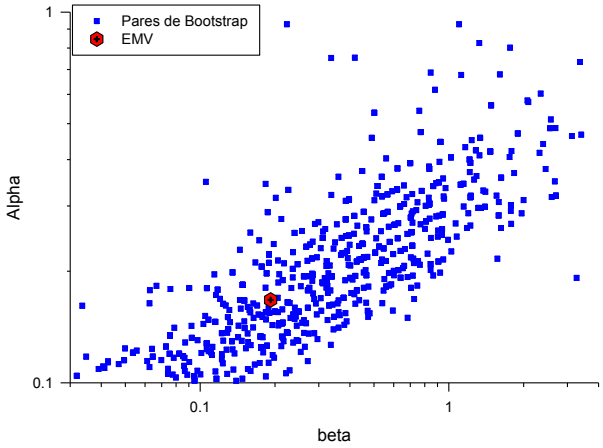


Figura 4.2b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) da função hipergeométrica de confluente referente à rotavírus Das 1000 iterações, 10 não foram plotadas porque α>10. O marcador vermelho mostra os pares de valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais.

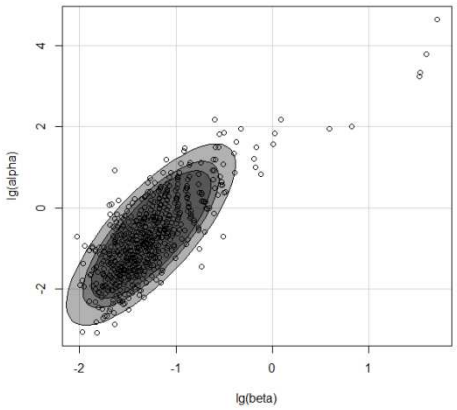


Figura 4.3a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-binomial referente à rotavírus. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %.

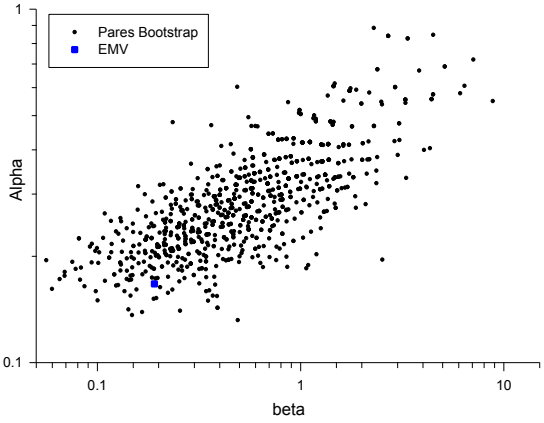


Figura 4.3b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-binomial referente à rotavírus. Das 1000 iterações, 10 não foram plotadas porque α>10. O marcador azul mostra os pares O marcador vermelho mostra os pares dos valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais.

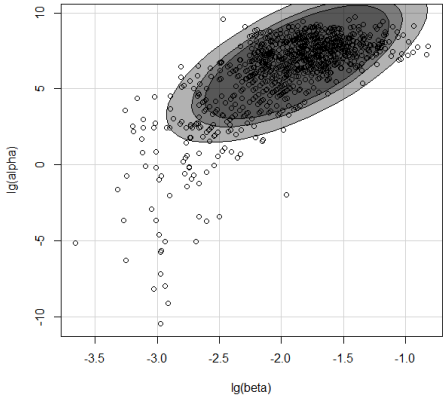


Figura 4.4 a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %.

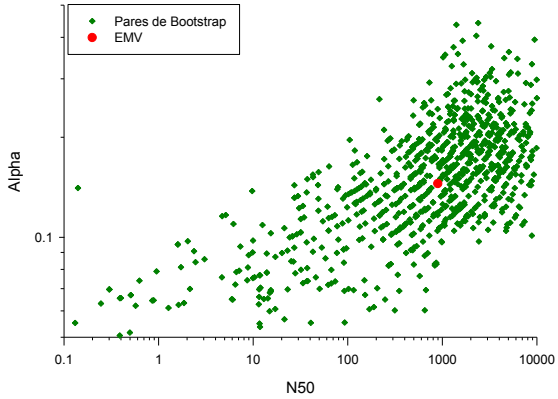


Figura 4.4b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni. Das 1000 iterações, 10 não foram plotadas porque α>10. O marcador vermelho mostra os pares dos valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais.

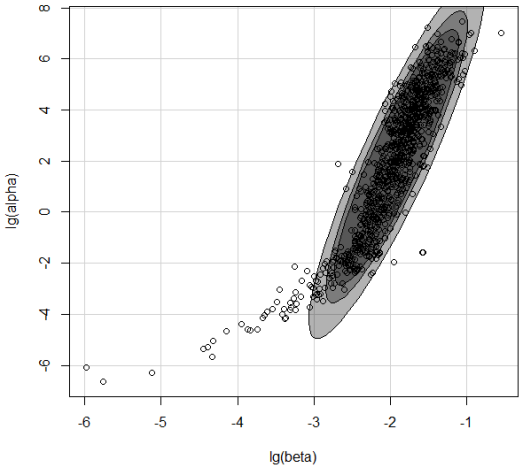


Figura 4.5a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %.

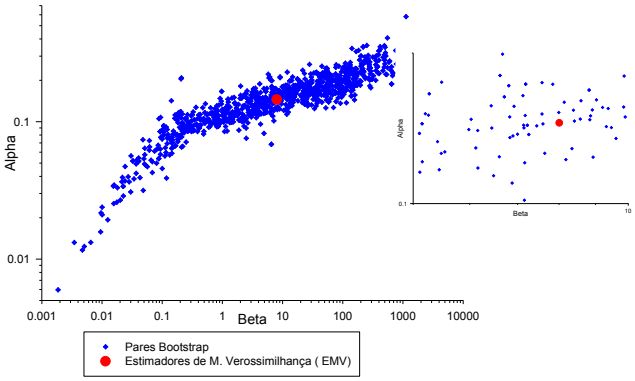


Figura 4.5b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni.Das 1000 iterações, 20 não foram plotadas porque α>10. O marcador vermelho mostra os pares dos valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais.

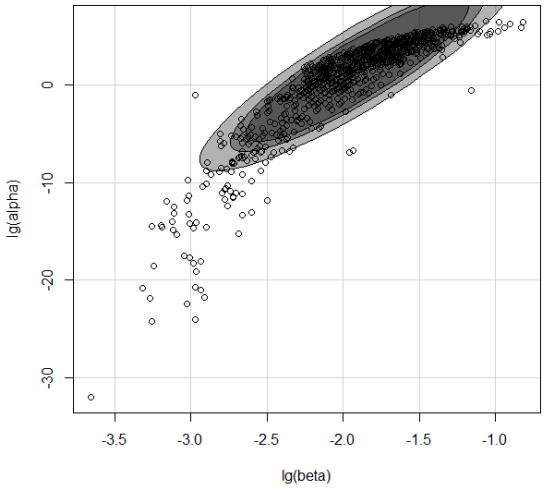


Figura 4.6a. Gráfico de dispersão de 1000 pares de parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-binomial referente ao Campylobacter jejuni. As elipses indicam intervalos de confiança dos parâmetros a 90, 95, 99 %.

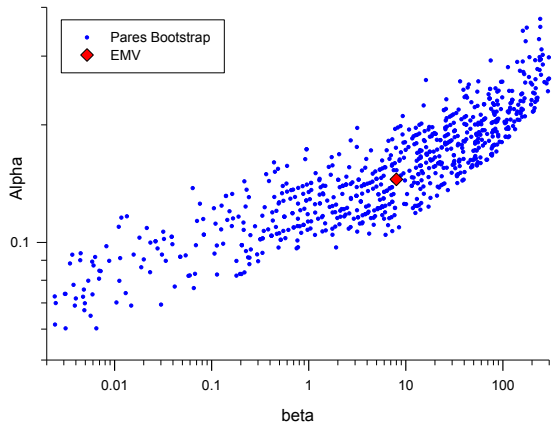


Figura 4.6b. Distribuição bootstrap das estimativas dos parâmetros (alfa e beta) do modelo beta-binomial referente ao Campylobacter jejuni. Das 1000 iterações, 20 não foram plotadas porque $\alpha>10$. O marcador vermelho mostra os pares dos valores obtidos por máxima verossimilhança a partir dos dados originais.

Como referido na revisão de literatura (item 2.5.4.3), trabalhos que recorram ao bootstrapping observations para expressar incertezas nos parâmetros dos modelos DR ainda são escassos, inclusive na literatura consolidada em AQRM. Os resultados aqui obtidos e ilustrados nas figuras 5a, particularmente sobre rotavírus, são similares aos obtidos por Haas et al. (1993).

4.1.1.2. Inferência Bayesiana

A Tabela 4.3 mostra as estimativas dos parâmetros α, β, r e respectivos intervalos de confiança de cada modelo DR associado aos organismos tomados como referência neste trabalho.

Conforme já citado no item 3.3.2.1, essas estimativas foram obtidas por meio de aproximações Monte Carlo via cadeia de Markov (MCCM) à distribuições a posteriori, levadas a cabo no software Openbug 3.2.3

Tabela 4.3 Estimativas dos parâmetros (média e desvio padrão) e os respectivos intervalos de confiança dos diferentes modelos dose-resposta estimados por Inferência Bayesiana

Modelo / organismo	Parâmetros	Estimativas	IC (95%)
Beta-Poisson rotavírus	α	0.3543± 0.1211	[0.1706-0.6435]
	β	0.6828± 0.776	[0.4364-2.856]
Função hipergeométrica confluente rotavírus	α	0.05875 ± 0.1036	[9.377E-6 - 0.3589]
	β	0.05897 ± 0.2271	[1.383E-6 - 0.5461]
Exponencial Cryptosporidium	r	0.005876 ± 0.001747	[1.364E-5± 0.009832]
Beta-Poisson Campylobacter	α	0.1137 ± 0.05021	[0.04928 - 0.2353]
	β	17.95±67.77	[2.388E-6 - 169.6]
Função hipergeométrica confluente Campylobacter	α	0.1151 ± 0.06837	[1.532E-5 - 0.2465]
	β	26.62 ± 83.2	[5.202E-6 - 226.9]

Como citado no item 3.3.2.1, para obtenção dos parâmetros dos modelos DR foram geradas 10.000 iterações, das quais 1000 foram usadas para aquecimento (burn-in) das cadeias iniciais, sendo posteriormente descartadas. Com vista a quebrar ou evitar correlação entre as amostras selecionadas pelo método MCCM foi usado um "salto" de 10. A convergência foi avaliada através do método de Gelman-Rubin usando duas cadeias iniciais, com os hiperparâmetros mencionados no item 3.3.2.1

As trajetórias das cadeias, a aproximação das densidades a posteriori e o grau de convergência dos parâmetros para os modelos beta-Poisson, da função hipergeométrica confluente e do modelo exponencial, para cada um dos organismos de referência, estão ilustrados nas figuras 4.7 a 4.11.

Foi obervada convergência em todos os parâmetros estimados, com exceção do parâmetro beta da função hipergeométrica confluente referente ao Campylobacter jejuni. Na tentativa de contornar esse problema, porém sem sucesso, aumentou–se o número de iterações para 200.000 com saltos de 10. Não obstante, para dar procedimento ao cômputo do risco em simulações Monte Carlo, essa falta de convergência do parâmetro beta neste modelo foi omitida, tomando-se por certo o resultado da aproximação da distribuição a posteriori.

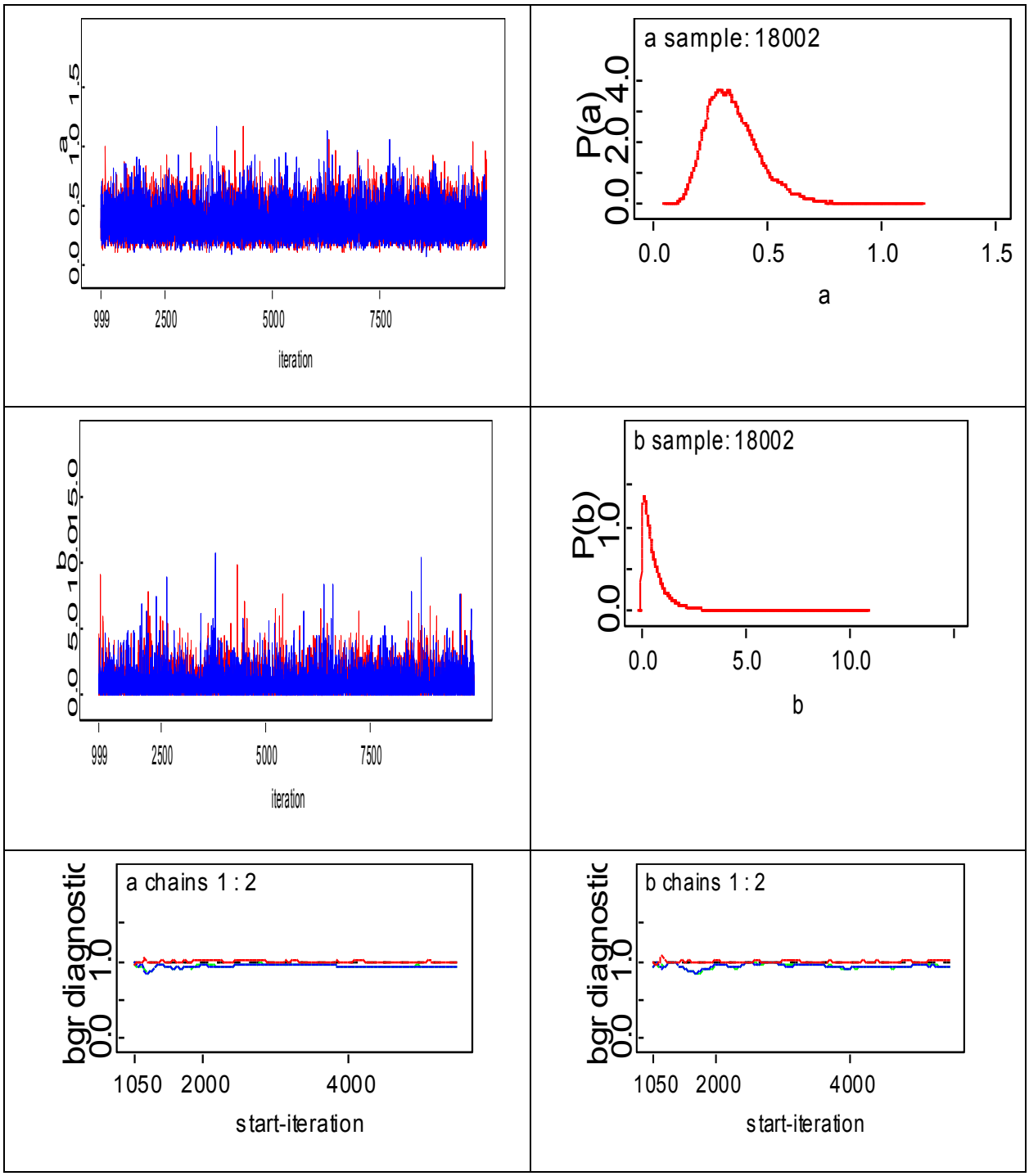


Figura 4.7. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β do modelo beta-Poisson referente à rotavírus – Inferência Bayesiana

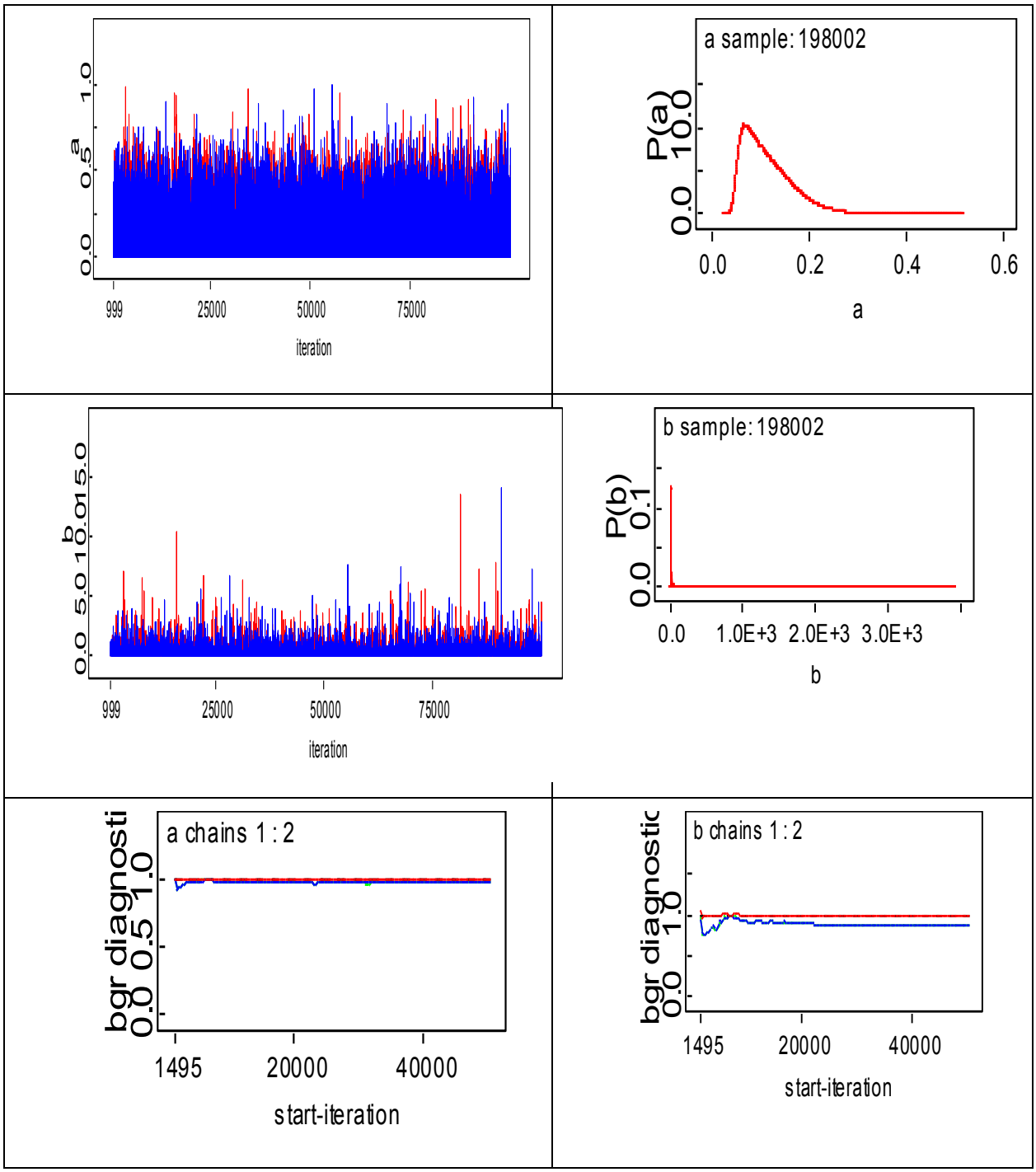


Figura 4.8. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β da função hipergeométrica referente à rotavírus - Inferência Bayesiana

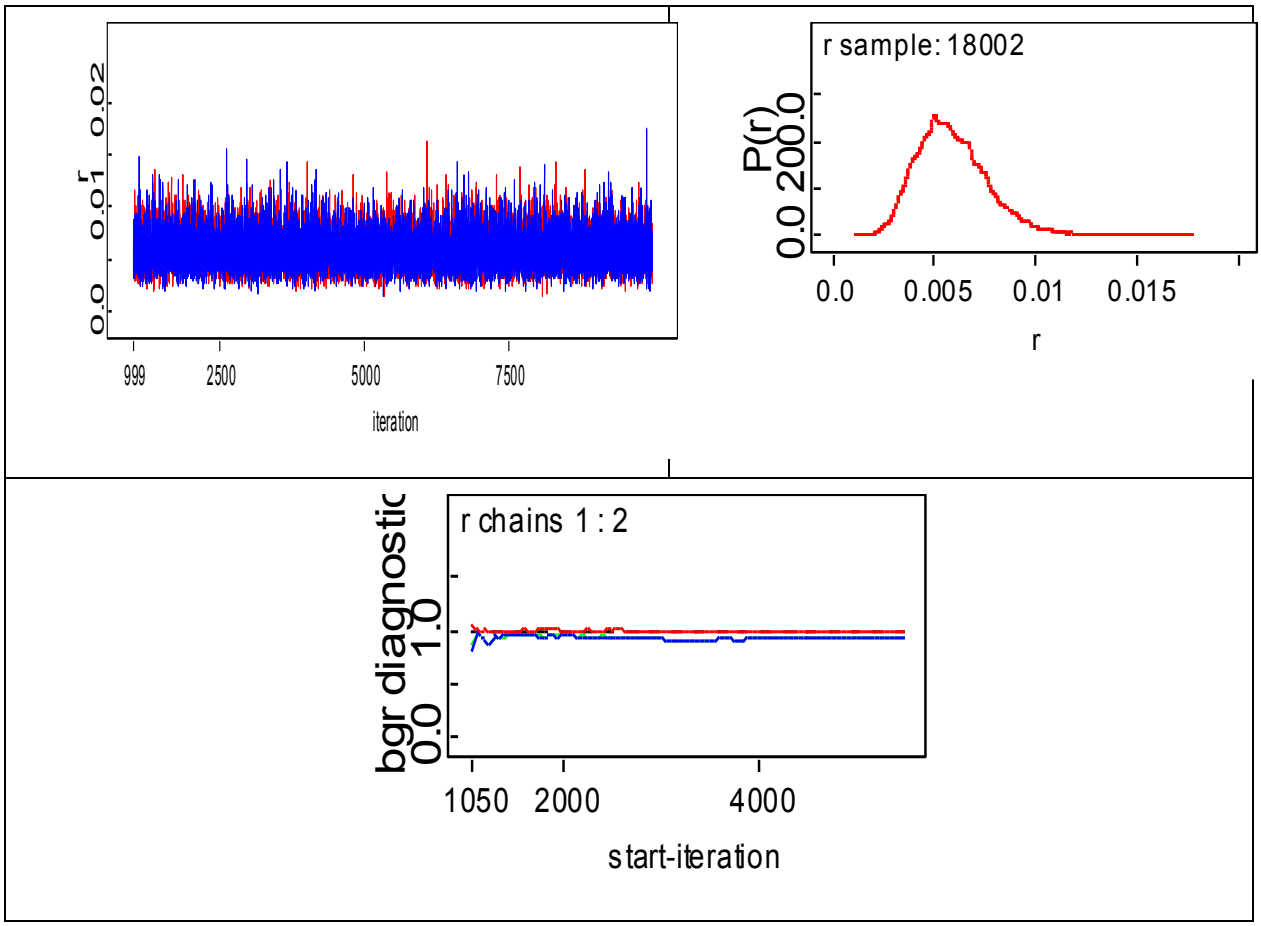


Figura 4.9. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência do parâmetro r do modelo exponencial referente à Cryptosporidium parvum - Inferência Bayesiana.

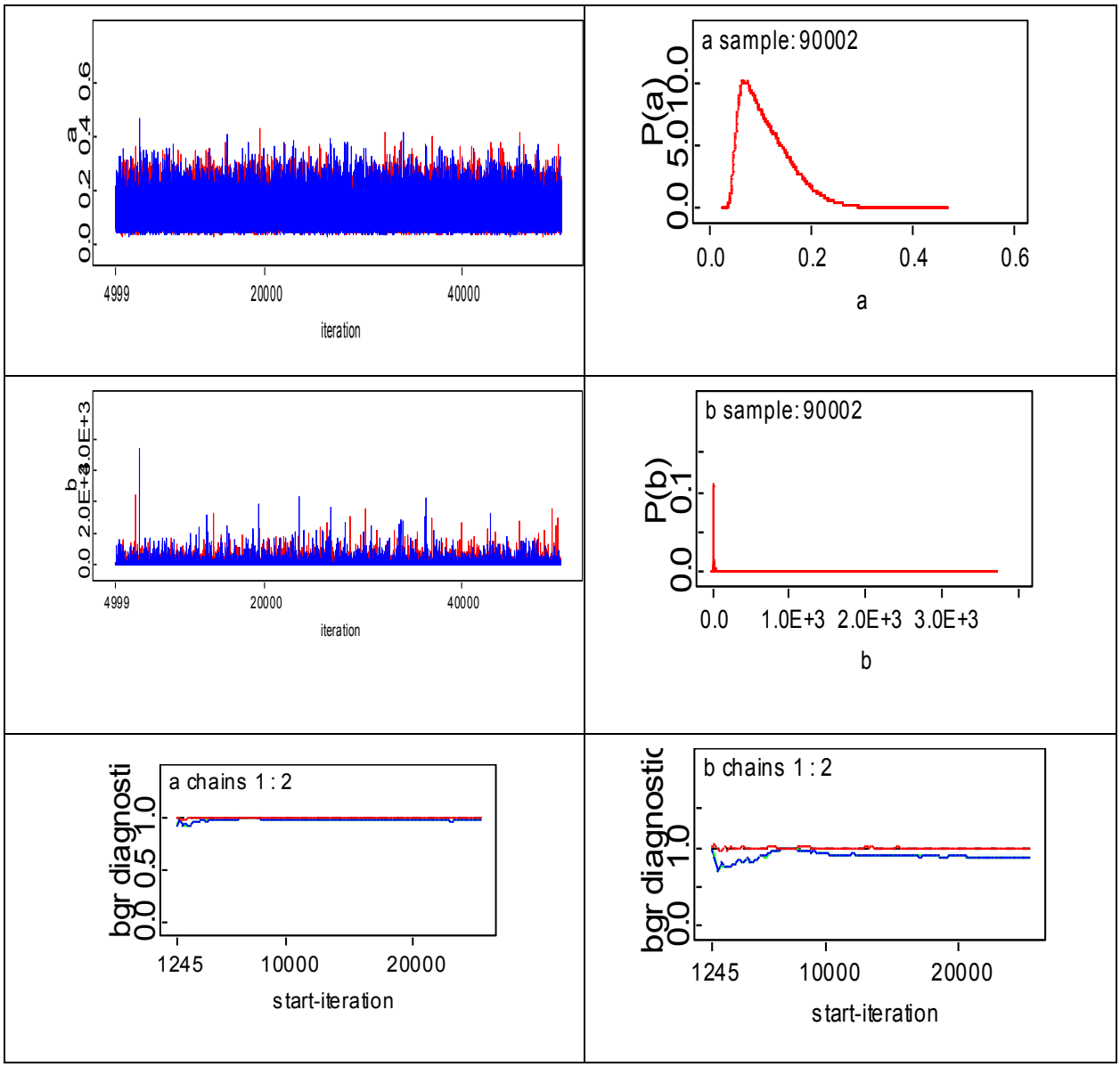


Figura 4.10. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana.

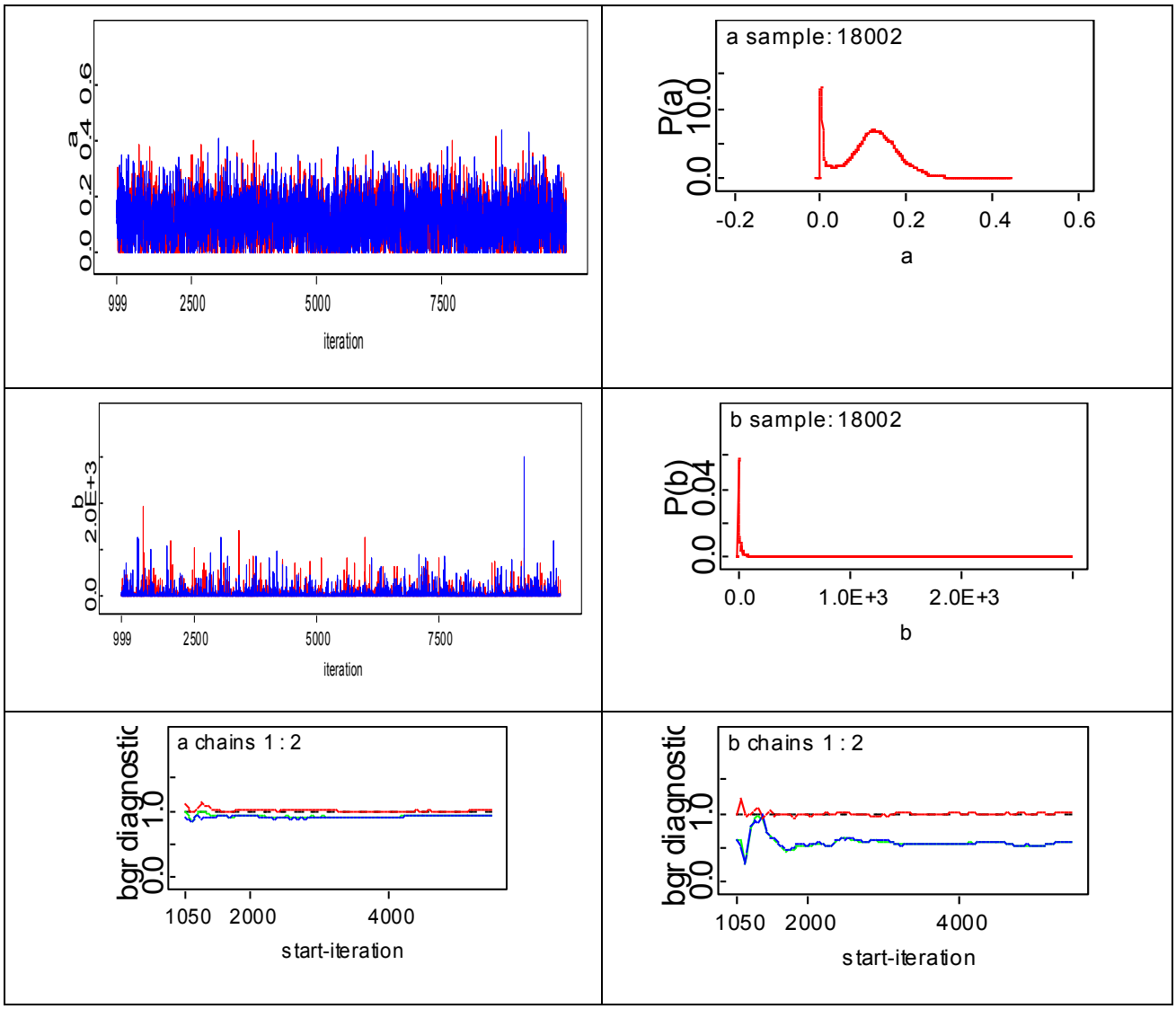


Figura 4.11. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana.

Na sequência, foram realizados testes estatísticos de aderência a distribuições de probabilidades (Anderson Darling) para cada parâmetro de interesse. Os histogramas e as curvas ajustadas às distribuições escolhidas estão ilustradas nas figuras 4.12 a 4.20. A Tabela 4.4 resume a seleção das FDP para cada parâmetro dos modelos DR

É importante registrar que a seleção das funções de distribuições de probabilidade não foi fácil (como costuma acontecer). Em uma análise preliminar observou-se que as distribuições

Gaussiana inversa, lognormal, gama, beta, Pearson V, normal, loglogística e logística apareceram com frequência relativamente elevada, o que talvez se explique talvez pela flexibilidade e versatilidade dessas funções. Contudo, observou-se que as distribuições normal, lognormal e Gaussiana inversa foram as que mais frequentemente e mais bem descreveram a distribuição dos dados dos parâmetros de interesse.

Muitas vezes, a escolha e a distinção entre as distribuições inversa gaussiana e lognormal também não foi fácil, dado que na prática estas duas distribuições competem entre si na modelagem de um mesmo conjunto de dados. Porém, a escolha entre as distribuições normal e lognormal se mostrou mais fácil.

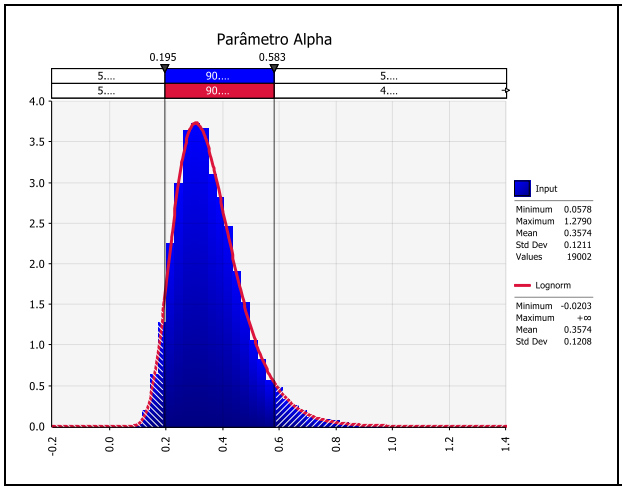


Figura 4.12. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro α do modelo beta-Poisson referente à rotavírus - Inferência Bayesiana

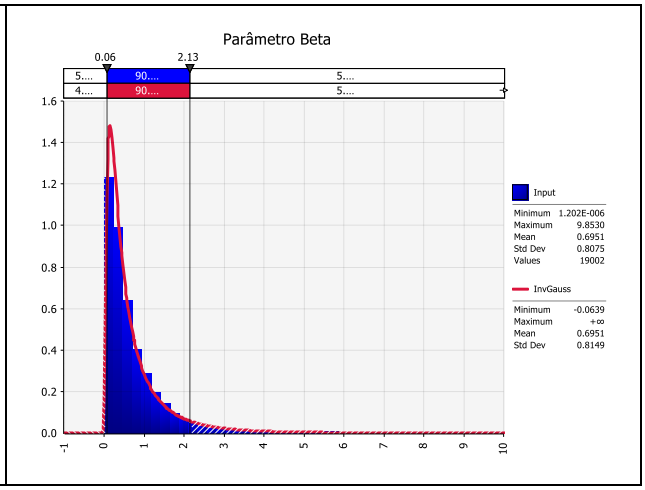


Figura 4.13. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para o parâmetro β do modelo beta-Poisson referente à rotavírus – Inferência Bayesiana

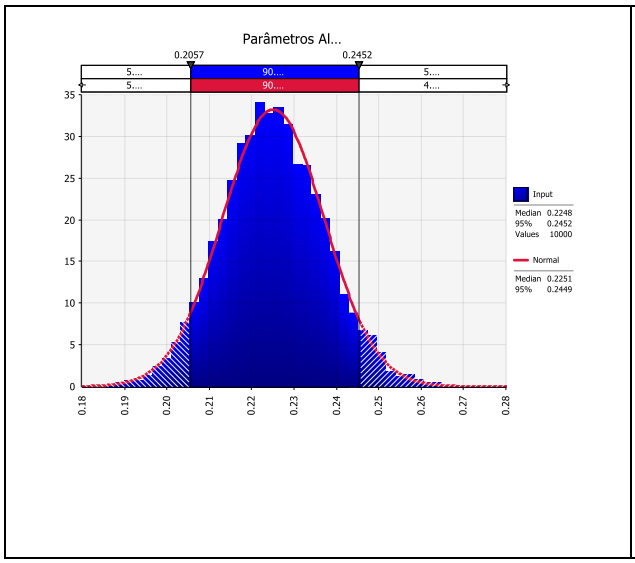


Figura 4.14 Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição normal para o parâmetro α da função hipergeométrica referente à rotavírus - Inferência Bayesiana

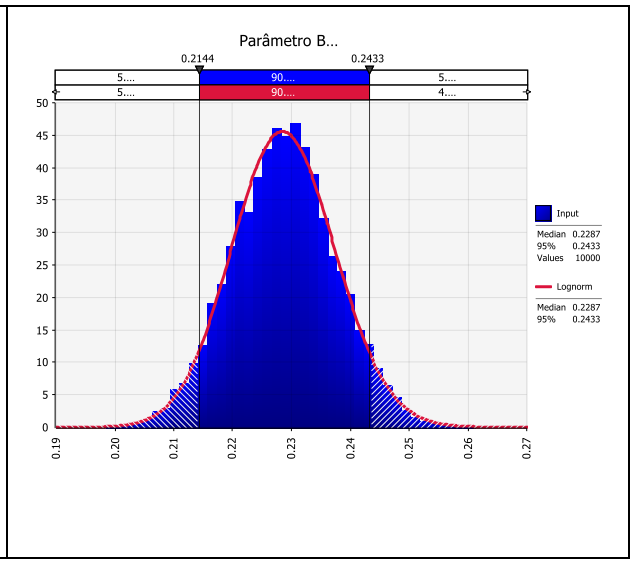


Figura 4.15. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro β da função hipergeométrica referente à rotavírus - Inferência Bayesiana

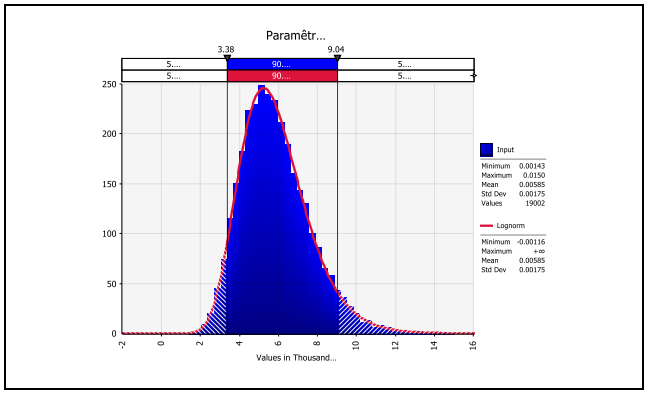


Figura 4.16. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro r do modelo exponencial referente à Cryptosporidium parvum - Inferência Bayesiana

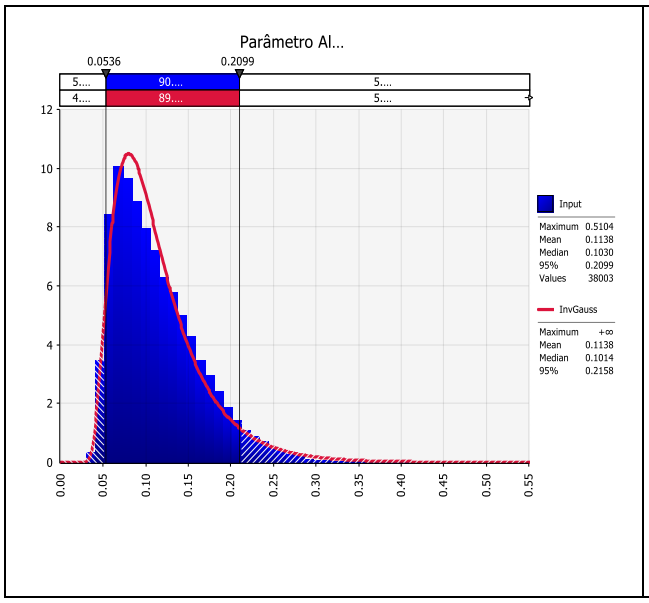


Figura 4,17. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para o parâmetro α do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana

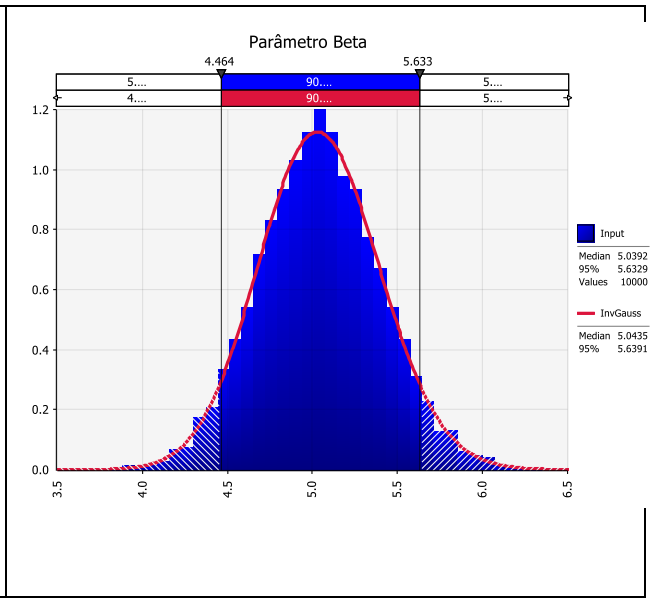


Figura 4.18 Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para o parâmetro β do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana

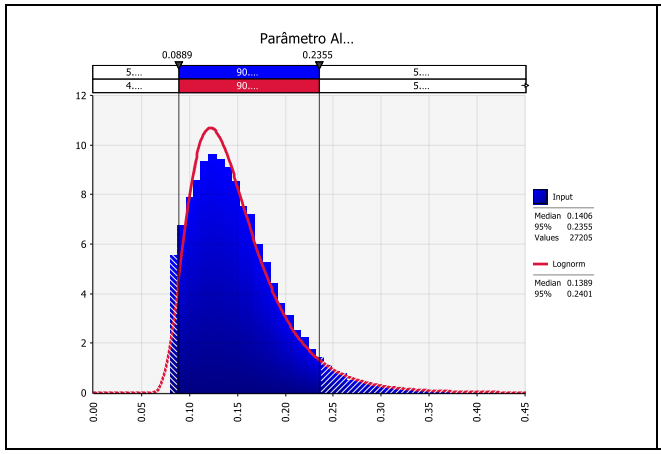


Figura 4.19. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição logormal para o parâmetro α da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni - Inferência Bayesiana

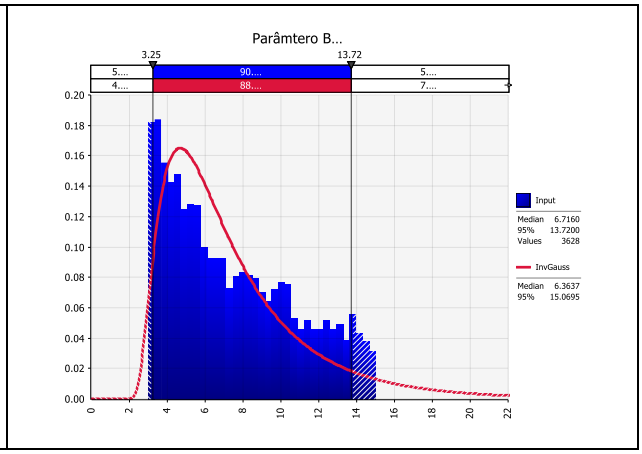


Figura 4.20 Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para oparâmetro β da função hipergeométrica referente à Campylobacter jejuni- Inferência Bayesiana

Tabela 4.4. Funções densidade de probabilidades e respetivos valores relativos aos parâmetros dos diferentes modelos dose-resposta estimados por Inferência Bayesiana.

Patógeno	Parâmetros	Modelo DR		
		Beta-Poisson	Função hipergeométrica confluente	Beta-Binomial
Rotavírus	α	Lognormal (0,37771; 0,12078)	Normal (0,225104; 0,012008)	Normal (0,225104; 0,012008)
	β	Gaussiana inversa (0,759; 0,6584)	Lognormal (0,45737, 0.0087625)	Lognormal (0,45737; 0,008762)
C.jejuni	α	Gaussiana inversa (0,096971; 0,326301)	Lognormal (0,10095; 0,048352)	Lognormal (0,10095; 0.048352)
	β	Gaussiana inversa (5,04355; 0,35464)	Gaussiana inversa (5,8804; 13,1493)	Gaussiana inversa (5,8804; 13,1493)
C.parvum	r	Modelo DR		
		Exponencial		
			Lognormal (0,007007; 0,001751)	

lognormal (média e dp) , Normal (média e dp), Gaussiana inversa (média, parâmetro de forma)

Cabe ainda frisar que a seleção de uma única distribuição, entre várias, como a que melhor que explica a distribuição dos dados referentes aos parâmetros dos modelos DR foi realizada somente com o propósito de utilização nas simulações de Monte Carlo, não se pretendendo aqui fazer maiores inferências. A mesma ressalva é também aplicada aos procedimentos similares feitos na metodologia de bootstrapping Bayesiano, visto a seguir.

4.1.1.3. Bootstrapping Bayesiano

As estimativas dos parâmetros α, β e r obtidas por Bootstrapping Bayesiano e os respectivos intervalos de confiança de cada modelo DR estão apresentados na Tabela 4.5.

Tabela 4.5. Estimativas dos parâmetros (média e desvio padrão) e os respectivos intervalos de confiança dos diferentes modelos dose-resposta estimados por Bootstrapping Bayesiano

Modelo / organismo	Parâmetros	Média ± desvio padrão	Intervalo de confiança (95%)
Beta-Poisson rotavírus	α	0,2684±0,008868	[0,2513- 0,2862]
	β	0,4564 ± 0,05347	[0,3594- 0,568]
Função hipergeométrica confluente rotavírus	α	0,3028± 0,06732	[0,1771- 0,444]
	β	0,5614 ±0,3328	[0,1338-1,399]
Exponencial Cryptosporidum	r	0,005456 ±287E-4	[0,004662 – 0,006338]
Beta-Poisson Campylobacter	α	0,1447 ± 0,00672	[0,1315 – 0,1578]
	β	5,43 ±2,19	[2,129 – 10,57]
Função hipergeométrica confluente Campylobacter	α	0,1152 ± 0,04173	[0,01814 – 0,1897]
	β	3,28 ± 8,152	[0,0067-24,27]

As trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e o grau de convergência dos parâmetros para os modelos beta-Poisson, função hipergeométrica confluente e modelo exponencial, obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estão ilustrados nas Figuras 4.21 a 4.25. Semelhantemente à Inferência Bayesiana, também foram usadas 10.000 iterações, aquecimento de 1.000 e salto de 10, tendo sido observada convergência em todos os parâmetros.Com a finalidade de selecionar as distribuições dos parâmetros a partir dos codas, também foi usado o teste Anderson-Darling, por meio do qual mais uma vez se observou que as distribuições lognormal, normal e Gaussiana inversa foram as mais recorrentes (Tabela 4.6 e Figuras 4.26 a 4.34).

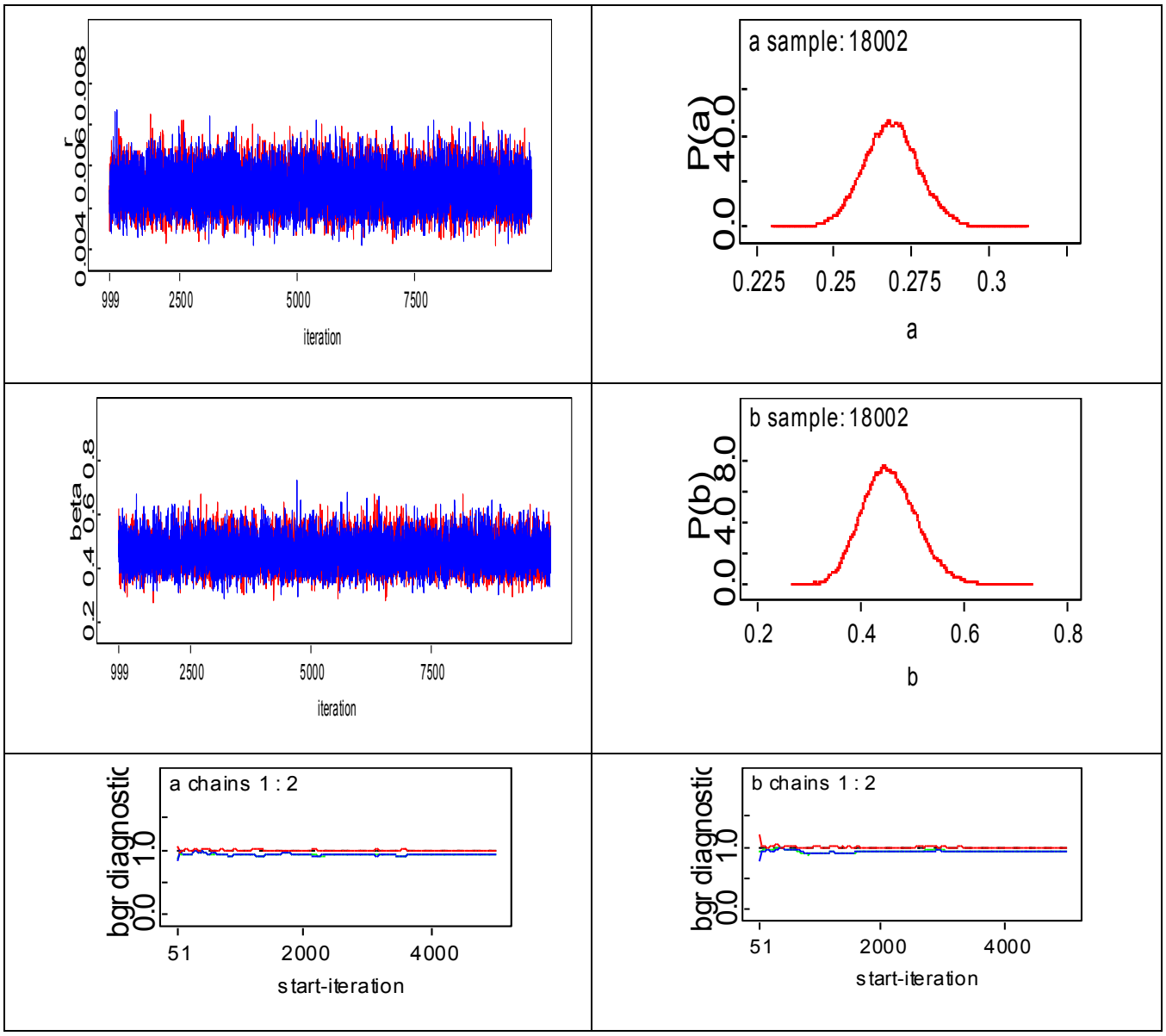


Figura 4.21. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β do modelo beta-Poisson referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano

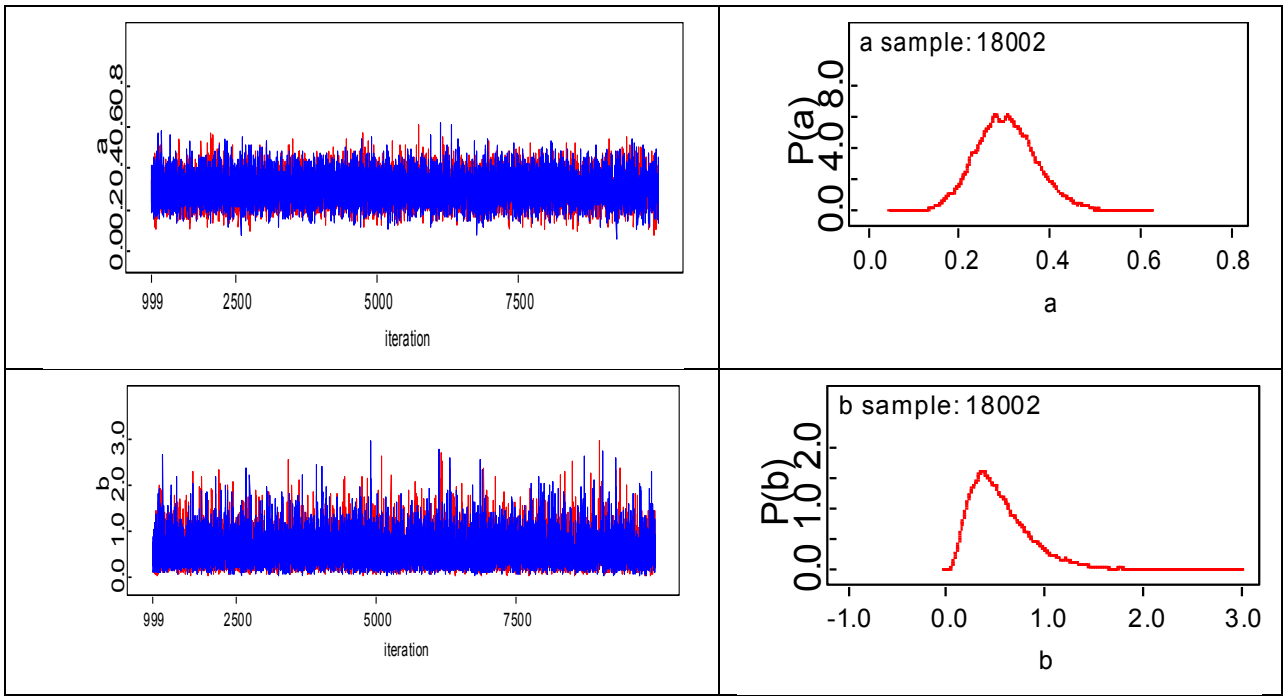


Figura 4.22 Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β da função hipergeométrica referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano

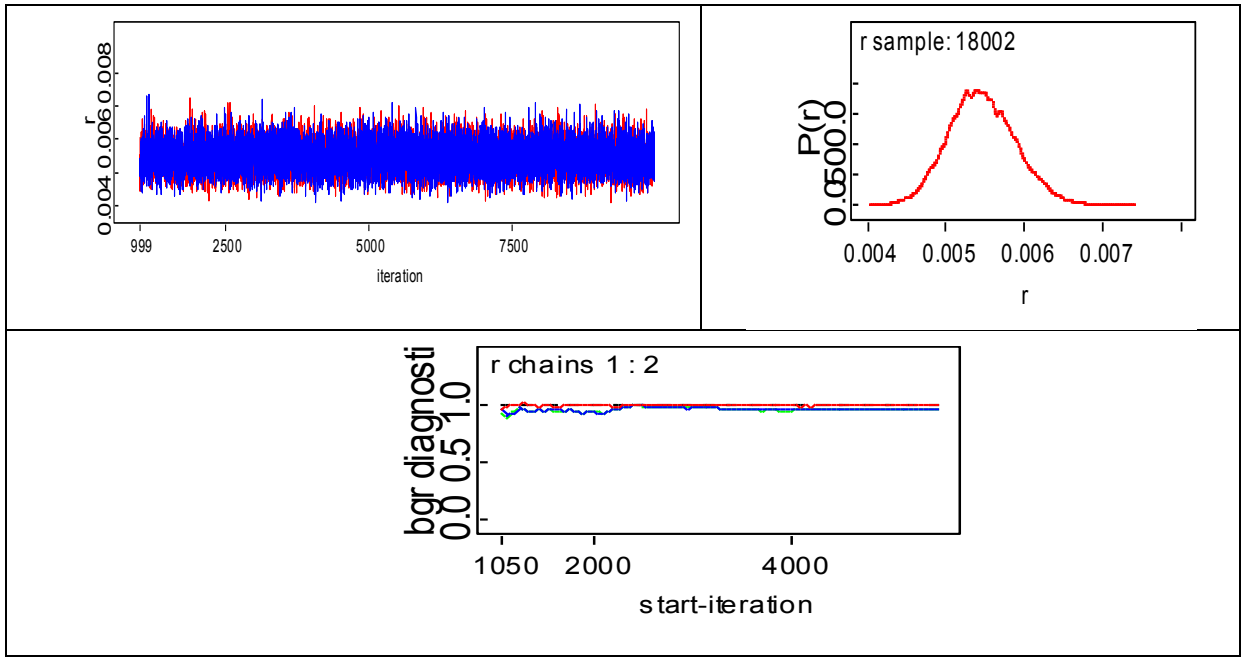


Figura 4.23. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência do parâmetro r do modelo exponencial referente à Cryptosporidium parvum - Bootstrapping Bayesiano

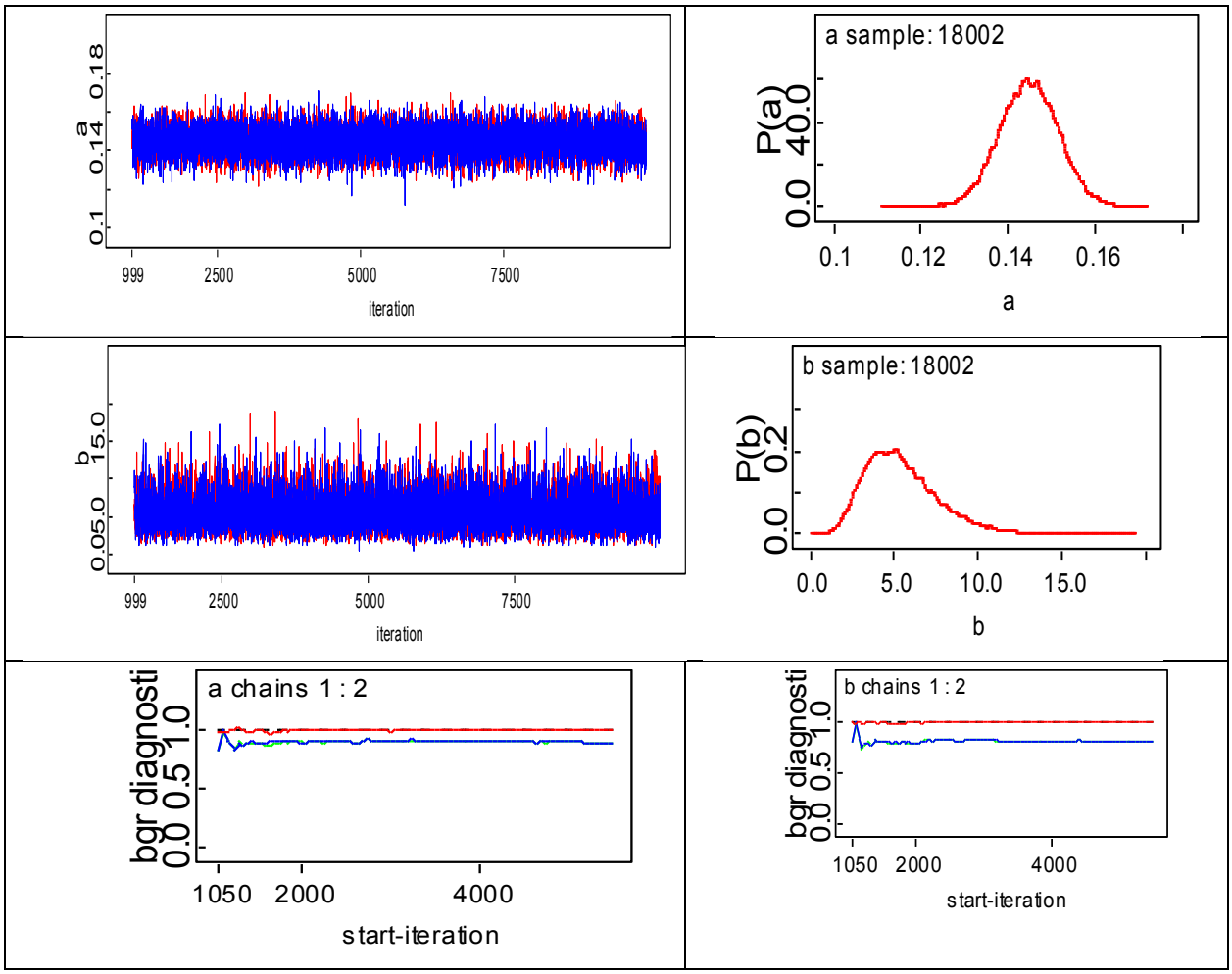


Figura 4.24. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β do modelo beta-Poisson referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano

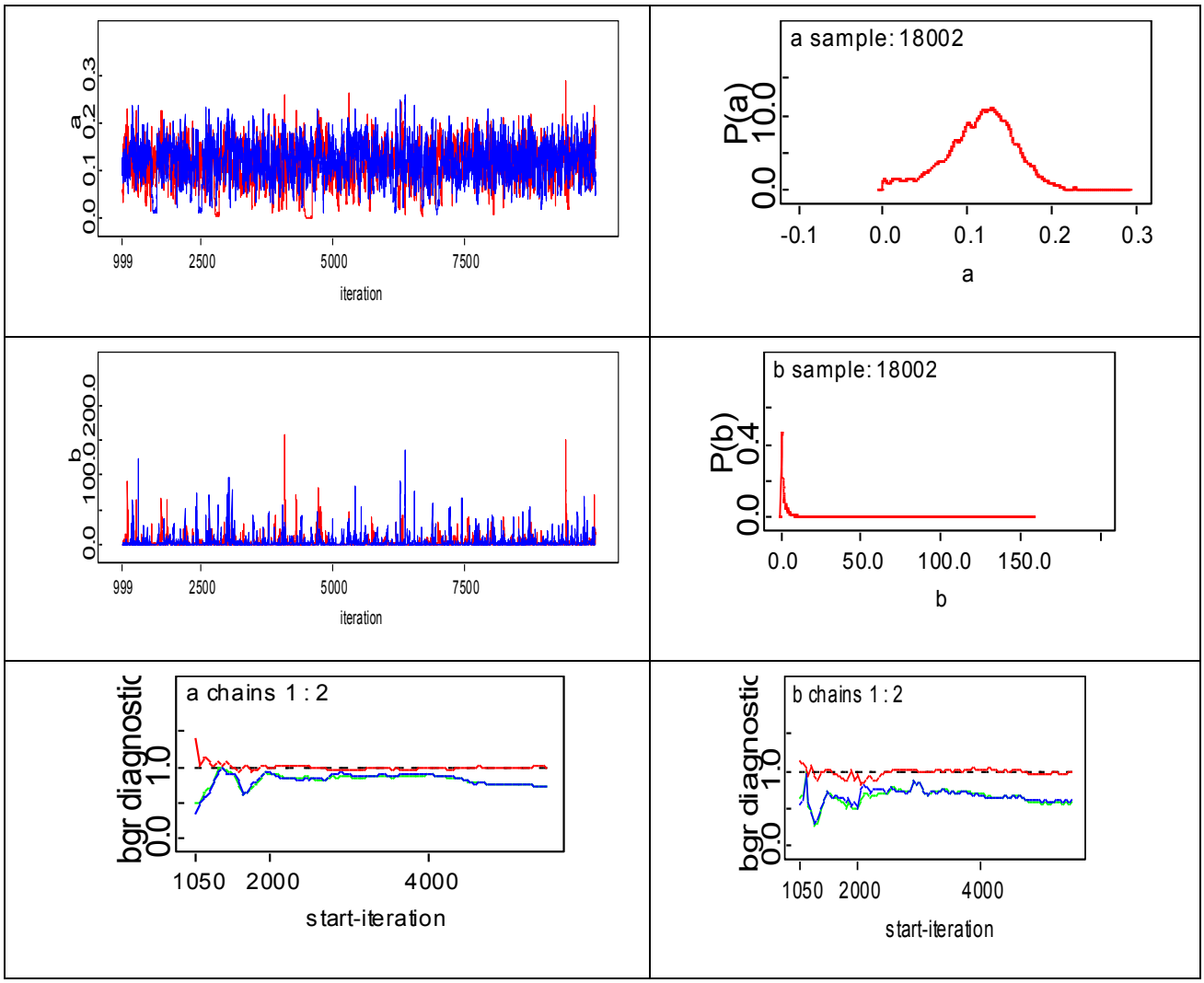


Figura 4.25. Trajetórias das cadeias, aproximação das densidades a posteriori e grau de convergência dos parâmetros α e β da função hipergeométrica confluente referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano

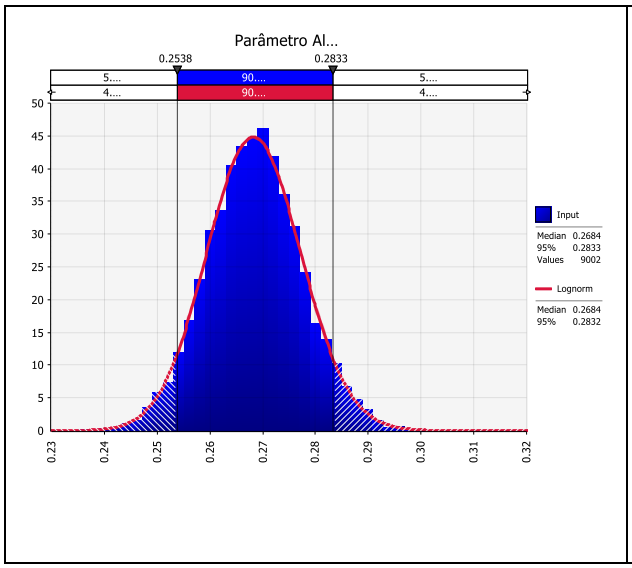


Figura 4.26. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro α do modelo beta-Poisson referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano

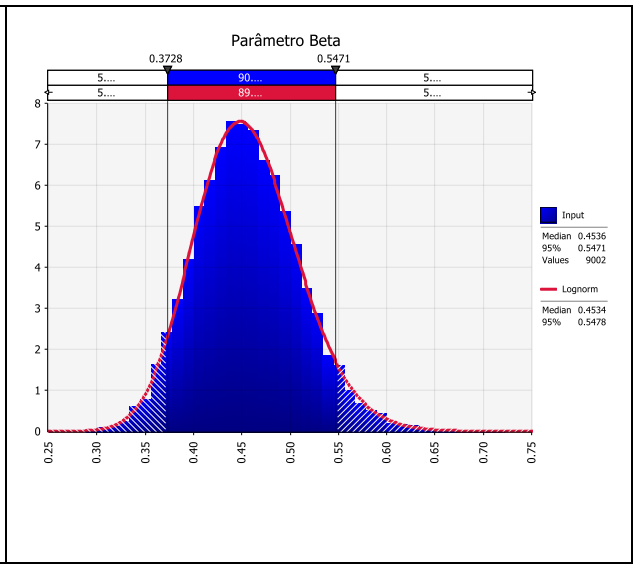


Figura 4.27. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro β do modelo beta-Poisson referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano

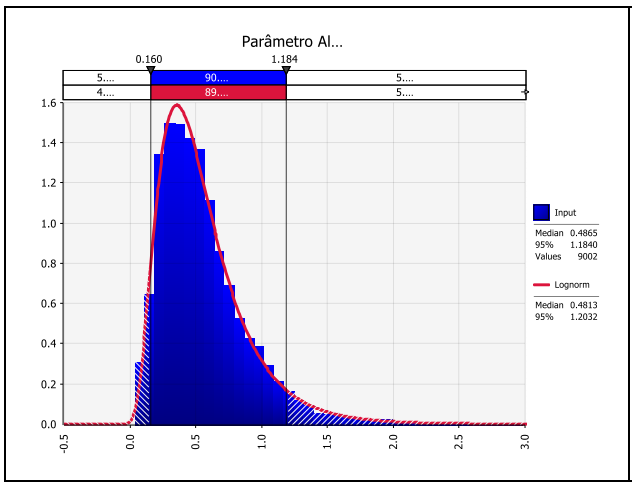


Figura 4.28. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro α da função hipergeométrica referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano

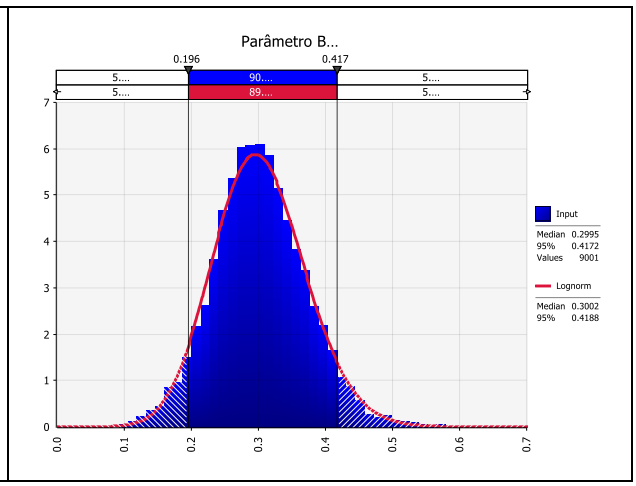


Figura 4.29. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro β da função hipergeométrica referente à rotavírus - Bootstrapping Bayesiano

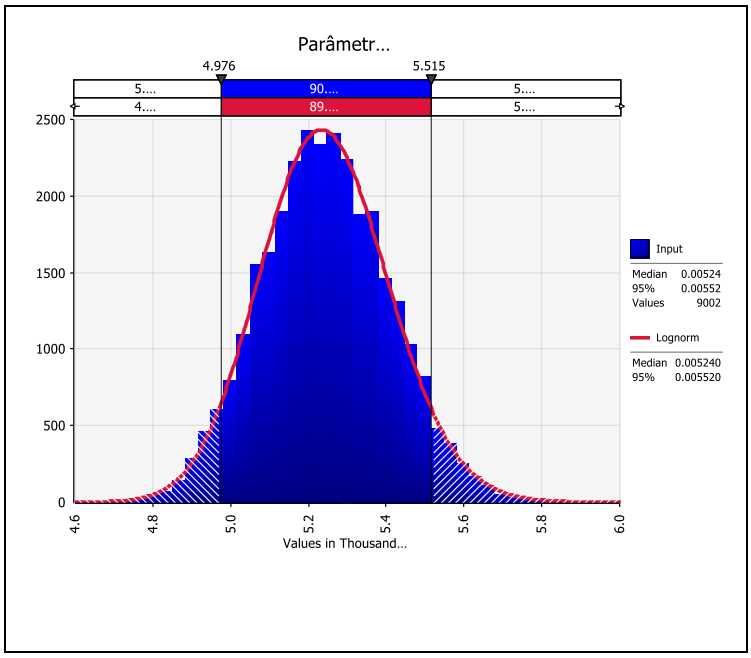


Figura 4.30. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para parâmetro r do modelo exponencial referente à Cryptosporidium parvum - Bootstrapping Bayesiano

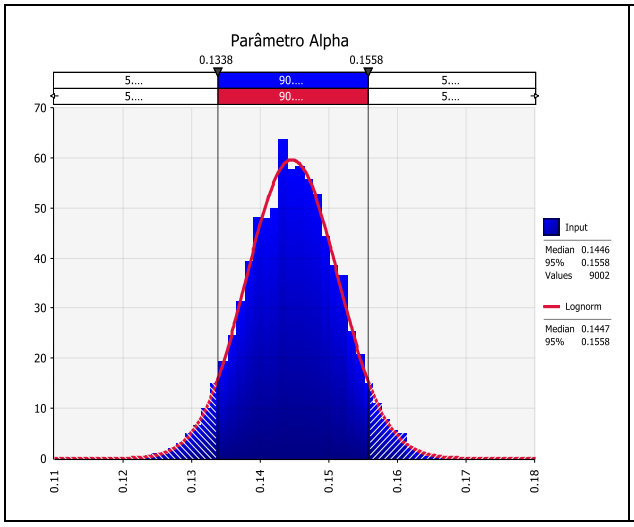
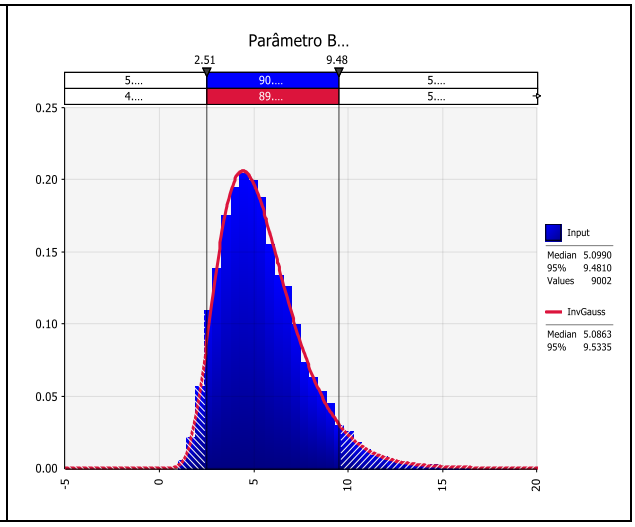


Figura 4.31 Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição lognormal para o parâmetro α do modelo beta referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano



Figuras 4.32. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para o parâmetro β do modelo beta referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano

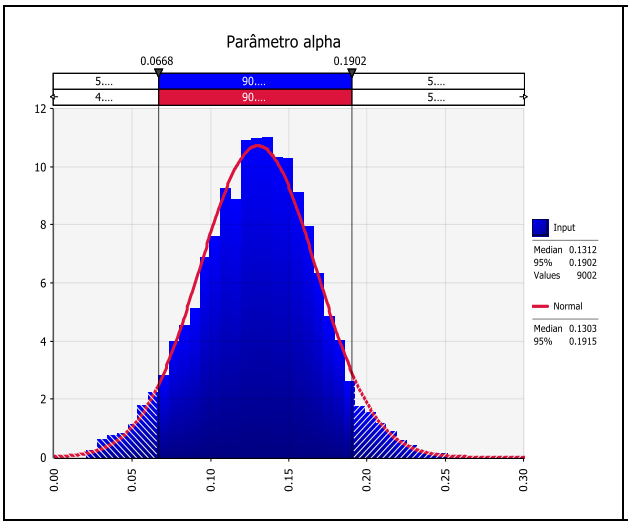


Figura 4.33. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição normal para o parâmetro α da função hipergeométrica conflunte referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano

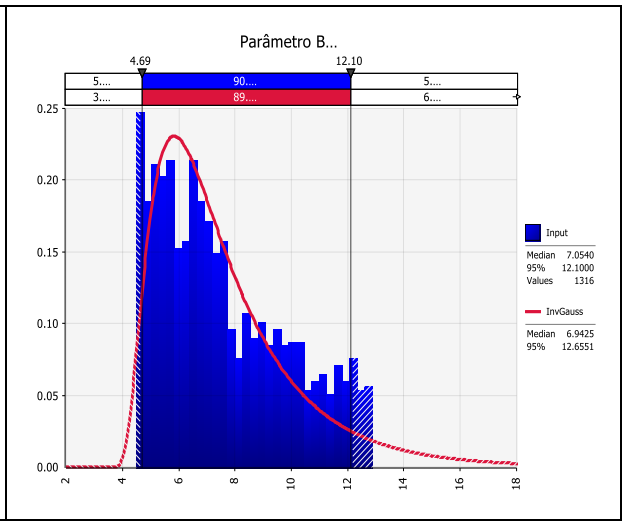


Figura 4.34. Histograma de frequência e curva ajustada à distribuição Gaussiana inversa para o parâmetro β da função hipergeométrica confluente referente à Campylobacter jejuni - Bootstrapping Bayesiano

Tabela 4.6. Funções densidade de probabilidades e respetivos valores dos diferentes modelos dose-resposta estimados por Bootstrapping Bayesiano

Patógeno	Parâmetros	Modelo DR		
		Beta-Poisson	Função hipergeométrica confluente	Beta-binomial
Rotavírus	α	Lognormal (0,61942; 0,0089113)	Lognormal (0,225104; 0,012008)	Lognormal (0,225104; 0,012008)
	β	Lognormal (0,56017; 0,053403)	Lognormal (0,98276; 0,068296)	Lognormal (0,98276; 0,068296)
C.jejuni	α	Lognormal (0,74962; 0,0066901)	Normal (0,130272; 0,03723)	Normal (0,130272; 0,03723)
	β	Gaussiana inversa (6,5304; 57,6614)	Lognormal (10,245; 0,25981)	Lognormal (10,245; 0,25981)
C.parvum	r	Modelo DR		
		Exponencial		
		Lognormal (0,00524375; 0,00016436)		

lognormal (média e dp) , Normal (média e dp), Gaussiana inversa (média, parâmetro de forma)

4.1.2. Discussão

Percebe-se que existem diferenças nas estimativas obtidas pelo método da máxima verossimilhança (Tabela 3.6) e pelos métodos Bayesianos (Tabelas 4.4 e 4.6). Essas diferenças são explicadas, por um lado, pela informação adicional contida na priori e, por outro lado, pelas amostras bootstrap utilizadas nos métodos Bayesianos.

As diferenças entre as estimativas obtidas por máxima verossimilhança e por Inferência Bayesiana poderiam ser explicadas pela distribuição a priori utilizada na Inferência Bayesiana, ainda que tenha sido uma priori não informativa. Normalmente quando se usa uma priori não informativa, se espera que a informação dos dados seja dominante, no sentido de que a contribuição em termos de informação a priori seja vaga. Entretanto, isso não foi aqui observado, ou seja, se a priori não tivesse influenciado nas posteriori de cada parâmetro, os resultados dos métodos seriam bem próximos.

Donald et al. (2011) realizaram estudo que visava incorporar incertezas aos parâmetros dos modelos de AQRM através de métodos Bayesianos. Foi utilizada a distribuição uniforme como priori para os parâmetros α e β do modelo beta-Poisson e as posteriori desses parâmetros se mostraram similares aos valores obtidos pelo método de máxima verossimilhança.

É necessário reconhecer que a escolha das priori é um ponto fraco da Inferência Bayesiana devido ao impacto das informações subjetivas contidas nas priori sobre os dados. Portanto, de modo a aprimorar a aplicação dessa técnica em AQRM, mais estudos se fazem necessários para bem definir as distribuições a priori e os respectivos hiperparâmetros para os diversos patógenos,

Já no método Bootstrapping Bayesiano, a informação contida nos dados e expressa pela função verossimilhança foi mais dominante que a informação da priori, resultando em distribuições a posteriori que refletissem a informação dos dados e minimizando, dessa forma, o impacto da informação subjetiva da priori. Como destacado na revisão de literatura, este método é mais robusto porque já considera na função verossimilhança dados colhidos do bootstrap, os quais já minimizam de certa forma as incertezas dos parâmetros.

A maior robustez do Bootstrapping Bayesiano em relação à Inferência Bayesiana pode ser observada por meio da comparação dos intervalos de confiança desses dois métodos: os intervalos da Inferência Bayesiana possuem amplitude maior que os do Bootstrapping Bayesiano. Além disso, de modo geral, observa-se que as médias e os desvios padrão dos estimadores dos parâmetros obtidos por Bootstrapping Bayesiano foram menores que os correspondentes obtidos por Inferência Bayesiana.

Quanto às distribuições dos parâmetros ilustrados nas tabelas 4.4 e 4.6, cumpre esclarecer que algumas delas coincidem com as sugeridas por Englehardt (2004). Esse autor usou a função hipergeométrica confluente de Kummer e Inferência Bayesiana para estimar risco de infecção por rotavírus, tendo sugerido que as incertezas dos parâmetros alfa e beta poderiam ser descritas por distribuições de probabilidades não negativas, tais como lognormal ou gama. Essa informação foi aqui confirmada, além de outras sugestões de distribuições tais como a normal e a Gaussiana inversa.

Messner et al. (2001) conduziram estudo de avaliação de risco de infecção por Cryptosporidium usando distribuições a priori hierárquicas; o parâmetro do modelo exponencial

seguiu distribuição lognormal, com hiperparâmetros de 0,005 para média e o desvio padrão 0,1. A mesma distribuição foi aqui obtida através do método Monte Carlo via cadeias de Markov.

Por fim, é necessário reiterar que, do ponto de vista de descrição das incertezas em modelos de AQRM, nos quais umas das grandes limitações são o uso de séries de dados restritas e a falta de informações sobre as relações dose-resposta em humanos, em tese, os métodos Bayesianos são bons candidatos para contornar esses problemas em relação ao Bootstrapping e máxima verossimilhança. Isso porque em sua plataforma se pode incorporar informação adicional ou relacionada aos dados e também pelo fato das incertezas se expressarem de forma estocástica. Por sua vez, o mérito do método do Bootstrapping observations já foi abordado anteriormente. Entretanto, vale a pena frisar que quando a amostra for muito pequena os métodos da máxima verossimilhança são indicados em detrimento de qualquer método de reamostragem.

Em um estudo bastante elucidativo na área de avaliação quantitativa de risco químico, Verdonck, et al. (2001) utilizaram bootstrapping (paramétrico e não-paramétrico), o método da máxima verossimilhança e métodos Bayesianos tendo como ponto de partida um banco de dados composto por 20 elementos. O estudo concluiu que o método de bootstrapping, tanto paramétrico quanto não paramétrico, foi o que menos traduziu as incertezas, ou seja, menos robusto na caracterização do risco químico devido ao menor tamanho amostral.

4.1.3. Síntese dos resultados

- O método Bootstrapping observations expressou as incertezas dos parâmetros do modelo dose-resposta por meio de uma nuvem de estimadores de máxima verossimilhança, os quais correspondem a uma função de probabilidades ou distribuição discreta de probabilidades.
- O método Bootstrapping Bayesiano produziu aproximações de distribuições a posteriori menos assimétricas e com curtose menor que a Inferência Bayesiana, pela qual também se observou caudas maiores em alguns parâmetros.
- O intervalo de confiança dos parâmetros obtidos pelo método Bootstrapping Bayesiano para a maioria dos parâmetros foi menor que o da Inferência Bayesiana.

- A distribuição Gaussiana inversa e a lognormal demonstram ser as melhores representantes das incertezas dos parâmetros dos modelos dose-resposta estimados por Métodos Bayesianos por meio de Simulação Monte Carlo via Cadeia de Markov.

A título de esclarecimento, cumpre informar que no presente trabalho o uso de diferentes métodos de estimação dos parâmetros dos modelos DR teve como foco a apropriação das incertezas para simulação de Monte Carlo e cômputo do risco. Portanto, não se preocupou aqui com comparações das propriedades dos estimadores, tais como precisão, consistência, eficiência, entre outras abordadas na inferência estatística.

.

4.2. ESTIMATIVAS DE RISCOS DE INFECÇÃO

Em conformidade com os esquemas apresentados nas figuras 3.1, 3.2 e 3.3, vários cenários foram obtidos por meio de diferentes combinações entre as variáveis dos modelos de exposição e DR. As comparações entre as estimativas de risco correspondentes a estes diversos cenários e subcenários em bases científicas mais sólidas, ou seja, estatísticas, são desenvolvidas no item seguinte (4.3). Aqui, os resultados são apresentados, em termos de medianas e percentis 95% e na forma de tabelas, para que se tenha uma visão de ordem de grandeza das estimativas de risco e de tal forma que se possa proceder já a uma análise comparativa inicial, descritiva.

Entretanto, como indicado no item 3.2 as combinações de cenários e modelos de exposição e DR resultaram em 384 modelos de AR. A título de exemplo são apresentados apenas alguns resultados das estimativas de risco anual com os dois estimadores (Pnaive e Pgold), relativos ao cenário com os efluentes das lagoas de polimento e as seguintes combinações: (i) hortaliças folhosas e florais, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança; (ii) hortaliças frutosas - parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping observations; (iii) hortaliças folhosas, florais e frutosas - parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano; e (iv) hortaliças frutosas - parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana

Embora o objetivo central deste trabalho não seja discutir os valores de risco em si, mas sim avaliá-los comparativamente, não se deixará de aproveitar o ensejo para analisar as estimativas de risco vis-à-vis os valores de risco tidos como toleráveis. Neste sentido a referência será o valor de carga de doença tolerável de 10^{-6} DALY pppa, assumido nas diretrizes da OMS (2006), que equivale a níveis de risco infecção toleráveis anuais de: (i) $7{,}7x10^{-4}$ pppa para rotavírus; (ii) $1{,}4x10^{-3}$ pppa para norovírus; (iii) $2{,}2x10^{-3}$ pppa para Cryptosporidium, (iv) $3{,}1x10^{-4}$ pppa para Campylobacter e (v) $1{,}2\ x10^{-4}$ pppa para Ascaris (MARA et al., 2009)

A seguir são apresentadas tabelas de resultados, escolhidas a título de exemplo em função dos diferentes métodos de obtenção dos parâmetros DR e em conformidade com os padrões de consumo de hortícolas. Outras tabelas podem ser vistas nos anexos I e II, nos quais são mostrados todos resultados dos possíveis cenários em estudos, referentes ao uso dos efluentes das logoas de polimentos (Cenário I) e faixas de valores (Cenário II) respectivamente.

4.2.1. Estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças folhosas e florais - parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança

4.2.1.1. Estimador de risco anual - Pnaive

Tabela 4.7. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3{,}89\times10^{-2}$	$3{,}09\times10^{-1}$	$4{,}18\times10^{-2}$	$3{,}10\times10^{-1}$	$1{,}06\times10^{-1}$	$1{,}29\times10^{-1}$	$1{,}54\times10^{-4}$	$1{,}34\times10^{-3}$	$8{,}49\times10^{-6}$	$6{,}34\times10^{-6}$
L2	$8{,}38\times10^{-4}$	$8{,}21\times10^{-3}$	$8{,}98\times10^{-4}$	$9{,}29\times10^{-3}$	$3{,}69\times10^{-3}$	$3{,}92\times10^{-3}$	$3{,}23\times10^{-6}$	$3{,}36\times10^{-5}$	$1{,}77\times10^{-7}$	$1{,}52\times10^{-7}$
L3	$8{,}53\times10^{-6}$	$2{,}67\times10^{-5}$	$8{,}49\times10^{-6}$	$3{,}08\times10^{-4}$	$3{,}79\times10^{-5}$	$1{,}16\times10^{-4}$	$3{,}05\times10^{-8}$	$1{,}11\times10^{-6}$	$1{,}47\times10^{-9}$	$5{,}38\times10^{-9}$
L4	$2{,}74\times10^{-5}$	$7{,}46\times10^{-5}$	$2{,}69\times10^{-5}$	$8{,}57\times10^{-4}$	$1{,}21\times10^{-4}$	$3{,}29\times10^{-4}$	$9{,}70\times10^{-8}$	$3{,}09\times10^{-6}$	$5{,}82\times10^{-9}$	$1{,}44\times10^{-8}$
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}56\times10^{-4}$	$7{,}04\times10^{-4}$	$1{,}05\times10^{-2}$	$6{,}74\times10^{-2}$	$9{,}65\times10^{-4}$	$7{,}03\times10^{-4}$	$1{,}86\times10^{-3}$	$1{,}14\times10^{-3}$	$2{,}75\times10^{-3}$	$1{,}69\times10^{-3}$
L2	$2{,}02\times10^{-5}$	$1{,}72\times10^{-5}$	$2{,}23\times10^{-4}$	$1{,}84\times10^{-3}$	$2{,}02\times10^{-5}$	$1{,}72\times10^{-5}$	$3{,}69\times10^{-5}$	$2{,}88\times10^{-5}$	$5{,}19\times10^{-5}$	$4{,}26\times10^{-5}$
L3	$2{,}02\times10^{-7}$	$5{,}87\times10^{-7}$	$2{,}16\times10^{-6}$	$6{,}58\times10^{-5}$	$2{,}04\times10^{-7}$	$5{,}83\times10^{-7}$	$4{,}24\times10^{-6}$	$9{,}78\times10^{-6}$	$5{,}97\times10^{-7}$	$1{,}37\times10^{-6}$
L4	$6{,}78\times10^{-7}$	$1{,}64\times10^{-6}$	$6{,}83\times10^{-6}$	$1{,}83\times10^{-4}$	$6{,}77\times10^{-7}$	$1{,}63\times10^{-6}$	$1{,}32\times10^{-6}$	$2{,}87\times10^{-6}$	$1{,}96\times10^{-6}$	$4{,}29\times10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato).

Tabela 4.8. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$7{,}70\times10^{-2}$	$5{,}44\times10^{-1}$	$8{,}36\times10^{-2}$	$5{,}23\times10^{-1}$	$2{,}98\times10^{-1}$	$9{,}68\times10^{-1}$	$3{,}14\times10^{-4}$	$2{,}66\times10^{-3}$
L2	$1{,}30\times10^{-3}$	$1{,}99\times10^{-2}$	$1{,}83\times10^{-3}$	$1{,}85\times10^{-2}$	$7{,}33\times10^{-3}$	$8{,}47\times10^{-2}$	$6{,}58\times10^{-6}$	$6{,}70\times10^{-5}$
L3	$1{,}79\times10^{-5}$	$6{,}01\times10^{-4}$	$1{,}70\times10^{-5}$	$6{,}16\times10^{-4}$	$7{,}59\times10^{-5}$	$2{,}65\times10^{-3}$	$6{,}13\times10^{-8}$	$2{,}22\times10^{-6}$
L4	$5{,}71\times10^{-5}$	$1{,}83\times10^{-3}$	$5{,}35\times10^{-5}$	$1{,}73\times10^{-3}$	$2{,}52\times10^{-4}$	$8{,}04\times10^{-3}$	$1{,}93\times10^{-7}$	$6{,}24\times10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.9. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$5{,}18\times10^{-2}$	$4{,}32\times10^{-1}$	$5{,}66\times10^{-2}$	$4{,}16\times10^{-1}$	$2{,}03\times10^{-1}$	$9{,}16\times10^{-1}$	$2{,}10\times10^{-4}$	$1{,}94\times10^{-3}$	$1{,}17\times10^{-5}$	$1{,}09\times10^{-4}$
L2	$1{,}13\times10^{-3}$	$1{,}44\times10^{-2}$	$1{,}24\times10^{-3}$	$1{,}35\times10^{-2}$	$4{,}99\times10^{-3}$	$6{,}19\times10^{-2}$	$4{,}46\times10^{-6}$	$4{,}88\times10^{-5}$	$2{,}24\times10^{-7}$	$2{,}80\times10^{-6}$
L3	$1{,}18\times10^{-5}$	$4{,}86\times10^{-4}$	$1{,}17\times10^{-5}$	$4{,}36\times10^{-4}$	$5{,}29\times10^{-5}$	$2{,}14\times10^{-3}$	$4{,}20\times10^{-6}$	$1{,}57\times10^{-6}$	$2{,}58\times10^{-9}$	$8{,}33\times10^{-8}$
L4	$3{,}73\times10^{-4}$	$1{,}27\times10^{-3}$	$3{,}69\times10^{-5}$	$1{,}23\times10^{-4}$	$1{,}64\times10^{-4}$	$5{,}61\times10^{-3}$	$1{,}33\times10^{-7}$	$4{,}42\times10^{-6}$	$7{,}89\times10^{-9}$	$2{,}36\times10^{-7}$
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}31\times10^{-3}$	$1{,}32\times10^{-2}$	$2{,}22\times10^{-3}$	$2{,}04\times10^{-2}$	$1{,}31\times10^{-3}$	$1{,}32\times10^{-2}$	$5{,}41\times10^{-5}$	$2{,}54\times10^{-2}$	$8{,}01\times10^{-5}$	$3{,}73\times10^{-2}$
L2	$2{,}71\times10^{-5}$	$3{,}21\times10^{-4}$	$4{,}73\times10^{-5}$	$5{,}17\times10^{-4}$	$2{,}71\times10^{-5}$	$3{,}20\times10^{-4}$	$5{,}88\times10^{-6}$	$6{,}30\times10^{-4}$	$8{,}06\times10^{-4}$	$9{,}33\times10^{-4}$
L3	$2{,}99\times10^{-7}$	$1{,}01\times10^{-5}$	$4{,}46\times10^{-7}$	$1{,}66\times10^{-5}$	$2{,}98\times10^{-7}$	$1{,}01\times10^{-5}$	$8{,}68\times10^{-6}$	$1{,}21\times10^{-4}$	$8{,}38\times10^{-4}$	$2{,}19\times10^{-5}$
L4	$9{,}22\times10^{-7}$	$2{,}74\times10^{-5}$	$1{,}41\times10^{-6}$	$4{,}69\times10^{-5}$	$9{,}25\times10^{-7}$	$2{,}74\times10^{-5}$	$1{,}88\times10^{-6}$	$5{,}71\times10^{-5}$	$2{,}69\times10^{-6}$	$8{,}46\times10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.10. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}02\times10^{-1}$	$1{,}05\times10^{-1}$	$1{,}12\times10^{-1}$	$6{,}57\times10^{-1}$	$3{,}79\times10^{-1}$	$9{,}94\times10^{-1}$	$4{,}28\times10^{-4}$	$3{,}84\times10^{-3}$
L2	$2{,}37\times10^{-3}$	$2{,}87\times10^{-2}$	$2{,}52\times10^{-3}$	$2{,}70\times10^{-2}$	$1{,}01\times10^{-2}$	$1{,}27\times10^{-1}$	$9{,}07\times10^{-6}$	$9{,}85\times10^{-5}$
L3	$2{,}35\times10^{-5}$	$9{,}02\times10^{-4}$	$2{,}32\times10^{-5}$	$8{,}92\times10^{-4}$	$9{,}17\times10^{-4}$	$3{,}97\times10^{-3}$	$8{,}34\times10^{-8}$	$3{,}21\times10^{-6}$
L4	$7{,}65\times10^{-5}$	$2{,}48\times10^{-3}$	$7{,}37\times10^{-5}$	$2{,}50\times10^{-3}$	$3{,}38\times10^{-4}$	$1{,}09\times10^{-2}$	$2{,}65\times10^{-7}$	$9{,}02\times10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.11. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$4{,}82\times10^{-2}$	$3{,}10\times10^{-1}$	$9{,}74\times10^{-2}$	$5{,}14\times10^{-1}$	$1{,}97\times10^{-1}$	$8{,}04\times10^{-1}$	$3{,}69\times10^{-4}$	$2{,}60\times10^{-3}$	$1{,}06\times10^{-5}$	$6{,}96\times10^{-5}$
L2	$1{,}02\times10^{-3}$	$9{,}48\times10^{-3}$	$2{,}16\times10^{-3}$	$1{,}84\times10^{-2}$	$4{,}47\times10^{-3}$	$4{,}12\times10^{-2}$	$3{,}69\times10^{-4}$	$2{,}60\times10^{-3}$	$2{,}13\times10^{-7}$	$1{,}81\times10^{-6}$
L3	$1{,}01\times10^{-5}$	$3{,}45\times10^{-4}$	$2{,}02\times10^{-5}$	$6{,}64\times10^{-5}$	$4{,}44\times10^{-5}$	$1{,}52\times10^{-3}$	$7{,}28\times10^{-8}$	$2{,}39\times10^{-6}$	$2{,}27\times10^{-9}$	$6{,}38\times10^{-8}$
L4	$3{,}35\times10^{-5}$	$2{,}80\times10^{-4}$	$6{,}4\times10^{-5}$	$1{,}85\times10^{-3}$	$1{,}48\times10^{-4}$	$4{,}09\times10^{-3}$	$3{,}27\times10^{-8}$	$2{,}39\times10^{-6}$	$7{,}07\times10^{-9}$	$1{,}77\times10^{-7}$
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}10\times10^{-3}$	$7{,}65\times10^{-3}$	$2{,}53\times10^{-3}$	$1{,}23\times10^{-1}$	$1{,}20\times10^{-3}$	$7{,}64\times10^{-3}$	$2{,}14\times10^{-3}$	$1{,}61\times10^{-2}$	$3{,}52\times10^{-3}$	$2{,}83\times10^{-2}$
L2	$2{,}49\times10^{-5}$	$2{,}15\times10^{-4}$	$5{,}41\times10^{-4}$	$3{,}52\times10^{-3}$	$2{,}49\times10^{-5}$	$2{,}15\times10^{-4}$	$4{,}92\times10^{-4}$	$3{,}99\times10^{-4}$	$7{,}25\times10^{-5}$	$5{,}91\times10^{-4}$
L3	$2{,}52\times10^{-7}$	$7{,}70\times10^{-6}$	$5{,}07\times10^{-6}$	$1{,}39\times10^{-4}$	$2{,}25\times10^{-5}$	$7{,}70\times10^{-4}$	$5{,}27\times10^{-4}$	$9{,}62\times10^{-4}$	$7{,}40\times10^{-4}$	$2{,}28\times10^{-5}$
L4	$8{,}00\times10^{-7}$	$2{,}08\times10^{-5}$	$1{,}61\times10^{-5}$	$3{,}89\times10^{-4}$	$7{,}90\times10^{-7}$	$2{,}07\times10^{-5}$	$1{,}70\times10^{-6}$	$4{,}23\times10^{-5}$	$2{,}37\times10^{-6}$	$5{,}96\times10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.12. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrito por distribuição PERT , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}73\times10^{-2}$	$5{,}33\times10^{-1}$	$1{,}90\times10^{-1}$	$7{,}67\times10^{-1}$	$3{,}60\times10^{-1}$	$9{,}64\times10^{-1}$	$7{,}59\times10^{-4}$	$5{,}24\times10^{-3}$
L2	$2{,}10\times10^{-3}$	$1{,}93\times10^{-2}$	$4{,}42\times10^{-3}$	$3{,}69\times10^{-2}$	$1{,}91\times10^{-2}$	$8{,}23\times10^{-2}$	$1{,}59\times10^{-5}$	$1{,}35\times10^{-4}$
L3	$2{,}15\times10^{-5}$	$6{,}69\times10^{-4}$	$4{,}08\times10^{-5}$	$1{,}36\times10^{-3}$	$9{,}55\times10^{-5}$	$2{,}95\times10^{-3}$	$1{,}47\times10^{-7}$	$4{,}90\times10^{-6}$
L4	$6{,}99\ 10^{-5}$	$4{,}18\times10^{-3}$	$1{,}29\times10^{-4}$	$3{,}86\times10^{-3}$	$3{,}30\times10^{-4}$	$8{,}19\ \times10^{-3}$	$4{,}65\times10^{-7}$	$1{,}39\times10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.13. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrito por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$6{,}51\times10^{-2}$	$4{,}14\times10^{-1}$	$1{,}31\times10^{-1}$	$1{,}31\times10^{-1}$	$2{,}57\times10^{-1}$	$9{,}01\times10^{-1}$	$5{,}04\times10^{-1}$	$3{,}85\times10^{-1}$	$1{,}47\times10^{-5}$	$1{,}05\times10^{-4}$
L2	$1{,}39\times10^{-3}$	$1{,}35\times10^{-2}$	$2{,}97\times10^{-3}$	$2{,}97\times10^{-3}$	$6{,}14\times10^{-3}$	$6{,}00\times10^{-2}$	$1{,}07\times10^{-5}$	$9{,}79\times10^{-5}$	$2{,}94\times10^{-7}$	$2{,}64\times10^{-6}$
L3	$1{,}41\times10^{-5}$	$4{,}90\times10^{-4}$	$2{,}76\times10^{-5}$	$2{,}76\times10^{-5}$	$6{,}22\times10^{-5}$	$2{,}05\times10^{-3}$	$9{,}94\times10^{-8}$	$3{,}39\times10^{-6}$	$3{,}03\times10^{-9}$	$9{,}46\times10^{-8}$
L4	$4{,}65\times10^{-5}$	$1{,}37\times10^{-3}$	$2{,}80\times10^{-5}$	$8{,}8\times10^{-5}$	$2{,}05\times10^{-4}$	$5{,}34\times10^{-3}$	$9{,}94\times10^{-8}$	$3{,}39\times10^{-6}$	$9{,}85\times10^{-9}$	$2{,}61\times10^{-7}$
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}63\times10^{-3}$	$1{,}18\times10^{-2}$	$3{,}42\times10^{-2}$	$1{,}78\times10^{-1}$	$1{,}63\times10^{-3}$	$1{,}18\times10^{-2}$	$1{,}71\times10^{-4}$	$1{,}01\times10^{-3}$	$2{,}53\times10^{-4}$	$1{,}50\times10^{-3}$
L2	$3{,}40\times10^{-5}$	$3{,}00\times10^{-4}$	$7{,}34\times10^{-4}$	$5{,}14\times10^{-4}$	$3{,}39\times10^{-5}$	$3{,}00\times10^{-4}$	$3{,}54\times10^{-6}$	$2{,}71\times10^{-5}$	$5{,}24\times10^{-6}$	$4{,}02\times10^{-5}$
L3	$3{,}15\times10^{-7}$	$1{,}07\times10^{-5}$	$6{,}98\times10^{-6}$	$2{,}02\times10^{-4}$	$3{,}14\times10^{-7}$	$1{,}07\times10^{-5}$	$3{,}68\times10^{-7}$	$1{,}04\times10^{-5}$	$5{,}17\times10^{-8}$	$1{,}46\times10^{-6}$
L4	$1{,}12\times10^{-6}$	$2{,}90\times10^{-5}$	$2{,}21\times10^{-5}$	$5{,}60\times10^{-4}$	$1{,}12\times10^{-6}$	$2{,}89\times10^{-5}$	$1{,}17\times10^{-7}$	$2{,}84\times10^{-6}$	$1{,}88\times10^{-7}$	$1{,}46\times10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.14. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}20\times10^{-1}$	$6{,}62\times10^{-2}$	$2{,}52\times10^{-1}$	$8{,}82\times10^{-1}$	$4{,}58\times10^{-1}$	$9{,}91\times10^{-1}$	$1{,}04\times10^{-3}$	$7{,}67\times10^{-3}$
L2	$2{,}89\times10^{-3}$	$2{,}71\times10^{-2}$	$6{,}06\times10^{-3}$	$5{,}30\times10^{-2}$	$1{,}27\times10^{-2}$	$1{,}15\times10^{-1}$	$2{,}19\times10^{-5}$	$1{,}96\times10^{-4}$
L3	$2{,}90\times10^{-5}$	$9{,}16\times10^{-4}$	$5{,}59\times10^{-5}$	$1{,}92\times10^{-3}$	$1{,}26\ 10^{-4}$	$4{,}03\times10^{-3}$	$2{,}01\times10^{-7}$	$6{,}92\times10^{-6}$
L4	$9{,}31\times10^{-5}$	$2{,}70\times10^{-3}$	$1{,}78\times10^{-4}$	$5{,}41\times10^{-3}$	$4{,}11\times10^{-4}$	$1{,}19\times10^{-2}$	6,42E-07	$1{,}95\times10^{-7}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

4.2.1.2. Estimador de risco anual - Pgold

Tabela 4.15. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1,13x10^{-1}$	$1,30x10^{-1}$	$8,96x10^{-4}$	$1,04x10^{-1}$	$4,08x10^{-1}$	$4,57x10^{-1}$	$3,38x10^{-4}$	$3,95x10^{-4}$	$2,32x10^{-5}$	$2,69\ x10^{-5}$
L2	$2,92x10^{-3}$	$3,53x10^{-3}$	$2,29x10^{-3}$	$2,77x10^{-3}$	$1,28x10^{-2}$	$1,55x10^{-2}$	$8,26\ x10^{-6}$	$9,81x10^{-4}$	$5,68x10^{-7}$	$6,77x10^{-7}$
L3	$1,01x10^{-4}$	$1,86x10^{-4}$	$7,89x10^{-5}$	$1,46x10^{-4}$	$4,44x10^{-4}$	$8,22\ x10^{-4}$	$2,84x10^{-7}$	$5,26x10^{-7}$	$1,95x10^{-8}$	$3,58\ x10^{-8}$
L4	$2,79x10^{-4}$	$4,90x10^{-4}$	$2,19x10^{-4}$	$3,84x10^{-4}$	$1,23x10^{-3}$	$2,16\ x10^{-3}$	$7,87\ x10^{-7}$	$1,38x10^{-6}$	$5,41x10^{-8}$	$9,52\ x10^{-8}$
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1,17x10^{-1}$	$1,34\ x10^{-1}$	$9,84x10^{-4}$	$1,14x10^{-3}$	$1,06x10^{-3}$	$1,22x10^{-3}$	$6,04x10^{-3}$	$7,04x10^{-3}$	$8,93x10^{-3}$	$1,04x10^{-2}$
L2	$3,05x10^{-3}$	$3,63x10^{-3}$	$2,41x10^{-5}$	$2,87x10^{-5}$	$2,58x10^{-5}$	$3,08x10^{-5}$	$1,48x10^{-4}$	$1,80x10^{-4}$	$2,19x10^{-4}$	$2,66x10^{-4}$
L3	$1,05x10^{-4}$	$1,93x10^{-4}$	$8,28x10^{-7}$	$1,52\ x10^{-6}$	$8,89x10^{-7}$	$1,63x10^{-6}$	$5,06x10^{-6}$	$9,58x10^{-6}$	$7,49x10^{-4}$	$1,42x10^{-5}$
L4	$2,91\ x10^{-4}$	$5,11x10^{-4}$	$2,29x10^{-6}$	$4,03x10^{-6}$	$2,46x10^{-6}$	$4,33x10^{-6}$	$1,4x10^{-5}$	$2,52x10^{-5}$	$2,07x10^{-4}$	$3,74x10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.16. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}13\times10^{-1}$	$2{,}42\ 10^{-1}$	$1{,}71\times10^{-1}$	$1{,}96\times10^{-1}$	$6{,}48\times10^{-1}$	$7{,}01\times10^{-1}$	$6{,}77\times10^{-4}$	$7{,}87\times10^{-4}$
L2	$5{,}65\times10^{-3}$	$8{,}49\times10^{-3}$	$4{,}59\times10^{-3}$	$5{,}50\times10^{-3}$	$2{,}56\times10^{-2}$	$3{,}06\times10^{-2}$	$1{,}66\times10^{-5}$	$1{,}99\times10^{-5}$
L3	$2{,}01\times10^{-4}$	$3{,}73\times10^{-4}$	$1{,}58\times10^{-4}$	$2{,}92\times10^{-4}$	$8{,}88\times10^{-4}$	$1{,}64\times10^{-3}$	$5{,}68\times10^{-7}$	$1{,}05\times10^{-6}$
L4	$5{,}58\times10^{-4}$	$9{,}80\times10^{-4}$	$4{,}38\times10^{-4}$	$7{,}68\times10^{-4}$	$2{,}46\times10^{-4}3$	$4{,}31\times10^{-3}$	$1{,}57\times10^{-6}$	$2{,}77\times10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.17. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme,, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}56x10^{-1}$	$1{,}80x10^{-1}$	$1{,}25\ x10^{-1}$	$1{,}45x10^{-1}$	$5{,}24x10^{-1}$	$5{,}80x10^{-1}$	$4{,}81x10^{-4}$	$5{,}63x10^{-4}$	$3{,}31x10^{-5}$	$3{,}83x10^{-5}$
L2	$4{,}16x10^{-3}$	$5{,}05x10^{-4}$	$3{,}27x10^{-3}$	$3{,}97x10^{-3}$	$1{,}82\ x10^{-2}$	$2{,}21x10^{-2}$	$1{,}18x10^{-5}$	$1{,}43x10^{-5}$	$8{,}09x10^{-7}$	$9{,}69x10^{-7}$
L3	$1{,}42x10^{-4}$	$2{,}60x10^{-4}$	$1{,}12x10^{-4}$	$2{,}04x10^{-4}$	$6{,}28x10^{-4}$	$1{,}15x10^{-3}$	$4{,}02x10^{-7}$	$7{,}34x10^{-7}$	$2{,}79x10^{-8}$	$5{,}03x10^{-8}$
L4	$3{,}95\ x10^{-4}$	$6{,}89x10^{-4}$	$3{,}10x10^{-4}$	$5{,}41x10^{-4}$	$1{,}74x10^{-3}$	$3{,}04x10^{-3}$	$1{,}12x10^{-6}$	$1{,}95x10^{-6}$	$7{,}72x10^{-8}$	$1{,}33x10^{-7}$
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}61x10^{-1}$	$9{,}74x10^{-1}$	$2{,}75x10^{-2}$	$3{,}16x10^{-2}$	$2{,}95x10^{-2}$	$3{,}39\ x10^{-2}$	$7{,}44x10^{-3}$	$8{,}61x10^{-3}$	$1{,}10x10^{-2}$	$1{,}27x10^{-2}$
L2	$8{,}27x10^{-2}$	$9{,}71x10^{-2}$	$6{,}82x10^{-4}$	$8{,}08x10^{-4}$	$7{,}33x10^{-4}$	$8{,}68x10^{-4}$	$1{,}83x10^{-4}$	$2{,}19x10^{-4}$	$2{,}71x10^{-4}$	$3{,}24x10^{-4}$
L3	$2{,}97x10^{-3}$	$2{,}97x10^{-3}$	$2{,}34x10^{-5}$	$4{,}17x10^{-4}$	$2{,}52x10^{-5}$	$4{,}48x10^{-5}$	$6{,}29\ x10^{-4}$	$1{,}14x10^{-5}$	$9{,}32x10^{-6}$	$1{,}68x10^{-6}$
L4	$8{,}22x10^{-3}$	$1{,}3\ x10^{-2}$	$6{,}51x10^{-5}$	$1{,}10x10^{-4}$	$6{,}99x10^{-5}$	$1{,}18x10^{-4}$	$1{,}74x10^{-5}$	$3{,}00\ x10^{-5}$	$2{,}58x10^{-5}$	$4{,}44x10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.18. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}87\times10^{-1}$	$3{,}26\times10^{-1}$	$2{,}35\times10^{-1}$	$2{,}68\times10^{-1}$	$7{,}71\times10^{-1}$	$8{,}18\times10^{-1}$	$9{,}63\times10^{-4}$	$1{,}13\times10^{-3}$
L2	$8{,}31\times10^{-1}$	$1{,}00\times10^{-2}$	$6{,}53\times10^{-3}$	$7{,}86\times10^{-3}$	$3{,}62\times10^{-2}$	$4{,}34\times10^{-2}$	$2{,}36\times10^{-5}$	$2{,}84\times10^{-5}$
L3	$2{,}87\times10^{-4}$	$5{,}32\times10^{-4}$	$2{,}25\times10^{-4}$	$4{,}17\times10^{-4}$	$1{,}27\times10^{-3}$	$2{,}34\times10^{-3}$	$8{,}11\times10^{-7}$	$1{,}50\times10^{-6}$
L4	$7{,}95\times10^{-4}$	$1{,}39\times10^{-3}$	$6{,}24\times10^{-4}$	$1{,}09\times10^{-3}$	$3{,}50\times10^{-3}$	$6{,}11\times10^{-3}$	$2{,}25\times10^{-6}$	$3{,}92\times10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.19. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2.23×10^{-1}	2.51×10^{-1}	1.80×10^{-1}	2.04×10^{-1}	6.69×10^{-1}	7.16×10^{-1}	7.16×10^{-4}	8.20×10^{-4}	4.94×10^{-5}	5.57×10^{-5}
L2	6.22×10^{-3}	7.32×10^{-3}	4.88×10^{-3}	5.74×10^{-3}	2.71×10^{-2}	3.19×10^{-2}	1.76×10^{-5}	2.07×10^{-5}	1.21×10^{-6}	1.40×10^{-6}
L3	2.15×10^{-4}	3.64×10^{-4}	1.68×10^{-4}	2.86×10^{-4}	9.48×10^{-4}	1.61×10^{-3}	6.06×10^{-7}	1.03×10^{-6}	4.22×10^{-8}	7.04×10^{-8}
L4	5.94×10^{-4}	9.63×10^{-4}	4.66×10^{-4}	7.55×10^{-4}	2.62×10^{-3}	4.24×10^{-3}	1.68×10^{-6}	2.72×10^{-6}	1.17×10^{-7}	1.86×10^{-7}
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1.24×10^{-2}	1.92×10^{-2}	4.08×10^{-2}	4.53×10^{-2}	4.37×10^{-2}	4.85×10^{-2}	1.28×10^{-2}	1.46×10^{-2}	1.89×10^{-2}	
L2	1.21×10^{-2}	1.37×10^{-2}	4.08×10^{-2}	4.53×10^{-2}	1.10×10^{-3}	1.25×10^{-3}	3.16E-04	3.70×10^{-4}	4.68×10^{-4}	
L3	4.53×10^{-3}	7.36×10^{-3}	3.58×10^{-5}	5.84×10^{-5}	3.84×10^{-5}	6.27×10^{-5}	1.11×10^{-5}	1.93×10^{-5}	$1.64 \times 10^{-5}5$	
L4	1.24×10^{-2}	1.92×10^{-2}	9.87×10^{-5}	1.54×10^{-4}	1.06×10^{-4}	1.65×10^{-4}	3.05×10^{-5}	5.11×10^{-5}	4.52×10^{-5}	

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.20. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3{,}97\times10^{-1}$	$4{,}36\times10^{-1}$	$3{,}30\times10^{-1}$	$3{,}64\times10^{-1}$	$8{,}89\times10^{-1}$	$9{,}16\times10^{-1}$	$1{,}44\times10^{-3}$	$3{,}97\times10^{-1}$
L2	$1{,}25\times10^{-2}$	$1{,}45\times10^{-2}$	$9{,}78\times10^{-2}$	$1{,}14\times10^{-2}$	$5{,}38\times10^{-2}$	$6{,}24\times10^{-2}$	$3{,}54\times10^{-5}$	$1{,}25\times10^{-2}$
L3	$4{,}36\ 10^{-4}$	$7{,}36\times10^{-4}$	$3{,}42\times10^{-4}$	$5{,}77\times10^{-4}$	$1{,}92\times10^{-3}$	$3{,}24\times10^{-3}$	$1{,}23\times10^{-6}$	$4{,}36\times10^{-4}$
L4	$1{,}20\times10^{-3}$	$1{,}94\times10^{-3}$	$9{,}43\times10^{-4}$	$1{,}52\times10^{-4}$	$5{,}29\times10^{-3}$	$8{,}53\times10^{-3}$	$3{,}40\times10^{-6}$	$1{,}20\times10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.21. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1.71x10^{-2}$	$1.93x10^{-2}$	$1.34x10^{-2}$	$1.52x10^{-2}$	$7.33x10^{-2}$	$8.25x10^{-2}$	$4.87x10^{-5}$	$5.51x10^{-5}$	3.35E-06	3.75E-06
L2	$4.23x10^{-4}$	$4.93x10^{-4}$	$3.32x10^{-4}$	$3.87x10^{-4}$	$1.86x10^{-3}$	$2.18x10^{-3}$	$1.19\ x10^{-6}$	$1.39\ x10^{-6}$	8.20E-08	9.44E-08
L3	$1.47x10^{-5}$	$2.54x10^{-5}$	$1.16x10^{-5}$	$1.99x10^{-5}$	$6.51x10^{-5}$	$1.12x10^{-4}$	$4.16x10^{-8}$	$7.17\ x10^{-8}$	$2.89\ x10^{-9}$	$4.7\ x10^{-9}$
L4	$4.07x10^{-5}$	$6.64x10^{-5}$	$3.19x10^{-5}$	$5.21x10^{-4}$	$1.79\ x10^{-4}$	$2.93x10^{-4}$	$1.15\ x10^{-7}$	$1.88x10^{-7}$	$7.98\ x10^{-9}$	$1.25\ x10^{-8}$
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2.99x10^{-1}$	$3.24x10^{-1}$	$2.82x10^{-3}$	$3.11x10^{-3}$	$3.02x10^{-3}$	$3.34\ x10^{-3}$	$1.49x10^{-2}$	$1.65x10^{-2}$	$2.20x10^{-2}$	$2.43x10^{-2}$
L2	$8.73x10^{-3}$	$9.93x10^{-3}$	$6.91x10^{-5}$	$7.86x10^{-5}$	$7.43x10^{-5}$	$8.45x10^{-5}$	$3.69x10^{-4}$	$4.19\ x10^{-4}$	$5.46x10^{-4}$	$6.21x10^{-4}$
L3	$3.08x10^{-3}$	$4.99x10^{-4}$	$2.43x10^{-6}$	$3.93x10^{-6}$	$2.60x10^{-6}$	$4.22x10^{-6}$	$1.29x10^{-5}$	$2.10x10^{-5}$	$1.92x10^{-5}$	$3.10x10^{-5}$
L4	$8.51x10^{-4}$	$1.31x10^{-4}$	$6.71x10^{-6}$	$1.03x10^{-5}$	$7.21x10^{-6}$	$1.11x10^{-5}$	$3.58x10^{-5}$	$5.52x10^{-5}$	$5.30x10^{-5}$	$8.17x10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

Tabela 4.22. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3{,}4 \times 10^{-2}$	$3{,}81 \times 10^{-2}$	$2{,}68 \times 10^{-2}$	$3{,}00 \times 10^{-2}$	$1{,}41 \times 10^{-1}$	$1{,}57 \times 10^{-1}$	$9{,}77 \times 10^{-5}$	$1{,}10 \times 10^{-4}$
L2	$8{,}48 \times 10^{-4}$	$9{,}80 \times 10^{-4}$	$6{,}65 \times 10^{-4}$	$7{,}69 \times 10^{-4}$	$3{,}74 \times 10^{-3}$	$4{,}32 \times 10^{-3}$	$2{,}39 \times 10^{-6}$	$2{,}77 \times 10^{-6}$
L3	$2{,}98 \times 10^{-5}$	$4{,}96 \times 10^{-5}$	$2{,}09 \times 10^{-5}$	$4{,}77 \times 10^{-5}$	$1{,}31 \times 10^{-4}$	$2{,}19 \times 10^{-4}$	$8, \times 10^{-8}$	$1{,}40 \times 10^{-7}$
L4	$8{,}19 \times 10^{-5}$	$1{,}31 \times 10^{-4}$	$6{,}42 \times 10^{-5}$	$1{,}03 \times 10^{-4}$	$3{,}61\ 10^{-4}$	$5{,}79 \times 10^{-4}$	$2{,}31 \times 10^{-7}$	$3{,}70 \times 10^{-7}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica Gaussiana

4.2.2. Estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças frutosas - parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping observations.

4.2.2.1. Estimador de risco anual - Pnaive

Tabela 4.23. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$8{,}90\ 10^{-3}$	$9{,}86\times10^{-2}$	$6{,}73\times10^{-3}$	$6{,}65\times10^{-2}$	3,26E-02	8,81E-01	1,54E-03	1,00E+0	1,66E-03	$9{,}95\times10^{-2}$	$1{,}84\times10^{-3}$	$6{,}96\times10^{-1}$
L2	$1{,}85\times10^{-4}$	$2{,}59\times10^{-3}$	$1{,}44\times10^{-4}$	$1{,}74\times10^{-3}$	$7{,}05\times10^{-4}$	$4{,}79\times10^{-2}$	$3{,}33\times10^{-5}$	$9{,}54\times10^{-1}$	$3{,}53\times10^{-5}$	$2{,}42\ 10^{-3}$	$3{,}99\times10^{-5}$	$2{,}64\times10^{-2}$
L3	$1{,}66\times10^{-6}$	$7{,}89\times10^{-5}$	$1{,}27\times10^{-6}$	$5{,}59\ 10^{-5}$	$6{,}68\times10^{-6}$	$7{,}00\times10^{-6}$	$2{,}31\times10^{-6}$	$7{,}88\times10^{-5}$	$3{,}42\times10^{-7}$	$5{,}28\times10^{-5}$	$4{,}00\times10^{-7}$	$4{,}43\times10^{-4}$
L4	$5{,}24\times10^{-6}$	$2{,}24\times10^{-4}$	$4{,}06\times10^{-6}$	$1{,}57\times10^{-4}$	$2{,}11\times10^{-5}$	$3{,}17\times10^{-3}$	$1{,}21\times10^{-6}$	$1{,}05\times10^{-4}$	$1{,}08\times10^{-6}$	$1{,}55\times10^{-4}$	$1{,}30\times10^{-6}$	$1{,}33\times10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.24. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}82\times10^{-2}$	$1{,}91\times10^{-1}$	$1{,}37\times10^{-2}$	$1{,}30\times10^{-1}$	$6{,}40\times10^{-2}$	$9{,}85\times10^{-1}$
L2	$3{,}80\times10^{-4}$	$5{,}28\times10^{-3}$	$2{,}88\times10^{-4}$	$3{,}47\times10^{-3}$	$1{,}40\times10^{-3}$	$9{,}43\times10^{-2}$
L3	$3{,}33\times10^{-6}$	$1{,}60\times10^{-4}$	$2{,}54\times10^{-6}$	$1{,}14\times10^{-4}$	$1{,}30\times10^{-5}$	$2{,}28\times10^{-3}$
L4	$1{,}05\times10^{-5}$	$4{,}59\times10^{-5}$	$8{,}12\times10^{-6}$	$3{,}21\times10^{-4}$	$4{,}23\times10^{-5}$	$6{,}62\times10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.25. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$7{,}92x10^{-3}$	$8{,}14x10^{-2}$	$4{,}25x10^{-4}$	3,02E-02	$2{,}83x10^{-2}$	$8{,}31x10^{-1}$	$1{,}35x10^{-3}$	$1{,}00x10^{-2}$	$1{,}44x10^{-3}$	$8{,}57x10^{-2}$	$1{,}60x10^{-3}$	$6{,}42x10^{-1}$
L2	$1{,}65x10^{-4}$	$2{,}12x10^{-3}$	$9{,}10x10^{-6}$	$7{,}01x10^{-4}$	$6{,}12x10^{-4}$	$4{,}08x10^{-2}$	$2{,}95x10^{-5}$	$9{,}36x10^{-1}$	$4{,}24x10^{-3}$	$8{,}57x10^{-2}$	$3{,}49x10^{-5}$	$2{,}33x10^{-2}$
L3	$1{,}48x10^{-6}$	$6{,}58x10^{-5}$	$8{,}41x10^{-8}$	$1{,}43x10^{-5}$	$5{,}90x10^{-6}$	$9{,}27x10^{-4}$	$3{,}34x10^{-5}$	$3{,}09x10^{-2}$	$2{,}98x10^{-7}$	$4{,}56x10^{-5}$	$4{,}00x10^{-7}$	$3{,}76x10^{-4}$
L4	$4{,}6\ x10^{-6}$	$1{,}88x10^{-4}$	$2{,}63x10^{-7}$	$4{,}20x10^{-5}$	$1{,}90x10^{-5}$	$2{,}68x10^{-3}$	$1{,}05x10^{-6}$	$9{,}30x10^{-2}$	$9{,}60x10^{-7}$	$1{,}32x10^{-4}$	$1{,}20x10^{-6}$	$1{,}11x10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.26. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$7{,}92 \times 10^{-3}$	$8{,}14 \times 10^{-2}$	$1{,}21 \times 10^{-2}$	$1{,}07 \times 10^{-1}$	$5{,}64 \times 10^{-2}$	$9{,}73 \times 10^{-1}$
L2	$1{,}65 \times 10^{-4}$	$2{,}12 \times 10^{-3}$	$2{,}57 \times 10^{-4}$	$2{,}84 \times 10^{-3}$	$1{,}22 \times 10^{-3}$	$8{,}20 \times 10^{-2}$
L3	$1{,}48 \times 10^{-6}$	$6{,}58 \times 10^{-5}$	$2{,}20 \times 10^{-6}$	$9{,}56 \times 10^{-5}$	$1{,}20 \times 10^{-5}$	$1{,}92 \times 10^{-3}$
L4	$4{,}68 \times 10^{-6}$	$1{,}88 \times 10^{-4}$	$7{,}02 \times 10^{-6}$	$2{,}77 \times 10^{-4}$	$4{,}00 \times 10^{-5}$	$5{,}43 \times 10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.27. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping observations, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$4{,}35x10^{-3}$	$3{,}63x10^{-4}$	$2{,}96x10^{-3}$	$1{,}82x10^{-3}$	$9{,}61x10^{-2}$	$8{,}69x10^{-1}$	$9{,}62x10^{-3}$	1,00	$1{,}06x10^{-4}$	$4{,}72x10^{-3}$	$5{,}6\ x10^{-2}$	$4{,}35x10^{-3}$
L2	$1{,}11x10^{-4}$	$7{,}73x10^{-4}$	$5{,}79x10^{-6}$	$3{,}85x10^{-5}$	$2{,}37x10^{-3}$	$1{,}90x10^{-2}$	$2{,}08x10^{-4}$	$1{,}88x10^{-1}$	$2{,}34x10^{-6}$	$1{,}10x10^{-4}$	$1{,}11x10^{-4}$	$1{,}35x10^{-3}$
L3	$3{,}59x10^{-6}$	$7{,}20x10^{-8}$	$2{,}57x10^{-6}$	$4{,}00x10^{-7}$	$5{,}5\ x10^{-5}$	$2{,}21x10^{-5}$	$2{,}01x10^{-5}$	$2{,}20x10^{-3}$	$2{,}50x10^{-8}$	$2{,}51x10^{-6}$	$3{,}59x10^{-6}$	$2{,}40x10^{-5}$
L4	$1{,}01x10^{-5}$	$2{,}28x10^{-7}$	$7{,}23x10^{-6}$	$1{,}20x10^{-6}$	$1{,}60x10^{-4}$	$1{,}00x10^{-3}$	$6{,}33x10^{-4}$	$7{,}06x10^{-3}$	$8{,}00x10^{-8}$	$7{,}34x10^{-6}$	$7{,}01x10^{-5}$	$1{,}01x10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.28. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping observations, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}82 \times 10^{-4}$	$8{,}84 \times 10^{-3}$	$7{,}44 \times 10^{-4}$	$5{,}96 \times 10^{-3}$	$3{,}63 \times 10^{-3}$	$1{,}84 \times 10^{-1}$
L2	$2{,}09 \times 10^{-5}$	$2{,}25 \times 10^{-4}$	$6{,}50 \times 10^{-7}$	$7{,}46 \times 10^{-5}$	$7{,}79 \times 10^{-5}$	$4{,}77 \times 10^{-3}$
L3	$1{,}89 \times 10^{-7}$	$7{,}32 \times 10^{-6}$	$1{,}44 \times 10^{-7}$	$5{,}32 \times 10^{-6}$	$8{,}00 \times 10^{-7}$	$1{,}14 \times 10^{-4}$
L4	$6{,}01 \times 10^{-7}$	$2{,}05 \times 10^{-5}$	$4{,}58 \times 10^{-7}$	$1{,}49 \times 10^{-5}$	$2{,}40 \times 10^{-6}$	$3{,}29 \times 10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.29. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping observations, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$4{,}26\times10^{-4}$	$3{,}56\times10^{-3}$	$3{,}17\times10^{-4}$	$2{,}37\times10^{-3}$	$1{,}58\times10^{-3}$	$8{,}46\times10^{-3}$	$7{,}77\times10^{-3}$	$1{,}00^{3}$	$8{,}38\times10^{-3}$	$4{,}17\times10^{-3}$	$9{,}39\times10^{-5}$	$5{,}00\times10^{-3}$
L2	$8{,}98\times10^{-6}$	$9{,}1\times10^{-5}$	$6{,}72\times10^{-3}$	$6{,}11\times10^{-3}$	$3{,}41\times10^{-3}$	$2{,}03\times10^{-3}$	$1{,}70\times10^{-6}$	$1{,}74\times10^{-1}$	$1{,}82\times10^{-6}$	$1{,}00\times10^{-4}$	$2{,}00\times10^{-6}$	$1{,}20\times10^{-3}$
L3	$8{,}44\times10^{-8}$	$3{,}02\times10^{-6}$	$6{,}32\times10^{-3}$	$2{,}11\times10^{-3}$	$3{,}00\times10^{-3}$	$4{,}67\times10^{-3}$	1,98E-08	$2{,}10\times10^{-3}$	$1{,}78\times10^{-8}$	$2{,}35\times10^{-6}$	$2{,}20\times10^{-8}$	$2{,}15\times10^{-5}$
L4	$2{,}68\times10^{-7}$	$8{,}52\times10^{-6}$	$2{,}02\times10^{-7}$	$6{,}02\times10^{-6}$	$1{,}10\times10^{-6}$	$1{,}36\times10^{-4}$	$1{,}00\times10^{7}$	$6{,}45\times10^{-3}$	$5{,}63\times10^{-8}$	$6{,}74\times10^{-6}$	$7{,}00\times10^{-8}$	$6{,}36\times10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.30. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Observations, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$8{,}64 \times 10^{-4}$	$7{,}09 \times 10^{-3}$	$6{,}54\ 10^{-4}$	$4{,}75 \times 10^{-3}$	$3{,}18 \times 10^{-3}$	$1{,}64 \times 10^{-1}$
L2	$1{,}83 \times 10^{-5}$	$1{,}79 \times 10^{-4}$	$1{,}39 \times 10^{-5}$	$1{,}23 \times 10^{-4}$	$6{,}83 \times 10^{-5}$	$4{,}13 \times 10^{-3}$
L3	$1{,}70 \times 10^{-7}$	$6{,}13 \times 10^{-6}$	$1{,}28 \times 10^{-7}$	$4{,}40 \times 10^{-6}$	$7{,}00 \times 10^{-7}$	$9{,}49 \times 10^{-5}$
L4	$5{,}37 \times 10^{-7}$	$1{,}73 \times 10^{-5}$	$4{,}04 \times 10^{-7}$	$1{,}25 \times 10^{-5}$	$2{,}20 \times 10^{-6}$	$2{,}73 \times 10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

4.2.3. Estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças frutosas - parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana.

4.2.3.1. Estimador de risco anual - Pnaive

Tabela 4.31. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus				C.parvum			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1,37x10^{-2}$	$1,68x10^{-1}$	$5,66x10^{-3}$	$4,88x10^{-2}$	$4,84x10^{-2}$	$3,40x10^{-1}$	$3,42x10^{-6}$	$2,62x10^{-5}$
L2	$2,82x10^{-4}$	$4,46x10^{-3}$	$1,18x10^{-4}$	$1,26x10^{-3}$	$1,06x10^{-3}$	$1,00x10^{-2}$	$7,28x10^{-8}$	$6,67x10^{-7}$
L3	$2,88x10^{-6}$	$1,38x10^{-4}$	$1,05x10^{-6}$	$4,16x10^{-5}$	$1,03x10^{-5}$	$3,71x10^{-4}$	$7,32x10^{-10}$	$2,30x10^{-8}$
L4	$9,74x10^{-6}$	$3,83x10^{-}$	$3,35x10^{-6}$	$1,19x10^{-4}$	$3,47x10^{-5}$	$9,96x10^{-4}$	$2,24x10^{-9}$	$6,39x10^{-8}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3,15x10^{-4}$	$2,62x10^{-3}$	$2,03x10^{-3}$	$1,96x10^{-2}$	$3,15x10^{-4}$	$3,22x10^{-3}$
L2	$6,76x10^{-6}$	$6,69\ x10^{-5}$	$4,28x10^{-5}$	$4,99x10^{-4}$	$7,41x10^{-6}$	$8,17x10^{-5}$
L3	$6,57x10^{-8}$	$2,23x10^{-5}$	$3,79x10^{-7}$	$1,65x10^{-5}$	$7,40x10^{-8}$	$2,72x10^{-6}$
L4	$2,23x10^{-7}$	$6,30x10^{-6}$	$1,21x10^{-6}$	$4,72x10^{-5}$	$2,48x10^{-7}$	$7,04x10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.32. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}75 \times 10^{-2}$	$3{,}21 \times 10^{-1}$	$1{,}14 \times 10^{-2}$	$9{,}64 \times 10^{-2}$	$9{,}79 \times 10^{-2}$	$5{,}57 \times 10^{-1}$
L2	$5{,}67 \times 10^{-4}$	$9{,}10 \times 10^{-3}$	$2{,}41 \times 10^{-4}$	$2{,}54 \times 10^{-3}$	$2{,}21 \times 10^{-3}$	$2{,}05 \times 10^{-2}$
L3	$5{,}84 \times 10^{-6}$	$2{,}57 \times 10^{-4}$	$2{,}11 \times 10^{-6}$	$8{,}59 \times 10^{-5}$	$2{,}22 \times 10^{-2}$	$6{,}84 \times 10^{-4}$
L4	$1{,}91 \times 10^{-5}$	$7{,}27 \times 10^{-4}$	$6{,}68 \times 10^{-6}$	$2{,}42 \times 10^{-4}$	$6{,}92 \times 10^{-5}$	$1{,}39 \times 10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.33. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}37x10^{-2}$	$1{,}68x10^{-1}$	$5{,}66x10^{-3}$	$4{,}88x10^{-2}$	$4{,}84x10^{-2}$	$3{,}40x10^{-1}$	$3{,}42x10^{-6}$	$2{,}62x10^{-5}$
L2	$2{,}82x10^{-4}$	4,46x103	$1{,}18x10^{-4}$	$1{,}26x10^{-3}$	$1{,}06x10^{-3}$	$1{,}00x10^{-2}$	$7{,}28x10^{-8}$	$6{,}67x10^{-7}$
L3	$2{,}88x10^{-6}$	$1{,}38x10^{-4}$	$1{,}05x10^{-6}$	$4{,}16x10^{-5}$	$1{,}03x10^{-5}$	$3{,}71x10^{-4}$	$7{,}32x10^{-10}$	$2{,}30x10^{-8}$
L4	$9{,}7\ x10^{-6}$	$3{,}83x10^{-4}$	$3{,}35x10^{-6}$	$1{,}19x10^{-4}$	$3{,}47x10^{-4}$	$9{,}96x10^{-4}$	$2{,}24x10^{-9}$	$6{,}3\ x10^{-8}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FCHK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3{,}15x10^{-}4$	$2{,}62x10^{-3}$	$2{,}03x10^{-3}$	$1{,}96x10^{-22}$	$3{,}15x10^{-4}$	3,2203
L2	$6{,}76x10^{-6}$	$6{,}69x10^{-5}$	$4{,}28x10^{-5}$	$4{,}99x10^{-4}$	$7{,}41\ x10^{-6}$	$8{,}17E\ x10^{-5}$
L3	$6{,}57x10^{-8}$	$2{,}23x10^{-5}$	$3{,}79x10^{-7}$	$1{,}65x10^{-7}$	$7{,}40x10^{-8}$	$2{,}72x10^{-6}$
L4	$2{,}2\ x10^{-7}$	$6{,}30x10^{-}$	$1{,}21x10^{-6}$	$4{,}72\ x10^{-5}$	$2{,}48x10^{-7}$	$7{,}04\ x10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.34. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}34 \times 10^{-2}$	$2{,}74 \times 10^{-1}$	$1{,}02 \times 10^{-2}$	$7{,}86 \times 10^{-2}$	$8{,}66 \times 10^{-2}$	$4{,}90 \times 10^{-1}$
L2	$4{,}88 \times 10^{-4}$	$7{,}83 \times 10^{-3}$	$2{,}12 \times 10^{-4}$	$2{,}12 \times 10^{-3}$	$1{,}87 \times 10^{-3}$	$1{,}70 \times 10^{-2}$
L3	$5{,}07 \times 10^{-6}$	$2{,}28 \times 10^{-4}$	$1{,}83 \times 10^{-6}$	$7{,}07 \times 10^{-5}$	$1{,}81 \times 10^{-5}$	$6{,}03 \times 10^{-4}$
L4	$1{,}73 \times 10^{-5}$	$6{,}08 \times 10^{-4}$	$5{,}82 \times 10^{-6}$	$3{,}53 \times 10^{-4}$	$5{,}97 \times 10^{-5}$	$1{,}64 \times 10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.35. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}40\times10^{-2}$	$1{,}67\times10^{-1}$	$6{,}23\times10^{-3}$	$4{,}36\times10^{-2}$	$5{,}12\times10^{-2}$	$3{,}22\times10^{-1}$	$3{,}68\times10^{-6}$	$2{,}62\times10^{-5}$
L2	$2{,}91\times10^{-4}$	$4{,}57\times10^{-3}$	$1{,}32\times10^{-4}$	$1{,}14\times10^{-3}$	$1{,}90\times10^{-3}$	$1{,}04\times10^{-2}$	$7{,}81\times10^{-8}$	$6{,}58\times10^{-7}$
L3	$3{,}06\times10^{-6}$	$1{,}32\times10^{-4}$	$1{,}22\times10^{-6}$	$4{,}06\times10^{-5}$	$1{,}09\times10^{-5}$	$3{,}44\ 10^{-4}$	$7{,}57\times10^{-10}$	$2{,}30\times10^{-8}$
L4	$9{,}60\times10^{-6}$	$3{,}92\times10^{-4}$	$3{,}89\times10^{-6}$	$1{,}13\times10^{-4}$	$3{,}47\times10^{-5}$	$9{,}97\times10^{-4}$	$2{,}55\times10^{-9}$	$6{,}19\times10^{-8}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3{,}30\times10^{-4}$	$2{,}60\times10^{-3}$	$8{,}22\times10^{-4}$	$2{,}22\times10^{-3}$	$3{,}73\times10^{-4}$	$3{,}14\times10^{-3}$
L2	$6{,}98\times10^{-6}$	$6{,}38\times10^{-5}$	$4{,}67\times10^{-5}$	$4{,}43\times10^{-4}$	$7{,}66\times10^{-6}$	$8{,}40\times10^{-5}$
L3	$6{,}25\times10^{-8}$	$2{,}22\times10^{-6}$	$4{,}47\times10^{-7}$	$1{,}51\times10^{-5}$	$7{,}79\times10^{-8}$	$2{,}46\times10^{-6}$
L4	$2{,}33\times10^{-7}$	$6{,}49\times10^{-6}$	$1{,}42\times10^{-6}$	$4{,}28\times10^{-5}$	$2{,}60\times10^{-7}$	$7{,}72\times10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.36. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}17\times10^{-2}$	$3{,}26\times10^{-1}$	$1{,}29\times10^{-2}$	$8{,}53\times10^{-2}$	$1{,}01\times10^{-1}$	$5{,}56\times10^{-1}$
L2	$5{,}91\times10^{-4}$	$9{,}35\times10^{-3}$	$2{,}70\times10^{-4}$	$2{,}30\times10^{-3}$	$2{,}23\times10^{-3}$	$2{,}00\times10^{-2}$
L3	$6{,}14\times10^{-6}$	$2{,}83\times10^{-4}$	$2{,}45\times10^{-6}$	$8{,}25\times10^{-5}$	$2{,}14\times10^{-5}$	$7{,}35\times10^{-4}$
L4	$2{,}01\times10^{-5}$	$7{,}70\times10^{-5}$	$7{,}82\times10^{-6}$	$2{,}33\times10^{-4}$	$7{,}05\times10^{-5}$	$2{,}11\times10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.37. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1,25x10^{-2}$	$1,41x10^{-1}$	$6,23x10^{-3}$	$4,36x10^{-2}$	$4,56x10^{-2}$	$2,72x10^{-1}$	$3,22x10^{-6}$	$2,09x10^{-5}$
L2	$2,59x10^{-4}$	$3,90x10^{-3}$	$1,32x10^{-4}$	$1,14x10^{-3}$	$9,77x10^{-4}$	$8,25x10^{-3}$	$6,78x10^{-8}$	$5,49x10^{-7}$
L3	$2,69x10^{-3}$	$1,09x10^{-4}$	$1,22x10^{-6}$	$4,06x10^{-5}$	$9,79x10^{-6}$	$2,93x10^{-4}$	$6,64x10^{-10}$	$1,94x10^{-8}$
L4	$8,97x10^{-6}$	$3,15x10^{-5}$	$3,89x10^{-6}$	$1,13x10^{-4}$	$3,12x10^{-2}$	$8,24x10^{-4}$	$2,21x10^{-9}$	$5,76x10^{-8}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2,96x10^{-4}$	$2,02x10^{-3}$	$2,22x10^{-3}$	$1,71x10^{-2}$	$3,29x10^{-4}$	$2,54x10^{-3}$
L2	$6,16x10^{-6}$	$5,38x10^{-5}$	$4,67x10^{-5}$	$4,43x10^{-4}$	$6,81x10^{-6}$	$6,18x10^{-5}$
L3	$6,20x10^{-8}$	$1,80x10^{-6}$	$4,47x10^{-7}$	$1,51x10^{-5}$	$6,49x10^{-8}$	$2,18x10^{-6}$
L4	$2,06x10^{-6}$	$5,35x10^{-6}$	$4,47x10^{-7}$	$1,51x10^{5}$	$2,25x10^{-7}$	$6,42x10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.38. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2,7x10^{-3}$	$3,10x10^{-1}$	$1,29x10^{-2}$	$8,5x10^{-2}$	$1,06x10^{-1}$	$5,36x10^{-1}$
L2	$6,10x10^{-4}$	$9,17x10^{-3}$	$8,24x10^{-5}$	$2,30x10^{-3}$	$2,35x10^{-3}$	$1,97x10^{-2}$
L3	$6,30x10^{-6}$	$2,75x10^{-4}$	$2,45x10^{-6}$	$8,25x10^{-5}$	$2,26x10^{-2}$	$7,40x10^{-4}$
L4	$2,05x10^{-5}$	$8,06x10^{-5}$	$7,82x10^{-6}$	$2,33x10^{-4}$	$7,51\ x10^{-5}$	$2,07x10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

4.2.3.2. Estimador de risco anual - Pgold

Tabela 4.39. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$4{,}06\times10^{-3}$	$5{,}17\times10^{-2}$	$1{,}28\times10^{-2}$	$1{,}50\times10^{-5}$	$3{,}53\times10^{-2}$	$4{,}13\times10^{-2}$	$7{,}51\times10^{-6}$	$8{,}80\times10^{-6}$
L2	$1{,}01\times10^{-3}$	$1{,}36\times10^{-3}$	$3{,}15\times10^{-4}$	$3{,}82\times10^{-4}$	$8{,}77\times10^{-4}$	$1{,}06\times10^{-3}$	$1{,}84\times10^{-7}$	$2{,}20\times10^{-7}$
L3	3,37E-05	$7{,}24\times10^{-5}$	$1{,}07\times10^{-5}$	$1{,}97\times10^{-5}$	$3{,}00\times10^{-5}$	$5{,}51\times10^{-5}$	$6{,}27\times10^{-9}$	$1{,}15\times10^{-8}$
L4	9,35E-05	$1{,}89\times10^{-4}$	$2{,}97\times10^{-5}$	$5{,}16\times10^{-5}$	$8{,}30\times10^{-5}$	$1{,}43\times10^{-4}$	$1{,}74\times10^{-8}$	$3{,}02\times10^{-8}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$4{,}11\times10^{-3}$	$4{,}83\times10^{-3}$	$1{,}17\times10^{-5}$	$2{,}15\times10^{-5}$	$6{,}13\times10^{-3}$	$7{,}61\times10^{-3}$
L2	$1{,}01\times10^{-4}$	$1{,}22\times10^{-4}$	$5{,}06\times10^{-3}$	$6{,}14\times10^{-3}$	$1{,}50\times10^{-4}$	$1{,}94\times10^{-4}$
L3	$3{,}45\times10^{-6}$	$6{,}61\times10^{-6}$	$4{,}23\times10^{-6}$	$8{,}21\times10^{-6}$	$5{,}05\times10^{-6}$	$1{,}02\times10^{-5}$
L4	$9{,}57\times10^{-6}$	$1{,}69\times10^{-5}$	$1{,}17\times10^{-5}$	$2{,}15\times10^{-5}$	$1{,}40\times10^{-6}$	$2{,}68\ 10^{-3}5$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.40. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2,7x10^{-2}$	$3,10x10^{-1}$	$1,29x10^{-2}$	$8,53x10^{-2}$	$1,06x10^{-1}$	$5,36x10^{-1}$
L2	$6,10x10^{-4}$	$9,17x10^{-3}$	$8,24x10^{-5}$	$2,30x10^{-3}$	$2,35x10^{-3}$	$1,97x10^{-2}$
L3	$6,30x10^{-6}$	$2,75x10^{-4}$	$2,45x10^{-6}$	$8,25x10^{-5}$	$2,26x10^{-5}$	$7,40x10^{-4}$
L4	$2,05x10^{-5}$	$8,06x10^{-5}$	$7,82x10^{-6}$	$2,33x10^{-4}$	$7,51x10^{-5}$	$2,07x10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.41. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}12\times10^{-2}$	$2{,}50\times10^{-2}$	$1{,}07\times10^{-2}$	$1{,}24\times10^{-2}$	$2{,}96\times10^{-2}$	$3{,}42\times10^{-2}$	$6{,}27\times10^{-6}$	$7{,}23\times10^{-6}$
L2	$5{,}23\times10^{-4}$	$6{,}42\times10^{-4}$	$2{,}63\times10^{-4}$	$3{,}17\times10^{-4}$	$4{,}97\times10^{-4}$	$1{,}72\times10^{-3}$	$1{,}54\times10^{-7}$	$1{,}83\times10^{-7}$
L3	$1{,}79\times10^{-5}$	$3{,}43\times10^{-5}$	$9{,}04\times10^{-6}$	$1{,}63\times10^{-5}$	$2{,}53\times10^{-5}$	$4{,}57\times10^{-5}$	$5{,}28\times10^{-9}$	$9{,}52\times10^{-9}$
L4	$4{,}95\times10^{-5}$	$8{,}92\times10^{-5}$	$2{,}51\times10^{-5}$	$4{,}27\times10^{-5}$	$6{,}99\times10^{-5}$	$1{,}19\times10^{-5}$	$1{,}46\times10^{-8}$	$2{,}50\times10^{-8}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$4{,}40\times10^{-3}$	$5{,}34\times10^{-2}$	$4{,}23\times10^{-3}$	$5{,}11\times10^{-3}$	$5{,}12\times10^{-3}$	$6{,}29\times10^{-3}$
L2	$1{,}08\times10^{-4}$	$1{,}36\times10^{-4}$	$1{,}04\times10^{-4}$	$1{,}30\times10^{-4}$	$1{,}25\times10^{-3}$	$1{,}60\times10^{-4}$
L3	$3{,}65\times10^{-6}$	$7{,}22\times10^{-6}$	$3{,}50\times10^{-6}$	$6{,}83\times10^{-6}$	$4{,}24\times10^{-6}$	$8{,}60\times10^{-6}$
L4	$1{,}01\times10^{-5}$	$1{,}90\times10^{-5}$	$9{,}73\times10^{-6}$	$1{,}80\times10^{-5}$	$1{,}17\times10^{-5}$	$2{,}27\times10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.42. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3{,}41 \times 10^{-2}$	$4{,}31 \times 10^{-2}$	$1{,}55 \times 10^{-2}$	$1{,}84 \times 10^{-2}$	$6{,}66 \times 10^{-2}$	$8{,}46 \times 10^{-2}$
L2	$8{,}48 \times 10^{-4}$	$1{,}13 \times 10^{-3}$	$3{,}82 \times 10^{-4}$	$4{,}70 \times 10^{-4}$	$1{,}68 \times 10^{-3}$	$2{,}28 \times 10^{-3}$
L3	$2{,}82 \times 10^{-5}$	$5{,}96 \times 10^{-5}$	$1{,}31 \times 10^{-5}$	$2{,}50 \times 10^{-5}$	$5{,}55 \times 10^{-5}$	$1{,}23 \times 10^{-4}$
L4	$7{,}83 \times 10^{-5}$	$1{,}56 \times 10^{-4}$	$3{,}62 \times 10^{-5}$	$6{,}55 \times 10^{-5}$	$1{,}54 \times 10^{-5}$	$3{,}17 \times 10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.43. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}88\times10^{-3}$	$2{,}35\times10^{-3}$	$5{,}85\times10^{-4}$	$9{,}99\times10^{-4}$	$1{,}63\times10^{-3}$	$1{,}87\times10^{-3}$	$3{,}41\times10^{-7}$	$3{,}86\times10^{-7}$
L2	$4{,}61\times10^{-5}$	$5{,}93\times10^{-5}$	$2{,}14\times10^{-5}$	$2{,}52\times10^{-5}$	$4{,}00\times10^{-5}$	$4{,}72\times10^{-5}$	$8{,}37\times10^{-9}$	$9{,}73\times10^{-9}$
L3	$1{,}55\times10^{-6}$	$2{,}99\times10^{-6}$	$7{,}44\times10^{-7}$	$1{,}28\times10^{-6}$	$1{,}39\times10^{-6}$	$2{,}38\times10^{-6}$	$2{,}90\times10^{-10}$	$5{,}07\times10^{-10}$
L4	$4{,}30\times10^{-6}$	$8{,}00\times10^{-6}$	$2{,}05\times10^{-6}$	$3{,}34\times10^{-6}$	$3{,}83\times10^{-6}$	$6{,}23\times10^{-6}$	$8{,}04\times10^{-10}$	$1{,}32\times10^{-9}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}87\times10^{-4}$	$1{,}87\times10^{-4}$	$2{,}30\times10^{-4}$	$2{,}70\times10^{-4}$	$2{,}80\times10^{-4}$	$3{,}33\times10^{-4}$
L2	$4{,}58\times10^{-6}$	$5{,}36\times10^{-6}$	$5{,}64\times10^{-6}$	$6{,}83\times10^{-6}$	$6{,}84\times10^{-6}$	$8{,}41\times10^{-6}$
L3	$1{,}59\times10^{-7}$	$2{,}72\times10^{-7}$	$1{,}94\times10^{-7}$	$3{,}51\times10^{-7}$	$2{,}32\times10^{-7}$	$4{,}34\times10^{-7}$
L4	$4{,}42\times10^{-7}$	$7{,}12\times10^{-7}$	$5{,}35\times10^{-7}$	$9{,}15\times10^{-7}$	$6{,}43\times10^{-7}$	$1{,}15\times10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.44. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}58 \times 10^{-3}$	$1{,}98 \times 10^{-3}$	$4{,}92 \times 10^{-4}$	$5{,}63 \times 10^{-4}$	$1{,}37 \times 10^{-3}$	$1{,}57 \times 10^{-3}$
L2	$3{,}88 \times 10^{-5}$	$5{,}01 \times 10^{-5}$	$1{,}21 \times 10^{-5}$	$1{,}42 \times 10^{-5}$	$3{,}97 \times 10^{-5}$	$3{,}97 \times 10^{-5}$
L3	$1{,}30 \times 10^{-6}$	$2{,}54 \times 10^{-6}$	$4{,}19 \times 10^{-7}$	$7{,}16 \times 10^{-7}$	$1{,}17 \times 10^{-6}$	$2{,}00 \times 10^{-6}$
L4	$3{,}62 \times 10^{-6}$	$6{,}75 \times 10^{-6}$	$1{,}15 \times 10^{-6}$	$1{,}88 \times 10^{-6}$	$3{,}22 \times 10^{-6}$	$5{,}23 \times 10^{-6}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.45. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}05\times10^{-3}$	$1{,}20\times10^{-3}$	$8{,}25\times10^{-4}$	$9{,}42\times10^{-4}$	$4{,}63\times10^{-6}$	$5{,}29\times10^{-3}$	$2{,}97\times10^{-6}$	$3{,}39\times10^{-6}$
L2	$2{,}58\times10^{-5}$	$3{,}05\times10^{-5}$	$2{,}03\times10^{-5}$	$2{,}39\times10^{-5}$	$1{,}14\times10^{-4}$	$1{,}35\times10^{-4}$	$7{,}29\times10^{-8}$	$8{,}60\times10^{-8}$
L3	$8{,}95\times10^{-7}$	$1{,}53\times10^{-6}$	$7{,}02\times10^{-7}$	$1{,}20\times10^{-6}$	$1{,}09\times10^{-5}$	$1{,}77\times10^{-5}$	$2{,}53\times10^{-9}$	$4{,}33\times10^{-9}$
L4	$2{,}47\times10^{-6}$	$4{,}02\times10^{-6}$	$1{,}94\times10^{-6}$	$3{,}15\times10^{-6}$	$3{,}95\times10^{-6}$	$6{,}77\times10^{-6}$	$6{,}97\times10^{-9}$	$1{,}13\times10^{-8}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}05\times10^{-7}$	$2{,}30\times10^{-7}$	$2{,}17\times10^{-6}$	$2{,}40\times10^{-2}$	$1{,}73\times10^{-4}$	$1{,}92\times10^{-4}$
L2	$5{,}03\times10^{-9}$	$5{,}82\times10^{-9}$	$5{,}36\times10^{-4}$	$6{,}13\times10^{-4}$	$4{,}23\times10^{-6}$	$4{,}83\times10^{-6}$
L3	$5{,}03\times10^{-9}$	$5{,}82\times10^{-9}$	$1{,}88\times10^{-5}$	$3{,}11\times10^{-5}$	$1{,}48\times10^{-7}$	$2{,}45\times10^{-7}$
L4	$4{,}83\times10^{-10}$	$7{,}72\times10^{-10}$	$5{,}18\times10^{-5}$	$8{,}09\times10^{-5}$	$4{,}08\times10^{-7}$	$6{,}37\times10^{-7}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.46. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}11 \times 10^{-3}$	$2{,}40 \times 10^{-3}$	$1{,}66 \times 10^{-3}$	$1{,}88 \times 10^{-3}$	$9{,}28 \times 10^{-3}$	$1{,}05 \times 10^{-2}$
L2	$5{,}19 \times 10^{-5}$	$6{,}06 \times 10^{-5}$	$4{,}07 \times 10^{-5}$	$4{,}75 \times 10^{-5}$	$2{,}29 \times 10^{-4}$	$2{,}67 \times 10^{-4}$
L3	$1{,}80 \times 10^{-6}$	$3{,}03 \times 10^{-6}$	$1{,}41 \times 10^{-6}$	$2{,}37 \times 10^{-6}$	$7{,}95 \times 10^{-6}$	$1{,}33 \times 10^{-5}$
L4	$4{,}98 \times 10^{-6}$	$7{,}99 \times 10^{-6}$	$3{,}90 \times 10^{-6}$	$6{,}26 \times 10^{-6}$	$2{,}20 \times 10^{-5}$	$3{,}52 \times 10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

4.2.4. Estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças folhosas, florais e frutosas - parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano.

4.2.4.1. Estimador de risco anual - Pnaive

Tabela 4.47. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}20\times10^{-1}$	$9{,}91\times10^{-1}$	$1{,}08\times10^{-1}$	$6{,}53\times10^{-1}$	$6{,}24\times10^{-1}$	1,00	$6{,}64\times10^{-5}$	$5{,}85\times10^{-4}$
L2	$5{,}05\times10^{-3}$	$1{,}08\times10^{-1}$	$2{,}43\times10^{-3}$	$2{,}63\times10^{-2}$	$1{,}99\times10^{-2}$	$2{,}40\times10^{-1}$	$1{,}39\times10^{-6}$	$5{,}08\times10^{-7}$
L3	$5{,}19\times10^{-5}$	$1{,}98\times10^{-3}$	$2{,}29\times10^{-5}$	$8{,}56\times10^{-4}$	$2{,}11\times10^{-4}$	$8{,}59\times10^{-3}$	$1{,}36\times10^{-8}$	$5{,}08\times10^{-7}$
L4	$1{,}72\times10^{-4}$	$5{,}54\times10^{-3}$	$7{,}22\times10^{-5}$	$2{,}40\times10^{-3}$	$7{,}02\times10^{-4}$	$2{,}44\times10^{-2}$	$4{,}48\times10^{-8}$	$1{,}31\times10^{-6}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$8{,}98\times10^{-3}$	$8{,}21\times10^{-2}$	$9{,}49\times10^{-3}$	$6{,}90\times10^{-2}$	$5{,}22\times10^{-3}$	$4{,}78\times10^{-2}$
L2	$1{,}89\times10^{-4}$	$2{,}29\times10^{-3}$	$2{,}02\times10^{-4}$	$1{,}85\times10^{-3}$	$1{,}10\times10^{-4}$	$1{,}28\times10^{-3}$
L3	$1{,}97\times10^{-6}$	$6{,}37\times10^{-5}$	$1{,}92\times10^{-6}$	$1{,}92\times10^{-6}$	$1{,}11\times10^{-6}$	$3{,}75\times10^{-5}$
L4	$6{,}40\times10^{-6}$	$2{,}06\times10^{-4}$	$6{,}08\times10^{-6}$	$1{,}76\times10^{-4}$	$3{,}68\times10^{-6}$	$1{,}18\times10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.48. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3{,}99\times10^{-1}$	$9{,}93\times10^{-1}$	$1{,}08\times10^{-1}$	$6{,}53\times10^{-1}$	$8{,}79\times10^{-1}$	1,00
L2	$1{,}00\times10^{-2}$	$1{,}19\times10^{-1}$	$2{,}43\times10^{-3}$	$2{,}63\times10^{-1}$	$3{,}98\times10^{-2}$	$4{,}30\times10^{-1}$
L3	$1{,}06\times10^{-4}$	$3{,}96\times10^{-3}$	$2{,}29\times10^{-5}$	$8{,}56\times10^{-4}$	$4{,}42\times10^{-4}$	$1{,}76\times10^{-2}$
L4	$3{,}54\times10^{-4}$	$1{,}18\times10^{-2}$	$7{,}22\times10^{-5}$	$2{,}40\times10^{-3}$	$1{,}37\times10^{-3}$	$4{,}68\times10^{-2}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.49. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$6{,}40\times10^{-2}$	$6{,}22\times10^{-1}$	$3{,}20\times10^{-2}$	$2{,}62\times10^{-1}$	$2{,}76\times10^{-1}$	$9{,}84\times10^{-1}$	2.18×10^{-5}	2.18×10^{-4}
L2	$1{,}73\times10^{-3}$	$2{,}28\times10^{-2}$	$6{,}90\times10^{-1}$	$7{,}66\times10^{-3}$	$7{,}09\times10^{-3}$	$1{,}01\times10^{-1}$	4.63×10^{-7}	5.45×10^{-6}
L3	$1{,}78\times10^{-5}$	$7{,}56\times10^{-4}$	$6{,}54\times10^{-6}$	$2{,}45\times10^{-4}$	$7{,}33\times10^{-5}$	$3{,}10\times10^{-3}$	4.77×10^{-8}	1.82×10^{-7}
L4	$6{,}31\times10^{-5}$	$2{,}20\times10^{-3}$	$2{,}08\times10^{-5}$	$6{,}95\times10^{-4}$	$2{,}50\times10^{-4}$	$9{,}54\times10^{-3}$	1.61×10^{-8}	5.12×10^{-7}

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2{,}18\times10^{-5}$	$2{,}18\times10^{-4}$	$8{,}23\times10^{-3}$	$3{,}01\times10^{-3}$	$6{,}85\times10^{-3}3$	$4{,}77\times10^{-2}$
L2	$4{,}63\times10^{-7}$	$5{,}45\times10^{-6}$	$2{,}05\times10^{-4}$	$6{,}32\times10^{-5}$	$1{,}46\times10^{-4}$	$1{,}26\times10^{-3}$
L3	$4{,}77\times10^{-8}$	$1{,}82\times10^{-7}$	$2{,}14\times10^{-5}$	$6{,}46\times10^{-7}$	$1{,}41\times10^{-6}$	$4{,}37\times10^{-5}$
L4	$1{,}61\times10^{-8}$	$5{,}12\times10^{-7}$	$2{,}14\times10^{-5}$	$2{,}15\times10^{-6}$	$4{,}46\times10^{-6}$	$1{,}24\times10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.50. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}52 \times 10^{-1}$	$8{,}51 \times 10^{-1}$	$6{,}45 \times 10^{-2}$	$4{,}50 \times 10^{-1}$	$4{,}87 \times 10^{-1}$	1,00
L2	$3{,}48 \times 10^{-3}$	$4{,}59 \times 10^{-2}$	$1{,}40 \times 10^{-3}$	$1{,}52 \times 10^{-2}$	$1{,}39 \times 10^{-2}$	$1{,}91 \times 10^{-1}$
L3	$3{,}61 \times 10^{-5}$	$1{,}47 \times 10^{-3}$	$1{,}31 \times 10^{-5}$	$4{,}93 \times 10^{-4}$	$1{,}48 \times 10^{-4}$	$6{,}32 \times 10^{-3}$
L4	$1{,}21 \times 10^{-4}$	$3{,}91 \times 10^{-3}$	$4{,}18 \times 10^{-5}$	$1{,}40 \times 10^{-3}$	$4{,}94 \times 10^{-4}$	$1{,}73 \times 10^{-2}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.51. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$2,28x10^{-1}$	$9,17x10^{-1}$	$1,02x10^{-1}$	$5,87x10^{-1}$	$6,50x10^{-1}$	1,00	$6,89x10^{-5}$	$5,97x10^{-4}$
L2	$5,38x10^{-3}$	$6,06x10^{-2}$	$2,27x10^{-3}$	$2,22x10^{-2}$	$2,14x10^{-2}$	$2,41x10^{-1}$	$1,45x10^{-6}$	$1,46x10^{-5}$
L3	$5,34x10^{-5}$	$2,07x10^{-3}$	$2,14x10^{-5}$	$7,51x10^{-4}$	$2,20x10^{-4}$	$8,73x10^{-3}$	$1,46x10^{-8}$	$4,92x10^{-7}$
L4	$1,76x10^{-4}$	$5,34x10^{-3}$	$6,7x10^{-5}$	$2,11x10^{-3}$	$7,36x10^{-4}$	$2,32x10^{-2}$	$4,76x10^{-8}$	$1,35x10^{-6}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9,47x10^{-3}$	$8,61x10^{-2}$	$2,31x10^{-2}$	$1,30x10^{-1}$	$5,54x10^{-3}$	$4,78x10^{-2}$
L2	$1,95x10^{-4}$	$2,24x10^{-3}$	$4,95x10^{-4}$	$3,65x10^{-3}$	$1,13x10^{-4}$	$1,24\ x10^{-3}$
L3	$2,02x10^{-6}$	$7,55x10^{-5}$	$4,54x10^{-6}$	$1,33x10^{-4}$	$1,19x10^{-6}$	$4,51x10^{-5}$
L4	$6,58x10^{-6}$	$2,05x10^{-4}$	$1,44x10^{-5}$	$3,75x10^{-4}$	$3,79x10^{-6}$	$1,15x10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.52. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$4{,}13 \times 10^{-1}$	$9{,}92 \times 10^{-1}$	$1{,}97 \times 10^{-1}$	$8{,}25 \times 10^{-1}$	1,00E+00	1,00
L2	$1{,}08 \times 10^{-2}$	$1{,}20 \times 10^{-1}$	$4{,}65 \times 10^{-3}$	$4{,}39 \times 10^{-2}$	$4{,}31 \times 10^{-2}$	$4{,}20 \times 10^{-1}$
L3	$1{,}08 \times 10^{-4}$	$3{,}96 \times 10^{-3}$	$4{,}34 \times 10^{-5}$	$1{,}49 \times 10^{-3}$	$4{,}47 \times 10^{-4}$	$1{,}71 \times 10^{-2}$
L4	$3{,}61 \times 10^{-4}$	$1{,}12 \times 10^{-3}$	$1{,}37 \times 10^{-4}$	$4{,}26 \times 10^{-3}$	$1{,}47 \times 10^{-3}$	$4{,}79 \times 10^{-2}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.53. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$8{,}24\times10^{-2}$	$6{,}20\times10^{-1}$	$8{,}7\times10^{-1}$	1,00	$9{,}84\times10^{-1}$	$9{,}87\times10^{-1}$	$2{,}32\times10^{-5}$	$2{,}18\times10^{-4}$
L2	$1{,}81\times10^{-3}$	$2{,}39\times10^{-2}$	$4{,}35\times10^{-2}$	$3{,}41\times10^{-1}$	$7{,}46\times10^{-3}$	$9{,}96\times10^{-2}$	$4{,}89\times10^{-7}$	$5{,}56\ 10^{-6}$
L3	$1{,}97\times10^{-5}$	$7{,}18\times10^{-4}$	$4{,}16\times10^{-4}$	$1{,}40\times10^{-2}$	$7{,}70\times10^{-5}$	$3{,}05\times10^{-3}$	$5{,}03\times10^{-9}$	$1{,}18\times10^{-7}$
L4	$6{,}60\times10^{-5}$	$2{,}14\times10^{-3}$	$1{,}32\times10^{-3}$	$3{,}88\times10^{-2}$	$2{,}54\times10^{-4}$	$9{,}03\times10^{-3}$	$1{,}61\times10^{-8}$	$5{,}07\times10^{-7}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$3{,}18\times10^{-3}$	$3{,}27\times10^{-2}$	$6{,}81\times10^{-2}$	$4{,}22\times10^{-1}$	$1{,}86\times10^{-3}$	$1{,}84\times10^{-2}$
L2	$6{,}79\times10^{-5}$	$8{,}47\times10^{-4}$	$1{,}50\times10^{-3}$	$1{,}39\times10^{-2}$	$3{,}98\times10^{-5}$	$4{,}71\times10^{-4}$
L3	$6{,}94\times10^{-7}$	$2{,}41\times10^{-5}$	$1{,}39\times10^{-5}$	$4{,}73\times10^{-4}$	$3{,}96\times10^{-7}$	$1{,}39\times10^{-5}$
L4	$2{,}24\times10^{-6}$	$7{,}50\times10^{-5}$	$4{,}39\times10^{-5}$	$1{,}34\times10^{-3}$	$1{,}29\times10^{-6}$	$4{,}30\times10^{-5}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.54. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$1{,}61 \times 10^{-1}$	$8{,}53 \times 10^{-2}$	$1{,}50 \times 10^{-1}$	$6{,}98 \times 10^{-1}$	$5{,}12 \times 10^{-1}$	1,00
L2	$3{,}75 \times 10^{-3}$	$4{,}54 \times 10^{-2}$	$3{,}38 \times 10^{-3}$	$3{,}02 \times 10^{-2}$	$1{,}53 \times 10^{-2}$	$1{,}85 \times 10^{-1}$
L3	$3{,}08 \times 10^{-5}$	$1{,}48 \times 10^{-3}$	$3{,}14 \times 10^{-5}$	$1{,}05 \times 10^{-3}$	$1{,}53 \times 10^{-4}$	$6{,}48 \times 10^{-3}$
L4	$1{,}30 \times 10^{-4}$	$4{,}11 \times 10^{-3}$	$9{,}96 \times 10^{-5}$	$2{,}97 \times 10^{-3}$	$5{,}22 \times 10^{-4}$	$1{,}71 \times 10^{-2}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

4.2.4.2. Estimador de risco anual - Pgold

Tabela 4.55. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}26\times10^{-1}$	$9{,}50\times10^{-1}$	$6{,}51\times10^{-1}$	$7{,}14\times10^{-1}$	$8{,}75\times10^{-1}$	$9{,}16\times10^{-1}$	$3{,}50\times10^{-4}$	$4{,}00\times10^{-4}$
L2	$6{,}31\times10^{-2}$	$7{,}47\times10^{-2}$	$2{,}54\times10^{-2}$	$3{,}13\times10^{-2}$	$4{,}99\times10^{-2}$	$6{,}17\times10^{-2}$	$8{,}55\times10^{-6}$	$1{,}01\times10^{-5}$
L3	$2{,}21\times10^{-3}$	$3{,}90\times10^{-3}$	$8{,}70\times10^{-4}$	$1{,}59\times10^{-3}$	$1{,}72\times10^{-3}$	$3{,}21\times10^{-3}$	$2{,}93\times10^{-7}$	$5{,}16\times10^{-7}$
L4	$6{,}12\times10^{-3}$	$1{,}03\times10^{-2}$	$2{,}40\times10^{-3}$	$4{,}23\times10^{-3}$	$4{,}78\times10^{-3}$	$8{,}51\times10^{-3}$	$8{,}11\times10^{-7}$	$1{,}35\times10^{-6}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$7{,}96\times10^{-1}$	$8{,}34\times10^{-1}$	$1{,}60\times10^{-1}$	$1{,}81\times10^{-1}$	$1{,}68\times10^{-1}$	$1{,}90\times10^{-1}$
L2	$3{,}85\times10^{-2}$	$4{,}46\times10^{-2}$	$4{,}27\times10^{-3}$	$5{,}06\times10^{-3}$	$4{,}52\times10^{-3}$	$5{,}35\times10^{-3}$
L3	$1{,}36\times10^{-3}$	$2{,}32\times10^{-3}$	$1{,}47\times10^{-4}$	$2{,}55\times10^{-4}$	$1{,}55\times10^{-4}$	$2{,}70\times10^{-4}$
L4	$3{,}77\times10^{-3}$	$6{,}04\times10^{-3}$	$4{,}06\times10^{-4}$	$6{,}71\times10^{-4}$	$4{,}29\times10^{-4}$	$7{,}10\times10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.56. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}94x10^{-1}$	$9{,}97x10^{-1}$	$8{,}74x10^{-1}$	$9{,}11x10^{-1}$	$9{,}82x10^{-1}$	$9{,}91x10^{-1}$
L2	$1{,}22x10^{-1}$	$1{,}43x10^{-1}$	$4{,}95x10^{-2}$	$5{,}99x10^{-2}$	$9{,}54x10^{-2}$	$1{,}15x10^{-1}$
L3	$4{,}44x10^{-3}$	$7{,}90x10^{-3}$	$1{,}73x10^{-3}$	$3{,}12x10^{-3}$	$3{,}41x10^{-3}$	$6{,}15x10^{-3}$
L4	$1{,}23\ x10^{-2}$	$2{,}06x10^{-2}$	$4{,}78x10^{-3}$	$8{,}20x10^{-3}$	$9{,}40x10^{-3}$	$1{,}62x10^{-2}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.57. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição uniforme, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$6,22x10^{-1}$	$6,81x10^{-1}$	$3,22x10^{-1}$	$3,76x10^{-1}$	$5,37x10^{-1}$	$6,11x10^{-1}$	$1,77x10^{-4}$	$2,39x10^{-4}$
L2	$2,37x10^{-2}$	$2,88x10^{-2}$	$9,47x10^{-3}$	$1,20x10^{-2}$	$1,88x10^{-2}$	$2,40x10^{-2}$	4,30E-06	$6,08x10^{-6}$
L3	$8,14x10^{-4}$	1,49E-03	$3,20x10^{-4}$	$6,13x10^{-4}$	$6,33x10^{-4}$	$1,22x10^{-3}$	1,40E-07	$3,19x10^{-7}$
L4	$2,26x10^{-3}$	$3,97x10^{-3}$	$8,86x10^{-4}$	$1,61x10^{-3}$	$1,75x10^{-3}$	$3,26x10^{-3}$	3,91E-07	$8,46x10^{-7}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$4,47x10^{-1}$	$4,92x10^{-1}$	$6,25x10^{-2}$	$7,27x10^{-2}$	$6,59x10^{-2}$	$7,66x10^{-2}$
L2	$1,44x10^{-2}$	$1,69x10^{-2}$	$1,58x10^{-3}$	$1,89x10^{-3}$	$1,67x10^{-3}$	$2,00x10^{-3}$
L3	$5,03x10^{-4}$	$8,78x10^{-4}$	$5,38x10^{-5}$	$9,87x10^{-3}$	$5,69x10^{-5}$	$1,04x10^{-4}$
L4	$1,39x10^{-3}$	$2,31x10^{-3}$	$1,49x10^{-4}$	$2,58x10^{-4}$	$1,58x10^{-4}$	$2,72x10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.58. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$8,55x10^{-1}$	$8,95x10^{-1}$	$5,36x10^{-1}$	$5,99x10^{-1}$	$7,78x10^{-1}$	$8,34x10^{-1}$
L2	$4,70x10^{-2}$	$5,61x10^{-2}$	$1,86x10^{-2}$	$2,29x10^{-2}$	$3,64x10^{-2}$	$4,51x10^{-2}$
L3	$1,64x10^{-3}$	$3,04x10^{-3}$	$6,36x10^{-4}$	$1,20x10^{-3}$	$1,25x10^{-3}$	$2,34x10^{-3}$
L4	$4,54x10^{-3}$	$7,91x10^{-3}$	$1,76x10^{-3}$	$3,14x10^{-3}$	$3,47x10^{-3}$	$6,21x10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.59. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição normal, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}98x10^{-1}$	$9{,}99x10^{-1}$	$9{,}27x10^{-1}$	$9{,}55x10^{-1}$	$9{,}94x10^{-1}$	$9{,}98x10^{-1}$	$8{,}68x10^{-4}$	$9{,}93x10^{-4}$
L2	$1{,}51x10^{-1}$	$1{,}77x10^{-1}$	$6{,}22x10^{-2}$	$7{,}58x10^{-2}$	$1{,}20x10^{-1}$	$1{,}47x10^{-1}$	$2{,}12x10^{-5}$	$2{,}50x10^{-5}$
L3	$5{,}54x10^{-3}$	$9{,}82x10^{-3}$	$2{,}17x10^{-3}$	$3{,}98x10^{-3}$	$4{,}32x10^{-3}$	$7{,}95x10^{-3}$	$7{,}28x10^{-7}$	$1{,}28x10^{-6}$
L4	$1{,}53x10^{-2}$	$2{,}54x10^{-2}$	$6{,}00x10^{-3}$	$1{,}04x10^{-2}$	$1{,}19x10^{-2}$	$2{,}07x10^{-2}$	$2{,}02x10^{-6}$	$3{,}36x10^{-6}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}62x10^{-2}$	$1{,}12x10^{-1}$	$3{,}50x10^{-1}$	$3{,}89x10^{-1}$	$3{,}65x10^{-1}$	$4{,}05x10^{-1}$
L2	$9{,}62x10^{-2}$	$1{,}12x10^{-1}$	$1{,}06x10^{-2}$	$1{,}25x10^{-2}$	$1{,}12x10^{-2}$	$1{,}32x10^{-2}$
L3	$3{,}51x10^{-3}$	$6{,}09x10^{-3}$	$3{,}66x10^{-4}$	$6{,}35x10^{-4}$	$3{,}87x10^{-4}$	$6{,}72x10^{-4}$
L4	$9{,}65x10^{-3}$	$1{,}59x10^{-2}$	$1{,}01x10^{-3}$	$1{,}67x10^{-3}$	$1{,}07x10^{-3}$	$1{,}77x10^{-3}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.60. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado sem bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00	1,00	$9{,}94 \times 10^{-1}$	$9{,}97 \times 10^{-1}$	1,00	1,00
L2	$2{,}79 \times 10^{-1}$	$3{,}20 \times 10^{-1}$	$1{,}19 \times 10^{-1}$	$1{,}42 \times 10^{-1}$	$2{,}22 \times 10^{-1}$	$2{,}63 \times 10^{-1}$
L3	$1{,}12 \times 10^{-2}$	$1{,}95 \times 10^{-2}$	$4{,}29 \times 10^{-3}$	$7{,}77 \times 10^{-3}$	$8{,}49 \times 10^{-3}$	$1{,}50 \times 10^{-2}$
L4	$3{,}06 \times 10^{-2}$	$5{,}03 \times 10^{-2}$	$1{,}19 \times 10^{-2}$	$2{,}05 \times 10^{-2}$	$2{,}33 \times 10^{-2}$	$3{,}97 \times 10^{-2}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.61. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas descrito por distribuição PERT, remoção de patógenos por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgol

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}11 \times 10^{-1}$	$9{,}40 \times 10^{-1}$	$6{,}21 \times 10^{-1}$	$6{,}92 \times 10^{-1}$	$4{,}38 \times 10^{-3}$	$8{,}08 \times 10^{-3}$	$3{,}20 \times 10^{-4}$	$3{,}72 \times 10^{-4}$
L2	$5{,}85 \times 10^{-2}$	$7{,}07 \times 10^{-2}$	$2{,}35 \times 10^{-2}$	$2{,}96 \times 10^{-2}$	$4{,}64 \times 10^{-2}$	$5{,}88 \times 10^{-2}$	$7{,}83 \times 10^{-6}$	$9{,}33 \times 10^{-6}$
L3	$2{,}04 \times 10^{-3}$	$3{,}69 \times 10^{-3}$	$7{,}97 \times 10^{-4}$	$1{,}48 \times 10^{-3}$	$1{,}59 \times 10^{-3}$	$3{,}02 \times 10^{-3}$	$2{,}67 \times 10^{-7}$	$4{,}86 \times 10^{-7}$
L4	$5{,}66 \times 10^{-3}$	$9{,}74 \times 10^{-3}$	$2{,}21 \times 10^{-3}$	$3{,}92 \times 10^{-3}$	$4{,}38 \times 10^{-3}$	$8{,}08\ 10^{-3}$	$7{,}38 \times 10^{-7}$	$1{,}28 \times 10^{-7}$

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$7{,}80 \times 10^{-1}$	$8{,}26 \times 10^{-1}$	$1{,}48 \times 10^{-1}$	$1{,}69 \times 10^{-1}$	$1{,}55 \times 10^{-1}$	$1{,}78 \times 10^{-1}$
L2	$3{,}68 \times 10^{-2}$	$4{,}34 \times 10^{-2}$	$3{,}92 \times 10^{-3}$	$4{,}70 \times 10^{-3}$	$4{,}15 \times 10^{-3}$	$4{,}98 \times 10^{-3}$
L3	$1{,}29 \times 10^{-3}$	$2{,}30 \times 10^{-3}$	$1{,}34 \times 10^{-4}$	$2{,}41 \times 10^{-4}$	$1{,}42 \times 10^{-4}$	$2{,}55 \times 10^{-4}$
L4	$3{,}56 \times 10^{-3}$	$5{,}99 \times 10^{-3}$	$3{,}72 \times 10^{-4}$	$6{,}35 \times 10^{-4}$	3,93E-04	$6{,}71 \times 10^{-4}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

Tabela 4.62. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais + frutosas) computado com bootstrapping; volume de água remanescente na superfície das plantas e remoção de patógenos por higiene dos alimentos descritos por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	$9{,}91 \times 10^{-1}$	$9{,}96 \times 10^{-1}$	$8{,}51 \times 10^{-1}$	$8{,}96 \times 10^{-1}$	$9{,}76 \times 10^{-1}$	$9{,}88 \times 10^{-1}$
L2	$1{,}13 \times 10^{-1}$	$1{,}35 \times 10^{-1}$	$4{,}57 \times 10^{-2}$	$5{,}58 \times 10^{-2}$	$8{,}86 \times 10^{-2}$	$1{,}09 \times 10^{-2}$
L3	$4{,}10 \times 10^{-3}$	$7{,}52 \times 10^{-3}$	$1{,}58 \times 10^{-3}$	$2{,}96 \times 10^{-3}$	$3{,}13 \times 10^{-3}$	$5{,}85 \times 10^{-3}$
L4	$1{,}13 \times 10^{-2}$	$1{,}95 \times 10^{-2}$	$4{,}38 \times 10^{-3}$	$7{,}80 \times 10^{-3}$	$8{,}65 \times 10^{-3}$	$1{,}53 \times 10^{-2}$

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato)

4.2.5. Síntese dos resultados

4.2.5.1. Subcenário com efluentes das lagoas de polimento e concentrações de E. coli descritas por distribuição lognormal

Do modo geral, independentemente do modelo dose-resposta e do método de estimativa dos respectivos parâmetros (com exceção do bootstrapping observation), os resultados dos cenários de exposição obtidos a partir da qualidade microbiológica das quatros lagoas apontam que o consumo de hortaliças folhosas (alface, couve-brócolis e repolho) resultaria em riscos maiores que os "níveis toleráveis" admitidos nas Diretrizes da OMS nas seguintes situações:

(1) Modelo de Shuval, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: em quase todas as frequências , tanto para a mediana quanto para o percentil 95%, com exceção da mediana do modelo beta-Poisson na maioria dos cenários relativos às lagoas 3 e 4.

(ii) Norovírus: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%,

(iii) Cryptosporidum: Todas as logas atenderam ao nível tolerável de risco de infecção,

(iv) Campylobacter e Ascaris: lagoa 1 e lagoa 2, tanto a medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta

(2) Modelo de Shuval, estimador Pgold

(i) Rotavírus: Na maiora das lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta.

(ii) Norovírus: lagoa 1 e 2 tanto as medianas quanto os percentis 95%; nas lagoas 3 e 4, percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta.

(iii) Cryptosporidum: lagoa 1, tanto a medianas quanto os percentis 95%,

(iv) Campylobacter: todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(v) Ascaris: lagoa 1 e lagoa 2, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta

(3) Modelo de Bastos, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta

(ii) Norovírus: todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Cryptosporidum: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iv) Campylobacter: todas as lagoas para o modelo beta-Poisson, nas lagoas 1 e 2 as medianas para a função hipergeométrica confluente de Kummer e para o modele beta-binomial

(v) Ascaris: lagoas 1 e 2, tanto as medianas quanto os percentiis 95%; na lagoa 4, o percentil 95%, em todos os modelos dose-resposta,

(4) Modelo de Bastos, estimador Pgold

(i) Rotavírus: todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta

(ii) Norovírus: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Cryptosporidum: lagoa 1, tanto a medianas quanto os percentis 95%

(iv) Campylobacter: todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta

(v) Ascaris: todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta.

No que diz respeito ao consumo das hortaliças frutosas (tomate, pepino e pimentão), os resultados apontam que, independentemente do modelo dose-resposta e do método de estimativa de parâmetros, riscos maiores que os 'níveis toleráveis' seriam verificados nas seguintes situações:

(1) Modelo de Shuval, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: lagoas 1e 2, tanto as medianas quanto os percentis 95% em todos modelos dose resposta

(ii) Norovírus: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Campylobacter e Ascaris: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%; na lagoa 2 apenas os percentis 95%, em todos modelos dose resposta

(2) Modelo de Shuval, estimador Pgold

(i) Rotavírus: lagoas 1e 2, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos modelos dose resposta.

(ii) Norovírus: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Campylobacter e Ascaris: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos modelos dose resposta

(3) Modelo de Bastos, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: todas as lagoas, tanto para a mediana e o percentil 95%, em todos os modelos dose resposta,

(ii) Norovírus: lagoas 1e 2, tanto as medianas quanto os percentis 95%,

(iii) Campylobacter: todas as lagoas para o modelo beta-Poisson,

(iv) Ascaris: todas as lagoas para o modelo beta-Poisson,

(4) Modelo de Bastos, estimador Pgold

(i) Rotavírus: todas as lagoas tanto as medianas quanto os percentis 95%,, em todos os modelos dose resposta

(ii) Norovírus: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%,

(iii) Campylobacter: todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose resposta.

(iv) Ascaris: lagoas 1e 2, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose resposta.

De forma análoga aos cenários anteriores, para o consumo das hortaliças como um todo (folhosas, florais e frutosas), riscos maiores que os 'níveis toleráveis' seriam verificados nas seguintes situações:

(1) Modelo de Shuval, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: em todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose resposta

(ii) Norovírus: lagoa 1, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Cryptosporidum: lagoa 1, apenas os percentis 95%

(iv) Campylobacter : lagoa 1 e 2 tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos ao modelos dose resposta ,

(v)Ascaris: lagoa 1 , tanto as medianas quanto os percentis 95%, na lagoa 2 apenas os percentis 95%, em todos os modelos dose-resposta ,

(2) Modelo de Shuval, estimador Pgold

(i) Rotavírus: em todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos resposta,

(ii) Norovírus: lagoa 1 , tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii)Cryptosporidum: lagoa 1, apenas os percentis 95%

(iv)Campylobacter: em todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos resposta,

(v) Ascaris: em todas as lagoas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos resposta.

Cabe registrar que uso de Bootstrapping observation resultou em estimativas de riscos mais maiores (1-2 unidades logarítmicas - ordens de grandeza) em relação aos outros métodos de estimativas de parâmetros dose-resposta, tanto com o modelo de Shuval quanto com o de Bastos, com o estimador Pnaive ou com o Pgold, em todos os grupos de hortaliças.

No geral, como esperado, para todos os grupos de hortaliças o efluente da Lagoa 1 implicou riscos de infecção elevados para a maioria dos patógenos enquanto os das lagoas 3 e 4 resultaram em frequências elevadas atendimento aos critérios da OMS. Naturalmente, os riscos associados à lagoa intermediária (Lagoa 2) estiveram sujeitos a maiores oscilações de atendimento aos critérios da OMS.

No que tange aos organismos patogênicos, em todos os cenários e modelos de AQRM, as estimativas de risco por rotavírus foram maiores que as estimativas referentes aos outros patógenos (norovírus, Cryptosporidum, Campylobacter, Ascaris). No entanto, conforme abordado na revisão

de literatura, era suposto que as estimativas de risco de infecção por norovírus fossem maiores que as do rotavírus. Essa aparente incongruência, também foi constatada por Mok et al., 2014 em estudo feito na Austrália relativo à irrigação de hortícolas asiáticas com águas residuárias. Esses autores sugerem, inclusive, que o modelo dose-resposta de norovírus proposto por Teunis et al. (2008) poderia subestimar os riscos de infecção por este vírus.

No que concerne às variantes de critérios de estimativa de contaminação das hortaliças, o modelo de Shuval gerou estimativas de risco 1-2 unidades logarítmicas mais baixas que as obtidas com o modelo de Bastos.

Em relação aos estimadores de risco anual, observou-se que o emprego do risco Pnaive resultou em diferenças em torno de uma unidade logarítmica entre as medianas e os percentis 95%, enquanto que na estimativa de risco com Pgold as medianas e o percentiis 95% apresentaram-se, em geral, com a mesma ordem de grandeza. Assim sendo, verificou-se também que as medianas do estimador Pnaive foram similares às do Pgold, porém os percentis 95 do estimador Pnaive foram maiores em uma unidade logarítmica às do Pgold. Essas mesmas respostas já tinham sido observadas por Karavarsmis e Hamilton (2010) e Mara et al. (2010).

Cabe também destacar que, em geral, em todos cenários de exposição nos quais as variáveis de entrada foram computadas segundo distribuição uniforme resultaram em riscos maiores , tanto com o estimador Pnaive quanto com o Pgold.

Por sua vez, o uso do bootstrapping não paramétrico sobre os dados originais relativos ao consumo das hortaliças (nos três grupos de hortaliças) resultou, em estimativas de riscos similares às obtidas sem bootstrapping.

Naturalmente, os cenários de exposição referentes ao consumo das hortaliças como um todo (folhosas e florais + frutosas) resultaram em estimativas de risco maiores, em torno de uma unidade logarítmica, que nos cenários em que o consumo por grupo de hortaliças foi abordado separadamente. Também como esperado, na maioria dos cenários, as estimativas de risco associados ao consumo das hortaliças frutosas (tomate, pepino e pimentão), em geral, foram menores que as estimativas relativas às hortaliças folhosas. Na perspectiva do modelo de Shuval, esses resultados são explicados pelo fato da superfície das hortaliças frutosas, mais lisas, reterem menores volumes de água de irrigação em suas superfícies. Na ótica do modelo de Bastos, a

explicação reside no fato das hortaliças frutosas terem sido tratadas como "plantas que crescem distantes do solo", portanto, menos expostas à contaminação que as "plantas que crescem rente ao solo" (folhosas).

Resultados similares foram obtidos por Hamilton et al. (2006a) que, por meio do estimador Pnaive, estimou riscos associados ao consumo de hortaliças folhosas e frutosas (alface, repolho, couve-brócolis e pepino). Mota et. al. (2009) também obtiveram resultados similares em estudos de AQRM, utilizando Pnaive, com hortaliças frutosas (pepino, tomate e pimentão) consumidas frescas no México.

Também similares foram os resultados obtidos por Barker et al. (2014) em estudo aplicado ao consumo de saladas em Gana. Foram estimados riscos de $5x10^{-4}$ a $8x10^{-1}$ pppa utilizando o modelo de Shuval, o estimador Pgold, a função hipergeométrica confluente de Kummer para estimar risco de infecção por rotovírus e norovírus e o modelo exponencial para Ascaris.

Mok et al. (2014), avaliaram o risco de infecção por norovírus em hortícolas asiáticas e em pepino, repolho e alface, irrigadas com água residuárias. Com a função hipergeométrica confluente de Kummer e o estimador Pgold, de modo geral, o risco expresso em termos de mediana variou de $2,9x10^{-8}$ a $1,5x10^{-3}$pppa.

Barker et al. (2012), utilizaram o modelo de Shuval, a função hipergeométrica de Gauss e o estimador Pgold para estimar riscos decorrentes do consumo alface irrigada com águas cinzas na Austrália e obtiveram os seguintes resultados expressos em faixas de DALY: (i) mediana $2x10^{-10}$ a $1x10^{-4}$ e (ii) percentil 95º de $4x10^{-9}$ a $7x10^{-4}$ pppa.

4.3.5.2. Subcenário com faixas genéricas de valores de E.coli possíveis de ocorrer em esgotos tratados, definidas por distribuição uniforme

No que diz respeito, aos resultados das estimativas de risco para os diversos subcenários com uso da distribuição uniforme para a concentração de E.coli na água de irrigação, observou-se que de um modo geral, todos os cenários de exposição (todos patógenos em todos os cenários de

consumo de hortaliças) nos quais foram utilizados efluentes nas faixas 1 (10^7-10^8 E.coli / 100 mL) e 2 (10^6-10^7 E.coli / 100 mL) os riscos de infecção (10^{-1}-10^{-4} pppa) foram maiores que os tidos como toleráveis nas Diretrizes da OMS. Isso não constitui surpresa, pois as referidas faixas são típicas de esgoto bruto ou efluente primário. No outro extremo, os cenários com as faixas 7 (10^1-10^2 E.coli / 100 mL) e 8 (10^0-10^1 E.coli / 100 mL), mostrados na tabela 3.2, resultaram em riscos de infecção bem inferiores às referências de risco tolerável (10^{-6}-10^{-9} pppa.), o que também não é surpresa.

Os resultados dos cenários de exposição obtidos com as faixas 3, 4, 5 e 6 apontam que o consumo de hortaliças folhosas resultaria em riscos maiores que os "níveis toleráveis" nas seguintes situações:

(1) Modelo de Shuval, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95% em todos modelos DR

(ii) Norovírus: faixa 3, tanto as medianas quanto os percentis 95%.

(iii) Cryptosporidum: faixa 3, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iv) Campylobacter: faixa 3, tanto as medianas quanto os percentis 95%; na faixa 4, apenas os percentis 95% em todos modelos DR

(v) Ascaris: faixa 3 e 4, tanto as medianas quanto os percentis 95%; na faixa 5 tanto as medianas quanto os percentis 95% para o modelo beta-binomial.

(2) Modelo de Shuval, estimador Pgold

(i) Rotavírus: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos modelos DR.

(ii) Norovírus: faixas 3 e 4, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Cryptosporidum: faixa 3 apenas o percentil 95%,

(iv) Campylobacter: em todas as faixas tanto as medianas quanto os percentis 95% para o modelo beta-poisson; nas faixas 3, 4 e 5; tanto as medianas quanto os percentis 95% em todos os modelos DR

(v) Ascaris: faixas 3, 4 e 5; tanto as medianas quanto os percentis 95% em todos modelos DR

(3) Modelo de Bastos, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95% em todos modelos DR

(ii) Norovírus: faixas 3,4 e 5, tanto as medianas quanto os percentis 95%,

(iii) Cryptosporidum: na faixa 3 tanto as medianas quanto os percentis 95%, na faixa 4 apenas os percentis 95%

(iv) Campylobacter: em todas as faixas tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(v) Ascaris: em todas as faixas tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(4) Modelo de Bastos, estimador Pgold

(i) Rotavírus: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(ii) Norovírus: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(iii) Cryptosporidum: faixas 3 e 4 , tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(iv) Campylobacter: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(v) Ascaris: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

Para o grupo de hortaliças frutosas, riscos maiores que os "níveis toleráveis" seriam verificados nas seguintes situações:

(1) Modelo de Shuval, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(ii) Norovírus: faixas 3 e 4, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Cryptosporidium: faixa 3, apenas os percentis 95%

(iv) Campylobacter: faixas 3 e 4 tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose resposta

(v) Ascaris: nas faixas 3 e 4 tanto a medianas quanto os percentis 95%, na faixa 5 apenas os percentis 95% em todos os modelos DR

(2) Modelo de Shuval, estimador Pgold

(i) Rotavírus: faixas 3, 4 e 5 tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(ii) Norovírus: faixas 3 e 4, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Cryptosporidum: faixa 3, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iv) Campylobacter: faixas 3 e 4, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(v) Ascaris: faixa 3 e 4 tanto a medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(3) Modelo de Bastos, estimadores Pnaive

(i) Rotavírus: em todas as faixas tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(ii) Norovírus: nas faixas 3 e 4, tanto as medianas quanto os percentis 95%, faixa 5 apenas os percentis 95%

(iii) Cryptosporidium : faixa 3, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iv) Campylobacter e Ascaris: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR,

(4) Modelo de Bastos, estimador Pgold

(i) Rotavírus: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(ii) Norovírus: faixas 3 e 4, tanto as medianas quanto os percentis 95%, na faixa 5 apenas os percentis 95%,

(iii) Cryptosporidium: faixa 3, tanto as medianas quanto os percentis 95%,

(iv) Campylobacter: em todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(v) Ascaris: nas faixas 3, 4 e 5 tanto as medianas e quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

Para o consumo das hortaliças como um todo (folhosas, florais e frutosas), riscos maiores que os "toleráveis" ocorreriam nas seguintes situações:

(1) Modelo de Shuval, estimador Pnaive

(i) Rotavírus: todas faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos dose resposta

(ii) Norovírus: faixa 3, tanto as medianas quanto o percentis 95%; na faixa 2 apenas os percentis 95%.

(iii) Cryptosporidium: faixa 3, tanto as medianas quanto os percentis 95%; na faixa 2 apenas os percentis 95%

(iv) Campylobacter: faixas 3, 4 e 5, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos ao modelos DR

(v) Ascaris: todas faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(2) Modelo de Shuval, estimador Pgold

(i) Rotavírus: todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(ii) Norovírus: faixas 3 e 4, tanto as medianas quanto os percentis 95%

(iii) Cryptosporidum: faixa 3 tanto a medianas quanto os percentis 95%

(iv) Campylobacter: todas as faixas, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

(v) Ascaris: faixas 3 , 4 e 5, tanto as medianas quanto os percentis 95%, em todos os modelos DR

O modelo de Shuval, independentemente do estimador (Pnaive ou Pgold), as estimativas do risco obtidas com estes critérios (distribuição lognormal ou uniforme) foram bem similares e as diferenças não chegam à uma unidade logarítmica.

Assim como já constatado para o cenário com os efluentes das lagoas (descritos em termos de distribuição lognormal para as concentrações de E. coli), em todos os cenários aqui estudados o modelo de exposição de Bastos resultou em estimativas de riscos maiores em 1-2 unidades log em relação àquelas com o modelo de Shuval.

4.4. ANÁLISE COMPARATIVA DAS ESTIMATIVAS DE RISCO OBTIDAS NOS DIFERTENTES CENÁRIOS.

Nos itens a seguir são apresentados os resultados das análises comparativas descritas no item 3.5. Relembrando, análise de variância seguida de testes de diferença de médias foi aplicada para verificar diferenças entre as estimativas de risco obtidas com as seguintes variações nos modelos de exposição e, ou dose-resposta: (i) modelo de Shuval vs. modelo de Bastos; (ii) estimador de risco - Pnaive vs. Pgold; (iii) consumo de hortaliças com bootstrapping sobre o banco de dados original e vs. banco de dados original sem bootstrapping; (iv) volume remanescente de água sobre a superfície das culturas irrigadas – Modelo de Shuval: distribuição PERT vs. distribuição uniforme; (v) remoção de patógenos por lavagem das culturas irrigadas: distribuição Pert vs. distribuição uniforme; (vi) métodos de obtenção de parâmetros dose resposta: máxima verossimilhança vs. bootstrapping observation vs. inferência bayesiana vs. bootstrapping bayesiano; (vii) modelos DR: β-Poisson vs. β-Poisson exato (FHCK – função hipergeométrica confluente de Krummer) vs. β-binomial, (vii) interação entres os fatores.

Os resultados das análises estatísticas são apresentados de forma descritiva. A fim de facilitar a visualização das diferenças são também apresentados resultados gráficos das médias das medianas e dos percentis 95% das distribuições de estimativas de risco. Os resultados são apresentados e discutidos com a seguinte itemização hierárquica: (i) descrição da concentração de E. coli na água de irrigação: (a) distribuição lognormal nos efluentes das lagoas de polimento e (b) distribuição uniforme em faixas genéricas de valores; (ii) em cada um destes critérios, por grupo de hortaliças; (iii) em cada grupo, por por patógeno.

4.4.1. Cenário 1 - Riscos de infecção anual estimados com concentração de E.coli nos efluentes das lagoas segundo distribuição lognormal

4.4.1.1. Consumo de hortícolas frutosas

Rotavirus

Nas figuras 4.35 a 4.41 estão ilustrados os resultados referentes a rotavírus, cabendo os seguintes destaques oriundos das análises estatísticas:

(i) Foram verificadas diferenças significantes entre as médias das estimativas de risco (medianas e percentis 95%) obtidas com os modelos (critérios de estimativa de contaminação das hortaliças irrigadas) de Shuval e de Bastos. Isto é, considerando as diferentes combinações de modelos de exposição e modelos DR em conjunto para cada um dos modelos de Shuval e de Bastos, o segundo gerou estimativas de risco estatisticamente maiores que o primeiro. (Figura 4.35).

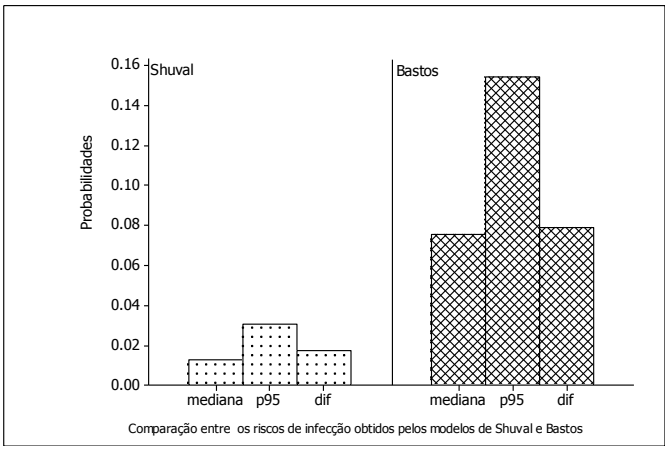


Figura 4.35. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças frutosas, Cenário 1.

(ii) No caso do modelo de Shuval, também foram encontradas diferenças estatisticamente significantes para a variável "volume remanescente", sendo que a utilização da distribuição uniforme resultou em estimativas significativamente maiores em relação à distribuição PERT.

(iii) Nos dois modelos (Shuval e Bastos), diferenças estatisticamente significantes também foram detectadas para a variável "remoção de patógenos por lavagem" e, mais uma vez, a utilização da distribuição uniforme resultou em estimativas significativamente maiores em relação à distribuição PERT. (Figura 4.36)

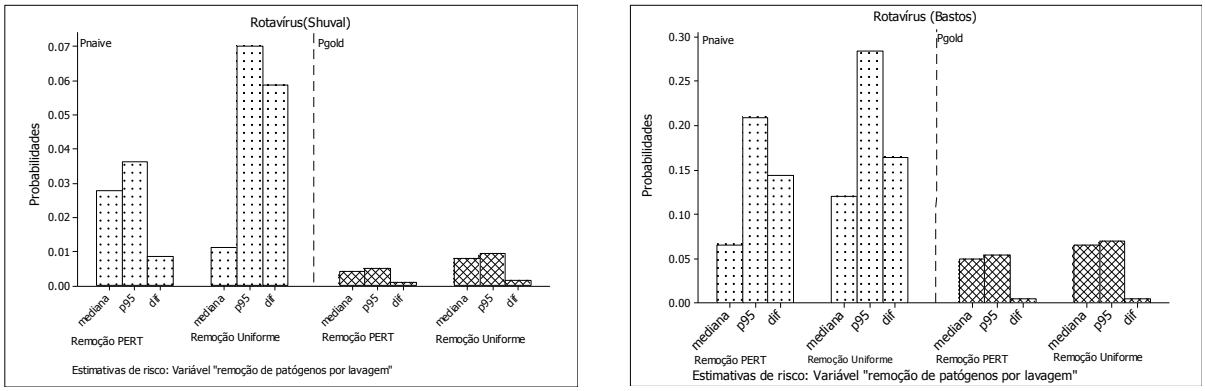


Figura 4.36. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "remoção de patógenos por lavagem"- distribuição uniforme e distribuição PERT, modelos de Shuval (esquerda) e de Bastos (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1.

(iv) No caso da variável "consumo de hortaliças", em ambos os modelos (Shuval e Bastos) a utilização dados originais da POF resultou em estimativas de risco significativamente maiores em relação às com reamostragem com bootstrapping não paramétrico (Figura 4.37), Cenário 1.

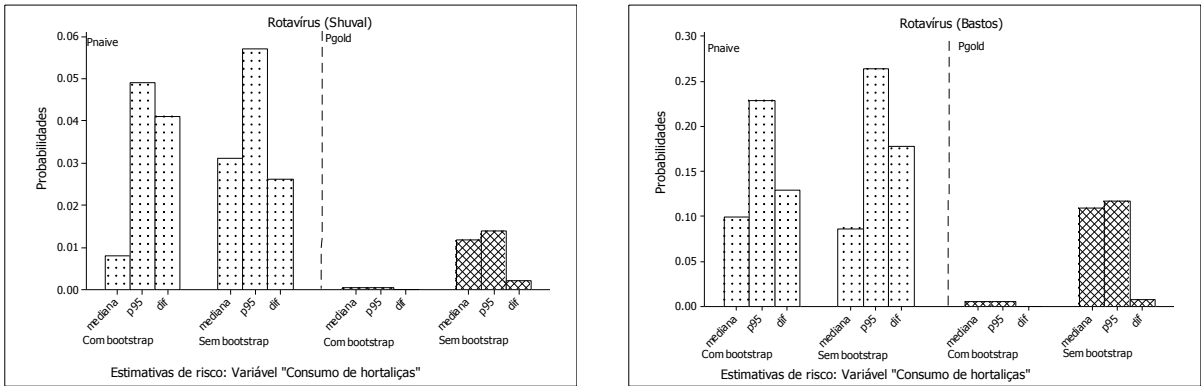


Figura 4.37. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças"- com bootstrapping e sem bootstrapping, modelos de Shuval (esquerda) e de Bastos (direita), hortaliças frutosa.

(vi) Em geral, o emprego dos diversos métodos de obtenção dos parâmetros dose-resposta não produziu estimativas de risco estatisticamente diferentes. A exceção ficou dos efeitos do bootstrapping observation, que resultou em estimativas (mediana e percentil 95%) maiores em quase todos os cenários, menos naquele composto pelo modelo de Bastos e com distribuição PERT para a variável "remoção de patógeno por lavagem" (Figura 4.38)

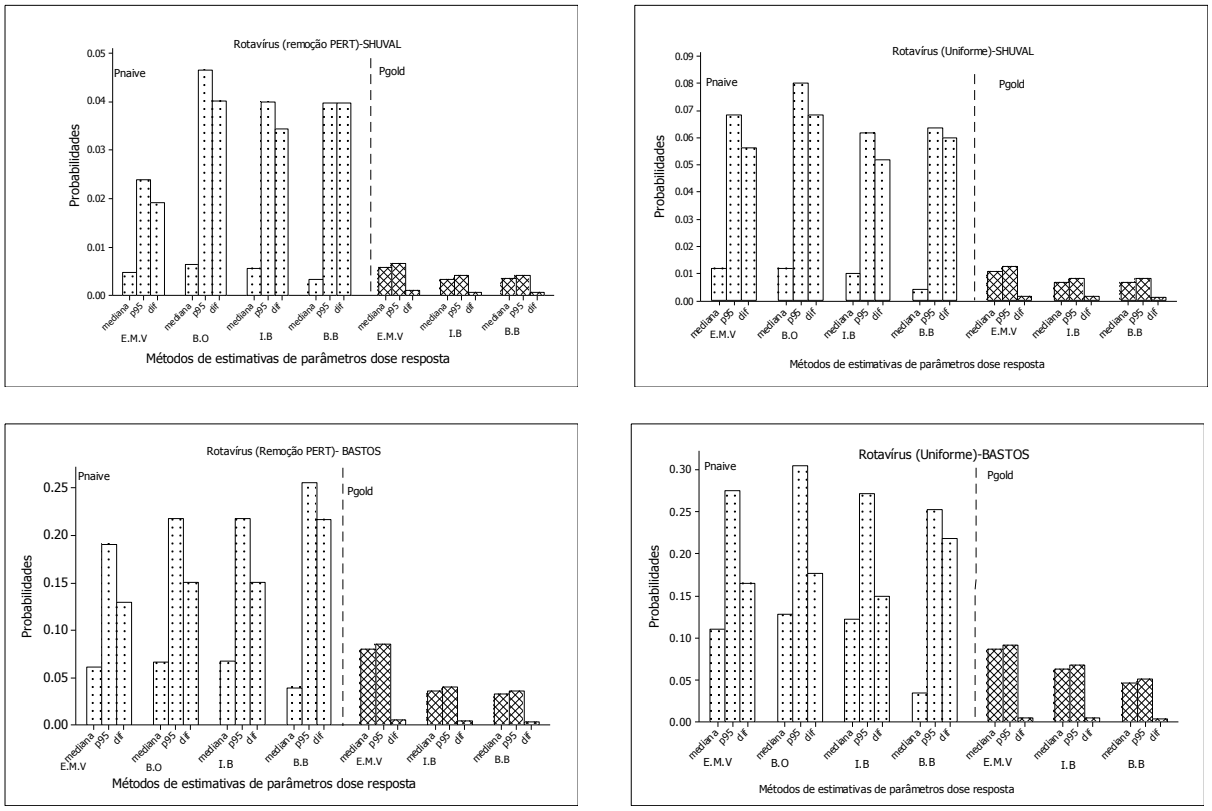


Figura 4.38. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta, modelos de Shuval e de Bastos, "remoção de patógenos por lavagem" com distribuição PERT (esquerda) e uniforme (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1.

(vi) No que diz respeito ao emprego dos três modelos dose-resposta, a única diferença significante foi registrada com o modelo beta-binomial, que resultou em estimativas de risco (medianas e percentis 95%) significantemente maiores que as do modelo beta-Poisson e da função hipergeométrica confluente de Kummer (Figuras 4.39 e 4.41).

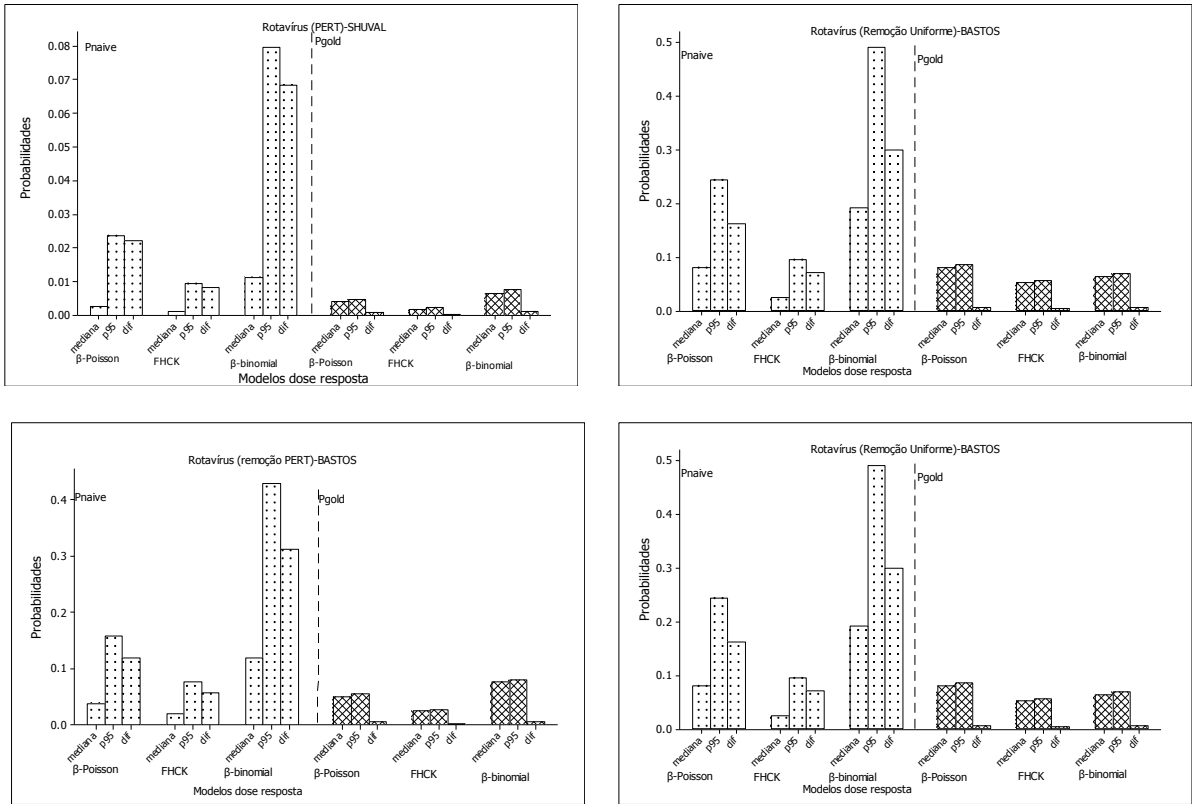


Figura 4.39. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelos dose-resposta, modelos de Shuval e de Bastos, "remoção de patógenos por lavagem" com distribuição PERT (esquerda) e uniforme (direita) hortaliças frutosas, Cenário 1.

(vii) Todavia, as diferenças acima registradas para o bootstrapping observations e para o modelo beta-binomial se concentraram nos dados da primeira lagoa, não ocorrendo nas demais lagoas da série (Figura 4.40)

(viii) Porém, as estimativas (medianas e percentis 95%) do estimador do risco anual Pnaive foram significativamente maiores que as estimador do Pgold em todos cenários estudados e em todas as lagoas de polimento (vide figuras acima, além da Figura 4.41).

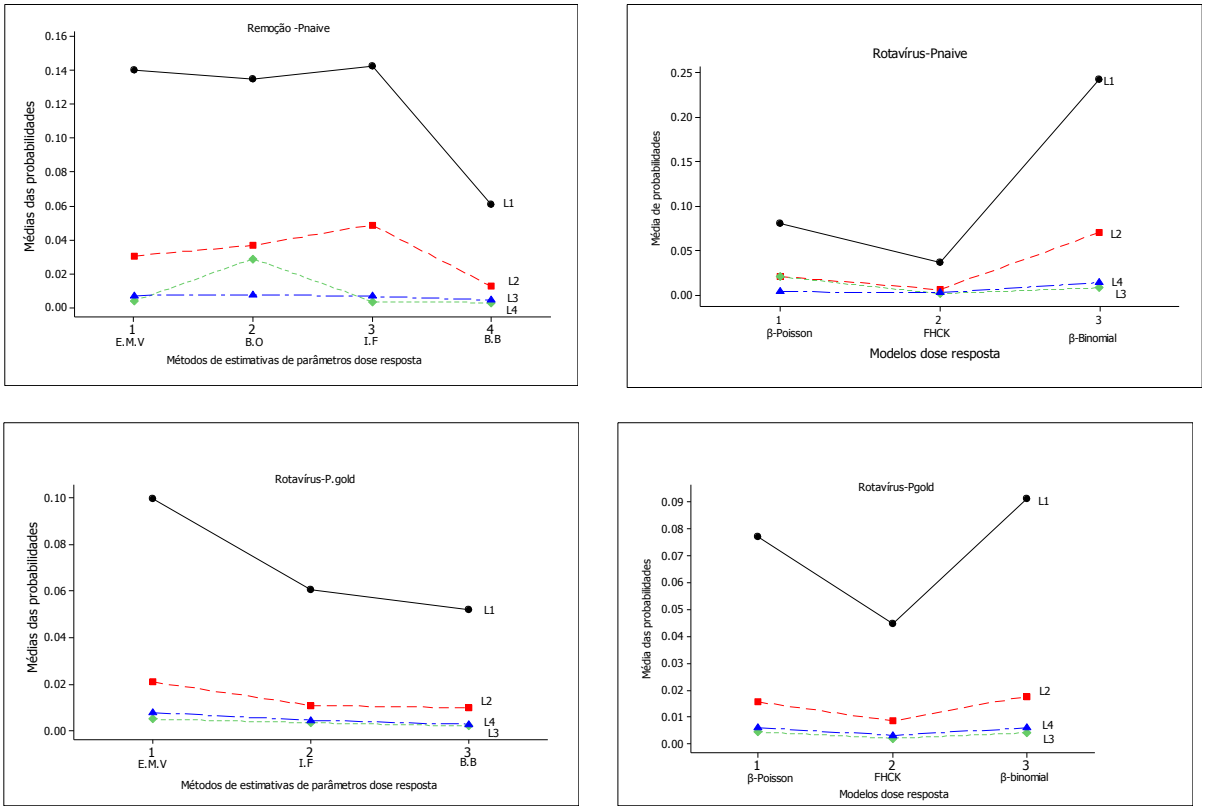
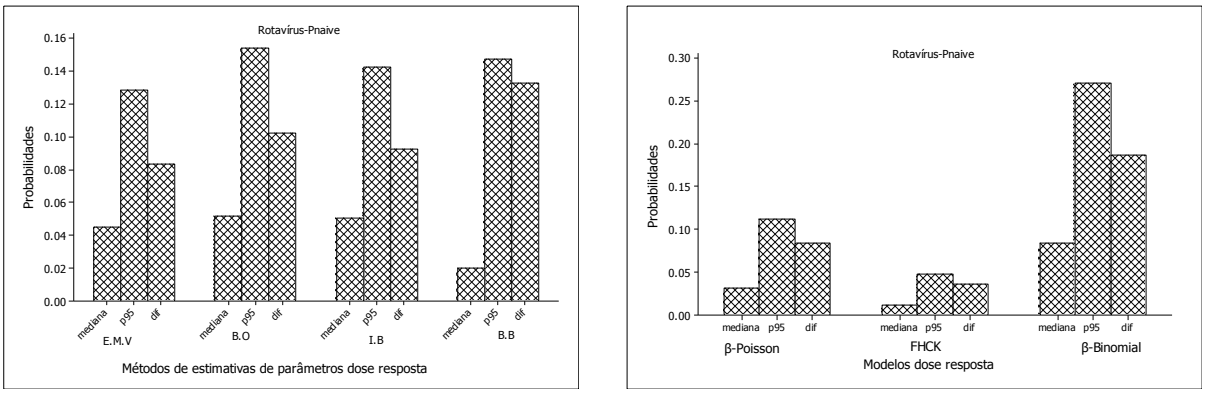


Figura 4.40. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (valores médios) com os estimadores Pnaive e Pgold por lagoas, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda) e modelos dose-resposta (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1.



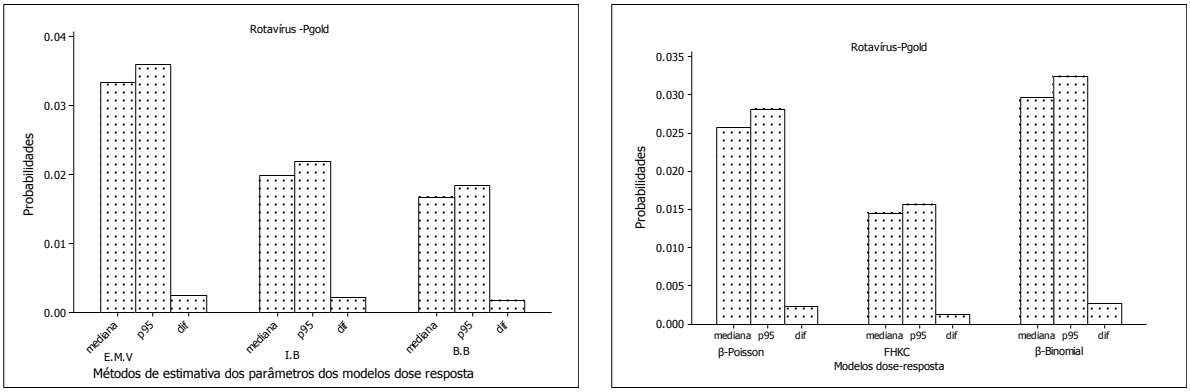


Figura 4.41. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelos de Shuval , métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda) e modelos dose-resposta (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1.

Norovírus

Para este patógeno foram verificadas diferenças significantes apenas nos efeitos dos fatores ‘estimador de risco’ e ‘consumo de hortaliças’, isto é, riscos significantemente maiores foram encontrados com estimativas com os dados originais da POF (sem reamostragem por bootstrapping) e, neste caso, as estimativas com Pnaive foram maiores às com Pgold (Figura 4.42).

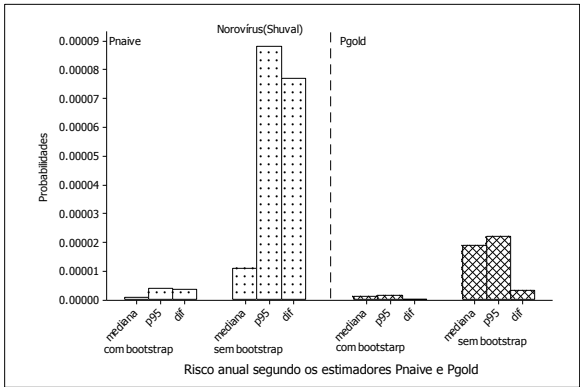


Figura 4.42. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive (esquerda) e Pgold (direita), variável “consumo de hortaliças” com bootstrapping e sem bootstrapping, hortaliças frutosas, Cenário 1.

Cryptosporidium

Não foram verificadas diferenças significantes entre quaisquer dos fatores analisados. Equivale dizer que para este patógeno, tanto o modelo de Shuval quanto o de Bastos produziram estimativas estatisticamente iguais, seja com estimador de risco Pnaive ou Pgold, seja com as demais variáveis componentes dos modelos de exposição e dose-resposta.

Campylobacter

Neste caso foram verificadas diferenças significantes relativas ao estimador de risco anual (Pnaive e Pgold), tanto com o modelo de Shuval quanto com o de Bastos. Porém, diferentemente dos vírus, nem sempre as estimativas com Pnaive foram maiores às com Pgold (Figuras 4.44). Assim como no caso de rotavírus, as estimativas com o modelo de Bastos foram estatisticamente maiores às do modelo de Shuval (Figura 4.43).

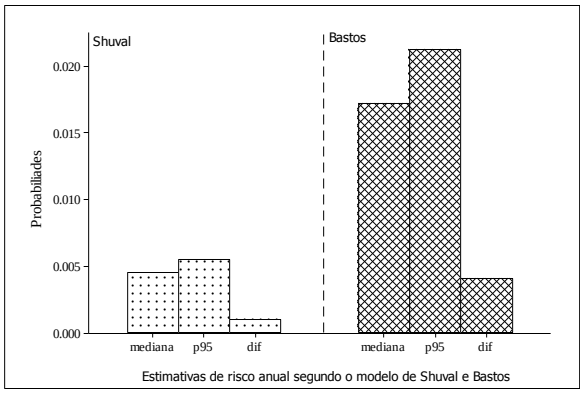


Figura 4.43. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças frutosas, Cenário 1.

Ainda no modelo Bastos, foram verificadas diferenças significantes no fator "consumo de hortícolas", mas o mesmo não foi verificado no modelo Shuval. Assim como no caso de rotavirus, a utilização dados originais da POF resultou em estimativas de risco significativamente maiores em relação às com reamostragem com bootstrapping não paramétrico e isto se deu de forma mais pronunciada nas estimativas com Pgold (Figura 4.44).

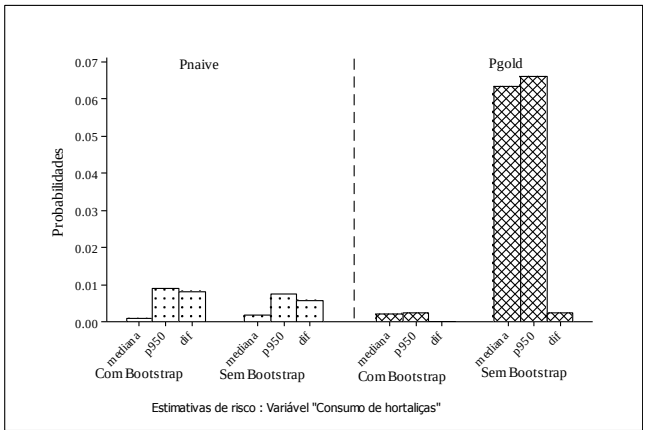


Figura 4.44. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças"- com bootstrapping e sem bootstrapping, modelo de Bastos, hortaliças frutosas, Cenário 1.

No diz respeito aos métodos de estimativas dos parâmetros dos modelos DR, apenas as estimativas que envolveram bootstrapping observation foram significativamente diferentes

(maiores) que as dos demais métodos, tanto com o estimador Pnaive (Figura 4.45) quanto com o Pgold. Porém, verificou-se que essa diferença é imposta pela primeira lagoa, à semelhança do que foi visto para rotavírus (Figura 4.45).

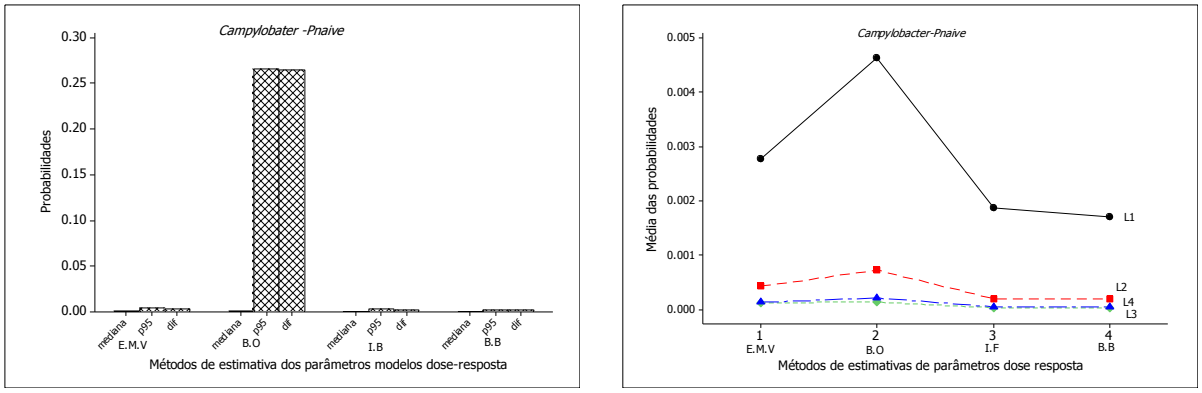


Figura 4.45. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com o estimador Pnaive, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1.

Quanto aos modelos dose resposta, foram verificadas diferenças significativas entre as estimativas de risco com todos os modelos, tanto pelo estimador Pnaive quanto pelo Pgold, assim com os modelos Shuval e de Bastos (exemplo na Figura 4. 46)

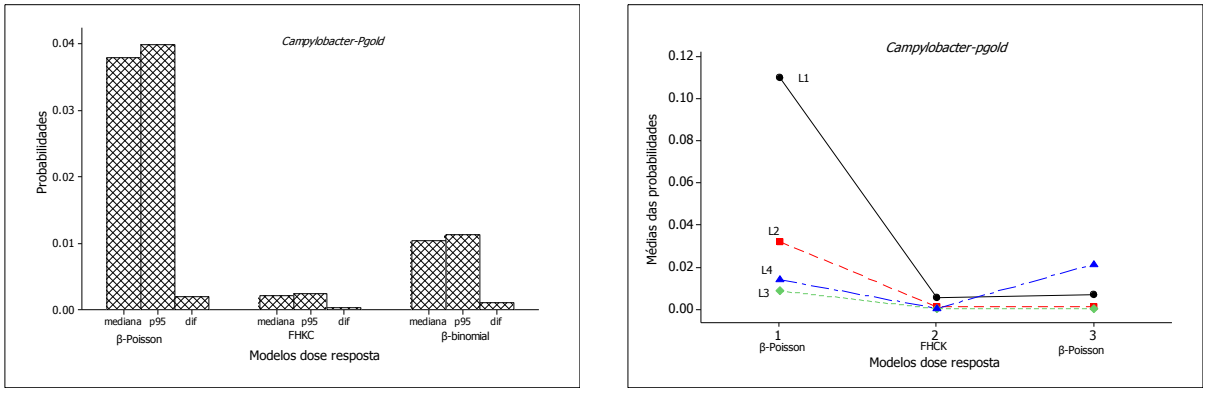


Figura 4.46. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com o estimador Pgold, modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1.

Ascaris

Para este patógeno foram verificadas diferenças significativas somente entre os modelos de estimativa de contaminação das hortaliças de Shuval e de Bastos, cujas, médias gerais estão ilustradas na Figura 4.47- novamente o modelo de Bastos gerando estimativa mais elevadas.Não houve diferenças significativas entre as diferentes distribuições de probabilidades utilizadas para as demais variáveis de entrada dos modelos de exposição. No tangue aos modelos dose resposta, não houve diferença significativas entre as estimativas de risco efetuadas com os modelos beta-Poisson e beta-binomial.

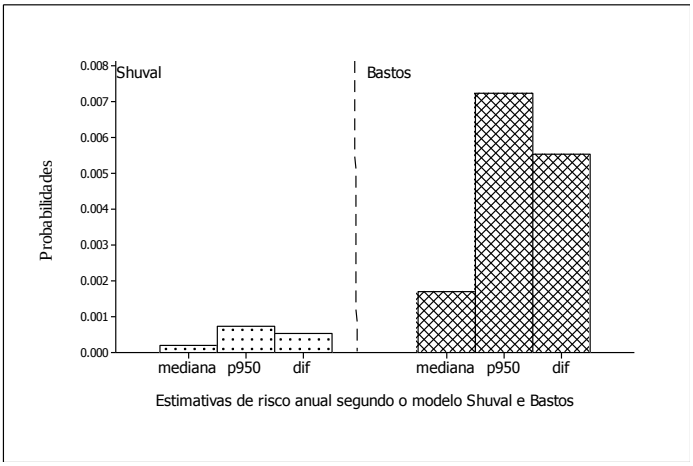


Figura 4.47. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos hortaliças frutosas, Cenário 1.

4.3.1.2. Consumo de hortícolas folhosas

Rotavírus

Nas figuras 4.48 a 4.41 estão ilustrados os resultados referentes a rotavírus. Os resultados foram muito semelhantes aos das hortaliças frutosas.

(i) Sob as mesmas condições, isto é, computadas as mesmas variáveis de entrada, as estimativas anuais de risco obtidas pelo modelo de Shuval foram inferiores às com o de modelo de Bastos (Figura 4.48)

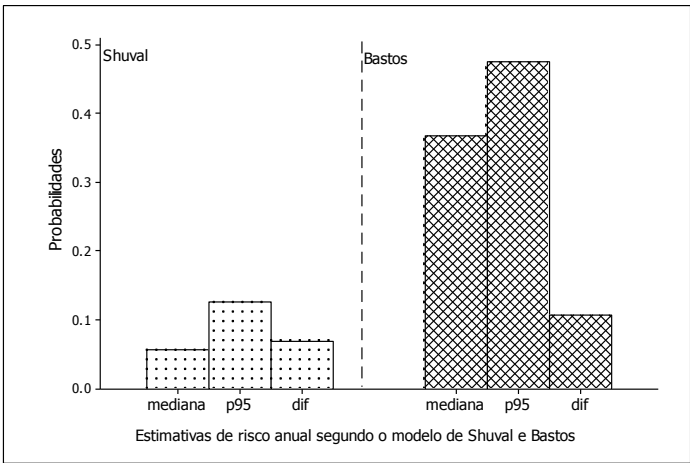


Figura 4.48. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 1.

(ii) No caso do modelo de Shuval, a utilização da distribuição uniforme para a variável "volume remanescente" resultou em estimativas significativamente maiores às obtidas com a distribuição Uniforme.

(iii) Nos dois modelos (Shuval e Bastos), a utilização da distribuição uniforme para a variável "remoção de patógenos por lavagem" resultou em estimativas significativamente maiores em relação à distribuição PERT, tanto pelo estimador Pnaive quanto pelo Pgold (Figura 4.49)

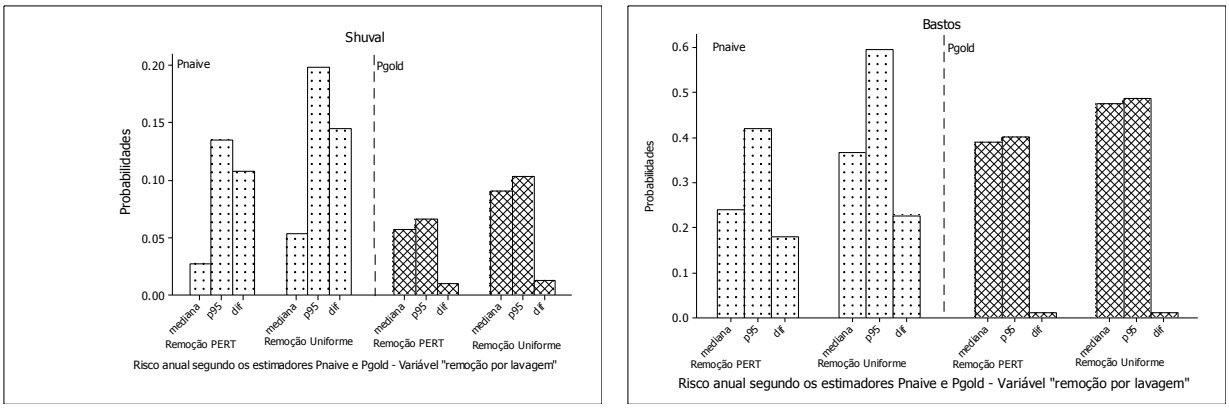


Figura 4.49. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "remoção de patógenos por lavagem"- distribuição

uniforme e distribuição PERT, modelos de Shuval (esquerda) e de Bastos (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1.

(iv) Em ambos os modelos (Shuval e Bastos) a utilização dados originais da POF para a variável "consumo de hortaliças", resultou em estimativas de risco significativamente maiores em relação às com reamostragem com bootstrapping não paramétrico, tanto pelo estimador Pnaive quanto pelo Pgold (Figura 4.50)

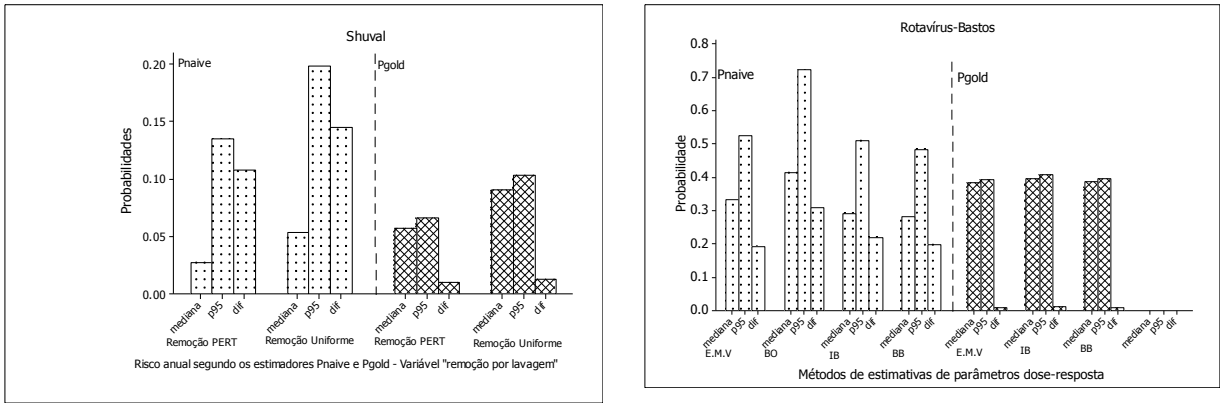


Figura 4.50. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças"- com bootstrapping e sem bootstrapping, modelos de Shuval (esquerda) e de Bastos (direita), hortaliças frutosas, Cenário 1.

(vi) Não foram observadas diferenças significativas entre os métodos de obtenção dos parâmetros dos modelos DR, com exceção do método do bootstrapping observation o qual resultou em estimativas de riscos menores no modelo de Shuval em relação ao modelo de Bastos (Figura 4.51). Este resultado é uma exceção visto que, na maioria das vezes, o método do bootstrapping observation produziu sistematicamente estimativas de risco maiores em relação aos demais.

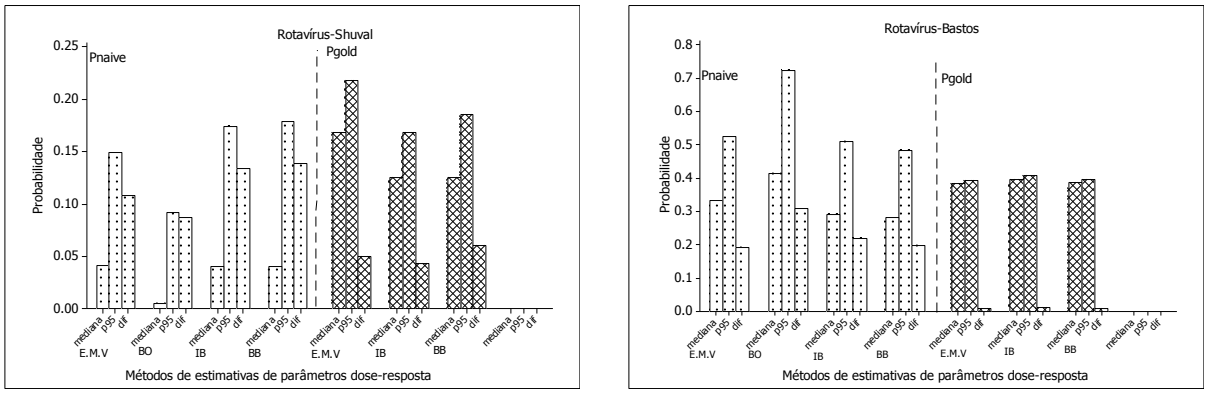


Figura 4.51. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) estimadas com os estimadores Pnaive e Pgold através do modelo de Shuval (a direita) e Bastos (esquerda), métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta, hortaliças folhosas, Cenário 1.

(vi) No que diz respeito aos modelos dose-resposta, a única diferença significante foi registrada com o modelo beta-binomial, que resultou em estimativa de risco (percentis 95%) significantemente maior que as do modelo beta-Poisson e da função hipergeométrica confluente de Kummer para o estimador Pnaive no modelo de Shuval (Figura 4.52). Ainda no modelo Shuval observou-se que o percentil 95% do modelo beta-Poisson foi estatisticamente menor em relação ao modelo beta-binomial e função hipergeométrica confluente de Kummer. No que tangue ao modelo de Bastos, ainda na Figura 4.52, as estimativas de riscos (mediana e percentil 95%) produzidas pelos diferentes modelos DR são estatisticamente iguais.

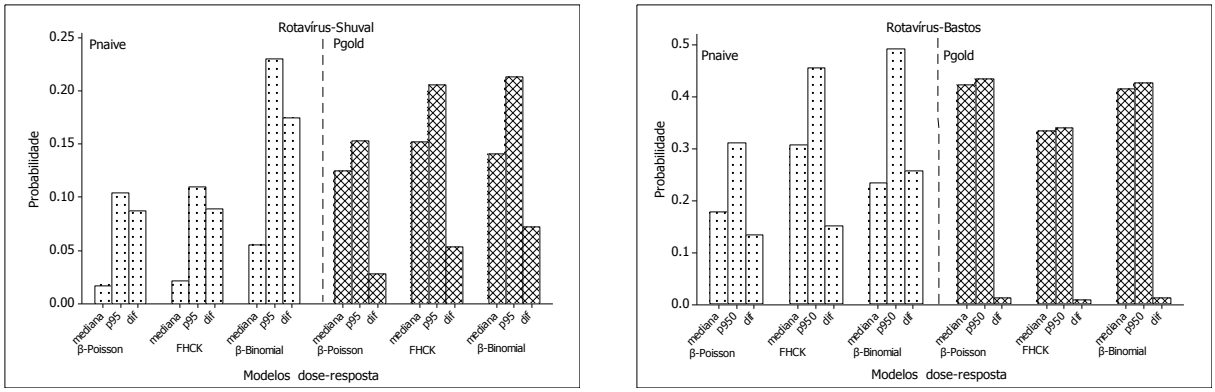


Figura 4.52. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive (esquerda) e Pgold (direita), modelos dose-resposta, hortaliças folhosas, Cenário 1.

(vii) Entretanto, novamente, as diferenças acima registradas para o bootstrapping observations e para o modelo beta-binomial se concentraram nos dados da primeira lagoa (Figura 4.53)

(viii) Por fim, em todos os cenários foram verificadas diferenças significativas entre os riscos estimados com Pnaive e Pgold.

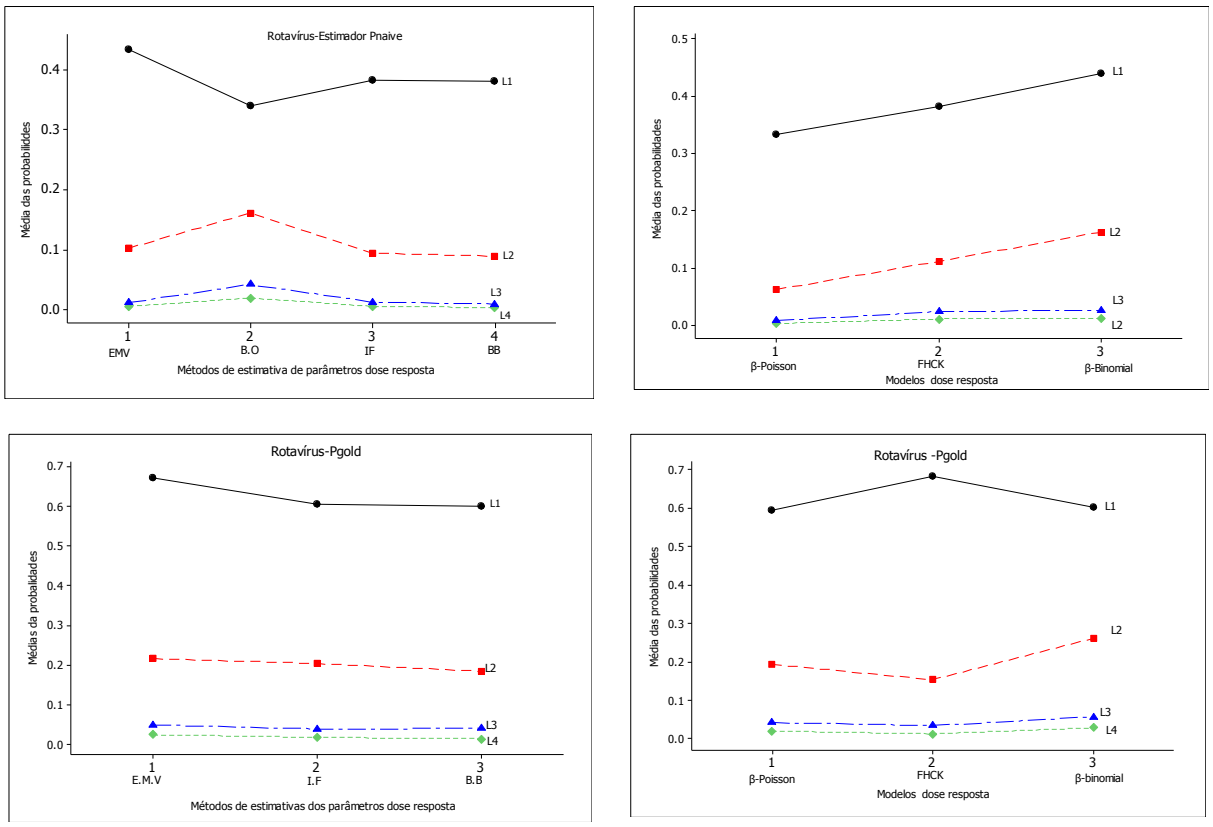


Figura 4.53. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (valores médios) com os estimadores Pnaive e Pgold por lagoas, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda) e modelos dose-resposta (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1.

Norovírus

Para este patógeno não foram verificadas diferenças significantes entre quaisquer dos fatores analisados. Ou seja, as estimativas anuais de risco (medianas e percentis 95%) obtidas pelos modelos de Shuval e de Bastos não resultaram em diferenças significantes, independentemente das várias distribuições de probabilidades de suas variáveis de entrada e dos estimadores de risco anual (Pnaive ou Pgold).

Cryptosporidium

Foram observadas diferenças significativas somente entre as estimativas de risco realizadas com Pnaive e Pgold, diferença esta novamente concentrada na lagoa 1 (Figura 4.54). Como com

os outros patógenos já abordados, as estimativas anuais de risco (medianas e percentis 95%), do estimador Pnaive foram maiores que as obtidas com o estimador Pgold.

Não foram observadas diferenças associadas a quaisquer das outras variáveis componentes dos modelos de exposição e dose-resposta, nem aos modelos DR em si.

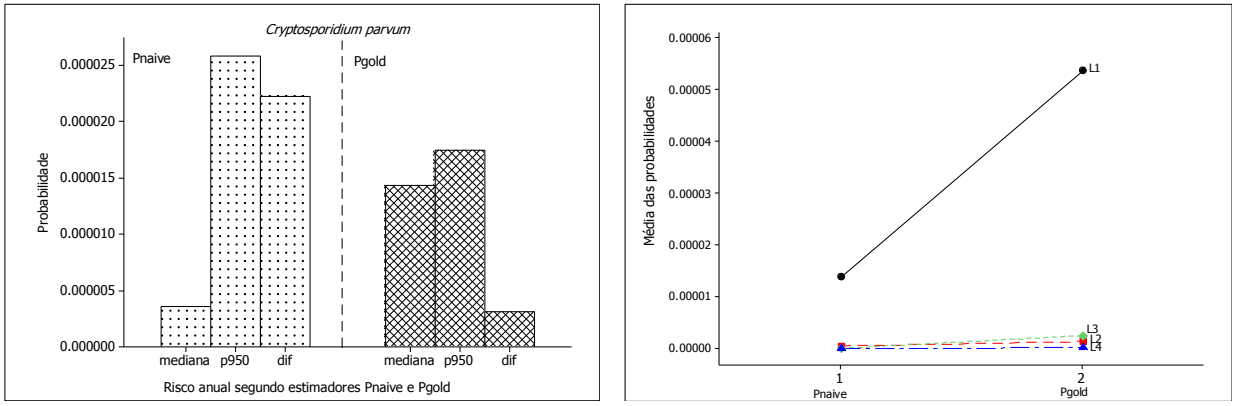


Figura 4.55. Estimativas de risco anual de infecção por Cryptosporidium (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1.

Campylobacter

Neste caso foram verificadas diferenças significantes nas estimativas de risco anual (mediana e percentis 95%), entre os seguintes fatores: (i) modelos de Shuval e de Bastos (ii) estimadores de risco anual Pnaive e Pgold com ambos os modelos, de Shuval e de Bastos; (iii) métodos de obtenção dos parâmetros dose resposta; e (iv) modelos dose-resposta. A titulo de exemplo, parte dos resultados são ilustrados nas figuras 4.56 a

Recorrentemente, Sistematicamente, o modelo de Bastos resultou em estimativas anuais de risco maiores às com o modelo de Shuval, tanto pelo estimador Pnaive quanto pelo estimador Pgold (Figura 4.56).

Mais uma vez observadas diferenças significativas entre as estimativas de risco realizadas com Pnaive e Pgold, tanto com modelo de Shuval quanto com o de Bastos. Porém, desta vez, o Pgold produziu estimativas maiores ao Pnaive (Figura 4.57)

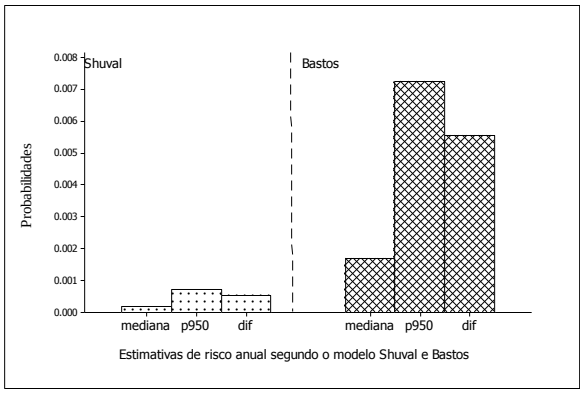


Figura 4.56. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 1.

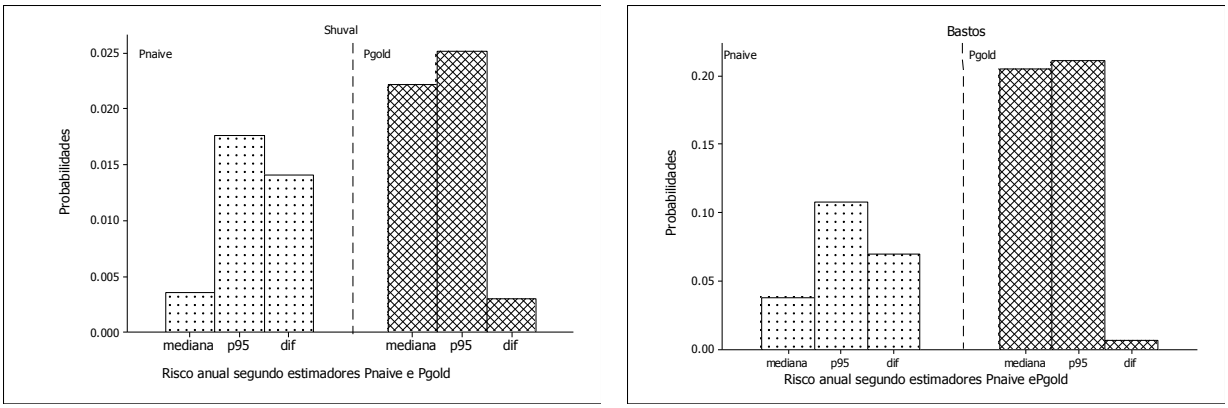


Figura 4.57. Estimativas de risco anual de infecção por Cryptosporidium (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelo de Bastos (esquerda), modelo de Shuval (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1.

Apenas com o modelo de Bastos foram constatadas diferenças significantes para a variável "consumo de hortaliças", a qual resultou em estimativas de risco maiores quando computada sem bootstrapping (ou seja, quando se utiliza os dados originais da POF) pelo estimador Pnaive (Figura 4.58).

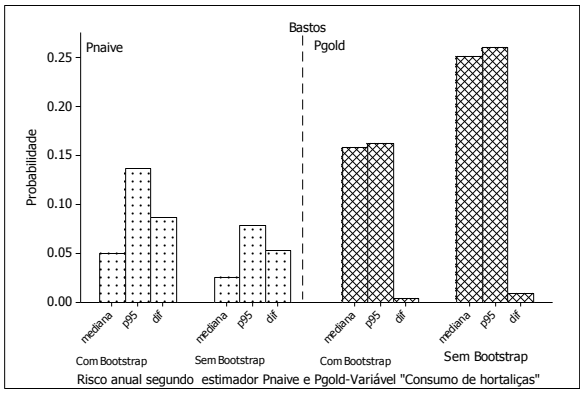


Figura 4.58. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças" com bootstrapping e sem bootstrapping, modelo de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 1.

Quanto aos métodos de estimativas dos parâmetros dose resposta, constatou-se que, de modo geral, apenas o bootstrapping observation resultou em estimativas anuais de risco significativamente diferentes (maiores) às dos demais métodos, porém, como nas situações anteriores, este fato foi observado apenas na primeira lagoa (Figura 4.59).

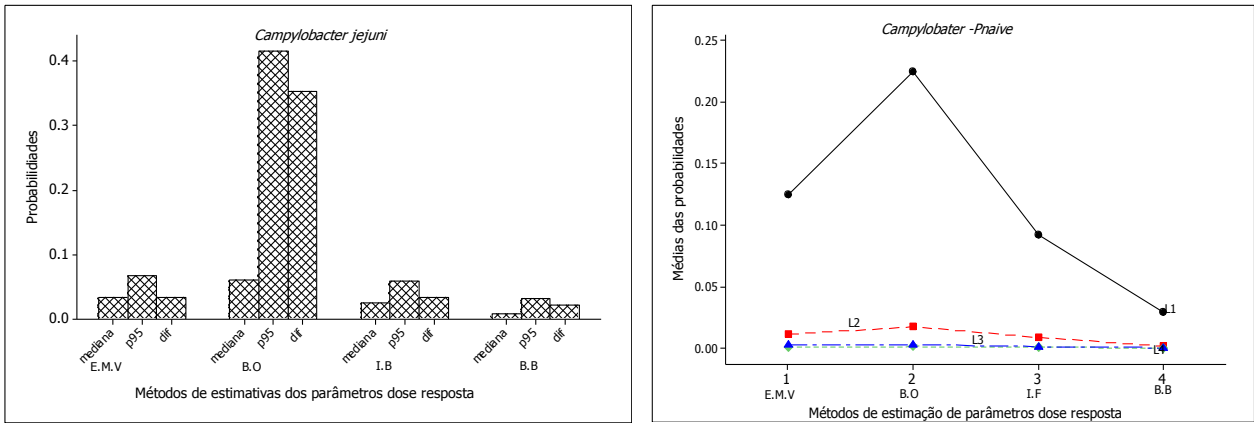


Figura 4.59. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1.

De modo semelhante, o modelo beta-Poisson resultou em estimativas anuais de risco maiores diferentes em relação às dos demais modelos DR, mas novamente esse efeito se deu fundamentalmente na lagoa 1 (Figura 4.60)

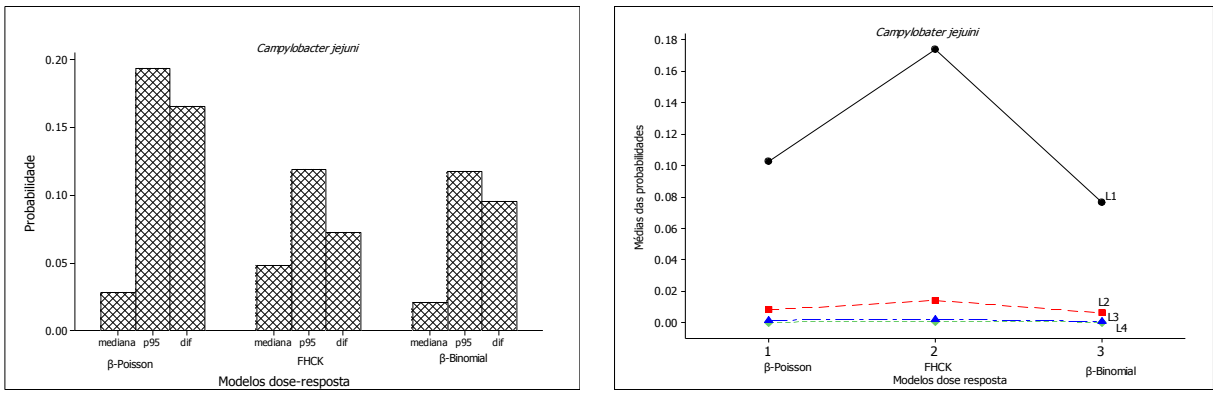


Figura 4.60. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças folhosas, Cenário 1.

Ascaris

Para este organismo, também o modelo de Bastos gerou estimativas de risco estatisticamente (medianas e percentis 95%) maiores às do modelo de Shuval (Figura 4,61)

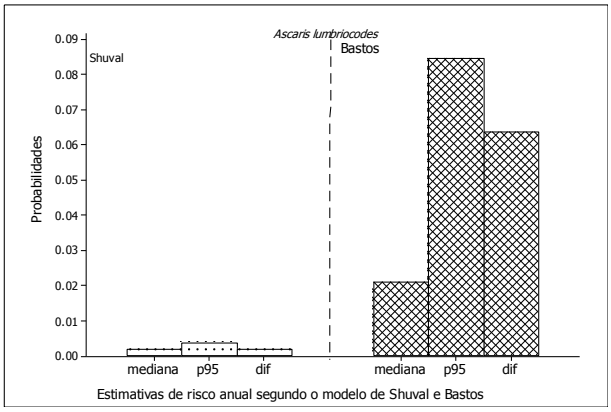


Figura 4.61. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%), variável "contaminação das hortaliças" estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 1.

Com o modelo de Shuval os estimadores Pnaive e Pgold resultaram em medianas diferentese percentis 95% iguais, enquanto que com o modelo de Bastos Pnaive produziu estimativas (medianas e percentis 95%) bem maiores às de Pgold (Figura 4.62).

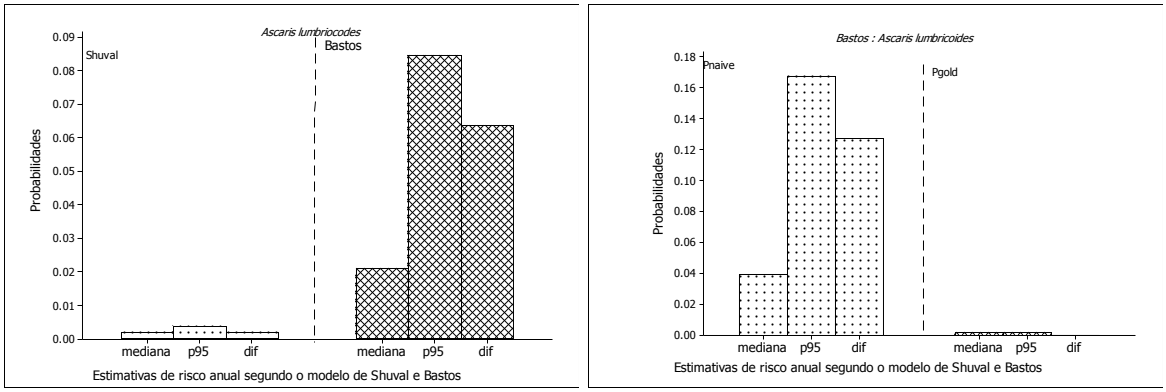


Figura 4.62. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%), estimadores Pnaive e Pgold, modelo de Bastos (esquerda) e modelo de Shuval (direita) , hortaliças folhosas, Cenário 1.

Neste caso, não houve diferenças significativas entre as estimativas de risco decorrentes do uso de diferentes distribuições de probabilidades para as demais variáveis de entrada dos modelos de exposição e dos modelos DR, nem entre os modelos DR em si.

4.3.1.3. Consumo de hortícolas folhosas e frutosas

Rotavírus

A semelhança dos casos anteriores, as estimativas anuais de risco obtidas pelo modelo de Bastos foram maiores às obtidas com o modelo de Shuval.

Verificaram-se diferenças significativas no efeito do fator "estimadores anual de risco" em praticamente todos os cenários, sendo que na maioria dos casos as estimativas com Pnaive foram mioares que as com Pgold.

Em ambos os modelos, o uso de bootstrapping não paramétrico (reamostragem) sobre o banco de dados original da variável "consumo de hortaliças", ao invés dos dados originais descritos por diversas FDPs, resultou em estimativas de risco maiores.

De forma similar, também em ambos os modelos, riscos mais elevados foram estimados com uso de distribuição uniforme para descrever as variáveis "remoção de patógenos", em lugar

da distribuição PERT, e "volume remanescente", ao invés da distribuição normal (neste caso, só aplicável ao modelo de Shuval).

Na Figura 4.63, como acima referido, nota-se que o uso de bootstrapping para descrever a variável "consumo de hortaliças" gerou estimativas de risco mais elevadas, independentemente de ser ter usado distribuição PERT ou uniforme para a variável "remoção de patógenos", Pnaive ou Pgold.

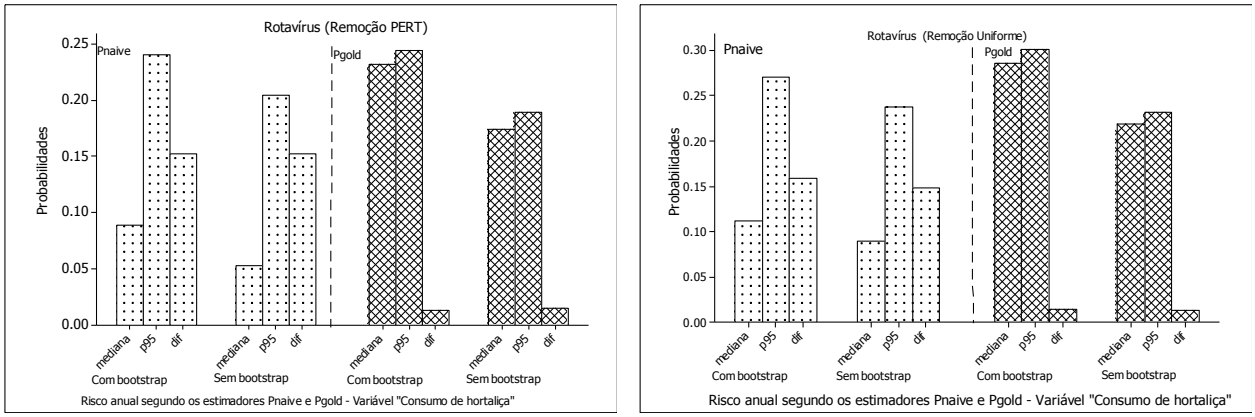


Figura 4.63. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelo de Shuval, variável "consumo de hortaliças" com bootstrapping e sem bootstrapping, variável "remoção de patógenos por lavagem" descrita por distribuição PERT (esquerda) e distribuição uniforme (direita), hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1.

Também como acima referido, o uso da distribuição uniforme para descrever a variável "volume remanescente" também rendeu estimativa de risco maiores, de novo, independentemente de ser ter usado distribuição PERT ou uniforme para a variável "remoção de patógenos", Pnaive ou Pgold (Figura 4.64).

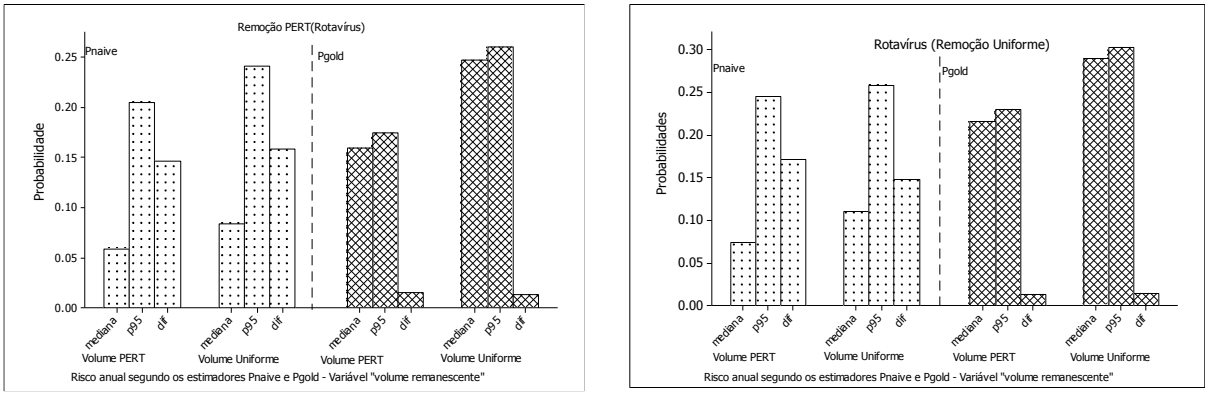


Figura 4.64. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelo de Shuval, variável "volume remanescente" descrita por distribuição uniforme ou PERT, variável "remoção de patógenos por lavagem" descrita por distribuição PERT (esquerda) e distribuição uniforme (direita), hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1.

Em relação aos métodos de obtenção de parâmetros dos modelos DR, o bootstrapping observation resultou em estimativas de risco maioress, mas somente quando foi utilizado o Pnaive (Figuras 4.65).

Quanto aos modelos DR, com o estimador Pnaive a mediana do modelo beta-binomial foi diferente (maior) das dos demais modelos. Com o estimador Pgold, as estimativas da função hipergeométrica confluente de Kummer foram diferentes (inferiores) das dos modelos beta-Poisson e beta-binomial (Figura 4.66)

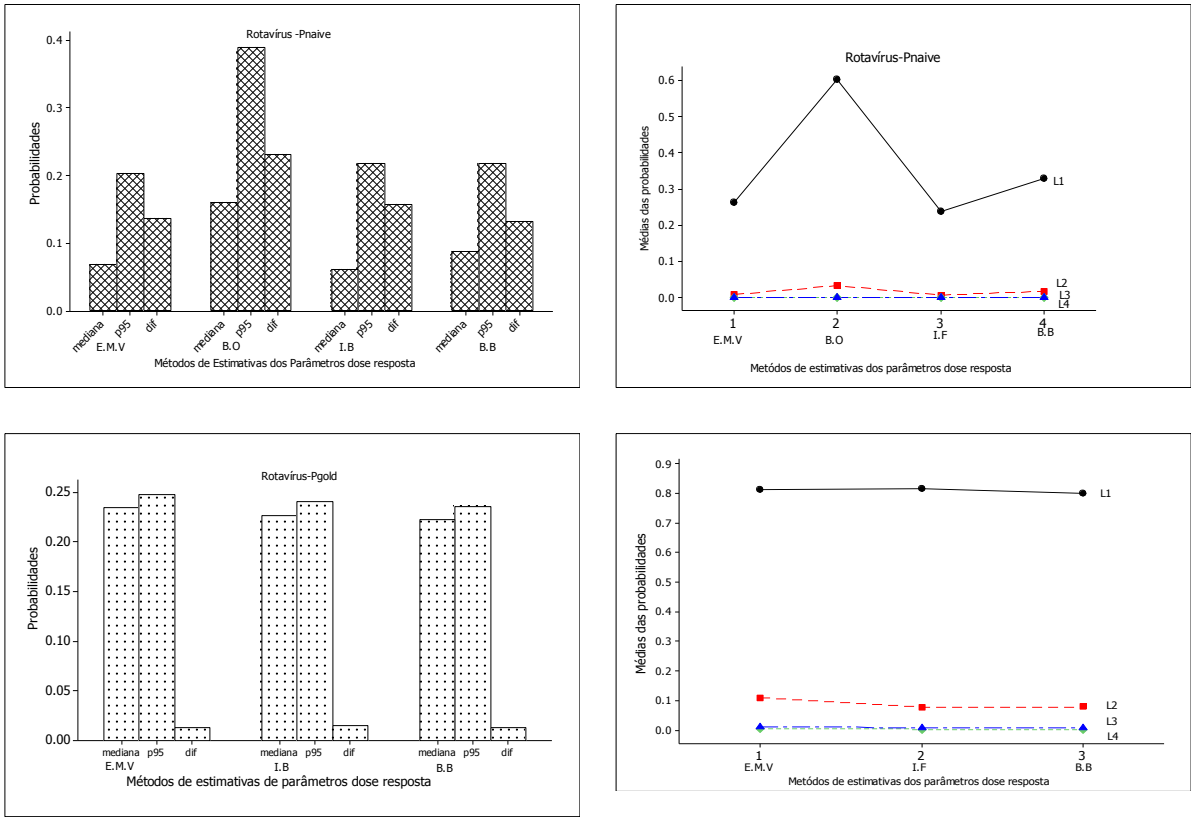
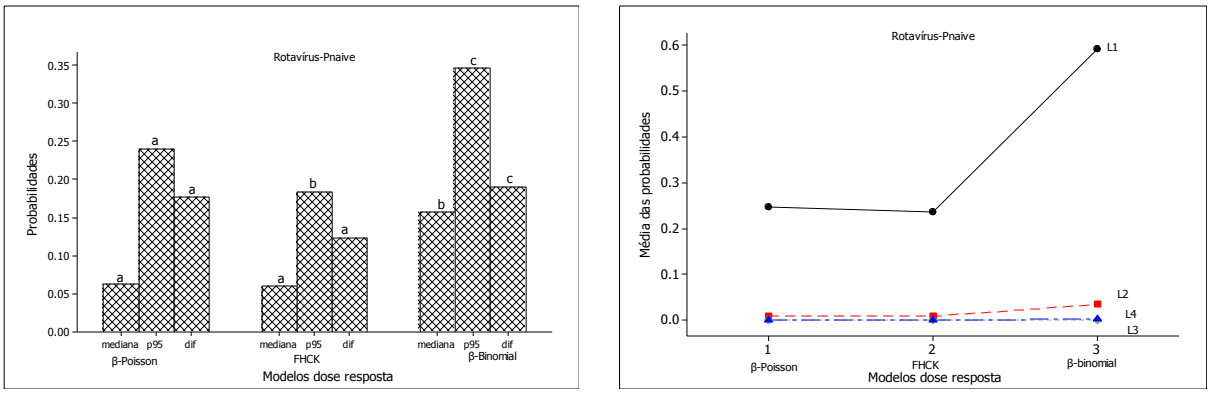


Figura 4.65. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta, estimadores Pnaive e Pgold (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1.



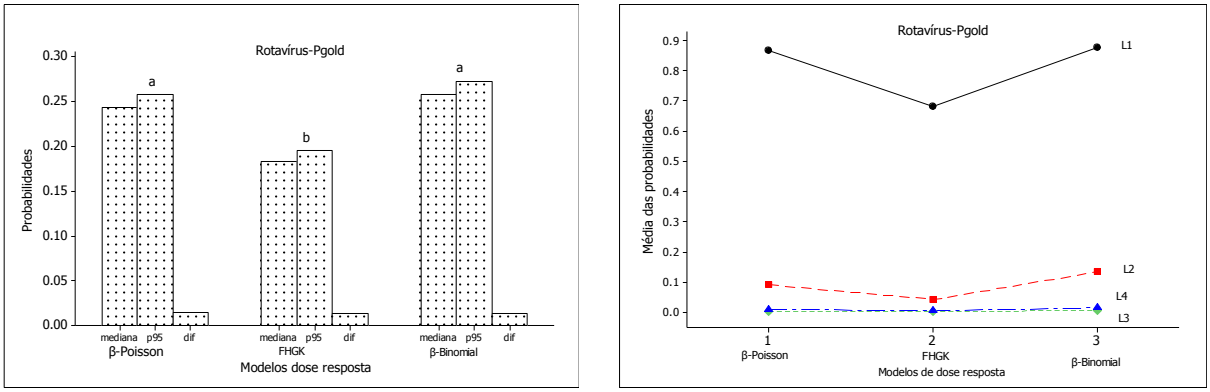


Figura 4.66. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), dos modelos dose-resposta (esquerda), estimadores Pnaive e Pgold (esquerda), por lagoas (direita), hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1.

Norovírus e Cryptosporidium

Para estes patógenos foram verificados resultados estatisticamente diferentes pela ANOVA apenas em relação ao efeito do fator "estimador anual de risco".Sistematicamente, o uso de Pnaive resultou em estimativas anuais de risco maiores que Pgold (Figura 4.67).

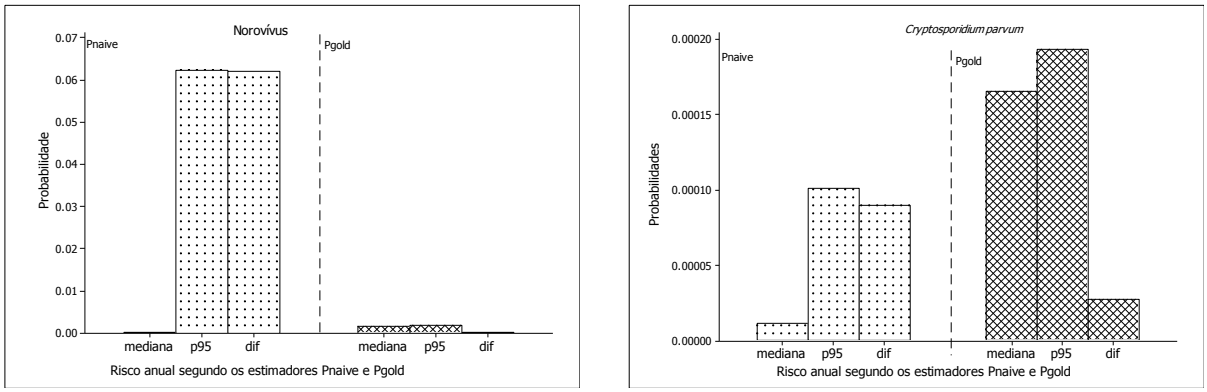


Figura 4.67. Estimativas de risco anual de infecção (medianas e percentis 95%) por norovírus (esquerda) e Cryptosporidium (direita) com os estimadores Pnaive e Pgold, hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1.

Campylobacter

Conforme a Figura 4.68, o uso de Pnaive resultou em estimativas de risco anual menores que as com Pgold.

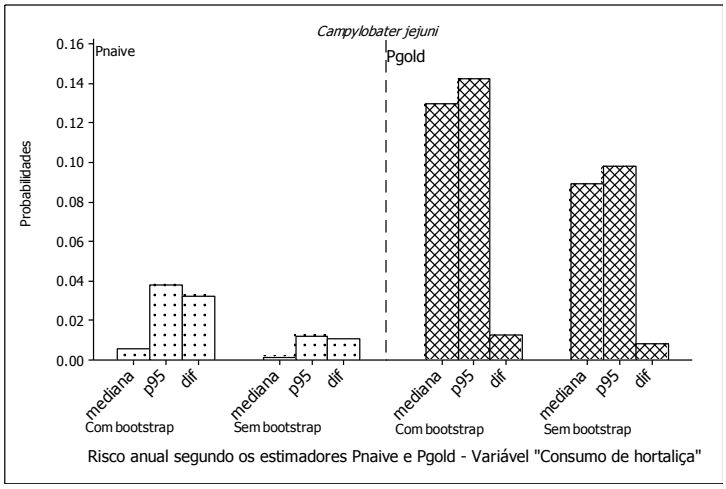
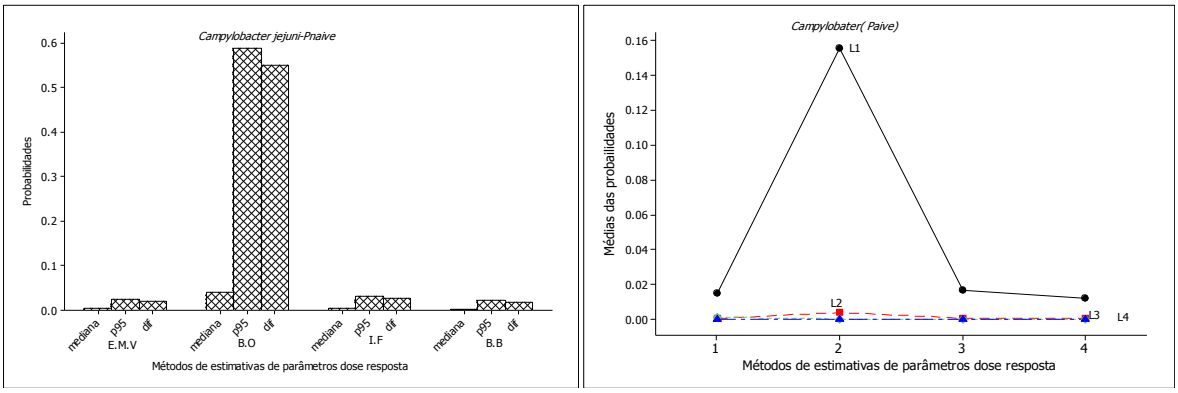


Figura 4.68. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%), estimadores Pnaive e Pgold, hortaliças frutosas e folhosas.

No que tange aos métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos DR, o bootstrapping observation resultou em estimativas de risco diferentes (maiores) que as dos demais métodos, principalmente devido à lagoa 1 (Figura 4.69).



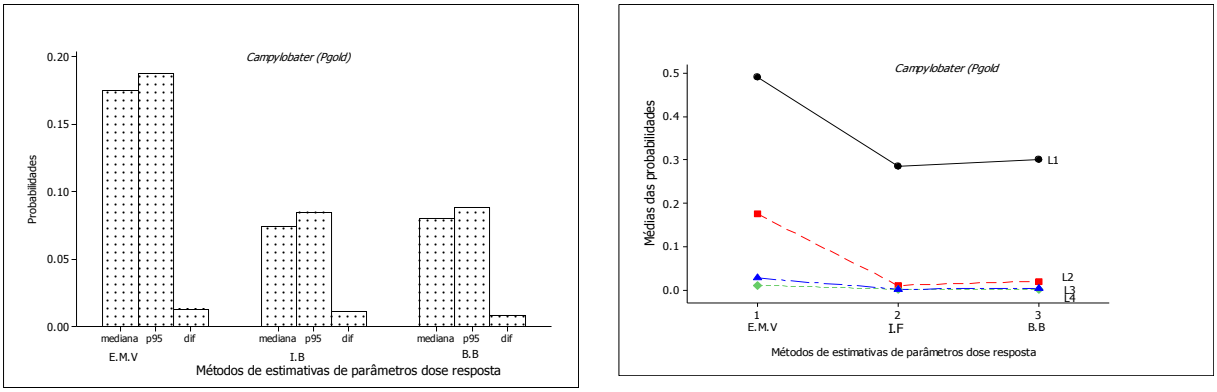
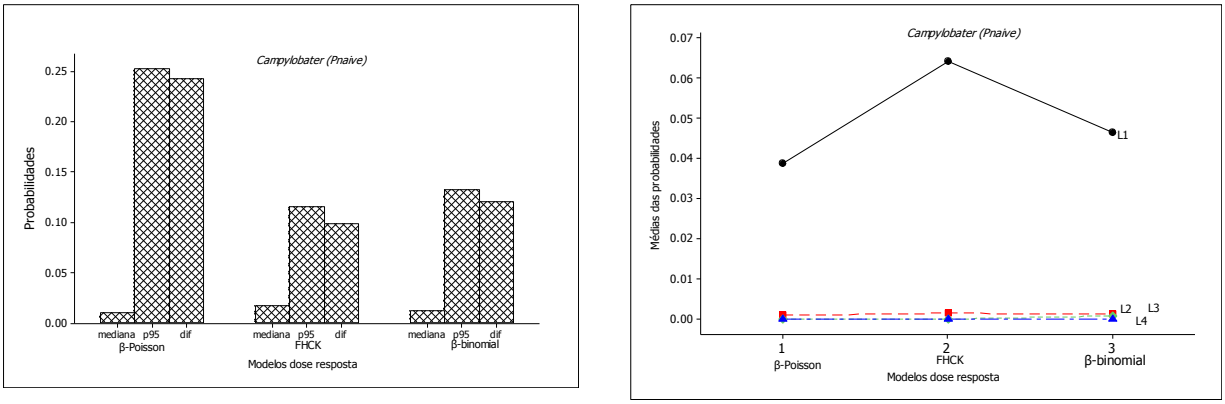


Figura 4.69. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, métodos de estimativa dos parâmetros dos modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita) hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1.

Quanto aos modelos DR, tanto pelo Pnaive quanto pelo Pgold, o modelo beta-Poisson resultou em estimativas maiores que os restantes modelos (função hipergeométrica confluente de Kummer e beta-binomial), que por sinal resultaram em estimativas estatisticamente iguais entre si. De novo, no caso de Pnaive,essa diferença se deve principalmente à lagoa 1; no caso de Pgold nota-se também influência de Pgold (Figura 4.70).



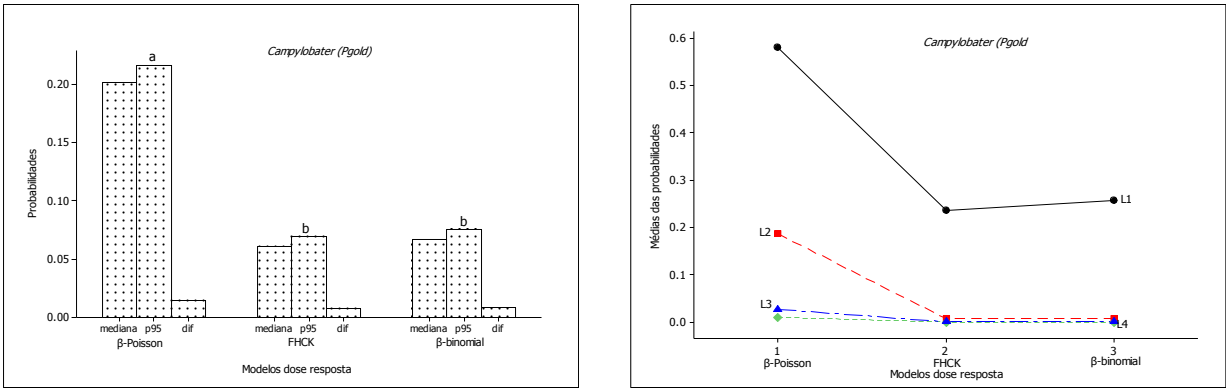


Figura 4.70. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, modelos dose-resposta (esquerda), por lagoas (direita) hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1.

Ascaris

Para este patógeno foram verificadas diferenças significativas somente em relação ao estimador de risco (Pnaive e Pgold) (Figura 4.71). Mais uma vez, as estimativas com Pnaive foram inferiores às com Pgold. No tangue aos modelos dose-resposta, cumpre destacar que as estimativas com modelos beta-Poisson e beta-binomial não revelaram diferenças significantes entre si.

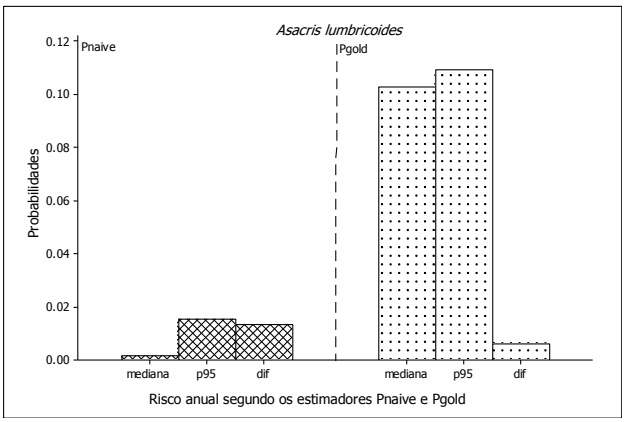


Figura 4.71. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%), estimadores Pnaive e Pgold, hortaliças frutosas e folhosas, Cenário 1.

Em geral, verificou-se que as variáveis de entrada dos modelos de exposição de Bastos e de Shuval apresentaram comportamento ou tendências semelhantes aos do cenário anterior com efluentes das logoas de polimento.

Aqui também o modelo de Bastos resultou em estimativas de risco (medianas e percentis 95%) maiores às obtidas com o modelo de Shuval. O mesmo pode se afirmar sobre o estimador Pnaive em relação ao Pgold. O uso da distribuição uniforme nos modelos de exposição também resultou em estimativas de risco significativamente maiores em relação à distribuição PERT e normal usadas nas variáveis ‘remoção por lavagem e ‘volume remanescente’, respectivamente.

Todavia, o uso do bootstrapping não paramétrico sobre os dados da POF produziu estimativas anuais de risco maiores às com os dados originais, fato este que não foi observado quando foi aplicada distribuição lognormal às concentrações de E.coli nos efluentes das lagoas.

No que tange aos métodos de estimativas dos parâmetros dos modelos DR, o único que produziu estimativas com diferenças significantes maiores foi o bootstrapping observations.

O modelo beta-binomial, recorrentemente, resultou em estimativas maiores diferentes das do modelo beta-Poisson e da função hipergeométrica de confluente de Kummer.

A título de exemplo, nas figuras 4.72 a 4.77 é apresentada parte dos resultados relativos ao consumo das hortaliças folhosas.

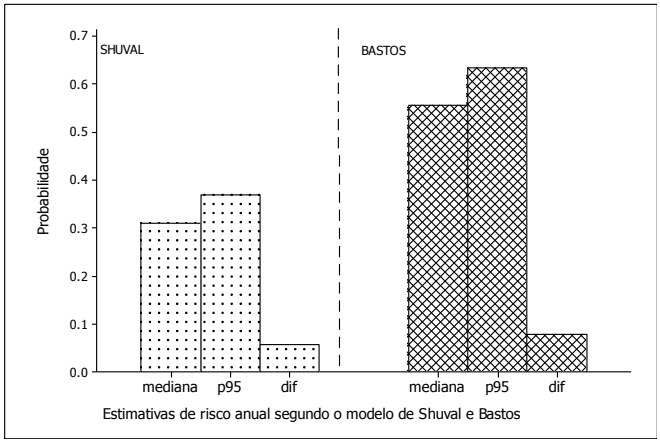


Figura 4.72. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%), variável “contaminação das hortaliças” estimada pelos modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 2.

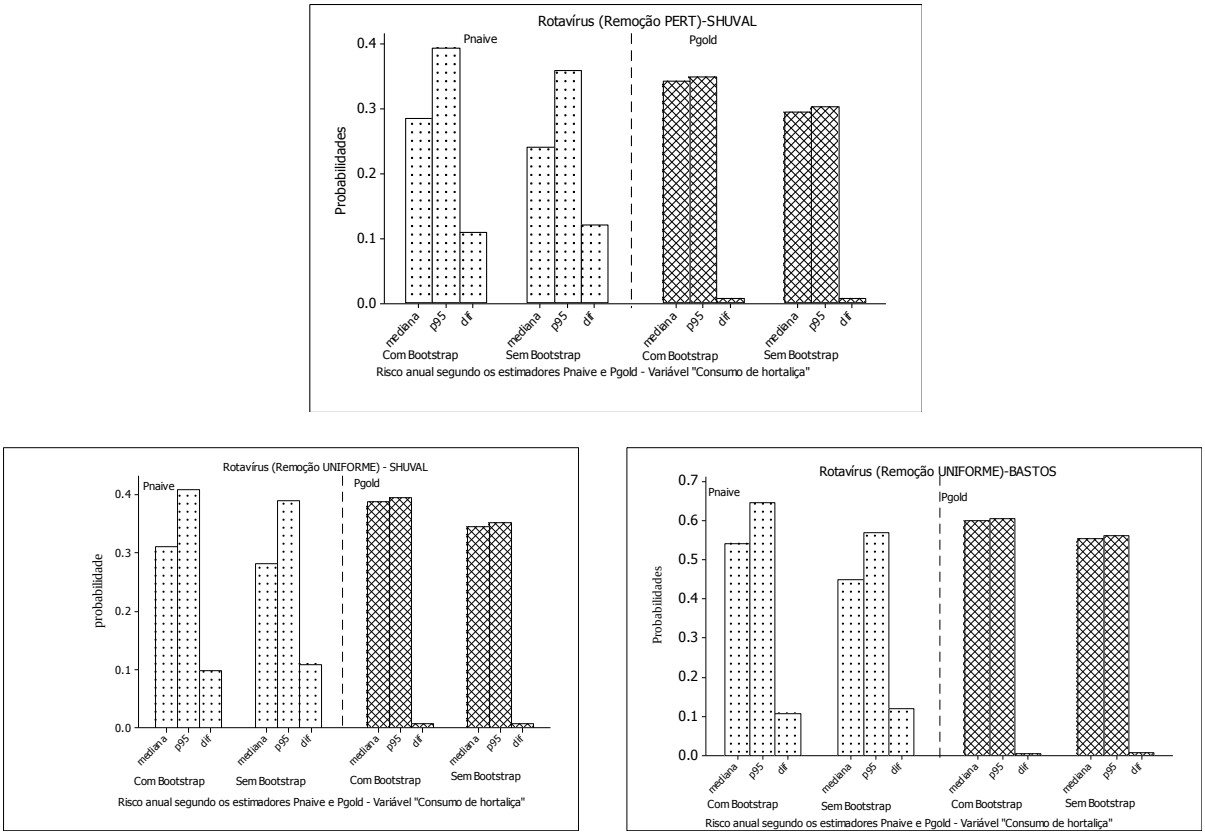


Figura 4.73. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (medianas e percentis 95%) com os estimadores Pnaive e Pgold, variável "consumo de hortaliças" com bootstrapping e sem bootstrapping, variável "remoção de patógenos por lavagem" descrita por distribuição PERT e distribuição uniforme, modelos de Bastos e de Shuval, hortaliças folhosas, Cenário 2.

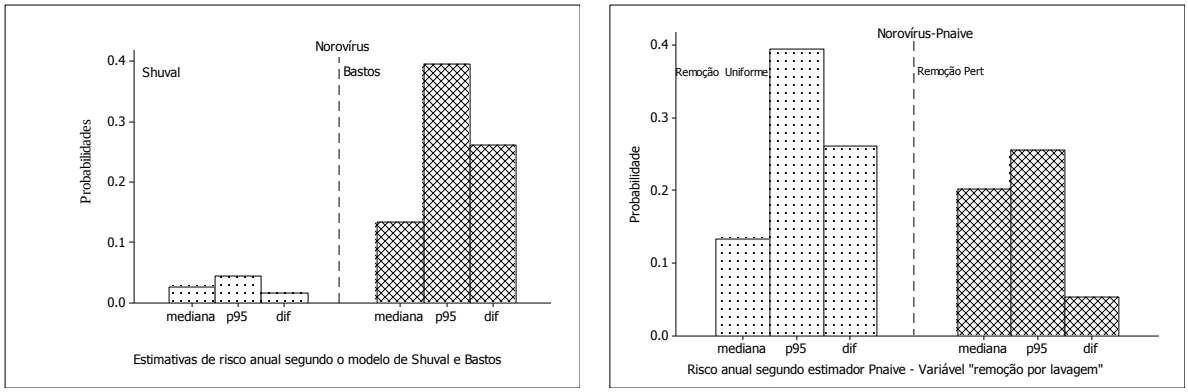


Figura 4.74 Estimativas de risco anual de infecção por norovírus (medianas e percentis 95%),” com os modelos de Shuval e de Bastos (esquerda), variável “remoção de patógenos por lavagem” descrita por distribuição uniforme e PERT (direita), hortaliças folhosas, Cenário 2

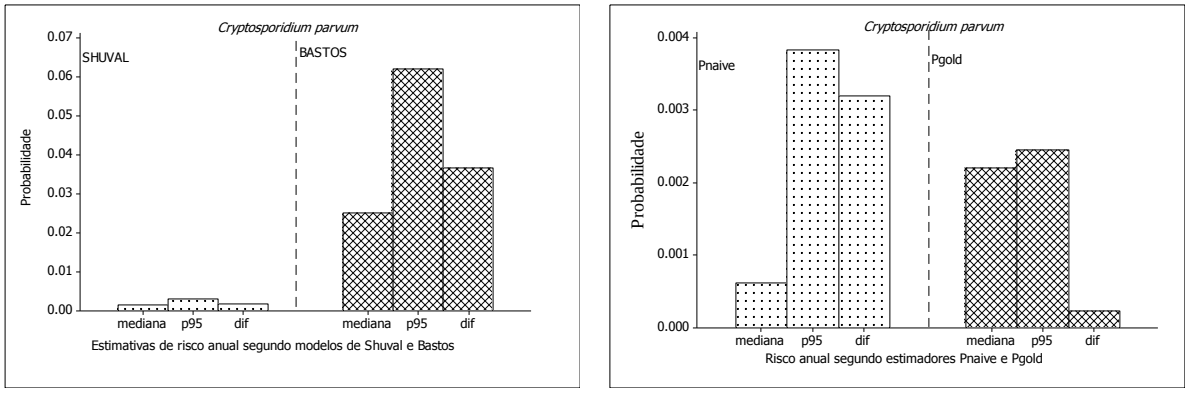


Figura 4.75. Estimativas de risco anual de infecção por Cryptosporidium (medianas e percentis 95%) com os modelos de Shuval e de Bastos (esquerda), estimadores de risco anual Pnaive e Pgold (direita), hortaliças folhosas, Cenário 2.

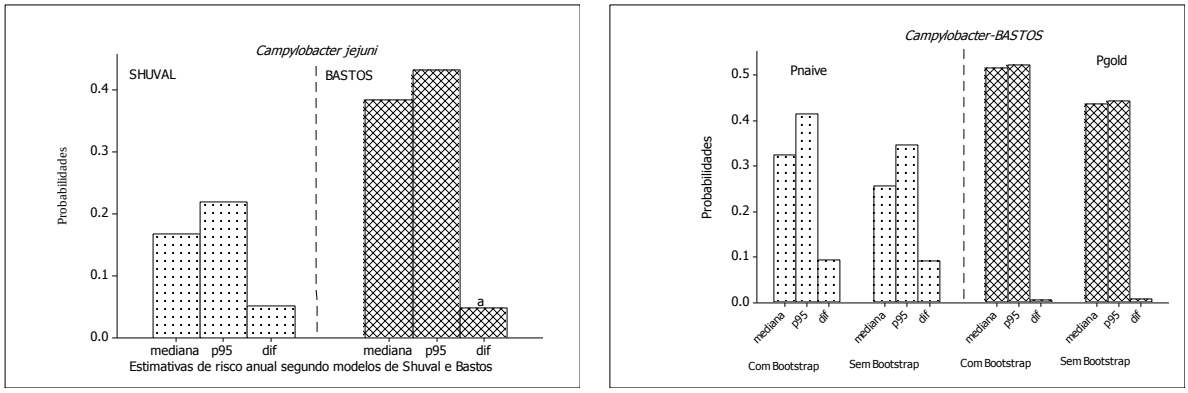


Figura 4.76. Estimativas de risco anual de infecção por Campylobacter (medianas e percentis 95%) com os modelos de Shuval e de Bastos (esquerda), estimadores de risco anual Pnaive e Pgold (direita), hortaliças folhosas, Cenário 2.

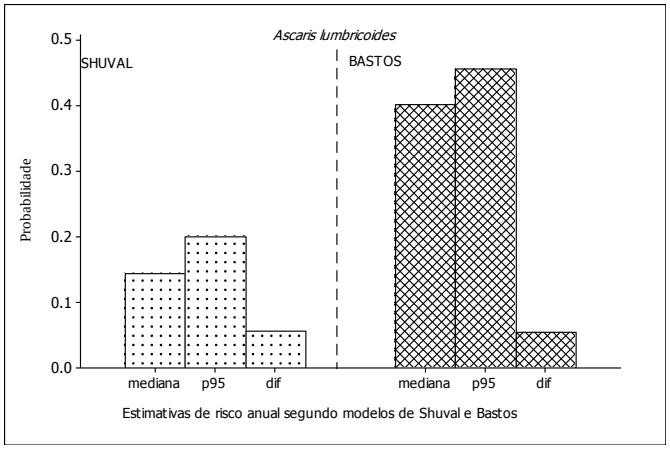
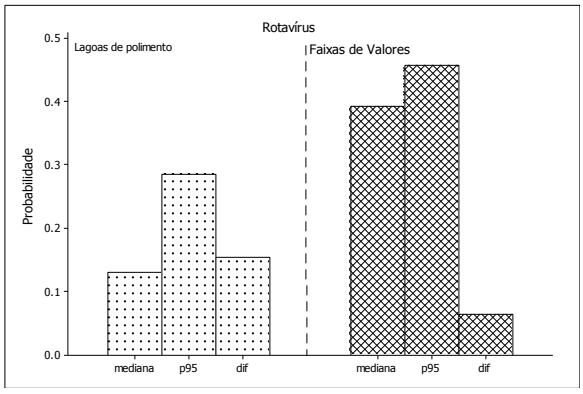
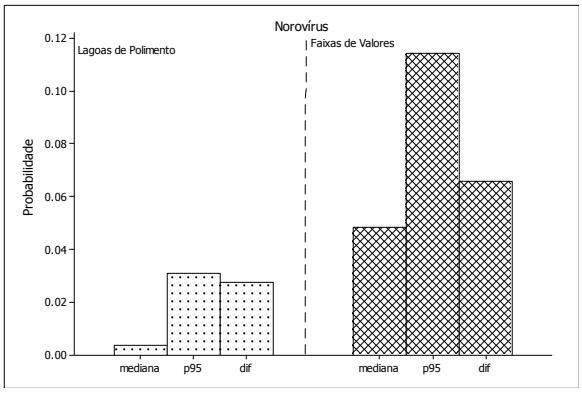


Figura 4.77. Estimativas de risco anual de infecção por Ascaris (medianas e percentis 95%) com os modelos de Shuval e de Bastos, hortaliças folhosas, Cenário 2.

Outra constatação importante é que uso da distribuição uniforme na concentração do E.coli resultou em estimativas de risco significantemente maiores para todos os grupos de hortaliças. Nas Figuras 4.78, 4.79 e 4.80 estão apresentados resultados comparativos entre os dois cenários: lagoas de polimento vs faixas de valores. Estudos feitos por Pavionne et al. (2010), com as mesmas lagoas de polimento, apontaram para resultados semelhantes aos aqui obtidos.

Cumpre destacar que a comparação foi feita de um modo geral, isto é para cada modelo um dos modelos, de Shuval e de Bastos, foram reunidos os valores de risco anual proveniente dos estimadores Pnaive e Pgold.





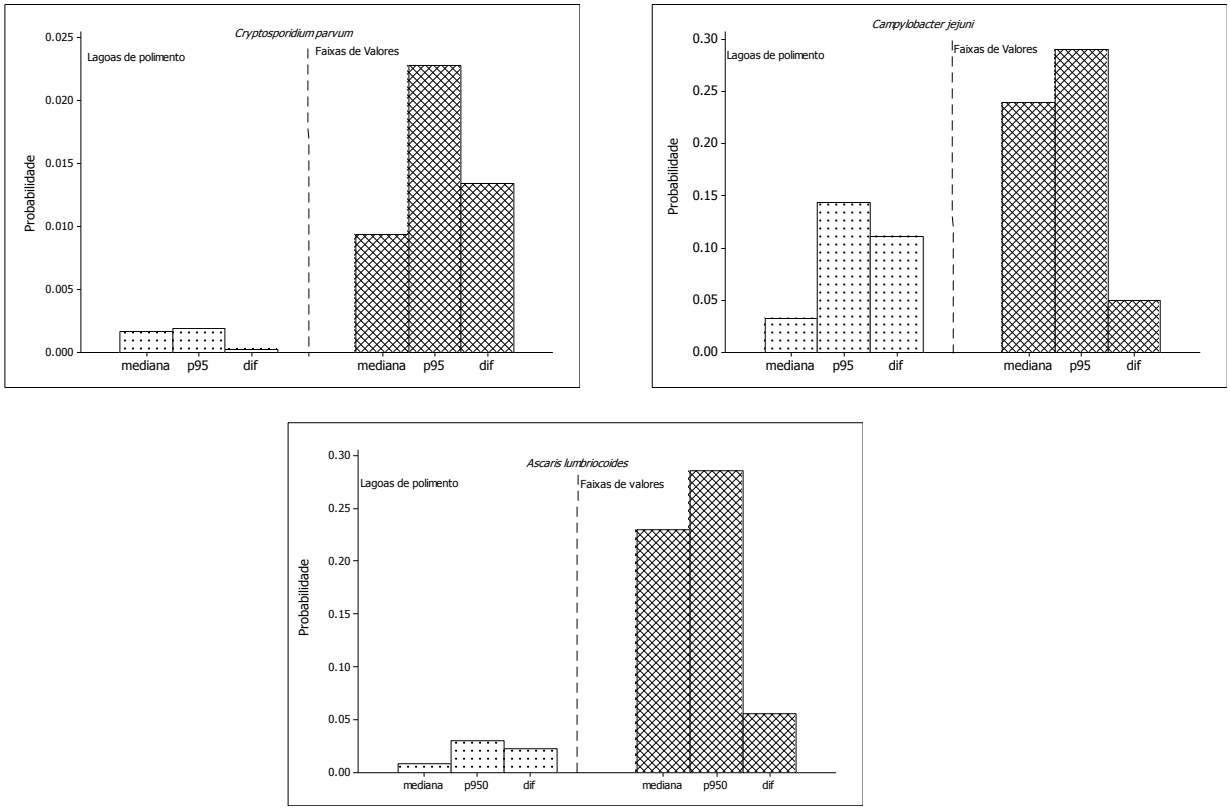
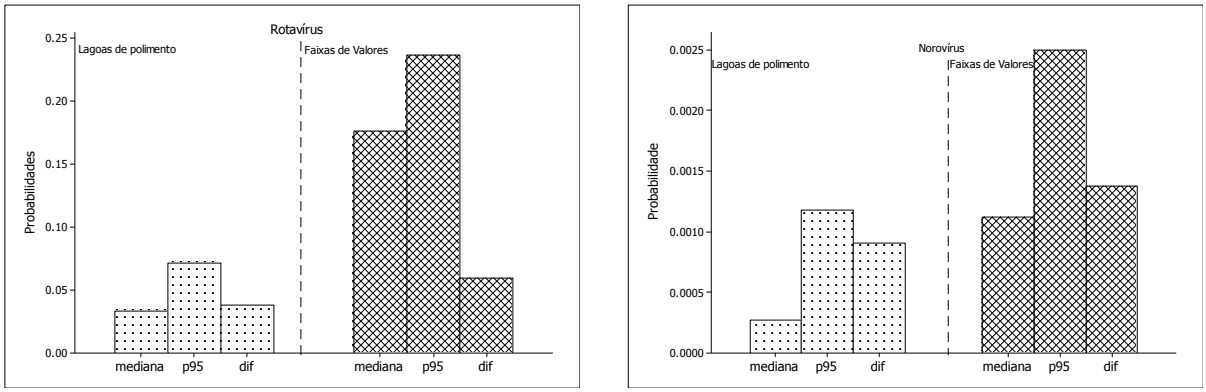


Figura 4.78. Estimativas de risco anual de infecção por rotavirus, norovirus, Campylobacter, Cryptosporidium e Ascaris (medianas e percentis 95%), concentração de E coli nos efluentes das lagoas com distribuição lognormal, e em faixas genéricas de valores com distribuição lognormal, hortaliças folhosas.



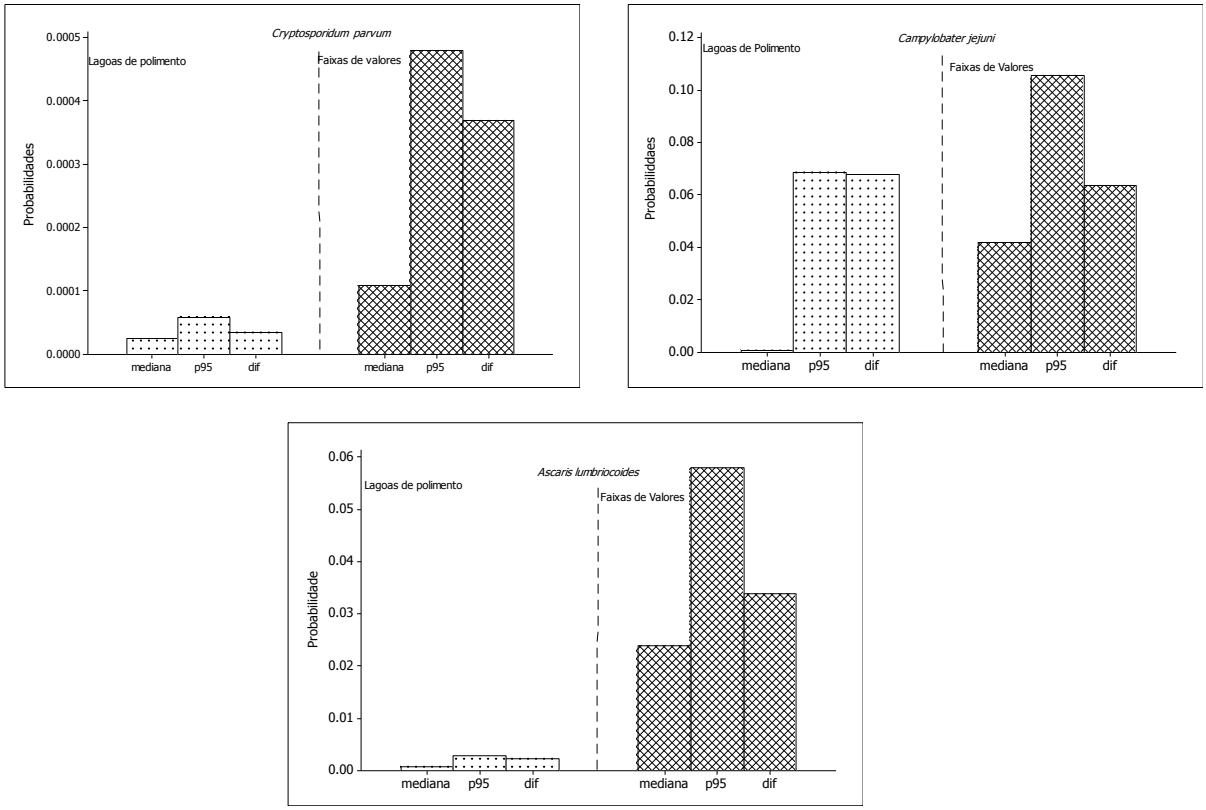
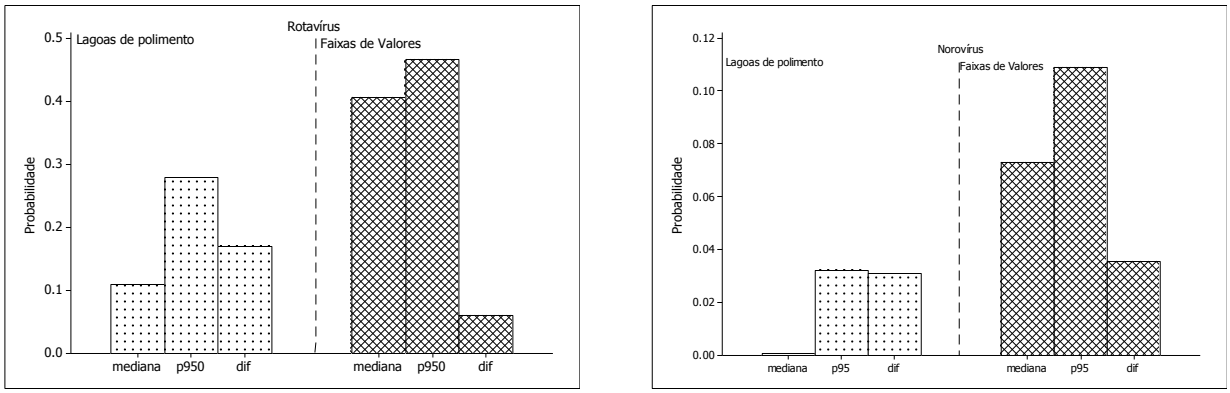


Figura 4.79. Estimativas de risco anual de infecção por rotavirus, norovirus, Campylobacter, Cryptosporidium e Ascaris (medianas e percentis 95%), concentração de E coli nos efluentes das lagoas com distribuição lognormal, e em faixas genéricas de valores com distribuição lognormal, hortaliças frutosas.



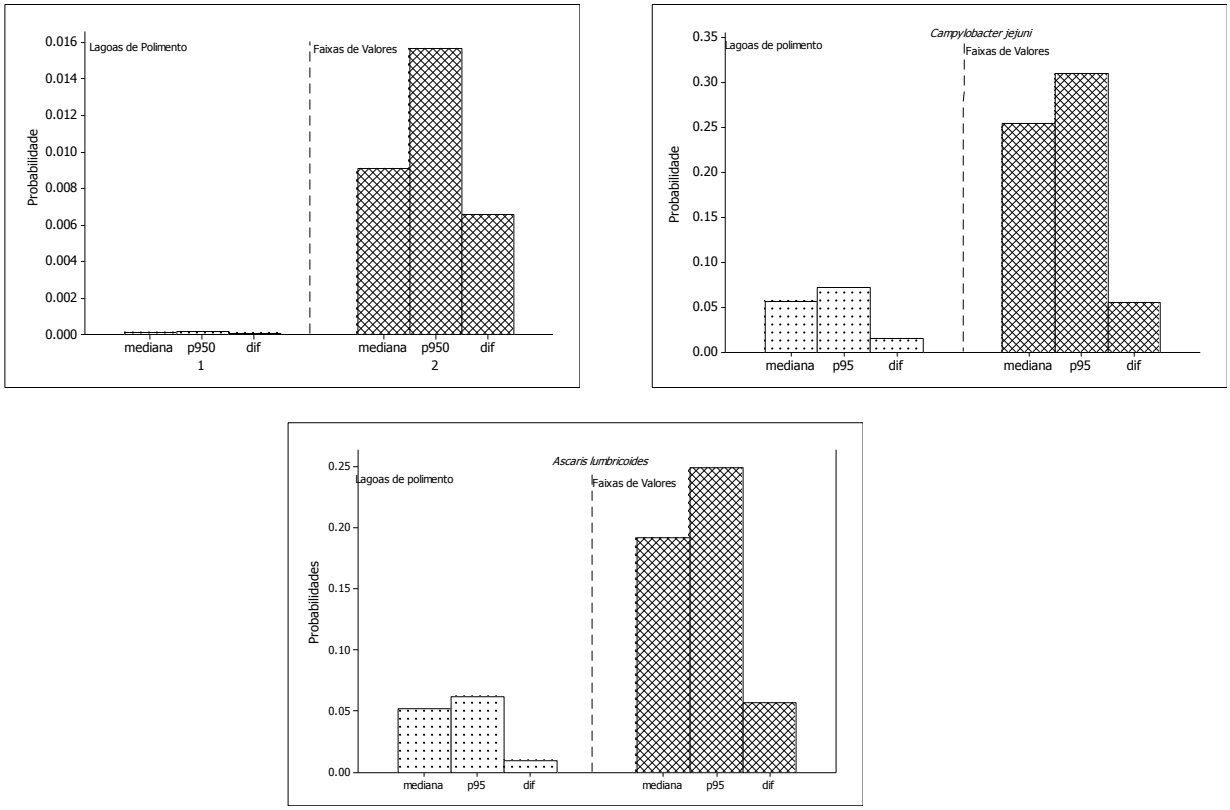


Figura 4.80. Estimativas de risco anual de infecção por rotavirus, norovirus, Campylobacter, Cryptosporidium e Ascaris (medianas e percentis 95%), concentração de E coli nos efluentes das lagoas com distribuição lognormal, e em faixas genéricas de valores com distribuição lognormal, hortaliças folhosas e frutosas.

4.4.3. Síntese dos resultados

Os resultados apresentados nesta seção permitem, de certa forma, conclusões similares às da seção anterior (4.2), porém revestidas de abordagem estatística.

(i) Os modelos de Shuval e de Bastos produziram estimativas de risco estatisticamente diferentes, sendo as do primeiro inferiores em todos os cenários de grupos de hortaliças e respectivos subcenários.

(ii) Os estimadores Pnaive e Pgold produziram estimativas de risco estatisticamente diferentes, sendo que na maioria dos cenários o primeiro estimador resultou em estimativas maiores às do segundo.

(iii) O uso de bootstrapping não paramétrico sobre os dados da POF, tanto no modelo de Shuval quanto no de Bastos, resultou em estimativas de risco inferiores às obtidas com os dados originais da POF (sem bootstrapping) quando e utilizou a concentração de E.coli dos efluentes das lagoas descrita por distribuição lognormal. Por lado, quando a concentração de E.coli foi descrita em faixas genéricas de valores e descritas por distribuição uniforme, as estimativas de risco com bootstrapping foram maiores às obtidas sem bootstrapping.

(iv) Em ambos os modelos (de Shuval e de Bastos), o uso da distribuição PERT em lugar da uniforme, para a variável "remoção" de rotavírus e norovirus produziu estimativas de risco significativamente maiores , mas apenas para o primeiro patógeno.

(v) O uso das distribuições PERT, uniforme e normal para a variável "volume remanescente" do modelo de Shuval não resultou em estimativas de risco significativamente diferentes.

(vi) O uso da distribuição uniforme para a concentração da E.coli resultou em estimativas de risco estatisticamente diferentes das obtidas com distribuição lognormal nos efluentes das lagoas de polimento.

(vii) Em geral, não foram verificadas diferenças significativas entre as estimativas de risco obtidas pelos diferentes métodos de estimativas dos parâmetros dose-resposta, para todos os patógenos, grupos de hortícolas e com os dois estimadores Pnaive e Pgold. A exceção foi o uso de bootstrapping observation, que resultou em estimativas de risco mais elevadas em quase vários cenários.

(viii) No que tange aos modelos dose resposta, o modelo beta-binomial resultou em estimativas de risco em geral maiores às dos modelos beta-Poisson e da função hipergeométrica de confluente de Kummer (beta-Poisson exato).

4.5. ANÁLISE DE SENSIBILIDADE

4.5.1. Análise “convencional”

A seguir são apresentados os resultados da análise de sensibilidade para verificação das variáveis de entrada dos modelos de AQRM (dos modelos de exposição de Shuval e de Bastos e dos modelos dose-resposta - alfa, beta, r) de maior impacto nas estimativas de risco, para estimador Pnaive, segundo os métodos de estimativas dos parâmetros dos modelos DR.

Nas tabelas a seguir os resultados de correlação entre as variáveis dos modelos de exposição de dose-reposta e as estimativas de risco referem-se aos seguintes cenários: riscos de infecção anual por rotavírus, norovírus, Cryptosporidum, Campylobacter e Ascaris, modelos de Shuval e de Bastos; concentração de E. coli nos efluentes das lagoas de polimento descrita por distribuição lognormal; “volume remanescente” no modelo de Shuval segundo distribuição uniforme; consumo de hortaliças folhosas, frutosas e folhosas + frutosas, padrão de consumo de hortaliças segundo dados originais sem bootstrapping (SB) e com bootstrapping (CB); modelos dose-resposta beta-Poisson, beta-binomial, e exponencial; parâmetros dos modelos dose-reposta obtidos segundo o método de máxima verossimilhança, Inferência Bayesiana e Bootstrapping Bayesiano, estimador Pnaive.

No entanto, são apresentados apenas os resultados de três combinações entre métodos de obtenção dos parâmetros dos modelos dose-reposta e grupos de hortaliças: (i) hortaliças folhosas – máxima verossimilhança (Tabela 4.63); hortaliças frutosas – Inferência Bayesiana (Tabela 4.64); hortaliças folhosas e frutosas – Bootstrapping Bayesiano (Tabela 4.64). As combinações omitidas entre essas variáveis, e outras, por exemplo, com o estimador Pgold ou com uso de outras distribuições para as variáveis “remoções de patógenos” e “volume remanescente”, o foram porque não forneceram resultados diferentes dos a seguir apresentados.

4.5.2. Método de máxima verossimilhança – hortaliças folhosas (Tabela 4.63)

Em geral, a variável "concentração de E. coli no efluente" foi a que revelou maior impacto sobre a variável de saída (estimativas de risco), com coeficientes de Spearman que variaram de 0,4-0,9 (valores aproximados em ordem de magnitude).

Em posição intermediária, com coeficientes de correlação entre 0,3-0,6, aparecem as variáveis "número de patógenos por 10^5 E.coli,", "remoção de patógenos".

No outro extremo, também em geral, a variável de menor impacto foi o "volume remanescente" (no caso do modelo Shuval), cujos coeficientes de Spearman variaram entre 0,2 e 0,3 (de novo, em ordem de magnitude). (Tabela 4.63) Considerando todas as combinações, inclusive aquelas não apresentadas, foram encontrados valores ainda mais baixos, por exemplo 0,05.

Por sua vez, a variável "consumo de hortaliças" apresentou oscilações: (i) posição intermediária quando os dados foram assumidos sem bootstrapping (SB) , com coeficientes de correlação entre 0,3-0,5 e (ii) baixíssimo impacto quando os dados foram tratados por reamostragem com bootstrapping (CB) – coeficientes de correlação entre 0,06-0.12 na Tabela 4.63 (valores ainda mais baixos considerando os dados como um todo).

Talvez, o bootstrapping não paramétrico tenha gerado distribuições incluindo dados de consumo muito baixos, inclusive próximos de zero, representando desta forma exposição e, consequentemente, riscos muito pequenos.

Por fim, registra-se que não houve diferenças notáveis entre os impactos sobre as estimativas de risco causadas pelos diferentes modelos DR. Aliás, na Tabela 4.63 se vê que os coeficientes relativos aos modelos beta-Poissson e beta-binomial foram praticamente iguais.Também não houve impacto diferenciado decorrente do emprego dos modelos de Shuval ou de Bastos

Tabela 4.63**.** Coeficientes de correlação de Spearman entre as variáveis de entrada dos modelos de exposição e as estimativas de riscos de infecção anual por rotavírus, norovírus, Cryptosporidum, Campylobacter e Ascaris referentes ao seguinte cenário: modelos de Shuval e de Bastos; "volume remanescente" no modelo de Shuval segundo distribuição uniforme; consumo de hortaliças folhosas; padrão de consumo segundo dados originais sem bootstrapping (SB) e com bootstrapping (CB); modelos dose-resposta beta-Poisson, beta-binomial, e exponencial; parâmetros dos modelos dose-reposta obtidos segundo o método de máxima verossimilhança; estimador Pnaive.

Variáveis de entrada	Lagoas	Rotavírus								Cryptosporidum,			
		β-Poisson				β -binomial				Exponencial			
		Shuval		Bastos		Shuval		Bastos		Shuval		Bastos	
		SB	CB	SB	CB	SB	CB	SB	CB	SB	CB	SB	CB
E.coli no efluente	L1	0.608	0.662	0.511	0.58	0.608	0.65	0.507	0.58	0.621	0.6685	0.4224	0.629
	L2	0.65	0.71	0.584	0.691	0.65	0.705	0.612	0.691	0.669	0.745	0.53	0.704
	L3	0.805	0.896	0.767	0.824	0.805	0.848	0.767	0.824	0.821	0.873	0.793	0.036
	L4	0.771	0.821	0.737	0.412	0.771	0.821	0.737	0.412	0.791	0.853	0.756	0.837
Consumo de hortaliças	L1	0.428	0.376	0.462	0.082	0.428	0.084	0.46	0.082	0.408	0.083	0.398	0.166
	L2	0.379	0.08	0.448	0.093	0.379	0.083	0.641	0.093	0.391	0.053	0.395	0.101
	L3	0.306	0.08	0.421	0.13	0.306	0.079	0.59	0.13	0.29	0.015	0.352	0.603
	L4	0.311	0.061	0.355	0.063	0.311	0.061	0.355	0.063	0.324	0.738	0.38	0.083

Remoção de patógenos	L1	0.379	0.392	0.527	0.59	0.379	0.471	0.524	0.59	0.307	0.398	0.403	0.449
	L2	0.406	0.455	0.491	0.543	0.406	0.455	0.412	0.543	0.334	0.364	0.285	0.545
	L3	0.336	0.373	0.369	0.308	0.336	0.343	0.398	0.308	0.276	0.272	0.304	0.327
	L4	0.353	0.31	0.413	0.334	0.353	0.38	0.423	0.334	0.289	0.289	0.35	0.367
Nº de patógenos por 10^5 E. coli	L1	0.325	0.289	0.399	0.46	0.325	0.364	0.397	0.46	0.358	0.398	0.298	0.422
	L2	0.297	0.347	0.373	0.423	0.297	0.347	0.405	0.423	0.334	0.374	0.277	0,452
	L3	0.246	0.27	0.291	0.308	0.246	0.27	0.291	0.308	0.278	0.226	0.311	0.323
	L4	0.264	0.287	0.308	0.433	0.264	0.287	0.308	0.433	0.283	0.294	0.398	0.354
Volume remanescente	L1	0.27	0.205			0.27	0.297			0.273	0.316		
	L2	0.267	0.279			0.267	0.279			0.274	0235		
	L3	0.21	0.22			0.21	0.22			0.206	0.22		
	L4	0.228	0.23			0.228	0.23			0.222	0.341		

continua...

Tabela 4.63**.** Coeficientes de correlação de Spearman entre as variáveis de entrada dos modelos de exposição e as estimativas riscos de infecção anual por rotavírus, norovírus, Cryptosporidum, Campylobacter e Ascaris referentes ao seguinte cenário: modelos de Shuval e de Bastos; "volume remanescente" no modelo de Shuval segundo distribuição uniforme; consumo de hortaliças folhosas; padrão de consumo segundo dados originais sem bootstrapping (SB) e com bootstrapping (CB); modelos dose-resposta beta-Poisson, beta-binomial, e exponencial; parâmetros dos modelos dose-reposta obtidos segundo o método de máxima verossimilhança; estimador Pnaive (continuação)

Variáveis de entrada	Lagoas	Campylobacter								Ascaris							
		β-Poisson				β -binomial				β-Poisson				β-binomial			
		Shuval		Bastos		Shuval		Bastos		Shuval		Bastos		Shuval		Bastos	
		SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B
E.coli no efluente	L1	0.632	0.677	0.54	0.651	0.632	0.694	0.54	0.654	0.6206	0.694	0.682	0.638	0.6206	0.694	0.54	0.615
	L2	0.65	0.743	0.576	0.731	0.65	0.743	0.608	0.71	0.682	0.74	0.64	0.691	0.682	0.74	0.614	0.71
	L3	0.84	0.871	0.081	0.864	0.84	0.871	0.807	0.869	0.83	0.843	0.796	0.859	0.83	0.843	0.765	0.861
	L4	0.794	0.853	0.771	0.082	0.794	0.814	0.771	0.49	0.801	0.852	0.789	0.841	0.801	0.852	0.769	0.845
Consumo de hortaliças	L1	0.406	0.081	0.493	0.111	0.406	0.081	0.493	0.09	0.406	0.086	0.082	0.09	0.406	0.086	0.504	0.111
	L2	0.379	0.652	0.435	0.107	0.379	0.065	0.462	0.08	0.382	0.365	0.473	0.99	0.382	0.365	0.473	0.11
	L3	0.35	0.065	0.334	0.069	0.35	0.0625	0.316	0.07	0.293	0.058	0.351	0.06	0.293	0.058	0.351	0.006
	L4	0.329	0.05	0.379	0.068	0.329	0.047	0.379	0.059	0.32	0.083	0.391	0.07	0.32	0.083	0.391	0.07
Remoção de patógenos	L1	0.361	0.395	0.419	0.499	0.361	0.395	0.419	0.489	0.332	0.393	0.487	0.459	0.332	0.393	0.403	0.491
	L2	0.406	0.362	0.477	0.441	0.406	0.365	0.388	0.45	0.331	0.38	0.409	0.459	0.331	0.38	0.405	0.461
	L3	0.25	0.26	0.316	0.42	0.25	0.26	0.316	0.309	0.248	0.293	0.037	0.331	0.248	0.293	0.301	0.331
	L4	0.273	0.295	0.319	0.433	0.273	0.279	0.319	0.389	0.225	0.312	0.33	0.321	0.225	0.312	0.33	0.361

Nº de patógenos por 10^5 E. coli	L1	0.359	0.393	0.418	0.502	0.359	0.393	0.418	0.489	0.333	0.385	0.477	0.509	0.333	0.385	0.416	0.512
	L2	0.27	0.37	0.373	0.456	0.27	0.37	0.4	0.46	0.313	0.37	0.391	0.449	0.313	0.37	0.391	0.451
	L3	0.258	0.272	0.392	0.038	0.258	0.272	0.293	0.0321	0.256	0.275	0.304	0.321	0.256	0.275	0.304	0.311
	L4	0.273	0.311	0.32	0.344	0.273	0.291	0.32	0.359	0.277	0.295	0.33	0.325	0.277	0.295	0.33	0.354
Volume remanescente	L1	0.292	0.31			0.292	0.31			0.225	0.32			0.225	0.32		
	L2	0.267	0.392			0.267	0.292			0.274	0.297			0.274	0.297		
	L3	0.213	0.208			0.213	0.208			0.27	0.23			0.27	0.23		
	L4	0.222	0.229			0.231	0.201			0.21	0.256			0.21	0.256		

4.5.3. Inferência Bayesiana – hortaliças frutosas (Tabela 4.64)

Dos resultados da Tabela 4.64 referentes às quatro lagoas (complementados pelas informações não incluídas aqui), destacam-se as seguintes observações de caráter geral, muito semelhantes ao caso anterior (máxima verossimilhança e hortaliças folhosas).

Mais uma vez, a variável "concentração de E. coli no efluente" foi a que revelou maior impacto sobre as estimativas de risco, com coeficientes de Spearman entre 0,3-0,9.

Em posição intermediária, também aqui apareceram as variáveis "número de patógenos por 10^5 E.coli," e "remoção de patógenos", com coeficientes de correlação entre 0,3-0,5.

Novamente, no outro extremo a variável de menor impacto foi o "volume remanescente" (no caso do modelo Shuval), com coeficientes de Spearman entre 0,04 e 1.

Como no caso anterior, a variável "consumo de hortaliças" apresentou oscilações: (i) posição também intermediária quando os dados foram assumidos sem bootstrapping (SB), mas com coeficientes de correlação mais baixos 0,1-0,3 e (ii) baixíssimo impacto quando os dados foram tratados por reamostragem com bootstrapping (CB) – coeficientes de correlação entre 0,02-01.

Adicionalmente, em geral, os parâmetros dos modelos DR mostraram também impactos muito pequenos na estimativa de risco, com exceção do "parâmetro β" do modelo beta-Poisson, que apresentou coeficientes de correlação negativos e relativamente altos (0,4-0,6), salvo também exceções.

Por fim, novamente, não houve impacto diferenciado decorrente do uso dos vários modelos DR, na Tabela 4.64 ilustrado pelos coeficientes dos modelos beta-Poissson e beta-binomial, nem do emprego dos modelos de Shuval ou de Bastos.

Tabela 4.64**.** Coeficientes de correlação de Spearman entre as variáveis de entrada dos modelos de exposição e de dose-resposta e as estimativas de riscos de infecção anual por rotavírus, Cryptosporidum e Campylobacter referentes ao seguinte cenário: modelos de Shuval e de Bastos; "volume remanescente" no modelo de Shuval segundo distribuição uniforme; consumo de hortaliças frutosas; padrão de consumo segundo dados originais sem bootstrapping (SB) e com bootstrapping (CB); modelos dose-resposta beta-Poisson, beta-binomial, e exponencial; parâmetros dos modelos dose-reposta obtidos segundo o método de Inferência Bayesiana, estimador Pnaive.

Variáveis de entrada	Lagoas	Rotavírus						Cryptosporidum					
		β-Poisson				β -binomial				Exponencial			
		Shuval		Bastos		Shuval		Bastos		Shuval		Bastos	
		SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B
E.coli no efluente	L1	0.567	0.581	0.281	0.282	0.67	0.612	0.361	0.361	0.679	0.721	0.541	0.561
	L2	0.612	0.631	0.31	0.321	0.710	0.741	0.412	0.423	0.739	0.759	0.431	0.461
	L3	0.771	0.791	0.481	0.631	0.851	0.87	0.6	0.631	0.87	0.891	0.64	0.621
	L4	0.741	0.761	0.451	0.456	0.831	0.85	0.571	0.601	0.849	0.869	0.591	0.621
Consumo de hortaliças	L1	0.16	0.18	0.231	0.021	0.19	0.18	0.271	0.03	0.22	0.02	0.271	0.03
	L2	0.15	0.16	0.213	0.02	0.17	0.03	0.231	0.04	0.199	0.04	0.217	0.04
	L3	0.13	0.134	0.211	0.02	0.139	0.02	0.231	0.02	0.149	0.033	0,23	0.02
	L4	0.14	0.13	0.211	0.19	0.121	0.02	0.591	0.611	0.159	0.149	0.25	0.03
Remoção de patógenos	L1	0.399	0.411	0.491	0.312	0.49	0.521	0.661	0.701	0.349	0.0411	0.541	0.56
	L2	0.379	0.399	0.501	0.621	0.459	0.481	0.661	0.681	0.369	0.379	0.512	0.541
	L3	0.321	0.201	0.451	0.582	0.349	0.35	0.561	0.581	0.289	0.281	0.451	0.561
	L4	0.339	0.341	0.471	0.451	0.361	0.391	0.571	0.417	0.290	0.219	0.471	0.421
	L1	0.321	0.309	0.391	0.412	0.391	0.399	0.512	0.514	0.349	0.421	0.541	0.581

Nº de patógenos por 10^5 E. coli	L2	0.291	0.301	0.371	0.392	0.351	0.361	0.491	0.451	0.351	0.381	0.523	0.551
	L3	0.252	0.251	0.312	0.451	0.279	0.321	0.431	0.451	0.267	0.281	0.451	0.471
	L4	0.267	0.291	0.351	0.452	0.271	0.312	0.414	0.471	0.29	0.319	0.312	0.123
Volume remanescente	L1	0.10	0.05	-	-	0.13	0.08	-	-	0.139	0.07	-	-
	L2	0.10	0.06	-	-	0.12	0.06	-	-	0.119	0.06	-	-
	L3	0.09	0.04	-	-	0.09	0.05	-	-	0.09	0.04	-	-
	L4	0.08	0.05	-	-	0.09	0.06	-	-	0.09	0.07	-	-
Parâmetro alfa Parâmetro r	L1	0.20	0.04	0.21	0.211	0.01	0.02	0.03	0.01	0.199	0.22	0.271	0.291
	L2	0.18	0.04	0.12	0.21	0.01	0.03	0.02	0.01	0.20	0.22	0.217	0.269
	L3	0.15	0.01	0.191	0.04	0.04	0.01	0.03	0.02	0.139	0.13	0.23	0.24
	L4	0.15	0.01	0.191	0.191	0.03	0.01	0.04	0.02	0.16	0.15	0.251	0.24
Parâmetro beta	L1	0.471	-0.481	-0.601	-0.620	-0.02	-0.02	-0.05	-0.012		-		-
	L2	0.415	-0.461	-0.591	-0.031	-0.02	-0.02	-0.05	-0.021		-		-
	L3	-0.371	-0.391	-0.551	-0.021	-0.02	-0.01	-0.04	-0.021.		-		-
	L4	0.398	-0.41	-0.515	-0.571	-0.01	-0.01	-0.04	-0.04		-		-

Tabela 4.64**.** Coeficientes de correlação de Spearman entre as variáveis de entrada dos modelos de exposição e de dose-resposta e as estimativas de riscos de infecção anual por rotavírus, , Cryptosporidum e Campylobacter referentes ao seguinte cenário: modelos de Shuval e de Bastos; "volume remanescente" no modelo de Shuval segundo distribuição uniforme; consumo de hortaliças frutosas; padrão de consumo segundo dados originais sem bootstrapping (SB) e com bootstrapping (CB); modelos dose-resposta beta-Poisson, beta-

binomial, e exponencial; parâmetros dos modelos dose-reposta obtidos segundo o método de Inferência Bayesiana, estimador Pnaive (continuação)

Variáveis de entrada	Lagoas	Campylobacter							
		β-Poisson				β -binomial			
		Shuval		Bastos		Shuval		Bastos	
		SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B
E.coli no efluente	L1	0.69	0.699	0.36	0.40	0.65	0.674	0.541	0.38
	L2	0.739	0.749	0.41	0.451	0.701	0.729	0.411	0.481
	L3	0.859	0.088	0.601	0.641	0.841	0.861	0.59	0.621
	L4	0.831	0.86	0.561	0601	0.81	0.839	0.512	0.581
Consumo de hortaliças	L1	0.22	0.04	0.281	0.04	0.22	0.04	0.241	0.02
	L2	0.20	0.03	0.28	0.05	0.199	0.03	0.261	0.21
	L3	0.169	0.01	0.28	0.03	0.169	0.01	0.231	0.621
	L4	0.161	0.05	0.24	0.04	0.161	0.04	0.261	0.004
Remoção de patógenos	L1	0.369	0.389	0.331	0.531	0.329	0.361	0.421	0.51
	L2	0.341	0.361	0.52	0.51	0.339	0.334	0.481	0.481
	L3	0.269	0.26	0.461	0.44	0.259	0.25	0.43	0.41
	L4	0.291	0.279	0.461	0.451	0.279	0.27	0.491	0.41
Nº de patógenos por 10^5 E.coli	L1	0.389	0.398	0.531	0.541	0.379	0.379	0.451	0.514
	L2	0.375	0.359	0.51	0.511	0.345	0.341	0.495	0.491
	L3	0.279	0.289	0.441	0.412	0.289	0.29	0.421	0.431

	L4	0.291	0.299	0.41		0.279	0.30		0.423
Volume remanescente	L1	0.129	0.09	-		0.149	0.09	-	
	L2	0.119	0.06	-		0.119	0.07	-	
	L3	0.09	0.04	-		0.09	0.04	-	
	L4	0.101	0.06	-		0.11	0.06	-	
Parâmetro alfa	L1	0.259	0.251	0.371	0.41	0.191	0.019	0.241	0.261
	L2	0.261	0.25	0.37	0.25	0.169	0.13	0.241	0.221
	L3	0.119	0.019	0.31	0.331	0.15	0.14	0.21	0.221
	L4	0.191	0.22	0.331	0.331	0.131	0.015	0.231	0.024
Parâmetro beta	L1	-0.012	-0.14	-0.05	-0.08	-0.32	-0.32	-0.342	-0.421
	L2	-0.011	-0.05	-0.05	-0.07	-0.310	-0.31	-0.381	-.0441
	L3	-0.011	-0.07	-0.04	-006	-0.23	-0.22	-0.341	-0.37
	L4	-0.07	-0.04	-0.04	-0.06	-0.26	-0.26	-0.391	-0.387

4.5.4. Bootstrapping Bayesiano - hortaliças folhosas e frutosas (Tabela 4.65)

Também neste cenário se repetem as tendências mais gerais dos cenários anteriores: (i) maior impacto da variável "concentração de E.coli no efluente'; (ii) impacto intermediário das variáveis "número de patógenos por 10^5 E.coli," e "remoção de patógenos"; (iii) as mesmas oscilações anteriormente observadas para a variável "consumo de hortaliças" dependendo do tratamento dos dados, no entanto com coeficiente sempre baixos: sem bootstrapping (0,1-0,2) e com bootstrapping (0,01-0,004); (iv) impacto muito baixo dos parâmetros dos modelos DR; (v) não houve impacto diferenciado decorrente do uso dos vários modelos DR, nem do emprego dos modelos de Shuval ou de Bastos.

Porém, neste caso, uma particularidade importante foi observada: a variável "volume de água remanescente (V)" do modelo de Shuval mostrou impacto relativamente elevado sobre as estimativas de risco, talvez porque aqui se tenha misturado hortaliças cujos valores de V são bem distintos.

Tabela 4.65**.** Coeficientes de correlação de Spearman entre as variáveis de entrada dos modelos de exposição e de dose-resposta e as estimativas de riscos de infecção anual por rotavírus e Cryptosporidum, Campylobacter referentes ao seguinte cenário: modelos de Shuval e de Bastos; "volume remanescente" no modelo de Shuval segundo distribuição uniforme; consumo de hortaliças folhosas e frutosas; padrão de consumo segundo dados originais sem bootstrapping (SB) e com bootstrapping (CB); modelos dose-resposta beta-Poisson, beta-binomial e exponencial; parâmetros dos modelos dose-reposta obtidos segundo o método de Bootstrapping Bayesiano, estimador Pnaive

Variáveis de entrada	Lagoas	Rotavírus				Cryptosporidum		Campylobacter,			
		β-Poisson		β-binomial		Exponencial		β-Poisson		β-binomial	
		Shuval		Shuval		Shuval		Shuval		Shuval	
		SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B	SB	C.B
E.coli no efluente	L1	0.601	0.621	0.581	0.591	0.621	0.631	0.61	0.621	0.61	0.621
	L2	0.605	0.661	0.641	0.641	0.671	0.681	0.551	0.66	0.651	0.66
	L3	0.801	0.80	0.781	0.781	0.82	0.83	0.801	0.811	0.80	0.811
	L4	0.761	0.741	0.710	0.761	0.791	0.831	0.771	0.781	0.711	0.781
Consumo de hortaliças	L1	0.171	0.02	0.171	0.03	0.171	0.02	0.191	0.04	0.191	0.04
	L2	0.171	0.022	0.161	0.02	0.181	0.01	0.18	0.02	0.101	0.02
	L3	0.141	0.01	0.141	0.01	0.161	0.03	0.132	0.01	0.161	0.01
	L4	0.151	0.01	0.151	0.01	0.151	0.01	0.151	0.01	0.161	0.01
Remoção de patógenos	L1	0.411	0.431	0.401	0.411	0.351	0.351	0.33	0.331	0.341	0.331
	L2	0.396	0.411	0.381	0.391	0.331	0.331	0.31	0.311	0.331	0.311
	L3	0.301	0.331	0.301	0.312	0.271	0.271	0.251	0.251	0.251	0.251
	L4	0.341	0.261	0.331	0.351	0.281	0.281	0.211	0.261	0.281	0.261
Nº de patógenos por 10^5 E.coli	L1	0.311	0.321	0.311	0.311	0.331	0.351	0.341	0.331	0.351	0.331
	L2	0.311	0.331	0.291	0.312	0.321	0.321	0.31	0.321	0.331	0.321
	L3	0.311	0.241	0.312	0.241	0.241	0.261	0.271	0.241	0.271	0.241
	L4	0.214	0.261	0.312	0.261	0.271	0.281	0.214	0.281	0.291	0.281

Volume remanescente	L1	0.441	0.441	0.421	0.431	0.35	0.481	0.441	0.461	0.441	0.461
	L2	0.421	0.421	0.401	0.411	0.43	0.441	0.421	0.441	0.431	0.441
	L3	0.301	0.321	0.331	0.321	0.351	0.351	0.341	0.361	0.33	0.361
	L4	0.361	0.361	0.351	0.361	0.371	0.391	0.361	0.371	0.361	0.371
Parâmetro alfa Parâmetro r	L1	0.02	0.02	0.161	0.161	0.04	0.03	0.02	0	0.181	0
	L2	0.02	-0.02	0.17	0.16	0.021	0.02	0.03	0.01	0	0.01
	L3	0.03	-0.02	0.141	0.21	0.011	0.009	0.01	0.01	0	0.01
	L4	0.00	-.021	0.215	0.14	0.03	0.01	0.02	0.01	0.141	0.01
Parâmetro beta	L1	-0.08	0.02	-0.08	-0.01			-0.24	-0.025	-0.02	-0.025
	L2	-0.06	0.00	-0.14	-0.03			-0.22	-0.022	-0.11	-0.022
	L3	-0.01	-0.01	-0.11	-0.15			-018	-0.017	-0.13	-0.017
	L4	-0.02	0.201	-0.12	-0.13			-0.19	-0.018	-0.03	-0.018

4.5.5. Discussão e síntese dos resultados

A variável "consumo de hortaliças' foi uma das que menos impactou o resultado final na maioria dos cenários de exposição aqui estudados. A aplicação de bootstrapping não paramétrico aos dados originais da POF reduziu ainda mais a importância dessa variável na determinação das estimativas de risco. Essa constatação também foi verificada por Pavione et al. (2013), que também utilizou base de dados da POF (porém sem incluir reamostragem) e mesma base de dados dos efluentes da lagoas.

Salvo exceções, a variável "volume de água remanescente" do modelo de Shuval mostrou impacto muito baixo sobre as estimativas de risco.

No entanto, outros estudos de AQRM, essas duas variáveis se revelaram dentre as mais importantes nas estimativas de risco (HAMILTON et al., 2006; BARKER et al., 2012; MOK et al., 2014; BARKER et al. 2014).

Por sua vez, a variável "concentração de E.coli efluente" revelou-se, como a de maior impacto nas estimativas de risco, o que denota a importância de se dispor de um banco de dados consistente e bem caracterizado do ponto de vista estatístico sobre a qualidade da água utilizada para irrigação. Em outras palavras, um banco de dados cuja variabilidade seja descrita da melhor maneira possível.

A variável "patógenos por 10^5 *E.coli"* também mostrou impacto, ainda que menos acentuado, nas estimativas de risco. Esta é uma variável cujas incertezas se devem mais a desconhecimento (incerteza verdadeira) do que variabilidade. Isso mostra a necessidade de melhor apropriação dessa variável para a aplicação mais adequada em AQRM.

A variável "remoção de patógenos" se apresentou em patamar de importância semelhante ao de "concentração de E.coli efluente". Sua variabilidade se encontra relativamente bem apropriada na literatura em relação a rotavírus e norovírus BAKER et al., 2012; MOK et al., 2014; BARKER et al., 2014). O mesmo não pode, entretanto, ser dito para os demais patógenos e, neste caso, estar-se-ia também tratando de incertezas verdadeiras, que demandam mais estudos.

O impacto dos parâmetros dos modelos DR e do uso dos vários modelos DR foi muito baixo. Assim sendo, a tentativa de superar eventuais dificuldades impostas por limitação de

informações e incertezas verdadeiras sobre os parâmetros dos modelos DR parecem esforço em vão. Da mesma forma o uso de modelos DR mais sofisticados parece desnecessário.

5. CONCLUSÕES

As estimativas de risco anual de infecção por norovírus, obtidas com os dois estimadores de risco anual, foram menores que as de rotavírus. Isso coloca em questão sugestões de uso de norovirus em lugar de rotavirus como vírus de referência em estudos de AQRM.

No que diz respeito aos critérios de estimativa de contaminação das hortaliças irrigadas, o modelo de Bastos rendeu, sistematicamente, estimativas de risco maiores às obtidas com o modelo de Shuval. O modelo de Bastos parece ser mais convincente em seus fundamentos e é mais abrangente (se aplica a grupos de hortaliças), enquanto o de Shuval é planta-específico. Os resultados sugerem então a pertinência de estudos complementares no sentido de validação ou refinamento de modelos do tipo do de Bastos.

De modo geral, o uso da distribuição uniforme em comparação com a distribuição lognormal, nos dados de concentração de E.coli no efluente, promoveu estimativas de risco mais elevadas. Mesma constatação foi verificada quando a distribuição uniforme foi usada no lugar da distribuição PERT para as variáveis "remoção de patógenos por higiene dos alimentos" e "volume remanescente de água nas plantas irrigadas". Distribuição uniforme é algo a que se recorre quando não se dispõe de conhecimento para bem caracterizar a variabilidade de determinada variável, ou seja, expressa incerteza verdadeira. Portanto, os resultados mostram, por um lado, a importância de se dispor de séries de dados consistentes sobre essas variáveis, sob pena de superestimativas de riscos. E isso tão mais é necessário quão mais importante for a variável na determinação dos riscos, no caso, a concentração de E.coli no efluente ou, mais genericamente, a qualidade da água de irrigação. Por outro lado, os resultado indicam que no caso de impossibilidade de reduzir as incertezas verdadeiras ou mais bem caracterizar as a variabilidade, a superestimativa de riscos estaria de todo modo simulando cenários a favor da segurança.

Quando se utilizou os dados de E. coli dos efluentes das lagoas (descritos por distribuição lognormal), o uso de bootstrapping não paramétrico (reamostragem) sobre o banco de dados original da variável "consumo de hortaliças", ao invés dos dados originais descritos por diversas FDPs, resultou em estimativas de risco inferiores. Por outro lado, o inverso foi observado com o uso dos dados de E. coli em efluentes em faixas genéricas de valores seguindo distribuição uniforme Assim, sendo a sofisticação dessas duas variáveis parece concorrer na determinação dos riscos. Além disso,

a análise de sensibilidade indicou que a variável ‘ consumo de hortícolas’ é uma das que menos impactou no resultado final. Por tudo isso, o uso de bootstrapping neste caso parece ser uma sofisticação que não se justifica. Por outro lado, a comparação com a ‘simplicidade maior”, que seria utilizar os dados da POF em distribuição uniforme, ficou por fazer.

Outra sofisticação que parece não se justificar é a tentativa de se atribuir incertezas aos parâmetros dos modelos dose-resposta, pois isso em geral não resultou em diferenças nas estimativas de risco, com uma exceção é bem verdade, que promove estimativas mais elevadas (bootstrapping observation). Essa conclusão se vê reforçada pela pouca importância dada a estas variáveis pela análise de sensibilidade.

O emprego dos modelos dose-resposta mais tradicionais ou usuais (beta-Poisson e exponencial) parece também referendado, em que pese a indicação de que o emprego do modelo beta-binomial resulta em estimativas de risco elevadas. Ou seja, neste único caso, pode caber recomendação de troca de referência de uso de modelo DR em AQRM: beta-binomial em lugar do beta-Poisson.

Tudo isso posto e retomando os pressupostos deste trabalho (...)

Por “modelos simples” entendem-se aqui aqueles: (i) cujas variáveis de entrada dos modelos de exposição foram definidas por distribuição uniforme ou sem reamostragem; (ii) que se valeram dos modelos DR mais usuais (beta-Poisson e exponencial) e (iii) cujos parâmetros foram tomados em valores únicos obtidos por máxima verossimilhança e tradicionalmente utilizados na literatura; e (iv) em que os riscos anuais foram computados pelo estimador naive.

Por sua vez, “modelos complexos” seriam aqueles: (i) cujas variáveis de entrada dos modelos de exposição foram definidas por distribuição PERT ou por reamostragem; e (ii) que se valeram dos modelos DR menos usuais (beta-Poisson exato, beta-binomial, função hipergeométrica Gaussiana) e (iii) cujos parâmetros, destes e dos “usuais” (beta-Poisson e exponencial), foram tomados em faixas de valores definidas por técnicas de reamostragem; e (iv) em que os riscos anuais foram computados pelo estimador Pgold.

(...) entende-se que a hipótese central deste trabalho - modelos simples de AQRM estimam riscos associados a determinado patógeno e cenário de exposição tão bem quanto modelos mais

sofisticados - foi de certa forma confirmada, pois algumas variáveis mais complexas promovem estimativas de risco mais elevadas enquanto outras reduzem as estimativas. Ou sejam esses efeitos seriam de certa foram contrabalançados.

Dito isso, por sua importância e proeminência nos modelos de AQRM, algumas variáveis em particular, merecem "sofisticação", como, por exemplo, a qualidade de água de irrigação e, em menor grau, a relação patógenos / E.coli. Isso viria então confirmar as outras hipóteses levantadas nesta tese: (i) que modelos de AQRM que fundamentam as Diretrizes da OMS apresentam fragilidades importantes que necessitam de melhor apropriação/abordagem de forma que possam ser generalizados de forma mais segura; e (ii) que algumas dessas fragilidades se expressam em variáveis de entrada dos modelos de AQRM determinantes das estimativas de risco e que, portanto, devem receber atenção em termos de investigação.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASANO, T.; LEONG, L. Y. C.; RIGBY, M. G.; SAKAJI, R. H. Evaluation of the California wastewater reclamation criteria using enteric virus monitoring data. Water Science and Technology, v.26, n 7-8, p.1513 – 1524, 1992.

ATAMAR, R.L.; OPEKUN, A.R.; GILGER,M.A.; ESTES,M.K.; CRAWFORD, S.E.; NEILL, F.H.; RAMANI,S.; HEATHER,H.; FERREIRA, J.; GRAHAM, D.Y. Determination of the 50% Human Infectious Dose for Norwalk vírus. Journal of infectious Diseases. p1-7, 2013.

RAZALI, N.; WAH, Y.P. RAZALI, N.; WAH, Y.P. Power comparisons of Shapiro-Wilk , Kolomogorov-Smirnov, Lillefors and Anderson-Darling tests. Journal of Statistical Modelling and Analytics.v.2, n.1, p21-33,2011.

BARKER, S.F.; O'TOOLE J.; SINCLAIR M.I; LEDER, K.; MALAWARAARACHCHI, M.; HAMILTON, A.J. A probabilistic model of norovirus disease burden associated with greywater irrigation of home produced lettuce in Melbourne, Australia. I ,v.47, n.3 ,p.1421-1432, 2012.

BARKER, S.F.; AMOAH, P.; DRECHSEL, P. A probabilistic model of gastroenteritis risks associated with consumption of street food salads in Kumasi, Ghana: Evaluation of methods to estimate pathogen dose from water, produce or food quality. Science of the Total Environment, n.487, p.130-142, 2014.

BASTOS, R. K. X.; BEVILACQUA, P. D.,. Utilização de esgotos sanitários-Marcos conceituais e regulatórios. In: FLORENCIO, L.; BASTOS, R. K. X.; MANSUR, M. A (Coords) Normas e critérios de qualidade para reúso da água. Belo Horizonte: ABES, 2006, p. 17 - 62. (Projeto PROSAB).

BASTOS, R. K. X.; BEVILACQUA, P. D.; SILVA, C. A. B.; SILVA, C. V.; Wastewater irrigation of salad crops: further evidence for the evaluation of the WHO guidelines. Water Science & Technology, v. 57, n. 8, p 1213 – 1219, 2008.

BASTOS, R. K. X; BEVILACQUA, P.D; DIAS, G. M. F., BARONOY, F. J. A., Análise crítica da legislação brasileira para uso agrícola de lodos de esgotos na perspectiva da avaliação quantitativa de risco microbiológico. Revista AIDIS. Vol. 2, n. 1, p143-159, 2009.

BENKE, K. K., HAMILTON, E. A. J., Quantitative microbial risk assessment: uncertainty and measuresof central tendency for skewed distributions. Stochastic Environmental Research and Risk Assessment, v. 22, p 533–539, 2008.

BERNARDO , J.M. Reference Analysis. Handbook of Statistics, 2005 p.17-90.

BLACK R.E.; LEVINE M.M., CLEMENTS M.L., HUGHES T.P., BLASER M.J. Experimental Campylobacter jejuin infection in humans. Journal of Infectious Diseases v.3, n.157, p.472-479, 1988.

BLUMENTHAL, U.J; MARA, D.D.; PEASEY, A.; RUIZ-PALACIOS, G., STOTT, S. Guidelines for the microbiological quality of treated wastewater used in agriculture: recommendations for revising WHO guidelines. Bulletin of the World Health Organization, v. 78, n. 9, p1104-1116, 2000.

BONILHA, P.R. M.; FALCÃO, D. P. Ocorrência de enteropatógenos em alfaces e suas águas de irrigação. Alim. Nutr. v.5: p.87-97, 1993/1994.

BUCHANAN, L.R.; SMITH, L.J., LONG, W. Microbial risk assessment: dose-response relations and risk characterization. International Journal of Food Microbiology n. 58, p 159-172,2000.

BUCHSBAUM, P., Simulação com PERT Modificado, 2012, 11p.

CARR, R. M.; BLUMENTHAL, U. J.; MARA, D. D.Health guidelines for the use of wastewater in agriculture: developing realistic guidelines. In: SCOT, C. A.; FARUQUI, N. I.; RASHID-SALY, L. (ed.). Wastewater use in irrigated agriculture: coordinating the livelihood and environmental realities. Wallingford: CAB International, pp. 52-72, 2004

CASELLA G.; BERGER,R.L. Statistical inference. Duxbury , Pacific Grove, Second Edition. 2002. p660.

COLEMAN, M.E., MARKS, H.M. Qualitative and quantitative risk assessment. Food Control. v.10, p289-297, 1999.

DAVIES, C.M.; FERGUSON, C.M.; KAUCNER, C.; KROGH, M.; ALTAVILLA, N.; DEERE D.A.; ASHBOLT, N.J. Dispersion and transport of Cryptosporidum oocysts from fecal pat sunder simulated rainfall events. Applied and Environmental Microbiology. v.70, n.2, p. 1151-1159, 2004.

DONALD, M.; MENGERSEN K.; TOZE, S., SIDHU J.P.S.; COOK, A. Incorporating parameter uncertainty into quantitative microbial risk assessment (QMRA). Journal of Water and Health, n.1, v.9 p.10-26. 2011.

DUPONT, H.L.; CHAPPELL, C.L.; STERLING, C.R.; OKHUYSEN, P.C.; ROSE; J.B., JAKUBOW S.W., The infectivity of Cryptosporidium parvum in heathy volunteers. The New England Journal of Medicine n.13, v.32,p.855-859, 1995.

EDITORS, JOURNAL OF INFECTIOUS DISEASES ADVANCE. Correspondence. Two Human Challenge Studies Confirm High Infectivity of Norwalk Virus. 2014

EFRON, B. Bootstrap Methods: Another Look at the Jacknife. The annals of statistics. v.7, n.1, p1-26.,1979.

EISENBERG, J.N.; SETO, E.Y.W.; OLIVIREI W. A.; SPEAR, R.C. Quantifying Water Pathogen Risk in an Epidemiological. Risk Analysis. v. 16, n. 4,p.549-563, 1996.

EISENBERG,J.N.S.; MOORE, K.; SOLLER, J.A.; COLOFORD, J.M.; EISENBERG, D. Application of a dynamic model to assess microbial health risks associates with beneficial uses of biosolids. Alexandria, V.A.: Environment Research Foundation, 2006 (Phase II. Report 98-REM-1).

FAO/WHO. Hazard Characterization for pathogens in Food and Water. Guidelines. Microbiological risk assement series no.3, 2003, p61.

FAO/WHO. Food safety risk analysis. A guide for national food safety authorities. Rome, paper 87, 2006, 102, Disponível em ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/a08e/a0822e00.pdf. Acesso em: 0/10/2015.

FEACHEM, R.G.; BRADLEY, D.J; GARELIK, H.; MARA, D.D. Sanitation and disease: health aspects of excreta and wastewater management. New York: John Wiley& Sons, 1983. 501 p.

FERREIRA, D. F., Estatística Básica. 2 edição revisada. Editora Ufla, 2009, p664.

FINLEY, B.; PAUSTENBACH, D. The benefits of probabilistic exposure assessment: Three case studies involving contaminated air, water and soil. Risk analysis. n.1, v.14,53-73 p.1994.

GEYER, J. C. Pratical Markov Chain Monte Carlo. Statistical Science. V.7, n.4, p473-511,1992.

GILKS, W. R.; RICHARDSON, S.; SPIEGELHALTER, D.J. Markov Chain Monte Carlo in Pratice. Interdisciplineary Statistics. First Edition Chapman &Hall/CRC p 485. 1996.

HAAS C. N. Estimation of risk due to low doses of microorganisms: a comparison of alternative methodologies. American Journal of Epidemiology, v.118, n.4, 1983.

HAAS C. N.; ROSE J. B; GERBA, C.P. Quantitative microbial risk assessment. Second Edition. New York: John Wiley & Sons, 1999, 449p.

HAAS C. N.; ROSE J. B; GERBA, C.P. Quantitative microbial risk assessment. New York: John Wiley & Sons, , 441p.

HAAS, N.C Conditional Dose-Response Relationships for Microorganisms: Development and Application. Risk Analysis, Vol. 22, No. 3, 2002.

HAIR, J. F.; BLACK, W. B.; BABIN, B.J.; ANDERSON, R.E., Multivariate data analysis. 7 th. Pearson Prentice Hall. p761. 2010,

HAMILTON, A. J., STAGNITTI, F., PREMIER, R., BOLAND, A. M., HALE, G.; Quantitative Microbial Risk Assessment Models for Consumption of Raw Vegetables Irrigated with Reclaimed Water. Applied and environmental microbiology, v. 72, n. 5, p. 3284 – 3290, 2006a.

HAMILTON, A. J., STAGNITTI, F., PREMIER, R., BOLAND, A. M., HALE, G. Is the risk of illness through consuming vegetables irrigated with reclaimed wastewater different for different population groups? Water Science & Technology Vol 54 No 11–12 pp 379–386, 2006b

HINCKLEY, D. V. Bootstrap Methods. Journal of the Royal Statistical Society B, v.50, p321–337, 1988.

HOLCOMB, D.L.; SMITH, M. A.; Ware, O.G.; Hung, Y., Brackett, R.E.; Doyle, M. P.; Comparison of Six Dose-Response Models for Use with Food-Borne Pathogens. Risk Analysis. v. 19, n. 6, p.1090-1100, 1999.

HUELSENBECK, J.P.; CRANDALL, K.A. Phylogeny estimation and Hypothesis testing using Maximum likelihood. Annual reviews Ecological Systems, v.28,p437-466,1997;

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística Pesquisa de orçamentos familiares 2008–2009. Aquisição alimentar domiciliar per capita - Brasil e grandes regiões(Family Budget Survey 2008–2009 Domestic per Capita FoodDaily Intake – Brazil and Great Regions). Available from:http://www.ibge.gov.br/home/xml/pof_2008_2009.shtm (acessado no dia 23 November 2014).

ILSI - International Life Sciences Institute. Revised framework for microbial risk assessment. An ILSI Risk Science Institute Workshop Report. Washington DC: ILSI, 2000.

ILSI Risk Science Institute Pathogen Risk Assessment Working Group. A Conceptual Framework for Assessing the Risks of Human Disease Following Exposure to Waterborne Pathogens. Risk Analysi, v.16, n.6. p 1841-848, 1996

IMAN, R. L.; HELTON, J.C. An investigation of uncertainty and sensitivity analysis techniques for computer models. Risk Analysis, v.. 8, n. 1, p. 71-90. 1988.

IMAN, R.L., CONOVER, W.J. “A Distribution-Free Approach to Inducing Rank Correlation Among Input Variables”: Commun. Statist.-Simula. Computa. n.11, v.3, p311-334, 1982.

KARAVARSAMIS, N.; HAMILTON, A. J.; Estimators of annual probability of infection for quantitative microbial risk assessment. Journal of Water and Health, v.8. n. 2 p 365-373, .2009.

KODELL, L.R.; KANG S.; CHAN, J.J. Statistical models for health risk due to microbial contamination of foods. Environmental and Ecological Statistics 9, 259-271, 2002, 13p.

KONSTANTOPOULOS, T. Introductory lecture notes on Markov Chains and Random Walks. 2009. Disponível em < http://www2.math.uu.se/~takis/L/McRw/mcrw.pdf>. Acesso em: 12 dez. 2013.

MARA, D. D., SLEIGH, P. A., BLUMENTHAL, U. J., CARR, R. M.; Health risks in wastewater irrigation: Comparing estimates from quantitative microbial risk analyses and epidemiological studies. Journal of Water and Health, v. 5, n. 1, p. 39-50, 2007

MARA, D.D., HAMILTON, A.J., KARAVARSAMIS, N., SEIDU, R. Tools for Risk analysis: Updating the 2006 Guidelines, 2010. In: Drechsel, P., Scott, C.A., Raschid-Sally, L., Redwood, M., Bahri, A., (eds.) Wastewater Irrigation and Health: Assessing and Mitigating Risk in Low-Income Countries. Earthscan/IDRC , London, 89-100.

MARA, D.D.; Health Risks from Wastewater Use in Urban Agriculture: A Review. Institute for Pathogen Control, Engineering School of Civil Engineering University of Leeds, United Kingdom, 2009

MARA, D.D.; SLEIGH. A. Estimation of Ascaris infection risks in children under 15 from the consumption of wastewater-irrigated carrots. Journal of Water and Health v.8, n.1, p39-50. 2010b.

MARA, D.D.; SLEIGH. A. Estimation of norovirus infection risks to consumers of wastewater-irrigated food crops eaten raw. Journal of Water and Health,v.8,n.1, p39-49. 2010a.

Mara, DD .Quantifying health risks in wastewater irrigation. In: UNESCO Encyclopedia of Life Support Systems. EOLSS Publishers, Oxford. 2008.

MARTINEZ, E.Z.; ROSA,D.L;GUIMARÃES,M.C.;BAVA,C.;ACHAR, J.A., DAL-FABBRO, A.L., Gravidez na adolescência e características socioeconômicas dos municípios do Estado de São Paulo, Brasil: análise espacial. Cad. Saúde Pública, Rio de Janeiro, v. 27, n.5, p855-867, 2011.

MEDEMA, G., LORET, J., STENSTROM T. A., ASHBOLT, N. J. Quantitative Microbial Risk Assessment in the Water SafetyPlan. Report for the European Commission under the Fifth Framework Programme, Theme 4: "Energy, environment andsustainable development" (contract EVK1-CT-2002-00123).Kiwa Water Research, Nieuwegien,. 2006.

MESSNER, J. M, BERGER,P,NAPPIER, S.P. Fractional Poisson-A Simple Dose-Response Model for Human Norovirus. Risk Analysis, v. 34, n.10, p1820-1829, 2014.

MESSNER, M.J.; CHAPPELL, C.L.; PABLO C. OKHUYSEN, O.C.P. Risk assessment for Cryptosporidium: A Hierarchical Bayesian analysis of human dose response data. Water Research, v. 35, n. 16 p.3934- 3940, 2001.

MOK, H.F., BARKER , S.F., HAMILTON, A.J. A. Probabilistic quantitative microbial risk assessment model of norovirus disease burden from wastewater irrigation of vegetables in Shepparton, Australia. Water Res. v.54, p347-362, 2014.

MORGAN, M. G.; HERION, M. Uncertainty: a guide to dealing with uncertainty in quantitative risk and policy analysis. Cambridge University Press. v. 28, n 11-12, p. 219-222, 2007.

MOTA. A.; MENA, K D.;SOTO-BELTRAN, M;TARWATER, PM.;CHÁIDEZ, C.. Risk Assessment of Cryptosporidium and Giardia in Water Irrigating Fresh Produce in Mexico. Journal of Food Protection, n.5, v.10, , p. 2184-2188, 2009.

NASCIMENTO, N., Uso de Simulação Monte Carlo via Cadeias de Markov no melhoramento Genético.Dissertação (Mestrado em Estatística aplicada e Biometria). Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Estatística. Viçosa-MG, 2009.

NAVARRO, I.; JIMENEZ, B., CIFUENTES, E.; LUCARIO, S., Application of Helminth ova infection dose curve to estimate the risks associated with biosolid application. Journal of Water and Health, v.7, n.1, p31-44, 2009.

NEAL, R, M. Slice Sampling. The annals of statistics. v.31, n.3, p705-767, 2003.

NOGUEIRA, F. Cadeia de Markov. Modelagem e Simulação. [-],p39. Dispionível em <httpwww.ufjf.brepd042files200902cadeiaMarkov1.pdf> acesso: 28/01/2016.

NORRIS, J.N. Markov Chains. Cambridge series in statistics and probability mathematics. 1st Edition. Cambrige University Press, 1988, p.251.

PAVIONE DMS, BASTOS RKX, BEVILACQUA PD. Quantitative microbial risk assessment applied to irrigation of salad crops with waste stabilization pond effluents. Water Science & Technology. v.67 , n.7, p1208-1215. 2013.

PAVIONE, D. M. S. Análise de incertezas e de sensibilidade e Avaliação Quantitativa de Risco Microbiológico aplicadas ao dimensionamento de lagoas de polimento e à utilização de efluentes para irrigação. 2010. 143f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Civil). Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Civil. Viçosa-MG, 2010.

PETTERSON, R.S.; SIGNOR, S.R.; ASHBOLT, N.J. Incorporating method recovery uncertainties in stochastic estimates of raw water protozoan concentrations for QMRA. Journal of Water and Health,v.5,n.1, p51-65, 2006.

PETTERSON, S. R; ASHBOLT, N. J; SHARMA, A. Microbial risks from wastewater irrigation of salad crops: a screening-level risk assessment. Water Environment Research. v. 73, n.6, p. 667-672, 2001.

PETTERSON, S.; SIGNOR, R.; ASHBOLT, N.; ROSER, D. QMRA methodology. In: MICRORISK - Microbiological risk assessment: a scientific basis for managing drinking water safety from source to tap. European Union, 2006. Disponível em:<“ http://www.microrisk.com/publish/cat_index_11.shtml”>. Acesso em 02/09/20013.

PETTERSON, S.A.; ASHBOLT, N.J. WHO guidelines for the safe use of wastewater and excreta in agriculture microbial risk assessment, 2003. p.36

REGALI, S.; ROSE, J.B.; HAAS, C.N.; GERBA, C.P. Modeling the risk from Giardia and virus in drinking water. Journal of American water Works Association, v. 83, n. 11, p. 76-84, 1991.

ROBERT, C. P.; CASELLA, G. The Monte Carlo Statistical methods New York: Springer-Verlag.1999, 304p.

ROBERT, C.; CASELLA, G. Introducing Monte Carlo Methods with R, Spring publisher. 2010.268p.

ROSE, J. B., L. J. DICKSON, S. R. FARRAH, R. P. CARNAHAN**.** 1996. Removal of pathogenic and indicator microorganisms by a full-scale water reclamation facility. Water Research. v. 30, n. 11, p.2785–2797, 1996.

ROSE, J.B.; HAAS C.N.; GURIAN L.P; KOOPMAN, S. J.; Instruction Manual for Quantitative Microbial Risk Assessment (QMRA). Center for Advancing Microbial Risk Assessment (CAMRA). 3rd QMRA Summer Institute, Michigan State University, East Lansing, Michigan. 2008. 131p

SCHMIDT, J.S. Norovirus Dose-Response: Are currently available data informative enough to determine how susceptible humans are to infection from a single virus? Risk Analysis, v. 00, n. 0, 2014.

SCHMIDT, P.J.; PINTAR, K.D.M.; FAZIL, A.M.; EDWARD; T. Harnessing the theoretical foundations of the exponential and beta-poisson dose-response models to quantify parameter uncertainty using Markov Chain Monte Carlo. Risk Analysis, v. 33, n. 9, p1677- 1693, 2013.

SEIDU, R., HEISTAD, A., AMOAH, P., DRECHSEL, P., JENSSEN, P. D., STENSTRöM, T. A. Quantification of the health risk associated with wastewater reuse in Accra, Ghana: a contribution toward local guidelines. Journal of Water and Health. v. 6, n. 4, p. 641−671, 2008.

SHUVAL, H. I., LAMPERT, Y., FATTAL, B.; Development of a risk assessment approach for evaluating wastewater reuse standards for agriculture. Water Science and Technology, v.35, n.11−12, p.15−20, 1997.

SMITH,E.; RYAN, P.B.; EVANS, S.J., The Effect of Neglecting Correlations When Propagating Uncertainty and Estimating the Population Distribution of Risk Andrew Risk Analysis, v. 12, n. 4, 1992

STINE, S.W.; SONG, I., CHOI, C.Y.; GERBA, C.P. Application of microbial risk assessment to the developmemt of standard for enteric pathogens in water used to irrigate fresh produce. Journal of Food Protection. V. 68,n.5, p913-918, 2055.

TANAKA, H., ASANO, T., SCHOEDER, E., D., TCHOBANOGLOUS. G.; Estimating the safety of wastewater reclamation and reuse using enteric virus monitoring data. Water Enviromental. Research, v. 70, p.39–51, 1998.

TEUNIS, P.; VAN DEN BRANDHOF, W.; NAUTA, M.; WAGENAAR J.; VAN DEN KERKHOF, H. A reconsideration of the Campylobacter dose–response relation. Epidemiology and Infection, v.133,p.583-592, 2005.

TEUNIS, P.F.M.; CHAPPELL, C.L.; OCKHUYSEN, P.C. Cryptosporidium dose Response Studies: Variation Between Isolates Risk Analysis, 22: 475–485. 2002a.

TEUNIS, P.F.M.; CHAPPELL, C.L.; OCKHUYSEN, P.C. Cryptosporidium dose response studies: variation between hosts. Risk Analysis, 22: 475–485. 2002b.

TEUNIS, P.F.M.; MOE, C.L.;LIU,P.;MILLER, S.E.; LINDESMITH, L.; BARIC, R.S.; LEPENDU, J.; Calderon, R.L. Norwalk virus: how infectious is it? Journal of Medical Virology, v.80, n.8, p.1468–1476, 2008.

TEUNIS, P.F.M.; VAN DER HEIJDEN, O.G.;VAN DER GIESSEN, J.W.B., HAVELLAR, A.H. The dose response relation in human volunteers for gastro-intestinal pathogens. Rijksinstituut voor volksgezondheid en Millieu: RIVM, 1996, 97p (Technical Report 284550002).

TEUNIS, P.F.M; HAVELAAR, A.H.; The beta-Possion model is not a single-hit model. Risk Analysis. v. 20, p. 513-520, 2000.

USEPA - UNITED STATES ENVIRONMENTAL PROTECTION AGENCY. National Primary Drinking Water. Regulations: long term 2 enhanced surface water treatment rule; Final Rule. Federal Register – Part II – 40CFR, Parts 9, 141 and 142.Thursday, January 5, 2006.

VAN GINNEKEN AND GIDEON ORON Risk assessment of consuming agricultural products irrigated with reclaimed wastewater: An exposure model WATER RESOURCES RESEARCH, VOL. 36, NO. 9, PAGES 2691-2699, SEPTEMBER 2000

VAN GINNEKEN, M., AND G. ORON. Risk Assessment of Consuming Agricultural Products Irrigated With Reclaimed Wastewater: An Exposure Model, Water Resources Research, v. 36, n. 9, p. 2691–2699, 2000.

VERDONCK, F.A.M.; JAWORSKA,J., THAS, O.; VANROLLEGHEM, P.A. Determining environmental standards using bootstrapping, Bayesian and maxium likelihood tecniques: a comparative study. Analytica Chimica acta v.446, p 429-439. 2001.

VOSE, D. Risk Analysis: A Quantitative Guide. 3ª ed. Chichester, Southern Gate: John Wiley & Sons, 2008.

WARD, R.L.; BERNSTEIN, D.I.; YOUNG, E.C.; SHERWOOD, J.R.; KNOWLTON D.R.; SCHIFF, G.M., Human Rotavírus studies in volunteers: determination of infectious dose and serological response to infection. Journal of Infectious Diseases, v.145, n.5, p871-880, 1986.

WEISTEIN,Wolfram Research, Hypergeometic 2F. Wolfram Research, inc. Disponível em :http://functions.wolfram.com/HypergeometricFunctions/Hypergeometric2F1/ Acesso em: 05 /10/2013.

WHO 2006 – WHO. Guidelines for the safe use of wastewater, excreta and greywater.: waterwaste use in agriculture. Genebra, 2006.

WILKS, S.S. The large-Sample Distributions of the likelihood ratio for testing composite hypotheses. Phi. Trans. Royal. Soc. London, ser. A, v.231, p.295. 1937.

WORD HEALTH ORGANIZATION-WHO. Guidelines for drinking water quality. Incorporating first addendum. 3ed. 2006ª. Disponível em http://www.who.int/water_sanitation_health/dwq/gdwq3rev/en/. Acesso em: 05 /10/2013.

ZWIETERING, M. H., VAN GERWEN, J. C.. Sensitivity analysis in quantitative microbial risk assessment. International Journal of Food Microbiology. v. 58, n. 3, p. 213–221, 2000.

ANEXOS

ANEXO I

SUBCENÁRIO: LAGOAS DE POLIMENTO – EFLUENTE DO E.coli DESCRITA POR DISTRIBUIÇÃO LOGNORMAL

1.HORTALIÇAS FOLHOSAS E FLORAIS

1.1 Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança.

1.1.1 Modelo de Shuval

As estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças folhosas e florais, obtidos pelo modelo de Shuval, cujos parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança, já foram apresentadas no texto principal, nas Tabelas 4.7- Tabela 4.22.

1.1.2 Modelos de Bastos

Tabela 1 Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,14E-01	1,00	9,59E-01	1,00	1,06E-01	1,00E+00	1,15E-02	5,46E-02	5,32E-04	3,62E-03
L2	9,25E-02	6,52E-01	1,37E-01	5,12E-01	3,69E-03	9,83E-01	5,31E-04	2,58E-03	2,15E-05	1,78E-04
L3	2,14E-03	4,74E-2[2]	8,49E-04	9,66 E-03	4,62E-02	1,93E-01	3,49E-05	1,70E-04	4,46E-07	1,00E-05
L4	2,47E-02	1,09E-01	2,69E-05	2,21E-03	1,03E-01	3,98E-01	8,03E-05	3,91E-04	1,24E-06	2,27E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	5 0%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	5,87E-02	3,47E-01	1,15E-01	4,47E-01	5,60E-02	3,39E-01	1,12E-01	5,59E-01	1,62E-01	6,96E-01
L2	2,40E-03	1,96E-02	5,63E-03	2,71E-02	2,41E-03	1,86E-02	4,78E-03	3,77E-02	7,08E-03	5,42E-02
L3	5,19E-05	1,11E-03	3,71E-04	1,80E-03	5,13E-05	1,09E-03	1,03E-03	2,21E-02	1,45E-04	3,07E-03
L4	1,41E-04	2,41E-03	8,52E-04	4,14E-03	1,41E-04	2,52E-03	1,33E-03	5,00E-03	4,03E-04	7,44E-03

Tabela 2. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos

descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	9,59E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,75E-02	7,69E-02
L2	1,86E-01	8,39E-01	1,37E-01	5,12E-01	5,95E-01	9,96E-01	8,13E-04	3,68E-03
L3	4,27E-03	9,43E-02	9,66E-03	4,62E-02	1,99E-02	3,54E-01	5,35E-05	2,43E-04
L4	1,15E-02	2,08E-01	2,21E-02	1,03E-01	4,97E-02	6,41E-01	1,23E-04	5,57E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 3. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,66E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	2,83E-02	9,79E-02	6,53E-04	3,31E-03
L2	2,59E-03	5,63E-01	3,07E-01	7,32E-01	1,14E-02	9,73E-01	1,32E-03	4,74E-03	2,61E-05	1,53E-04
L3	2,59E-03	4,92E-02	2,39E-02	8,31E-02	4,79E-02	1,99E-01	8,69E-05	3,12E-04	5,40E-07	9,30E-06
L4	7,06E-03	1,10E-02	5,40E-02	1,81E-01	3,08E-02	4,00E-01	2,00E-04	7,17E-04	1,42E-06	2,33E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,72E-02	3,12E-01	8,66E-01	9,87E-01	7,21E-02	3,02E-01	1,36E-01	5,06E-01	1,94E-01	6,60E-01
L2	3,02E-04	1,75E-02	8,98E-02	1,86E-01	3,01E-03	1,77E-02	5,88E-03	3,44E-02	8,69E-03	4,90E-02
L3	6,35E-05	1,07E-03	6,17E-03	1,35E-02	6,36E-05	1,04E-03	1,30E-03	2,23E-02	1,83E-04	3,14E-03
L4	1,70E-04	2,53E-03	1,41E-02	3,06E-02	1,70E-04	2,45E-03	3,34E-04	5,18E-03	4,95E-04	7,44E-03

Tabela 4. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	4,36E-02	1,33E-01
L2	2,25E-01	8,13E-02	5,42E-01	9,17E-01	9,93E-01	9,99E-01	2,05E-03	6,54E-03
L3	5,16E-03	9,77E-02	5,01E-02	1,51E-01	2,26E-02	3,64E-01	1,35E-04	3,11E-05
L4	1,37E-02	2,03E-01	1,11E-01	3,14E-01	5,91E-02	6,38E-01	3,10E-04	9,90E-04

Tabela 5. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,97E-01	9,98E-01	9,93E-01	9,95E-01	1,78E-01	1,93E-01	1,78E-02	1,95E-02	1,24E-03	1,34E-03
L2	2,54E-01	2,75E-01	2,06E-01	2,23E-01	7,23E-01	7,55E-01	8,29E-04	9,10E-04	5,70E-05	6,20E-05
L3	1,91E-02	2,10E-02	1,50E-02	1,65E-02	8,17E-02	8,93E-02	5,45E-05	5,98E-05	3,75E-06	4,08E-06
L4	1,91E-02	2,10E-02	3,42E-02	3,75E-02	1,78E-01	1,93E-01	1,25E-04	1,37E-04	8,61E-06	9,37E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	6,42E-01	6,68E-01	6,67E-01	6,93E-01	6,67E-03	7,00E-03	9,87E-03	1,03E-02
L2	9,96E-01	9,97E-01	4,69E-02	5,03E-02	5,03E-02	5,39E-02	1,26E-03	1,32E-03	1,87E-03	1,96E-03
L3	3,29E-01	3,48E-01	3,15E-03	3,39E-03	3,39E-03	3,64E-03	2,89E-04	3,03E-04	4,27E-04	4,49E-04
L4	5,97E-01	6,23E-01	7,23E-03	7,77E-03	7,76E-03	8,34E-03	4,53E-04	4,75E-04	6,71E-04	7,04E-04

Tabela 6. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	3,54E-02	3,87E-02
L2	4,43E-01	4,73E-01	3,70E-01	3,97E-01	9,22E-01	9,38E-01	1,66E-03	1,82E-03
L3	3,80E-02	4,15E-02	2,99E-02	3,27E-02	1,57E-01	1,70E-01	1,09E-04	1,20E-04
L4	8,51E-02	9,27E-02	6,74E-02	7,35E-02	3,24E-01	3,48E-01	2,51E-04	2,75E-04

Tabela 7. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	3,74E-02	4,01E-02	2,62E-03	2,78E-03
L2	4,62E-01	4,86E-01	3,86E-01	4,08E-01	9,33E-01	9,45E-01	1,76E-03	1,89E-03	1,21E-04	1,28E-04
L3	4,01E-02	4,30E-02	3,16E-02	3,39E-02	1,65E-01	1,76E-01	1,16E-04	1,24E-04	7,95E-06	8,44E-06
L4	8,98E-02	9,61E-02	7,12E-02	7,62E-02	3,39E-01	3,59E-01	2,66E-04	2,85E-04	1,83E-05	1,94E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,05E-01	1,11E-01	1,12E-01	1,19E-01	6,57E-03	6,98E-03	9,72E-03	1,03E-02
L2	4,75E-01	4,95E-01	5,11E-03	5,42E-03	5,49E-03	5,82E-03	1,24E-03	1,32E-03	1,84E-03	1,95E-03
L3	4,18E-02	4,43E-02	3,37E-04	3,58E-04	3,62E-04	3,84E-04	2,84E-04	3,02E-04	4,21E-04	4,47E-04
L4	9,34E-02	9,89E-02	7,73E-04	8,21E-04	8,31E-04	8,82E-04	4,46E-04	4,74E-04	6,61E-04	7,02E-04

Tabela 8. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,88E-02	8,39E-02	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	7,36E-02	7,84E-02
L2	7,10E-01	7,33E-01	6,24E-01	6,48E-01	9,95E-01	9,97E-01	3,52E-03	3,76E-03
L3	7,88E-02	8,39E-02	6,24E-02	6,64E-02	3,04E-01	3,20E-01	2,32E-04	2,47E-04
L4	1,72E-01	1,82E-01	1,38E-01	1,46E-01	5,63E-01	5,87E-01	5,33E-04	5,68E-04

1.2.Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método "bootstrapping observation"

1.2.1 Modelo de Shuval

Tabela 9. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation",, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,67E-01	9,30E-01	1,33E-01	7,93E-01	5,21E-01	1,00E+0	3,50E-02	1,00E+0	3,70E-02	8,70E-01	4,48E-02	1,00E+0
L2	3,94E-03	6,37E-02	3,03E-03	3,90E-02	1,59E-02	7,29E-01	7,82E-04	1,00E+0	8,23E-04	4,47E-02	9,48E-04	5,14E-01
L3	3,59E-05	2,19E-03	3,01E-05	1,40E-03	1,57E-04	2,75E-02	8,70E-06	6,79E-01	7,51E-06	1,09E-03	9,89E-06	9,11E-03
L4	1,14E-04	6,09E-03	9,47E-05	4,05E-03	5,07E-04	7,49E-02	2,71E-05	9,71E-01	2,36E-05	2,90E-03	3,09E-05	2,64E-02

Tabela 10. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation",, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,10E-01	9,94E-01	2,52E-01	9,63E-01	7,79E-01	1,00E+00
L2	8,04E-03	1,29E-01	5,96E-03	8,21E-02	3,20E-02	9,35E-01
L3	7,14E-05	4,56E-03	5,97E-05	2,93E-03	3,20E-04	4,81E-02
L4	2,24E-04	1,32E-02	1,85E-04	7,98E-03	1,02E-03	1,36E-01

Tabela 11 Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,37E-03	5,04E-02	2,72E-03	3,33E-02	8,78E-01	1,00E+00	9,39E-02	1,00E+00	1,00E-01	1,00E+00	1,13E-01	1,00E+00
L2	7,30E-05	1,24E-03	1,64E-06	8,97E-05	4,30E-02	9,73E-01	2,15E-03	1,00E+00	2,29E-03	1,25E-01	2,59E-03	8,40E-01
L3	1,05E-04	5,84E-03	8,65E-05	3,95E-03	4,59E-04	7,24E-02	2,56E-05	9,42E-01	2,20E-05	3,02E-03	2,67E-05	2,76E-02
L4	3,32E-04	1,64E-02	2,76E-04	1,11E-02	1,47E-03	1,95E-01	7,86E-05	1,00E+00	6,81E-05	8,28E-03	8,41E-05	7,78E-02

Tabela 12. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation",, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,92E-03	8,14E-02	1,21E-02	1,07E-01	5,64E-02	9,73E-01
L2	1,65E-04	2,12E-03	2,57E-04	2,84E-03	1,22E-03	8,20E-02
L3	1,48E-06	6,58E-05	2,20E-06	9,56E-05	1,20E-05	1,92E-03
L4	4,68E-06	1,88E-04	7,02E-06	2,77E-04	4,00E-05	5,43E-03

Tabela 13. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,42E-01	1,00E+0	6,48E-01	1,00E+0	9,94E-01	1,00E+0	2,16E-01	1,00E+0	2,38E-01	1,00E+0	2,68E-01	1,00E+0
L2	2,88E-02	3,43E-01	2,16E-02	2,43E-01	1,06E-01	1,00E+0	5,39E-03	1,00E+0	5,73E-03	2,97E-01	6,61E-03	9,92E-01
L3	2,69E-04	1,35E-02	2,17E-04	9,33E-03	1,13E-03	1,64E-01	6,47E-05	9,98E-01	5,32E-05	7,07E-03	6,71E-05	6,62E-02
L4	8,38E-04	3,78E-02	6,73E-04	2,61E-02	3,52E-03	4,03E-01	2,00E-04	1,00E+0	1,69E-04	2,03E-02	2,21E-04	1,94E-01

Tabela 14. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,35E-01	1,00E+00	8,71E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	5,69E-02	5,80E-01	4,33E-02	4,03E-01	2,05E-01	1,00E+00
L3	5,43E-04	2,66E-02	4,29E-04	2,04E-02	2,22E-03	2,85E-01
L4	1,69E-03	7,47E-02	1,37E-03	5,49E-02	6,82E-03	6,51E-01

Tabela 15. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,42E-01	1,00E+0	6,48E-01	1,00E+0	9,94E-01	1,00E+0	2,16E-01	1,00E+0	2,38E-01	1,00E+0	2,68E-01	1,00E+0
L2	2,88E-02	3,43E-01	2,16E-02	2,43E-01	1,06E-01	1,00E+0	5,39E-03	1,00E+0	5,73E-03	2,97E-01	6,61E-03	9,92E-01
L3	2,69E-04	1,35E-02	2,17E-04	9,33E-03	1,13E-03	1,64E-01	6,47E-05	9,98E-01	5,32E-05	7,07E-03	6,71E-05	6,62E-02
L4	8,38E-04	3,78E-02	6,73E-04	2,61E-02	3,52E-03	4,03E-01	2,00E-04	1,00E+0	1,69E-04	2,03E-02	2,21E-04	1,94E-01

Tabela 16. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,64E-04	7,09E-03	6,54E-04	4,75E-03	3,18E-03	1,64E-01
L2	1,83E-05	1,79E-04	1,39E-05	1,23E-04	6,83E-05	4,13E-03
L3	1,70E-07	6,13E-06	1,28E-07	4,40E-06	7,00E-07	9,49E-05
L4	5,37E-07	1,73E-05	4,04E-07	1,25E-05	2,20E-06	2,73E-04

1.2.2. Modelo de Bastos

Tabela 17. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,68E-01	1,00E+0	9,32E-01	1,00E+0	9,32E-01	1,00E+0	4,54E-01	1,00E+0	4,94E-01	1,00E+0	5,19E-01	1,00E+0
L2	1,49E-01	6,81E-01	1,17E-01	5,35E-01	1,17E-01	5,35E-01	2,77E-02	1,00E+0	3,11E-02	7,05E-01	3,33E-02	1,00E+0
L3	1,06E-02	7,28E-02	8,13E-03	4,90E-02	8,13E-03	4,90E-02	1,85E-03	1,00E+0	2,07E-03	7,72E-02	2,23E-03	6,49E-01
L4	2,41E-02	1,59E-01	1,86E-02	1,09E-01	1,86E-02	1,09E-01	4,24E-03	1,00E+0	4,75E-03	3,08E-01	5,11E-03	9,09E-01

Tabela 18. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,99E-01	1,00E+00	9,96E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	2,83E-01	8,99E-01	2,29E-01	7,87E-01	6,93E-01	1,00E+00
L3	2,17E-02	1,41E-01	1,70E-02	9,67E-02	7,50E-02	9,93E-01
L4	4,91E-02	2,95E-01	3,86E-02	2,08E-01	1,64E-01	1,00E+00

Tabela 19. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	7,50E-01	1,00E+0	8,17E-01	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0
L2	3,28E-01	8,92E-01	7,16E-01	1,00E+0	7,59E-01	1,00E+0	6,27E-02	1,00E+0	7,62E-02	9,51E-01	8,03E-02	1,00E+0
L3	2,58E-02	1,39E-01	8,03E-02	1,00E+0	8,99E-02	9,94E-01	4,25E-03	1,00E+0	5,20E-03	1,80E-01	5,49E-03	9,07E-01
L4	5,83E-02	2,90E-01	1,75E-01	1,00E+0	1,94E-01	1,00E+0	9,74E-03	1,00E+0	1,19E-02	3,66E-01	1,26E-02	9,95E-01

Tabela 20. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	5,57E-01	9,85E-01	9,17E-01	1,00E+00	9,40E-01	1,00E+00
L3	5,25E-02	2,46E-01	1,53E-01	1,00E+00	1,70E-01	1,00E+00
L4	1,16E-01	4,77E-01	3,17E-01	1,00E+00	3,49E-01	1,00E+00

1.3. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método "Inferência Bayesiana"

1.3.1 Modelo de Shuval

Tabela 21. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,62E-02	8,18E-01	3,87E-02	2,49E-01	2,84E-01	9,82E-01		
L2	1,88E-03	3,82E-02	8,33E-04	7,45E-03	7,00E-03	8,82E-02		
L3	2,04E-05	1,12E-03	7,77E-06	2,59E-04	7,47E-05	2,71E-03		
L4	6,69E-05	3,07E-03	2,48E-05	7,31E-04	2,42E-04	8,22E-03		

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,39E-05	2,60E-04	2,18E-03	2,52E-02	1,07E-02	7,53E-02
L2	4,86E-07	6,19E-06	4,17E-05	5,90E-04	2,27E-04	1,98E-03
L3	5,01E-09	1,94E-07	4,67E-07	1,92E-05	2,20E-06	7,11E-05
L4	1,68E-08	5,29E-07	1,53E-06	4,88E-05	6,97E-06	2,01E-04

Tabela 22. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção d0 rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,16E-01	9,69E-01	7,80E-02	4,35E-01	4,93E-01	1,00E+00
L2	3,90E-03	7,75E-02	1,70E-03	1,48E-02	1,40E-02	1,72E-01
L3	3,99E-05	2,35E-03	1,57E-05	5,22E-04	1,44E-04	5,93E-03
L4	1,33E-04	5,91E-03	4,97E-05	1,49E-03	4,90E-04	1,64E-02

Tabela 23. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,31E-01	9,91E-01	5,26E-02	3,42E-01	6,23E-01	1,00E+00	6,97E-05	6,91E-04
L2	5,61E-03	1,07E-01	1,14E-03	1,07E-02	2,04E-02	2,18E-01	1,42E-06	1,70E-05
L3	5,98E-05	2,97E-03	1,07E-05	3,65E-04	2,09E-04	7,89E-03	1,47E-08	5,49E-07
L4	1,97E-04	8,83E-03	3,40E-05	1,03E-03	6,99E-04	2,26E-02	4,80E-08	1,50E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,28E-03	6,54E-02	1,45E-02	1,07E-01	7,30E-03	7,68E-02
L2	1,30E-04	1,57E-03	3,12E-04	2,86E-03	1,61E-03	2,02E-03
L3	1,36E-06	5,18E-05	2,98E-06	1,01E-04	1,57E-06	6,13E-05
L4	4,46E-06	1,46E-04	9,43E-06	2,82E-04	5,06E-06	1,63E-04

Tabela 24. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	4,07E-01	1,00E+00	1,06E-01	5,67E-01	8,66E-01	1,00E+00
L1	1,15E-02	2,05E-01	2,35E-03	2,14E-02	1,40E-02	3,99E-02
L2	1,17E-04	6,40E-03	2,15E-05	7,41E-04	4,37E-04	1,66E-02
L3	3,89E-04	1,74E-02	6,84E-05	2,07E-03	1,39E-03	4,85E-02
L4	4,07E-01	1,00E+00	1,06E-01	5,67E-01	8,66E-01	1,00E+00

Tabela 25. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus, por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,28E-02	8,05E-01	9,91E-02	5,40E-01	3,03E-01	9,78E-01	2,45E-05	2,60E-04
L2	1,98E-03	4,12E-02	2,21E-03	1,98E-02	7,13E-03	9,16E-02	5,31E-07	6,56E-06
L3	2,16E-05	1,11E-03	2,09E-05	6,94E-04	7,75E-05	3,05E-03	5,47E-09	1,96E-07
L4	7,10E-05	3,29E-03	6,58E-05	1,96E-03	2,85E-04	8,39E-03	1,76E-08	5,79E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,30E-03	2,49E-02	9,93E-02	6,63E-01	2,55E-03	2,81E-02
L2	4,80E-05	6,22E-04	2,22E-03	2,66E-02	5,38E-05	7,29E-04
L3	5,02E-07	1,89E-05	2,12E-05	8,76E-04	5,57E-07	2,29E-05
L4	1,65E-06	5,35E-05	6,68E-05	2,50E-03	1,83E-06	6,10E-05

Tabela 26. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,39E-03	7,87E-02	4,10E-03	3,77E-02	1,51E-02	1,74E-01
L2	4,58E-05	2,32E-03	3,78E-05	1,34E-03	1,48E-04	5,97E-03
L3	1,43E-04	6,09E-03	1,20E-04	3,72E-03	5,21E-04	1,61E-02
L4	1,66E-01	9,64E-01	1,79E-01	7,77E-01	5,09E-01	9,95E-01

Tabela 27. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,36E-01	9,91E-01	1,23E-01	6,59E-01	6,41E-01	1,00E+00	7,30E-05	6,53E-04
L2	2,75E-03	1,10E-01	2,76E-03	2,71E-02	2,21E-02	2,26E-01	1,51E-06	1,72E-05
L3	6,40E-05	3,16E-03	2,56E-05	9,63E-04	2,32E-04	8,20E-03	1,55E-08	5,56E-07
L4	2,04E-04	8,60E-03	8,19E-05	2,68E-03	7,40E-04	2,31E-02	5,09E-08	1,45E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,78E-03	1,65E-03	3,53E-02	2,24E-01	7,48E-03	7,39E-02
L2	1,42E-04	5,40E-05	7,55E-04	6,57E-03	1,60E-04	2,04E-03
L3	1,45E-06	5,40E-05	7,13E-06	2,41E-04	1,59E-06	6,40E-05
L4	4,66E-06	1,44E-04	2,27E-05	6,76E-04	5,21E-06	1,70E-04

Tabela 28. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,14E-02	1,98E-01	5,65E-03	5,36E-02	4,13E-01	3,87E-01
L2	1,21E-04	6,28E-03	5,19E-05	1,87E-03	4,40E-04	1,69E-02
L3	4,15E-04	1,86E-02	1,65E-04	5,25E-03	1,47E-03	4,69E-02
L4	4,33E-01	1,00E+00	2,36E-01	8,85E-01	9,79E-01	1,00E+00

Tabela 29. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,29E-01	7,15E-01	2,57E-01	2,96E-01	5,59E-01	6,16E-01	1,89E-04	2,24E-04
L2	2,43E-02	3,24E-02	7,23E-03	8,84E-03	2,00E-02	2,45E-02	4,62E-06	5,63E-06
L3	8,09E-04	1,76E-03	2,46E-04	4,60E-04	6,88E-04	1,28E-03	1,56E-07	2,90E-07
L4	2,25E-03	4,64E-03	6,81E-04	1,21E-03	1,90E-03	3,37E-03	4,33E-07	7,79E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,81E-02	1,16E-01	1,11E-01	1,32E-01	1,31E-01	1,57E-01
L2	2,53E-03	3,15E-03	2,88E-03	3,58E-03	3,45E-03	4,37E-03
L3	8,57E-05	1,58E-04	9,76E-05	1,83E-04	1,15E-04	2,26E-04
L4	2,38E-04	4,20E-04	2,70E-04	4,82E-04	3,19E-04	5,93E-04

Tabela 30. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,72E-02	6,14E-02	1,45E-02	1,74E-02	3,98E-02	4,76E-02
L2	1,60E-03	3,26E-03	4,93E-04	9,19E-04	1,37E-03	2,57E-03
L3	4,43E-03	8,63E-03	1,37E-03	2,43E-03	3,81E-03	6,76E-03
L4	8,51E-01	9,05E-01	4,47E-01	5,00E-01	8,01E-01	8,47E-01

Tabela 31. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,27E-01	9,60E-01	5,51E-01	6,04E-01	8,86E-01	9,17E-01	5,11E-04	5,94E-04
L2	6,45E-02	8,38E-02	1,95E-02	2,33E-02	5,33E-02	6,36E-02	1,25E-05	1,50E-05
L3	2,19E-03	4,59E-03	6,73E-04	1,19E-03	1,88E-03	3,30E-03	4,27E-07	7,56E-07
L4	6,10E-03	1,19E-02	1,87E-03	3,15E-03	5,18E-03	8,72E-03	1,18E-06	2,00E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,42E-01	2,78E-01	2,71E-01	3,12E-01	3,12E-01	3,61E-01
L2	6,83E-03	8,30E-03	7,77E-03	9,47E-03	9,30E-03	1,15E-02
L3	2,33E-04	4,15E-04	2,64E-04	4,81E-04	3,14E-04	5,96E-04
L4	6,46E-04	1,11E-03	7,33E-04	1,27E-03	8,73E-04	1,58E-03

Tabela 32. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,23E-01	1,53E-01	3,86E-02	4,59E-02	1,04E-01	1,23E-01
L2	4,33E-03	8,68E-03	1,34E-03	2,39E-03	3,73E-03	6,65E-03
L3	1,20E-02	2,27E-02	3,71E-03	6,29E-03	1,03E-02	1,73E-02
L4	9,93E-01	9,97E-01	7,98E-01	8,41E-01	9,85E-01	9,92E-01

Tabela 33. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,27E-01	9,63E-01	5,20E-01	5,78E-01	8,63E-01	9,02E-01	4,68E-04	5,51E-04
L2	6,50E-02	8,76E-02	1,78E-02	2,18E-02	4,91E-02	5,96E-02	1,14E-05	1,39E-05
L3	2,20E-03	4,86E-03	6,11E-04	1,12E-03	1,71E-03	3,12E-03	3,90E-07	7,13E-07
L4	6,10E-03	1,27E-02	1,70E-03	2,94E-03	4,73E-03	8,16E-03	1,08E-06	1,90E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,26E-01	2,64E-01	2,66E-01	3,14E-01	3,09E-01	3,65E-01
L2	6,33E-03	7,82E-03	7,64E-03	9,66E-03	9,24E-03	1,19E-02
L3	2,15E-04	3,91E-04	2,55E-04	5,04E-04	3,07E-04	6,17E-04
L4	5,94E-04	1,04E-03	7,07E-04	7,07E-04	8,51E-04	1,64E-03

Tabela 34. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,20E-02	4,11E-02	1,01E-02	1,18E-02	2,78E-02	2,78E-02
L2	1,10E-03	2,22E-03	3,48E-04	5,99E-04	9,69E-04	1,66E-03
L3	3,03E-03	5,73E-03	9,59E-04	1,57E-03	2,67E-03	4,37E-03
L4	7,29E-01	7,96E-01	3,38E-01	3,75E-01	6,78E-01	7,24E-01

Tabela 35. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,99E-01	1,00E+00	8,61E-01	8,98E-01	9,94E-01	9,97E-01	1,27E-03	1,47E-03
L2	1,67E-01	2,16E-01	4,77E-02	5,69E-02	1,27E-01	1,51E-01	3,10E-05	3,72E-05
L3	5,99E-03	1,26E-02	1,66E-03	2,92E-03	4,60E-03	8,14E-03	1,05E-06	1,87E-06
L4	1,65E-02	3,31E-02	4,58E-03	7,75E-03	1,28E-02	2,13E-02	2,92E-06	4,99E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,96E-01	5,50E-01	5,60E-01	6,25E-01	6,23E-01	6,91E-01
L2	1,70E-02	2,06E-02	2,05E-02	2,54E-02	2,48E-02	3,12E-02
L3	5,84E-04	1,05E-03	6,94E-04	1,32E-03	8,42E-04	1,65E-03
L4	1,61E-03	2,77E-03	1,93E-03	3,52E-03	2,33E-03	4,36E-03

Tabela 36. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,99E-01	3,68E-01	9,32E-02	1,10E-01	2,38E-01	2,76E-01
L2	1,17E-02	2,40E-02	3,33E-03	5,88E-03	9,29E-03	1,63E-02
L3	3,22E-02	6,13E-02	9,22E-03	1,55E-02	2,55E-02	4,23E-02
L4	1,00E+00	1,00E+00	9,80E-01	9,89E-01	1,00E+00	1,00E+00

1.3.2 Modelo de Bastos

Tabela 37. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1.00E+00	1.00E+00	9.70E-01	9.78E-01	1.00E+00	1.00E+00	2.06E-03	2.25E-03
L2	4.09E-01	4.58E-01	1.51E-01	1.64E-01	3.65E-01	3.92E-01	9.51E-05	1.04E-04
L3	3.42E-02	3.97E-02	1.07E-02	1.17E-02	2.95E-02	3.23E-02	6.25E-06	6.83E-06
L4	7.67E-02	8.89E-02	1.07E-02	1.17E-02	6.65E-02	7.27E-02	1.44E-05	1.57E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6.68E-01	7.01E-01	7.42E-01	7.79E-01	7.99E-01	8.36E-01
L2	5.08E-02	5.56E-02	6.22E-02	6.95E-02	7.49E-02	8.46E-02
L3	3.42E-03	3.76E-03	4.22E-03	4.73E-03	5.11E-03	5.81E-03
L4	7.85E-03	8.61E-03	9.66E-03	1.08E-02	1.17E-02	1.33E-02

Tabela 38. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,99E-01	1,00E+00	9,96E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	2,83E-01	8,99E-01	2,29E-01	7,87E-01	6,93E-01	1,00E+00
L3	2,17E-02	1,41E-01	1,70E-02	9,67E-02	7,50E-02	9,93E-01
L4	4,91E-02	2,95E-01	3,86E-02	2,08E-01	1,64E-01	1,00E+00

Tabela 39. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1.00E+00	1.00E+00	9.99E-01	1.00E+00	1.00E+00	1.00E+00	2.10E-01	2.23E-01
L2	8.63E-01	8.99E-01	2.92E-01	3.10E-01	6.17E-01	6.43E-01	1.08E-02	1.16E-02
L3	1.24E-01	1.42E-01	2.25E-02	2.42E-02	6.15E-02	6.59E-02	7.14E-04	7.66E-04
L4	2.62E-01	2.96E-01	5.09E-02	5.46E-02	1.36E-01	1.45E-01	1.64E-03	1.76E-03

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1.13E-01	1.23E-01	1.38E-01	1.51E-01	1.64E-01	1.82E-01
L2	5.55E-03	6.03E-03	6.85E-03	7.55E-03	8.29E-03	9.26E-03
L3	3.66E-04	3.97E-04	4.52E-04	4.98E-04	5.47E-04	6.11E-04
L4	8.40E-04	9.12E-04	1.04E-03	1.14E-03	1.26E-03	1.40E-03

Tabela 40. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	5,57E-01	9,85E-01	9,17E-01	1,00E+00	9,40E-01	1,00E+00
L3	5,25E-02	2,46E-01	1,53E-01	1,00E+00	1,70E-01	1,00E+00
L4	1,16E-01	4,77E-01	3,17E-01	1,00E+00	3,49E-01	1,00E+00

1.4. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método "bootstrapping Bayesiano"

1.4.1 Modelo de Shuval

Tabela 41. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,40E-02	6,22E-01	3,20E-02	2,62E-01	2,76E-01	9,84E-01		
L2	1,73E-03	2,28E-02	6,90E-04	7,66E-03	7,09E-03	1,01E-01		
L3	1,78E-05	7,56E-04	6,54E-06	2,45E-04	7,33E-05	3,10E-03		
L4	6,31E-05	2,20E-03	2,08E-05	6,95E-04	2,50E-04	9,54E-03		

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,18E-05	2,18E-04	8,23E-03	3,01E-03	6,85E-03	4,77E-02
L2	4,63E-07	5,45E-06	2,05E-04	6,32E-05	1,46E-04	1,26E-03
L3	4,77E-08	1,82E-07	2,14E-05	6,46E-07	1,41E-06	4,37E-05
L4	1,61E-08	5,12E-07	2,14E-05	2,15E-06	4,46E-06	1,24E-04

Tabela 42. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	1,52E-01	8,51E-01	6,45E-02	4,50E-01	4,87E-01	1,00E+00
L1	3,48E-03	4,59E-02	1,40E-03	1,52E-02	1,39E-02	1,91E-01
L2	3,61E-05	1,47E-03	1,31E-05	4,93E-04	1,48E-04	6,32E-03
L3	1,21E-04	3,91E-03	4,18E-05	1,40E-03	4,94E-04	1,73E-02
L4	1,52E-01	8,51E-01	6,45E-02	4,50E-01	4,87E-01	1,00E+00

Tabela 43. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,20E-01	9,91E-01	1,08E-01	6,53E-01	6,24E-01	1,00E+00	6,64E-05	5,85E-04
L2	5,05E-03	1,08E-01	2,43E-03	2,63E-02	1,99E-02	2,40E-01	1,39E-06	5,08E-07
L3	5,19E-05	1,98E-03	2,29E-05	8,56E-04	2,11E-04	8,59E-03	1,36E-08	5,08E-07
L4	1,72E-04	5,54E-03	7,22E-05	2,40E-03	7,02E-04	2,44E-02	4,48E-08	1,31E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,98E-03	8,21E-02	9,49E-03	6,90E-02	5,22E-03	4,78E-02
L2	1,89E-04	2,29E-03	2,02E-04	1,85E-03	1,10E-04	1,28E-03
L3	1,97E-06	6,37E-05	1,92E-06	1,92E-06	1,11E-06	3,75E-05
L4	6,40E-06	2,06E-04	6,08E-06	1,76E-04	3,68E-06	1,18E-04

Tabela 44. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	3,99E-01	9,93E-01	1,08E-01	6,53E-01	8,79E-01	1,00E+00
L1	1,00E-02	1,19E-01	2,43E-03	2,63E-02	3,98E-02	4,30E-01
L2	1,06E-04	3,96E-03	2,29E-05	8,56E-04	4,42E-04	1,76E-02
L3	3,54E-04	1,18E-02	7,22E-05	2,40E-03	1,37E-03	4,68E-02
L4	3,99E-01	9,93E-01	1,08E-01	6,53E-01	8,79E-01	1,00E+00

Tabela 45. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,24E-02	6,20E-01	8,78E-01	1,00E+00	9,84E-01	9,87E-01	2,32E-05	2,18E-04
L2	1,81E-03	2,39E-02	4,35E-02	3,41E-01	7,46E-03	9,96E-02	4,89E-07	5,56E-06
L3	1,97E-05	7,18E-04	4,16E-04	1,40E-02	7,70E-05	3,05E-03	5,03E-09	1,18E-07
L4	6,60E-05	2,14E-03	1,32E-03	3,88E-02	2,54E-04	9,03E-03	1,61E-08	5,07E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,18E-03	3,27E-02	6,81E-02	4,22E-01	1,86E-03	1,84E-02
L2	6,79E-05	8,47E-04	1,50E-03	1,39E-02	3,98E-05	4,71E-04
L3	6,94E-07	2,41E-05	1,39E-05	4,73E-04	3,96E-07	1,39E-05
L4	2,24E-06	7,50E-05	4,39E-05	1,34E-03	1,29E-06	4,30E-05

Tabela 46. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,61E-01	8,53E+02	1,50E-01	6,98E-01	5,12E-01	1,00E+00
L2	3,75E-03	4,54E-02	3,38E-03	3,02E-02	1,53E-02	1,85E-01
L3	3,08E-05	1,48E-03	3,14E-05	1,05E-03	1,53E-04	6,48E-03
L4	1,30E-04	4,11E-03	9,96E-05	2,97E-03	5,22E-04	1,71E-02

Tabela 47. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,28E-01	9,17E-01	1,02E-01	5,87E-01	6,50E-01	1,00E+00	6,89E-05	5,97E-04
L2	5,38E-03	6,06E-02	2,27E-03	2,22E-02	2,14E-02	2,41E-01	1,45E-06	1,46E-05
L3	5,34E-05	2,07E-03	2,14E-05	7,51E-04	2,20E-04	8,73E-03	1,46E-08	4,92E-07
L4	1,76E-04	5,34E-03	6,77E-05	2,11E-03	7,36E-04	2,32E-02	4,76E-08	1,35E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,47E-03	8,61E-02	2,31E-02	1,30E-01	5,54E-03	4,78E-02
L2	1,95E-04	2,24E-03	4,95E-04	3,65E-03	1,13E-04	1,24E-03
L3	2,02E-06	7,55E-05	4,54E-06	1,33E-04	1,19E-06	4,51E-05
L4	6,58E-06	2,05E-04	1,44E-05	3,75E-04	3,79E-06	1,15E-04

Tabela 48. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,13E-01	9,92E-01	1,97E-01	8,25E-01	1,00E+00	1,00E+00
L2	1,08E-02	1,20E-01	4,65E-03	4,39E-02	4,31E-02	4,20E-01
L3	1,08E-04	3,96E-03	4,34E-05	1,49E-03	4,47E-04	1,71E-02
L4	3,61E-04	1,12E-03	1,37E-04	4,26E-03	1,47E-03	4,79E-02

Tabela 49. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,22E-01	6,81E-01	3,22E-01	3,76E-01	5,37E-01	6,11E-01	1,77E-04	2,39E-04
L2	2,37E-02	2,88E-02	9,47E-03	1,20E-02	1,88E-02	2,40E-02	4,30E-06	6,08E-06
L3	8,14E-04	1,49E-03	3,20E-04	6,13E-04	6,33E-04	1,22E-03	1,40E-07	3,19E-07
L4	2,26E-03	3,97E-03	8,86E-04	1,61E-03	1,75E-03	3,26E-03	3,91E-07	8,46E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,47E-01	4,92E-01	6,25E-02	7,27E-02	6,59E-02	7,66E-02
L2	1,44E-02	1,69E-02	1,58E-03	1,89E-03	1,67E-03	2,00E-03
L3	5,03E-04	8,78E-04	5,38E-05	9,87E-05	5,69E-05	1,04E-04
L4	1,39E-03	2,31E-03	1,49E-04	2,58E-04	1,58E-04	2,72E-04

Tabela 50. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,55E-01	8,95E-01	5,36E-01	5,99E-01	7,78E-01	8,34E-01
L2	4,70E-02	5,61E-02	1,86E-02	2,29E-02	3,64E-02	4,51E-02
L3	1,64E-03	3,04E-03	6,36E-04	1,20E-03	1,25E-03	2,34E-03
L4	4,54E-03	7,91E-03	1,76E-03	3,14E-03	3,47E-03	6,21E-03

Tabela 51. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,26E-01	9,50E-01	6,51E-01	7,14E-01	8,75E-01	9,16E-01	3,50E-04	4,00E-04
L2	6,31E-02	7,47E-02	2,54E-02	3,13E-02	4,99E-02	6,17E-02	8,55E-06	1,01E-05
L3	2,21E-03	3,90E-03	8,70E-04	1,59E-03	1,72E-03	3,21E-03	2,93E-07	5,16E-07
L4	6,12E-03	1,03E-02	2,40E-03	4,23E-03	4,78E-03	8,51E-03	8,11E-07	1,35E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,96E-01	8,34E-01	1,60E-01	1,81E-01	1,68E-01	1,90E-01
L2	3,85E-02	4,46E-02	4,27E-03	5,06E-03	4,52E-03	5,35E-03
L3	1,36E-03	2,32E-03	1,47E-04	2,55E-04	1,55E-04	2,70E-04
L4	3,77E-03	6,04E-03	4,06E-04	6,71E-04	4,29E-04	7,10E-04

Tabela 52. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,94E-01	9,97E-01	8,74E-01	9,11E-01	9,82E-01	9,91E-01
L2	1,22E-01	1,43E-01	4,95E-02	5,99E-02	9,54E-02	1,15E-01
L3	4,44E-03	7,90E-03	1,73E-03	3,12E-03	3,41E-03	6,15E-03
L4	1,23E-02	2,06E-02	4,78E-03	8,20E-03	9,40E-03	1,62E-02

Tabela 53. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,11E-01	9,40E-01	6,21E-01	6,92E-01	4,38E-03	8,08E-03	3,20E-04	3,72E-04
L2	5,85E-02	7,07E-02	2,35E-02	2,96E-02	4,64E-02	5,88E-02	7,83E-06	9,33E-06
L3	2,04E-03	3,69E-03	7,97E-04	1,48E-03	1,59E-03	3,02E-03	2,67E-07	4,86E-07
L4	5,66E-03	9,74E-03	2,21E-03	3,92E-03	4,38E-03	8,08E-03	7,38E-07	1,28E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,80E-01	8,26E-01	1,48E-01	1,69E-01	1,55E-01	1,78E-01
L2	3,68E-02	4,34E-02	3,92E-03	4,70E-03	4,15E-03	4,98E-03
L3	1,29E-03	2,30E-03	1,34E-04	2,41E-04	1,42E-04	2,55E-04
L4	3,56E-03	5,99E-03	3,72E-04	6,35E-04	3,93E-04	6,71E-04

Tabela 54. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,91E-01	9,96E-01	8,51E-01	8,96E-01	9,76E-01	9,88E-01
L2	1,13E-01	1,35E-01	4,57E-02	5,58E-02	8,86E-02	1,09E-01
L3	4,10E-03	7,52E-03	1,58E-03	2,96E-03	3,13E-03	5,85E-03
L4	1,13E-02	1,95E-02	4,38E-03	7,80E-03	8,65E-03	1,53E-02

Tabela 55. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,98E-01	9,99E-01	9,27E-01	9,55E-01	9,94E-01	9,98E-01	8,68E-04	9,93E-04
L2	1,51E-01	1,77E-01	6,22E-02	7,58E-02	1,20E-01	1,47E-01	2,12E-05	2,50E-05
L3	5,54E-03	9,82E-03	2,17E-03	3,98E-03	4,32E-03	7,95E-03	7,28E-07	1,28E-06
L4	1,53E-02	2,54E-02	6,00E-03	1,04E-02	1,19E-02	2,07E-02	2,02E-06	3,36E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,62E-02	1,12E-01	3,50E-01	3,89E-01	3,65E-01	4,05E-01
L2	9,62E-02	1,12E-01	1,06E-02	1,25E-02	1,12E-02	1,32E-02
L3	3,51E-03	6,09E-03	3,66E-04	6,35E-04	3,87E-04	6,72E-04
L4	9,65E-03	1,59E-02	1,01E-03	1,67E-03	1,07E-03	1,77E-03

Tabela 56. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	9,94E-01	9,97E-01	1,00E+00	1,00E+00
L2	2,79E-01	3,20E-01	1,19E-01	1,42E-01	2,22E-01	2,63E-01
L3	1,12E-02	1,95E-02	4,29E-03	7,77E-03	8,49E-03	1,50E-02
L4	3,06E-02	5,03E-02	1,19E-02	2,05E-02	2,33E-02	3,97E-02

1.4.2 Modelo de Bastos

Tabela 57. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus, por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,96E-02	1,78E-01	9,14E-01	1,00E+00	1,15E-01	5,80E-01	8,11E-06	4,42E-05
L2	5,42E-03	3,55E-02	1,07E-01	4,60E-01	2,47E-03	1,50E-01	1,14E-06	8,04E-06
L3	6,83E-04	6,02E-03	7,43E-03	3,98E-02	2,75E-03	2,76E-02	1,08E-07	1,44E-07
L4	1,15E-03	1,03E-02	1,70E-02	8,90E-02	4,66E-03	4,50E-02	3,09E-07	2,38E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,10E-03	7,07E-03	7,91E-02	3,58E-01	6,51E-04	3,81E-03
L2	1,90E-04	1,31E-03	3,80E-03	2,03E-02	1,13E-04	7,12E-04
L3	2,49E-05	2,15E-04	2,50E-04	1,35E-03	1,14E-05	1,24E-04
L4	4,23E-05	3,69E-04	5,75E-04	3,10E-03	5,59E-05	2,01E-04

Tabela 58. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus, por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,93E-01	1,00E+00	9,94E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	1,84E-01	8,32E-01	2,10E-01	7,05E-01	5,60E-01	9,96E-01
L3	4,18E-03	9,08E-02	1,54E-02	7,71E-02	1,69E-02	2,08E-01
L4	1,12E-02	2,08E-01	3,50E-02	1,68E-01	4,59E-02	6,22E-01

Tabela 59. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,51E-01	1,00E+00	9,98E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	8,24E-04	4,04E-03
L2	1,16E-01	5,71E-01	2,45E-01	6,69E-01	3,94E-01	9,76E-01	3,03E-05	1,96E-04
L3	2,58E-03	4,63E-02	1,83E-02	7,01E-02	1,06E-02	1,85E-01	6,65E-07	1,19E-05
L4	6,88E-03	1,10E-01	4,17E-02	1,54E-01	2,80E-02	4,05E-01	1,80E-06	2,74E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,06E-01	4,79E-01	1,85E-01	5,50E-01	6,32E-02	2,90E-01
L2	4,80E-03	2,96E-02	9,41E-03	3,64E-02	2,59E-03	1,59E-02
L3	9,32E-05	1,73E-03	6,22E-04	2,44E-03	5,46E-05	9,74E-04
L4	2,50E-04	4,17E-03	1,43E-03	5,59E-03	1,48E-04	2,34E-03

Tabela 60. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,98E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	2,23E-01	8,07E-01	4,47E-01	8,88E-01	6,37E-01	1,00E+00
L3	5,26E-03	9,55E-02	3,82E-02	1,34E-01	2,08E-02	3,56E-01
L4	1,39E-02	2,27E-01	8,56E-02	2,82E-01	5,54E-02	6,50E-01

Tabela 61. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	9,82E-01	9,88E-01	9,99E-01	1,00E+00	1,54E-03	1,68E-03
L2	4,24E-01	4,54E-01	1,69E-01	1,86E-01	3,02E-01	3,29E-01	7,12E-05	7,75E-05
L3	3,57E-02	3,91E-02	1,21E-02	1,35E-02	2,34E-02	2,60E-02	4,68E-06	5,09E-06
L4	8,01E-02	8,75E-02	1,69E-01	1,86E-01	5,29E-02	5,86E-02	1,08E-05	1,17E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,99E-01	1,00E+00	5,16E-01	5,44E-01	5,35E-01	5,63E-01
L2	2,92E-01	3,11E-01	3,33E-02	3,60E-02	5,35E-01	5,63E-01
L3	2,24E-02	2,43E-02	2,22E-03	2,41E-03	2,35E-03	2,54E-03
L4	5,08E-02	5,48E-02	5,10E-03	5,52E-03	5,39E-03	5,84E-03

Tabela 62. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	6,68E-01	7,00E-01	3,11E-01	3,37E-01	5,13E-01	5,50E-01
L3	7,02E-02	7,64E-02	2,42E-02	2,67E-02	4,63E-02	5,13E-02
L4	1,54E-01	1,67E-01	5,46E-02	6,02E-02	1,03E-01	1,14E-01

Tabela 63. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	3,47E-03	3,47E-03
L2	6,89E-01	7,14E-01	3,25E-01	3,48E-01	5,33E-01	5,63E-01	1,51E-04	1,60E-04
L3	7,42E-02	7,94E-02	2,56E-02	2,77E-02	4,89E-02	5,31E-02	9,93E-06	1,05E-05
L4	1,62E-01	1,73E-01	5,77E-02	6,25E-02	1,09E-01	1,18E-01	2,28E-05	2,42E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	7,83E-01	8,01E-01	8,00E-01	8,17E-01
L2	5,18E-01	5,38E-01	6,93E-02	7,30E-02	7,31E-02	7,70E-02
L3	4,70E-02	4,96E-02	4,71E-03	4,97E-03	4,98E-03	5,26E-03
L4	1,05E-01	1,10E-01	1,08E-02	1,14E-02	1,14E-02	1,20E-02

Tabela 64. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	9,03E-01	9,17E-01	5,45E-01	5,74E-01	7,82E-01	8,08E-01
L3	1,43E-01	1,52E-01	5,05E-02	5,45E-02	9,57E-02	1,03E-01
L4	2,99E-01	3,15E-01	1,12E-01	1,21E-01	2,06E-01	2,21E-01

2. HORTALIÇAS FRUTOSAS

2.1. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança.

2.1.1 Modelo de Shuval

Tabela 65. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1.22E-02	9.58E-02	8.96E-03	6.63E-02	5.23E-02	3.76E-01	3.24E-05	2.47E-04	2.63E-06	1.22E-02
L2	2.57E-05	2.60E-03	1.92E-04	1.75E-03	1.13E-03	1.14E-02	6.91E-07	6.29E-06	5.47E-08	2.57E-05
L3	2.47E-06	8.81E-05	1.77E-06	6.07E-05	1.14E-05	3.89E-04	6.36E-09	2.19E-07	5.40E-10	2.47E-06
L4	8.47E-06	2.38E-04	5.62E-06	1.70E-04	3.76E-05	1.05E-03	2.02E-08	6.13E-07	1.75E-09	8.47E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2.98E-04	2.10E-03	2.23E-03	1.25E-02	2.98E-04	2.10E-03	5.93E-04	4.12E-03	8.77E-04	6.10E-03
L2	6.24E-06	5.42E-05	4.72E-05	3.33E-04	6.24E-06	5.41E-05	1.21E-05	1.12E-04	1.79E-05	1.66E-04
L3	6.23E-08	1.90E-06	4.52E-07	1.28E-05	6.27E-08	1.90E-06	1.31E-06	4.07E-05	1.85E-07	5.20E-06
L4	2.05E-06	5.51E-06	1.43E-06	3.58E-05	2.05E-07	5.50E-06	4.02E-07	1.06E-05	5.95E-04	1.58E-05

Tabela 66. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,51E-02	1,82E-01	1,61E-02	1,32E-01	1,06E-01	5,88E-01	5,85E-05	5,11E-04
L2	5,17E-04	4,80E-03	3,39E-04	3,59E-03	2,28E-03	2,12E-02	1,22E-06	1,30E-05
L3	5,18E-06	1,72E-04	2,99E-06	1,22E-04	2,28E-05	7,60E-04	1,08E-08	4,37E-07
L4	1,70E-05	4,96E-04	9,50E-06	3,44E-04	7,40E-05	2,19E-03	3,42E-08	1,24E-06

Tabela 67. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1.28E-02	9.24E-02	7.89E-03	5.39E-02	5.52E-02	0.00E+00	2.85E-05	1.99E-04	2.74E-06	1.77E-05
L2	2.67E-04	2.50E-03	1.67E-04	1.41E-03	1.18E-03	1.10E-02	6.01E-07	5.10E-06	5.47E-08	4.86E-07
L3	2.67E-06	9.03E-05	1.60E-06	9.08E-06	1.80E-05	3.99E-04	5.74E-09	1.77E-07	5.79E-10	1.38E-08
L4	9.11E-06	2.44E-04	5.05E-06	1.37E-04	4..012e-5	1.07E-03	1.82E-08	4.92E-07	1.79E-09	4.12E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3.18E-04	2.05E-03	1.98E-03	1.01E-02	3.18E-04	2.05E-03	6.19E-04	4.07E-03	9.17E-04	6.03E-03
L2	6.59E-06	5.27E-05	4.24E-05	2.67E-04	6.89E-06	5.27E-05	1.27E-05	1.09E-04	1.87E-05	1.62E-04
L3	6.54E-08	2.09E-06	3.96E-07	1.07E-05	6.54E-08	2.09E-06	1.40E-06	4.18E-05	1.92E-07	5.81E-06
L4	2.14E-07	5.57E-06	1.43E-06	3.58E-05	2.18E-07	5.57E-06	4.28E-07	1.07E-05	6.30E-07	1.58E-05

Tabela 68. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,20E-02	1,43E-01	1,44E-02	1,09E-01	9,37E-02	4,94E-01	5,21E-05	4,14E-04
L2	4,62E-04	4,09E-03	2,99E-04	2,97E-03	2,04E-03	1,79E-02	1,08E-06	1,07E-05
L3	4,54E-06	1,44E-04	2,59E-06	9,96E-05	2,00E-05	6,34E-04	9,32E-09	3,58E-07
L4	1,48E-05	3,79E-04	8,21E-06	1,17E-03	6,06E-05	1,67E-03	2,96E-08	1,02E-06

Tabela 69. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2.72E-04	2.44E-03	5.05E-06	3.01E-03	1.02E-03	1.07E-02	1.52E-06	1.08E-05	2.84E-06	1.82E-05
L2	2.72E-04	2.44E-03	8.96E-06	7.74E-05	1.20E-03	1.07E-02	3.23E-08	2.79E-07	5.78E-08	4.77E-07
L3	2.70E-06	8.58E-06	8.33E-08	2.75E-06	1.20E-05	3.79E-04	3.00E-10	9.91E-09	5.98E-10	1.74E-08
L4	8.91E-06	2.40E-04	2.63E-07	7.69E-06	3.98E-05	1.06E-03	9.47E-10	1.25E-07	1.87E-09	4.94E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3.18E-04	2.05E-03	1.06E-04	5.54E-04	3.18E-04	2.05E-03	6.25E-04	4.02E-03	9.25E-04	5.95E-03
L2	6.63E-06	5.19E-05	2.23E-06	1.47E-05	6.62E-06	5.14E-05	1.31E-05	1.04E-04	1.95E-05	1.54E-04
L3	6.69E-08	1.98E-06	2.10E-08	5.88E-07	6.68E-05	1.97E-06	1.40E-06	4.22E-05	1.99E-07	5.93E-06
L4	2.13E-07	5.51E-06	6.65E-08	1.64E-06	2.13E-07	5.09E-06	4.30E-07	1.15E-05	6.38E-07	1.70E-05

Tabela 70. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,56E-02	1,80E-01	8,78E-04	6,03E-03	1,08E-01	5,82E-01	3,16E-06	2,18E-05
L2	5,61E-04	4,93E-03	1,84E-05	1,55E-04	2,47E-03	2,16E-02	6,61E-08	5,57E-07
L3	5,14E-06	1,82E-04	1,66E-07	5,65E-06	2,35E-05	8,03E-04	5,99E-10	2,03E-08
L4	1,77E-05	4,83E-04	5,31E-07	1,58E-05	7,80E-05	2,13E-03	1,91E-09	5,69E-08

Tabela 71. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,12E-02	7,90E-02	3,72E-04	2,41E-03	4,85E-02	3,04E-01	1,34E-06	8,69E-06	2,50E-06	1,44E-05
L2	2,38E-04	2,09E-03	7,94E-06	6,32E-05	1,05E-02	9,18E-03	2,86E-08	2,28E-07	5,13E-08	3,85E-07
L3	2,36E-06	7,19E-05	7,48E-08	2,20E-06	1,04E-05	3,18E-04	2,69E-10	7,90E-09	5,11E-10	1,46E-08
L4	7,74E-06	2,00E-04	2,38E-07	6,21E-06	3,24E-05	8,83E-04	8,55E-10	2,24E-08	1,66E-09	4,09E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,80E-04	1,66E-03	9,35E-05	4,41E-04	2,80E-03	1,60E-03	5,58E-04	3,30E-03	8,26E-04	4,93E-03
L2	5,78E-06	4,39E-05	1,98E-06	1,18E-05	5,78E-06	4,31E-05	1,16E-05	8,57E-05	1,72E-05	1,27E-04
L3	5,82E-08	1,56E-06	1,88E-07	4,92E-07	5,81E-08	1,55E-06	1,19E-06	3,15E-05	1,62E-07	4,49E-06
L4	1,89E-07	4,78E-06	1,88E-08	1,38E-06	1,90E-07	4,73E-06	1,18E-06	3,46E-05	1,61E-07	4,84E-06

Tabela 72. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,73E-02	1,71E-01	7,72E-04	4,75E-03	1,15E-01	5,62E-01	2,78E-06	1,71E-05
L2	5,71E-04	5,00E-03	1,62E-05	1,26E-04	2,52E-03	2,19E-02	5,84E-08	4,53E-07
L3	5,68E-06	1,83E-04	1,48E-07	4,49E-06	2,49E-05	8,06E-04	5,34E-10	1,62E-08
L4	1,79E-05	5,03E-04	4,70E-07	1,27E-05	8,30E-05	2,22E-03	1,69E-09	9,10E-08

Tabela 73. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,29E-02	2,68E-02	1,80E-02	2,11E-02	9,70E-02	1,13E-01	6,54E-05	7,67E-05	2,41E-03	2,79E-03
L2	5,67E-04	6,89E-04	4,45E-04	5,40E-04	2,50E-03	3,04E-03	1,60E-06	1,94E-06	5,92E-05	7,03E-05
L3	1,94E-05	3,51E-05	1,52E-05	2,75E-05	8,54E-05	1,55E-04	5,46E-08	9,91E-08	2,04E-06	3,64E-06
L4	5,35E-05	9,14E-05	4,20E-05	7,16E-05	2,36E-04	4,03E-04	1,51E-07	2,58E-07	5,61E-06	9,54E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,78E-01	4,17E-01	3,79E-03	4,31E-03	4,06E-03	4,63E-03	0,001148975	1,30E-03	1,70E-03	1,93E-03
L2	1,17E-02	1,37E-02	9,28E-05	1,09E-04	9,97E-05	1,17E-04	2,82E-05	3,28E-05	4,17E-05	4,86E-05
L3	4,07E-04	7,22E-04	3,21E-06	5,70E-06	3,45E-06	6,12E-06	9,82E-07	1,66E-06	4,17E-05	4,86E-05
L4	1,13E-03	1,87E-03	8,87E-06	1,48E-05	9,53E-06	1,59E-05	2,71E-06	4,35E-06	4,01E-06	6,45E-06

Tabela 74. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,54E-02	5,26E-02	3,58E-02	4,15E-02	1,85E-01	2,12E-01	1,31E-04	1,53E-04
L2	1,14E-03	1,37E-03	8,92E-04	1,07E-03	5,01E-03	6,01E-03	3,21E-06	3,86E-06
L3	3,88E-05	7,03E-05	3,04E-05	5,51E-05	1,71E-04	3,10E-04	1,10E-07	1,98E-07
L4	1,08E-04	1,84E-04	8,46E-05	1,45E-04	4,76E-04	8,14E-04	3,04E-07	5,21E-07

Tabela 75. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,92E-02	2,22E-02	1,51E-02	1,75E-02	8,18E-02	9,43E-02	5,47E-05	6,35E-05	3,76E-06	4,30E-06
L2	4,74E-04	5,70E-04	3,71E-04	4,47E-04	2,09E-03	2,51E-03	1,34E-06	1,61E-06	9,21E-08	1,09E-07
L3	1,63E-05	2,91E-05	1,28E-05	2,28E-05	7,19E-05	1,28E-04	4,60E-08	8,21E-08	3,18E-09	5,54E-09
L4	4,52E-05	7,72E-05	3,54E-05	6,05E-05	1,99E-04	3,40E-04	1,27E-07	2,18E-07	8,81E-09	1,47E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,28E-01	3,60E-01	3,17E-03	3,57E-03	3,40E-03	3,83E-03	1,15E-03	1,29E-03	1,70E-03	1,91E-03
L2	9,82E-03	1,14E-02	7,78E-05	9,01E-05	8,35E-05	9,68E-05	2,82E-05	3,27E-05	4,17E-05	4,84E-05
L3	3,42E-04	5,84E-04	2,70E-06	4,61E-06	2,90E-06	4,95E-06	9,84E-07	1,65E-06	1,46E-06	2,44E-06
L4	9,49E-04	1,53E-03	2,70E-06	4,61E-06	8,03E-06	1,30E-05	2,72E-06	4,35E-06	4,03E-06	6,44E-06

Tabela 76. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,81E-02	4,37E-02	3,00E-02	3,45E-02	1,57E-01	1,79E-01	1,10E-04	1,26E-04
L2	9,50E-04	1,13E-03	7,45E-04	8,88E-04	4,19E-03	4,99E-03	2,68E-06	3,20E-06
L3	3,27E-05	5,84E-05	2,57E-05	4,58E-05	1,44E-04	2,58E-04	9,24E-08	1,65E-07
L4	9,05E-05	1,54E-04	7,10E-05	1,21E-04	3,99E-04	6,79E-04	2,55E-07	4,34E-07

Tabela 77. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C,parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,05E-03	1,20E-03	8,25E-04	9,42E-04	4,63E-03	5,29E-03	2,97E-06	3,39E-06	2,05E-07	2,30E-07
L2	2,58E-05	3,05E-05	2,03E-05	2,39E-05	1,14E-04	1,35E-04	7,29E-08	8,60E-08	5,03E-09	5,82E-09
L3	8,95E-07	1,53E-06	7,02E-07	1,20E-06	1,09E-05	1,77E-05	2,53E-09	4,33E-09	5,03E-09	5,82E-09
L4	2,47E-06	4,02E-06	1,94E-06	3,15E-06	3,95E-06	6,77E-06	6,97E-09	1,13E-08	4,83E-10	7,72E-10
Lagoas	C, jejuni						A, lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,17E-02	2,40E-02	1,73E-04	1,92E-04	1,85E-04	2,06E-04	3,83E-05	4,28E-05	5,67E-05	6,34E-05
L2	5,36E-04	6,13E-04	4,23E-06	4,83E-06	1,85E-04	2,06E-04	9,39E-07	1,08E-06	1,39E-06	1,60E-06
L3	1,88E-05	3,11E-05	1,48E-07	2,45E-07	1,59E-07	2,63E-07	3,31E-08	5,43E-08	4,90E-08	8,05E-08
L4	5,18E-05	8,09E-05	4,08E-07	6,37E-07	4,39E-07	6,85E-07	9,13E-08	1,43E-07	1,35E-07	2,12E-07

Tabela 78. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,86E-04	1,01E-03	6,95E-04	7,93E-04	3,90E-03	4,45E-03	5,97E-06	6,77E-06
L2	2,17E-05	2,56E-05	1,70E-05	2,01E-05	9,59E-05	1,13E-04	1,46E-07	1,71E-07
L3	7,54E-07	1,28E-06	5,91E-07	1,01E-06	3,33E-06	5,66E-06	5,08E-09	8,54E-09
L4	2,08E-06	3,37E-06	1,63E-06	2,65E-06	9,18E-06	1,49E-05	1,40E-08	2,25E-08

Tabela 79. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,89E-02	3,09E-02	4,18E-02	3,10E-01	1,06E-01	1,29E-01	1,54E-04	1,34E-03
L2	8,38E-04	8,21E-04	8,98E-04	9,29E-03	3,69E-03	3,62E-03	3,23E-06	3,36E-05
L3	8,53E-06	2,67E-05	8,49E-06	3,08E-04	3,79E-05	1,16E-04	3,05E-08	1,11E-06
L4	2,74E-05	7,46E-05	2,69E-05	8,57E-04	1,21E-04	3,29E-04	9,70E-08	3,09E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,56E-04	7,04E-04	1,05E-02	6,74E-02	9,65E-04	7,03E-04
L2	2,02E-05	1,72E-05	2,23E-04	1,84E-03	2,02E-05	1,72E-05
L3	2,02E-07	5,87E-07	2,16E-06	6,58E-05	2,04E-07	5,83E-07
L4	6,78E-07	1,64E-06	6,83E-06	1,83E-04	6,77E-07	1,63E-06

Tabela 80. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,70E-02	5,44E-01	8,36E-02	5,23E-01	2,98E-01	9,68E-01	3,14E-04	2,66E-03
L2	1,30E-03	1,99E-02	1,83E-03	1,85E-02	7,33E-03	8,47E-02	6,58E-06	6,70E-05
L3	1,79E-05	6,01E-04	1,70E-05	6,16E-04	7,59E-05	2,65E-03	6,13E-08	2,22E-06
L4	5,71E-05	1,83E-03	5,35E-05	1,73E-03	2,52E-04	8,04E-03	1,93E-07	6,24E-06

2.1.2 Modelo de Bastos

Tabela 81. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus, norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,11E-01	4,33E-01	8,32E-02	3,41E-01	4,04E-01	9,17E-01	3,13E-04	1,50E-03	2,49E-05	9,70E-05
L2	2,03E-02	9,83E-02	1,63E-02	7,56E-02	8,67E-02	3,66E-01	5,90E-05	2,83E-04	4,33E-06	1,88E-05
L3	2,25E-03	1,93E-02	3,74E-03	1,78E-02	1,20E-02	8,23E-02	1,35E-05	6,48E-05	5,43E-07	3,65E-06
L4	4,70E-03	3,15E-02	5,86E-03	2,78E-02	1,96E-02	1,32E-01	2,12E-05	1,02E-04	9,44E-07	5,52E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,78E-03	1,10E-02	2,22E-02	6,97E-02	8,37E-03	2,32E-02	5,63E-03	2,00E-02	8,33E-03	3,24E-02
L2	4,99E-04	2,12E-03	4,22E-03	1,35E-02	1,48E-03	6,12E-03	9,83E-04	4,25E-03	1,46E-03	6,29E-03
L3	4,99E-04	2,12E-03	1,19E-03	3,11E-03	1,84E-04	1,19E-03	1,23E-03	8,53E-03	1,81E-04	1,20E-03
L4	6,19E-05	4,14E-04	1,52E-03	4,88E-03	3,14E-04	1,88E-03	2,13E-04	1,25E-03	3,16E-04	1,86E-03

Tabela 82. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus, norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,19E-01	6,55E-01	1,65E-01	5,59E-01	6,64E-01	9,90E-01	2,11E-02	9,78E-02
L2	4,26E-02	1,80E-01	3,34E-02	1,43E-01	1,75E-01	5,83E-01	9,82E-04	4,74E-03
L3	5,30E-03	3,66E-02	7,72E-03	3,47E-02	2,33E-02	1,52E-01	6,46E-05	3,12E-04
L4	9,22E-03	5,93E-02	1,21E-02	5,39E-02	4,00E-02	2,36E-01	1,48E-04	7,17E-04

Tabela 83. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus, norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,17E-01	4,14E-01	4,48E-03	1,61E-02	4,22E-01	9,02E-01	1,62E-05	5,85E-05	2,69E-05	9,44E-05
L2	2,12E-02	9,57E-02	8,46E-04	3,06E-03	9,03E-02	3,58E-01	3,05E-06	1,10E-05	4,66E-06	1,78E-05
L3	2,71E-03	1,86E-02	1,93E-04	7,00E-04	1,19E-02	7,96E-02	6,97E-07	2,52E-06	5,78E-07	3,41E-06
L4	4,65E-03	2,97E-02	3,04E-04	1,10E-03	2,04E-02	1,24E-01	1,09E-06	3,96E-06	9,78E-07	5,59E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,00E-03	1,09E-02	1,15E-03	2,56E-03	3,00E-03	1,02E-01	5,90E-03	1,21E-02	3,00E-03	1,02E-01
L2	5,18E-04	2,02E-03	2,17E-04	4,83E-04	5,18E-04	2,02E-03	1,04E-03	4,01E-03	5,18E-04	2,02E-03
L3	6,38E-05	3,88E-04	4,95E-05	1,11E-04	6,37E-05	3,88E-04	1,35E-03	8,44E-03	6,37E-05	3,88E-04
L4	1,20E-04	6,35E-04	7,77E-05	1,73E-04	1,12E-04	6,35E-04	2,22E-05	1,25E-03	1,12E-04	6,35E-04

Tabela 84. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,70E-01	6,93E-01	4,48E-03	1,61E-02	6,78E-01	9,88E-01	9,31E-04	3,34E-03
L2	4,47E-02	1,75E-01	8,46E-04	3,06E-03	1,83E-01	5,71E-01	4,29E-05	1,54E-04
L3	5,56E-04	3,60E-02	1,93E-04	7,00E-04	2,43E-02	1,49E-01	2,82E-06	1,02E-05
L4	9,75E-03	5,76E-02	3,04E-04	1,10E-03	4,23E-02	2,30E-01	6,48E-06	2,33E-05

Tabela 85. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,87E-01	3,08E-01	2,34E-01	2,52E-01	7,73E-01	8,01E-01	4,78E-04	5,25E-04	3,29E-05	3,56E-05
L2	6,21E-02	6,74E-02	4,90E-02	5,33E-02	2,46E-01	2,65E-01	9,02E-05	9,90E-05	6,20E-06	6,72E-06
L3	1,45E-02	1,58E-02	1,14E-02	1,24E-02	6,26E-02	6,80E-02	2,06E-05	2,26E-05	1,42E-06	1,54E-06
L4	2,27E-02	2,48E-02	1,79E-02	1,95E-02	9,65E-02	1,05E-01	3,24E-05	3,55E-05	2,23E-06	2,41E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,72E-01	9,72E-01	2,73E-02	2,93E-02	2,93E-02	3,14E-02	7,42E-04	8,05E-04	1,10E-03	1,19E-03
L2	4,81E-01	5,06E-01	5,21E-03	5,60E-03	5,60E-03	6,01E-03	1,40E-04	1,52E-04	2,07E-04	2,25E-04
L3	1,40E-01	1,50E-01	1,19E-03	1,28E-03	1,28E-03	1,38E-03	3,20E-05	3,47E-05	4,74E-05	5,14E-05
L4	2,25E-01	2,31E-01	1,87E-03	2,01E-03	2,01E-03	2,16E-03	5,02E-05	5,45E-05	7,44E-05	8,07E-05

Tabela 86. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,00E-01	6,26E-01	5,15E-01	5,41E-01	2,87E-01	3,08E-01	9,59E-04	1,04E-03
L2	1,60E-01	1,71E-01	1,28E-01	1,37E-01	6,21E-02	6,74E-02	1,81E-04	1,97E-04
L3	3,91E-02	4,19E-02	3,08E-02	3,30E-02	1,45E-02	1,58E-02	4,14E-05	4,51E-05
L4	6,07E-02	6,50E-02	4,79E-02	5,14E-02	2,27E-02	2,48E-02	6,49E-05	7,07E-05

Tabela 87. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,65E-03	8,23E-03	1,65E-03	1,75E-03	3,33E-02	3,58E-02	5,95E-06	6,32E-06	1,49E-06	1,58E-06
L2	1,45E-03	1,56E-03	3,12E-04	3,31E-04	6,37E-03	6,86E-03	1,12E-06	1,19E-06	2,81E-07	2,99E-07
L3	3,31E-04	3,56E-04	7,13E-05	7,57E-05	1,46E-03	1,57E-03	2,56E-07	2,73E-07	6,43E-08	6,83E-08
L4	5,20E-04	5,59E-04	1,12E-04	1,19E-04	2,29E-03	2,47E-03	4,03E-07	4,28E-07	1,01E-07	1,07E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,07E-02	1,13E-02	6,31E-05	6,71E-05	1,35E-03	1,41E-03	6,67E-03	7,00E-03	9,87E-03	1,03E-02
L2	2,96E-02	3,10E-02	1,19E-05	1,27E-05	2,54E-04	2,67E-04	1,26E-03	1,32E-03	1,87E-03	1,96E-03
L3	6,85E-03	7,18E-03	2,72E-06	2,89E-06	5,81E-05	6,10E-05	2,89E-04	3,03E-04	4,27E-04	4,49E-04
L4	1,07E-02	1,13E-02	4,27E-06	4,54E-06	9,13E-05	9,58E-05	4,53E-04	4,75E-04	6,71E-04	7,04E-04

Tabela 88. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,04E-03	1,11E-03	1,20E-02	1,28E-02	6,57E-02	7,01E-02	4,35E-05	4,65E-05
L2	2,90E-03	3,10E-03	2,28E-03	2,43E-03	1,27E-02	1,36E-02	8,20E-06	8,77E-06
L3	6,64E-04	7,10E-04	5,21E-04	5,57E-04	2,93E-03	3,13E-03	1,87E-06	2,00E-06
L4	1,04E-03	1,11E-03	8,17E-04	8,74E-04	4,59E-03	4,91E-03	2,94E-06	3,15E-06

2.2. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de "bootstrapping observations".

2.2.1 Modelo de Shuval

As estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças folhosas e florais, obtidos pelo modelo de Shuval, estimador Pnaive e cujos parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança, já foram apresentadas no texto principal, nas Tabelas 4.23- Tabela 4.30.

2.2.2. Modelo de Bastos

Tabela 89. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,98E-02	4,89E-01	6,97E-02	3,50E-01	2,80E-01	1,00E+0	1,45E-02	1,00E+0	8,98E-02	4,89E-01	6,97E-02	3,50E-01
L2	1,76E-02	1,19E-01	1,35E-02	7,81E-02	6,02E-02	9,71E-01	2,75E-03	1,00E+0	1,76E-02	1,19E-01	1,35E-02	7,81E-02
L3	4,05E-03	2,86E-02	3,11E-03	1,84E-02	1,41E-02	5,55E-01	6,29E-04	1,00E+0	4,05E-03	2,86E-02	3,11E-03	1,84E-02
L4	6,35E-03	4,46E-02	4,88E-03	2,88E-02	2,20E-02	7,19E-01	9,88E-04	1,00E+0	6,35E-03	4,46E-02	4,88E-03	2,88E-02

Tabela 90. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,76E-01	7,41E-01	1,39E-01	5,68E-01	4,84E-01	1,00E+00
L2	3,60E-02	2,26E-01	2,78E-02	1,47E-01	1,18E-01	9,99E-01
L3	8,34E-03	5,70E-02	6,43E-03	3,56E-02	2,82E-02	7,88E-01
L4	1,31E-02	8,79E-02	1,01E-02	5,53E-02	4,39E-02	9,12E-01

Tabela 91. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,90E-03	2,70E-02	3,81E-03	1,70E-02	1,72E-02	5,60E-01	7,98E-04	1,00E+0	4,18E-05	3,61E-02	1,04E-03	3,89E-01
L2	9,26E-04	5,14E-03	7,20E-04	3,22E-03	3,27E-03	1,44E-01	1,51E-04	1,00E+0	9,68E-04	6,91E-03	1,97E-04	8,89E-02
L3	2,12E-04	1,18E-03	1,65E-04	7,38E-04	7,48E-04	3,48E-02	3,44E-05	9,89E-01	4,18E-05	1,58E-03	4,50E-05	2,11E-02
L4	3,32E-04	1,85E-03	2,58E-04	1,16E-03	1,17E-03	5,42E-02	5,40E-05	9,99E-01	1,83E-04	2,49E-03	1,24E-05	3,29E-02

Tabela 92. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,71E-02	1,78E-01	5,91E-04	3,93E-03	5,11E-02	2,09E-01
L2	5,61E-04	5,09E-03	1,25E-05	1,03E-04	2,23E-03	2,26E-02
L3	5,67E-06	1,74E-04	1,14E-07	3,64E-06	2,31E-05	7,45E-04
L4	1,79E-05	5,07E-04	3,64E-07	1,03E-05	7,61E-05	2,20E-03

2.3. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pela Inferência Bayesiana.

2.3.1. Modelo de Shuval

As estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças folhosas e florais, obtidos pelo modelo de Shuval, estimador Pnaive e cujos parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pela Inferência Bayesiana, já foram apresentadas no texto principal, nas Tabela 4.31- Tabela 4.46.

2.3.2 Modelo de Bastos

Tabela 93. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,24E-01	6,84E-01	5,95E-02	2,56E-01	3,83E-01	8,91E-01	3,20E-05	1,47E-04
L2	2,10E-02	1,94E-01	1,15E-02	5,42E-02	7,97E-02	3,40E-01	5,74E-06	2,70E-05
L3	2,86E-03	3,47E-02	2,64E-03	1,27E-02	1,50E-02	7,38E-02	7,20E-07	5,24E-06
L4	5,01E-03	5,62E-02	4,15E-03	1,98E-02	1,80E-02	1,15E-01	1,26E-06	7,96E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,00E-03	1,46E-02	3,37E-03	1,81E-02	3,30E-03	1,80E-02
L2	5,26E-04	2,65E-03	5,78E-04	3,32E-03	5,89E-04	3,32E-03
L3	6,66E-05	4,98E-04	7,38E-05	6,18E-04	7,34E-05	6,30E-04
L4	1,16E-04	8,06E-04	1,31E-04	9,71E-04	1,29E-04	1,02E-03

Tabela 94. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,29E-01	9,05E-01	1,19E-01	4,39E-01	6,29E-01	9,88E-01
L2	4,48E-02	3,43E-01	2,36E-02	1,03E-01	1,59E-01	5,58E-01
L3	5,72E-03	7,07E-02	5,45E-03	2,47E-02	2,11E-02	1,47E-01
L4	9,88E-03	1,13E-01	8,54E-03	3,84E-02	3,68E-02	2,26E-01

Tabela 95. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,26E-01	6,86E-01	3,17E-03	1,15E-02	3,92E-01	8,82E-01	3,48E-05	1,37E-04
L2	2,33E-01	1,94E-01	5,99E-04	2,17E-03	8,34E-02	3,38E-01	6,04E-06	2,53E-05
L3	3,08E-03	3,54E-02	1,37E-04	4,97E-04	1,02E-02	7,65E-02	7,44E-07	5,10E-06
L4	5,22E-03	5,83E-02	2,15E-04	7,80E-04	1,87E-02	1,15E-01	1,31E-06	8,16E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,18E-03	1,40E-02	1,10E-03	5,02E-03	3,53E-03	1,73E-02
L2	5,61E-04	2,56E-03	2,07E-04	9,50E-04	6,19E-04	3,18E-03
L3	6,86E-05	4,99E-04	4,73E-05	2,17E-04	7,69E-05	6,26E-04
L4	1,19E-04	7,90E-04	7,43E-05	3,41E-04	1,33E-04	9,94E-04

Tabela 96. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,37E-01	9,12E-01	6,70E-03	2,18E-02	6,51E-01	9,85E-01
L2	4,72E-02	3,53E-01	1,27E-03	4,14E-03	1,70E-01	5,43E-01
L3	6,01E-01	7,02E-02	2,90E-04	9,48E-04	2,25E-02	1,37E-01
L4	1,05E-02	1,12E-01	4,55E-04	1,49E-03	3,18E-02	2,11E-01

Tabela 97. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,62E-01	2,98E-01	8,98E-02	9,81E-02	2,30E-01	2,50E-01	5,48E-05	6,00E-05
L2	5,59E-02	6,48E-02	1,76E-02	1,93E-02	4,83E-02	5,29E-02	1,03E-05	1,13E-05
L3	2,04E-02	2,38E-02	4,05E-03	4,44E-03	1,13E-02	1,24E-02	2,36E-06	2,58E-06
L4	4,06E-02	4,69E-02	6,35E-03	6,97E-03	1,76E-02	1,93E-02	3,71E-06	4,06E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,03E-03	2,24E-03	3,64E-02	4,07E-02	4,40E-02	4,97E-02
L2	5,66E-03	6,24E-03	6,97E-03	7,82E-03	8,46E-03	9,59E-03
L3	1,30E-03	1,43E-03	1,60E-03	1,79E-03	1,94E-03	2,20E-03
L4	2,03E-03	2,24E-03	2,51E-03	2,81E-03	3,05E-03	3,45E-03

Tabela 98. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,56E-01	5,05E-01	1,72E-01	1,86E-01	4,08E-01	4,35E-01
L2	1,09E-01	1,25E-01	3,50E-02	3,80E-02	9,44E-02	1,02E-01
L3	5,04E-02	1,46E-02	8,10E-03	8,83E-03	2,24E-02	2,44E-02
L4	4,06E-02	4,69E-02	1,27E-02	1,38E-02	3,50E-02	3,81E-02

Tabela 99. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,46E-02	2,84E-02	4,25E-03	4,57E-03	1,18E-02	1,27E-02	2,48E-06	2,66E-06
L2	4,68E-03	5,41E-03	8,04E-04	8,64E-04	2,24E-03	2,41E-03	4,68E-07	5,02E-07
L3	1,68E-03	1,95E-03	1,84E-04	1,98E-04	5,13E-04	5,51E-04	1,07E-07	1,15E-07
L4	1,68E-03	1,95E-03	2,88E-04	3,10E-04	8,05E-04	8,65E-04	1,68E-07	1,80E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,19E-04	2,90E-03	6,33E-05	3,24E-04	2,44E-04	1,57E-03
L2	8,63E-06	7,90E-05	1,34E-06	8,59E-06	4,98E-06	4,01E-05
L3	8,58E-08	2,68E-06	1,25E-08	3,28E-07	4,84E-08	1,44E-06
L4	2,88E-07	7,01E-06	3,94E-08	9,15E-07	1,63E-07	4,05E-06

Tabela 100. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,73E-02	3,08E-02	8,51E-03	9,10E-03	2,36E-02	2,52E-02
L2	5,21E-03	5,88E-03	1,61E-03	1,72E-03	4,49E-03	4,80E-03
L3	1,19E-03	1,35E-03	3,68E-04	3,94E-04	1,03E-03	1,10E-03
L4	1,87E-03	2,11E-03	5,78E-04	6,18E-04	1,61E-03	1,72E-03

2.4 Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo "Bootstrapping Bayesiano"

2.4.1 Modelo de Shuval

Tabela 101. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,21E-02	9,29E-02	6,12E-03	5,70E-02	0,0488	0,3601	3,27E-06	2,35E-05
L2	2,54E-03	0,00255	1,29E-04	1,46E-03	0,00103	0,0116	6,79E-08	5,92E-07
L3	2,57E-06	8,84E-05	1,15E-06	4,57E-05	1,08E-05	3,75E-04	6,80E-10	2,07E-08
L4	8,83E-06	0,000236	3,67E-06	1,30E-04	3,44E-05	0,00107	2,23E-09	6,12E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,49E-04	3,67E-03	1,37E-03	9,51E-03	3,62E-04	1,98E-03
L2	9,33E-06	9,12E-05	2,88E-05	2,44E-04	5,43E-06	5,16E-05
L3	9,36E-08	3,17E-06	2,52E-07	9,01E-06	5,42E-08	1,76E-06
L4	3,15E-07	8,96E-06	7,97E-07	2,53E-05	1,81E-07	4,89E-06

Tabela 102. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,47E-02	1,87E-01	1,24E-02	1,11E-01	9,73E-02	6,05E-01
L2	5,14E-04	5,10E-03	2,60E-04	2,92E-03	2,08E-03	2,29E-02
L3	5,04E-06	1,75E-04	2,31E-06	9,44E-05	2,06E-05	7,45E-04
L4	1,71E-05	4,81E-04	7,35E-06	2,67E-04	6,87E-05	2,11E-03

Tabela 103. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,29E-02	9,32E-02	5,42E-03	4,68E-02	5,10E-02	3,60E-01	3,55E-06	2,25E-05
L2	2,63E-04	2,54E-03	1,14E-04	1,20E-03	1,09E-03	1,16E-02	7,22E-08	5,81E-07
L3	2,63E-06	8,86E-05	1,01E-06	3,98E-05	1,08E-05	3,90E-04	7,10E-10	2,22E-08
L4	8,88E-06	2,52E-04	3,21E+00	1,11E-04	3,55E-05	1,11E-03	2,21E-09	5,83E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,96E-04	5,20E-03	1,22E-03	7,67E-03	2,71E-04	2,00E-03
L2	9,91E-06	9,42E-05	2,54E-05	2,03E-04	5,72E-06	4,99E-05
L3	9,96E-08	2,80E-06	2,22E-07	7,64E-06	5,82E-08	1,73E-06
L4	3,27E-07	8,71E-06	7,01E-07	2,13E-05	1,88E-07	4,99E-06

Tabela 104. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,20E-02	1,51E-01	1,11E-02	9,02E-02	8,58E-02	5,30E-01
L2	4,62E-04	4,17E-03	2,32E-04	2,41E-03	1,90E-03	1,89E-02
L3	4,59E-06	1,45E-04	1,99E-06	8,15E-05	1,87E-05	6,49E-04
L4	1,53E-05	4,14E-04	6,35E-06	2,28E-04	6,11E-05	1,78E-03

Tabela 105. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,28E-02	9,48E-02	3,25E-04	2,50E-03	5,16E-02	3,62E-01	3,50E-06	2,32E-05
L2	2,72E-04	2,55E-03	6,88E-06	6,44E-05	1,07E-03	1,16E-02	7,17E-08	5,91E-07
L3	2,65E-06	9,05E-05	6,44E-08	2,17E-06	1,10E-05	3,93E-04	7,07E-09	2,11E-08
L4	8,94E-06	2,40E-04	2,04E-07	6,14E-06	3,79E-05	1,06E-03	2,38E-09	5,10E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,68E-04	3,49E-03	7,14E-05	4,05E-04	2,74E-04	1,91E-03
L2	9,69E-06	9,18E-05	1,51E-06	1,07E-05	5,70E-06	5,03E-05
L3	9,98E-08	3,03E-06	1,40E-08	3,99E-07	5,73E-08	1,80E-06
L4	3,30E-07	9,02E-06	4,44E-08	1,13E-06	1,87E-07	4,95E-06

Tabela 106. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,65E-02	1,81E-01	6,67E-04	4,94E-03	1,02E-01	5,88E-01
L2	5,43E-04	4,96E-03	1,39E-05	1,29E-04	2,28E-03	2,17E-02
L3	5,39E-06	1,08E-04	1,28E-07	4,38E-06	2,19E-05	7,68E-04
L4	1,80E-05	4,68E-04	4,07E-07	1,25E-05	7,31E-05	2,05E-03

Tabela 107. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,40E-02	7,70E-02	2,85E-04	2,02E-03	4,48E-02	3,00E-01	3,04E-06	1,83E-05
L2	2,36E-04	2,05E-03	6,03E-06	5,22E-05	9,59E-04	9,29E-03	6,40E-08	4,70E-07
L3	2,38E-06	7,31E-05	5,75E-08	1,80E-06	9,68E-06	3,14E-04	6,22E-10	1,69E-08
L4	7,71E-06	2,06E-04	1,81E-07	5,08E-06	3,15E-05	8,79E-04	2,06E-09	4,73E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,19E-04	2,90E-03	6,33E-05	3,24E-04	2,44E-04	1,57E-03
L2	8,63E-06	7,90E-05	1,34E-06	8,59E-06	4,98E-06	4,01E-05
L3	8,58E-08	2,68E-06	1,25E-08	3,28E-07	4,84E-08	1,44E-06
L4	2,88E-07	7,01E-06	3,94E-08	9,15E-07	1,63E-07	4,05E-06

Tabela 108. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,71E-02	1,78E-01	5,91E-04	3,93E-03	5,11E-02	2,09E-01
L2	5,61E-04	5,09E-03	1,25E-05	1,03E-04	2,23E-03	2,26E-02
L3	5,67E-06	1,74E-04	1,14E-07	3,64E-06	2,31E-05	7,45E-04
L4	1,79E-05	5,07E-04	3,64E-07	1,03E-05	7,61E-05	2,20E-03

Tabela 109. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,26E-02	4,98E-02	1,45E-02	1,73E-02	2,80E-02	3,34E-02	5,62E-06	6,50E-06
L2	1,06E-03	1,29E-03	3,58E-04	4,40E-04	6,96E-04	8,57E-04	1,37E-07	1,63E-07
L3	3,64E-05	6,76E-05	1,22E-05	2,34E-05	2,37E-05	4,57E-05	4,73E-09	8,47E-09
L4	1,00E-04	1,76E-04	3,39E-05	6,05E-05	6,58E-05	1,18E-04	1,30E-08	2,23E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,36E-02	2,71E-02	2,68E-03	3,09E-03	2,83E-03	3,26E-03
L2	5,85E-04	6,97E-04	6,58E-05	7,81E-05	6,95E-05	8,26E-05
L3	2,01E-05	3,75E-05	2,27E-06	4,09E-06	2,40E-06	4,33E-06
L4	5,54E-05	9,62E-05	6,27E-06	1,08E-05	6,63E-06	1,14E-05

Tabela 110. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,36E-02	9,69E-02	2,90E-02	3,42E-02	5,54E-02	6,55E-02
L2	2,13E-03	2,56E-03	7,17E-04	8,72E-04	1,39E-03	1,71E-03
L3	7,28E-05	1,36E-04	2,44E-05	4,53E-05	4,74E-05	8,96E-05
L4	2,02E-04	3,56E-04	6,76E-05	1,19E-04	1,32E-04	2,32E-04

Tabela 111. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,58E-02	4,15E-02	1,22E-02	1,44E-02	2,34E-02	2,77E-02	5,55E-04	6,33E-04
L2	8,90E-04	1,08E-03	3,00E-04	3,64E-04	5,82E-04	7,08E-04	1,36E-05	1,60E-05
L3	3,07E-05	5,59E-05	1,03E-05	1,91E-05	1,98E-05	3,70E-05	4,70E-07	8,16E-07
L4	8,50E-05	1,46E-04	2,84E-05	5,01E-05	5,50E-05	9,75E-05	1,30E-06	2,18E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,25E-02	2,57E-02	2,24E-03	2,54E-03	2,37E-03	2,69E-03
L2	5,57E-04	6,60E-04	5,50E-05	6,45E-05	5,81E-05	6,82E-05
L3	1,91E-05	3,52E-05	1,88E-06	3,37E-06	1,99E-06	3,56E-06
L4	5,28E-05	9,18E-05	5,23E-06	8,82E-06	5,53E-06	9,32E-06

Tabela 112. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,04E-02	8,06E-02	2,43E-02	2,82E-02	4,64E-02	5,42E-02
L2	1,78E-03	2,13E-03	6,00E-04	7,25E-04	1,16E-03	1,41E-03
L3	6,15E-05	1,12E-04	2,05E-05	3,76E-05	3,99E-05	7,38E-05
L4	1,71E-04	2,95E-04	5,69E-05	9,83E-05	1,11E-04	1,94E-04

Tabela 113. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,98E-03	2,26E-03	6,67E-04	7,67E-04	1,29E-03	1,49E-03	2,56E-07	2,87E-07
L2	4,85E-05	5,73E-05	1,63E-05	1,93E-05	3,17E-05	3,76E-05	6,27E-09	7,24E-09
L3	1,69E-06	2,90E-06	5,61E-07	1,00E-06	1,09E-06	1,98E-06	2,18E-10	3,66E-10
L4	4,65E-06	7,60E-06	1,55E-06	2,62E-06	3,00E-06	5,12E-06	6,03E-10	9,62E-10

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,98E-03	2,26E-03	6,67E-04	7,67E-04	1,29E-03	1,49E-03
L2	4,85E-05	5,73E-05	1,63E-05	1,93E-05	3,17E-05	3,76E-05
L3	1,69E-06	2,90E-06	5,61E-07	1,00E-06	1,09E-06	1,98E-06
L4	4,65E-06	7,60E-06	1,55E-06	2,62E-06	3,00E-06	5,12E-06

Tabela 114. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,66E-03	1,90E-03	5,60E-04	6,46E-04	4,72E-07	8,42E-07
L2	4,08E-05	4,81E-05	1,38E-05	1,62E-05	1,38E-05	1,62E-05
L3	1,42E-06	2,44E-06	4,72E-07	8,42E-07	4,72E-07	8,42E-07
L4	3,90E-06	6,39E-06	1,31E-06	2,21E-06	1,31E-06	2,14E-07

Tabela 115. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,65E-03	1,87E-03	5,55E-04	6,33E-04	1,08E-03	1,23E-03	2,13E-07	2,38E-07
L2	4,05E-05	4,71E-05	1,36E-05	1,59E-05	2,64E-05	3,09E-05	5,22E-09	6,01E-09
L3	1,40E-06	2,45E-06	4,73E-07	8,26E-07	9,14E-07	1,61E-06	1,84E-10	3,04E-10
L4	3,89E-06	6,37E-06	1,31E-06	2,17E-06	2,54E-06	4,21E-06	5,06E-10	8,07E-10

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,03E-03	1,16E-03	1,02E-04	1,12E-04	1,07E-04	1,18E-04
L2	2,53E-05	2,91E-05	2,49E-06	2,83E-06	2,64E-06	3,00E-06
L3	8,81E-07	1,47E-06	8,74E-08	1,44E-07	9,24E-08	1,52E-07
L4	2,44E-06	3,87E-06	2,42E-07	3,77E-07	2,56E-07	3,99E-07

Tabela 116. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,31E-03	3,72E-03	1,11E-03	1,26E-03	2,16E-03	2,44E-03
L2	8,13E-05	9,37E-05	2,73E-05	3,17E-05	5,30E-05	6,16E-05
L3	2,83E-06	4,92E-06	9,51E-07	1,64E-06	1,84E-06	3,15E-06
L4	7,84E-06	1,28E-05	2,63E-06	4,33E-06	5,10E-06	8,32E-06

2.4.2 Modelo de Bastos

Tabela 117. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,18E-01	4,20E-01	2,29E-01	6,50E-01	3,94E-01	9,14E-01	3,26E-05	1,17E-04
L2	2,13E-02	9,32E-02	1,19E-02	4,72E-02	8,38E-02	3,66E-01	5,75E-06	2,25E-05
L3	2,69E-03	1,84E-02	7,89E-04	3,18E-03	1,11E-02	8,04E-02	7,00E-07	4,43E-06
L4	6,46E-03	3,06E-02	1,81E-03	7,28E-03	1,88E-02	1,29E-01	1,24E-06	6,90E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,50E-03	1,94E-02	8,71E-03	3,43E-02	2,59E-03	1,05E-02
L2	7,94E-04	3,58E-03	4,03E-04	1,61E-03	4,55E-04	1,96E-03
L3	9,90E-05	6,74E-04	2,65E-05	1,06E-04	5,70E-05	3,81E-04
L4	1,68E-04	1,12E-03	6,09E-05	2,43E-04	9,88E-05	6,04E-04

Tabela 118. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,27E-01	6,49E-01	7,28E-03	2,69E-02	6,41E-01	9,93E-01
L2	4,45E-02	1,17E-01	1,38E-03	5,12E-03	6,61E-01	6,00E-01
L3	5,53E-03	3,63E-02	3,15E-04	1,17E-03	2,20E-02	1,53E-01
L4	9,67E-03	5,98E-02	4,94E-04	1,84E-03	3,87E-02	2,40E-01

Tabela 119. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2.72E-01	2.94E-01	1.02E-01	1.12E-01	1.88E-01	2.06E-01	4.11E-05	4.45E-05
L2	5.83E-02	6.37E-02	2.00E-02	2.21E-02	3.84E-02	4.27E-02	7.74E-06	8.39E-06
L3	1.36E-02	1.49E-02	4.61E-03	5.10E-03	8.92E-03	9.92E-03	1.77E-06	1.92E-06
L4	2.13E-02	2.33E-02	7.23E-03	8.00E-03	1.40E-02	1.55E-02	2.78E-06	3.01E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1.80E-01	1.94E-01	1.93E-02	2.09E-02	2.04E-02	2.21E-02
L2	3.68E-02	3.98E-02	3.68E-03	3.99E-03	3.89E-03	4.21E-03
L3	8.54E-03	9.24E-03	8.42E-04	9.13E-04	8.90E-04	9.65E-04
L4	1.34E-02	1.45E-02	1.32E-03	1.43E-03	1.40E-03	1.51E-03

Tabela 120. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,60E-01	2,80E-01	1,93E-01	2,11E-01	3,41E-01	3,69E-01
L2	5,52E-02	6,00E-02	3,97E-02	4,37E-02	7,57E-02	8,33E-02
L3	1,29E-02	1,40E-02	9,22E-03	1,02E-02	1,78E-02	1,97E-02
L4	2,02E-02	2,20E-02	1,44E-02	1,59E-02	1,40E-02	1,55E-02

Tabela 121. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus ,Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,43E-02	1,54E-02	4,84E-03	5,25E-03	9,36E-03	1,02E-02	1,86E-06	1,98E-06
L2	2,72E-03	2,93E-03	9,15E-04	9,93E-04	1,77E-03	1,93E-03	3,51E-07	7,37E-06
L3	6,23E-04	6,70E-04	2,09E-04	2,27E-04	4,05E-04	4,42E-04	8,02E-08	8,52E-08
L4	9,77E-04	1,05E-03	3,28E-04	3,57E-04	6,36E-04	6,93E-04	1,26E-07	1,34E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,97E-03	9,50E-03	8,85E-04	9,36E-04	9,35E-04	9,89E-04
L2	1,70E-03	1,80E-03	1,67E-04	1,77E-04	1,77E-04	1,87E-04
L3	3,89E-04	4,11E-04	3,82E-05	4,04E-05	4,04E-05	4,27E-05
L4	6,10E-04	6,46E-04	5,99E-05	6,34E-05	6,33E-05	6,70E-05

Tabela 122. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,25E-03	1,33E-03	9,67E-03	1,05E-02	1,27E-03	1,38E-03
L2	2,85E-02	3,04E-02	1,83E-03	1,98E-03	1,87E-02	2,03E-02
L3	1,25E-03	1,33E-03	4,19E-04	4,53E-04	8,12E-04	8,82E-04
L4	1,96E-03	2,09E-03	6,57E-04	7,12E-04	1,27E-03	1,38E-03

Tabela 123. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,43E-02	1,54E-02	4,84E-03	5,25E-03	9,36E-03	1,02E-02	1,86E-06	1,98E-06
L2	2,72E-03	2,93E-03	9,15E-04	9,93E-04	1,77E-03	1,93E-03	3,51E-07	7,37E-06
L3	6,23E-04	6,70E-04	2,09E-04	2,27E-04	4,05E-04	4,42E-04	8,02E-08	8,52E-08
L4	9,77E-04	1,05E-03	3,28E-04	3,57E-04	6,36E-04	6,93E-04	1,26E-07	1,34E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,97E-03	9,50E-03	8,85E-04	9,36E-04	9,35E-04	9,89E-04
L2	1,70E-03	1,80E-03	1,67E-04	1,77E-04	1,77E-04	1,87E-04
L3	3,89E-04	4,11E-04	3,82E-05	4,04E-05	4,04E-05	4,27E-05
L4	6,10E-04	6,46E-04	5,99E-05	6,34E-05	6,33E-05	6,70E-05

Tabela 124. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,25E-03	1,33E-03	9,67E-03	1,05E-02	1,27E-03	1,38E-03
L2	2,85E-02	3,04E-02	1,83E-03	1,98E-03	1,87E-02	2,03E-02
L3	1,25E-03	1,33E-03	4,19E-04	4,53E-04	8,12E-04	8,82E-04
L4	1,96E-03	2,09E-03	6,57E-04	7,12E-04	1,27E-03	1,38E-03

3. HORTALIÇAS FOLHOSAS, FLORIAS E FRUTOSAS

3.1. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança.

3.1.1 Modelo de Shuval

Tabela 125. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2.13E-01	9.17E-01	5.66E-02	4.16E-01	6.57E-01	1.00E+00	2.10E-04	1.94E-03	5.27E-05	4.75E-04
L2	5.08E-03	6.18E-02	1.24E-03	1.35E-02	2.20E-02	2.45E-01	4.46E-06	4.88E-05	1.10E-06	1.24E-05
L3	5.24E-05	1.94E-03	1.17E-05	4.36E-04	2.33E-04	8.55E-03	4.20E-08	1.57E-06	1.10E-08	3.93E-07
L4	1.76E-04	5.53E-03	3.69E-05	1.23E-03	7.78E-04	2.42E-02	1.33E-07	4.42E-06	3.62E-08	1.10E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6.02E-03	5.35E-02	2.22E-03	2.04E-02	6.01E-03	2.64E-02	2.36E-03	2.64E-02	3.49E-03	3.89E-02
L2	1.25E-04	1.40E-03	4.73E-05	5.17E-04	1.25E-04	6.60E-04	5.01E-05	6.60E-04	7.01E-05	9.78E-04
L3	1.25E-06	4.65E-05	4.46E-07	1.66E-05	1.25E-02	2.14E-04	5.27E-06	2.14E-04	7.37E-07	3.01E-05
L4	5.00E-06	1.17E-04	1.41E-06	4.69E-05	4.10E-06	5.85E-05	1.69E-06	5.85E-05	2.55E-06	8.67E-05

Tabela 126. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3.90E-01	9.93E-01	1.12E-01	6.57E-01	8.60E-01	1.00E+00	4.28E-04	3.84E-03
L2	1.03E-02	1.70E-01	2.52E-03	2.70E-02	4.45E-02	4.24E-02	9.07E-06	9.85E-05
L3	1.02E-04	3.95E-03	2.32E-05	8.92E-04	4.52E-04	1.73E-02	8.34E-08	3.21E-06
L4	3.40E-04	1.03E-02	7.37E-05	2.50E-03	1.50E-03	4.47E-02	2.65E-07	9.02E-06

Tabela 127. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus , Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7.87E-02	6.13E-01	4.18E-02	3.10E-01	1.77E-03	9.84E-01	1.54E-04	1.34E-03	1.79E-05	1.76E-04
L2	1.77E-03	2.26E-02	8.98E-04	9.29E-03	7.78E-03	9.61E-02	3.23E-06	3.36E-05	3.67E-07	4.54E-06
L3	1.79E-05	7.42E-03	8.49E-06	3.08E-04	7.87E-05	3.27E-03	3.05E-08	1.11E-06	3.68E-09	1.46E-07
L4	5.98E-05	2.13E-03	2.69E-05	8.57E-04	2.65E-04	9.36E-03	9.70E-08	3.09E-06	1.23E-08	3.20E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2.01E-03	2.07E-02	1.05E-02	6.74E-02	2.01E-03	2.07E-02	3.91E-03	3.91E-02	5.78E-03	5.74E-02
L2	4.24E-05	5.20E-04	2.23E-04	1.84E-03	4.25E-05	5.19E-04	8.30E-05	9.79E-04	1.23E-04	1.45E-03
L3	4.36E-07	1.63E-05	2.16E-06	6.58E-05	4.33E-07	1.63E-05	9.05E-06	3.30E-05	1.28E-06	4.67E-05
L4	1.43E-06	4.74E-05	6.83E-06	1.83E-04	1.41E-06	4.74E-05	2.88E-06	8.85E-05	4.27E-06	1.31E-04

Tabela 128. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1.51E-01	8.54E-01	8.36E-02	5.23E-01	5.13E-01	1.00E+00	3.14E-04	2.66E-03
L2	3.44E-03	4.78E-02	1.83E-03	1.85E-02	1.51E-02	1.94E-01	6.58E-06	6.70E-05
L3	3.65E-05	1.44E-03	1.70E-05	6.16E-04	1.53E-04	6.36E-03	6.13E-08	2.22E-06
L4	1.19E-04	4.23E-03	5.35E-05	1.73E-03	5.25E-04	1.85E-02	1.93E-07	6.24E-06

Tabela 129. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,29E-01	9,07E-01	1,31E-01	6,57E-01	6,90E-01	1,00E+00	5,04E-04	3,85E-03	5,62E-05	4,64E-04
L2	5,43E-03	6,26E-02	2,97E-03	2,68E-02	2,37E-02	2,48E-01	1,07E-05	9,79E-05	1,16E-06	1,17E-05
L3	5,53E-05	2,11E-03	2,76E-05	9,40E-04	2,44E-04	9,28E-03	9,94E-08	3,39E-06	1,14E-08	3,71E-07
L4	1,85E-05	5,42E-03	8,80E-05	2,65E-03	8,15E-04	2,37E-02	9,94E-08	3,39E-06	3,76E-08	1,10E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,40E-03	5,07E-02	3,42E-02	1,78E-01	6,39E-03	5,06E-02	1,23E-02	1,00E-01	1,82E-02	1,15E-01
L2	1,34E-04	1,33E-03	7,34E-04	5,14E-03	1,34E-04	1,33E-03	2,63E-04	2,71E-03	3,89E-04	4,01E-03
L3	1,32E-06	4,46E-02	6,98E-06	2,02E-04	1,32E-06	4,46E-05	2,79E-05	9,25E-04	3,98E-06	1,30E-04
L4	4,40E-06	1,26E-04	2,21E-05	5,60E-04	4,40E-06	1,26E-04	8,69E-06	2,50E-04	1,29E-05	3,70E-04

Tabela 130. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert re remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,09E-01	9,94E-01	2,52E-01	8,82E-01	9,00E-01	1,00E+00	1,04E-03	7,67E-03
L2	1,10E-02	1,19E-01	6,06E-03	5,30E-02	4,80E-02	4,28E-01	2,19E-05	1,96E-04
L3	1,60E-05	4,07E-03	5,59E-05	1,92E-03	4,70E-04	1,79E-02	2,01E-07	6,92E-06
L4	3,63E-04	1,20E-02	1,78E-04	5,41E-03	1,60E-03	5,18E-02	6,42E-07	1,95E+00

Tabela 131. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,26E-02	6,13E-01	3,40E-01	9,85E-01	3,22E-01	9,84E-01	1,09E-03	1,11E-02	1,83E-05	1,08E-04
L2	1,82E-03	2,30E-02	8,78E-03	9,98E-02	8,00E-03	9,75E-02	2,32E-05	2,77E-04	3,67E-07	4,34E-06
L3	1,92E-05	7,17E-04	8,29E-05	3,29E-03	8,50E-05	3,16E-03	2,18E-07	8,67E-06	3,98E-09	1,74E-07
L4	6,31E-05	2,00E-03	2,64E-04	9,22E-03	2,80E-04	8,78E-03	6,93E-07	2,44E-05	1,30E-08	4,16E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,13E-03	2,00E-02	9,91E-02	5,40E-01	8,26E-02	6,13E-01	3,40E-01	9,85E-01	3,22E-01	9,84E-01
L2	4,42E-05	5,13E-04	2,21E-03	1,98E-02	1,82E-03	2,30E-02	8,78E-03	9,98E-02	8,00E-03	9,75E-02
L3	4,54E-07	1,71E-05	2,09E-05	6,94E-04	1,92E-05	7,17E-04	8,29E-05	3,29E-03	8,50E-05	3,16E-03
L4	1,51E-06	4,82E-05	6,58E-05	1,96E-03	6,31E-05	2,00E-03	2,64E-04	9,22E-03	2,80E-04	8,78E-03

Tabela 132. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,64E-01	8,52E-01	1,90E-01	7,67E-01	5,45E-01	9,97E-01	7,59E-04	5,24E-03
L2	3,60E-03	4,35E-02	4,42E-03	3,69E-02	1,60E-02	1,78E-01	1,59E-05	1,35E-04
L3	3,79E-05	1,48E-03	4,08E-05	1,36E-03	1,67E-04	6,50E-03	1,47E-07	4,90E-06
L4	1,28E-04	3,98E-03	1,29E-04	3,86E-03	6,54E-04	1,73E-02	4,65E-07	1,39E-05

Tabela 133. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção derotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert , parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,49E-01	7,95E-01	6,70E-01	7,22E-01	9,97E-01	9,99E-01	3,04E-03	3,52E-03	2,76E-04	3,16E-04
L2	3,42E-02	4,07E-02	2,69E-02	3,21E-02	1,42E-01	1,67E-01	7,46E-05	8,92E-05	6,75E-06	7,96E-06
L3	1,19E-03	2,10E-03	9,33E-04	1,65E-03	5,23E-03	9,24E-03	2,55E-06	4,52E-06	2,32E-07	4,05E-07
L4	3,29E-03	5,56E-03	2,58E-03	4,37E-03	1,44E-02	2,42E-02	7,07E-06	1,20E-05	6,41E-07	1,06E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	2,07E-01	2,30E-01	2,20E-01	2,44E-01	6,03E-02	6,87E-02	8,79E-02	9,99E-02
L2	5,07E-01	5,57E-01	5,68E-03	6,58E-03	6,10E-03	7,07E-03	1,52E-03	1,79E-03	2,26E-03	2,66E-03
L3	2,47E-02	4,05E-02	1,97E-04	3,34E-04	2,12E-04	3,58E-04	5,24E-05	9,14E-05	7,76E-05	1,35E-04
L4	6,64E-02	1,02E-01	5,46E-04	8,72E-04	5,86E-04	9,36E-04	1,45E-04	2,40E-04	2,14E-04	3,55E-04

Tabela 134. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,34E-01	9,55E-01	8,91E-01	9,22E-01	1,00E+00	1,00E+00	6,10E-03	7,02E-03
L2	6,72E-02	7,95E-02	5,32E-02	6,30E-02	2,64E-01	3,04E-01	1,50E-04	1,78E-04
L3	2,38E-03	4,26E-03	1,86E-03	3,34E-03	1,04E-02	1,85E-02	5,10E-06	9,17E-06
L4	6,58E-03	1,11E-02	5,16E-03	8,70E-03	2,87E-02	4,75E-02	1,42E-05	2,39E-05

Tabela 135. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,05E-01	4,57E-01	3,37E-01	3,85E-01	8,93E-01	9,26E-01	1,13E-03	1,33E-03	1,02E-04	1,19E-04
L2	1,27E-02	1,55E-02	1,00E-02	1,22E-02	5,49E-02	6,65E-02	2,75E-05	3,35E-05	2,49E-06	2,97E-06
L3	4,34E-04	8,23E-04	3,41E-04	6,46E-04	1,91E-03	3,62E-03	9,32E-07	1,77E-06	8,49E-08	1,56E-07
L4	1,20E-03	2,14E-03	9,45E-04	1,68E-03	5,30E-03	9,40E-03	2,59E-06	4,61E-06	2,35E-07	4,12E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	8,21E-02	9,35E-02	8,79E-02	9,99E-02	3,62E-01	4,01E-01	4,84E-01	5,30E-01
L2	2,32E-01	2,66E-01	2,10E-03	2,48E-03	2,25E-03	2,66E-03	1,11E-02	1,31E-02	1,64E-02	1,94E-02
L3	9,15E-03	1,60E-02	7,26E-05	1,28E-04	7,80E-05	1,38E-04	3,87E-04	6,82E-04	5,73E-04	1,01E-03
L4	2,51E-02	4,12E-02	2,01E-04	3,38E-04	2,15E-04	3,63E-04	1,07E-03	1,80E-03	1,58E-03	2,66E-03

Tabela 136. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,43E-01	6,99E-01	1,90E-03	3,37E-03	9,87E-01	9,93E-01	2,26E-03	2,65E-03
L2	2,54E-02	3,05E-02	1,90E-03	3,37E-03	1,07E-01	1,28E-01	5,53E-05	6,65E-05
L3	8,73E-04	1,63E-03	6,84E-04	1,28E-03	3,84E-03	7,16E-03	1,87E-06	3,50E-06
L4	2,42E-03	4,29E-03	1,90E-03	3,37E-03	1,06E-02	1,87E-02	5,19E-06	9,23E-06

Tabela 137. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert re remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,57E-01	9,64E-01	9,35E-01	9,57E-01	1,00E+00	1,00E+00	9,89E-03	1,15E-02	6,85E-04	7,83E-04
L2	8,25E-02	9,74E-02	6,54E-02	7,74E-02	3,15E-01	3,62E-01	2,44E-04	2,90E-04	1,62E-05	2,31E-05
L3	2,33E-03	6,90E-03	2,29E-03	4,04E-03	1,28E-02	2,24E-02	8,24E-06	1,46E-05	5,76E-07	1,01E-06
L4	8,08E-03	1,35E-02	6,34E-03	1,07E-02	3,51E-02	5,80E-02	2,46E-05	3,22E-05	1,59E-06	2,65E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	4,34E-01	4,73E-01	4,56E-01	4,96E-01	9,39E-01	9,55E-01	9,82E-01	9,88E-01
L2	8,17E-01	8,56E-01	1,40E-02	1,62E-02	1,50E-02	1,74E-02	7,23E-02	8,30E-02	1,05E-01	1,20E-01
L3	5,96E-02	9,52E-02	4,89E-04	8,28E-04	5,25E-04	8,89E-04	2,60E-03	4,39E-03	3,85E-03	6,48E-03
L4	1,54E-01	2,21E-01	1,35E-03	2,16E-03	1,45E-03	2,32E-03	7,16E-03	1,14E-02	1,06E-02	1,68E-02

Tabela 138. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,98E-01	9,99E-01	9,96E-01	9,98E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,98E-02	2,27E-02
L2	1,58E-01	1,85E-01	1,27E-01	1,49E-01	5,30E-01	5,89E-01	4,89E-04	5,79E-04
L3	5,89E-03	1,04E-02	4,62E-03	8,19E-03	2,57E-02	4,49E-02	1,67E-05	2,96E-05
L4	1,62E-02	2,71E-02	1,28E-02	2,14E-02	6,95E-02	1,12E-01	4,93E-05	6,38E-05

Tabela 139. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus , Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,18E-01	7,70E-01	6,37E-01	6,96E-01	9,95E-01	9,98E-01	3,66E-03	4,31E-03	2,52E-03	2,93E-03
L2	3,12E-02	3,79E-02	2,46E-02	2,99E-02	1,30E-01	1,56E-01	8,95E-05	1,09E-04	6,19E-05	7,35E-05
L3	1,08E-03	1,96E-03	8,43E-04	1,54E-03	4,73E-03	8,61E-03	3,04E-06	5,54E-06	2,11E-06	3,82E-06
L4	3,00E-03	5,18E-03	2,35E-03	4,07E-03	1,31E-02	2,26E-02	8,47E-06	1,47E-05	5,83E-06	1,00E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	1,91E-01	2,15E-01	2,03E-01	2,29E-01	5,52E-02	6,38E-02	8,06E-02	9,30E-02
L2	4,76E-01	5,28E-01	5,20E-03	6,11E-03	5,58E-03	6,56E-03	4,76E-05	8,63E-05	2,07E-03	2,46E-03
L3	2,25E-02	3,87E-02	1,80E-04	3,19E-04	1,94E-04	3,42E-04	4,76E-05	8,63E-05	7,05E-05	1,28E-04
L4	6,09E-02	9,58E-02	5,00E-04	8,33E-04	5,37E-04	8,95E-04	1,32E-04	2,26E-04	1,95E-04	3,35E-04

ivamente.

Tabela 140. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,16E-01	9,42E-01	8,68E-01	9,06E-01	1,00E+00	1,00E+00	7,33E-03	8,58E-03
L2	6,17E-02	7,34E-02	4,88E-02	5,82E-02	2,44E-01	2,84E-01	1,80E-04	2,16E-04
L3	2,17E-03	4,02E-03	1,70E-03	3,16E-03	9,53E-03	1,76E-02	6,12E-06	1,14E-05
L4	6,01E-03	1,06E-02	4,72E-03	8,32E-03	2,62E-02	4,55E-02	2,07E-05	6,61E-05

3.2. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de "bootstrapping observations".

3.2.1. Modelo de Shuval

Tabela 141. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,15E-01	9,99E-01	3,40E-01	9,85E-01	8,78E-01	1,00E+0	9,39E-02	1,00E+0	1,00E-01	1,00E+0	1,13E-01	1,00E+0
L2	1,17E-02	1,54E-01	8,62E-03	1,06E-01	4,30E-02	9,73E-01	2,15E-03	1,00E+0	2,29E-03	1,25E-01	2,59E-03	8,40E-01
L3	1,05E-04	5,84E-03	8,65E-05	3,95E-03	4,59E-04	7,24E-02	2,56E-05	9,42E-01	2,20E-05	3,02E-03	2,67E-05	2,76E-02
L4	3,32E-04	1,64E-02	2,76E-04	1,11E-02	1,47E-03	1,95E-01	7,86E-05	1,00E+0	6,81E-05	8,28E-03	8,41E-05	7,78E-02

Tabela 142. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert r e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,92E-03	8,14E-02	1,21E-02	1,07E-01	5,64E-02	9,73E-01
L2	1,65E-04	2,12E-03	2,57E-04	2,84E-03	1,22E-03	8,20E-02
L3	1,48E-06	6,58E-05	2,20E-06	9,56E-05	1,20E-05	1,92E-03
L4	4,68E-06	1,88E-04	7,02E-06	2,77E-04	4,00E-05	5,43E-03

Tabela 143. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,67E-01	9,30E-01	1,33E-01	7,93E-01	5,21E-01	1,00E+0	3,50E-02	1,00E+0	3,70E-02	8,70E-01	4,48E-02	1,00E+0
L2	3,94E-03	6,37E-02	3,03E-03	3,90E-02	1,59E-02	7,29E-01	7,82E-04	1,00E+0	8,23E-04	4,47E-02	9,48E-04	5,14E-01
L3	3,59E-05	2,19E-03	3,01E-05	1,40E-03	1,57E-04	2,75E-02	8,70E-06	6,79E-01	7,51E-06	1,09E-03	9,89E-06	9,11E-03
L4	1,14E-04	6,09E-03	9,47E-05	4,05E-03	5,07E-04	7,49E-02	2,71E-05	9,71E-01	2,36E-05	2,90E-03	3,09E-05	2,64E-02

Tabela 143. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	3,10E-01	9,94E-01	2,52E-01	9,63E-01	7,79E-01	1,00E+00
L2	8,04E-03	1,29E-01	5,96E-03	8,21E-02	3,20E-02	9,35E-01
L3	7,14E-05	4,56E-03	5,97E-05	2,93E-03	3,20E-04	4,81E-02
L4	2,24E-04	1,32E-02	1,85E-04	7,98E-03	1,02E-03	1,36E-01

Tabela 144. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,42E-01	1,00E+0	6,48E01	1,00E+00	9,94E-01	1,00E+0	2,16E-01	1,00E+0	2,38E-01	1,00E+0	2,68E-01	1,00E+0
L2	2,88E-02	3,43E-01	2,16E02	2,43E-01	1,06E-01	1,00E+0	5,39E-03	1,00E+0	5,73E-03	2,97E-01	6,61E-03	9,92E-01
L3	2,69E-04	1,35E-02	2,17E04	9,33E-03	1,13E-03	1,64E-01	6,47E-05	9,98E-01	5,32E-05	7,07E-03	6,71E-05	6,62E-02
L4	8,38E-04	3,78E-02	6,73E04	2,61E-02	3,52E-03	4,03E-01	2,00E-04	1,00E+0	1,69E-04	2,03E-02	2,21E-04	1,94E-01

Tabela 145. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert r e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,64E-04	7,09E-03	6,54E-04	4,75E-03	3,18E-03	1,64E-01
L2	1,83E-05	1,79E-04	1,39E-05	1,23E-04	6,83E-05	4,13E-03
L3	1,70E-07	6,13E-06	1,28E-07	4,40E-06	7,00E-07	9,49E-05
L4	5,37E-07	1,73E-05	4,04E-07	1,25E-05	2,20E-06	2,73E-04

Tabela 146. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	7,42E-01	1,00E+0	6,48E-01	1,00E+0	9,94E-01	1,00E+0	2,16E-01	1,00E+0	2,38E-01	1,00E+0	2,68E-01	1,00E+0
L2	2,88E-02	3,43E-01	2,16E-02	2,43E-01	1,06E-01	1,00E+0	5,39E-03	1,00E+0	5,73E-03	2,97E-01	6,61E-03	9,92E-01
L3	2,69E-04	1,35E-02	2,17E-04	9,33E-03	1,13E-03	1,64E-01	6,47E-05	9,98E-01	5,32E-05	7,07E-03	6,71E-05	6,62E-02
L4	8,38E-04	3,78E-02	6,73E-04	2,61E-02	3,52E-03	4,03E-01	2,00E-04	1,00E+0	1,69E-04	2,03E-02	2,21E-04	1,94E-01

Tabela 147. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus e norovírus higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,35E-01	1,00E+00	8,71E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
L2	5,69E-02	5,80E-01	4,33E-02	4,03E-01	2,05E-01	1,00E+00
L3	5,43E-04	2,66E-02	4,29E-04	2,04E-02	2,22E-03	2,85E-01
L4	1,69E-03	7,47E-02	1,37E-03	5,49E-02	6,82E-03	6,51E-01

3.3. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de "Inferência Bayesiana".

3.3.1.Modelo de Shuval

Tabela 148. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,31E-01	9,91E-01	5,26E-02	3,42E-01	6,23E-01	1,00E+00	6,97E-05	6,91E-04
L2	5,61E-03	1,07E-01	1,14E-03	1,07E-02	2,04E-02	2,18E-01	1,42E-06	1,70E-05
L3	5,98E-05	2,97E-03	1,07E-05	3,65E-04	2,09E-04	7,89E-03	1,47E-08	5,49E-07
L4	1,97E-04	8,83E-03	3,40E-05	1,03E-03	6,99E-04	2,26E-02	4,80E-08	1,50E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,28E-03	6,54E-02	1,45E-02	1,07E-01	7,30E-03	7,68E-02
L2	1,30E-04	1,57E-03	3,12E-04	2,86E-03	1,61E-03	2,02E-03
L3	1,36E-06	5,18E-05	2,98E-06	1,01E-04	1,57E-06	6,13E-05
L4	4,46E-06	1,46E-04	9,43E-06	2,82E-04	5,06E-06	1,63E-04

Tabela 149. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert r e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,07E-01	1,00E+00	1,06E-01	5,67E-01	8,66E-01	1,00E+00
L2	1,15E-02	2,05E-01	2,35E-03	2,14E-02	1,40E-02	3,99E-02
L3	1,17E-04	6,40E-03	2,15E-05	7,41E-04	4,37E-04	1,66E-02
L4	3,89E-04	1,74E-02	6,84E-05	2,07E-03	1,39E-03	4,85E-02

Tabela 150. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus , Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,62E-02	8,18E-01	3,87E-02	2,49E-01	2,84E-01	9,82E-01	4,19E-04	2,90E-03
L2	1,88E-03	3,82E-02	8,33E-04	7,45E-03	7,00E-03	8,82E-02	8,63E-06	7,90E-05
L3	2,04E-05	1,12E-03	7,77E-06	2,59E-04	7,47E-05	2,71E-03	8,58E-08	2,68E-06
L4	6,69E-05	3,07E-03	2,48E-05	7,31E-04	2,42E-04	8,22E-03	2,88E-07	7,01E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,39E-05	2,60E-04	2,18E-03	2,52E-02	1,07E-02	7,53E-02
L2	4,86E-07	6,19E-06	4,17E-05	5,90E-04	2,27E-04	1,98E-03
L3	5,01E-09	1,94E-07	4,67E-07	1,92E-05	2,20E-06	7,11E-05
L4	1,68E-08	5,29E-07	1,53E-06	4,88E-05	6,97E-06	2,01E-04

Tabela 151. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,16E-01	9,69E-01	7,80E-02	4,35E-01	4,93E-01	1,00E+00
L2	3,90E-03	7,75E-02	1,70E-03	1,48E-02	1,40E-02	1,72E-01
L3	3,99E-05	2,35E-03	1,57E-05	5,22E-04	1,44E-04	5,93E-03
L4	1,33E-04	5,91E-03	4,97E-05	1,49E-03	4,90E-04	1,64E-02

Tabela 152. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,36E-01	9,91E-01	1,23E-01	6,59E-01	6,41E-01	1,00E+00	7,30E-05	6,53E-04
L2	2,75E-03	1,10E-01	2,76E-03	2,71E-02	2,21E-02	2,26E-01	1,51E-06	1,72E-05
L3	6,40E-05	3,16E-03	2,56E-05	9,63E-04	2,32E-04	8,20E-03	1,55E-08	5,56E-07
L4	2,04E-04	8,60E-03	8,19E-05	2,68E-03	7,40E-04	2,31E-02	5,09E-08	1,45E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,78E-03	1,65E-03	3,53E-02	2,24E-01	7,48E-03	7,39E-02
L2	1,42E-04	5,40E-05	7,55E-04	6,57E-03	1,60E-04	2,04E-03
L3	1,45E-06	5,40E-05	7,13E-06	2,41E-04	1,59E-06	6,40E-05
L4	4,66E-06	1,44E-04	2,27E-05	6,76E-04	5,21E-06	1,70E-04

Tabela 153. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert r e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,33E-01	1,00E+00	2,36E-01	8,85E-01	9,79E-01	1,00E+00
L2	1,14E-02	1,98E-01	5,65E-03	5,36E-02	4,13E-01	3,87E-01
L3	1,21E-04	6,28E-03	5,19E-05	1,87E-03	4,40E-04	1,69E-02
L4	4,15E-04	1,86E-02	1,65E-04	5,25E-03	1,47E-03	4,69E-02

Tabela 154. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus , Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,28E-02	8,05E-01	9,91E-02	5,40E-01	3,03E-01	9,78E-01	2,45E-05	2,60E-04
L2	1,98E-03	4,12E-02	2,21E-03	1,98E-02	7,13E-03	9,16E-02	5,31E-07	6,56E-06
L3	2,16E-05	1,11E-03	2,09E-05	6,94E-04	7,75E-05	3,05E-03	5,47E-09	1,96E-07
L4	7,10E-05	3,29E-03	6,58E-05	1,96E-03	2,85E-04	8,39E-03	1,76E-08	5,79E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,30E-03	2,49E-02	9,93E-02	6,63E-01	2,55E-03	2,81E-02
L2	4,80E-05	6,22E-04	2,22E-03	2,66E-02	5,38E-05	7,29E-04
L3	5,02E-07	1,89E-05	2,12E-05	8,76E-04	5,57E-07	2,29E-05
L4	1,65E-06	5,35E-05	6,68E-05	2,50E-03	1,83E-06	6,10E-05

Tabela 155. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,66E-01	9,64E-01	1,79E-01	7,77E-01	5,09E-01	9,95E-01
L2	3,39E-03	7,87E-02	4,10E-03	3,77E-02	1,51E-02	1,74E-01
L3	4,58E-05	2,32E-03	3,78E-05	1,34E-03	1,48E-04	5,97E-03
L4	1,43E-04	6,09E-03	1,20E-04	3,72E-03	5,21E-04	1,61E-02

Tabela 156. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,27E-01	9,60E-01	5,51E-01	6,04E-01	8,86E-01	9,17E-01	5,11E-04	5,94E-04
L2	6,45E-02	8,38E-02	1,95E-02	2,33E-02	5,33E-02	6,36E-02	1,25E-05	1,50E-05
L3	2,19E-03	4,59E-03	6,73E-04	1,19E-03	1,88E-03	3,30E-03	4,27E-07	7,56E-07
L4	6,10E-03	1,19E-02	1,87E-03	3,15E-03	5,18E-03	8,72E-03	1,18E-06	2,00E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,42E-01	2,78E-01	2,71E-01	3,12E-01	3,12E-01	3,61E-01
L2	6,83E-03	8,30E-03	7,77E-03	9,47E-03	9,30E-03	1,15E-02
L3	2,33E-04	4,15E-04	2,64E-04	4,81E-04	3,14E-04	5,96E-04
L4	6,46E-04	1,11E-03	7,33E-04	1,27E-03	8,73E-04	1,58E-03

Tabela 157. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert r e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,93E-01	9,97E-01	7,98E-01	8,41E-01	9,85E-01	9,92E-01
L2	1,23E-01	1,53E-01	3,86E-02	4,59E-02	1,04E-01	1,23E-01
L3	4,33E-03	8,68E-03	1,34E-03	2,39E-03	3,73E-03	6,65E-03
L4	1,20E-02	2,27E-02	3,71E-03	6,29E-03	1,03E-02	1,73E-02

Tabela 158. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção d rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	6,29E-01	7,15E-01	2,57E-01	2,96E-01	5,59E-01	6,16E-01	1,89E-04	2,24E-04
L2	2,43E-02	3,24E-02	7,23E-03	8,84E-03	2,00E-02	2,45E-02	4,62E-06	5,63E-06
L3	8,09E-04	1,76E-03	2,46E-04	4,60E-04	6,88E-04	1,28E-03	1,56E-07	2,90E-07
L4	2,25E-03	4,64E-03	6,81E-04	1,21E-03	1,90E-03	3,37E-03	4,33E-07	7,79E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,81E-02	1,16E-01	1,11E-01	1,32E-01	1,31E-01	1,57E-01
L2	2,53E-03	3,15E-03	2,88E-03	3,58E-03	3,45E-03	4,37E-03
L3	8,57E-05	1,58E-04	9,76E-05	1,83E-04	1,15E-04	2,26E-04
L4	2,38E-04	4,20E-04	2,70E-04	4,82E-04	3,19E-04	5,93E-04

Tabela 159. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	8,51E-01	9,05E-01	4,47E-01	5,00E-01	8,01E-01	8,47E-01
L2	4,72E-02	6,14E-02	1,45E-02	1,74E-02	3,98E-02	4,76E-02
L3	1,60E-03	3,26E-03	4,93E-04	9,19E-04	1,37E-03	2,57E-03
L4	4,43E-03	8,63E-03	1,37E-03	2,43E-03	3,81E-03	6,76E-03

Tabela 160. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,99E-01	1,00E+00	8,61E-01	8,98E-01	9,94E-01	9,97E-01	1,27E-03	1,47E-03
L2	1,67E-01	2,16E-01	4,77E-02	5,69E-02	1,27E-01	1,51E-01	3,10E-05	3,72E-05
L3	5,99E-03	1,26E-02	1,66E-03	2,92E-03	4,60E-03	8,14E-03	1,05E-06	1,87E-06
L4	1,65E-02	3,31E-02	4,58E-03	7,75E-03	1,28E-02	2,13E-02	2,92E-06	4,99E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	4,96E-01	5,50E-01	5,60E-01	6,25E-01	6,23E-01	6,91E-01
L2	1,70E-02	2,06E-02	2,05E-02	2,54E-02	2,48E-02	3,12E-02
L3	5,84E-04	1,05E-03	6,94E-04	1,32E-03	8,42E-04	1,65E-03
L4	1,61E-03	2,77E-03	1,93E-03	3,52E-03	2,33E-03	4,36E-03

Tabela 161. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert r e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	1,00E+00	1,00E+00	9,80E-01	9,89E-01	1,00E+00	1,00E+00
L2	2,99E-01	3,68E-01	9,32E-02	1,10E-01	2,38E-01	2,76E-01
L3	1,17E-02	2,40E-02	3,33E-03	5,88E-03	9,29E-03	1,63E-02
L4	3,22E-02	6,13E-02	9,22E-03	1,55E-02	2,55E-02	4,23E-02

Tabela 162. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,27E-01	9,63E-01	5,20E-01	5,78E-01	8,63E-01	9,02E-01	4,68E-04	5,51E-04
L2	6,50E-02	8,76E-02	1,78E-02	2,18E-02	4,91E-02	5,96E-02	1,14E-05	1,39E-05
L3	2,20E-03	4,86E-03	6,11E-04	1,12E-03	1,71E-03	3,12E-03	3,90E-07	7,13E-07
L4	6,10E-03	1,27E-02	1,70E-03	2,94E-03	4,73E-03	8,16E-03	1,08E-06	1,90E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	2,26E-01	2,64E-01	2,66E-01	3,14E-01	3,09E-01	3,65E-01
L2	6,33E-03	7,82E-03	7,64E-03	9,66E-03	9,24E-03	1,19E-02
L3	2,15E-04	3,91E-04	2,55E-04	5,04E-04	3,07E-04	6,17E-04
L4	5,94E-04	1,04E-03	7,07E-04	7,07E-04	8,51E-04	1,64E-03

Tabela 163. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval padrão de consumo de hortaliças (Hortaliças folhosas, florias e frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
L1	9,27E-01	9,63E-01	5,20E-01	5,78E-01	8,63E-01	9,02E-01
L2	6,50E-02	8,76E-02	1,78E-02	2,18E-02	4,91E-02	5,96E-02
L3	2,20E-03	4,86E-03	6,11E-04	1,12E-03	1,71E-03	3,12E-03
L4	6,10E-03	1,27E-02	1,70E-03	2,94E-03	4,73E-03	8,16E-03

3.4. Estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças folhosas, florais e frutosas - parâmetros dos modelos dose resposta obtidos por Bootstrapping Bayesiano.

As estimativas de risco anual resultantes do consumo de hortaliças folhosas e florais, obtidos pelo modelo de Shuval, cujos parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano. já foram apresentadas no texto principal, nas Tabela 4.47- Tabela 4.62.

ANEXO II

SUBCENÁRIO: FAIXAS DE VALORES - EFLUENTE DE E.coli DESCRITAS POR DISTRIBUIÇÃO UNIFORME

HORTALIÇAS FOLHOSAS E FLORAIS

1.1. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança.

1.1.1 Modelos de Shuval

Tabela 1 Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,26E-01	6,40E-01	1,28E-01	6,27E-01	4,52E-01	9,98E-01	4,93E-04	3,54E-03	2,99E-05	1,99E-04
FAIXA 4	1,33E-02	9,73E-02	1,36E-02	9,39E-02	5,72E-02	3,63E-01	4,93E-05	3,55E-04	2,88E-06	1,91E-05
FAIXA 5	1,35E-03	1,01E-02	1,37E-03	9,81E-03	5,93E-03	4,37E-02	4,93E-05	3,55E-05	2,69E-07	1,95E-06
FAIXA 6	1,33E-04	1,04E-03	1,37E-04	9,86E-04	5,88E-04	4,57E-03	4,93E-06	3,55E-06	2,69E-08	1,95E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,26E-03	2,19E-02	3,37E-02	1,64E-01	2,50E-03	2,19E-02	6,44E-03	4,10E-02	9,53E-03	6,02E-02
FAIXA 4	2,32E-04	2,20E-03	3,42E-03	1,78E-02	3,22E-05	2,21E-03	6,46E-04	4,27E-03	9,57E-04	6,31E-03
FAIXA 5	3,30E-05	2,19E-04	3,43E-04	1,80E-03	3,30E-05	2,19E-04	6,44E-03	4,29E-04	9,55E-05	6,35E-04
FAIXA 6	3,29E-06	2,16E-05	3,43E-05	1,80E-04	3,27E-06	2,17E-05	6,50E-06	4,36E-05	9,17E-06	6,33E-05

Tabela 2. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,67E-01	9,99E-01	2,44E-01	8,59E-01	4,85E-01	9,90E-01	1,01E-03	7,03E-03
FAIXA 4	2,00E-01	6,50E-01	2,76E-02	1,78E-01	1,04E-01	3,71E-01	1,01E-04	7,05E-04
FAIXA 5	2,81E-03	1,06E-02	2,80E-03	1,94E-02	1,20E-02	4,58E-02	1,01E-05	7,05E-05
FAIXA 6	2,79E-04	1,05E-03	2,80E-04	1,96E-03	1,23E-03	4,61E-03	1,01E-06	7,05E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 3. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,16E-02	7,52E-02	5,57E-01	9,98E-01	3,08E-05	2,06E-04	3,93E-05	2,73E-04	1,16E-02	7,52E-02
FAIXA 4	1,17E-03	7,79E-03	7,84E-02	4,80E-01	3,08E-06	2,06E-05	3,90E-06	2,73E-05	1,17E-03	7,79E-03
FAIXA 5	1,17E-04	7,82E-04	8,03E-03	1,48E-02	3,08E-07	2,06E-06	3,90E-07	2,73E-06	1,17E-04	7,82E-04
FAIXA 6	1,17E-05	7,82E-05	8,22E-04	1,47E-03	3,08E-08	2,06E-07	3,90E-08	2,73E-07	1,17E-05	7,82E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,80E-03	3,27E-02	2,90E-03	1,39E-02	4,80E-03	3,27E-02	8,72E-03	5,98E-02	6,20E-02	8,72E-01
FAIXA 4	4,46E-04	3,27E-03	2,90E-04	1,40E-03	4,46E-04	3,20E-03	8,72E-03	6,01E-03	1,29E-02	8,89E-03
FAIXA 5	4,45E-05	3,27E-04	2,90E-05	1,40E-04	4,45E-05	3,27E-04	8,84E-05	6,16E-04	1,31E-03	9,12E-04
FAIXA 6	4,45E-06	3,27E-05	2,90E-06	1,40E-05	4,45E-06	3,27E-05	8,79E-05	6,09E-05	1,30E-04	9,12E-05

Tabela 4. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,49E-01	7,62E-01	2,37E-02	1,44E-01	5,45E-01	9,98E-01	6,31E-05	4,08E-04
FAIXA 4	3,72E-02	1,41E-01	2,39E-03	1,54E-02	1,37E-01	4,87E-02	6,31E-06	4,08E-05
FAIXA 5	3,94E-03	1,50E-02	2,40E-04	1,55E-03	1,70E-02	6,45E-02	6,31E-07	4,08E-06
FAIXA 6	3,95E-04	1,74E-03	2,40E-05	1,55E-04	1,74E-03	6,46E-03	6,31E-08	4,08E-07

Tabela 5. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,26E-01	6,05E-01	2,84E-01	8,47E-01	5,16E-01	9,83E-01	1,20E-03	6,75E-03	3,66E-05	1,71E-04
FAIXA 4	1,66E-02	8,77E-02	3,29E-02	1,71E-01	7,11E-02	3,33E-01	1,21E-04	6,77E-04	3,63E-06	1,65E-05
FAIXA 5	1,64E-03	9,36E-03	3,34E-03	1,86E-02	7,22E-03	4,06E-02	1,21E-05	6,77E-05	3,54E-07	1,68E-06
FAIXA 6	1,67E-04	9,22E-04	3,35E-04	1,88E-03	7,36E-04	4,06E-03	1,21E-06	6,77E-06	3,54E-08	1,68E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,00E-03	1,90E-02	2,60E-02	1,32E-01	3,99E-03	1,90E-02	8,04E-04	3,70E-02	1,19E-02	5,42E-02
FAIXA 4	4,04E-04	1,94E-03	2,63E-03	1,40E-02	4,03E-04	1,93E-03	8,05E-03	3,57E-03	1,19E-03	5,54E-03
FAIXA 5	3,99E-05	1,95E-04	2,64E-04	1,41E-03	3,99E-05	1,94E-04	8,05E-04	3,57E-04	1,19E-04	5,54E-04
FAIXA 6	3,99E-06	1,95E-05	2,64E-05	1,41E-04	3,99E-06	1,94E-05	8,05E-05	3,57E-05	1,19E-05	5,54E-05

Tabela 6. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,12E-01	6,01E-01	4,98E-01	9,75E-01	5,20E-01	9,89E-01	2,48E-03	1,32E-02
FAIXA 4	2,70E-02	8,84E-02	6,67E-02	3,09E-01	1,08E-01	3,34E-01	2,49E-04	1,33E-03
FAIXA 5	2,79E-03	9,18E-03	6,88E-03	3,63E-02	1,22E-02	3,99E-02	2,49E-05	1,33E-04
FAIXA 6	2,81E-04	9,36E-04	6,90E-04	3,69E-03	1,24E-03	4,12E-03	2,49E-06	1,33E-05

Tabela 7. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,02E-01	7,41E-01	2,78E-02	1,38E-01	3,60E-01	9,97E-01	1,01E-04	5,33E-04	4,81E-05	2,60E-04
FAIXA 4	2,23E-02	1,23E-01	2,81E-03	1,47E-02	9,48E-02	4,38E-01	1,01E-05	5,33E-05	4,78E-06	2,54E-05
FAIXA 5	2,28E-03	1,30E-02	2,82E-04	1,48E-03	1,00E-02	5,59E-02	1,01E-06	5,33E-06	4,81E-07	2,54E-06
FAIXA 6	2,27E-04	1,34E-03	2,82E-05	1,48E-04	1,00E-03	5,89E-03	1,01E-07	5,33E-07	4,81E-08	2,54E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,58E-03	2,80E-02	7,15E-03	2,51E-02	5,57E-03	2,79E-02	1,08E-02	5,52E-02	1,59E-02	8,06E-02
FAIXA 4	5,50E-04	2,84E-03	7,18E-04	2,53E-03	5,49E-04	2,84E-03	1,09E-03	5,70E-03	1,62E-03	8,43E-03
FAIXA 5	5,59E-05	2,82E-05	7,18E-05	2,54E-04	5,53E-05	2,82E-04	1,09E-04	5,63E-04	1,61E-04	5,63E-03
FAIXA 6	5,59E-06	2,82E-06	7,18E-06	2,54E-05	5,53E-06	2,82E-05	1,09E-05	5,63E-05	1,61E-05	5,72E-05

Tabela 8. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,78E-01	9,37E-01	5,71E-02	2,51E-01	8,75E-01	1,00E+00	1,82E-03	1,00E-02
FAIXA 4	4,65E-02	2,37E-01	5,86E-03	2,85E-02	1,86E-01	6,97E-01	1,15E-06	1,04E-04
FAIXA 5	4,76E-04	6,70E-02	5,87E-04	2,89E-03	2,08E-02	1,13E-01	2,11E-06	1,04E-05
FAIXA 6	4,73E-04	2,73E-03	5,88E-05	2,89E-04	2,08E-03	1,20E-02	2,11E-07	1,04E-06

Tabela 9 Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovíru por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,82E-01	3,12E-01	2,30E-01	2,55E-01	7,65E-01	8,04E-01	7,16E-04	8,08E-04	6,48E-05	7,26E-05
FAIXA 4	3,28E-02	3,69E-02	2,58E-02	2,91E-02	1,37E-01	1,53E-01	7,16E-05	7,89E-07	6,48E-06	7,26E-06
FAIXA 5	3,33E-03	3,76E-03	2,61E-03	2,95E-03	1,37E-02	1,53E-02	7,16E-06	8,08E-06	6,48E-07	7,26E-07
FAIXA 6	3,34E-04	3,76E-04	2,62E-04	2,95E-04	1,37E-03	1,53E-03	7,16E-07	8,08E-07	6,48E-08	7,26E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	5 0%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,98E-01	9,99E-01	5,31E-02	5,84E-02	5,69E-02	6,26E-02	1,45E-02	1,62E-02	2,14E-02	2,48E-02
FAIXA 4	4,95E-01	5,29E-01	5,45E-03	6,01E-03	5,85E-03	6,45E-03	1,46E-03	1,64E-03	2,16E-03	2,42E-03
FAIXA 5	6,69E-02	7,35E-02	5,46E-04	6,03E-04	5,86E-04	6,47E-04	1,46E-04	1,64E-04	2,17E-04	2,43E-04
FAIXA 6	6,91E-03	7,62E-03	5,46E-05	6,03E-05	5,86E-05	6,47E-05	1,46E-05	1,64E-05	2,17E-05	2,43E-05

Tabela 10. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,84E-01	5,25E-01	4,07E-01	4,45E-01	9,43E-01	9,59E-01	1,43E-03	1,61E-03
FAIXA 4	6,46E-02	7,25E-02	5,11E-02	5,73E-02	2,55E-01	2,82E-01	1,43E-04	1,62E-04
FAIXA 5	6,66E-03	7,50E-03	5,23E-03	5,89E-03	2,91E-02	3,27E-02	1,43E-05	1,62E-05
FAIXA 6	6,66E-04	7,50E-04	5,24E-04	5,90E-04	2,95E-03	3,32E-03	1,43E-06	1,62E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 11. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,65E-02	5,26E-02	3,11E-01	3,45E-01	3,17E-01	3,46E-01	1,02E-03	1,16E-03	4,65E-02	5,26E-02
FAIXA 4	4,75E-03	5,39E-03	3,66E-02	4,15E-02	2,08E-02	2,36E-02	1,02E-04	1,16E-04	4,75E-03	5,39E-03
FAIXA 5	4,76E-04	5,40E-04	3,73E-03	4,23E-03	2,10E-03	2,38E-03	1,02E-05	1,16E-05	4,76E-04	5,40E-04
FAIXA 6	4,76E-05	5,40E-05	3,73E-04	4,24E-04	2,10E-04	2,38E-04	1,02E-06	1,16E-06	4,76E-05	5,40E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	7,46E-02	8,26E-02	7,99E-02	8,85E-02	1,00E+00	1,00E+00	7,46E-02	8,26E-02
FAIXA 4	6,19E-01	6,57E-01	7,74E-03	8,60E-03	8,31E-03	9,24E-03	6,19E-01	6,57E-01	7,74E-03	8,60E-03
FAIXA 5	9,37E-02	1,04E-01	7,77E-04	8,64E-04	8,34E-04	9,28E-04	9,37E-02	1,04E-01	7,77E-04	8,64E-04
FAIXA 6	9,81E-03	1,09E-02	7,77E-05	8,64E-05	8,34E-05	9,28E-05	9,81E-03	1,09E-02	7,77E-05	8,64E-05

Tabela 12. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,09E-01	6,53E-01	5,26E-01	5,70E-01	9,82E-01	9,89E-01	2,04E-03	2,31E-03
FAIXA 4	9,08E-02	1,02E-01	7,20E-02	8,11E-02	3,42E-01	3,77E-01	2,05E-04	2,31E-04
FAIXA 5	9,49E-03	1,07E-02	7,45E-03	8,43E-03	4,12E-02	4,65E-02	2,05E-05	2,32E-05
FAIXA 6	9,53E-04	1,08E-03	7,48E-04	8,46E-04	4,20E-03	4,75E-03	2,05E-06	2,32E-06

Tabela 13. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; ; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,66E-02	5,10E-02	4,25E-01	4,57E-01	9,52E-01	9,64E+06	1,99E-03	2,20E-03	1,37E-04	1,50E-04
FAIXA 4	4,76E-03	5,22E-03	5,39E-02	5,93E-02	2,67E-01	2,90E-01	2,00E-04	2,20E-04	1,37E-05	1,50E-05
FAIXA 5	4,78E-04	5,24E-04	5,53E-03	6,09E-03	3,07E-02	3,38E-02	2,00E-05	2,20E-05	1,37E-06	1,50E-06
FAIXA 6	4,66E-02	5,10E-02	4,25E-01	4,57E-01	9,52E-01	9,64E+06	1,99E-03	2,20E-03	1,37E-04	1,50E-04
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,09E-01	1,17E-01	1,17E-01	1,25E-01	4,56E-01	4,81E-01	5,92E-01	6,19E+06
FAIXA 4	7,62E-01	7,86E-01	1,15E-02	1,24E-02	1,23E-02	1,33E-02	5,98E-02	6,43E-02	8,72E-02	9,37E-02
FAIXA 5	1,36E-01	1,46E-01	1,16E-03	1,25E-03	1,24E-03	1,34E-03	6,15E-03	6,64E-03	9,10E-03	9,81E-03
FAIXA 6	1,00E+00	1,00E+00	1,09E-01	1,17E-01	1,17E-01	1,25E-01	4,56E-01	4,81E-01	5,92E-01	6,19E+06

Tabela 14. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5.04E-01	5.38E-01	6.70E-01	7.06E-01	9.97E-01	9.99E-01	3.99E-03	4.40E-03
FAIXA 4	6.82E-02	7.49E-02	1.05E-01	1.15E-01	4.63E-01	4.96E-01	4.00E-04	4.41E-04
FAIXA 5	7.05E-03	7.76E-03	1.11E-02	1.22E-02	6.06E-02	6.67E-02	4.00E-05	4.41E-05
FAIXA 6	7.07E-04	7.79E-04	1.11E-03	1.23E-03	6.24E-03	6.88E-03	4.00E-06	4.41E-06

Tabela 15. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6.30E-01	6.68E-01	5.45E-01	5.83E-01	9.86E-01	9.91E-01	2.16E-03	2.40E-03	1.95E-04	2.15E-04
FAIXA 4	9.57E-02	1.06E-01	7.59E-02	8.40E-02	3.58E-01	3.88E-01	2.16E-04	2.40E-04	1.95E-05	2.15E-05
FAIXA 5	1.00E-02	1.11E-02	7.86E-03	8.73E-03	4.34E-02	4.81E-02	2.16E-05	2.40E-05	1.95E-06	2.15E-06
FAIXA 6	1.00E-03	1.11E-03	7.89E-04	8.77E-04	4.43E-03	4.92E-03	2.16E-06	2.40E-06	1.95E-07	2.15E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1.00E+00	1.00E+00	1.52E-01	1.63E-01	1.62E-01	1.74E-01	4.31E-02	4.73E-02	6.32E-02	6.92E-02
FAIXA 4	8.68E-01	8.88E-01	1.64E-02	1.77E-02	1.76E-02	1.90E-02	4.40E-03	4.84E-03	6.51E-03	7.16E-03
FAIXA 5	1.88E-01	2.02E-01	1.65E-03	1.78E-03	1.77E-03	1.92E-03	4.41E-04	4.85E-04	6.53E-04	7.19E-04
FAIXA 6	2.07E-02	2.24E-02	1.65E-04	1.78E-04	1.77E-04	1.92E-04	4.41E-05	4.85E-05	6.53E-05	7.19E-05

Tabela 16. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,61E-01	8,87E-01	7,93E-01	8,26E-01	1,00E+00	1,00E+00	4,32E-03	4,79E-03
FAIXA 4	1,82E-01	2,00E-01	1,46E-01	1,61E-01	5,87E-01	6,24E-01	4,32E-04	4,79E-04
FAIXA 5	2,00E-02	2,21E-02	1,57E-02	1,74E-02	8,52E-02	9,40E-02	4,32E-05	4,79E-05
FAIXA 6	2,02E-03	2,24E-03	1,58E-03	1,75E-03	8,87E-03	9,83E-03	4,33E-06	4,80E-06

1.1.2. Modelos de Bastos

Tabela 17 Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,98E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,84E-02	1,02E-01	1,38E-03	7,99E-03
FAIXA 4	6,14E-01	1,00E+00	6,32E-01	9,97E-01	9,84E-01	1,00E+00	2,74E-03	1,58E-02	2,07E-04	1,13E-03
FAIXA 5	1,32E-01	6,07E-01	1,38E-01	5,78E-01	6,45E-01	9,83E-01	4,05E-04	2,36E-03	3,02E-05	1,75E-04
FAIXA 6	2,07E-02	1,32E-01	2,17E-02	1,20E-01	8,82E-02	4,63E-01	6,00E-05	3,49E-04	4,40E-06	2,26E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	5 0%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,75E-01	5,89E-01	8,06E-01	9,99E-01	1,47E-01	5,98E-01	2,66E-01	8,23E-01	3,67E-01	9,27E-01
FAIXA 4	2,31E-02	1,62E-01	2,18E-01	6,52E-01	2,31E-02	1,26E-01	4,49E-02	2,37E-01	6,57E-02	3,10E-01
FAIXA 5	3,46E-03	2,01E-02	3,58E-02	1,46E-01	5,10E-04	2,89E-03	6,68E-03	3,99E-02	9,87E-03	5,84E-02
FAIXA 6	5,10E-04	2,89E-03	5,37E-03	2,30E-02	5,10E-04	2,89E-03	9,98E-04	5,95E-03	1,48E-03	8,80E-03

Tabela 18. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	3,73E-02	1,94E-01
FAIXA 4	8,64E-01	1,00E+00	8,71E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	5,60E-03	3,14E-02
FAIXA 5	2,53E-01	8,46E-01	2,62E-01	8,21E-01	6,58E-01	1,00E+00	8,30E-04	4,71E-03
FAIXA 6	4,32E-02	2,43E-01	4,39E-02	2,25E-01	1,71E-01	7,06E-01	1,23E-04	6,97E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 19. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	4,44E-02	1,84E-01	3,89E-03	1,54E-02
FAIXA 4	9,23E-01	1,00E+00	9,13E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	6,69E-03	2,96E-02	5,81E-04	2,30E-03
FAIXA 5	3,33E-01	8,42E-01	3,04E-01	8,02E-01	8,30E-01	9,97E-01	9,93E-04	4,44E-03	8,63E-05	3,47E-04
FAIXA 6	5,78E-02	2,44E-01	5,23E-02	2,14E-01	2,25E-01	7,08E-01	1,47E-04	6,57E+00	1,29E-05	5,01E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,57E-01	8,17E-01	9,82E-01	1,00E+00	3,68E-01	8,14E-01	5,82E-01	9,66E-01	7,24E-01	9,92E-01
FAIXA 4	6,14E-01	2,28E-01	4,57E-01	8,39E-01	6,40E-01	2,28E-01	1,27E-01	4,02E-01	1,73E-01	5,23E-01
FAIXA 5	9,65E-04	3,96E-02	8,67E-02	2,39E-01	9,65E-03	3,69E-02	1,90E-02	7,26E-02	2,80E-02	1,06E-01
FAIXA 6	1,45E-03	5,63E-03	1,33E-02	3,97E-02	1,45E-03	5,63E-04	2,90E-03	1,10E-02	4,29E-03	1,65E-02

Tabela 20. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	9,05E-02	3,26E-01
FAIXA 4	9,17E-01	1,00E+00	9,94E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,39E-02	5,67E-02
FAIXA 5	3,07E-01	7,99E-01	5,31E-01	9,57E-01	8,40E-03	9,99E-01	2,07E-03	8,60E-03
FAIXA 6	5,22E-02	2,11E-01	1,06E-01	3,73E-01	2,11E-01	6,49E-01	3,07E-04	1,28E-03

Tabela 21. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	3,08E-02	3,40E-02	2,83E-03	3,09E-03
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	8,14E-01	8,44E-01	1,00E+00	1,00E+00	4,61E-03	5,11E-03	4,19E-04	4,58E-04
FAIXA 5	8,77E-01	9,00E-01	2,21E-01	2,42E-01	7,50E-01	7,84E-01	6,84E-04	7,58E-04	6,19E-05	6,78E-05
FAIXA 6	2,72E-01	2,96E-01	3,63E-02	4,01E-02	1,87E-01	2,05E-01	1,01E-04	1,12E-04	9,16E-06	1,00E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,00E-01	9,16E-01	9,14E-01	9,28E-01	4,66E-01	4,96E-01	9,96E-01	9,98E-01
FAIXA 4	9,28E-01	9,40E-01	2,96E-01	3,15E-01	3,14E-01	3,34E-01	9,00E-02	9,80E-02	6,03E-01	6,34E-01
FAIXA 5	3,35E-01	3,56E-01	5,08E-02	5,48E-02	5,45E-02	5,87E-02	1,39E-02	1,52E-02	1,30E-01	1,42E-01
FAIXA 6	5,91E-02	6,37E-02	7,69E-03	8,31E-03	8,26E-03	8,92E-03	2,07E-03	2,26E-03	2,05E-02	2,24E-02

Tabela 22. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	6,08E-02	6,69E-02
FAIXA 4	9,84E-01	9,89E-01	9,65E-01	9,75E-01	1,00E+00	1,00E+00	9,24E-03	1,02E-02
FAIXA 5	4,70E-01	5,03E-01	3,94E-01	4,25E-01	9,36E-01	9,51E-01	1,37E-03	1,51E-03
FAIXA 6	9,02E-02	9,90E-02	7,15E-02	7,86E-02	3,40E-01	3,68E-01	2,03E-04	2,24E-04

Tabela 23. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus , Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus e norovíru por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	6,43E-02	6,95E-02	5,98E-03	6,43E-03
FAIXA 4	9,87E-01	9,91E-01	9,72E-01	9,79E-01	1,00E+00	1,00E+00	9,78E-03	1,06E-02	8,87E-04	9,53E-04
FAIXA 5	4,90E-01	5,17E-01	4,12E-01	4,37E-01	9,46E-01	9,58E-01	1,45E-03	1,57E-03	1,31E-04	1,41E-04
FAIXA 6	9,52E-02	1,03E-01	7,55E-02	8,16E-02	3,56E-01	3,80E-01	2,15E-04	2,33E-04	1,94E-05	2,09E-05
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,91E-01	9,93E-01	9,94E-01	9,95E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	5,24E-01	5,44E-01	5,48E-01	5,69E-01	9,75E-01	9,80E-01	9,95E-01	9,96E-01
FAIXA 5	1,00E+00	1,00E+00	1,05E-01	1,10E-01	1,12E-01	1,18E-01	4,42E-01	4,61E-01	5,77E-01	5,98E-01
FAIXA 6	8,67E-01	8,82E-01	1,62E-02	1,72E-02	1,74E-02	1,84E-02	8,34E-02	8,81E-02	1,21E-01	1,28E-01

Tabela 24. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,25E-01	1,34E-01
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,95E-02	2,10E-02
FAIXA 5	7,38E-01	7,64E-01	6,54E-01	6,82E-01	9,97E-01	9,98E-01	2,91E-03	3,14E-03
FAIXA 6	1,82E-01	1,95E-01	1,46E-01	1,56E-01	5,86E-01	6,13E-01	4,31E-04	4,65E-04

1.2. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método "bootstrapping observation"

1.2.1 Modelo de Shuval

Tabela 25. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,41E-01	8,73E-01	2,20E-01	9,64E-01	4,44E-01	1,00E+0	3,13E-02	1,00E+0	3,18E-02	8,26E-01	3,48E-02	1,00E+0
FAIXA 4	1,50E-02	1,88E-01	2,46E-02	2,84E-01	5,71E-02	9,87E-01	3,17E-03	1,00E+0	3,23E-03	1,61E-01	3,54E-03	8,87E-01
FAIXA 5	1,51E-03	2,06E-02	2,49E-03	3,29E-02	5,87E-03	3,56E-01	3,18E-04	1,00E+0	3,23E-04	1,74E-02	3,54E-04	1,98E-01
FAIXA 6	1,52E-04	2,08E-03	3,29E-02	3,34E-03	5,88E-04	4,31E-02	3,18E-05	9,41E-01	3,23E-05	1,75E-03	3,55E-05	2,18E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 26. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,70E-01	9,90E-01	1,12E-01	7,26E-01	7,02E-01	1,00E+00
FAIXA 4	3,10E-02	3,80E-01	1,18E-02	1,22E-01	1,14E-01	1,00E+00
FAIXA 5	3,14E-03	4,68E-02	1,18E-03	1,29E-02	1,21E-02	6,63E-01
FAIXA 6	3,15E-04	4,78E-03	1,18E-04	1,30E-03	1,21E-03	1,03E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 27. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,87E-01	9,45E-01	1,48E-01	8,47E-01	7,98E-02	9,98E-01	1,87E-01	9,45E-01	1,48E-01	8,47E-01	7,98E-02	9,98E-01
FAIXA 4	2,05E-02	2,55E-01	1,58E-02	1,71E-01	8,28E-03	4,67E-01	2,05E-02	2,55E-01	1,58E-02	1,71E-01	8,28E-03	4,67E-01
FAIXA 5	2,07E-03	2,91E-02	1,60E-03	1,86E-02	8,32E-04	6,10E-02	2,07E-03	2,91E-02	1,60E-03	1,86E-02	8,32E-04	6,10E-02
FAIXA 6	2,07E-04	2,95E-03	1,60E-04	1,88E-03	8,32E-05	6,27E-03	2,07E-04	2,95E-03	1,60E-04	1,88E-03	8,32E-05	6,27E-03

Tabela 28. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,64E-01	9,99E-01	2,89E-01	9,93E-01	8,20E-01	1,00E+00
FAIXA 4	4,43E-02	5,18E-01	3,35E-02	3,95E-01	1,58E-01	1,00E+00
FAIXA 5	4,52E-03	7,06E-02	3,40E-03	4,90E-02	1,71E-02	8,10E-01
FAIXA 6	4,53E-04	7,30E-03	3,41E-04	5,01E-03	1,72E-03	1,53E-01

Tabela 29. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,10E-01	9,38E-01	4,56E-01	9,93E-01	7,41E-01	1,00E+0	6,32E-02	1,00E+0	7,01E-02	9,58E-01	7,82E-02	1,00E+0
FAIXA 4	3,65E-02	2,46E-01	5,92E-02	3,94E-01	1,27E-01	1,00E+0	6,51E-03	1,00E+0	7,25E-03	2,73E-01	8,12E-03	9,85E-01
FAIXA 5	3,71E-03	2,79E-02	6,09E-03	4,89E-02	1,35E-02	6,03E-01	6,53E-04	1,00E+0	7,27E-04	3,14E-02	8,15E-04	3,50E-01
FAIXA 6	3,89E-04	2,91E-03	6,10E-04	5,00E-03	1,36E-03	8,85E-02	6,53E-05	9,97E-01	7,27E-05	3,19E-03	8,15E-05	4,23E-02

Tabela 30. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation",, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,28E-01	9,99E-01	4,56E-01	9,93E-01	9,43E-01	1,00E+00
FAIXA 4	7,25E-02	5,22E-01	5,92E-02	3,94E-01	2,51E-01	1,00E+00
FAIXA 5	7,50E-03	7,15E-02	6,09E-03	4,55E-02	2,85E-02	8,56E-01
FAIXA 6	7,53E-04	7,39E-03	6,10E-04	5,00E-03	2,89E-03	1,77E-01

Tabela 31. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,04E-01	9,82E-01	3,17E-01	9,42E-01	8,40E-01	1,00E+0	3,14E-02	1,00E+0	3,20E-02	8,58E-01	3,81E-02	1,00E+0
FAIXA 4	5,06E-02	3,39E-01	3,74E-02	2,49E-01	1,68E-01	1,00E+0	3,19E-03	1,00E+0	3,25E-03	1,78E-01	3,87E-03	9,10E-01
FAIXA 5	5,18E-03	4,07E-02	3,81E-03	2,82E-02	1,83E-02	6,93E-01	3,19E-04	1,00E+0	3,25E-04	1,94E-02	3,88E-04	2,15E-01
FAIXA 6	5,19E-04	4,15E-03	3,82E-04	2,86E-03	1,84E-03	1,12E-01	3,19E-05	9,40E-01	3,25E-05	1,96E-03	3,88E-05	2,40E-02

Tabela 32. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping observation", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,58E-01	1,00E+00	5,80E-01	9,99E-01	9,81E-01	1,00E+00
FAIXA 4	1,02E-01	6,70E-01	8,31E-02	5,15E-01	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 5	1,07E-02	1,05E-01	8,64E-03	6,98E-02	3,96E-02	9,38E-01
FAIXA 6	1,08E-03	1,11E-02	8,67E-04	7,21E-03	4,04E-03	2,44E-01

1.2.2. Modelos de Bastos

Tabela 33 Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,99E-01	1,00E+0	9,96E-01	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	7,15E-01	1,00E+0	7,61E-01	1,00E+0	7,87E-01	1,00E+0
FAIXA 4	6,59E-01	1,00E+0	5,61E-01	9,98E-01	9,81E-01	1,00E+0	1,71E-01	1,00E+0	1,93E-01	1,00E+0	2,06E-01	1,00E+0
FAIXA 5	1,48E-01	7,32E-01	1,15E-01	5,98E-01	4,47E-01	1,00E+0	2,74E-02	1,00E+0	3,12E-02	7,32E-01	3,36E-02	1,00E+0
FAIXA 6	2,34E-02	1,78E-01	1,79E-02	1,26E-01	8,41E-02	9,99E-01	4,10E-03	1,00E+0	4,68E-03	1,77E-01	5,04E-03	9,28E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 34. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	8,88E-01	1,00E+00	8,09E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00
FAIXA 5	2,79E-01	9,27E-01	2,17E-01	8,27E-01	6,83E-01	1,00E+00
FAIXA 6	4,73E-02	3,24E-01	3,56E-02	2,28E-01	1,57E-01	1,00E+00

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 35. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	9,66E-01	1,00E+0	9,73E-01	1,00E+0
FAIXA 4	9,23E-01	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	3,65E-01	1,00E+0	4,00E-01	1,00E+0	4,24E-01	1,00E+0
FAIXA 5	3,18E-01	9,26E-01	8,74E-01	1,00E+0	7,55E-01	1,00E+0	6,52E-02	1,00E+0	7,32E-02	9,57E-01	7,87E-02	1,00E+0
FAIXA 6	5,51E-02	3,23E-01	4,45E-02	2,09E-01	1,89E-01	1,00E+0	9,93E-03	1,00E+0	1,12E-02	3,73E-01	1,21E-02	9,96E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 36. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	9,94E-01	1,00E+00	9,86E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 5	5,35E-01	9,92E-01	4,68E-01	9,54E-01	9,38E-01	1,00E+00
FAIXA 6	1,07E-01	5,23E-01	8,93E-02	3,67E-01	3,41E-01	1,00E+00

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

1.3. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método Inferência Bayesiana.

1.3.1. Modelo de Shuval

Tabela 37. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert ,remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,40E-01	8,53E-01	9,23E-02	5,02E-01	4,17E-01	9,86E-01	3,71E-05	2,75E-04
FAIXA 4	1,45E-02	7,40E-01	9,64E-03	6,74E-02	5,28E-02	3,49E-01	3,18E-06	2,64E-05
FAIXA 5	1,47E-03	1,90E-02	9,69E-04	6,96E-03	5,42E-03	4,23E-01	3,77E-07	2,75E-06
FAIXA 6	1,46E-04	1,88E-03	9,69E-05	6,96E-04	5,36E-04	4,23E-03	3,77E-08	2,75E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,96E-02	4,69E-01	9,64E-01	3,94E-03	3,19E-02	2,96E-02
FAIXA 4	2,69E-03	4,69E-01	9,64E-01	3,90E-04	3,20E-03	2,69E-03
FAIXA 5	2,71E-04	6,32E-03	3,28E-02	3,84E-05	3,31E-04	2,71E-04
FAIXA 6	3,25E-06	2,88E-05	6,34E-04	3,33E-03	3,88E-06	3,26E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 38. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	2,60E-01	9,81E-01	1,81E-01	7,50E-01	6,74E-01	1,00E+00
FAIXA 3	3,04E-02	3,23E-01	1,97E-02	1,30E-01	1,08E-01	5,70E-01
FAIXA 4	2,99E-03	3,85E-02	1,99E-03	1,38E-02	1,12E-02	8,04E-02
FAIXA 5	2,99E-04	3,97E-03	1,99E-04	1,39E-03	1,13E-03	8,48E-03
FAIXA 6	2,60E-01	9,81E-01	1,81E-01	7,50E-01	6,74E-01	1,00E+00

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 39. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,85E-01	9,40E-01	8,28E-03	5,38E-02	5,30E-01	9,98E-01	5,31E-05	3,96E-04
FAIXA 4	2,02E-02	2,47E-01	8,31E-04	5,52E-03	7,25E-02	4,23E-01	5,21E-06	3,96E-05
FAIXA 5	2,06E-03	2,88E-02	8,31E-05	5,53E-04	7,57E-03	5,91E-02	5,30E-07	3,96E-06
FAIXA 6	2,05E-04	2,81E-03	8,31E-06	5,53E-05	7,60E-04	5,91E-03	5,16E-08	3,96E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,78E-03	3,75E-02	1,35E-02	8,20E-02	5,41E-03	4,60E-02
FAIXA 4	4,77E-04	3,94E-03	1,36E-03	8,52E-03	5,40E-04	4,73E-03
FAIXA 5	4,82E-05	2,88E-02	1,36E-04	1,36E-04	5,41E-05	4,70E-04
FAIXA 6	4,82E-06	2,88E-03	1,36E-05	1,36E-05	5,41E-06	4,70E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 40. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,37E-01	9,97E-01	1,69E-02	1,04E-01	7,88E-01	1,00E+00
FAIXA 4	4,05E-02	4,36E-01	1,70E-03	1,09E-02	1,42E-01	7,05E-01
FAIXA 5	4,04E-03	5,69E-02	1,70E-04	1,09E-03	1,52E-02	1,16E-01
FAIXA 6	4,07E-04	5,70E-03	1,70E-05	1,09E-04	1,55E-03	1,24E-02

Tabela 41. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,69E-01	8,47E-01	2,10E-01	7,37E-01	4,94E-01	9,76E-01	4,85E-05	2,31E-04
FAIXA 4	1,82E-02	1,76E-01	2,33E-02	1,25E-01	6,65E-01	3,20E-01	4,64E-06	2,42E-05
FAIXA 5	1,83E-03	1,87E-02	2,36E-03	1,33E-02	6,76E-03	3,69E-02	4,66E-07	2,42E-06
FAIXA 6	1,82E-04	1,91E-03	2,36E-04	1,33E-03	6,76E-04	3,69E-03	4,66E-08	2,42E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,29E-03	2,38E-02	7,98E-02	4,08E-01	4,75E-03	3,07E-02
FAIXA 4	4,31E-04	2,43E-03	8,28E-03	5,13E-02	4,73E-04	3,13E-03
FAIXA 5	4,14E-05	2,44E-04	8,32E-04	5,26E-03	4,77E-05	3,14E-05
FAIXA 6	4,14E-06	2,44E-05	8,32E-05	5,27E-04	4,77E-06	3,11E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 42. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,13E-01	9,76E-01	3,84E-01	9,27E-01	4,78E-01	9,99E-01
FAIXA 4	3,65E-02	2,33E-01	4,73E-02	2,31E-01	1,32E-01	5,22E-01
FAIXA 5	3,72E-03	4,00E-02	4,83E-03	2,60E-02	1,37E-02	7,26E-02
FAIXA 6	3,72E-04	4,00E-03	4,84E-04	2,63E-03	1,37E-03	7,26E-03

Tabela 43. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,21E-01	9,29E-01	1,97E-02	9,96E-02	5,97E-01	9,96E-01	6,92E-05	3,56E-04
FAIXA 4	2,46E-02	2,35E-01	1,99E-03	1,04E-02	8,79E-02	4,27E-01	6,42E-06	3,54E-05
FAIXA 5	2,46E-03	2,60E-02	1,99E-04	1,05E-03	9,14E-03	5,40E-02	6,33E-07	3,54E-06
FAIXA 6	2,46E-04	2,70E-03	1,99E-05	1,05E-04	9,27E-04	5,54E-03	6,33E-08	3,54E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,88E-03	3,50E-02	7,03E-03	4,15E-02	6,47E-03	4,38E-02
FAIXA 4	5,88E-04	3,56E-03	7,06E-04	4,23E-03	6,57E-04	4,32E-03
FAIXA 5	5,82E-05	3,56E-04	7,06E-05	4,24E-04	6,62E-05	4,41E-04
FAIXA 6	5,82E-06	3,56E-05	7,06E-06	4,24E-05	6,62E-06	4,41E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 44. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,77E-01	9,33E-01	4,41E-02	2,16E-01	8,48E-01	1,00E+00
FAIXA 4	4,85E-02	2,38E-01	4,50E-03	2,41E-02	1,72E-01	7,11E-01
FAIXA 5	4,63E-03	2,78E-02	4,51E-04	2,44E-03	1,87E-02	1,17E-01
FAIXA 6	6,46E-04	2,77E-03	4,51E-05	2,44E-04	1,88E-03	1,26E-02

Tabela 45 Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,47E-01	5,14E-01	1,69E-01	1,89E-01	4,01E-01	4,40E-01	1,08E-04	1,22E-04
FAIXA 4	5,80E-02	7,07E-02	1,83E-02	2,07E-02	5,03E-02	5,68E-02	1,08E-05	1,22E-05
FAIXA 5	5,97E-03	7,32E-03	1,85E-03	2,09E-03	5,15E-03	5,83E-03	1,08E-06	1,22E-06
FAIXA 6	5,99E-04	7,35E-04	1,85E-04	2,09E-04	5,16E-04	5,85E-04	1,08E-07	1,22E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,72E-02	6,49E-02	6,98E-02	8,16E-02	8,41E-02	9,93E-02
FAIXA 4	5,88E-03	6,70E-03	7,22E-03	8,49E-03	8,77E-03	1,05E-02
FAIXA 5	5,90E-04	6,72E-04	7,25E-04	8,53E-04	8,81E-04	1,05E-03
FAIXA 6	5,90E-05	6,72E-05	7,25E-05	8,53E-05	8,81E-05	1,05E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 46. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,91E-01	7,60E-01	3,10E-01	3,41E-01	6,41E-01	6,83E-01
FAIXA 4	1,13E-01	1,36E-01	3,65E-02	4,09E-02	9,84E-02	1,10E-01
FAIXA 5	1,19E-02	1,46E-02	3,71E-03	4,17E-03	1,03E-02	1,16E-02
FAIXA 6	1,20E-03	1,47E-03	3,71E-04	4,18E-04	1,04E-03	1,17E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 47. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,38E-01	7,10E-01	2,32E-01	2,59E-01	5,18E-01	5,63E-01	1,54E-04	1,74E-04
FAIXA 4	9,81E-02	1,19E-01	2,60E-02	2,95E-02	7,09E-02	8,04E-02	1,54E-05	1,74E-05
FAIXA 5	1,03E-02	1,26E-02	2,64E-03	3,00E-03	7,34E-03	8,35E-03	1,54E-06	1,74E-06
FAIXA 6	1,03E-03	1,27E-03	2,64E-04	3,00E-04	7,34E-04	8,35E-04	1,54E-07	1,74E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,06E-02	9,14E-02	9,79E-02	1,15E-01	1,17E-01	1,39E-01
FAIXA 4	8,39E-03	9,57E-03	1,03E-02	1,22E-02	1,25E-02	1,49E-02
FAIXA 5	8,42E-04	9,62E-04	1,03E-03	1,22E-03	1,26E-03	1,50E-03
FAIXA 6	8,42E-05	9,62E-05	1,03E-04	1,22E-04	1,26E-04	1,50E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 48. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,08E-01	8,67E-01	4,11E-01	4,49E-01	7,65E-01	8,05E-01
FAIXA 4	1,56E-01	1,89E-01	5,16E-02	5,81E-02	1,37E-01	1,53E-01
FAIXA 5	1,69E-02	2,09E-02	5,28E-03	5,97E-03	1,47E-02	1,65E-02
FAIXA 6	1,70E-03	2,11E-03	5,30E-04	5,99E-04	1,48E-03	1,67E-03

Tabela 49. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; ; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,94E-01	9,30E-01	3,24E-01	3,51E-01	6,61E-01	6,97E-01	2,29E-04	2,51E-04
FAIXA 4	2,04E-01	2,39E-01	3,85E-02	4,24E-02	1,04E-01	1,14E-01	2,29E-05	2,51E-05
FAIXA 5	2,27E-02	2,71E-02	3,91E-03	4,32E-03	1,09E-02	1,20E-02	2,29E-06	2,51E-06
FAIXA 6	2,29E-03	2,74E-03	3,92E-04	4,33E-04	1,09E-03	1,21E-03	2,29E-07	2,51E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,18E-01	1,29E-01	1,43E-01	1,60E-01	1,70E-01	1,93E-01
FAIXA 4	1,25E-02	1.38E-0.1	1,53E-02	1,73E-02	1,85E-02	2,14E-02
FAIXA 5	1,25E-03	1,39E-03	1,54E-03	1,75E-03	1,87E-03	2,16E-03
FAIXA 6	1,25E-04	1,39E-04	1,54E-04	1,75E-04	1,87E-04	2,16E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 50. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,88E-01	9,94E-01	5,44E-01	5,79E-01	8,84E-01	9,06E-01
FAIXA 4	3,67E-01	4,19E-01	7,57E-02	8,31E-02	1,97E-01	2,15E-01
FAIXA 5	4,49E-02	5,32E-02	7,84E-03	8,64E-03	2,17E-02	2,39E-02
FAIXA 6	4,59E-03	5,45E-03	7,84E-03	7,84E-03	2,20E-03	2,42E-03

Tabela 51. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,29E-01	8,76E-01	4,28E-01	4,62E-01	9,03E-01	9,27E-01	3,26E-04	3,59E-04
FAIXA 4	1,65E-01	1,94E-01	5,44E-02	6,02E-02	2,12E-01	2,35E-01	3,26E-05	3,59E-05
FAIXA 5	1,79E-02	2,15E-02	5,58E-03	6,19E-03	2,36E-02	2,65E-02	3,26E-06	3,59E-06
FAIXA 6	1,81E-03	2,17E-03	5,60E-04	6,20E-04	2,39E-03	2,69E-03	3,26E-07	3,59E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,63E-01	1,79E-01	1,97E-01	2,20E-01	2,32E-01	2,63E-01
FAIXA 4	1,77E-02	1,97E-02	2,17E-02	2,47E-02	2,63E-02	3,04E-02
FAIXA 5	1,78E-03	1,98E-03	2,20E-03	2,50E-03	2,67E-03	3,09E-03
FAIXA 6	1,79E-04	1,99E-04	2,20E-04	2,50E-04	2,67E-04	3,09E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 52. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,68E-01	9,83E-01	6,73E-01	7,09E-01	9,90E-01	9,94E-01
FAIXA 4	3,03E-01	3,50E-01	1,06E-01	1,17E-01	3,79E-01	4,15E-01
FAIXA 5	3,57E-02	4,24E-02	1,12E-02	1,23E-02	4,68E-02	5,24E-02
FAIXA 6	3,63E-03	4,32E-03	1,12E-03	1,24E-03	4,78E-03	5,37E-03

Modelos de Bastos

Tabela 53 Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium, Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive,

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,91E-01	1,00E+00	9,90E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,87E-03	1,14E-03
FAIXA 4	6,54E-01	1,00E+00	4,95E-01	9,81E-01	9,81E-01	1,00E+00	2,74E-04	1,71E-03
FAIXA 5	1,46E-01	8,27E-01	9,62E-02	4,47E-01	4,36E-01	9,81E-01	4,04E-05	2,55E-04
FAIXA 6	2,31E-02	2,33E-01	1,49E-02	8,41E-02	8,30E-02	4,38E-01	5,98E-06	3,81E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,55E-01	6,72E-01	8,03E-01	1,00E+00	1,69E-01	7,40E-01
FAIXA 4	2,42E-02	1,57E-01	2,17E-01	8,09E-01	2,70E-02	1,88E-01
FAIXA 5	3,64E-03	2,43E-02	3,55E-02	2,20E-01	4,10E-03	2,94E-02
FAIXA 6	5,41E-04	3,68E-03	5,34E-03	3,61E-02	6,08E-05	4,42E-03

Tabela 54, Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping;, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive,
FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,91E-01	1,00E+00	9,90E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	6,54E-01	1,00E+00	4,95E-01	9,81E-01	9,81E-01	1,00E+00
FAIXA 5	1,46E-01	8,27E-01	9,62E-02	4,47E-01	4,36E-01	9,81E-01
FAIXA 6	2,31E-02	2,33E-01	1,49E-02	8,41E-02	8,30E-02	4,38E-01

Tabela 55, Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,98E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	2,27E-03	9,46E-03
FAIXA 4	7,79E-01	1,00E+00	8,16E-01	9,99E-01	9,92E-01	1,00E+00	3,35E-04	1,43E-03
FAIXA 5	1,79E-01	8,34E-01	2,22E-01	6,76E-01	5,09E-01	9,65E-01	4,97E-05	2,15E-04
FAIXA 6	2,85E-02	2,39E-01	3,64E-02	1,54E-01	1,01E-01	3,95E-01	7,38E-06	3,31E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,88E-01	6,33E-01	9,79E-01	1,00E+00	2,68E-02	7,08E-01
FAIXA 4	3,00E-02	1,37E-01	4,48E-01	9,55E-01	3,35E-02	1,69E-01
FAIXA 5	4,49E-03	2,12E-02	8,48E-02	3,75E-01	4,96E-03	2,66E-02
FAIXA 6	6,67E-04	3,16E-03	1,30E-02	6,75E-02	7,62E-04	4,04E-03

Tabela 56, Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	9,25E-01	1,00E+00	9,71E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00
FAIXA 5	3,27E-01	9,72E-01	4,08E-01	8,87E-01	7,78E-01	9,98E-01
FAIXA 6	5,59E-02	4,09E-01	7,47E-02	2,77E-01	1,19E-01	1,00E+00

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 57, Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold,

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	4,71E-03	5,16E-03
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	6,96E-01	7,32E-01	9,60E-01	9,71E-01	6,98E-04	7,65E-04
FAIXA 5	4,33E-01	4,90E-01	1,62E-01	1,78E-01	3,88E-01	4,19E-01	1,03E-04	1,13E-04
FAIXA 6	8,11E-02	9,57E-02	2,58E-02	2,86E-02	7,04E-02	7,76E-02	1,53E-05	1,68E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,12E-01	9,31E-01	9,48E-01	9,64E-01	9,68E-01	9,79E-01
FAIXA 4	3,15E-01	3,43E-01	3,72E-01	4,11E-01	4,29E-01	4,74E-01
FAIXA 5	5,49E-02	6,07E-02	6,72E-02	7,62E-02	8,10E-02	9,30E-02
FAIXA 6	8,33E-03	9,24E-03	1,03E-02	1,17E-02	1,24E-02	1,44E-02

Tabela 58, Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold,

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	9,99E-01	1,00E+00	9,07E-01	9,27E-01	9,98E-01	9,99E-01
FAIXA 5	6,76E-01	7,34E-01	2,99E-01	3,23E-01	6,25E-01	6,59E-01
FAIXA 6	1,56E-01	1,81E-01	5,12E-02	5,62E-02	1,36E-01	1,49E-01

Tabela 59, Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	6,54E-02	7,04E-02
FAIXA 4	9,99E-01	1,00E+00	9,20E-01	9,35E-01	9,99E-01	9,99E-01	9,96E-03	1,07E-02
FAIXA 5	6,98E-01	7,48E-01	3,13E-01	3,34E-01	6,46E-01	6,75E-01	2,19E-04	2,36E-04
FAIXA 6	1,64E-01	1,87E-01	5,41E-02	5,85E-02	1,44E-01	1,55E-01	3,24E-05	3,49E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,93E-01	9,95E-01	1,00E+00	1,00E+00	9,99E-01	9,99E-01
FAIXA 4	5,50E-01	5,80E-01	6,25E-01	6,63E-01	6,90E-01	7,32E-01
FAIXA 5	1,13E-01	1,22E-01	1,37E-01	1,51E-01	1,64E-01	1,82E-01
FAIXA 6	1,76E-02	1,91E-02	2,16E-02	2,40E-02	2,62E-02	2,95E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 60, Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pgold,

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	9,93E-01	9,96E-01	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 5	9,07E-01	9,34E-01	5,29E-01	5,56E-01	8,73E-01	8,92E-01
FAIXA 6	3,01E-01	3,38E-01	1,06E-01	1,13E-01	2,67E-01	2,85E-01

1.4. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método "bootstrapping Bayesiano",

1.4.1.Modelo de Shuval

Tabela 61. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert ,remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,25E-01	6,52E-01	9,97E-02	5,49E-01	4,22E-01	9,91E-01	3,52E-05	2,40E-04
FAIXA 4	1,31E-02	1,01E-01	1,05E-02	7,67E-02	5,26E-02	3,79E-01	3,54E-06	2,41E-05
FAIXA 5	1,31E-03	1,01E-02	1,05E-03	7,95E-03	5,38E-03	4,47E-02	3,65E-07	2,54E-06
FAIXA 6	1,33E-04	1,07E-03	1,05E-04	7,98E-04	5,37E-04	4,72E-03	3,68E-08	2,40E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,87E-03	3,66E-02	2,27E-02	1,21E-01	2,86E-03	2,00E-02
FAIXA 4	4,86E-04	3,72E-02	2,30E-03	1,28E-02	2,83E-04	2,04E-03
FAIXA 5	4,88E-05	3,96E-04	2,30E-04	1,29E-03	2,80E-05	2,08E-04
FAIXA 6	4,81E-06	3,85E-05	2,30E-05	1,29E-04	2,84E-06	2,07E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 62. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,41E-01	8,72E-01	1,95E-01	7,98E-01	6,78E-01	9,99E-01
FAIXA 4	2,77E-02	1,90E-01	2,15E-02	1,48E-01	1,08E-01	6,04E-01
FAIXA 5	2,74E-03	2,03E-02	2,15E-03	1,48E-02	1,10E-02	8,77E-02
FAIXA 6	2,77E-04	2,03E-03	2,15E-04	1,48E-03	1,00E-03	9,16E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 63. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,68E-01	7,67E-01	8,87E-03	6,16E-02	5,33E-01	9,99E-01	4,85E-05	3,51E-04
FAIXA 4	1,82E-02	1,44E-01	8,90E-04	6,34E-03	7,33E-02	5,03E-01	4,79E-06	3,51E-05
FAIXA 5	1,84E-03	1,51E-02	8,91E-05	6,35E-04	7,41E-03	6,65E-02	4,82E-07	3,51E-06
FAIXA 6	1,88E-04	1,52E-03	8,91E-06	6,35E-05	7,00E-04	6,65E-03	4,82E-08	3,51E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,63E-03	5,23E-02	1,96E-03	9,96E-03	3,87E-03	2,88E-02
FAIXA 4	6,69E-04	5,23E-03	1,96E-04	1,00E-03	3,87E-04	2,86E-03
FAIXA 5	6,52E-05	5,23E-04	1,96E-05	1,00E-04	3,88E-05	2,91E-04
FAIXA 6	6,61E-06	5,23E-05	1,96E-06	1,00E-05	3,88E-06	2,91E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 64. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,14E-01	9,51E-01	1,82E-02	1,19E-01	7,86E-01	1,00E+00
FAIXA 4	3,67E-02	2,67E-01	1,82E-03	1,26E-02	1,40E-01	7,38E-01
FAIXA 5	3,76E-03	3,03E-02	1,82E-04	1,26E-03	1,52E-02	1,26E-01
FAIXA 6	3,74E-04	3,06E-03	1,82E-05	1,26E-04	1,52E-03	1,36E-02

Tabela 65. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,02E-01	6,19E-01	9,21E-01	1,00E+00	4,86E-01	9,87E-01	4,42E-05	2,10E-04
FAIXA 4	1,65E-02	9,10E-02	2,24E-01	7,91E-01	6,54E-02	3,50E-01	4,42E-06	2,08E-05
FAIXA 5	1,65E-03	9,48E-03	2,51E-02	1,45E-01	6,67E-03	3,50E-02	4,37E-07	2,13E-06
FAIXA 6	1,64E-04	9,41E-04	2,54E-03	1,55E-02	6,80E-04	4,30E-03	4,35E-08	2,13E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,06E-04	2,39E-02	5,18E-02	1,98E-01	3,55E-03	1,83E-02
FAIXA 4	6,01E-04	3,28E-03	5,30E-03	2,18E-03	3,47E-04	1,87E-03
FAIXA 5	5,99E-05	3,45E-04	5,30E-04	2,18E-04	3,54E-05	1,88E-04
FAIXA 6	5,97E-06	3,45E-05	5,30E-05	2,18E-05	3,65E-06	1,88E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 66. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,88E-01	8,48E-01	4,10E-01	9,55E-01	7,49E-01	9,99E-01
FAIXA 4	3,39E-02	1,67E-01	5,14E-02	2,68E-01	1,28E-01	5,77E-01
FAIXA 5	3,14E-03	1,83E-02	5,26E-03	3,07E-02	1,38E-02	8,22E-02
FAIXA 6	3,42E-04	1,80E-03	5,27E-04	3,11E-03	1,38E-03	8,50E-03

Tabela 67. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano" ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,05E-01	4,72E-01	2,14E-02	1,17E-01	6,04E-01	4,72E-01	5,96E-05	3,07E-04
FAIXA 4	2,27E-02	1,31E-01	2,16E-03	1,23E-02	8,89E-02	1,31E-01	6,09E-06	3,09E-05
FAIXA 5	2,30E-03	1,37E-02	2,16E-04	1,24E-03	9,24E-03	1,37E-02	6,10E-07	3,12E-06
FAIXA 6	2,28E-04	1,37E-03	2,16E-05	1,24E-04	9,27E-04	1,38E-03	6,08E-08	3,12E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,25E-03	4,86E-02	4,82E-03	1,85E-02	4,81E-03	2,72E-02
FAIXA 4	8,26E-04	5,03E-03	4,82E-03	1,85E-02	4,72E-04	2,71E-03
FAIXA 5	8,25E-05	4,82E-04	4,82E-04	1,85E-03	4,76E-05	2,07E-04
FAIXA 6	8,29E-06	4,82E-05	4,82E-05	1,85E-04	4,84E-06	2,07E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 68. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano" ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,77E-01	9,33E-01	4,41E-02	2,16E-01	8,48E-01	1,00E+00
FAIXA 4	4,85E-02	2,38E-01	4,50E-03	2,41E-02	1,72E-01	7,11E-01
FAIXA 5	4,63E-03	2,78E-02	4,51E-04	2,44E-03	1,87E-02	1,17E-01
FAIXA 6	6,46E-04	2,77E-03	4,51E-05	2,44E-04	1,88E-03	1,26E-02

Tabela 69. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,51E-01	4,89E-01	2,17E-01	2,46E-01	3,82E-01	4,27E-01	8,20E-05	9,19E-05
FAIXA 4	5,84E-02	6,53E-02	2,42E-02	2,79E-02	4,70E-02	5,43E-02	8,20E-06	9,19E-06
FAIXA 5	6,00E-03	6,73E-03	2,45E-03	2,83E-03	4,81E-03	5,57E-03	8,20E-07	9,19E-07
FAIXA 6	6,02E-04	6,75E-04	2,45E-04	2,83E-04	4,82E-04	5,59E-04	8,20E-08	9,19E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,82E-01	3,01E-01	3,98E-02	4,44E-02	4,20E-02	4,69E-02
FAIXA 4	3,26E-02	3,52E-02	4,06E-03	4,54E-03	4,29E-03	4,79E-03
FAIXA 5	3,31E-03	3,58E-03	4,06E-04	4,54E-04	4,29E-04	4,80E-04
FAIXA 6	3,32E-04	3,59E-04	4,06E-05	4,54E-05	4,29E-05	4,80E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 70. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,98E-01	7,38E-01	3,82E-01	4,22E-01	6,07E-01	6,56E-01
FAIXA 4	1,14E-01	1,26E-01	4,70E-02	5,33E-02	8,95E-02	1,02E-01
FAIXA 5	1,20E-02	1,34E-02	4,80E-03	5,47E-03	9,34E-03	1,07E-02
FAIXA 6	1,21E-03	1,35E-03	4,81E-04	5,48E-04	9,38E-04	1,07E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 71. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,74E-01	6,17E-01	2,94E-01	3,32E-01	4,95E-01	5,49E-01	1,17E-04	1,31E-04
FAIXA 4	8,22E-02	9,22E-02	3,43E-02	3,96E-02	6,62E-02	7,67E-02	1,17E-05	1,31E-05
FAIXA 5	8,54E-03	9,63E-03	3,48E-03	4,03E-03	6,83E-03	7,96E-03	1,17E-06	1,31E-06
FAIXA 6	8,57E-04	9,67E-04	3,49E-04	4,04E-04	6,85E-04	7,98E-04	1,17E-07	1,31E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,76E-01	4,02E-01	5,63E-02	6,29E-02	5,94E-02	6,63E-02
FAIXA 4	4,62E-02	5,01E-02	5,78E-03	6,48E-03	6,11E-03	6,85E-03
FAIXA 5	4,72E-03	5,13E-03	5,78E-04	6,48E-04	6,13E-04	6,87E-04
FAIXA 6	4,73E-04	5,14E-04	5,78E-05	6,48E-05	6,13E-05	6,87E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 72. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano" ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,17E-01	8,51E-01	4,96E-01	5,44E-01	7,35E-01	7,82E-01
FAIXA 4	1,58E-01	1,75E-01	6,62E-02	7,56E-02	1,25E-01	1,42E-01
FAIXA 5	1,70E-02	1,90E-02	6,83E-03	7,83E-03	1,33E-02	1,52E-02
FAIXA 6	1,72E-03	1,92E-03	6,85E-04	7,86E-04	1,34E-03	1,53E-03

Tabela 73. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; ; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano" ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,34E-01	7,69E-01	4,10E-01	4,49E-01	6,50E-01	6,98E-01	1,73E-04	1,90E-04
FAIXA 4	1,25E-01	1,37E-01	5,14E-02	5,80E-02	1,00E-01	1,13E-01	1,73E-05	1,90E-05
FAIXA 5	1,33E-02	1,47E-02	5,27E-03	5,96E-03	1,05E-02	1,20E-02	1,73E-06	1,90E-06
FAIXA 6	1,33E-03	1,48E-03	5,28E-04	5,97E-04	1,05E-03	1,20E-03	1,73E-07	1,90E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,58E-01	5,89E-01	8,34E-02	9,12E-02	8,80E-02	9,61E-02
FAIXA 4	7,86E-02	8,53E-02	8,69E-03	9,53E-03	9,18E-03	1,01E-02
FAIXA 5	8,15E-03	8,88E-03	8,72E-04	9,57E-04	9,22E-04	1,01E-03
FAIXA 6	8,18E-04	8,92E-04	8,73E-05	9,57E-05	9,23E-05	1,01E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 74. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,28E-01	9,45E-01	6,46E-01	6,86E-01	8,71E-01	8,99E-01
FAIXA 4	2,34E-01	2,54E-01	9,87E-02	1,09E-01	1,86E-01	2,06E-01
FAIXA 5	2,63E-02	2,90E-02	1,03E-02	1,15E-02	2,04E-02	2,29E-02
FAIXA 6	2,67E-03	2,94E-03	1,04E-03	1,16E-03	2,06E-03	2,31E-03

Tabela 75. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,48E-01	8,76E-01	5,28E-01	5,75E-01	7,75E-01	8,19E-01	2,47E-04	2,73E-04
FAIXA 4	1,73E-01	1,90E-01	7,24E-02	8,22E-02	1,39E-01	1,58E-01	2,47E-05	2,73E-05
FAIXA 5	1,88E-02	2,09E-02	7,48E-03	8,54E-03	1,49E-02	1,71E-02	2,47E-06	2,73E-06
FAIXA 6	1,90E-03	2,11E-03	7,51E-04	8,57E-04	1,50E-03	1,72E-03	2,47E-07	2,73E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,87E-01	7,19E-01	1,17E-01	1,28E-01	1,23E-01	1,34E-01
FAIXA 4	1,10E-01	1,20E-01	1,23E-02	1,36E-02	1,30E-02	1,44E-02
FAIXA 5	1,16E-02	1,27E-02	1,24E-03	1,37E-03	1,31E-03	1,44E-03
FAIXA 6	1,17E-03	1,27E-03	1,24E-04	1,37E-04	1,31E-04	1,45E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 76. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,76E-01	9,84E-01	7,72E-01	8,09E-01	9,45E-01	9,62E-01
FAIXA 4	3,16E-01	3,43E-01	1,38E-01	1,53E-01	2,54E-01	2,82E-01
FAIXA 5	3,74E-02	4,13E-02	1,47E-02	1,65E-02	2,89E-02	3,26E-02
FAIXA 6	3,80E-03	4,20E-03	1,48E-03	1,66E-03	2,93E-03	3,31E-03

1.4.2 Modelos de Bastos

Tabela 77. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive,

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,66E-01	2,69E-01	9,94E-01	1,00E+00	4,52E-01	7,67E-01	1,39E-05	7,01E-05
FAIXA 4	5,08E-02	1,04E-01	5,27E-01	9,91E-01	1,92E-01	3,94E-01	4,69E-06	2,50E-05
FAIXA 5	6,52E-03	3,91E-01	1,05E-01	5,06E-01	2,66E-02	1,66E-01	1,74E-06	8,81E-06
FAIXA 6	2,40E-03	1,04E-02	1,63E-02	9,91E-02	9,44E-03	6,17E-02	6,19E-07	3,14E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,80E-03	1,10E-02	6,67E-01	9,93E-01	1,09E-03	5,89E-03
FAIXA 4	6,71E-04	3,70E-03	1,52E-01	5,28E-01	3,92E-04	2,11E-03
FAIXA 5	2,24E-04	1,37E-03	2,40E-02	1,06E-01	1,38E-04	7,65E-04
FAIXA 6	8,49E-05	1,95E-04	3,59E-03	1,64E-02	4,89E-05	2,72E-04

Tabela 78. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping;, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	8,60E-01	1,00E+00	7,85E-01	1,00E+00	2,55E-01	8,43E-01
FAIXA 5	2,46E-01	8,43E-01	2,04E-01	7,53E-01	1,61E-01	7,11E-01
FAIXA 6	4,25E-02	2,43E-01	3,31E-02	1,87E-01	6,91E-01	1,00E+00

Tabela 79. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	9,93E-01	1,00E+00	2,17E-04	8,45E-03
FAIXA 4	6,98E-01	9,59E-01	8,42E-01	1,00E+00	9,18E-01	1,00E+00	3,17E-05	1,25E-03
FAIXA 5	1,59E-01	5,52E-01	2,39E-01	7,34E-01	5,23E-01	9,98E-01	4,74E-05	1,84E-04
FAIXA 6	2,53E-02	1,15E-01	3,96E-02	1,78E-01	1,00E-01	4,38E-01	6,98E-06	2,74E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,15E-01	7,35E-01	9,31E-01	1,00E+00	1,57E-01	5,14E-01
FAIXA 4	1,48E-02	1,84E-01	3,33E-01	7,42E-01	2,48E-02	1,03E-01
FAIXA 5	6,34E-03	2,89E-02	5,84E-02	1,83E-01	3,68E-03	1,57E-02
FAIXA 6	9,44E-04	4,32E-03	8,86E-03	2,95E-02	5,47E-04	2,35E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 80. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	9,12E-01	1,00E+00	9,78E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00
FAIXA 5	3,52E-01	3,09E-01	4,34E-01	9,27E-01	7,78E-01	9,99E-01
FAIXA 6	5,33E-02	2,11E-01	8,07E-02	3,22E-01	1,97E-01	6,72E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 81. Estimativas de risco anual de infecção por por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	3,53E-03	3,86E-03
FAIXA 4	9,81E-01	9,87E-01	7,43E-01	7,81E-01	9,26E-01	9,46E-01	5,23E-04	5,71E-04
FAIXA 5	4,50E-01	4,84E-01	1,83E-01	2,01E-01	3,23E-01	3,55E-01	7,73E-05	8,45E-05
FAIXA 6	8,48E-02	9,35E-02	2,94E-02	3,27E-02	5,61E-02	6,28E-02	1,14E-05	1,25E+00

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	8,05E-01	8,30E-01	8,21E-01	8,45E-01
FAIXA 4	9,19E-01	9,36E-01	2,20E-01	2,37E-01	2,30E-01	2,48E-01
FAIXA 5	3,13E-01	3,36E-01	3,62E-02	3,93E-02	3,82E-02	4,15E-02
FAIXA 6	5,40E-02	5,89E-02	5,44E-03	5,92E-03	5,75E-03	6,26E-03

Tabela 82. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	9,34E-01	9,51E-01	9,94E-01	9,97E-01
FAIXA 5	6,97E-01	7,32E-01	3,33E-01	3,61E-01	5,42E-01	5,80E-01
FAIXA 6	1,63E-01	1,78E-01	5,81E-02	6,42E-02	1,09E-01	1,21E-01

Tabela 83. Estimativas de risco anual de infecção por por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	7,46E-03	8,01E-03
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	9,44E-01	9,57E-01	9,96E-01	9,98E-01	1,11E-03	1,19E-03
FAIXA 5	1,00E+00	1,00E+00	3,48E-01	3,73E-01	5,63E-01	5,96E-01	1,64E-04	1,76E-04
FAIXA 6	7,18E-01	7,46E-01	6,13E-02	6,68E-02	1,15E-01	1,26E-01	2,42E-05	2,60E-05

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,67E-01	9,73E-01	9,72E-01	9,78E-01
FAIXA 4	9,95E-01	9,97E-01	4,08E-01	4,28E-01	4,25E-01	4,46E-01
FAIXA 5	5,47E-01	5,73E-01	7,51E-02	7,99E-02	7,92E-02	8,43E-02
FAIXA 6	1,11E-01	1,18E-01	1,15E-02	1,23E-02	1,21E-02	1,30E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 84. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (folhosas e florais) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de "bootstrapping Bayesiano", estimador de risco Pgold.

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	9,44E-01	9,57E-01
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,10E+01	3,48E-01	3,73E-01
FAIXA 5	9,20E-01	9,35E-01	5,75E-01	6,06E-01	6,13E-02	6,68E-02
FAIXA 6	3,14E-01	3,35E-01	1,19E-01	1,29E-01	6,13E-02	6,68E-02

2 HORTALIÇAS FOLHOSAS E FLORAIS

2.1 Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança.

2.1.1. Modelo de Shuval

Tabela 85. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal ,remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,11E-02	2,20E-01	3,20E-02	1,81E-01	1,69E-01	6,66E-01	8,57E-05	5,24E-04	8,75E-06	4,59E-05
FAIXA 4	4,27E-03	2,40E-02	3,25E-03	1,97E-02	1,87E-02	1,02E-01	8,57E-06	5,24E-05	8,84E-07	4,51E-06
FAIXA 5	4,17E-04	2,52E-03	3,26E-04	1,99E-03	1,84E-03	1,10E-02	8,57E-07	5,24E-06	8,78E-08	4,62E-07
FAIXA 6	4,17E-05	2,25E-04	3,26E-05	1,99E-04	1,80E-04	1,10E-03	8,57E-08	5,24E-07	8,78E-09	4,62E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,03E-03	5,22E-03	1,24E-03	7,58E-03	1,03E-03	5,22E-03	1,99E-03	1,04E-02	2,97E-03	1,54E-02
FAIXA 4	1,02E-04	5,20E-04	1,24E-04	7,58E-04	1,02E-04	5,19E-04	2,01E-04	1,05E-03	2,97E-04	1,55E-03
FAIXA 5	1,03E-05	5,21E-05	1,24E-05	7,58E-05	1,03E-05	5,21E-05	1,98E-05	1,04E-04	2,92E-05	1,54E-04
FAIXA 6	1,03E-06	5,26E-06	1,24E-06	7,58E-06	1,03E-06	5,26E-06	2,00E-06	1,07E-05	2,70E-06	1,84E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 86. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,17E-01	8,71E-01	1,77E-04	1,04E-03	3,17E-01	8,71E-01	1,77E-04	1,04E-03
FAIXA 4	3,65E-02	1,97E-01	1,77E-05	1,04E-04	3,65E-02	1,97E-01	1,77E-05	1,04E-04
FAIXA 5	3,79E-03	2,15E-02	1,77E-06	1,04E-05	3,79E-03	2,15E-02	1,77E-06	1,04E-05
FAIXA 6	3,79E-04	2,19E-03	1,77E-07	1,04E-06	3,79E-04	2,19E-03	1,77E-07	1,04E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 87. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção d rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,33E-02	2,11E-01	3,34E-02	1,75E-01	1,75E-01	6,47E-01	8,95E-05	5,05E-04	9,25E-06	4,43E-05
FAIXA 4	4,39E-03	2,60E-02	3,40E-03	1,90E-02	1,92E-02	1,00E-01	8,95E-06	5,05E-05	9,19E-07	4,47E-06
FAIXA 5	4,34E-04	2,42E-03	3,40E-04	1,92E-03	1,92E-03	1,06E-02	8,95E-07	5,05E-06	9,02E-08	4,48E-07
FAIXA 6	4,38E-05	2,39E-04	3,40E-05	1,92E-05	1,30E-04	1,06E-03	8,95E-08	5,05E-07	9,11E-09	4,45E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	5 0%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,06E-04	4,96E-03	8,62E-03	3,32E-02	1,06E-03	4,96E-03	2,10E-03	9,88E-03	3,11E-03	1,46E-02
FAIXA 4	1,06E-04	5,02E-04	8,66E-04	3,37E-03	1,06E-04	5,01E-04	2,07E-04	1,01E-03	3,06E-04	1,50E-03
FAIXA 5	1,88E-05	4,91E-05	8,66E-05	3,38E-04	1,08E-05	4,90E-05	2,09E-05	1,02E-04	3,10E-05	1,52E-04
FAIXA 6	1,08E-06	4,98E-06	8,66E-06	3,00E-05	1,09E-06	4,99E-06	2,09E-06	1,02E-05	3,10E-06	1,52E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 88. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,33E-02	3,29E-01	6,77E-02	3,17E-01	2,85E-01	8,26E-01	1,84E-04	1,00E-03
FAIXA 4	7,63E-03	3,93E-02	6,99E-03	3,75E-02	3,32E-02	1,62E-01	1,84E-05	1,01E-04
FAIXA 5	7,75E-04	3,95E-03	7,01E-04	3,81E-03	3,42E-03	1,73E-02	1,84E-06	1,01E-05
FAIXA 6	7,67E-05	3,95E-04	7,01E-05	3,82E-04	3,80E-04	1,73E-03	1,84E-07	1,01E-06

Tabela 89. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição normal, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,32E-02	2,12E-01	1,16E-03	6,56E-03	1,77E-01	6,52E-01	3,06E-06	1,73E-05	9,33E-06	4,36E-05
FAIXA 4	4,38E-03	2,46E-02	1,16E-04	6,58E-04	1,92E-02	1,04E-01	3,06E-07	1,73E-06	9,29E-07	4,42E-06
FAIXA 5	4,45E-04	2,40E-03	1,16E-05	6,58E-05	1,96E-03	1,05E-02	3,06E-08	1,73E-07	9,37E-08	4,64E-07
FAIXA 6	4,36E-05	2,42E-04	1,16E-06	6,58E-06	1,93E-05	1,07E-03	3,06E-09	1,73E-08	9,37E-09	4,64E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,02E-02	4,86E-03	2,94E-04	1,15E-03	1,80E-03	4,85E-03	2,10E-03	9,84E-03	3,12E-03	1,45E-02
FAIXA 4	1,07E-04	4,96E-04	2,94E-05	1,15E-04	1,07E-04	4,95E-04	2,08E-04	1,01E-03	3,08E-04	1,49E-03
FAIXA 5	1,08E-05	4,30E-05	2,94E-06	1,15E-05	1,07E-05	4,30E-05	2,02E-05	9,99E-05	3,12E-05	1,48E-04
FAIXA 6	1,01E-05	4,30E-06	2,94E-07	1,15E-06	1,07E-06	4,30E-06	2,22E-06	1,01E-05	3,17E-06	1,49E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 90. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,57E-02	3,19E-01	2,40E-03	1,30E-02	3,25E-01	8,97E-01	6,31E-06	3,44E-05
FAIXA 4	9,06E-04	4,71E-02	2,40E-04	1,31E-03	3,97E-02	1,92E-01	6,31E-07	3,44E-06
FAIXA 5	9,09E-05	4,84E-03	2,40E-05	1,31E-04	4,00E-03	2,12E-02	6,31E-08	3,44E-07
FAIXA 6	9,15E-05	4,77E-04	2,40E-06	1,31E-05	4,03E-04	2,10E-03	6,31E-09	3,44E-08

Tabela 91. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,82E-01	1,76E-01	1,21E-03	6,35E-03	1,58E-01	2,00E-01	3,18E-06	1,68E-05	8,17E-06	3,46E-05
FAIXA 4	3,90E-03	1,88E-02	1,21E-04	6,37E-04	1,71E-02	8,30E-02	3,18E-07	1,68E-06	8,25E-07	3,53E-06
FAIXA 5	3,98E-04	1,95E-03	1,21E-05	6,37E-05	1,72E-03	8,56E-03	3,18E-08	1,68E-07	8,13E-08	3,44E-07
FAIXA 6	3,98E-05	1,95E-04	1,21E-06	6,37E-06	1,72E-04	8,56E-04	3,18E-09	1,68E-08	8,13E-09	3,44E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,46E-05	3,95E-03	3,07E-04	1,10E-03	9,45E-04	3,95E-03	1,85E-03	7,89E-03	2,74E-03	1,17E-02
FAIXA 4	9,42E-05	3,95E-04	3,07E-05	1,10E-04	9,39E-05	3,99E-04	1,83E-04	7,90E-04	2,78E-04	1,17E-03
FAIXA 5	9,39E-05	3,94E-04	3,07E-06	1,10E-05	9,33E-06	4,00E-05	1,84E-05	8,12E-05	2,72E-05	1,20E-04
FAIXA 6	9,39E-06	3,94E-05	3,07E-07	1,10E-06	9,37E-07	4,01E-06	1,84E-06	8,12E-06	2,72E-06	1,20E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 92. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,78E-02	3,20E-01	2,51E-03	1,24E-02	3,00E-02	8,19E-01	6,61E-06	3,29E-05
FAIXA 4	8,05E-03	3,74E-02	2,51E-04	1,25E-03	3,50E-02	1,57E-01	6,61E-07	3,29E-06
FAIXA 5	8,11E-04	3,47E-03	2,51E-05	1,25E-04	3,57E-03	1,68E-02	6,61E-08	3,29E-07
FAIXA 6	8,10E-05	3,92E-04	2,51E-06	1,25E-05	3,57E-04	1,38E-03	6,61E-09	3,29E-08

Tabela 93. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold.

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,24E-02	7,05E-02	4,93E-02	5,57E-02	2,47E-01	2,75E-01	1,82E-04	2,06E-04	1,25E-05	1,40E-05
FAIXA 4	6,43E-03	7,29E-03	5,05E-03	5,72E-03	2,81E-02	3,17E-02	1,82E-05	2,06E-05	1,25E-06	1,40E-06
FAIXA 5	6,45E-04	7,31E-04	5,06E-04	5,73E-04	2,84E-03	3,22E-03	1,82E-06	2,06E-06	1,25E-07	1,40E-07
FAIXA 6	6,45E-05	7,31E-05	5,06E-05	5,73E-05	2,85E-04	3,23E-04	1,82E-07	2,06E-07	1,25E-08	1,40E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,28E-01	7,62E-01	1,05E-02	1,16E-02	1,13E-02	1,25E-02	2,82E-03	3,16E-03	4,18E-03	4,68E-03
FAIXA 4	1,25E-01	1,37E-01	1,05E-03	1,17E-03	1,13E-03	1,25E-03	2,83E-04	3,17E-04	4,19E-04	4,69E-04
FAIXA 5	1,33E-02	1,47E-02	1,05E-04	1,17E-04	1,13E-04	1,25E-04	2,83E-05	3,17E-05	4,19E-05	4,69E-05
FAIXA 6	1,34E-03	1,48E-03	1,05E-05	1,17E-05	1,13E-05	1,25E-05	2,83E-06	3,17E-06	4,19E-06	4,69E-06

Tabela 94. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,21E-01	1,36E-01	9,63E-02	1,08E-01	9,98E-01	4,72E-01	3,65E-04	4,12E-04
FAIXA 4	1,28E-02	1,45E-02	1,01E-02	1,14E-02	5,54E-02	6,23E-02	3,65E-05	4,12E-05
FAIXA 5	1,29E-03	1,46E-03	1,01E-03	1,14E-03	5,69E-03	6,42E-03	3,65E-06	4,12E-06
FAIXA 6	1,29E-04	1,46E-04	1,01E-04	1,14E-04	5,70E-04	6,44E-04	3,65E-07	4,12E-07

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 95. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,24E-02	5,88E-02	4,13E-02	4,65E-02	2,11E-01	2,34E-01	1,52E-04	1,71E-04	1,04E-05	1,16E-05
FAIXA 4	5,37E-03	6,05E-03	4,21E-03	4,75E-03	2,35E-02	2,64E-02	1,52E-05	1,71E-05	1,04E-06	1,16E-06
FAIXA 5	5,38E-04	6,07E-04	4,22E-04	4,76E-04	2,37E-03	2,67E-03	1,52E-06	1,71E-06	1,04E-07	1,16E-07
FAIXA 6	5,39E-05	6,07E-05	4,22E-05	4,76E-05	2,38E-04	2,68E-04	1,52E-07	1,71E-07	1,04E-08	1,16E-08
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,65E-01	6,98E-01	8,76E-03	9,62E-03	9,41E-03	1,03E-02	2,35E-03	2,62E-03	3,49E-03	3,87E-03
FAIXA 4	1,05E-01	1,15E-01	8,80E-04	9,66E-04	8,22E-02	9,06E-02	2,36E-04	2,62E-04	3,49E-04	3,88E-04
FAIXA 5	1,11E-02	1,22E-02	8,80E-05	9,67E-05	9,45E-05	1,04E-04	2,36E-05	2,62E-05	3,49E-05	3,88E-05
FAIXA 6	1,12E-03	1,23E-03	8,80E-06	9,67E-06	9,45E-06	1,04E-05	2,36E-06	2,62E-06	3,49E-06	3,88E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 96. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,02E-01	1,14E-01	8,12E-02	9,03E-02	3,78E-01	4,12E-01	3,05E-04	3,41E-04
FAIXA 4	1,07E-02	1,20E-02	8,43E-03	9,42E-03	4,65E-02	5,19E-02	3,05E-05	3,41E-05
FAIXA 5	1,08E-03	1,21E-03	8,47E-04	9,46E-04	4,75E-03	5,31E-03	3,05E-06	3,41E-06
FAIXA 6	1,08E-04	1,21E-04	8,47E-05	9,47E-05	4,77E-04	5,33E-04	3,05E-07	3,41E-07

Tabela 97. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,92E-03	3,23E-03	2,29E-03	2,53E-03	1,28E-02	1,42E-02	8,26E-06	9,12E-06	5,68E-07	6,22E-07
FAIXA 4	2,93E-04	3,23E-04	2,30E-04	2,53E-04	1,29E-03	1,43E-03	8,26E-07	9,12E-07	5,68E-08	6,22E-08
FAIXA 5	2,93E-05	3,23E-05	2,30E-05	2,54E-05	1,29E-04	1,43E-04	8,26E-08	9,12E-08	5,68E-09	6,22E-09
FAIXA 6	2,93E-06	3,23E-06	2,30E-06	2,54E-06	1,29E-05	1,43E-05	8,26E-09	9,12E-09	5,68E-10	6,22E-10
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,90E-02	6,35E-02	4,65E-04	4,80E-04	5,15E-04	5,55E-04	1,28E-04	1,40E-04	1,90E-04	2,08E-04
FAIXA 4	6,07E-03	6,54E-03	4,80E-05	5,17E-05	5,15E-05	5,56E-05	1,28E-05	1,40E-05	1,90E-05	2,08E-05
FAIXA 5	6,09E-04	6,56E-04	4,80E-06	5,17E-06	5,15E-06	5,56E-06	1,28E-06	1,40E-06	1,90E-06	2,08E-06
FAIXA 6	6,09E-05	6,56E-05	4,80E-07	5,17E-07	5,15E-07	5,56E-07	1,28E-07	1,40E-07	1,90E-07	2,08E-07

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 98. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,86E-03	6,45E-03	4,60E-03	5,06E-03	2,56E-02	2,81E-02	1,66E-05	1,83E-05
FAIXA 4	5,87E-04	6,47E-04	4,61E-04	5,07E-04	2,59E-03	2,85E-03	1,66E-06	1,83E-06
FAIXA 5	5,88E-05	6,47E-05	4,61E-05	5,07E-05	2,59E-04	2,85E-04	1,66E-07	1,83E-07
FAIXA 6	5,88E-06	6,47E-06	4,61E-06	5,07E-06	2,59E-05	2,85E-05	1,66E-08	1,83E-08

Tabela 99. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,43E-03	2,67E-03	1,91E-03	2,09E-03	1,07E-02	1,17E-02	6,88E-06	7,54E-06	4,74E-07	5,13E-07
FAIXA 4	2,44E-04	2,67E-04	1,91E-04	2,10E-04	1,07E-03	1,18E-03	6,88E-07	7,54E-07	4,74E-08	5,13E-08
FAIXA 5	2,44E-05	2,67E-05	1,91E-05	2,10E-06	1,08E-04	1,18E-04	6,88E-08	7,54E-08	4,74E-09	5,13E-09
FAIXA 6	2,44E-06	2,67E-06	1,91E-06	2,10E-07	1,08E-05	1,18E-05	6,88E-09	7,54E-09	4,74E-10	5,13E-10
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,94E-02	5,27E-02	4,00E-04	4,27E-04	4,29E-04	4,59E-04	2,13E-03	2,28E-03	3,15E-03	3,37E-03
FAIXA 4	5,06E-03	5,41E-03	4,00E-05	4,27E-05	4,29E-05	4,59E-05	2,13E-04	2,28E-04	3,16E-04	3,37E-04
FAIXA 5	5,07E-04	5,42E-04	4,00E-06	4,27E-06	4,29E-06	4,59E-06	2,13E-05	2,28E-05	3,16E-05	3,37E-05
FAIXA 6	5,07E-05	5,42E-05	4,00E-07	4,27E-07	4,29E-07	4,59E-07	2,13E-06	2,28E-06	3,16E-06	3,37E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 100. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,89E-03	5,32E-03	3,84E-03	4,18E-03	2,14E-02	2,33E-02	1,38E-05	1,51E-05
FAIXA 4	4,90E-04	5,33E-04	3,84E-04	4,18E-04	2,16E-03	2,35E-03	1,38E-06	1,51E-06
FAIXA 5	4,90E-05	5,34E-05	3,85E-05	4,18E-05	2,16E-04	2,35E-04	1,38E-07	1,51E-07
FAIXA 6	4,90E-06	5,34E-06	3,85E-06	4,18E-06	2,16E-05	2,35E-05	1,38E-08	1,51E-08

2.1.2.Modelos de Bastos

Tabela 101. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,84E-01	5,68E-01	1,47E-01	4,88E-01	5,91E-01	9,48E-01	4,17E-04	1,76E-03	4,23E-05	1,54E-04
FAIXA 4	6,97E-02	2,63E-01	1,98E-02	8,08E-02	5,91E-01	9,75E-01	1,48E-04	6,24E-04	1,52E-05	5,39E-05
FAIXA 5	2,50E-02	1,05E-01	7,06E-03	2,94E-02	1,06E-01	3,85E-01	5,26E-05	2,22E-04	5,40E-06	1,93E-05
FAIXA 6	8,96E-03	3,77E-02	2,51E-03	1,05E-02	3,98E-02	1,59E-01	1,86E-05	7,86E-05	1,91E-06	6,86E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,81E-03	1,76E-02	3,92E-02	1,06E-01	4,80E-03	1,76E-02	9,58E-03	3,35E-02	1,42E-01	9,20E-02
FAIXA 4	1,70E-03	6,29E-03	1,41E-02	3,90E-02	1,70E-03	3,63E-03	3,41E-03	1,21E-02	5,05E-04	1,79E-02
FAIXA 5	6,12E-04	2,20E-03	5,02E-03	1,40E-02	6,11E-04	2,20E-03	1,24E-03	4,31E-03	1,83E-04	6,37E-03
FAIXA 6	2,18E-04	7,88E-04	1,78E-03	5,00E-03	2,18E-04	7,88E-04	4,35E-04	1,53E-03	6,44E-04	2,28E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 102. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,45E-01	8,12E-01	2,82E-01	7,26E-01	8,42E-01	9,93E-01	8,73E-04	3,40E-03
FAIXA 4	1,39E-01	4,47E-01	1,11E-01	3,68E-01	4,83E-01	9,24E-01	3,10E-04	1,21E-03
FAIXA 5	5,22E-02	1,10E-01	4,09E-02	1,50E-01	2,11E-01	6,06E-01	1,10E-04	4,29E-04
FAIXA 6	1,87E-02	7,30E-02	1,47E-02	5,62E-02	7,99E-02	2,84E-01	3,90E-05	1,52E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 103. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,94E-01	5,64E-01	1,70E-03	5,39E-03	6,13E-01	9,74E-01	4,47E-06	1,42E-05	4,48E-05	1,45E-04
FAIXA 4	7,55E-02	2,53E-01	6,03E-04	1,92E-03	2,88E-01	7,23E-01	1,59E-06	5,04E-06	1,60E-05	5,17E-05
FAIXA 5	2,36E-02	9,91E-02	2,14E-04	6,80E-04	1,17E-01	3,69E-01	5,63E-07	1,79E-06	5,58E-06	1,85E-05
FAIXA 6	9,46E-03	3,64E-02	7,59E-05	2,41E-04	4,11E-02	1,51E-01	2,00E-07	6,35E-07	1,98E-06	6,22E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,09E-03	1,63E-02	6,49E-05	2,06E-04	5,09E-04	1,63E-02	9,44E-03	3,24E-02	1,75E-02	7,56E-02
FAIXA 4	1,81E-03	5,77E-03	2,30E-05	7,32E-05	1,81E-03	5,77E-03	3,52E-03	1,16E-02	5,21E-03	1,71E-02
FAIXA 5	6,46E-04	2,07E-03	8,17E-06	2,60E-05	6,44E-04	2,07E-03	1,26E-03	4,17E-03	1,86E-03	6,17E-03
FAIXA 6	2,70E-04	7,31E-04	2,90E-06	9,22E-06	2,27E-04	7,30E-04	4,45E-04	1,74E-03	6,59E-04	2,17E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 104. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,61E-01	7,97E-01	1,18E-02	4,10E-02	8,60E-01	1,00E+00	3,12E-05	1,10E-04
FAIXA 4	1,47E-01	4,30E-01	4,19E-03	1,47E-02	5,04E-01	9,15E-01	1,11E-05	3,90E-05
FAIXA 5	5,49E-02	1,01E-01	1,49E-03	5,25E-03	4,90E-02	5,87E-01	3,92E-06	1,39E-05
FAIXA 6	1,97E-02	6,88E-02	5,29E-04	1,87E-03	8,40E-01	2,70E-01	1,39E-06	4,91E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 105. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,28E-01	2,48E-01	1,84E-01	2,01E-01	6,78E-01	7,13E-01	7,33E-04	8,09E-04	5,03E-05	5,49E-05
FAIXA 4	8,80E-02	9,66E-02	6,97E-02	7,67E-02	3,33E-01	3,60E-01	2,60E-04	2,87E-04	1,79E-05	1,95E-05
FAIXA 5	3,22E-02	3,54E-02	2,53E-02	2,79E-02	3,17E-01	3,44E-01	9,23E-05	1,02E-04	6,34E-06	6,91E-06
FAIXA 6	1,15E-02	1,27E-02	9,06E-03	9,99E-03	4,99E-02	5,49E-02	3,28E-05	3,61E-05	2,25E-06	2,45E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,93E-01	9,95E-01	4,15E-02	4,46E-02	4,45E-02	4,78E-02	1,14E-03	1,24E-03	1,68E-03	1,83E-03
FAIXA 4	8,43E-01	8,63E-01	1,49E-02	1,61E-02	1,60E-02	1,72E-02	4,03E-04	4,40E-04	5,97E-04	6,51E-04
FAIXA 5	4,88E-01	5,14E-01	5,32E-03	5,73E-03	5,71E-03	6,15E-03	1,43E-04	1,56E-04	2,12E-04	2,31E-04
FAIXA 6	2,13E-01	2,27E-01	1,89E-03	2,04E-03	2,03E-03	2,19E-03	5,08E-05	5,53E-05	7,52E-05	8,20E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 106.. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,04E-01	4,33E-01	3,35E-01	3,61E-01	8,95E-01	9,15E-01	1,47E-03	1,61E-03
FAIXA 4	1,68E-01	1,83E-01	1,35E-01	1,47E-01	5,54E-01	5,89E-01	5,21E-04	5,72E-04
FAIXA 5	6,33E-02	6,94E-02	5,00E-02	5,49E-02	2,50E-01	2,71E-01	1,85E-04	2,03E-04
FAIXA 6	2,30E-02	2,52E-02	1,81E-02	1,98E-02	9,74E-02	1,06E-01	1,85E-04	2,03E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 107. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,78E-04	4,08E-04	3,78E-04	4,08E-04	3,78E-04	4,08E-04	3,78E-04	4,08E-04	2,28E-06	2,43E-06
FAIXA 4	1,34E-04	1,45E-04	1,34E-04	1,45E-04	3,78E-04	4,08E-04	1,34E-04	1,45E-04	8,09E-07	8,63E-07
FAIXA 5	4,77E-05	5,13E-05	4,77E-05	5,13E-05	1,34E-04	1,45E-04	4,77E-05	5,13E-05	2,87E-07	3,06E-07
FAIXA 6	1,69E-05	1,82E-05	1,69E-05	1,82E-05	4,77E-05	5,13E-05	1,69E-05	1,82E-05	1,02E-07	1,09E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,16E-01	2,26E-01	1,92E-03	2,02E-03	2,06E-03	2,17E-03	5,15E-04	5,49E-04	7,62E-04	8,13E-04
FAIXA 4	8,28E-02	8,69E-02	6,82E-04	7,17E-04	7,32E-04	7,70E-04	1,83E-04	1,95E-04	2,70E-04	2,88E-04
FAIXA 5	3,02E-02	3,17E-02	2,42E-04	2,54E-04	2,60E-04	2,73E-04	6,48E-05	6,91E-05	9,60E-05	1,02E-04
FAIXA 6	1,08E-02	1,14E-02	8,58E-05	9,02E-05	9,22E-05	9,69E-05	2,30E-05	2,45E-05	3,41E-05	3,63E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 108. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,33E-02	2,50E-02	7,06E-04	7,57E-04	7,58E-04	8,32E-04	3,64E-04	3,89E-04
FAIXA 4	8,33E-03	8,93E-03	2,50E-04	2,69E-04	2,69E-04	2,89E-04	9,55E-05	1,02E-04
FAIXA 5	2,96E-03	3,18E-03	8,89E-05	9,53E-05	9,55E-05	1,02E-04	3,39E-05	3,63E-05
FAIXA 6	1,05E-03	1,13E-03	3,15E-05	3,38E-05	3,39E-05	3,63E-05	1,20E-05	1,29E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

2.2 Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de bootstrapping observation.

2.2.1. Modelo de Shuval

Tabela 109. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal ,remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,55E-02	2,62E-01	2,67E-02	1,92E-01	1,20E-01	1,00E+0	5,99E-03	1,00E+0	7,35E-03	2,71E-01	8,28E-03	9,89E-01
FAIXA 4	3,61E-03	3,00E-02	2,70E-03	2,11E-02	1,27E-02	5,63E-01	6,00E-04	1,00E+0	6,02E-03	2,56E-01	8,32E-04	3,66E-01
FAIXA 5	3,62E-04	3,04E-03	2,71E-04	2,13E-03	1,27E-03	7,95E-02	6,01E-05	9,92E-01	7,38E-05	3,16E-03	8,32E-05	4,46E-02
FAIXA 6	3,62E-05	3,04E-04	2,71E-05	2,13E-04	1,28E-04	8,26E-03	6,01E-06	4,09E-01	7,38E-06	3,16E-04	8,32E-06	4,55E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 110. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,27E-02	4,57E-01	5,45E-02	3,49E-01	2,31E-01	1,00E+00
FAIXA 4	7,52E-03	5,95E-02	5,58E-03	4,20E-02	2,60E-02	8,09E-01
FAIXA 5	7,55E-04	6,11E-03	5,60E-04	4,28E-03	2,63E-03	1,53E-01
FAIXA 6	7,55E-05	6,13E-04	5,60E-05	4,28E-04	2,64E-04	1,65E-02

Tabela 111. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,70E-02	2,61E-01	2,88E-02	1,88E-01	1,28E-01	1,00E+0	6,20E-03	1,00E+0	7,52E-03	2,77E-01	8,42E-03	9,85E-01
FAIXA 4	3,77E-03	2,98E-02	2,92E-03	2,06E-02	1,36E-02	5,50E-01	6,22E-04	1,00E+0	7,55E-04	3,19E-02	8,45E-04	3,45E-01
FAIXA 5	3,77E-04	3,02E-03	2,92E-04	2,08E-03	1,37E-03	7,70E-02	6,22E-05	9,96E-01	7,55E-05	3,23E-03	8,45E-05	4,14E-02
FAIXA 6	3,77E-05	3,02E-04	2,92E-05	2,08E-04	1,37E-04	7,98E-03	6,22E-06	4,62E-01	7,55E-06	3,24E-04	8,45E-06	4,22E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 112. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,62E-02	4,55E-01	5,74E-02	3,37E-01	2,40E-01	1,00E+00
FAIXA 4	7,90E-03	5,91E-02	5,89E-03	4,02E-02	2,71E-02	8,08E-01
FAIXA 5	7,93E-04	6,08E-03	5,91E-04	4,10E-03	2,74E-03	1,53E-01
FAIXA 6	7,93E-05	6,09E-04	5,91E-05	4,11E-04	2,74E-04	1,65E-02

Tabela 113. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição normal, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,31E-03	1,02E-02	9,68E-04	6,84E-03	4,63E-03	2,64E-01	2,12E-04	1,00E+0	2,34E-04	1,09E-02	2,68E-04	1,38E-01
FAIXA 4	1,32E-04	1,02E-03	9,68E-05	6,86E-04	4,64E-04	3,02E-02	2,12E-05	8,72E-01	2,34E-05	1,09E-03	2,68E-05	1,48E-02
FAIXA 5	1,32E-05	1,02E-04	9,68E-06	6,86E-05	4,64E-05	3,02E-03	2,12E-06	1,93E-01	2,34E-06	1,09E-04	2,68E-06	1,49E-03
FAIXA 6	1,32E-06	1,02E-05	9,68E-07	6,86E-06	4,64E-06	3,02E-04	2,12E-07	2,13E-02	2,34E-07	1,09E-05	2,68E-07	1,49E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 114. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,12E-04	1,00E+00	2,34E-04	1,09E-02	2,68E-04	1,38E-01
FAIXA 4	2,12E-05	8,72E-01	2,34E-05	1,09E-03	2,68E-05	1,48E-02
FAIXA 5	2,12E-06	1,93E-01	2,34E-06	1,09E-04	2,68E-06	1,49E-03
FAIXA 6	2,12E-07	2,13E-02	2,34E-07	1,09E-05	2,68E-07	1,49E-04

Tabela 115. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,37E-03	9,91E-03	1,01E-03	6,77E-03	4,86E-03	2,55E-01	2,14E-04	1,00E+0	2,46E-04	1,10E-02	2,93E-05	1,48E-02
FAIXA 4	1,37E-04	9,91E-04	1,01E-04	6,79E-04	4,87E-04	2,90E-02	2,14E-05	8,73E-01	2,46E-05	1,10E-03	2,93E-06	1,49E-03
FAIXA 5	1,37E-05	9,91E-05	1,01E-05	6,79E-05	4,87E-05	2,94E-03	2,14E-06	1,93E-01	2,46E-06	1,10E-04	2,93E-07	1,49E-04
FAIXA 6	1,37E-06	9,91E-06	1,01E-06	6,79E-06	4,87E-06	2,94E-04	2,14E-07	2,13E-02	2,46E-07	1,10E-05	2,93E-08	1,49E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

2.2.2. Modelos de Bastos

Tabela 116. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,59E-01	6,59E-01	1,28E-01	4,90E-01	4,78E-01	1,00E+0	2,59E-02	1,00E+0	3,25E-02	7,34E-01	3,53E-02	1,00E+00
FAIXA 4	5,98E-02	3,18E-01	4,75E-02	2,13E-01	2,06E-01	1,00E+0	9,27E-03	1,00E+0	1,17E-02	3,75E-01	1,27E-02	9,97E-01
FAIXA 5	2,16E-02	1,27E-01	1,71E-02	8,14E-02	7,86E-02	9,86E-01	3,30E-03	1,00E+0	4,16E-03	1,54E-01	4,52E-03	8,77E-01
FAIXA 6	7,73E-03	4,72E-02	6,10E-03	2,97E-02	2,86E-02	7,80E-01	1,17E-03	1,00E+0	1,48E-03	5,75E-02	1,60E-03	5,27E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 117. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,09E-01	8,73E-01	2,52E-01	7,38E-01	7,24E-01	1,00E+00
FAIXA 4	1,23E-01	5,21E-01	9,77E-02	3,79E-01	3,68E-01	1,00E+00
FAIXA 5	4,55E-02	2,30E-01	1,29E-02	5,82E-02	1,50E-01	1,00E+00
FAIXA 6	1,64E-02	8,88E-02	4,58E-03	2,10E-02	5,62E-02	9,50E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 118. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,57E-02	4,78E-03	2,23E-02	2,19E-02	7,19E-01	3,57E-02	9,32E-04	1,00E+0	1,19E-03	4,51E-02	1,25E-03	4,47E-01
FAIXA 4	1,28E-02	1,70E-03	7,96E-03	7,83E-03	3,63E-01	1,28E-02	3,31E-04	1,00E+0	4,23E-04	1,63E-02	4,43E-04	1,90E-01
FAIXA 5	4,56E-03	6,03E-04	2,83E-03	2,79E-03	1,48E-01	4,56E-03	1,17E-04	1,00E+1	1,50E-04	5,80E-03	1,57E-04	7,20E-02
FAIXA 6	1,62E-03	2,14E-04	1,01E-03	9,89E-04	5,52E-02	1,62E-03	4,17E-05	9,85E-01	5,32E-05	2,06E-03	5,57E-05	2,62E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 119. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,24E-02	7,18E-02	1,00E-02	4,15E-02	4,25E-02	9,10E-01
FAIXA 4	4,41E-03	2,61E-02	3,57E-03	1,49E-02	1,53E-02	5,76E-01
FAIXA 5	1,57E-03	9,34E-03	1,27E-03	5,32E-03	5,46E-03	2,63E-01
FAIXA 6	5,56E-04	3,32E-03	4,50E-04	1,89E-03	1,94E-03	1,03E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

2.3. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método Inferência Bayesiana,

2.3.1 Modelo de Shuval

Tabela 120. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,49E-02	3,88E-01	3,37E-02	1,89E-01	1,58E-01	6,38E-01	1,18E-05	6,60E-05
FAIXA 4	4,63E-03	4,78E-02	3,42E-03	2,08E-02	1,72E-02	9,51E-02	1,20E-06	6,63E-06
FAIXA 5	4,66E-04	4,76E-03	3,43E-04	2,10E-03	1,70E-03	1,02E-02	1,19E-07	6,60E-07
FAIXA 6	4,63E-05	4,76E-04	3,43E-05	2,10E-04	1,70E-04	1,03E-03	1,19E-08	6,60E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,09E-03	6,49E-03	1,27E-03	1,19E-02	1,21E-03	7,87E-03
FAIXA 4	1,10E-04	6,32E-04	1,27E-04	1,20E-03	1,21E-04	7,99E-04
FAIXA 5	1,10E-05	6,34E-05	1,27E-05	1,20E-04	1,21E-05	7,95E-05
FAIXA 6	1,10E-06	6,50E-06	1,27E-06	1,20E-05	1,21E-06	7,90E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 121. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,86E-02	6,48E-01	4,64E-02	2,45E-01	3,30E-01	8,73E-01
FAIXA 4	9,28E-03	9,87E-02	4,74E-03	2,77E-02	3,48E-01	1,28E-01
FAIXA 5	9,33E-04	9,33E-03	4,75E-04	2,81E-03	3,54E-03	2,03E-02
FAIXA 6	6,19E-05	1,03E-03	4,75E-05	2,81E-04	3,55E-04	2,07E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 122. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,61E-02	3,86E-01	3,52E-02	1,83E-01	1,63E-01	6,25E-01	1,21E-05	6,15E-05
FAIXA 4	4,71E-03	4,85E-02	3,58E-03	2,01E-02	1,76E-02	9,47E-02	1,12E-06	6,40E-06
FAIXA 5	4,70E-04	4,93E-03	3,59E-04	2,02E-03	1,81E-03	1,01E-02	1,21E-07	6,50E-07
FAIXA 6	4,79E-05	4,93E-04	3,59E-05	2,02E-04	1,77E-04	1,00E-03	1,21E-08	6,50E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,12E-03	6,35E-03	4,39E-02	2,25E-01	1,20E-03	7,90E-03
FAIXA 4	1,13E-04	1,12E-04	4,48E-03	2,51E-02	1,13E-04	6,93E-04
FAIXA 5	1,13E-05	6,34E-05	4,49E-04	2,54E-03	1,27E-05	7,84E-05
FAIXA 6	1,13E-06	6,34E-06	4,49E-05	2,54E-04	1,27E-06	7,84E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 123. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,79E-02	5,62E-01	4,85E-02	2,37E-01	2,65E-01	8,03E-01
FAIXA 4	8,35E-03	7,78E-02	4,96E-03	2,67E-02	3,06E-02	1,48E-01
FAIXA 5	8,27E-04	8,41E-03	4,97E-04	2,70E-03	3,08E-03	1,61E-02
FAIXA 6	8,23E-05	8,07E-04	4,97E-05	2,70E-04	3,15E-04	1,85E-03

Tabela 124. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição normal, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,76E-02	3,96E-01	1,22E-03	7,00E-03	1,66E-01	6,26E-01	1,22E-05	6,14E-05
FAIXA 4	4,76E-03	4,83E-02	1,22E-04	7,02E-04	1,77E-02	9,41E-02	1,21E-06	6,13E-06
FAIXA 5	4,82E-04	4,88E-03	1,22E-05	7,03E-05	1,77E-02	9,98E-03	1,21E-07	6,13E-07
FAIXA 6	4,87E-05	5,10E-04	1,22E-06	7,03E-06	1,80E-04	1,01E-04	1,21E-08	6,13E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,12E-03	6,57E-03	2,95E-04	1,94E-03	1,36E-03	7,77E-03
FAIXA 4	1,12E-04	6,53E-04	2,95E-05	1,94E-04	1,27E-04	7,87E-04
FAIXA 5	1,21E-05	6,41E-05	2,95E-06	1,94E-05	1,33E-06	6,32E-06
FAIXA 6	1,21E-06	6,41E-06	2,95E-07	1,94E-06	1,33E-07	6,32E-07

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 125. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,90E-02	6,26E-01	1,69E-03	9,25E-03	3,11E-01	8,48E-01
FAIXA 4	9,80E-03	9,45E-02	1,69E-04	9,29E-04	3,68E-02	1,76E-01
FAIXA 5	9,83E-04	1,00E-02	1,69E-05	9,30E-05	3,68E-03	1,91E-02
FAIXA 6	9,82E-05	1,00E-03	1,69E-06	9,30E-06	3,74E-04	1,92E-03

Tabela 126. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,94E-02	3,88E-01	1,27E-03	6,71E-03	1,71E-01	6,19E-01	1,21E-05	6,23E-05
FAIXA 4	5,01E-03	4,83E-01	1,28E-04	6,73E-04	1,86E-02	9,13E-02	1,30E-06	6,10E-06
FAIXA 5	4,96E-04	4,94E-03	1,28E-05	6,73E-05	1,89E-03	6,94E-03	1,30E-07	6,02E-07
FAIXA 6	5,00E-05	5,02E-04	1,28E-06	6,73E-06	1,85E-04	9,71E-04	1,30E-08	6,02E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,17E-03	6,27E-03	3,10E-04	1,91E-03	1,30E-03	7,75E-03
FAIXA 4	1,17E-04	6,22E-04	3,10E-05	1,91E-04	1,31E-04	7,91E-04
FAIXA 5	1,18E-05	6,08E-05	3,10E-06	1,91E-05	1,32E-05	7,90E-05
FAIXA 6	1,18E-06	6,08E-06	3,10E-07	1,91E-06	1,32E-06	7,90E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 127. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,42E-02	5,25E-01	1,78E-03	8,79E-03	2,78E-01	7,56E-01
FAIXA 4	8,66E-03	7,56E-02	1,78E-04	8,83E-04	3,20E-02	1,44E-01
FAIXA 5	8,80E-04	8,05E-03	1,78E-05	8,83E-05	3,27E-03	1,54E-02
FAIXA 6	8,63E-05	7,91E-04	1,78E-06	8,83E-06	3,27E-04	4,53E-03

Tabela 128. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,09E-01	1,31E-01	3,52E-02	3,98E-02	9,51E-02	1,07E-01	2,09E-05	2,36E-05
FAIXA 4	1,15E-02	1,40E-02	3,58E-03	4,05E-03	9,95E-03	1,13E-02	2,09E-06	2,36E-06
FAIXA 5	1,16E-03	1,41E-03	3,58E-04	4,06E-04	1,00E-03	1,13E-03	2,09E-07	2,36E-07
FAIXA 6	1,16E-04	1,41E-04	3,58E-05	4,06E-05	1,00E-04	1,13E-04	2,09E-08	2,36E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,14E-02	1,29E-02	1,41E-02	1,62E-02	1,70E-02	2,00E-02
FAIXA 4	1,14E-03	1,30E-03	1,42E-03	1,63E-03	1,71E-03	2,02E-03
FAIXA 5	1,15E-04	1,30E-04	1,42E-04	1,64E-04	1,71E-04	2,02E-04
FAIXA 6	1,15E-05	1,30E-05	1,42E-05	1,64E-05	1,71E-05	2,02E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 129. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,07E-01	2,44E-01	6,92E-02	7,78E-02	1,81E-01	2,02E-01
FAIXA 4	2,30E-02	2,77E-02	7,15E-03	8,07E-03	1,98E-02	2,24E-02
FAIXA 5	2,33E-03	2,81E-03	7,18E-04	8,10E-04	2,00E-03	2,26E-03
FAIXA 6	2,33E-04	2,81E-04	7,18E-05	8,10E-05	2,00E-04	2,26E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 130. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,60E-01	1,91E-01	2,94E-02	3,31E-02	7,99E-02	8,96E-02	1,74E-05	1,95E-05
FAIXA 4	1,73E-02	2,10E-02	2,98E-03	3,36E-03	8,30E-03	9,35E-03	1,74E-06	1,95E-06
FAIXA 5	1,74E-03	2,12E-03	2,99E-04	3,37E-04	8,33E-04	9,39E-04	1,74E-07	1,95E-07
FAIXA 6	1,74E-04	2,12E-04	2,99E-05	3,37E-05	8,34E-05	9,40E-05	1,74E-08	1,95E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,51E-03	1,07E-02	1,17E-02	1,34E-02	1,42E-02	1,65E-02
FAIXA 4	9,55E-04	1,07E-03	1,18E-03	1,35E-03	1,43E-03	1,66E-03
FAIXA 5	9,56E-05	1,07E-04	1,18E-04	1,35E-04	1,43E-04	1,66E-04
FAIXA 6	9,56E-06	1,07E-05	1,18E-05	1,35E-05	1,43E-05	1,66E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 131. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,95E-01	3,44E-01	5,82E-02	6,48E-02	1,54E-01	1,70E-01
FAIXA 4	3,45E-02	4,14E-02	5,98E-03	6,68E-03	1,66E-02	1,85E-02
FAIXA 5	3,50E-03	4,22E-03	5,99E-04	6,70E-04	1,67E-03	1,87E-03
FAIXA 6	3,51E-04	4,23E-04	6,00E-05	6,70E-05	1,67E-04	1,87E-04

Tabela 132. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; ; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,25E-03	6,23E-03	1,63E-03	1,79E-03	4,53E-03	5,00E-03	9,48E-07	1,04E-06
FAIXA 4	5,26E-04	6,25E-04	1,63E-04	1,80E-04	4,54E-04	5,01E-04	9,48E-08	1,04E-07
FAIXA 5	5,27E-05	6,25E-05	1,63E-05	1,80E-05	4,54E-05	5,01E-05	9,48E-09	1,04E-08
FAIXA 6	5,27E-06	6,25E-06	1,63E-06	1,80E-06	4,54E-06	5,01E-06	9,48E-10	1,04E-09

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,19E-04	5,75E-04	2,63E-03	2,90E-03	7,75E-04	8,96E-04
FAIXA 4	5,19E-05	5,75E-05	2,63E-04	2,91E-04	7,76E-05	8,96E-05
FAIXA 5	5,19E-06	5,75E-06	2,63E-05	2,91E-05	7,76E-06	8,96E-06
FAIXA 6	5,19E-07	5,75E-08	2,63E-06	2,91E-06	7,76E-07	8,96E-07

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 133. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo Inferência Bayesiana , estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,05E-02	1,24E-02	3,26E-03	3,58E-03	9,07E-03	9,96E-03
FAIXA 4	1,05E-03	1,25E-03	3,26E-04	3,59E-04	9,10E-04	1,00E-03
FAIXA 5	1,05E-04	1,25E-04	3,26E-05	3,59E-05	9,11E-05	1,00E-04
FAIXA 6	1,05E-05	1,25E-05	3,26E-06	3,59E-06	9,11E-06	1,00E-05

Tabela 134. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,38E-03	5,14E-03	1,35E-03	1,48E-03	3,77E-03	4,14E-03	7,91E-07	8,59E-07
FAIXA 4	4,39E-04	5,15E-04	1,35E-04	1,48E-04	3,78E-04	4,15E-04	7,91E-08	8,59E-08
FAIXA 5	4,39E-05	5,15E-05	1,35E-05	1,48E-05	3,78E-05	4,15E-05	7,91E-09	8,59E-09
FAIXA 6	4,39E-06	5,15E-06	1,35E-06	1,48E-06	3,78E-06	4,15E-06	7,91E-10	8,59E-10

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,33E-04	4,76E-04	5,36E-04	6,01E-04	6,48E-04	7,40E-04
FAIXA 4	3,94E-03	4,35E-03	5,36E-05	6,01E-05	6,48E-05	7,40E-05
FAIXA 5	4,33E-05	4,76E-05	5,36E-06	6,01E-06	6,48E-06	7,40E-06
FAIXA 6	4,33E-07	4,76E-07	5,36E-07	6,01E-07	6,48E-07	7,40E-07

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 135. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana , estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,77E-03	1,02E-02	2,72E-03	2,96E-03	7,56E-03	8,23E-03
FAIXA 4	8,42E-02	9,76E-02	2,72E-04	2,96E-04	7,59E-04	8,26E-04
FAIXA 5	8,77E-03	1,02E-02	2,72E-05	2,96E-05	7,59E-05	8,27E-05
FAIXA 6	8,81E-05	1,03E-04	2,72E-06	2,96E-06	7,59E-06	8,27E-06

2.3.2 Modelo de Bastos

Tabela 136. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,92E-01	8,44E-01	1,06E-01	3,77E-01	8,44E-01	8,44E-01	5,69E-05	2,25E-04
FAIXA 4	7,27E-02	4,85E-01	3,89E-02	1,55E-01	2,50E-01	7,10E-01	2,01E-05	7,96E-05
FAIXA 5	2,68E-02	2,11E-01	1,40E-02	5,79E-02	9,74E-02	3,63E-01	6,96E-06	2,87E-05
FAIXA 6	9,50E-03	8,11E-02	4,98E-03	2,10E-02	3,51E-02	1,48E-01	2,36E-06	9,95E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,10E-03	2,30E-02	3,82E-02	1,83E-01	5,73E-03	2,88E-02
FAIXA 4	1,82E-03	8,21E-03	1,37E-02	6,91E-02	2,02E-03	1,02E-02
FAIXA 5	6,43E-04	2,89E-03	4,89E-03	2,51E-02	7,72E-04	3,64E-03
FAIXA 6	2,31E-04	1,02E-03	1,74E-03	8,98E-03	2,50E-04	1,29E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 137. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,15E-01	7,39E-01	6,64E-02	2,65E-01	4,53E-01	9,13E-01
FAIXA 4	5,46E-02	3,85E-01	2,41E-02	1,03E-01	1,94E-01	5,81E-01
FAIXA 5	1,70E-02	1,60E-01	8,61E-03	3,80E-02	7,32E-02	2,66E-01
FAIXA 6	3,96E-01	9,77E-01	1,76E-01	5,79E-01	8,18E-01	9,99E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 138. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,05E-01	8,48E-01	2,59E-02	6,43E-02	5,73E-01	9,97E-01	5,96E-05	2,13E-04
FAIXA 4	7,76E-02	4,90E-01	9,27E-03	2,33E-02	2,63E-01	7,04E-01	2,10E-05	7,51E-05
FAIXA 5	2,84E-02	2,15E-01	3,30E-03	8,33E-03	1,00E-01	3,50E-01	7,49E-06	2,71E-05
FAIXA 6	1,03E-02	8,06E-02	1,17E-03	2,97E-03	3,73E-02	1,46E-01	2,63E-06	9,55E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,40E-03	2,20E-02	1,42E-02	4,88E-02	6,04E-03	2,74E-02
FAIXA 4	1,92E-02	8,03E-03	5,06E-03	1,76E-02	2,13E-03	9,95E-03
FAIXA 5	6,75E-04	2,84E-02	1,80E-03	6,28E-03	7,58E-04	3,53E-03
FAIXA 6	3,43E-04	1,00E-03	6,38E-04	2,23E-03	2,72E-04	1,25E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 139. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,71E-01	9,75E-01	8,35E-03	2,94E-02	8,63E-01	9,98E-01
FAIXA 4	1,52E-01	7,41E-01	2,97E-03	1,05E-02	4,75E-01	8,99E-01
FAIXA 5	5,64E-02	3,80E-01	1,06E-03	3,75E-03	2,02E-02	5,59E-01
FAIXA 6	2,60E-02	1,57E-01	3,75E-04	1,33E-03	7,70E-02	2,52E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 140. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,72E-01	4,19E-01	1,34E-01	1,47E-01	3,30E-01	3,57E-01	8,40E-05	9,20E-05
FAIXA 4	1,53E-01	1,76E-01	4,98E-02	5,48E-02	1,33E-01	1,45E-01	2,98E-05	3,26E-05
FAIXA 5	5,71E-02	6,66E-02	1,80E-02	1,98E-02	4,93E-02	5,43E-02	1,06E-05	1,16E-05
FAIXA 6	2,07E-02	2,42E-02	6,42E-03	7,07E-03	1,78E-02	1,96E-02	3,75E-06	4,11E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,87E-01	3,13E-01	5,52E-02	6,16E-02	6,65E-02	7,54E-02
FAIXA 4	1,62E-02	1,79E-02	2,00E-02	2,23E-02	2,41E-02	2,75E-02
FAIXA 5	5,78E-03	6,39E-03	7,13E-03	7,99E-03	8,64E-03	9,84E-03
FAIXA 6	2,05E-03	2,27E-03	2,54E-03	2,84E-03	3,07E-03	3,50E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 141. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,03E-01	6,59E-01	2,51E-01	2,71E-01	5,50E-01	5,83E-01
FAIXA 4	2,82E-01	3,20E-01	9,73E-02	1,06E-01	2,48E-01	2,68E-01
FAIXA 5	1,11E-01	1,28E-01	3,57E-02	3,91E-02	9,63E-02	1,05E-01
FAIXA 6	4,10E-02	4,76E-02	1,28E-02	1,40E-02	3,53E-02	3,87E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 142. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,09E-02	2,38E-02	6,51E-03	7,01E-03	1,81E-02	1,94E-02	3,80E-06	4,07E-06
FAIXA 4	7,46E-03	8,50E-03	2,32E-03	2,49E-03	6,45E-03	6,93E-03	1,35E-06	1,45E-06
FAIXA 5	2,65E-03	3,02E-03	8,22E-04	8,85E-04	2,29E-03	2,46E-03	4,78E-07	5,13E-07
FAIXA 6	9,42E-04	1,07E-03	2,92E-04	3,14E-04	8,14E-04	8,75E-04	1,70E-07	1,82E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,08E-03	2,25E-03	2,57E-03	2,83E-03	3,12E-03	3,48E-03
FAIXA 4	7,40E-04	7,98E-04	9,12E-04	1,01E-03	1,11E-03	1,24E-03
FAIXA 5	2,63E-04	2,83E-04	3,24E-04	3,57E-04	3,93E-04	4,39E-04
FAIXA 6	9,32E-05	1,01E-04	1,15E-04	1,27E-04	1,40E-04	1,56E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 143. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,14E-02	4,69E-02	1,30E-02	1,39E-02	3,59E-02	3,84E-02
FAIXA 4	1,49E-02	1,69E-02	4,63E-03	4,97E-03	1,29E-02	1,38E-02
FAIXA 5	5,31E-03	6,03E-03	1,65E-03	1,76E-03	4,59E-03	4,92E-03
FAIXA 6	1,89E-03	2,14E-03	5,85E-04	6,26E-04	1,63E-03	1,75E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

2.4 Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano .

2.4.1. Modelo de Shuval

Tabela 144. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,10E-02	2,22E-01	2,50E-02	1,52E-01	1,56E-01	6,88E-01	1,11E-05	5,71E-05
FAIXA 4	4,17E-03	2,53E-02	2,52E-03	1,64E-02	1,70E-02	1,10E-01	1,13E-06	5,68E-06
FAIXA 5	4,18E-04	2,51E-03	2,53E-04	1,65E-03	1,71E-03	1,14E-02	1,13E-07	5,54E-07
FAIXA 6	4,15E-05	2,52E-04	2,53E-05	1,65E-04	1,96E-04	1,40E-03	1,13E-08	5,54E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,55E-03	8,84E-03	5,57E-03	2,51E-02	8,84E-04	4,90E-03
FAIXA 4	1,54E-04	9,84E-04	5,58E-04	2,54E-03	8,99E-05	4,84E-04
FAIXA 5	1,54E-05	8,98E-05	5,58E-05	2,54E-04	8,85E-06	4,94E-05
FAIXA 6	1,55E-06	9,02E-06	5,58E-06	2,54E-05	8,90E-07	4,90E-06

Tabela 145. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Inferência Bayesiana, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,29E-02	3,95E-01	5,05E-02	2,79E-01	2,97E-01	8,95E-01
FAIXA 4	8,68E-03	4,88E-02	5,17E-03	3,22E-02	3,44E-02	2,00E-01
FAIXA 5	8,73E-04	5,04E-03	5,18E-04	3,27E-03	3,49E-03	2,29E-02
FAIXA 6	8,76E-05	5,02E-04	5,18E-05	3,27E-04	3,49E-04	2,34E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 146. Estimativas de risco anual de infecção rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,32E-02	2,16E-01	2,60E-02	1,47E-01	1,64E-01	6,75E-01	1,15E-05	5,52E-05
FAIXA 4	4,29E-03	2,44E-02	2,63E-03	1,57E-02	1,78E-02	1,06E-01	1,15E-06	5,52E-06
FAIXA 5	4,29E-04	2,45E-03	2,63E-04	1,58E-03	1,74E-03	1,12E-02	1,16E-07	5,47E-07
FAIXA 6	4,32E-05	2,43E-04	2,63E-05	1,58E-04	1,78E-04	1,10E-03	1,16E-08	5,59E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,59E-03	8,58E-03	5,85E-03	2,41E-02	9,35E-04	4,61E-03
FAIXA 4	1,59E-04	8,80E-04	5,87E-04	2,44E-03	9,40E-05	4,65E-04
FAIXA 5	1,59E-05	8,80E-05	5,87E-05	2,44E-04	9,18E-06	4,66E-05
FAIXA 6	1,58E-06	8,68E-06	5,87E-06	2,44E-05	9,27E-07	4,57E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 147. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,34E-02	3,18E-01	5,27E-02	2,71E-01	2,66E-01	8,23E-01
FAIXA 4	7,10E-03	3,81E-02	5,40E-03	3,11E-02	3,04E-02	1,68E-01
FAIXA 5	7,56E-04	3,93E-03	5,40E-04	3,11E-03	3,09E-03	1,79E-02
FAIXA 6	7,72E-05	3,82E-04	5,40E-05	3,11E-04	3,15E-04	1,78E-03

Tabela 148. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição normal, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,14E-02	2,16E-01	8,81E-04	5,46E-03	1,67E-01	6,62E-01	1,51E-05	5,51E-05
FAIXA 4	4,37E-03	2,46E-02	8,82E-05	5,47E-04	1,77E-02	1,09E-01	1,15E-06	5,52E-06
FAIXA 5	4,38E-04	2,42E-03	8,82E-06	5,47E-05	1,77E-03	1,12E-02	1,15E-07	5,52E-07
FAIXA 6	4,34E-05	2,43E-04	8,82E-07	5,47E-06	1,76E-04	1,22E-03	1,15E-08	5,52E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,55E-03	8,71E-03	1,98E-04	8,47E-04	9,22E-04	4,78E-03
FAIXA 4	1,85E-04	8,95E-04	1,98E-05	8,47E-05	9,28E-05	4,67E-04
FAIXA 5	1,56E-05	8,75E-05	1,98E-06	8,47E-06	9,18E-06	4,81E-05
FAIXA 6	1,58E-06	9,01E-06	1,98E-07	8,47E-07	9,22E-07	4,83E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 149. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,75E-02	3,97E-01	1,84E-03	1,08E-02	3,01E-01	8,87E-01
FAIXA 4	9,01E-03	4,59E-02	1,84E-04	1,09E-03	3,26E-02	1,99E-01
FAIXA 5	9,02E-03	4,87E-03	1,84E-05	1,09E-04	3,63E-03	2,20E-02
FAIXA 6	8,99E-05	4,77E-04	1,84E-06	1,09E-05	6,36E-04	2,30E-03

Tabela 150. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,51E-02	2,06E-01	9,29E-04	5,35E-03	1,70E-01	6,53E-01	1,20E-05	5,20E-05
FAIXA 4	6,42E-03	2,35E-02	9,30E-05	5,37E-04	1,89E-02	1,03E-01	1,19E-06	5,21E-06
FAIXA 5	4,57E-04	2,31E-03	7,98E-05	5,14E-04	1,85E-03	1,06E-02	1,22E-07	5,21E-07
FAIXA 6	4,65E-05	2,36E-04	7,98E-06	5,14E-05	1,78E-04	1,08E-03	1,22E-08	5,21E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,68E-03	8,45E-03	2,08E-04	8,03E-04	9,61E-04	6,46E-03
FAIXA 4	1,65E-04	8,62E-04	2,08E-05	8,03E-05	9,68E-05	4,65E-04
FAIXA 5	1,66E-05	8,99E-05	2,08E-06	8,03E-06	9,47E-05	4,64E-05
FAIXA 6	1,66E-06	8,99E-06	2,08E-07	8,03E-07	9,47E-06	4,64E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 151. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7.56E-01	3.16E-01	3.20E-04	1.60E-03	2.76E-01	8.26E-01
FAIXA 4	8.03E-03	3.80E-02	3.20E-05	1.60E-04	3.16E-02	1.64E-01
FAIXA 5	8.02E-04	3.82E-02	3.20E-06	1.60E-05	3.22E-03	1.77E-02
FAIXA 6	7.60E-05	3.87E-04	3.20E-07	1.60E-06	3.18E-04	1.97E-03

Tabela 152. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,36E-01	1,55E-01	3,99E-02	4,57E-02	7,59E-02	8,69E-02	1,56E-05	1,75E-05
FAIXA 4	1,45E-02	1,67E-02	4,07E-03	4,67E-03	7,87E-03	9,06E-03	1,56E-06	1,75E-06
FAIXA 5	1,46E-03	1,69E-03	4,08E-04	4,68E-04	7,89E-04	9,10E-04	1,56E-07	1,75E-07
FAIXA 6	1,46E-04	1,69E-04	4,08E-05	4,68E-05	7,90E-05	9,10E-05	1,56E-08	1,75E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,30E-02	8,09E-02	7,41E-03	8,29E-03	7,83E-03	8,76E-03
FAIXA 4	7,55E-03	8,41E-03	7,43E-04	8,32E-04	7,86E-04	8,76E-03
FAIXA 5	7,58E-04	8,44E-04	7,43E-05	8,32E-05	7,86E-05	8,80E-05
FAIXA 6	7,58E-05	8,44E-05	7,43E-06	8,32E-06	7,86E-06	8,80E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 153. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,15E-01	2,39E-01	7,85E-02	8,91E-02	1,47E-01	1,66E-01
FAIXA 4	2,40E-02	2,70E-02	8,15E-03	9,29E-03	1,35E-01	1,54E-01
FAIXA 5	2,43E-03	2,74E-03	8,18E-04	9,33E-04	1,58E-03	1,81E-03
FAIXA 6	2,43E-04	2,74E-04	8,18E-05	9,34E-05	1,59E-04	1,82E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 154. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,61E-02	1,07E-01	3,34E-02	3,78E-02	6,37E-02	7,23E-02	1,00E-05	1,45E-05
FAIXA 4	1,01E-02	1,13E-02	3,39E-03	3,85E-03	6,56E-03	7,47E-03	1,30E-06	1,45E-06
FAIXA 5	1,01E-03	1,14E-03	3,39E-04	3,85E-04	6,58E-04	7,50E-04	1,30E-07	1,45E-07
FAIXA 6	1,01E-04	1,14E-04	3,39E-05	3,85E-05	6,58E-05	7,50E-05	1,30E-08	1,45E-08

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,14E-02	6,77E-02	6,19E-03	6,83E-03	6,55E-03	7,21E-03
FAIXA 4	6,31E-03	6,98E-03	6,21E-04	6,85E-04	6,57E-04	7,24E-04
FAIXA 5	6,33E-04	7,01E-04	6,21E-05	6,85E-05	6,57E-05	7,24E-05
FAIXA 6	6,33E-05	7,01E-05	6,21E-06	8,50E-06	6,57E-06	7,24E-06

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 155. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme , remoção do rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,83E-01	2,03E-01	6,59E-02	7,41E-02	1,24E-01	1,39E-01
FAIXA 4	2,01E-02	2,24E-02	6,80E-03	7,67E-03	1,31E-02	1,49E-02
FAIXA 5	2,03E-03	2,27E-03	6,82E-04	7,70E-04	1,32E-03	1,50E-03
FAIXA 6	2,03E-04	2,27E-04	6,82E-05	7,70E-05	1,32E-04	1,50E-04

Tabela 156. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; ; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,49E-03	6,06E-03	1,85E-03	2,06E-03	3,58E-03	4,01E-03	7,09E-07	7,75E-07
FAIXA 4	5,50E-04	6,07E-04	1,85E-04	2,07E-04	3,59E-04	4,02E-04	7,09E-08	7,75E-08
FAIXA 5	5,50E-05	6,08E-05	1,85E-05	2,07E-05	3,59E-05	4,02E-05	7,09E-09	7,75E-09
FAIXA 6	5,50E-06	6,08E-06	1,85E-06	2,07E-06	3,59E-06	4,02E-06	7,09E-10	7,75E-10

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,44E-03	3,75E-03	3,38E-04	3,66E-04	3,57E-04	3,87E-04
FAIXA 4	3,44E-04	3,76E-04	3,38E-05	3,67E-05	3,57E-05	3,87E-05
FAIXA 5	3,44E-05	3,76E-05	3,38E-06	3,67E-06	3,57E-06	3,87E-06
FAIXA 6	3,44E-06	3,76E-06	3,38E-07	3,67E-07	3,57E-07	3,87E-07

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 157. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,10E-02	1,21E-02	3,71E-03	4,11E-03	7,17E-03	7,99E-03
FAIXA 4	1,10E-03	1,21E-03	3,72E-04	4,11E-04	7,20E-04	8,02E-04
FAIXA 5	1,10E-04	1,21E-04	3,72E-05	4,12E-05	7,20E-05	8,02E-05
FAIXA 6	1,10E-05	1,21E-05	3,72E-06	4,12E-06	7,20E-06	8,02E-06

Tabela 158. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,71E-03	6,27E-03	2,99E-03	3,32E-03	2,99E-03	3,32E-03	5,90E-07	7,04E-07
FAIXA 4	5,73E-04	6,29E-04	3,00E-04	3,32E-04	3,00E-04	3,32E-04	5,90E-08	7,04E-08
FAIXA 5	5,73E-05	6,29E-05	3,00E-05	3,32E-05	3,00E-05	3,32E-05	5,90E-09	7,04E-09
FAIXA 6	5,73E-06	6,29E-06	3,00E-06	3,32E-06	3,00E-06	3,32E-06	5,90E-10	7,04E-10

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,90E-07	7,04E-07	5,90E-07	7,04E-07	5,90E-07	7,04E-07
FAIXA 4	5,90E-08	7,04E-08	5,90E-08	7,04E-08	5,90E-08	7,04E-08
FAIXA 5	5,90E-09	7,04E-09	5,90E-09	7,04E-09	5,90E-09	7,04E-09
FAIXA 6	5,90E-10	7,04E-10	5,90E-10	7,04E-10	5,90E-10	7,04E-10

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 159. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,14E-02	1,25E-02	5,99E-03	6,59E-03	5,99E-03	6,59E-03
FAIXA 4	1,15E-03	1,25E-03	6,01E-04	6,61E-04	6,01E-04	6,61E-04
FAIXA 5	1,15E-04	1,25E-04	6,01E-05	6,61E-05	6,01E-05	6,61E-05
FAIXA 6	1,15E-05	1,25E-05	6,01E-06	6,61E-06	6,01E-06	6,61E-06

2.4.2. Modelo de Bastos

Tabela 160. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,87E-01	5,91E-01	1,13E-01	4,35E-01	5,57E-01	9,85E-01	5,14E-05	1,93E-04
FAIXA 4	6,87E-01	2,71E-01	4,18E-02	1,84E-01	2,49E-01	7,70E-01	1,89E-05	6,87E-05
FAIXA 5	2,51E-02	1,04E-01	1,50E-02	6,95E-02	9,70E-02	4,03E-01	6,79E-06	2,41E-05
FAIXA 6	8,80E-03	3,65E-02	5,36E-03	2,52E-02	3,53E-02	1,67E-01	2,38E-06	8,69E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,18E-03	3,08E-02	2,66E-02	8,10E-02	4,24E-03	1,64E-02
FAIXA 4	2,56E-03	1,12E-02	9,52E-03	2,95E-02	1,51E-03	5,92E-03
FAIXA 5	9,04E-04	3,93E-03	3,39E-03	3,77E-03	5,33E-04	2,10E-03
FAIXA 6	3,21E-04	1,27E-03	4,27E-04	1,34E-03	1,90E-04	7,35E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 161. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping;, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,62E-02	4,55E-01	5,74E-02	3,37E-01	2,40E-01	1,00E+00
FAIXA 4	7,90E-03	5,91E-02	5,89E-03	4,02E-02	2,71E-02	8,08E-01
FAIXA 5	7,93E-04	6,08E-03	5,91E-04	4,10E-03	2,74E-03	1,53E-01
FAIXA 6	7,93E-05	6,09E-04	5,91E-05	4,11E-04	2,74E-04	1,65E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 162. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,87E-01	5,91E-01	1,13E-01	4,35E-01	5,57E-01	9,85E-01	5,14E-05	1,93E-04
FAIXA 4	6,87E-01	2,71E-01	4,18E-02	1,84E-01	2,49E-01	7,70E-01	1,89E-05	6,87E-05
FAIXA 5	2,51E-02	1,04E-01	1,50E-02	6,95E-02	9,70E-02	4,03E-01	6,79E-06	2,41E-05
FAIXA 6	8,80E-03	3,65E-02	5,36E-03	2,52E-02	3,53E-02	1,67E-01	2,38E-06	8,69E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,18E-03	3,08E-02	2,66E-02	8,10E-02	4,24E-03	1,64E-02
FAIXA 4	2,56E-03	1,12E-02	9,52E-03	2,95E-02	1,51E-03	5,92E-03
FAIXA 5	9,04E-04	3,93E-03	3,39E-03	3,77E-03	5,33E-04	2,10E-03
FAIXA 6	3,21E-04	1,27E-03	4,27E-04	1,34E-03	1,90E-04	7,35E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 163. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3						
FAIXA 4						
FAIXA 5						
FAIXA 6						

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 164. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,13E-02	1,21E-02	7.39E-03	8.04E-03	1.43E-02	1.56E-02	1,13E-02	1,21E-02
FAIXA 4	4.02E-03	4.33E-03	2.63E-03	2.86E-03	5.10E-03	5.55E-03	4.02E-03	4.33E-03
FAIXA 5	1.43E-03	1.54E-03	9.34E-04	1.02E-03	1.81E-03	1.97E-03	1.43E-03	1.54E-03
FAIXA 6	5.06E-04	5.46E-04	3.31E-04	3.61E-04	6.43E-04	7.00E-04	5.06E-04	5.46E-04

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1.37E-02	1.46E-02	1.36E-03	1.44E-03	1.43E-03	1.52E-03
FAIXA 4	4.88E-03	5.19E-03	4.81E-04	5.10E-04	5.09E-04	5.39E-04
FAIXA 5	1.73E-03	1.84E-03	1.71E-04	1.81E-04	1.80E-04	1.91E-04
FAIXA 6	6.16E-04	6.55E-04	6.06E-05	6.42E-05	6.40E-05	6.79E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 165. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,24E-02	2,41E-02	1,48E-02	1,60E-02	2,85E-02	3,09E-02
FAIXA 4	8,02E-03	8,63E-03	5,27E-03	5,70E-03	1,02E-02	1,11E-02
FAIXA 5	2,85E-03	3,07E-03	1,87E-03	2,03E-03	3,63E-03	3,94E-03
FAIXA 6	1,01E-03	1,09E-03	6,64E-04	7,19E-04	1,29E-03	1,40E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 166. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,85E-01	4,15E-01	1,51E-01	1,67E-01	2,72E-01	2,98E-01	6,28E-05	6,84E-05
FAIXA 4	1,59E-01	1,74E-01	5,66E-02	6,26E-02	1,07E-01	1,18E-01	2,23E-05	2,43E-05
FAIXA 5	5,95E-02	6,54E-02	2,05E-02	2,27E-02	3,93E-02	4,37E-02	7,91E-06	8,62E-06
FAIXA 6	2,16E-02	2,37E-02	7,31E-03	8,11E-03	1,41E-02	1,57E-02	2,81E-06	3,06E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,62E-01	2,81E-01	2,95E-02	3,20E-02	3,11E-02	3,38E-02
FAIXA 4	1,02E-01	1,11E-01	1,06E-02	1,15E-02	1,12E-02	1,21E-02
FAIXA 5	3,76E-02	4,07E-02	3,76E-03	4,09E-03	3,98E-03	4,32E-03
FAIXA 6	1,35E-02	1,47E-02	1,34E-03	1,45E-03	1,41E-03	1,54E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 167. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Bastos, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,24E-02	2,41E-02	1,48E-02	1,60E-02	2,85E-02	3,09E-02
FAIXA 4	8,02E-03	8,63E-03	5,27E-03	5,70E-03	1,02E-02	1,11E-02
FAIXA 5	2,85E-03	3,07E-03	1,87E-03	2,03E-03	3,63E-03	3,94E-03
FAIXA 6	1,01E-03	1,09E-03	6,64E-04	7,19E-04	1,29E-03	1,40E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

3.HORTALIÇAS FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS

3.1. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança.

3.1.2 Modelos de Shuval

Tabela 168. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert , remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,50E-01	9,10E-01	9,83E-02	4,48E-01	7,17E-01	1,00E+00	2,72E-04	1,56E-03	6,08E-05	4,60E-04
FAIXA 4	2,81E-02	2,15E-01	1,03E-02	5,77E-02	1,18E-01	6,55E-01	2,72E-05	1,56E-04	6,05E-06	4,68E-05
FAIXA 5	2,86E-03	2,46E-02	1,03E-03	5,93E-03	1,26E-02	1,04E-01	2,72E-06	1,56E-05	6,05E-07	4,68E-06
FAIXA 6	2,78E-04	2,40E-03	1,03E-04	5,93E-04	1,26E-03	1,05E-02	2,72E-07	1,56E-06	6,05E-08	4,68E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,92E-03	5,25E-02	3,94E-03	2,25E-02	6,92E-03	2,54E-02	1,33E-02	1,03E-01	1,79E-02	1,48E-01
FAIXA 4	6,96E-04	5,22E-03	3,95E-04	2,27E-03	6,95E-04	5,21E-03	1,39E-03	1,01E-02	2,05E-03	1,50E-02
FAIXA 5	6,20E-05	5,27E-04	3,95E-05	2,27E-04	9,07E-05	5,32E-04	1,36E-04	1,05E-03	2,02E-04	1,55E-03
FAIXA 6	6,20E-06	5,24E-05	3,95E-06	2,27E-05	6,91E-06	5,32E-05	1,36E-05	1,05E-04	2,02E-05	1,55E-04

Tabela 169. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,37E-01	9,92E-01	6,63E-01	1,00E+00	9,20E-01	1,00E+00	2,86E-03	2,38E-02
FAIXA 4	5,65E-02	3,98E-01	1,03E-01	5,99E-01	2,61E-01	5,87E-01	2,86E-04	2,40E-03
FAIXA 5	5,80E-03	4,80E-02	1,08E-02	8,74E-02	2,56E-02	1,98E-01	2,86E-05	2,41E-04
FAIXA 6	5,73E-04	5,02E-03	1,09E-03	9,10E-03	2,52E-03	2,20E-02	2,86E-06	2,41E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 170. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,73E-01	9,98E-01	1,28E-01	5,16E-01	9,76E-01	1,00E+00	2,83E-04	1,50E-03	1,84E-04	1,17E-03
FAIXA 4	8,06E-02	4,68E-01	1,36E-02	7,03E-02	3,10E-01	9,38E-01	2,83E-05	1,50E-04	1,77E-05	2,10E-04
FAIXA 5	8,54E-03	6,32E-02	1,37E-03	7,26E-03	3,72E-02	2,50E-01	2,83E-06	1,50E-05	1,80E-06	1,20E-05
FAIXA 6	8,53E-04	6,33E-03	1,37E-04	7,29E-04	3,76E-03	2,76E-02	2,83E-07	1,50E-06	1,80E-07	1,02E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,02E-02	1,30E-01	2,68E-02	9,40E-02	2,00E-02	1,30E-01	4,06E-02	2,34E-01	5,96E-02	2,36E-01
FAIXA 4	2,11E-03	1,36E-02	2,72E-03	9,83E-03	2,11E-03	1,36E-02	4,01E-03	2,03E-01	5,97E-03	3,97E-02
FAIXA 5	2,05E-04	1,41E-03	2,72E-04	9,87E-04	2,05E-04	1,04E-03	4,10E-04	2,71E-03	6,08E-04	4,00E-03
FAIXA 6	2,06E-05	1,36E-04	2,72E-05	9,87E-05	2,06E-05	1,36E-04	4,10E-05	2,66E-04	6,10E-05	3,94E-04

Tabela 171. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,23E-01	1,00E+00	9,61E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00	8,51E-03	5,93E-02
FAIXA 4	1,57E-01	7,28E-01	2,77E-01	9,01E-01	5,29E-01	9,96E-01	8,54E-04	6,09E-03
FAIXA 5	1,73E-02	1,25E-01	3,19E-02	2,07E-01	7,41E-02	4,49E-01	8,54E-05	6,11E-04
FAIXA 6	1,68E-03	1,31E-02	3,24E-03	2,30E-02	7,41E-03	5,42E-02	8,54E-06	6,11E-05

Tabela 172. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,58E-01	9,20E-01	2,27E-01	7,65E-01	6,78E-01	1,00E+00	6,78E-04	3,81E-03	6,37E-05	4,53E-04
FAIXA 4	2,93E-02	2,31E-01	2,55E-02	1,35E-01	1,16E-01	6,79E-01	6,78E-05	3,82E-04	6,63E-06	4,37E-05
FAIXA 5	2,99E-03	2,58E-02	2,58E-03	1,44E-02	1,31E-02	1,00E-01	6,78E-06	3,82E-05	6,63E-07	4,37E-06
FAIXA 6	2,99E-04	2,58E-03	2,58E-04	1,44E-03	1,30E-03	1,05E-02	6,78E-07	3,82E-06	6,63E-08	4,37E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,28E-03	5,15E-02	6,31E-02	2,25E-01	7,28E-03	5,14E-02	1,44E-02	9,68E-02	2,12E-02	1,39E-01
FAIXA 4	7,24E-04	2,54E-03	6,50E-03	2,52E-02	7,23E-04	5,24E-03	1,45E-03	1,02E-02	2,14E-03	1,51E-02
FAIXA 5	7,36E-05	5,16E-04	6,52E-04	2,55E-03	7,33E-05	5,16E-04	1,45E-04	1,04E-03	2,15E-04	1,53E-03
FAIXA 6	7,36E-06	5,16E-05	6,52E-05	2,55E-04	7,33E-06	5,16E-05	1,45E-05	1,04E-04	2,15E-05	1,53E-04

Tabela 173. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,52E-01	9,92E-01	7,36E-01	1,00E+00	9,28E-01	1,00E+00	7,12E-03	5,74E-02
FAIXA 4	5,92E-02	3,68E-01	1,25E-01	6,76E-01	2,58E-01	8,82E-01	7,15E-04	5,91E-04
FAIXA 5	6,12E-03	4,70E-02	1,32E-02	1,07E-01	2,67E-02	1,94E-01	7,15E-05	5,91E-05
FAIXA 6	6,11E-04	4,89E-03	1,33E-03	1,12E-02	2,60E-03	2,14E-02	7,15E-06	5,91E-06

Tabela 174. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,68E-01	9,90E-01	2,64E-02	1,30E-01	9,79E-01	1,00E+00	7,03E-04	3,67E-03	1,92E-04	1,16E-03
FAIXA 4	8,20E-02	4,62E-01	2,67E-03	1,39E-02	3,42E-01	9,34E-01	7,03E-05	3,68E-04	1,92E-05	1,17E-04
FAIXA 5	9,03E-03	5,95E-02	2,67E-04	1,40E-03	3,92E-02	2,73E-01	7,03E-06	3,68E-05	1,90E-06	1,19E-05
FAIXA 6	9,03E-04	5,95E-03	2,67E-05	1,40E-04	3,92E-03	2,73E-02	7,03E-07	3,68E-06	1,90E-07	1,19E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,17E-02	1,25E-01	6,36E-01	9,93E-01	2,17E-02	1,25E-01	4,22E-02	2,33E-01	1,61E-02	3,25E-01
FAIXA 4	2,19E-03	1,28E-02	9,67E-02	4,03E-01	2,19E-03	1,28E-02	4,37E-03	2,62E-02	4,64E-03	3,86E-02
FAIXA 5	2,20E-04	1,33E-03	1,01E-02	5,05E-02	2,20E-04	1,33E-03	4,10E-04	2,61E-03	3,69E-04	3,87E-03
FAIXA 6	2,17E-05	1,30E-04	1,02E-03	5,17E-03	2,20E-05	1,33E-04	4,10E-05	2,61E-04	3,69E-05	3,87E-04

Tabela 175. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,40E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	9,96E-01	1,00E+00	2,12E-02	1,41E-01
FAIXA 4	1,66E-01	7,17E-01	5,56E-01	9,97E-01	5,51E-01	7,00E+04	2,14E-03	1,51E-02
FAIXA 5	1,81E-02	1,16E-01	7,81E-02	4,38E-01	7,76E-02	4,20E-01	2,14E-04	1,51E-03
FAIXA 6	1,84E-03	1,24E-02	8,10E-03	5,61E-02	8,09E-03	5,34E-02	2,14E-05	1,51E-04

Tabela 176. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,60E-01	8,02E-01	6,81E-01	7,28E-01	9,98E-01	9,99E-01	3,14E-03	3,58E-03	2,83E-04	3,20E-04
FAIXA 4	1,36E-01	1,53E-01	1,08E-01	1,23E-01	4,73E-01	5,18E-01	3,14E-04	3,58E-04	2,83E-05	3,20E-05
FAIXA 5	1,45E-02	1,66E-02	1,14E-02	1,30E-02	6,25E-02	7,10E-02	3,14E-05	3,58E-05	2,83E-06	3,20E-06
FAIXA 6	1,46E-03	1,67E-03	1,15E-03	1,31E-03	6,44E-03	7,34E-03	3,14E-06	3,58E-06	2,83E-07	3,20E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	5 0%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	2,12E-01	2,32E-01	2,25E-01	2,47E-01	6,38E-03	7,20E-03	9,43E-03	1,06E-02
FAIXA 4	9,42E-01	9,57E-01	2,36E-02	2,62E-02	2,25E-02	2,47E-02	6,40E-04	7,22E-04	9,48E-04	1,07E-03
FAIXA 5	2,60E-01	2,84E-01	2,39E-03	2,65E-03	2,56E-03	2,85E-03	6,40E-05	7,23E-05	9,48E-05	1,07E-04
FAIXA 6	2,99E-02	3,31E-02	2,39E-04	2,65E-04	2,57E-04	2,85E-04	6,40E-06	7,23E-06	9,48E-06	1,07E-05

Tabela 177. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,39E-01	9,58E-01	8,98E-01	9,25E-01	1,00E+00	1,00E+00	6,27E-03	7,13E-03
FAIXA 4	2,53E-01	2,82E-01	2,05E-01	2,30E-01	7,20E-01	7,64E-01	6,29E-04	7,16E-04
FAIXA 5	2,89E-02	3,28E-02	2,27E-02	2,58E-02	1,21E-01	1,37E-01	6,29E-05	7,16E-05
FAIXA 6	2,93E-03	3,33E-03	2,30E-03	2,61E-03	1,28E-02	1,46E-02	6,29E-06	7,16E-07

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 178. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,76E-01	9,85E-01	9,53E-01	9,68E-01	1,00E+00	1,00E+00	8,44E-03	9,50E-03	7,65E-04	8,53E-04
FAIXA 4	3,25E-01	3,57E-01	2,66E-01	2,94E-01	8,20E-01	8,54E-01	8,44E-04	9,50E-04	7,66E-05	8,53E-05
FAIXA 5	3,87E-02	4,35E-02	3,05E-02	3,43E-02	1,60E-01	1,78E-01	8,48E-05	9,55E-05	7,66E-06	8,53E-06
FAIXA 6	3,94E-03	4,44E-03	3,09E-03	3,48E-03	1,73E-02	1,94E-02	8,48E-06	9,55E-06	7,66E-07	8,53E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	4,72E-01	5,03E-01	4,96E-01	5,28E-01	1,71E-02	1,91E-02	2,53E-02	1,00E+00
FAIXA 4	9,99E-01	1,00E+00	6,25E-02	6,83E-02	6,70E-02	7,32E-02	1,73E-03	1,92E-03	2,53E-03	9,99E-01
FAIXA 5	5,54E-01	5,87E-01	6,44E-03	7,06E-03	6,92E-03	7,58E-03	1,73E-04	1,92E-04	2,53E-04	5,54E-01
FAIXA 6	7,87E-02	8,58E-02	6,46E-04	7,08E-04	6,94E-04	7,61E-04	1,73E-05	1,92E-05	2,56E-05	7,87E-02

Tabela 179. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,68E-02	1,88E-02
FAIXA 4	5,43E-01	5,83E-01	9,98E-01	9,99E-01	9,66E-01	9,77E-01	1,70E-03	1,90E-03
FAIXA 5	7,60E-02	8,47E-02	4,62E-01	5,00E-01	2,94E-01	3,23E-01	1,70E-04	1,90E-04
FAIXA 6	7,88E-03	8,82E-03	6,01E-02	6,71E-02	3,43E-02	3,83E-02	1,70E-05	1,90E-05

Tabela 180. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping, o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,67E-01	1,00E+00	9,40E-01	9,59E-01	1,00E+00	1,00E+00	7,74E-03	8,81E-03	7,03E-04	7,91E-04
FAIXA 4	3,02E-01	3,36E-01	2,47E-01	2,76E-01	7,91E-01	8,32E-01	7,76E-04	8,85E-04	7,04E-05	7,91E-05
FAIXA 5	3,55E-02	4,04E-02	2,80E-02	3,18E-02	1,47E-01	1,66E-01	7,76E-05	8,85E-05	7,04E-06	7,91E-06
FAIXA 6	3,61E-03	4,12E-03	2,83E-03	3,23E-03	1,58E-02	1,80E-02	7,76E-06	8,85E-06	7,04E-07	7,91E-07
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	4,43E-01	4,77E-01	9,96E-01	9,98E-01	9,44E-01	9,59E-01	9,84E-01	9,90E-01
FAIXA 4	9,99E-01	9,99E-01	5,74E-02	6,36E-02	4,66E-01	5,01E-01	2,68E-01	2,93E-01	3,70E-01	4,00E-01
FAIXA 5	5,22E-01	5,59E-01	5,90E-03	6,55E-03	6,15E-02	6,81E-02	3,10E-02	3,44E-02	4,56E-02	5,05E-02
FAIXA 6	7,23E-02	7,99E-02	5,92E-04	6,57E-04	6,34E-03	7,04E-03	3,15E-03	3,50E-03	4,66E-03	5,18E-03

Tabela 181. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold..

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,10E+01	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,55E-02	1,75E-02
FAIXA 4	5,13E-01	5,55E-01	9,96E-01	9,98E-01	9,55E-01	9,69E-01	1,56E-03	1,76E-03
FAIXA 5	7,00E-02	7,88E-02	4,34E-01	4,74E-01	2,73E-01	3,03E-01	1,56E-04	1,76E-04
FAIXA 6	7,24E-03	8,18E-03	5,54E-02	6,24E-02	3,16E-02	3,56E-02	1,56E-05	1,76E-05

Tabela 182. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, norovírus, Cryptosporidium, Campylobacter e Ascaris (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus		C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	2,72E-02	3,06E-02	1,90E-03	2,11E-03
FAIXA 4	6,19E-01	6,61E-01	5,35E-01	5,77E-01	9,84E-01	9,90E-01	2,76E-03	3,10E-03	1,90E-04	2,11E-04
FAIXA 5	9,31E-02	1,04E-01	7,38E-02	8,26E-02	3,49E-01	3,83E-01	2,76E-04	3,10E-04	1,90E-05	2,11E-05
FAIXA 6	9,74E-03	1,09E-02	7,64E-03	8,59E-03	4,22E-02	4,73E-02	2,76E-05	3,10E-05	1,90E-06	2,11E-06
Lagoas	C. jejuni						A. lumbricoides			
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	7,90E-01	8,18E-01	8,11E-01	8,38E-01	3,45E-01	3,75E-01	4,64E-01	5,00E-01
FAIXA 4	1,00E+00	1,00E+00	1,48E-01	1,60E-01	1,58E-01	1,71E-01	4,19E-02	4,65E-02	6,14E-02	6,80E-02
FAIXA 5	8,59E-01	8,82E-01	1,59E-02	1,74E-02	1,70E-02	1,87E-02	4,28E-03	4,76E-03	6,33E-03	7,03E-03
FAIXA 6	1,83E-01	1,99E-01	1,60E-03	1,75E-03	1,72E-03	1,88E-03	4,29E-04	4,77E-04	6,35E-04	7,06E-04

Tabela 183. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme , remoção do rotavírus e norovírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de máxima verossimilhança, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						Norovírus	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		FHG	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	5,39E-02	6,01E-02
FAIXA 4	8,52E-01	8,82E-01	7,84E-01	8,19E-01	1,00E+00	1,00E+00	5,52E-03	6,18E-03
FAIXA 5	1,78E-01	1,97E-01	1,43E-01	1,58E-01	5,76E-01	6,17E-01	5,54E-04	6,19E-04
FAIXA 6	1,94E-02	2,17E-02	1,53E-02	1,71E-02	8,29E-02	9,22E-02	5,54E-05	6,20E-05

3.2 Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de bootstrapping observation .

3.2.1. Modelo de Shuval

Tabela 184. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal , remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição PERT, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,38E-01	9,99E-01	3,64E-01	9,90E-01	8,93E-01	1,00E+0	1,04E-01	1,00E+0	1,10E-01	9,99E-01	1,28E-01	1,00E+0
FAIXA 4	5,62E-02	4,90E-01	4,43E-02	3,71E-01	2,01E-01	1,00E+0	1,09E-02	1,00E+0	1,16E-02	4,92E-01	1,36E-02	1,00E+0
FAIXA 5	5,77E-03	6,53E-02	4,52E-03	4,54E-02	2,23E-02	8,44E-01	1,10E-03	1,00E+0	1,17E-03	6,56E-02	1,37E-03	5,60E-01
FAIXA 6	5,78E-04	6,74E-03	4,53E-04	4,63E-03	2,25E-03	1,70E-01	1,10E-04	9,99E-01	1,17E-04	6,76E-03	1,37E-04	7,92E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 185. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,38E-01	9,99E-01	6,04E-01	1,00E+00	9,90E-01	1,00E+00
FAIXA 4	5,62E-02	4,90E-01	8,85E-02	5,97E-01	3,76E-01	1,00E+00
FAIXA 5	5,77E-03	6,53E-02	9,23E-03	8,68E-02	4,61E-02	9,72E-01
FAIXA 6	5,78E-04	6,74E-03	9,27E-04	9,04E-03	4,71E-03	3,04E-01

Tabela 186. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,08E-01	1,00E+0	7,39E-01	1,00E+0	9,98E-01	1,00E+0	2,67E-01	1,00E+0	2,86E-01	1,00E+0	3,11E-01	1,00E+0
FAIXA 4	1,54E-01	8,26E-01	1,26E-01	6,84E-01	4,83E-01	1,00E+0	3,06E-02	1,00E+0	3,31E-02	8,59E-01	3,67E-02	1,00E+0
FAIXA 5	1,65E-02	1,61E-01	1,34E-02	1,09E-01	6,40E-02	9,94E-01	3,11E-03	1,00E+0	3,36E-03	1,78E-01	3,73E-03	8,93E-01
FAIXA 6	1,67E-03	1,74E-02	1,35E-03	1,15E-02	6,60E-03	4,01E-01	3,11E-04	1,00E+0	3,37E-04	1,94E-02	3,74E-04	2,02E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 187. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,68E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	2,93E-01	9,70E-01	2,37E-01	8,89E-01	7,30E-01	1,00E+00
FAIXA 5	3,41E-02	3,02E-01	2,67E-02	1,98E-01	1,23E-01	1,00E+00
FAIXA 6	3,47E-03	3,54E-02	2,71E-03	2,18E-02	1,31E-02	6,34E-01

Tabela 188. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição normal, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,63E-01	1,00E+0	6,85E-01	1,00E+0	9,96E-01	1,00E+0	4,22E-02	1,00E+0	4,54E-02	9,45E-01	5,00E-02	1,00E+0
FAIXA 4	1,35E-01	8,20E-01	1,09E-01	6,56E-01	4,32E-01	1,00E+0	4,31E-03	1,00E+0	4,63E-03	2,54E-01	5,12E-03	9,74E-01
FAIXA 5	1,44E-02	1,59E-01	1,15E-02	1,01E-01	5,51E-02	9,87E-01	4,32E-04	1,00E+0	4,64E-04	2,88E-02	5,13E-04	3,09E-01
FAIXA 6	1,45E-03	1,71E-02	1,15E-03	1,06E-02	5,65E-03	3,53E-01	4,32E-05	9,61E-01	4,64E-05	2,92E-03	5,13E-05	3,63E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 189. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,45E-01	1,00E+00	9,01E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	2,55E-01	9,67E-01	2,07E-01	8,85E-01	6,80E-01	1,00E+00
FAIXA 5	2,90E-02	2,93E-01	2,30E-02	1,95E-01	1,08E-01	1,00E+00
FAIXA 6	2,94E-03	3,42E-02	2,32E-03	2,15E-02	1,14E-02	5,68E-01

Tabela 190. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,84E-01	1,00E+0	9,65E-01	1,00E+0	1,00E+0	1,00E+0	5,65E-01	1,00E+0	5,70E-01	1,00E+0	6,22E-01	1,00E+0
FAIXA 4	3,44E-01	9,83E-01	2,85E-01	9,43E-01	8,00E-01	1,00E+0	8,03E-02	9,98E-01	8,13E-02	9,89E-01	9,35E-02	1,00E+0
FAIXA 5	4,14E-02	3,43E-01	3,30E-02	2,50E-01	1,49E-01	1,00E+0	8,34E-03	4,71E-01	8,45E-03	3,66E-01	9,78E-03	9,95E-01
FAIXA 6	4,22E-03	4,13E-02	3,36E-03	2,83E-02	1,61E-02	7,06E-01	8,37E-04	6,18E-02	8,49E-04	4,46E-02	9,82E-04	4,19E-01

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 191. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (Frutosas) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de bootstrapping observation ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	5,74E-01	1,00E+00	4,97E-01	9,97E-01	9,57E-01	1,00E+00
FAIXA 5	8,20E-02	5,86E-01	6,64E-02	4,41E-01	2,73E-01	1,00E+00
FAIXA 6	8,52E-03	8,47E-02	6,84E-03	5,66E-02	3,14E-02	9,04E-01

3.3. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,

3.3.1 Modelo de Shuval

Tabela 192. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive,

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,78E-01	9,87E-01	7,06E-02	3,43E-01	6,85E-01	1,00E+00	7,98E-05	6,70E-04
FAIXA 4	2,99E-02	3,78E-01	7,29E-03	4,11E-02	1,09E-01	6,38E-01	8,03E-06	6,75E-05
FAIXA 5	3,11E-03	4,40E-02	7,32E-04	4,19E-03	1,14E-02	9,65E-02	8,02E-07	6,64E-06
FAIXA 6	3,18E-04	4,62E-03	7,32E-05	4,19E-04	1,17E-03	9,83E-03	8,13E-08	6,73E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,33E-03	6,32E-02	2,53E-02	1,53E-01	8,10E-03	7,43E-02
FAIXA 4	7,38E-04	6,35E-03	2,56E-03	1,65E-02	8,26E-04	7,69E-03
FAIXA 5	7,29E-05	6,54E-04	2,56E-04	1,66E-03	8,17E-05	7,63E-04
FAIXA 6	7,50E-06	6,32E-05	2,56E-05	1,66E-04	8,33E-06	7,99E-05

Tabela 193. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,60E-01	1,00E+00	6,33E-01	1,00E+00	9,84E-01	1,00E+00
FAIXA 4	6,15E-02	6,12E-01	9,54E-02	6,15E-01	2,14E-01	8,63E-01
FAIXA 5	6,35E-03	8,85E-02	9,98E-03	9,11E-02	2,34E-02	1,82E-01
FAIXA 6	6,93E-04	9,10E-03	1,00E-03	9,51E-03	2,37E-03	2,02E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 194. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,02E-01	1,00E+00	7,32E-02	3,34E-01	9,66E-01	1,00E+00	2,40E-04	1,65E-03
FAIXA 4	8,84E-02	6,98E-01	7,58E-03	3,99E-02	2,34E-01	9,25E-01	2,39E-05	1,67E-04
FAIXA 5	9,06E-03	1,14E-01	7,60E-04	4,07E-03	3,40E-02	2,27E-01	2,37E-06	1,72E-05
FAIXA 6	9,31E-04	1,18E-02	7,60E-05	4,07E-04	3,44E-03	2,50E-02	2,37E-07	1,72E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,12E-02	1,53E-01	1,92E-03	1,34E-02	2,24E-02	1,85E-01
FAIXA 4	2,00E-03	1,96E-02	1,92E-04	1,35E-03	2,43E-03	2,03E-02
FAIXA 5	2,19E-04	1,67E-03	1,92E-05	1,35E-04	2,74E-04	2,03E-03
FAIXA 6	2,21E-05	1,71E-04	1,92E-06	1,35E-05	2,58E-05	2,09E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 195. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,35E-01	1,00E+00	9,48E-01	1,00E+00	9,91E-01	1,00E+00
FAIXA 4	1,72E-01	9,15E-01	2,56E-01	9,22E-01	5,04E-01	9,95E-01
FAIXA 5	1,89E-02	2,19E-01	2,92E-02	2,25E-01	6,89E-02	4,12E-01
FAIXA 6	1,88E-03	2,41E-02	2,95E-03	2,52E-02	7,91E-02	5,20E-02

Tabela 196. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,18E-01	9,88E-01	4,93E-02	4,47E-01	7,07E-01	9,99E-01	8,40E-05	6,39E-04
FAIXA 4	3,28E-02	3,71E-01	5,05E-03	5,78E-02	1,16E-01	6,26E-01	8,40E-06	6,39E-05
FAIXA 5	3,34E-03	4,58E-02	5,06E-04	5,94E-03	1,22E-02	9,63E-02	8,40E-07	6,39E-06
FAIXA 6	3,30E-04	4,45E-03	5,06E-05	5,94E-04	1,23E-03	9,85E-03	8,40E-08	6,39E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	7,73E-03	6,14E-02	2,85E-01	9,48E-01	8,54E-03	7,35E-02
FAIXA 4	7,59E-04	6,31E-03	3,31E-02	2,61E-01	8,66E-04	7,73E-03
FAIXA 5	7,66E-05	6,48E-04	3,36E-03	2,99E-02	8,77E-05	7,76E-04
FAIXA 6	7,66E-06	6,48E-05	3,36E-04	3,03E-03	8,77E-06	7,76E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 197. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,79E-01	9,99E-01	7,08E-01	1,00E+00	9,13E-01	1,00E+00
FAIXA 4	3,64E-02	5,93E-01	1,16E-01	6,88E-01	2,19E-01	8,62E-01
FAIXA 5	6,44E-03	8,93E-02	1,23E-02	1,10E-01	2,41E-02	9,70E-02
FAIXA 6	6,44E-04	9,58E-03	1,23E-03	1,16E-02	2,41E-03	1,97E-02

Tabela 198. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	6,19E-01	1,00E+00	3,28E-01	8,83E-01	9,72E-01	1,00E+00	2,58E-04	1,67E-03
FAIXA 4	9,33E-02	7,12E-01	3,89E-02	1,93E-01	3,02E-01	9,27E-01	2,58E-05	1,67E-04
FAIXA 5	9,72E-03	1,15E-01	3,96E-03	2,12E-02	3,58E-02	2,24E-01	2,58E-06	1,67E-05
FAIXA 6	9,63E-04	1,23E-02	3,97E-04	2,15E-03	5,60E-03	2,53E-02	2,58E-07	1,67E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,31E-02	1,51E-01	1,01E-02	8,14E-02	2,58E-02	1,83E-01
FAIXA 4	2,33E-03	1,63E-02	1,02E-03	8,46E-03	2,61E-03	2,00E-02
FAIXA 5	2,35E-04	1,66E-03	1,02E-04	8,50E-04	2,60E-04	2,04E-03
FAIXA 6	2,35E-05	1,66E-04	1,02E-05	8,50E-05	2,60E-05	2,04E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 199. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,75E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00
FAIXA 4	1,79E-01	9,17E-01	5,21E-01	9,98E-01	5,06E-01	9,94E-01
FAIXA 5	1,95E-02	2,24E-01	7,10E-02	4,66E-01	7,20E-02	4,10E-01
FAIXA 6	1,97E-03	2,49E-02	7,33E-03	6,08E-02	7,51E-03	5,04E-02

Tabela 200. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,33E-01	9,62E-01	5,62E-01	6,11E-01	8,93E-01	9,22E-01	5,26E-04	6,02E-04
FAIXA 4	2,45E-01	2,89E-01	7,95E-02	8,11E-02	2,06E-01	2,32E-01	5,26E-05	6,02E-05
FAIXA 5	2,78E-02	3,37E-02	8,25E-03	9,45E-03	2,28E-02	2,62E-02	5,26E-06	6,02E-06
FAIXA 6	2,82E-03	3,43E-03	8,28E-04	9,49E-04	2,31E-03	2,65E-03	5,26E-07	6,02E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,49E-01	2,81E-01	2,77E-01	3,15E-01	3,21E-01	3,62E-01
FAIXA 4	2,84E-02	3,28E-02	3,22E-02	3,74E-02	3,85E-02	4,47E-02
FAIXA 5	2,88E-03	3,33E-03	3,27E-03	3,81E-03	3,92E-03	4,57E-03
FAIXA 6	2,89E-04	3,34E-04	3,28E-04	3,82E-04	3,93E-04	4,58E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 201. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,94E-01	9,98E-01	8,07E-01	8,46E-01	9,87E-01	9,93E-01
FAIXA 4	4,22E-01	4,78E-01	1,53E-01	1,72E-01	3,68E-01	4,08E-01
FAIXA 5	5,37E-02	6,36E-02	1,64E-02	1,87E-02	4,51E-02	5,13E-02
FAIXA 6	5,51E-03	6,55E-03	1,64E-03	1,87E-03	4,61E-03	5,26E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 202. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,99E-01	1,00E+00	8,91E-01	9,18E-01	9,97E-01	9,99E-01	1,42E-03	1,61E-03
FAIXA 4	5,30E-01	5,95E-01	2,00E-01	2,23E-01	4,62E-01	5,03E-01	1,42E-04	1,61E-04
FAIXA 5	7,34E-02	8,74E-02	2,21E-02	2,49E-02	6,05E-02	6,80E-02	1,42E-05	1,61E-05
FAIXA 6	7,60E-03	9,11E-03	2,23E-03	2,52E-03	6,22E-03	7,02E-03	1,42E-06	1,61E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,99E-01	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	5,35E-01	5,80E-01	5,80E-01	6,28E-01	6,41E-01	6,91E-01
FAIXA 5	7,79E-03	8,85E-03	8,46E-02	9,61E-02	1,06E-02	1,21E-02
FAIXA 6	7,82E-04	8,89E-04	8,85E-04	1,01E-03	1,06E-03	1,22E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 203. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,88E-01	9,93E-01	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	7,69E-01	8,21E-01	3,60E-01	3,93E-01	7,08E-01	7,47E-01
FAIXA 5	1,38E-01	1,61E-01	4,37E-02	4,89E-02	1,17E-01	1,30E-01
FAIXA 6	1,48E-02	1,74E-02	4,46E-03	5,00E-03	1,24E-02	1,39E-02

Tabela 205. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; ; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,99E-01	1,00E+00	8,69E-01	9,01E-01	9,95E-01	9,98E-01	1,30E-03	1,49E-03
FAIXA 4	5,33E-01	6,08E-01	1,85E-01	2,09E-01	4,34E-01	4,77E-01	1,30E-04	1,49E-04
FAIXA 5	7,42E-02	9,04E-02	2,03E-02	2,32E-02	5,57E-02	6,33E-02	1,30E-05	1,49E-05
FAIXA 6	7,69E-03	9,45E-03	2,05E-03	2,34E-03	5,72E-03	6,52E-03	1,30E-06	1,49E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,06E-01	5,56E-01	5,73E-01	6,28E-01	6,36E-01	6,92E-01
FAIXA 4	6,95E-02	7,97E-02	8,34E-02	9,66E-02	9,99E-02	1,17E-01
FAIXA 5	7,19E-03	8,29E-03	8,69E-03	1,01E-02	6,36E-01	6,92E-01
FAIXA 6	7,22E-04	8,32E-04	8,72E-04	1,02E-03	1,06E-03	1,25E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 206. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold,,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,82E-01	9,89E-01	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	7,71E-01	8,30E-01	3,37E-01	3,72E-01	6,78E-01	7,22E-01
FAIXA 5	1,40E-01	1,67E-01	4,03E-02	4,55E-02	1,08E-01	1,22E-01
FAIXA 6	1,50E-02	1,81E-02	4,11E-03	4,64E-03	1,14E-02	1,29E-02

Tabela 207. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	3,51E-03	3,96E-03
FAIXA 4	8,68E-01	9,13E-01	7,82E-01	8,19E-01	7,82E-01	8,19E-01	3,52E-04	3,97E-04
FAIXA 5	1,88E-01	2,23E-01	1,43E-01	1,60E-01	1,43E-01	1,60E-01	3,52E-05	3,97E-05
FAIXA 6	2,07E-02	2,51E-02	1,54E-02	1,73E-02	2,79E-02	3,06E-02	3,52E-06	3,97E-06

Lagoas						
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,43E-01	8,77E-01	8,92E-01	9,22E-01	9,26E-01	9,49E-01
FAIXA 4	1,77E-01	1,98E-01	2,09E-01	2,36E-01	2,46E-01	2,80E-01
FAIXA 5	1,93E-02	2,20E-02	2,33E-02	2,67E-02	2,82E-02	3,27E-02
FAIXA 6	1,95E-03	2,22E-03	2,35E-03	2,71E-03	2,86E-03	3,32E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 208. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	6,69E-01	7,10E-01	1,00E+00	1,00E+00	9,50E-01	9,65E-01
FAIXA 5	1,05E-01	1,17E-01	2,66E-01	2,93E-01	2,66E-01	2,93E-01
FAIXA 6	1,11E-02	1,24E-02	3,05E-02	3,41E-02	3,05E-02	3,41E-02

3.4. Estimativas de risco anual nas quais os parâmetros dos modelos dose resposta foram obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano .

3.4.1 Modelo de Shuval

Tabela 209. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,49E-01	9,19E-01	3,38E-01	9,75E-01	6,84E-01	1,00E+00	7,47E-05	5,87E-04
FAIXA 4	2,78E-02	2,23E-01	4,04E-02	3,08E-01	1,09E-01	6,77E-01	7,40E-06	5,84E-05
FAIXA 5	2,80E-03	2,61E-02	4,11E-03	3,61E-02	1,13E-02	1,16E-01	7,65E-07	5,68E-02
FAIXA 6	2,38E-05	2,56E-03	4,12E-04	3,67E-04	1,16E-03	1,14E-02	7,65E-08	5,77E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,03E-02	8,49E-02	8,66E-02	4,44E-01	6,10E-02	4,74E-02
FAIXA 4	1,03E-03	8,65E-03	9,03E-03	5,72E-02	5,94E-04	4,83E-03

FAIXA 5	1,01E-04	8,74E-04	9,07E-04	5,87E-03	6,20E-05	4,70E-04
FAIXA 6	1,03E-05	8,79E-05	9,07E-05	5,87E-04	6,04E-06	4,66E-05

Tabela 210. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,40E-01	9,93E-01	5,67E-01	9,99E-01	9,05E-01	1,00E+00
FAIXA 4	5,74E-02	3,90E-01	8,04E-02	5,20E-01	2,15E-01	8,87E-01
FAIXA 5	5,68E-03	4,75E-02	8,34E-03	7,07E-02	2,36E-02	1,99E-01
FAIXA 6	5,83E-04	4,95E-03	8,37E-04	7,31E-03	2,40E-03	2,23E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 211. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,74E-01	9,98E-01	1,00E+00	1,00E+00	2,48E-01	7,15E-01	2,31E-04	1,48E-03
FAIXA 4	8,10E-02	4,81E-01	5,58E-01	9,90E-01	3,14E-02	1,18E-01	2,25E-05	1,48E-04
FAIXA 5	8,51E-03	6,24E-02	7,84E-02	3,68E-01	3,52E-03	1,24E-02	2,2898-6	1,49E-05
FAIXA 6	8,51E-04	6,49E-03	7,84E-03	3,68E-02	3,52E-04	1,24E-03	2,28E-07	1,45E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,03E-02	2,10E-01	2,39E-01	7,80E-01	1,80E-02	1,19E-01
FAIXA 4	3,08E-03	2,32E-02	2,70E-02	1,42E-01	1,78E-03	1,28E-02
FAIXA 5	3,13E-04	2,35E-03	2,73E-03	1,52E-02	1,80E-04	1,29E-03
FAIXA 6	2,10E-05	2,30E-04	2,74E-04	1,53E-03	1,80E-05	1,27E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 212. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,21E-01	1,00E+00	9,18E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00
FAIXA 4	1,59E-01	7,33E-01	2,22E-01	8,56E-01	4,50E-01	9,98E-01
FAIXA 5	1,70E-02	1,28E-01	2,48E-02	1,77E-01	6,70E-02	4,57E-01
FAIXA 6	1,78E-03	1,37E-02	2,51E-03	1,92E-02	7,10E-03	5,71E-02

Tabela 213. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	2,56E-01	9,09E-01	6,38E-01	1,00E+00	7,06E-01	1,00E+00	8,02E-05	5,99E-04
FAIXA 4	2,99E-02	2,22E-01	9,68E-02	5,97E-01	1,17E-01	6,72E-01	7,89E-06	5,60E-05
FAIXA 5	2,93E-03	2,46E-02	1,01E-02	8,69E-02	2,12E-02	1,06E-01	8,05E-07	5,77E-06
FAIXA 6	2,99E-04	2,43E-03	1,02E-03	9,06E-03	2,12E-03	1,10E-02	8,05E-08	5,77E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E-02	8,29E-02	2,03E-01	7,67E-01	6,33E-03	4,67E-02
FAIXA 4	1,08E-03	8,62E-03	2,25E-02	1,37E-01	6,46E-04	4,89E-03
FAIXA 5	1,09E-04	8,50E-04	2,28E-03	1,46E-02	6,43E-05	4,73E-04
FAIXA 6	1,07E-05	8,57E-05	2,28E-04	1,46E-03	6,43E-06	4,73E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 214. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição normal, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,54E-01	9,92E-01	6,38E-01	1,00E+00	9,15E-01	1,00E+00
FAIXA 4	5,84E-02	3,95E-01	9,68E-02	5,97E-01	2,19E-01	8,97E-01
FAIXA 5	6,05E-03	4,74E-02	1,01E-02	8,69E-02	2,43E-02	1,95E-01
FAIXA 6	6,04E-04	4,78E-03	1,02E-03	9,06E-03	2,48E-03	2,17E-02

Tabela 215. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	5,90E-01	9,98E-01	9,53E-01	1,00E+00	9,44E-01	1,00E+00	2,35E-04	1,46E-03
FAIXA 4	8,64E-02	4,72E-01	2,64E-01	9,08E-01	3,09E-01	9,46E-01	2,35E-05	1,46E-04
FAIXA 5	8,99E-03	6,23E-02	3,02E-02	2,13E-01	3,62E-02	2,46E-01	2,35E-06	1,46E-05
FAIXA 6	8,99E-04	6,43E-03	3,06E-03	2,37E-02	3,69E-03	2,87E-02	2,35E-07	1,46E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,13E-02	2,05E-01	6,64E-02	3,12E-01	1,88E-02	1,19E-01
FAIXA 4	3,25E-03	2,31E-02	6,86E-03	3,68E-02	1,90E-03	1,26E-02
FAIXA 5	3,31E-04	2,29E-03	6,88E-04	3,74E-03	1,92E-04	1,25E-03
FAIXA 6	1,46E-06	3,22E-05	2,31E-04	6,88E-05	3,74E-04	1,90E-05

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 216. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pnaive

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,64E-01	1,00E+00	9,98E-01	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00
FAIXA 4	1,67E-01	7,25E-01	4,64E-01	9,92E-01	5,01E-01	9,97E-01
FAIXA 5	1,79E-02	1,19E-01	6,05E-02	3,81E-01	7,02E-02	4,45E-01
FAIXA 6	1,82E-03	1,27E-02	3,06E-03	2,37E-02	7,30E-03	5,96E-02

Tabela 217. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,32E-01	9,53E-01	6,62E-01	7,21E-01	8,83E-01	9,20E-01	3,59E-04	4,05E-04
FAIXA 4	2,39E-01	2,68E-01	1,03E-01	1,20E-01	1,95E-01	2,26E-01	3,59E-05	4,05E-05
FAIXA 5	2,70E-02	3,08E-02	1,08E-02	1,27E-02	2,15E-02	2,53E-02	3,59E-06	4,05E-06
FAIXA 6	2,73E-03	3,12E-03	1,09E-03	1,28E-03	2,17E-03	2,56E-03	3,59E-07	4,05E-07

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	8,05E-01	8,38E-01	1,64E-01	1,83E-01	1,73E-01	1,92E-01
FAIXA 4	1,52E-01	1,68E-01	1,78E-02	2,01E-02	1,88E-02	2,12E-02
FAIXA 5	1,63E-02	1,82E-02	1,80E-03	2,03E-03	1,90E-03	2,14E-03
FAIXA 6	1,65E-03	1,84E-03	1,80E-04	2,03E-04	1,90E-04	2,15E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 218. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold,

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	4,54E-01	9,92E-01	6,38E-01	1,00E+00	9,15E-01	1,00E+00
FAIXA 4	5,84E-02	3,95E-01	9,68E-02	5,97E-01	2,19E-01	8,97E-01
FAIXA 5	6,05E-03	4,74E-02	1,01E-02	8,69E-02	2,43E-02	1,95E-01
FAIXA 6	6,04E-04	4,78E-03	1,02E-03	9,06E-03	2,48E-03	2,17E-02

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 219. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,47E-01	9,66E-01	9,97E-01	9,99E-01	9,69E-04	1,08E-03
FAIXA 4	7,70E-01	8,07E-01	2,55E-01	2,87E-01	4,42E-01	4,92E-01	9,69E-05	1,08E-04
FAIXA 5	1,38E-01	1,53E-01	2,90E-02	3,33E-02	5,69E-02	6,57E-02	9,69E-06	1,08E-05
FAIXA 6	1,47E-02	1,64E-02	2,94E-03	3,38E-03	5,84E-03	6,78E-03	9,69E-07	1,08E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,87E-01	9,92E-01	3,82E-01	4,15E-01	3,99E-01	4,32E-01
FAIXA 4	3,59E-01	3,87E-01	4,74E-02	5,27E-02	5,01E-02	5,56E-02
FAIXA 5	4,35E-02	4,78E-02	4,85E-03	5,40E-03	5,13E-03	5,72E-03
FAIXA 6	4,44E-03	4,88E-03	4,86E-04	5,42E-04	5,14E-04	5,73E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 219. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado sem bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00	1,00	9,97E-01	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	8,52E-01	9,68E-01	4,39E-01	4,82E-01	6,80E-01	7,28E-01
FAIXA 5	7,63E-02	9,82E-02	5,63E-02	6,37E-02	1,08E-01	1,23E-01
FAIXA 6	9,65E-03	7,84E-03	5,77E-03	6,56E-03	1,14E-02	1,30E-02

Tabela 220. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; ; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descritos por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano ,estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,99E-01	9,99E-01	9,32E-01	9,57E-01	9,95E-01	9,98E-01	8,90E-04	1,00E-03
FAIXA 4	4,94E-01	5,41E-01	2,37E-01	2,71E-01	4,17E-01	4,69E-01	8,90E-05	1,00E-04
FAIXA 5	6,62E-02	7,52E-02	2,67E-02	3,11E-02	5,27E-02	6,16E-02	8,90E-06	1,00E-05
FAIXA 6	6,83E-03	7,79E-03	2,70E-03	3,16E-03	5,40E-03	6,34E-03	8,90E-07	1,00E-06

Lagoas	C. jejuni					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	3,46E-01	3,79E-01	3,58E-01	3,93E-01	3,74E-01	4,09E-01
FAIXA 4	4,16E-02	4,66E-02	4,37E-02	4,91E-02	4,62E-02	5,19E-02
FAIXA 5	4,24E-03	4,76E-03	4,47E-03	5,03E-03	4,72E-03	5,32E-03
FAIXA 6	4,25E-04	4,77E-04	4,47E-04	5,04E-04	4,73E-04	5,33E-04

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 221. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição Pert e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	9,99E-01	9,99E-01	9,95E-01	9,98E-01	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	4,94E-01	5,41E-01	4,13E-01	4,58E-01	6,51E-01	7,03E-01
FAIXA 5	6,62E-02	7,52E-02	5,20E-02	5,95E-02	1,00E-01	1,15E-01
FAIXA 6	6,83E-03	7,79E-03	5,32E-03	6,12E-03	1,05E-02	1,22E-02

Tabela 222. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus, Cryptosporidium e Campylobacter (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme e remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Pert, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus						C.parvum	
	β-Poisson		FHCK		β-binomial		Exponencial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	9,99E-01	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	2,40E-03	2,67E-03
FAIXA 4	8,40E-01	8,72E-01	5,19E-01	5,68E-01	7,67E-01	8,14E-01	2,40E-04	2,68E-04
FAIXA 5	1,69E-01	1,88E-01	7,06E-02	8,06E-02	1,36E-01	1,56E-01	2,40E-05	2,68E-05
FAIXA 6	1,84E-02	2,06E-02	7,29E-03	8,37E-03	1,45E-02	1,68E-02	2,40E-06	2,68E-06

Lagoas						
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	6,93E-01	7,31E-01	7,12E-01	7,49E-01
FAIXA 4	6,81E-01	7,16E-01	1,14E-01	1,26E-01	1,20E-01	1,32E-01
FAIXA 5	1,08E-01	1,19E-01	1,20E-02	1,34E-02	1,27E-02	1,41E-02
FAIXA 6	1,14E-02	1,26E-02	1,21E-03	1,34E-03	1,28E-03	1,42E-03

FHCK: função hipergeométrica confluente de Krummer (modelo β-Poisson exato); FHG: função hipergeométrica gaussiana

Tabela 223. Estimativas de risco anual de infecção por rotavírus e norovírus (mediana e percentil 95%) – efluentes de lagoas de polimento com qualidade (E. coli) descrita por distribuição lognormal, contaminação das hortaliças estimada pelo modelo de Shuval, padrão de consumo de hortaliças (FOLHOSAS, FLORAIS E FRUTOSAS) computado com bootstrapping; o volume remanescente descrito pela distribuição uniforme, remoção de rotavírus por higiene dos alimentos descrita por distribuição Uniforme, parâmetros dos modelos dose resposta obtidos pelo método de Bootstrapping Bayesiano, estimador de risco Pgold.

Lagoas	Rotavírus					
	β-Poisson		FHCK		β-binomial	
	50%	95%	50%	95%	50%	95%
FAIXA 3	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00	1,00E+00
FAIXA 4	9,74E-01	9,83E-01	7,62E-01	8,04E-01	9,40E-01	9,60E-01
FAIXA 5	3,10E-01	3,39E-01	1,34E-01	1,51E-01	2,48E-01	2,79E-01
FAIXA 6	3,64E-02	4,06E-02	1,43E-02	1,62E-02	2,82E-02	3,22E-02