

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ

ELIEGE JULIA EUDOXIA DOS SANTOS

**PESQUISA DE *Salmonella* spp. EM ANIMAIS SILVESTRES DA MATA
ATLÂNTICA DO SUL DA BAHIA**

ILHÉUS-BAHIA

2019

ELIEGE JULIA EUDOXIA DOS SANTOS

**PESQUISA DE *Salmonella* spp. EM ANIMAIS SILVESTRES DA MATA
ATLÂNTICA DO SUL DA BAHIA**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual
de Santa Cruz, como parte das exigências para
obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Área de concentração: Clínica e Sanidade Animal

Orientadora: Prof^a Dr^a Bianca Mendes Maciel

ILHÉUS-BAHIA

2019

- S237 Santos, Eliege Jullia Eudoxia dos Santos.
Pesquisa de salmonella spp. em animais silvestres da mata atlântica do sul da Bahia / Eliege Jullia Eudoxia dos Santos. - Ilhéus : UESC, 2019.
51f. : il.
Orientadora : Bianca Mendes Maciel.
Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual de Santa Cruz. Programa de Pós-graduação Ciência Animal.
Inclui referências.
1. Salmonelose em animais. 2. Animais silvestres – Doenças bacterianas – Mata Atlântica – Bahia, Sul. 3. Preservação ambiental – Mata atlântica. I. Maciel, Bianca Mendes. II. Título.
CDD – 616.927

ELIEGE JULIA EUDOXIA DOS SANTOS

**PESQUISA DE *Salmonella* spp. EM ANIMAIS SILVESTRES DA MATA
ATLÂNTICA DO SUL DA BAHIA**

Ilhéus - BA, 21/02/2019

Bianca Mendes Maciel – *DSc*
UESC/DCB
(Orientadora)

Flávia Regina Miranda - *DSc*
UESC/DCAA

Martin Roberto Del Valle Alvarez - *DSc*
UESC/DCB

ILHÉUS-BAHIA

2019

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho a Deus por amor a Ele.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por me conceder todas as vitórias que me são necessárias e oportunas; principalmente aquelas que exigem paciência.

Gratidão à minha família: minha mãe Maria Célia (*in memoriam*), minha outra mãe Maria Valdez (Quinha), meu pai Carlos, meus irmãos Shirley e Tarciso. Esta é a melhor família que eu poderia e precisava ter. Amo fraternalmente cada um de vocês e reconheço o esforço, a dedicação e a contribuição que fizeram em prol de minha formação, principalmente a moral.

Gratidão a Amanda Teixeira e Rafa Porto por vocês terem oferecido suas habilidades em prol do desenvolvimento deste trabalho. Mas, sobretudo, eu agradeço o apoio, carinho e a amizade, elementos estes sem os quais eu não conseguiria progredir e lograr êxito. Sou grata por intuírem as minhas necessidades e limitações.

Gratidão a Adriane por sua cooperação e por tudo o que aprendi com você.

Gratidão a Josi e Pepinho por terem acolhido a mim e ao meu projeto e pela ajuda e suporte na aquisição das amostras.

Gratidão aos animais, alguns dos quais empenharam, sem direito de escolha, a própria vida.

Gratidão a Fabiana por todo o apoio, sejam nas horas de trabalho, por meio dos ensinamentos associados ao uso dos laboratórios, assim como nos momentos das conversas informais que revigoravam o meu ânimo e me incitava à coragem e determinação.

Gratidão aos meus colegas e amigos do mestrado Leonice, Virgínia, Lília, Julliana, Elisângela, Taísa, Raíssa, Camilla, Jamille e Gabriel. Vocês tornaram a minha

jornada muito mais aprazível. Sem o apoio e suporte de cada um de vocês eu não conseguiria finalizar esta caminhada. Gratidão aos demais alunos que eu encontrei ao longo deste percurso: Renata, Itamar, Stella, Pedro, Duda e Vinícius. Vocês foram pessoas extremamente especiais e importantes; angariamos experiência ao longo do pouco tempo em que estivemos juntos.

Gratidão a Hellen e Taty Harvey pela disponibilidade em compartilhar conhecimento, pela paciência em ensinar e pelo constante encorajamento. Garotas, vocês foram maravilhosas.

Gratidão aos professores Ivan Allaman, Soraya Matarazzo, Renata Santiago, Sérgio Nogueira, Guisla Boehls, Gustavo Braga, Poliana Mello por terem me ajudado a seguir em frente com ânimo e alegria. Agradeço ainda, as correções necessárias, as ideias que não pude pensar e idealizar e as observações espontâneas e pontuais. Embora não tenham sido perfeitos, e eu sinceramente prefiro assim, porque dessa maneira pudemos crescer juntos, vocês foram as pessoas certas; reporto a cada um o meu respeito e os mais sinceros elogios.

Gratidão a Dona Antônia, Lu, Gal, Beto, Wellington e Adriano por todos os gestos de carinho e atenção que me foram dispensados fazendo-me perceber que nas ações mais simples de nosso cotidiano moram a gentileza e o cuidado.

Gratidão aos amigos Samantha, Dani, Phillipe e Gabi que à sua maneira me proporcionaram momentos maravilhosos de amparo e força.

Gratidão aos amigos-colegas da Prefeitura Municipal de Canavieiras, Procuradoria Municipal de Canavieiras e Secretaria Municipal de Agricultura, Meio Ambiente e Pesca de Canavieiras. Obrigada por sonharem comigo o meu sonho e por terem me ajudado a realizá-lo. Estou certa que para que a minha meta fosse alcançada eu precisei contar com todos vocês.

Gratidão a Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC) e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal (PPGCA) pelos recursos materiais e humanos, os quais tornaram o meu projeto exequível, e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa.

Gratidão a Bianca, minha orientadora, por todo o empenho técnico neste projeto. Mais ainda, sou grata por sua empatia constante, seu sorriso largo e sua proatividade que de tão grande, chega a ser desconcertante. Eu não teria conseguido chegar até aqui se você não tivesse acreditado em mim e no que nós poderíamos construir juntas. Eu

sinto muito orgulho dessa parceria que firmamos, na qual aliamos o nosso entusiasmo e dedicação.

Eu também peço perdão aqueles que de alguma maneira eu magoei ao longo dessa jornada. Apresento minhas sinceras desculpas por todas as vezes que fui rude, impaciente, ausente e pouco agradecida. No entanto, sempre é tempo de corrigir-se e melhorar. Eu estou me esforçando para ser alguém melhor. Muitas vezes eu fraquejo e caio, mas, graças ao bom Pai eu posso contar com todos vocês para recomeçar.

E por fim, e mais uma vez e muitas outras vezes: obrigada Deus! Eu sinto muita necessidade de te agradecer pelo constante renovo de sua fé sobre mim. Tu nunca desistes de mim. Eu te amo muito Jesus.

*“Sem a curiosidade que me move,
que me inquieta,
que me insere na busca,
não aprendo nem ensino.”*
Paulo Freire

PESQUISA DE *Salmonella* spp. EM ANIMAIS SILVESTRES DA MATA ATLÂNTICA DO SUL DA BAHIA.

RESUMO

A fauna silvestre pode representar uma fonte de infecção e transmissão de agentes patogênicos para o homem e outras espécies de animais, constituindo um problema de Saúde Pública e Ambiental. Objetivando investigar a presença de *Salmonella* spp. em isolados de animais silvestres da Mata Atlântica, no sul da Bahia, de 2015 a 2017 foram coletadas e isoladas 195 amostras fecais, 114 aves (32 espécies, das quais quatro não foram identificadas) e 81 pequenos mamíferos, classificados em seis espécies de marsupiais (Didelphidae, n = 32) e 11 espécies de roedores (Cricetidae n = 47 e Sciuridae, n = 2). Amostras fecais foram coletadas através de *swab* cloacal / retal e submetidas à cultura microbiológica e isolamento específico de *Salmonella* spp. As colônias presuntivas identificadas nos testes bioquímicos foram confirmadas pela técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) e encaminhadas para sorotipagem. A suscetibilidade a antibióticos foi determinada pelo método de difusão em disco. Apenas um isolado de aves, *Ceratopipra rubrocapilla*, foi positivo para *Salmonella enterica* sorotipo Agona, sendo este estudo o primeiro registro nesta espécie. Esta amostra apresentou sensibilidade intermediária à amicacina e gentamicina, sendo sensível aos outros 13 antibióticos testados. Os resultados podem apontar preservação ambiental a partir do baixo nível de antropização e manutenção da qualidade sanitária nas áreas estudadas. Portanto, conclui-se que mesmo com o resultado negativo, é necessário monitorar a fauna silvestre e estabelecer sistemas de controle e vigilância para doenças, especialmente as zoonóticas.

Palavra-chave: *Salmonella enterica* sorotipo Agona. Saúde Pública. Meio Ambiente. Salmonelose.

SEARCH FOR *Salmonella* spp. IN WILD ANIMALS OF THE ATLANTIC FOREST OF THE SOUTH OF BAHIA.

ABSTRACT

Wild fauna can represent a source of infection and transmission of pathogens to man and other animal species, constituting a problem of Public and Environmental Health. Aiming to investigate the presence of *Salmonella* spp. from wild animals of the Atlantic Forest, in the southern Bahia (Brazil), from 2015 to 2017 a total of 195 fecal samples were collected and isolated, 114 birds (32 species, four of which were unidentified) and 81 small mammals, classified into six species of marsupials (Didelphidae, n = 32) and 11 species of rodents (Cricetidae n = 47 and Sciuridae, n = 2). Fecal samples were collected through cloacal / rectal *swab* and submitted to microbiological culture and specific isolation of *Salmonella* spp. The presumptive colonies identified in the biochemical tests were confirmed using the Polymerase Chain Reaction (PCR) technique, and were referred for serotyping. Susceptibility to antibiotics was determined by the disc-diffusion method. Only one isolated of birds, *Ceratopipra rubrocapilla*, was positive for *Salmonella enterica* serotype Agona, this study being the first record in this species. This sample had intermediate sensitivity to ampicillin and gentamicin, being sensitive to the other 13 antibiotics tested. The results can point to environmental preservation from the low level of anthropization and maintenance of sanitary quality in the studied areas. Therefore, it is concluded that even with the negative result, it is necessary to monitor wildlife and establish control and surveillance systems for diseases, especially zoonotic diseases.

Key words: *Salmonella enterica* serotype Agona. Public Health. Environment. Salmonellosis.

LISTA DE FIGURAS

Figura		Página
1	Locais de coletas de aves, marsupiais e roedores no Sul da Bahia, Brasil	29
2	Exemplar da espécie <i>Ceratopipra rubrocapilla</i> positiva para <i>Salmonella Agona</i>	36

LISTA DE QUADROS

Quadro		Página
1	Número de sorotipos em cada espécie e subespécie de <i>Salmonella</i> ..	18

LISTA DE TABELAS

Tabela		Página
1	Identificação taxonômica e distribuição geográfica das aves silvestres provenientes da Mata Atlântica do Sul da Bahia, Brasil.....	34
2	Identificação taxonômica e distribuição geográfica dos pequenos mamíferos silvestres provenientes da Mata Atlântica do Sul da Bahia, Brasil.....	35

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	15
2	OBJETIVOS.....	17
2.1	Objetivo Geral.....	17
2.2	Objetivos Específicos.....	17
3	REVISÃO DE LITERATURA.....	18
3.1	Características Gerais da <i>Salmonella</i> spp.....	18
3.2	Métodos de Tipificação.....	19
3.2.1	Sorotipificação.....	20
3.2.2	Teste de Susceptibilidade Antimicrobiana.....	21
3.3	Patogenia.....	22
3.4	<i>Salmonella</i> nos Animais Silvestres: Importância dos Portadores Latentes.....	24
4	MATERIAL E MÉTODOS.....	27
4.1	Área de Estudo.....	27
4.2	Coleta de Animais para o Estudo.....	30
4.3	Isolamento e Identificação de <i>Salmonella</i> a partir de Amostras Fecais.....	31
4.4	Teste de Susceptibilidade Antimicrobiana.....	32
4.5	PCR Quantitativa em Tempo Real para Pesquisa de <i>Salmonella</i> spp. em Amostras Intestinais de Pequenos Mamíferos.....	32
4.6	Análise Estatística dos Dados.....	33
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
6	CONCLUSÃO.....	41
7	REFERÊNCIAS.....	42

1. INTRODUÇÃO

A salmonelose é uma doença causada por bactérias do gênero *Salmonella*, família Enterobacteriaceae. É uma zoonose frequentemente associada a surtos de infecções de origem alimentar, estando entre as três doenças transmitidas por alimentos (DTAs) mais prevalentes no mundo o que representa um problema de Saúde Pública.

A epidemiologia complexa e a dificuldade na aplicação das medidas de controle ensejam a necessidade da discriminação do agente tanto em sorotipo quanto na caracterização genética. Estes dados auxiliam a compreensão e interpretação dos aspectos inerentes a sua filogenia, patogenicidade, fontes de infecção e vias de transmissão e ainda a adoção de medidas de controle e profilaxia.

O aumento do crescimento de cepas resistentes a múltiplas drogas representa um risco a saúde humana e animal. Dessa maneira, faz-se necessário a realização da análise do perfil de sensibilidade e resistência aos antibióticos para que se possa identificar os fenótipos multirresistentes e, por conseguinte se adotem estratégias mais efetivas e específicas no controle das infecções.

Com relação aos animais silvestres a discriminação do agente é importante pela ubiquidade característica do patógeno o que permite que muitas espécies de animais silvestres sejam contaminadas e dessa forma se tornem veiculadoras da bactéria para outras espécies, silvestres e domésticas, e também para o homem. Nesse sentido, deve-se ressaltar a importância dos portadores latentes assintomáticos por representarem fontes contínuas de contaminação tanto para os alimentos quanto para o meio ambiente.

Os animais silvestres possuem função ecológica e podem ainda atuar como sentinelas na identificação dos agentes infecciosos e indicadores da saúde ambiental. Assim, estudos referentes à sua sanidade, particularmente quando vinculados à *Salmonella* spp., devem ser realizados para que se possa identificar os elementos envolvidos em sua disseminação no meio ambiente, e ainda, sua associação com fatores sanitários e variáveis epidemiológicas. Adicionalmente, pode contribuir para a detecção de espécies mais vulneráveis ao agente, correlacionando a presença da bactéria a fatores antrópicos como desmatamento e ocupação humana em áreas ambientais.

Nesse contexto, identificar a frequência de *Salmonella* spp. em animais silvestres do bioma Mata Atlântica na mesorregião Sul Baiano, caracterizando-a fenotipicamente, é o objetivo principal deste estudo. Estes dados podem complementar as informações sobre a epidemiologia, controle e prevenção deste agente, e

consequentemente, contribuir para a manutenção da qualidade da Saúde Pública.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral

Pesquisar a presença de *Salmonella* spp. em animais silvestres provenientes da Mata Atlântica na mesorregião Sul Baiano.

2.2 Específicos

- Isolar *Salmonella* spp. em fezes de animais silvestres (pequenos mamíferos e aves) da Mata Atlântica;
- Sorotipificar os isolados;
- Definir o perfil de susceptibilidade a antimicrobianos dos isolados;
- Detectar e quantificar *Salmonella* spp. no conteúdo íleo-cecal dos pequenos mamíferos silvestres através da reação em cadeia da polimerase em tempo real.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Características Gerais da *Salmonella* spp.

Salmonella é um gênero de bactérias cuja designação, feita por Lignières em 1900, foi em homenagem ao veterinário patologista e microbiologista Daniel Elmer Salmon, que pela primeira vez isolou o agente e o associou a uma doença (BRASIL, 2011). O gênero pertence à família Enterobacteriaceae e morfológicamente é composto por bactérias não esporuladas, bastonetes gram-negativos, anaeróbios facultativos que possui temperatura ótima de crescimento na faixa de 37° C (WINN JR et al., 2008).

Salmonella spp. apresenta características patogênicas e atualmente é constituída por duas espécies: *Salmonella enterica* e *Salmonella bongori*. A espécie *enterica* subdivide-se em seis subespécies (*enterica*, *salamae*, *arizonae*, *diarizonae*, *houtenai* e *indica*) que podem ainda ser divididas em sorotipos/sorovares (GRIMONT; WEILL, 2007; RODRIGUES, 2011) (Quadro 1).

QUADRO 1 - Número de sorotipos em cada espécie e subespécie de *Salmonella*.

Espécies, subespécies e sorogrupo de <i>Salmonella</i>	Nº de sorotipos
<u>Espécie:</u> <i>Salmonella enterica</i>	2587
<u>Subespécies:</u>	
<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i> (sorogrupo I)	1547
<i>S. enterica</i> subsp. <i>salamae</i> (sorogrupo II)	513
<i>S. enterica</i> subsp. <i>arizonae</i> (sorogrupo IIIa)	100
<i>S. enterica</i> subsp. <i>diarizonae</i> (sorogrupo IIb)	341
<i>S. enterica</i> subsp. <i>houtenae</i> (sorogrupo IV)	73
<i>S. enterica</i> subsp. <i>indica</i> (sorogrupo VI)	13
<u>Espécie:</u> <i>Salmonella bongori</i> (sorogrupo V)	23
Total	2610

Fonte: Adaptado de GUIBOURDENCHE et al., 2010.

A subespécie *enterica* é a principal responsável pela maioria das infecções entéricas em animais homeotérmicos e geralmente é encontrada no trato intestinal destes. Por outro lado, a espécie *S. bongori* é comum em animais de sangue frio e no ambiente, sendo raro em humanos (POPOFF; BOCKEMÜHL; GHEESLING, 2003). No entanto, *S. enterica* também já foi isolada de répteis nascidos em cativeiro (MACIEL et al., 2010).

Com relação à nomenclatura atual dos sorovares, estes devem ser redigidos com inicial em maiúsculo e não devem ser grafados em itálico ficando assim demonstrado: *Salmonella enterica* subespécie *enterica* sorovar Enteritidis, podendo-se inclusive citá-los em sua forma reduzida *Salmonella* ser. Enteritidis ou ainda, *Salmonella* Enteritidis (GRIMONT; WEILL, 2007).

A caracterização do habitat da salmonela, com base na especificidade do hospedeiro e nas manifestações clínicas, permite a sua discriminação em três categorias: (a) altamente adaptadas ao homem, que corresponde aos sorotipos *S. Typhi* e *S. Paratyphi* A, B e C; (b) altamente adaptadas aos animais, responsáveis pelo paratifo dos animais, composto por *S. Dublin* (bovinos), *S. Choleraesuis* e *S. Typhisuis* (suínos), *S. Abortusequi* (equinos), *S. Pullorum* e *S. Gallinarum* (aves) e (c) salmonelas zoonóticas, que acometem indistintamente o homem e os animais domésticos e silvestres, estando envolvido em infecções alimentares e gastroenterocolites. Este terceiro grupo tem maior representatividade para a Saúde Pública porque possui índices elevados de morbidade e mortalidade e os seus sorovares tem distribuição mundial (BRASIL, 2011; RODRIGUES, 2011).

Em animais silvestres, a identificação dos sorotipos de *Salmonella* spp. mostra-se imprescindível, particularmente pela ubiquidade característica do patógeno, o que faz com que muitas espécies sejam infectadas e, por conseguinte, transmitam a doença para o homem e outras espécies animais, sejam estas domésticas e/ou silvestres (BILLINIS, 2013).

3.2. Métodos de Tipificação

As técnicas de tipagem são descritas como aquelas que particularizam uma cepa para além da classificação em espécies, tendo como base a comparação dos isolados e agrupando as cepas que apresentam similaridades (PARK et al., 2014).

A tipificação pode ser feita com base no fenótipo e/ou genótipo (WATTIAU; BOLAND; BERTRAND, 2011; BERTRAND et al., 2015). Enquanto no fenótipo a discriminação das cepas ocorre a partir da caracterização dos produtos da expressão gênica (CEYSSSENS et al., 2015; MULVEY et al., 2013), na genotipagem são baseadas na análise da estrutura genética do micro-organismo (BERTRAND et al., 2015; WUYTS et al., 2015) empregando-se desde enzimas de restrição até amplificação de ácido nucleico (YAN et al., 2004) ou sequenciamento de nucleotídeos (BERTRAND et al., 2015; WUYTS et al., 2015).

Os principais métodos de fenotipificação aplicados à *Salmonella* spp. são sorotipificação (CEYSSENS et al., 2015; WUYTS et al., 2015) e teste de susceptibilidade antimicrobiana (BERTRAND et al., 2015; WUYTS et al., 2015). Já a genotipagem tem como duas das mais utilizadas, a PFGE (eletroforese em gel de campo pulsado) (WATTIAU; BOLAND; BERTRAND, 2011) e a MLVA (análise em multilocus de repetições em tandem de número variável) (BERTRAND et al., 2015; SINTCHENKO et al., 2012; WUYTS et al., 2015).

Os métodos de tipagem fenotípica se associam com aquelas características que são expressas a partir do genótipo (TORTORA; FUNKE; CASE, 2012). Os métodos fenotípicos demonstram baixa reprodutibilidade, em função das bactérias terem a habilidade de alterar seus produtos celulares (TENOVER; ARBEIT; GOERING, 1997). Mesmo assim, a fenotipagem mostra-se essencial para a identificação e epidemiologia de *Salmonella* spp. (OLSEN et al., 1993).

3.2.1 Sorotipificação

A caracterização da *Salmonella* spp., geralmente tem início a partir da sorotipificação (GRIMONT; WEILL, 2007). Esta discriminação em sorotipo é feita com base nas características dos antígenos “O” (somáticos), “H” (flagelares) e “K” (capsulares) considerando o modelo de White-Kauffmann-Le Minor (SILVA et al., 2007).

Os antígenos do tipo K são os mais raros de serem encontrados e caracterizam-se por apresentar termosensibilidade e composição polissacarídica. Este grupo possui um subtipo especial chamado antígeno de virulência (Vi) o qual só ocorre nos sorotipos Paratyphi C, Dublin e Typhi (ENG et al., 2015). O antígeno O é resistente ao calor e possui natureza polissacarídica na parte externa da membrana bacteriana (HU; KOPECKO, 2003). O antígeno H é termolábil e compõe-se de uma substância protéica denominada flagelina que é codificados pelos genes *fliC*, *fliB* e *flpA* (RODRIGUES, 2011).

As subespécies de *S. enterica*, assim como a espécie *S. bongori*, têm a transcrição de seus sorotipos e de seus nomes baseadas em suas fórmulas antigênicas (RODRIGUES, 2011), atendendo-se aos seguintes critérios: (a) indicação da subespécie, (b) designação do antígeno somático seguido de dois pontos, (c) identificação do antígeno flagelar (fase 1 seguido de dois pontos) e (d) antígeno flagelar (fase 2, quando existir) (BRENNER et al., 2000), o qual exemplifica-se, *S. enterica*

subespécie *salamae* ser. 50: z: e, n, x ou *Salmonella* sorogrupo II 50: z: e, n, x (RODRIGUES, 2011).

Por meio da sorotipificação podem-se apontar surtos, bem como inferir suas fontes de infecção e vias de transmissão e ainda, caracterizar diferentes situações epidemiológicas de um sorovar em determinadas localidades. A sorotipagem é um método discriminatório, reprodutível e apresenta-se essencial tanto para o diagnóstico quanto para o sistema de controle das salmoneloses (RODRIGUES, 2011).

Os sorotipos de *Salmonella* podem ainda subdividir-se considerando suas características de resistência a antimicrobianos ou a metais pesados e produção de bacteriocinas, bem como a resistência a bacteriófagos e ainda suas especificações bioquímicas (ICMSF, 1996).

3.2.2 Teste de Susceptibilidade Antimicrobiana

Salmonella spp. apresenta sérias implicações à Saúde Pública e por tal, a avaliação da susceptibilidade antimicrobiana se faz necessária (MULVEY et al., 2013). O percentual acentuado de bactérias resistentes a múltiplas drogas tem crescido (CEYSSENS et al., 2015; LETTINI et al., 2014) e isto sinaliza um risco real para os sistemas de controle a saúde (LIMA et al., 2016; RUBINI et al., 2016).

Nos últimos anos o aparecimento de sorotipos multirresistentes tem sido associado ao uso indiscriminado de antibióticos (RUBINI et al., 2016). Isto tem sido mais marcante por limitar as opções de tratamento, particularmente no caso de doenças invasivas, o que poderia levar a uma situação de transferência horizontal de genes de resistência a outros organismos que possuem características patogênicas (DE LA TORRE et al., 2003).

Dessa maneira, a análise do perfil de susceptibilidade mostra-se uma ferramenta de subtipificação extremamente útil para investigações epidemiológicas de linhagens de *Salmonella* spp. que tem apresentado fenótipos multirresistentes e, por conseguinte, causam transtornos aos sistemas públicos de saúde (HUR; JAWALE; LEE, 2012).

Não há método de subtipagem que possa ser considerado único e/ou perfeito. Porém, os métodos de subtipificação para *Salmonella* spp. precisam apresentar características mínimas, tais quais: praticidade (NGOI et al., 2015), razoável tempo para execução e menor custo financeiro (PARK et al., 2014), acentuado poder discriminatório e padronização (LARSSON et al., 2009; DYET; TURBITT; CARTER, 2011). Para a definição de sua escolha, bem como do momento de sua utilização, estas

condições devem ser consideradas e avaliadas (NGOI et al., 2015).

Em muitas situações, uma técnica aplicada isoladamente não atende a determinados requisitos. Assim, em certas circunstâncias, os métodos de subtipificação devem ser associados para que se alcance resultados mais fidedignos (WUYTS et al., 2013; NGOI et al., 2015). Dessa forma, a caracterização de micro-organismos, particularmente os que possuem alto potencial zoonótico, como as bactérias do gênero *Salmonella*, são essenciais para os sistemas de Saúde Pública. Nesse contexto, as medidas de controle e profilaxia, envolvem, necessariamente, a contextualização e a intercontextualização de todas as informações, contribuindo assim para a detecção e controle da doença e ainda, para a manutenção da salubridade (NGOI et al., 2015).

No que concerne aos animais silvestres, a participação destes na disseminação e propagação da *Salmonella* spp., não deve ser desconsiderada pelos sistemas de vigilância à saúde e monitoramento de vida silvestre, uma vez que estas espécies podem sinalizar a presença da bactéria que frequentemente está associada com a contaminação de alimentos e ainda infecções humanas e em espécies animais domésticas, silvestres e ainda, as exóticas (RUBINI et al., 2016). Adicionalmente, fatores epidemiológicos, dados sanitários e variáveis ambientais, devem ser interpretados em conjunto com os testes laboratoriais (NGOI et al., 2015; VIGNAUD et al., 2017).

3.3. Patogenia

A doença causada pela *Salmonella* spp. é a salmonelose e esta se constitui em uma zoonose frequentemente associada a surtos e infecções alimentares (WUYTS et al., 2015) e, por conseguinte, apresenta sérias implicações à Saúde Pública (SINTCHENKO et al., 2012). Por outro lado, considerando as características patogênicas das espécies e dos sorotipos e os sintomas clínicos pode-se dividir esta infecção de duas maneiras distintas: salmonela tifoide e salmonela não tifoide. Ainda assim, por convenção usa-se a terminologia salmonelose para as gastroenterites (TORTORA; FUNKE; CASE, 2012).

A salmonelose é uma das zoonoses de maior relevância no mundo (ARYA et al., 2017) por causar infecções tanto em humanos quanto em animais domésticos (BRASIL, 2011) e silvestres (BLANCO; DE TUESTA, 2018). Paralelamente, as altas morbidade e mortalidade também determinam prejuízos sociais e econômicos (ARYA et al., 2017).

A gastroenterite causada por *Salmonella* pode ser desenvolvida com dose infectante entre 10^5 a 10^8 ufc (unidades formadoras de colônia). No entanto, quando vinculada a infecções alimentares, pacientes imunossuprimidos podem apresentar sinais

clínicos da doença com valores inferiores a 10^3 ufc (BRASIL, 2011). Ainda assim, além da quantidade do inócuo, para que o agente se replique e expresse os seus fatores de virulência há necessidade de algumas características, tais quais: (a) exposição a ambiente propício à multiplicação da bactéria; (b) idade e perfil genético do hospedeiro que determinam a sua susceptibilidade; (c) capacidade invasiva da bactéria (OCHOA; RODRIGUEZ, 2005). Dessa forma, ao considerar tais aspectos, a salmonelose pode manifestar-se desde uma simples infecção gastroentérica a um quadro sistêmico grave com septicemia (EKPERIGIN; NAGARAJA, 1998; OCHOA; RODRIGUEZ, 2005).

As salmonelas são encontradas habitualmente no trato intestinal do homem e dos animais e são transmitidas entre os indivíduos a partir das fezes que eliminam o agente e contaminam a água e os alimentos. E ainda que a principal via de transmissão seja a fecal-oral, as rotas de contaminação para *Salmonella* são múltiplas e incluem tecido conjuntivo, trato gastrointestinal, aparelho respiratório e pele (KALLAPURA et al., 2014).

Após a contaminação por via oral as salmonelas podem ser eliminadas pelo sistema imunológico, causar doenças, que variam de infecções intra a extra-intestinais, ou determinar infecções assintomáticas (SHEOREY; DARBY, 2008).

Nas enterites não tifóides, as salmonelas invadem a mucosa intestinal, particularmente o íleo e o cólon, aonde irão se multiplicar. No entanto, algumas linhagens invasivas se ligam a receptores presentes na parede do epitélio entérico, atravessam-no, e em seguida penetram nos enterócitos ou nas células M dos nódulos linfáticos das placas de Peyer do íleo. A partir daí podem alcançar a corrente sanguínea e migrar para outros órgãos onde potencialmente determinará múltiplos processos inflamatórios. Por outro lado, quando o sistema imunológico do hospedeiro atua, este impede que o microrganismo alcance os órgãos linfáticos e o fígado evitando quadros de infecções sistêmicas. Ao mesmo tempo, as glândulas de secreção diminuem a liberação de água e eletrólitos, consequentemente reduzindo ou mesmo impedindo a ocorrência de diarreia (OHL; MILLER, 2001).

A manifestação mais violenta da salmonelose é a febre tifoide, que é causada pelo sorotipo mais agressivo, *S. Typhi*. Este sorotipo tem como único hospedeiro o homem, não sendo encontrado em animais (TORTORA; FUNKE; CASE, 2012).

Ainda que a salmonelose seja o resultado da multiplicidade de fatores que inclui desde a característica genética do sorotipo, perfil imunológico do portador, dose infectante, via de infecção, passando também pelos componentes de virulência do

agente bacteriano (MASTROENI, 2006), um elemento de extrema relevância são as Ilhas de Patogenicidade para *Salmonella* - SPIs (SCHMIDT; HENSEL, 2004). É a associação de todas essas condições que determinará a severidade da doença e a discriminará em aguda, crônica ou assintomática (KAISER et al., 2000).

As SPIs, presentes nos sorotipos das espécies e subespécies de *Salmonella*, correspondem a regiões do genoma da bactéria que foram adquiridas a partir de transferência horizontal de genes. Estes genes ao codificar diferentes fatores de virulência promovem interações específicas com o hospedeiro resultando na caracterização da patogênese intracelular da doença a partir da invasão, multiplicação do agente nas células, processos inflamatórios e secreção de substâncias os quais estabelecerão as bases para enteroinfecções sistêmicas (SCHMIDT; HENSEL, 2004).

Embora atualmente tenham-se pouco mais de 16 SPIs, as mais estudadas são as SPI-1 e SPI-2 (HENSEL, 2006). Enquanto a primeira caracteriza-se por conter genes que invadem o epitélio do hospedeiro (ZHOU; GALÁN, 2001), a segunda é responsável pela sobrevivência e multiplicação da bactéria nas células eucarióticas, a exemplo dos macrófagos (HENSEL, 2000). Outra particularidade da SPI-2 é que esta se encontra presente em todos os sorotipos da espécie *enterica* e ausente na *bongori* (OCHMAN; GROISMAN, 1996).

3.4. *Salmonella* nos Animais Silvestres: Importância dos Portadores Latentes

A salmonelose é uma das zoonoses de maior complexidade para os sistemas de controle de saúde em função da diversidade de hospedeiros, pluralidade de sintomas clínicos, composição genética dos sorovares que permite tanto a adaptação a múltiplos ambientes quanto o surgimento de novas cepas e alta incidência de casos, principalmente quando associada a infecções alimentares. No entanto, o fator mais relevante em sua epidemiologia é o estado do portador (BRASIL, 2011).

Neste sentido, devem-se ressaltar os portadores assintomáticos latentes. A latência corresponde a uma condição em que o indivíduo não apresenta sintomatologia clínica, mas permanecem eliminando o agente de forma intermitente nas fezes (TISCHLER; MCKINNEY, 2010). No entanto, há um período no qual o agente etiológico permanece escondido em um compartimento intracelular no qual não é eliminado e, portanto, pode mascarar os resultados laboratoriais. Assim, estes portadores latentes são significativos em nível de Saúde Pública, pois são fontes contínuas de contaminação tanto para a cadeia alimentar quanto para o meio ambiente

(DENG et al., 2007; MACIEL; REZENDE; SRIRANGANATHAN, 2017).

Adicionalmente, o portador latente também pode apresentar cepas com resistência aos antimicrobianos (MACIEL; REZENDE; SRIRANGANATHAN, 2017). O estado de latência pode ser observado em répteis (PASMANS et al., 2008; MACIEL et al., 2010), anfíbios (MORENO et al., 1995), cães (MACIEL et al., 2004), bovinos, ovinos, suínos, aves (WALLIS, 2006), peixes (MUSTO et al., 2006) e ainda no homem (TISCHLER; MCKINNEY, 2010).

Ainda com relação aos portadores latentes assintomáticos, o ceco apresenta-se como reservatório e local de multiplicação do agente bacteriano nos estágios iniciais da infecção (DENG et al., 2007). O mecanismo pelo qual isto ocorre não está suficientemente elucidado. No entanto, estudos apontam como possíveis causas desde o ambiente fisiológico, composição da microbiota entérica e mesmo o peristaltismo local que é menor nesta porção do intestino. Isto se mostra importante por atuar como uma fonte intermitente de eliminação do agente ao mesmo tempo em que sinaliza uma causa para as dificuldades na adoção de medidas de controle (BOHNHOFF; MILLER; MARTIN, 1964). Deve-se considerar que o estado de latência no animal pode ser direcionado para uma condição ativa de eliminação do agente devido a fatores de estresse, a exemplo do aparecimento de doenças concomitantes (SMITH; MAZET; HIRSH, 2002).

Em relação às aves, sejam passeriformes, gaivotas ou mesmo pombos, estas representam fonte de infecção tanto para o homem quanto para outros animais. As aves importam contaminação para o ambiente a partir da matéria fecal podendo infectar plantas e rações utilizadas na alimentação animal. As gaivotas podem ser fonte de *S. Typhimurium* para animais domésticos (REFSUM *et al.*, 2002a) e, inclusive, já foi relatado um surto de salmonelose associada a este sorotipo oriundo de uma gaivota morta que contaminou um reservatório de água (REFSUM *et al.*, 2002b). A contaminação das aves pode estar associada à qualidade sanitária ambiental (WAHLSTROM et al., 2003) seja a partir de resíduos de esgoto contaminado (FRICKER, 1984) ou mesmo com lixo humano (KOHLENER, 1993).

A salmonelose associada a répteis também representa uma questão de Saúde Pública. Estes animais possuem a habilidade de abrigar diferentes sorotipos de *Salmonella* spp. os quais podem se constituir em fonte de infecção para a disseminação da doença. Os répteis podem apresentar sintomas caracterizados por diarreia e caquexia ou ainda, um quadro assintomático (GEUE; LÖSCHNER, 2002). A ausência de

sintomatologia é a característica mais marcante da salmonelose em répteis (WEIL; MARTENS; HARTE, 1995) o que evidencia uma possível latência nestes animais (MACIEL; REZENDE; SRIRANGANATHAN, 2017). Assim como ocorre com os répteis, as bactérias do gênero *Salmonella* também estão presentes no trato intestinal dos anfíbios (MORENO et al., 1995) e ambos os grupos estão associados a infecção em humanos (MERMIN et al., 2004).

A prevalência da salmonela em anfíbios varia segundo as espécies hospedeiras. Dessa forma, sabe-se que ela é maior entre rãs e sapos do que em salamandras, sendo, geralmente, assintomática (EVERARD et al., 1979). A fonte de contaminação para os humanos costuma ser o contato com os animais, tendo sido relatado surtos de *S. Typhimurium* a partir de rãs (CDC, 2010) e de *S. Javiana* a rãs e sapos (SRIKANTIAH; LAY; CRUMP, 2002).

Os répteis, anfíbios e aves podem se contaminar antes mesmo de seu nascimento, ou seja, a partir do ovário, oviduto e cloaca, caracterizando assim uma transmissão transovariana. Em seu habitat natural, a infecção pode ocorrer pela ingestão de fezes que posteriormente, contamina tanto a água quanto os alimentos. Deve-se ainda considerar que a salmonela pode ser transportada a partir do solo, insetos e fonte hídrica (IZADJOO; PANTOJA; SIEBELING, 1987). No ambiente doméstico, a alimentação destes animais pode ser a fonte da bactéria (MURRAY, 1991).

Os peixes podem ser acometidos por uma diversidade de sorotipos de salmonela (MUSTO et al., 2006) tendo como principal sintomatologia clínica a septicemia (KODAMA et al., 1987). Por outro lado, assim como ocorre com anfíbios e répteis, podem mostrar-se assintomáticos ao mesmo tempo em que eliminam o agente bacteriano (BOCEK; BRADY; ROGERS, 1992). Em fazendas de cultivo de peixes a ração pode representar a principal fonte de infecção. A contaminação em humanos pode se dar de forma direta, e indireta quer a partir do contato com peixes infectados ou tanques utilizados nas estações aquícolas. Ainda assim, há informações limitadas quanto ao risco potencial da salmonelose em peixes que possam ligar as atividades de aquicultura a contaminação em animais silvestres e desequilíbrios ambientais (LUNESTAB et al., 2007). No entanto, peixes oriundos de ambientes aquáticos contaminados com resíduos de esgoto podem abrigar salmonelas no trato gastrointestinal podendo o agente permanecer viável em bagres por até 29 dias. Peixes de água doce também podem ser contaminados a partir de efluentes de esgotos tratados de maneira inadequada (FOLTZ, 1969).

Em relação aos animais invertebrados, a exemplo de moscas, formigas, baratas e borboletas, não se sabe ao certo o risco que estes desempenham na manutenção do ciclo da *Salmonella* spp. Por outro lado, este agente já foi isolado nos organismos citados tendo inclusive determinado a morte de borboletas (KURSTAK; VEGA; SONEA, 1968). Ao mesmo tempo, os invertebrados desempenham papel em saúde pública porque podem atuar como reservatórios e vetores do agente contribuindo para a manutenção e disseminação da doença para animais de companhia e de produção, os silvestres e mesmo, o homem. Neste sentido, pode-se citar o papel que os ácaros desempenham na transmissão da salmonelose a galinhas e o das moscas domésticas ao homem (HOELZER; SWITT; WIEDMANN, 2011).

Independentemente da espécie animal envolvida no ciclo de contaminação da salmonelose a capacidade de uma espécie desenvolver a doença está diretamente associada ao seu status sanitário e a presença de outras doenças concomitantes (SMITH; MAZET; HIRSH, 2002). Ao mesmo tempo, fatores antropogênicos, a exemplo da geração de resíduos sólidos, e alteração do meio ambiente, permitem a manutenção de fontes contínuas do agente contribuindo assim para a manutenção da transmissão e epidemiologia da salmonelose em animais silvestres, domésticos e para o próprio homem (FRICKER, 1984).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Área de Estudo

A amostragem dos animais foi realizada em 12 pontos de coletas (três pontos para captura de aves silvestres e 10 pontos para captura de pequenos mamíferos silvestres) localizados em cinco municípios da região Sul da Bahia (Ilhéus, Una, Uruçuca, Belmonte e Mascote) (Fig. 1), em áreas de bioma de Mata Atlântica cujo clima é tipicamente tropical úmido com temperatura média anual de 24° C e apresenta índice pluviométrico com precipitação anual na faixa de 1300 mm (THOMAS, 2003).

A captura das aves foi realizada nos municípios de Uruçuca, Ilhéus e Una, em três pontos de coleta (P01, P02 e P03) com as seguintes coordenadas geográficas: P01 (município de Uruçuca na localidade Fazenda Matinha: 14°35'58.3"S 39°16'33.7"W); P02 (município de Ilhéus na localidade da UESC: 14°47'52.06"S 39°10'33.366"W); P03 (município de Una na Fazenda RPPN Nova Angélica: 15°14'59.0"S 39°04'41.0"W). P01 corresponde a um fragmento do sistema agroflorestral Cabruca que é aquele no qual se consorcia mata reflorestada com lavoura de cacau.

A amostragem dos pequenos mamíferos foi desenvolvida na mesorregião do Sul Baiano, em 10 pontos de coleta (P03 – P12), localizadas nos municípios de Una, Mascote e Belmonte, estando assim discriminadas: no município de Una: P03 Fazenda RPPN Nova Angélica, coordenadas 15°14'59.0"S 39°04'41.0"W); P04 (Fazenda Cariri, coordenadas 15°09'57.8"S 39°13'10.1"W); P05 (Fazenda Juerana, coordenadas 15°12'35.9"S 39°08'37.4"W); P06 (Fazenda Colônia de Una, coordenadas 15°14'53.1"S 39°09'34.3"W) e P07 (Fazenda Faraó, coordenadas 15°20'53.0"S 39°02'43.5"W); no município de Mascote: P08 (Fazenda Juazeiro, coordenadas 15°42'53.6"S 39°21'52.6"W); P09 (Fazenda Sempre Viva, coordenadas 15°43'40.9"S 39°22'56.7"W) e P10 (Fazenda Lagoa Pequena, coordenadas 15°48'01.9"S 39°30'23.8"W); e no município de Belmonte: P11 (Fazenda Ouro Verde, coordenadas 15°53'40.4"S 39°14'19.2"W); P12 (Fazenda Boca do Córrego, coordenadas 15°54'03.0"S 39°13'40.4"W).

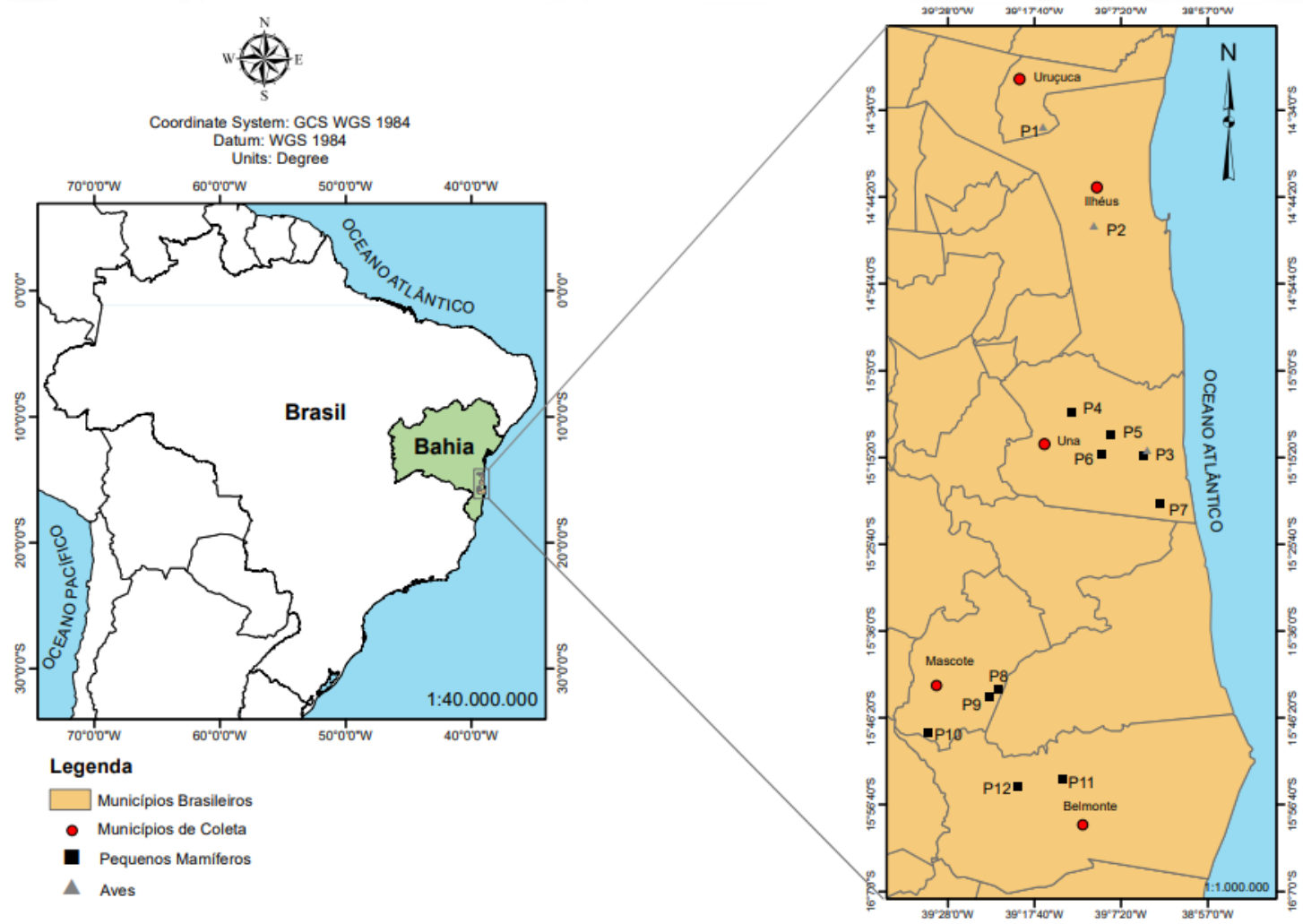


Fig. 1 – Locais de coletas de aves, marsupiais e roedores no Sul da Bahia, Brasil.

4.2. Coleta de Animais para o Estudo

As 114 aves foram amostradas nos municípios de Una, Uruçuca e Ilhéus utilizando redes de neblina por um período de cinco dias consecutivos e cerca de 10 horas diárias. Nestas áreas empregou-se esforço de captura de 32.400 h.m². Em Una as capturas foram feitas em 2016 (setembro e dezembro) e 2017 (março e agosto). No município de Uruçuca as coletas foram realizadas de maio a junho de 2017. Em Ilhéus o sítio foi amostrado em 2016 (novembro) e 2017 (março e junho). Após a captura, os espécimes eram removidos das redes, identificados e classificados consoante Sigrist (2013), numerado com numeração crescente, fotografados, marcados temporariamente com tinta atóxica e, em seguida, liberados no próprio sítio amostrado. Estas aves foram capturadas com licença do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) mediante o protocolo 53000-1 e aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais da Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC) – CEUA/UESC segundo o protocolo 014/2014.

Um total de 81 pequenos mamíferos foi capturado utilizando armadilhas de queda (pitfall traps), Tomahawk e Sherman em um período de 10 noites consecutivas com esforço de captura total de 13.020 armadilhas por noite ao longo de todos os sítios durante todo o período do estudo. As coletas ocorreram em 2015 no município de Una (em junho e julho) e nos municípios de Belmonte e Mascote (em agosto). Após a coleta, os animais foram eutanasiados, segundo Silva, Dias e Cubas (2006) com injeção intramuscular na porção glútea: roedores (100 mg/kg de cloridrato de quetamina + 5 mg/kg de cloridrato de xilazina) e marsupiais (30 mg/kg de cloridrato de quetamina + 2 mg/kg de cloridrato de xilazina). Em seguida, retiradas amostras dos intestinos que foram conservados em RNAlater (Thermo Fisher Scientific) a -20°C, para posterior extração de DNA total para a quantificação molecular de *Salmonella* spp. Todos os exemplares foram identificados taxonomicamente (BONVICINO; OLIVEIRA; D'ANDREA, 2008), taxidermizados, tombados e depositados na Coleção de Mamíferos Alexandre Rodrigues Ferreira (CMARF) da UESC. No entanto, filhotes e fêmeas grávidas e lactantes foram identificados com brincos de alumínio numerados e devolvidos no local de origem da captura. As coletas dos indivíduos foram realizadas consoantes as diretrizes éticas do Colégio Brasileiro de Experimentação Animal e do Conselho Federal de Medicina Veterinária (CFMV, 2013) mediante autorização do SISBIO sob o número 17131-4 e, pela Comissão de Ética no Uso de Animais da Universidade Estadual de Santa Cruz - CEUA – UESC (Processo N° 003/2013).

Todas as coletas foram realizadas em conjunto com outros trabalhos desenvolvidos nestas áreas ou em parte delas (BRITO JUNIOR, 2017; GARCIA, 2016; ROCHA, 2018; SILVA, 2017).

4.3. Isolamento e Identificação de *Salmonella* a partir de Amostras Fecais

Aproximadamente 1 g de fezes foi coletado por meio de *swab* cloacal (em aves) e retal (em pequenos mamíferos), e incubadas em 1 ml de Água Peptonada Tamponada – APT (Liofilchem) a 37°C por 24 horas para o pré-enriquecimento. Em seguida, realizou-se o enriquecimento seletivo em 1 ml de caldo Rapaport Vasiliadis - RPV (Oxoid Ltd.) a 37°C / 24 horas. No terceiro dia fez-se isolamento em Ágar Xilose-Lisina-Desoxicolato - XLD (Neogen Corporation - Acumedia) e Ágar Entérico de Hektoen - HE (Becton, Dickinson and Company Sparks), ambas incubadas em estufa a 37°C / 24 horas. As colônias suspeitas foram inoculadas em 1 ml de Caldo Triptona Soja – TSB (HiMedia Laboratories Pvt. Ltd.) e incubadas a 37°C / 24 horas. A identificação bioquímica presuntiva foi realizada utilizando Ágar Ferro Triplo Açúcar TSI (HiMedia Laboratories Pvt. Ltd.), Ágar Lisina Ferro - LIA (HiMedia Laboratories Pvt. Ltd.) e prova da Urease (Neogen Corporation - Acumedia).

As colônias presuntivas de *Salmonella* spp. identificadas nas provas bioquímicas foram confirmadas através da técnica de PCR. Cada 25 µL l da reação continha: tampão de PCR 1X (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA); 1,25 mM MgCl₂ (Invitrogen); 200 µM dNTP; 10 pmol de cada iniciador ST11 (5'-AGCCAACCATTGCTAAATTGGCGCA-3') e ST15 (5'-TTTGCGACTATCAGGTTACCGTGG-3'), específico para o gênero *Salmonella* (AABO et al., 1993); 1,25U de Taq DNA polimerase (Invitrogen) e uma colônia suspeita do patógeno. O volume da reação foi completado para 25 µL com água estéril livre de nucleases. Para o controle positivo utilizou *Salmonella* Enteritidis PT1, no controle negativo a colônia foi omitida da reação. As reações foram realizadas em termociclador Proflex PCR system (Applied Biosystems, Life Technologies, Carlsbad, USA) e os ciclos de amplificação consistiram em 5 min a 94°C para desnaturação inicial, seguido por 35 ciclos (30 seg a 94°C, 30 seg a 62°C e 1 min a 72°C) e um passo de extensão final de 7 min a 72°C. A visualização do produto PCR foi realizada em gel de agarose a 1% corado com SYBER-Green (Invitrogen) e examinado sob luz UV.

As amostras positivas na PCR foram cultivadas em Ágar Trypticato de Soja - TSA e enviadas para o Laboratório de Enterobactérias da Fundação Oswaldo Cruz

(FIOCRUZ), Rio de Janeiro, para que fosse realizada a sorotipificação utilizando antissoros específicos de sorogrupo e sorotipo.

4.4. Teste de Susceptibilidade Antimicrobiana

A susceptibilidade aos antibióticos foi determinada pelo método de disco-difusão, em ágar Mueller-Hinton (HiMedia Laboratories Pvt. Ltd.), com suspensão bacteriana de turbidez igual a escala McFarland 0.5, de acordo com a metodologia Kirby-Bauer (Bauer et al., 1966), conforme as instruções estabelecidas pelo *Clinical Laboratory Standards Institute* (WAYNE, 2014). Foram utilizados discos de amicacina (30 µg), amoxicilina / ác. clavulânico (20/10 µg), ampicilina+sulbactam (10/10 µg), cefepime (30 µg), cefoxitina (30 µg), ciprofloxacina (5 µg), cloranfenicol (30 µg), gentamicina (10 µg), imipenem (10 µg), lomefloxacina (10 µg), norfloxacina (10 µg), piperacilina tazobactam (100/10 µg), sulfazotrim (sulfametoxazol trimetoprim 25 µg), tobramicina (10 µg) e trimetoprim (5 µg) (LABORCLIN – Produtos para Laboratórios Ltda; Pinhais – Paraná; Brasil). A cultura de *Escherichia coli* ATCC 25922 foi utilizada para o controle de qualidade do teste.

4.5 PCR Quantitativa em Tempo Real para a Pesquisa de *Salmonella* spp. em Amostras Intestinais de Pequenos Mamíferos

Uma porção de aproximadamente 1 g da região Íleo-cecal de pequenos mamíferos foi coletada em 30,86% dos animais capturados (25 animais de um grupo de 81 indivíduos). O DNA total foi extraído através do Kit de extração Easy DNA (Invitrogen) e quantificado a 260 e 280 nm através do Nano Drop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, Massachusetts, USA). Em seguida, uma PCR quantitativa em tempo real (qPCR) foi realizada visando a quantificação de *Salmonella* spp. no conteúdo intestinal. As amplificações foram realizadas em um volume final de 20 µL contendo 2 µL de DNA a 50 ng/ µL, 10 µL de reagente Sybr Select Master Mix, 0,5 µL de *primers* senso (5'-CGGCGAATTTTGGCGACTAT-3') e anti-senso (5'-TGGCTTCGCTTTATGTTCTGA-3') (LOPES; ALBUQUERQUE; MACIEL, 2018), ambos na concentração de 5 µM. O volume da reação foi completado com água ultra-pura estéril (livre de DNase e RNase). Cada corrida consistiu de um ciclo de 50° C por 2 min; um ciclo de 95° C por 2 min; 45 ciclos de 95° C por 3 seg, 60° C por 30 seg. A curva de dissociação consistiu de um ciclo de 95° C por 15 seg (rampa de 1,6°C/seg), 60°C por 1 min (rampa de 1,6°C/seg), 95°C por 15 seg (rampa de 0,15°C/seg).

4.6. Análise Estatística dos Dados

Foi aplicado o Teste do Sinal, que é um método estatístico não-paramétrico, para verificar a concordância das metodologias testadas na identificação da *Salmonella* spp.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram analisadas 195 amostras de animais silvestres, sendo 114 aves [77 de sexo indefinido (13 jovens e 64 adultos), 19 machos (7 jovens e 12 adultos), 18 fêmeas (5 jovens e 13 adultos)] e 81 pequenos mamíferos terrestres [55 machos (8 jovens, 43 adultos, 1 infantil e 3 sub-adulto) e 26 fêmeas (9 jovens, 16 adultos e 1 sub-adulto)]. Enquanto as aves corresponderam a um total de 32 diferentes espécies, sendo que destas quatro não foram identificadas (Tabela 1), os mamíferos classificaram-se em seis espécies de marsupiais (família Didelphidae, n=32) e 11 de roedores (família Cricetidae n=47 e família Sciuridae, n=2) (Tabela 2). Nenhum dos animais apresentava sintomatologia ou lesões patológica que pudessem ser associadas à salmonelose.

Tabela 1: Identificação taxonômica e distribuição geográfica das aves silvestres provenientes da Mata Atlântica do Sul da Bahia, Brasil.

Ordem	Família	Espécie	Pontos (Quantidade de exemplares)
Apodiformes	Trochilidae	<i>Anthracothorax nigricollis</i>	P2 (1)
		<i>Glaucis dohrnii</i>	P2 (1)
Columbiformes	Columbidae	<i>Geotrygon montana</i>	P3 (1)
		<i>Leptotila rufaxilla</i>	P2 (5)
Passeriformes	Dendrocolaptidae	<i>Campylorhamphus trochilirostris</i>	P3 (1)
		<i>Dendrocincla turdina</i>	P1 (3), P2 (3), P3 (1)
		<i>Dendrocolaptes platyrostris</i>	P2 (2)
		Espécie não identificada	P2 (1)
		<i>Glyphorhynchus spirurus</i>	P3 (4)
		<i>Sittasomus griseicapillus</i>	P1 (1)
		<i>Xiphorhynchus fuscus</i>	P1 (2), P2 (2), P3 (4)
		Fringillidae	<i>Euphonia chlorotica</i>
	Furnariidae	<i>Automolus leucophthalmus</i>	P3 (1)
	Grallariidae	Espécie não identificada	P3 (1)
	Onychorhynchidae	<i>Myiobius barbatus</i>	P2 (1)
	Passerellidae	<i>Arremon taciturnus</i>	P2 (1)
	Pipridae	<i>Ceratopipra rubrocapilla</i>	P2 (7*), P3 (5)
		<i>Dixiphia pipra</i>	P3 (9)
		<i>Machaeropterus regulus</i>	P1 (1), P3 (5)
		<i>Manacus manacus</i>	P2 (3), P3 (4)
	Rhynchocyclidae	Espécie não identificada	P3 (1)
	Thraupidae	<i>Coereba flaveola</i>	P2 (1)
		<i>Saltator maximus</i>	P2 (1)
		<i>Tangara palmarum</i>	P2 (2)
<i>Tangara seledon</i>		P2 (1)	
Turdidae	<i>Turdus amaurochalinus</i>	P2 (1)	
	<i>Turdus leucomelas</i>	P1 (1), P2 (9), P3 (8)	
	<i>Turdus rufiventris</i>	P1 (7), P2 (5), P3 (1)	
Tyrannidae	<i>Attila rufus</i>	P1 (2)	
	Espécie não identificada	P3 (1)	
	<i>Rhytipterna simplex</i>	P2 (1)	
Piciformes	Picidae	<i>Celeus flavescens</i>	P3 (1)

Uruçuca (P1); Ilhéus (P2); Una (P3).

* um exemplar foi positivo para *Salmonella enterica* sorotipo Agona

Tabela 2: Identificação taxonômica e distribuição geográfica dos pequenos mamíferos silvestres provenientes da Mata Atlântica do Sul da Bahia, Brasil.

Ordem	Família	Espécie	Pontos (Quantidade de exemplares)
Didelphimorphia	Didelphidae	<i>Didelphis aurita</i>	P3 (1)
		<i>Gracilinanus agilis</i>	P10 (3), P12 (2)
		<i>Marmosa demerarae</i>	P3(1), P4 (1)
		<i>Marmosa murina</i>	P3(1), P4 (1), P6(3), P7 (1), P8 (3), P9 (1), P11 (2), P12 (4)
		<i>Marmosops incanus</i>	P10 (4), P11(1)
		<i>Monodelphis americana</i>	P11 (2), P12 (1)
Rodentia	Cricetidae	<i>Akodon cursor</i>	P9 (1), P12 (1)
		<i>Calomys expulsus</i>	P10 (2)
		<i>Cerradomys vivoi</i>	P9 (1)
		<i>Euryoryzomys russatus</i>	P11(1)
		<i>Hylaeamys seuanezi</i>	P4 (4), P5 (1), P9 (1), P11 (17), P12 (9)
		<i>Neocromys lasiurus</i>	P10 (1)
		<i>Oecomys catherinae</i>	P11 (1)
		<i>Oligoryzomys nigripes</i>	P10 (1)
		<i>Rhipidomys mastacalis</i>	P3 (1), P10 (1), P11 (2)
		<i>Thaptomys nigrita</i>	P11 (1), P12 (1)
		Sciuridae	<i>Guerlinguetus brasiliensis</i>

Una (P3, P4, P5, P6, P7); Mascote (P8, P9, P10); Belmonte (P11 e P12).

Após as provas bioquímicas, a PCR confirmou apenas uma amostra positiva para *Salmonella* spp., presente em uma ave da espécie *Ceratopipra rubrocapila* (Fig. 2). Este exemplar era uma fêmea adulta e foi encontrada na Cabruca do sítio UESC (P02). Estatisticamente, houve concordância nas duas metodologias testadas, ou seja, a *Salmonella* foi identificada tanto pelas provas bioquímicas quanto pela PCR nesta única amostra.

Na sorotipificação, este isolado foi identificado como *Salmonella enterica* sorotipo Agona. Ao nosso conhecimento, este é o primeiro estudo que identificou *Salmonella* nessa espécie. Esta amostra foi submetida ao Teste de Susceptibilidade Antimicrobiana e apresentou resistência intermediária a amicacina e gentamicina e sensibilidade aos demais antimicrobianos testados.



Figura 2: Exemplar da espécie *Ceratopipra rubrocapilla* positiva para *Salmonella* Agona.
Foto: Josiane Moreira Rocha, 2017.

A *Ceratopipra rubrocapilla*, vulgarmente conhecida como cabeça-encarnada, é uma ave passeriforme da família Pipridae (SIGRIST, 2013). Estes animais possuem comprimento médio de 10 cm com machos pesando cerca de 10,9 a 13,9 gramas e fêmeas de 12,7 a 16,6 gramas. Estes indivíduos possuem acentuado dimorfismo sexual o que é evidenciado por machos com plumagem preta de aspecto brilhante e cabeça vermelha enquanto as fêmeas caracterizam-se por penas verdes-oliva nas partes superiores e acinzentadas na região inferior do corpo (SNOW, 2018). Esta espécie é classificada como monotípica por não apresentar, até então, subespécies conhecidas (CLEMENTS, et al., 2012). Pode ser encontrada tanto na Amazônia, ao sul do Rio Amazonas, quanto em regiões de Mata Atlântica e ainda em países como Bolívia e Peru, particularmente em florestas úmidas e áreas de capoeira (SNOW, 2018). Estes animais comumente se alimentam de pequenos frutos e contribuem para a dispersão de sementes de várias espécies vegetais (DARIO, 2017), o que permite a preservação de áreas de mata e floresta (SUCCO et al., 2016).

Nosso estudo demonstrou baixa prevalência de *Salmonella* em aves silvestres. Tessier et al. (2016) realizaram uma pesquisa com 62 pássaros silvestres (n=268), sendo 30 *Columba livia*, 19 *Pterodroma barau*, 10 *Puffinus lherminieri* e três *Phaethon lepturus*, e nas duas primeiras espécies todos os resultados foram negativos para a bactéria, as últimas apresentaram cada uma, um exemplar positivo. No entanto, deve-se frisar que enquanto esta pesquisa foi desenvolvida com amostras de aves oriundas de

locais industriais e centros de resgate, a nossa foi realizada com indivíduos de áreas de fragmentos de Mata Atlântica pouco antropizadas. Brittingham, Temple e Duncan (1988) desenvolveram um trabalho com 364 passeriformes e pica-paus no qual não foi encontrado nenhum isolado positivo para *Salmonella*. Os trabalhos de Gaukler et al. (2009) e Krawiec et al. (2015), também evidenciam poucos resultados positivos para *Salmonella* em aves silvestres.

Analisando-se amostras fecais e *swabs* cloacais de 30 passeriformes da espécie *Paroaria dominicana* e 19 da *Paroaria coronata*, oriundas de indivíduos apreendidos em ações de combate ao comércio ilegal de animais silvestres no estado de São Paulo/Brasil, isolou-se bactérias gram-negativas de oito gêneros distintos, sendo sete da família Enterobacteriaceae. Ainda que as maiores prevalências sejam para *Escherichia coli* (42/49) e *Klebsiella pneumoniae* (28/49) dois espécimes *Paroaria dominicana* foram positivos para *Salmonella* spp. A possível causa para a situação sanitária destes cardeais é o estresse decorrente das condições presentes no tráfico de animais silvestres (CUNHA et al., 2016).

Suphoronski et al (2015) recolheram esfregaços cloacais de 471 aves silvestres livres e de cativeiro nas cidades de Guarapuava e Tijucas do Sul, Paraná/Brasil, e observou-se positividade de 69,38% para *E. coli*, 23,32% para *Salmonella* sp., 34,29% às duas, simultaneamente, e 8,30% mostraram-se negativas. Ao avaliar a frequência de bactéria segundo a ordem taxonômica observou-se que enquanto a *E. coli* ocorria em 82,33% das Columbiformes (n=228), *Salmonella* sp. estava presente em 46,67% dos Passeriformes (n=63). Nas aves passeriformes isolou-se *E. coli* em 52,22% dos exemplares. Segundo Alves; Lima; Araújo (2013) e Fernandes-Ferreira et al (2012) a transmissão de agentes infecciosos no ambiente de cativeiro pode ser favorecida pelo maior contato entre os indivíduos e pela pluralidade do status sanitário destes. Em nosso estudo avaliamos apenas animais de vida livre e pesquisamos somente bactérias do gênero *Salmonella* a qual se mostrou positiva em 1/114 das aves amostradas.

Godoy; Matushima, (2010) realizou necropsia em 360 passeriformes de 23 diferentes espécies amplamente distribuídas no território brasileiro. Estes animais foram apreendidos a partir de operações de combate ao tráfico de animais silvestres e apresentavam escore corporal classificado em ruim (61,4% = 221), adequado (28,3% = 102) e bom (10,3% = 37). A maioria destas aves (78,6% = 283) morreu de doenças infecciosas, principalmente as de origem viral (38,2% = 108), destacando-se o poxvírus que causou óbito em 102 espécimes. No entanto, as bactérias tiveram um impacto

menor causando a morte de 3,5% (10/283) e destas, duas foram por hepatite associada à *Salmonella* sp.

Um grupo de 126 columbiformes da espécie *Columbia livia* de vida livre, oriundos de área urbana, apresentou positividade de 7,96% (10/126) para bactérias do gênero *Salmonella*. Destes 10 pombos, dois eram juvenis, o que poderia indicar que o desenvolvimento da doença foi decorrente da imaturidade do sistema imunológico no combate ao agente. Neste estudo também se detectou anticorpos de *Toxoplasma gondii* em 120 soros testados (0,83%). Houve isolamento de *Salmonella* tanto nas gônadas quanto nos pulmões (DE SOUZA et al., 2010) e isto pode sugerir transmissão vertical para o primeiro (BACK, 2010) e para o segundo, a partir da via respiratória (KALLAPURA et al., 2014). Amostras de 182 Psittaciformes de um zoológico e um estabelecimento comercial revelou baixa prevalência de *Salmonella* (1,65%) em 36 diferentes espécies. Os resultados identificaram três sorotipos: Lexington, Saintpaul e Newport (LOPES et al., 2014).

Salmonella enterica sorotipo Agona no período de 2006 nos Estados Unidos, figurava entre os vinte principais sorotipos humanos que acometiam animais (CDC, 2009). É um dos mais predominantes sorotipos isolados de bovinos com sinais clínicos de salmonelose. No entanto, em suínos este pode ocorrer em animais doentes e assintomáticos. Ao mesmo tempo, observa-se que *S. Agona* pode ainda ser encontrada em répteis, aves (não domésticas, anseriformes, galiformes), roedores, pequenos ruminantes, animais de companhia, a exemplo de cães e gatos, bem como, os silvestres (HOELZER; SWITT; WIEDMANN, 2011). Em um estudo realizado na Universidade Estadual de Santa Cruz – UESC em Ilhéus no estado da Bahia (Brasil) com 30 teiús (*Tupinambis merianae*) nascidos em cativeiro, *S. Agona* foi um dos sorotipos mais prevalentes tendo sido isolado em 27% dos indivíduos adultos (MACIEL et al., 2010). Um estudo realizado em Kentucky, nos Estados Unidos, de 1980 a 1984, demonstrou que dos 283 isolados de salmonela oriundos de equinos, 87 pertenciam ao sorotipo Agona, perfazendo um total de 30.74%. Estes animais apresentavam um quadro clínico que incluía diarreia, septicemia, e problemas reprodutivos como infertilidade e aborto (DONAHUE, 1986). Uma característica da *Salmonella* Agona que a diferencia de outros sorotipos é que a mesma não possui a capacidade de se aderir a superfícies vegetais, a exemplo das folhas (BERGER, et al., 2010).

Pesquisou-se *Salmonella* em 111 gaivotas (n=791) e 4% destas aves mostraram-se positivas tendo-se isolado *Salmonella* Oranienburg, *Salmonella* Livingstone,

Salmonella Agona e *Salmonella* Typhimurium DT 195. No entanto, as amostras dos demais animais silvestres foram todas negativas. Deve-se frisar que três das quatro amostras foram de aves localizadas próximas a depósitos de lixo o que pode assinalar esta positividade a um ambiente contaminado (WAHLSTRÖM et al., 2003). Um total de 2114 amostras fecais de *swab* ambiental e cloacal de Pinguins de Magalhães (*Spheniscus magellanicus*) foi coletado na Patagônia Chilena. Neste estudo identificaram-se três cepas de *S. Agona* e cinco de *S. Enteritidis* representando uma taxa de infecção de 0.88%, sendo que o sorotipo Agona mostrou resistência ao ceftiofur e Enteritidis a tetraciclina. O estudo também mostrou que algumas destas linhagens possuem um perfil genotípico muito semelhante a de cepas isoladas a partir de gaivotas e do homem indicando um possível ciclo de transmissão do agente bacteriano entre espécies (DOUGNAC et al., 2015). Fresno et al (2013) isolou *S. Agona* em aves marinhas no Chile e o sorotipo evidenciou susceptibilidade a ácido amoxicilina-clavulânico, ampicilina, cefotaxima, cefadroxil, cefradina, ceftiofur, enrofloxacina, gentamicina, trimetoprim-sulfametoxazol e tetraciclina.

Em nosso estudo, *S. Agona* mostrou resistência intermediária aos antimicrobianos amicacina e gentamicina. Por outro lado, *S. Agona*, oriunda de teiús, expressou sensibilidade a gentamicina, ampicilina e cloranfenicol. Este mesmo trabalho evidenciou resistência a sulfonamida enquanto a tetraciclina apresentou resistência intermediária (MACIEL et al., 2010). No entanto, uma pesquisa constatou que 79 de 83 isolados deste mesmo sorotipo mostraram-se resistentes a gentamicina e cloranfenicol (DONAHUE, 1986). A disseminação de agentes resistentes a antibióticos nas zoonoses, principalmente para humanos, pode apontar falhas no tratamento indicando equívocos no sistema de controle das doenças (BOTTI et al., 2013). Outra razão para o aumento da resistência a antibióticos é que algumas propriedades rurais utilizam estes medicamentos para o tratamento e profilaxia das doenças aplicando hiper ou subdosagem ou mesmo um período de tratamento inadequado. Em certos casos, os antibióticos em dosagens subterapêuticas são ofertados juntamente com a ração com o objetivo de atuar como promotor de crescimento (GRAZIANI et al., 2005). Em animais silvestres a prevalência de cepas resistentes aos antibióticos alcançou valores semelhantes ao observado no homem e em animais domésticos, devido a presença de genes de resistência, bactérias resistentes e resíduos de antimicrobianos, os quais contaminam o meio ambiente e conseqüentemente, expõem a fauna silvestre (GILLIVER et al., 1999). Todas estas condições, isoladas ou associadas entre si, podem

favorecer o aumento e multiplicação da resistência dos patógenos aos mais diversos agentes antimicrobianos (GRAZIANI et al., 2005). A identificação destas causas, com posterior controle e eliminação, é fundamental para conter o aparecimento de novos perfis de resistência (BOTTI et al., 2013).

Quanto aos pequenos mamíferos silvestres, nosso estudo não evidenciou isolados de *Salmonella* tanto nos roedores quanto nos marsupiais. De igual modo, nos achados de Boti et al. (2013) nenhum roedor foi positivo para *Salmonella*. Iovine et al. (2015) isolou duas cepas *Salmonella enterica*, sorotipo Belem e subespécie *diarizonae* sorotipo 60: r: e, n, z15 de um morcego e de um roedor, respectivamente, a partir do *swab* retal de um grupo de 36 mamíferos silvestres de vida livre. Apesar deste trabalho ter sido realizado em uma área de Mata Atlântica e outra da Amazônia, os resultados positivos foram de indivíduos apenas desta última. Em nosso experimento, tanto os exemplares das aves quanto dos mamíferos são oriundos de fragmentos da Mata Atlântica. Backhans et al. (2013) realizou um estudo com 207 roedores silvestres, oriundos de áreas agrícolas e não agrícolas na Suécia, e identificou um único caso positivo de *Salmonella enterica* sorotipo Typhimurium a partir do cultivo em uma subpopulação de 11 indivíduos capturados de uma fazenda avícola. No entanto, esta amostra presuntiva não foi confirmada na PCR em tempo real realizada a partir de amostra de cólon. Isto pode ter ocorrido porque a quantidade de bactéria era muito pequena o que não permitiria a sua mensuração.

Embora nossas amostras de marsupiais não tenham revelado indivíduos positivos para *Salmonella*, Ruiz-Pina et al. (2002) realizou um estudo, em área semiurbana, com 17 marsupiais (n=91) do gênero *Didelphis* e cinco gambás mostraram-se positivos com cinco sorotipos distintos de *Salmonella enterica*, Anatum, Minnesota, Newport, Sandiego e O44:z4,z23. Assim como ocorreu em nosso experimento, Portas et al. (2014) apresentou resultado negativo para sorovares de *Salmonella* spp ao analisar 14 *swabs* retais (n=60) de marsupiais da espécie *Bettongia gaimardi*. Silveira et al. (2018) também demonstrou ausência de *Salmonella* spp. em pequenos mamíferos da família Didelphidae, estando inclusos 11 gambás da espécie *Didelphis albiventris* e um indivíduo, chamado vulgarmente de Cuíca, da espécie *Monodelphis dimidiata*. Por outro lado, Casagrande et al. (2011) isolou *Salmonella enterica* em 17,0% (18/106) dos *Didelphis aurita* e em 17,5% (7/40) nos *Didelphis albiventris*, em animais com ausência de sintomatologia típica de salmonelose e que habitavam áreas de mata ou nas proximidade de locais antropizados, ambas no Estado de São Paulo. Hart, Bradshaw e

Iveson (1985) identificaram mais de 100 isolados, com 20 diferentes tipos de sorotipos, em 87 marsupiais da espécie *Setonix brachyurus*. Esta prevalência se acentuava no verão, com taxas de infecção de 70 a 100%, porém, no inverno, este valor decaía a níveis de 0 a 30% em função do aumento da disponibilidade de alimentos de melhor qualidade na estação mais fria. Em nossas áreas de estudo não se verificam diferenças climáticas tão acentuadas que ensejem redução drástica de alimentos.

Epidemiologicamente falando, uma das principais características da *Salmonella* são os portadores latentes. A latência se caracteriza por um período no qual mesmo o indivíduo albergando a bactéria ele mostra-se assintomático, eliminando o patógeno de forma intermitente (TISCHLER; MCKINNEY, 2010). Entretanto, há um período no qual o agente não é eliminado nas fezes porque o mesmo fica escondido em compartimentos intracelulares, o que pode mascarar os resultados laboratoriais. Assim, estes portadores latentes se tornam reservatórios naturais e, por conseguinte, mantenedores do patógeno tanto na cadeia alimentar quanto na natureza. Ao mesmo tempo, portadores latentes também podem desenvolver resistência a antibióticos (MACIEL; REZENDE; SRIRANGANATHAN, 2017). Nesse sentido, considerando a importância que o ceco representa como reservatório da *Salmonella* spp. (DENG et al., 2007) analisamos 25 fragmentos intestinais da região íleo-cecal dos pequenos mamíferos e pudemos comprovar que estes animais não são portadores assintomáticos uma vez que os nossos resultados foram negativos.

O nosso estudo foi realizado em áreas de Mata Atlântica que é um dos biomas mais ricos em biodiversidade, abrigando centenas de espécies de plantas e animais (MYERS et al., 2000). Nesse sentido, mesmo com o desmatamento, a região Sul da Bahia possui fragmentos remanescentes de floresta, sendo considerada um centro de endemismo desse ecossistema (ARAÚJO et al., 1998). Este status de preservação ambiental é relevante porque ações antrópicas, a exemplo de ocupação irregular em floresta e o desmatamento, podem alterar e influenciar a epidemiologia das zoonoses criando condições para a disseminação dos agentes infecciosos e mesmo o ressurgimento de doenças emergentes (HASSELL et al., 2017).

6. CONCLUSÃO

Os nossos resultados podem sinalizar uma baixa prevalência de *Salmonella* spp. em aves silvestres, ou mesmo ausência em pequenos mamíferos provenientes da Mata Atlântica da região Sul da Bahia, apontando uma boa manutenção do status sanitário e

ecológico nas áreas amostradas. Ainda assim, considerando a heterogeneidade ambiental dos locais estudados, a partir da multiplicidade de espécies e nichos da Mata Atlântica, e ainda a antropização crescente deste bioma, faz-se necessário o monitoramento periódico em áreas de floresta para a identificação precoce de patógenos de importância na Saúde Pública e para avaliar a efetividade das medidas de controle já implementadas. Dentre estas ações mitigatórias podem-se citar a redução do desmatamento, controle da ocupação humana e da eliminação de resíduos e efluentes em matas, e a implantação e manutenção de áreas de proteção ambiental em propriedades rurais. Paralelamente, os dados registrados devem ser avaliados em conjunto com os elementos epidemiológicos e as variáveis sanitárias e ambientais. Este tipo de investigação é necessário porque os animais silvestres além de desempenharem papel ecológico podem atuar como reservatório de *Salmonella* spp. e dessa forma agir como espécie sentinela na identificação dos agentes infecciosos indicando a qualidade da saúde humana e ambiental e apontando os resultados de ações antrópicas em áreas florestais.

REFERÊNCIAS

AABO, S.; RASMUSSEN, O. F.; ROSSEN, L.; SORENSEN, P. D.; OLSEN, J. E. *Salmonella* identification by the polymerase chain reaction. *Mol. Cell. Probes* 7, 171–178, 1993.

ALVES, R. R. N.; LIMA, J. R. D. F.; ARAUJO, H. F. P. The live bird trade in Brazil and its conservation implications: an overview. **Bird Conservation International**, v. 23, n. 1, p. 53-65, 2013.

ARAUJO, M.; ALGER, K.; ROCHA, R.; MESQUITA, C. A Mata Atlântica do Sul da Bahia: Situação atual, ações e perspectivas. Conselho Nacional da Reserva da Biosfera da Mata Atlântica, São Paulo. Caderno 08. 1998.

ARYA, G.; HOLTSLANDER, R.; ROBERTSON, J.; YOSHIDA, C.; HARRIS, J.; PARMLEY, J.; NICHANI, A.; JOHNSON, R.; POPPE, C. Epidemiology, Pathogenesis, Genoserotyping, Antimicrobial Resistance, and Prevention and Control of Non-Typhoidal *Salmonella* Serovars. **Current Clinical Microbiology Reports**, v. 4, n. 1, p. 43-53, 2017.

BACK, Alberto. **Manual de doenças das aves**. Editora Coluna do Saber, 2004.

BACKHANS, A.; JACOBSON, M.; HANSSON, I.; LEBBAD, M.; LAMBERTZ, S. T.; GAMMELGÅRD, E.; SAAGER, M.; AKANDE, O.; FELLSTRÖM, C. Occurrence of pathogens in wild rodents caught on Swedish pig and chicken farms. **Epidemiology & Infection**, v. 141, n. 9, p. 1885-1891, 2013.

BAUER, A. W.; KIRBY, W. M.; SHERRIS, J. C.; TURCK, M. Antibiotic susceptibility testing by a standardized single disk method. **American Journal of Clinical Pathology**, v. 45, n. 4, p.

493, 1966.

BERGER, C. N.; SODHA, S. V.; SHAW, R. K.; GRIFFIN, P. M.; PINK, D.; HAND, P.; FRANKEL, G. Fresh fruit and vegetables as vehicles for the transmission of human pathogens. **Environmental Microbiology**, v. 12, n. 9, p. 2385-2397, 2010.

BERTRAND, S.; DE BEX, G. D. L.; WILDEMAUWE, C.; LUNGUYA, O.; PHOBA, M. F.; LEY, B.; JACOBS, J.; VANHOOF, R.; MATTHEUS, W. Multi locus variable-number tandem repeat (MLVA) typing tools improved the surveillance of *Salmonella* Enteritidis: A 6 Years retrospective study. **PloS One**, v. 10, n. 2, p. e0117950, 2015.

BILLINIS, C. Wildlife diseases that pose a risk to small ruminants and their farmers. **Small Ruminant Research**, v. 110, n. 2, p. 67-70, 2013.

BLANCO, G.; DE TUESTA, J. A. D. Culture-and molecular-based detection of swine-adapted *Salmonella* shed by avian scavengers. **Science of the Total Environment**, v. 634, p. 1513-1518, 2018.

BOCEK, A. J.; BRADY, Y. J.; ROGERS, W. A. Exposure of silver carp, *Hypophthalmichthys molitrix*, to *Salmonella* typhimurium. **Aquaculture**, v. 103, n. 1, p. 9-16, 1992.

BOHNHOFF, M.; MILLER, C. P.; MARTIN, W. R. Resistance of the mouse's intestinal tract to experimental *Salmonella* infection: I. factors which interfere with the initiation of infection by oral inoculation. **Journal of Experimental Medicine**, v. 120, n. 5, p. 805-816, 1964.

BONVICINO, C. R.; OLIVEIRA, J. A.; D'ANDREA, P. S. Guia dos roedores do Brasil, com chaves para gêneros baseadas em caracteres externos. Rio de Janeiro: Centro Pan-Americano de Febre Aftosa-OPAS/OMS, p. 120, 2008.

BOTTI, V.; NAVILLOD, F. V.; DOMENIS, L.; ORUSA, R.; PEPE, E.; ROBETTO, S.; GUIDETTI, C. *Salmonella* spp. and antibiotic-resistant strains in wild mammals and birds in north-western Italy from 2002 to 2010. **Veterinaria Italiana**, v. 49, n. 2, p. 195-202, 2013.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Manual técnico de diagnóstico laboratorial de *Salmonella* spp.: diagnóstico laboratorial do gênero *Salmonella***. Brasília: MS. 2011.

BRENNER, F. W.; VILLAR, R. G.; ANGULO, F. J.; TAUXE, R.; SWAMINATHAN. B. *Salmonella* nomenclature. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 38, n. 7, p. 2465-2467, 2000.

BRITTINGHAM, M. C.; TEMPLE, S. A.; DUNCAN, R. M. A survey of the prevalence of selected bacteria in wild birds. **Journal of Wildlife Diseases**, v. 24, n. 2, p. 299-307, 1988.

BRITTO JUNIOR, P. A. *Ocorrência de toxoplasma gondii em marsupiais e roedores silvestres na região Sul da Bahia*. 2017. Tese [Doutorado em Ciência Animal], Universidade Estadual de Santa Cruz, Bahia.

CASAGRANDE, R. A.; LOPES, L. F. L.; REIS, E. M. D.; RODRIGUES, D. D. P.; MATUSHIMA, E. R. Isolation of *Salmonella* enterica in opossum (*Didelphis aurita* and *Didelphis albiventris*) of the São Paulo State, Brazil. **Ciência Rural**, v. 41, n. 3, p. 492-496, 2011.

CDC - CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION (Preliminary FoodNet Data on the incidence of infection with pathogens transmitted commonly through food--10 States, 2008. **MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report**, v. 58, n. 13, p. 333, 2009.

CDC - CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION (CDC et al. Multistate outbreak of human *Salmonella* typhimurium infections associated with aquatic frogs-United States, 2009. **MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report**, v. 58, n. 51, p. 1433, 2010.

CEYSSENS, P. J.; MATTHEUS, W.; VANHOOF, R.; BERTRAND, S. Trends in serotype distribution and antimicrobial susceptibility in *Salmonella enterica* isolates from humans in Belgium, 2009 to 2013. **Antimicrobial Agents and Chemotherapy**, v. 59, n. 1, p. 544-552, 2015.

CFMV. Conselho Federal de Medicina Veterinária. Guia Brasileiro de Boas Práticas para Eutanásia em Animais. Brasília: Conselho Federal de Medicina Veterinária. 2013. 66p.

CLEMENTS, J. F.; SCHULENBERG, T. S.; ILIFF, M. J.; SULLIVAN, B. L.; WOOD, C. L.; ROBERSON, D. The eBird/clements checklist of birds of the world: Version 6.7. The Cornell Lab Ornithology, Ithaca, New York. **World Wide Web electronic publication, www. birds. cornell. edu/clementschecklist/download**, v. 2, p. 2014, 2012.

CUNHA, M. P. V.; GUIMARÃES, M. B.; DAVIES, Y. M.; MILANELO, L.; KNÖBL, T. Bactérias gram-negativas em cardeais (*Paroaria coronata* e *Paroaria dominicana*) apreendidos do tráfico de animais silvestres. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 53, n. 1, p. 107-111, 2016.

DARIO, F. R. Diversity of frugivorous and omnivorous birds in different stages of ecological succession in Amazon Rainforest fragments. **World News of Natural Sciences**, v. 15, p. 37-48, 2017.

DE LA TORRE, E.; ZAPATA, D.; TELLO, M.; MEJIA, W.; FRIAS, N.; PENA, F. G.; GARCÍA PEÑA, F.J.; MATEU, E. M.; TORRE, E. Several *Salmonella enteric* subsp. *Enterica* serotype 4, 5, 12: i:-phagetypes isolated from swine samples originate from serotype Typhimurium DT U302. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 41, n. 6, p. 2395-2400, 2003.

DE SOUSA, E.; JÚNIOR, A. B.; PINTO, A. A.; MACHADO, R. Z.; CARRASCO, A. D. O. T.; MARCIANO, J. A.; WERTHER, K. Prevalence of *Salmonella* spp. antibodies to *Toxoplasma gondii*, and Newcastle disease virus in feral pigeons (*Columba livia*) in the city of Jaboticabal, Brazil. **Journal of zoo and wildlife medicine**, v. 41, n. 4, p. 603-607, 2010.

DENG, S. X.; CHENG, A. C.; WANG, M. S.; CAO, P. Gastrointestinal tract distribution of *Salmonella* enteritidis in orally infected mice with a species-specific fluorescent quantitative polymerase chain reaction. **World Journal of Gastroenterology: WJG**, v. 13, n. 48, p. 6568, 2007.

DONAHUE, J. M. Emergence of antibiotic-resistant *Salmonella* Agona in horses in Kentucky. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, v. 188, n. 6, p. 592-594, 1986.

DOUGNAC, C.; PARDO, C.; MEZA, K.; ARREDONDO, C.; BLANK, O.; ABALOS, P.; VIDAL, R.; FERNANDEZ, A.; FREDES, F.; RETAMAL, P. Detection of *Salmonella enterica* in Magellanic penguins (*Spheniscus magellanicus*) of Chilean Patagonia: evidences of inter-species transmission. **Epidemiology & Infection**, v. 143, n. 6, p. 1187-1193, 2015.

DYET, K. H.; TURBITT, E.; CARTER, P. E. Multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis for discriminating within *Salmonella enteric* serovar Typhimurium definitive types and investigation of outbreaks. **Epidemiology and Infection**, v. 139, n. 07, p. 1050-1059, 2011.

- EKPERIGIN, H. E.; NAGARAJA, K. V. *Salmonella*. **Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice**, v. 14, n. 1, p. 17-29, 1998.
- ENG, S. K.; PUSPARAJAH, P.; AB MUTALIB, N. S.; SER, H. L.; CHAN, K. G.; LEE, L. H. *Salmonella*: a review on pathogenesis, epidemiology and antibiotic resistance. **Frontiers in Life Science**, v. 8, n. 3, p. 284-293, 2015.
- EVERARD, C. O.; TOTA, B.; BASSETT, D.; ALI, C. *Salmonella* in wildlife from Trinidad and Grenada, WI. **Journal of Wildlife Diseases**, v. 15, n. 2, p. 213-219, 1979.
- FERNANDES-FERREIRA, H.; MENDONÇA, S. V.; ALBANO, C.; FERREIRA, F. S.; ALVES, R. R. N. Hunting, use and conservation of birds in Northeast Brazil. **Biodiversity and Conservation**, v. 21, n. 1, p. 221-244, 2012.
- FRESNO, M.; BARRERA, V.; GORNALL, V.; LILLO, P.; PAREDES, N.; ABALOS, P.; FERNANDEZ, A.; RETAMAL, P. Identification of diverse *Salmonella* serotypes, virulotypes, and antimicrobial resistance phenotypes in waterfowl from Chile. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v. 13, n. 12, p. 884-887, 2013.
- FRICKER, C. R. A note on *Salmonella* excretion in the black headed gull (*Lams ribibundus*) feeding at sewage treatment works. **Journal of Applied Bacteriology**, v. 56, n. 3, p. 499-502, 1984.
- FOLTZ, V. D. *Salmonella* ecology. **Journal of the American Oil Chemists' Society**, v. 46, n. 5, p. 222-224, 1969.
- GARCÍA, J. F. V. *Diversidade taxonômica e funcional de pequenos mamíferos em paisagens antrópicas da Mata Atlântica do sul da Bahia, Brasil*. 2016. Tese [Doutorado em Ecologia e Conservação da Biodiversidade], Universidade Estadual de Santa Cruz, Bahia.
- GAUKLER, S. M.; LINZ, G. M.; SHERWOOD, J. S.; DYER, N. W.; BLEIER, W. J.; WANNEMUEHLER, Y. M.; NOLAN, L. K.; LOGUE, C. M. *Escherichia coli*, *Salmonella* and *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* in wild European starlings at a Kansas cattle feedlot. **Avian Diseases**, v. 53, n. 4, p. 544-551, 2009.
- GEUE, L.; LÖSCHNER, U. *Salmonella enterica* in reptiles of German and Austrian origin. **Veterinary Microbiology**, v. 84, n. 1-2, p. 79-91, 2002.
- GODOY, S. N.; MATUSHIMA, E. R. A survey of diseases in passeriform birds obtained from illegal wildlife trade in São Paulo City, Brazil. **Journal of Avian Medicine and Surgery**, p. 199-209, 2010.
- GRAZIANI C.; GALETTA P.; BUSANI L.; DIONISI A. M.; FILETICI E.; RICCI A.; CAPRIOLI A.; LUZZI I. Le infezioni da *Salmonella*: diagnostica, epidemiologia e sorveglianza-*Salmonella* infections: diagnosis, epidemiology and surveillance. 2005.
- GRIMONT, P. A.; WEILL, F. X. Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars. **WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Salmonella**, v. 9, 2007.
- GUIBOURDENCHE, M.; ROGGENTIN, P.; MIKOLEIT, M.; FIELDS, P. I.; BOCKEMÜHL, J.; GRIMONT, P. A.; WEILL, F. X. Supplement 2003–2007 (No. 47) to the white-Kauffmann-Le minor scheme. **Research in Microbiology**, v. 161, n. 1, p. 26-29, 2010.

HART, R. P.; BRADSHAW, S. D.; IVESON, J. B. *Salmonella* infections in a marsupial, the quokka (*Setonix brachyurus*), in relation to seasonal changes in condition and environmental stress. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 49, n. 5, p. 1276-1281, 1985.

HASSELL, J. M.; BEGON, M.; WARD, M. J.; FÈVRE, E. M. Urbanization and disease emergence: Dynamics at the wildlife–livestock–human interface. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 32, n. 1, p. 55-67, 2017.

HENSEL, M. *Salmonella* pathogenicity island 2. **Molecular Microbiology**, v. 36, n. 5, p. 1015-1023, 2000.

HENSEL, M. Pathogenicity islands and virulence of *Salmonella enterica*. **Salmonella Infections: Clinical, Immunological and Molecular Aspects**, p. 146-172, 2006.

HOELZER, K.; SWITT, A. I. M.; WIEDMANN, M. Animal contact as a source of human non-typhoidal salmonellosis. **Veterinary Research**, v. 42, n. 1, p. 34, 2011.

HU, L.; KOPECKO, D. J. Typhoid *Salmonella*. **Food Science And Technology-New York-Marcel Dekker-**, p. 151-166, 2003.

HUR, J.; JAWALE, C.; LEE, J. H. Antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from food animals: A review. **Food Research International**, v. 45, n. 2, p. 819-830, 2012.

ICMSF - INTERNATIONAL COMMISSION ON MICROBIOLOGICAL SPECIFICATIONS FOR FOODS OF THE INTERNATIONAL UNION OF BIOLOGICAL SOCIÉTÉS. *Salmonellae*. Microorganisms in Foods 5. Microbiological specifications of food pathogens. Blackie Academic & Professional. Aspen Publishers, Inc. Gaithersburg, Maryland, USA, 1996.

IOVINE, R. D. O.; DEJUSTE, C.; MIRANDA, F.; FILONI, C.; BUENO, M. G.; CARVALHO, V. M. D. Isolation of *Escherichia coli* and *Salmonella* spp. from free-ranging wild animals. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 46, n. 4, p. 1257-1263, 2015.

IZADJOO, M. J.; PANTOJA, C. O. A.; SIEBELING, R. J. Acquisition of *Salmonella* flora by turtle hatchlings on commercial turtle farms. **Canadian Journal of Microbiology**, v. 33, n. 8, p. 718-724, 1987.

KAISER, P.; ROTHWELL, L.; GALYOV, E. E.; BARROW, P. A.; BURNSIDE, J.; WIGLEY, P. Differential cytokine expression in avian cells in response to invasion by *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis* and *Salmonella gallinarum*. **Microbiology**, v. 146, n. 12, p. 3217-3226, 2000.

KALLAPURA, G.; MORGAN, M. J.; PUMFORD, N. R.; BIELKE, L. R.; WOLFENDEN, A. D.; FAULKNER, O. B.; LATORRE, J. D.; MENCONI, A.; HERNANDEZ-VELASCO, X.; KUTTAPPAN, V. A.; HARGIS, B. M.; TELLEZ, G. Evaluation of the respiratory route as a viable portal of entry for *Salmonella* in poultry via intratracheal challenge of *Salmonella* Enteritidis and *Salmonella* Typhimurium. **Poultry Science**, v. 93, n. 2, p. 340-346, 2014.

KODAMA, H.; NAKANISHI, Y.; YAMAMOTO, F.; MIKAMI, T.; IZAWA, H.; IMAGAWA, T.; HASHIMOTO, Y.; KUDO, N. *Salmonella arizonae* isolated from a pirarucu, *Arapaima gigas* Cuvier, with septicæmia. **Journal of Fish Diseases**, v. 10, n. 6, p. 509-512, 1987.

KÖHLER, B. Example of the concentration of salmonellae in the environment. **DTW. Deutsche Tierärztliche Wochenschrift**, v. 100, n. 7, p. 264-274, 1993.

KRAWIEC, M.; KUCZKOWSKI, M.; KRUSZEWICZ, A. G.; WIELICZKO, A. Prevalence and genetic characteristics of *Salmonella* in free-living birds in Poland. **BMC Veterinary Research**, v. 11, n. 1, p. 15, 2015.

KURSTAK, E.; VEGA, C.; SONEA, S. Action of two strains of *Salmonella* Typhimurium on a lepidopteron. **Bulletin of the World Health Organization**, v. 39, n. 3, p. 477-482, 1968.

LARSSON, J. T.; TORPDAHL, M.; PETERSEN, R. F.; SØRENSEN, G.; LINDSTED, B. A.; NIELSEN, E. M. Development of a new nomenclature for *Salmonella* Typhimurium multilocus variable number of tandem repeats analysis (MLVA). **Eurosurveillance (Online Edition)**, v. 14, n. 15, 2009.

LETTINI, A. A.; SACCARDIN, C.; RAMON, E.; LONGO, A.; CORTINI, E.; DALLA POZZA, M. C.; BARCO, L.; GUERRA, B.; LUZZI, I.; RICCI, A. Characterization of an unusual *Salmonella* phage type DT7a and report of a foodborne outbreak of salmonellosis. **International Journal of Food Microbiology**, v. 189, p. 11-17, 2014.

LIMA, A. L.; RODRIGUES, D. P.; ARAÚJO, M. S.; REIS, E. M. F.; FESTIVO, M. L.; RODRIGUES, E. C. P.; LÁZARO, N. S. Sorovares e perfil de suscetibilidade a antimicrobianos em *Salmonella* spp. isoladas de produtos de origem suína. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 68, n. 1, p. 39-47, 2016.

LOPES, E. S.; CARDOSO, W. M.; ALBUQUERQUE, Á. H.; TEIXEIRA, R. S. C.; SALLES, R. P. R.; BEZERRA, W. G. A.; SILVA, R. C. R.; LIMA, S. V. G.; SALES, R. J. P. F.; VASCONCELOS, R. H. Isolation of *Salmonella* spp. in captive Psittaciformes from zoos and a commercial establishment of Fortaleza, Brazil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, n. 3, p. 965-968, 2014.

LOPES, A. T. S.; ALBUQUERQUE, G. R.; MENDES, B. M. Multiplex Real-Time Polymerase Chain Reaction for Simultaneous Quantification of *Salmonella* spp., *Escherichia coli*, and *Staphylococcus aureus* in Different Food Matrices: Advantages and Disadvantages. **BioMed Research International**, vol. 2018, Article ID 6104015, 12 pages, 2018.

LUNESTAD, B. T.; NESSE, L.; LASSEN, J.; SVIHUS, B.; NESBAKKEN, T.; FOSSUM, K.; ROSNES, J. T.; KRUSE, H.; YAZDANKHAH, S. *Salmonella* in fish feed; occurrence and implications for fish and human health in Norway. **Aquaculture**, v. 265, n. 1-4, p. 1-8, 2007.

MACIEL, B. M.; ARGÔLO FILHO, R. C.; FREITAS, E. S.; KRUSCHEWSKY, F. F.; SANTOS, B. F.; ROCHA, G. D.; WETLER, R. M.; MARTINS, L. A. F. Occurrence of exotic *Salmonella* serovar in asymptomatic dogs in Ilheus City/BA-Brazil. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 41, n. 4, p. 247-253, 2004.

MACIEL, B. M.; ARGÔLO FILHO, R. C.; NOGUEIRA, S. S. C.; DIAS, J. C. T.; REZENDE, R.P. High prevalence of *Salmonella* in tegu lizards (*Tupinambis meriana*), and susceptibility of the serotypes to antibiotics. **Zoonoses and Public Health**, v. 57, n. 7-8, p. e26-e32, 2010.

MACIEL, B. M.; REZENDE, R. P.; SRIRANGANATHAN, N. *Salmonella enterica*: Latency. In: **Current Topics in Salmonella and Salmonellosis**. InTech, 2017.

MASTROENI, P. Mechanisms of immunity to *Salmonella* infection, p 207–254. **Salmonella Infections: Clinical, Immunological and Molecular Aspects**. Cambridge University Press, Cambridge, MA, 2006.

MERMIN, J.; HUTWAGNER, L.; VUGIA, D.; SHALLOW, S.; DAILY, P.; BENDER, J.; KOEHLER, J.; MARCUS, R.; ANGULO, F. J. Reptiles, amphibians, and human *Salmonella*

infection: a population-based, case-control study. **Clinical Infectious Diseases**, v. 38, n. Supplement_3, p. S253-S261, 2004.

MORENO, C. M.; VARGAS, M. O.; ECHEITA, A.; USERA, M. A. Occurrence of *Salmonella* in cold-blooded animals in Gran Canaria, Canary Islands, Spain. **Antonie van Leeuwenhoek**, v. 68, n. 3, p. 191-194, 1995.

MULVEY, M. R.; FINLEY, R.; ALLEN, V.; ANG, L.; BEKAL, S.; EL BAILEY, S.; HALDANE, D.; HOANG, L.; HORSMAN, G.; LOUIE, M.; ROBBERTS, L.; WYLIE, J.; MCCRACKEN, M.; LANGNER, S.; AHMED, R.; TABOR, H.; ROBBERTS, L. Emergence of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serotype 4,[5], 12: i:-involving human cases in Canada: results from the Canadian Integrated Program on Antimicrobial Resistance Surveillance (CIPARS), 2003–10. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, p. dkt149, 2013.

MURRAY, C. J. Salmonellae in the environment. **Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)**, v. 10, n. 3, p. 765-785, 1991.

MUSTO, J.; KIRK, M.; LIGHTFOOT, D.; COMBS, B. G.; MWANRI, L. Multi-drug resistant *Salmonella* Java infections acquired from tropical fish aquariums, Australia 2003–04 Antibiotic resistant *Salmonella* infections are rare in Australia however cases of *Salmonella* Java acquired from fish aquariums have been reported. This is discussed in a report published in Communicable Diseases Intelligence Volume 30, Number 2, June 2006 Page last updated: 30 June 2006.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R. A.; MITTERMEIER, C. G.; DA FONSECA, G. A.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 853-858, 2000.

NESSE, L. L.; REFSUM, T.; HEIR, E.; NORDBY, K.; VARDUND, T.; HOLSTAD, G. Molecular epidemiology of *Salmonella* spp. isolates from gulls, fish-meal factories, feed factories, animals and humans in Norway based on pulsed-field gel electrophoresis. **Epidemiology & Infection**, v. 133, n. 1, p. 53-58, 2005.

NGOI, S. T.; TEH, C. S. J.; CHAI, L. C.; THONG, K. L. Overview of Molecular Typing Tools for The Characterization of *Salmonella enterica* in Malaysia. **Biomedical and Environmental Sciences**, v. 28, n. 10, p. 751-764, 2015.

OCHOA, I. M. F.; RODRIGUEZ, A. V. Mecanismos moleculares de patogenicidade de *Salmonella* sp. Review Article [online], v.47, n.1-2, p.25-42, 2005. Disponível em: http://www.medigraphic.com/pdfs/lamicro/mi-2005/mi05-1_2e.pdf. Acesso em: 24 Set. 2018.

OCHMAN, H.; GROISMAN, E. A. Distribution of pathogenicity islands in *Salmonella* spp. **Infection and immunity**, v. 64, n. 12, p. 5410-5412, 1996.

OHL, M. E.; MILLER, S. I. *Salmonella*: a model for bacterial pathogenesis. **Annual Review of Medicine**, v. 52, n. 1, p. 259-274, 2001.

OLSEN, J. E.; BROWN, D. J.; SKOV, M. N.; CHRISTENSEN, J. P. Bacterial typing methods suitable for epidemiological analysis. Applications in investigations of salmonellosis among livestock. **Veterinary Quarterly**, v. 15, n. 4, p. 125-135, 1993.

PARK, S. H.; AYDIN, M.; KHATIWARA, A.; DOLAN, M. C.; GILMORE, D. F.; BOULDIN, J. L.; AHN, S.; RICKE, S. C. Current and emerging technologies for rapid detection and characterization of *Salmonella* in poultry and poultry products. **Food Microbiology**, v. 38, p. 250-262, 2014.

PASMANS, F.; BLAHAK, S.; MARTEL, A.; PANTCHEV, N. Introducing reptiles into a captive collection: the role of the veterinarian. **The Veterinary Journal**, v. 175, n. 1, p. 53-68, 2008.

POPOFF, M. Y.; BOCKEMÜHL, J.; GHEESLING, L. L. Supplement 2001 (no. 45) to the Kauffmann–White scheme. **Research in Microbiology**, v. 154, n. 3, p. 173-174, 2003.

PORTAS, T.; FLETCHER, D.; SPRATT, D.; REISS, A.; HOLZ, P.; STALDER, K.; DEVLIN, J.; TAYLOR, D.; DOBROSZCZYK, D.; MANNING, A. D. Health evaluation of free-ranging eastern bettongs (*Bettongia gaimardi*) during translocation for reintroduction in Australia. **Journal of Wildlife Diseases**, v. 50, n. 2, p. 210-223, 2014.

REFSUM, T.; HEIR, E.; KAPPERUD, G.; VARDUND, T.; HOLSTAD, G. Molecular epidemiology of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium isolates determined by pulsed-field gel electrophoresis: comparison of isolates from avian wildlife, domestic animals and the environment in Norway. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 68, n. 11, p. 5600-5606, 2002a.

REFSUM, T.; HANDELAND, K.; BAGGESEN, D. L.; HOLSTAD, G.; KAPPERUD, G. Salmonellae in avian wildlife in Norway from 1969 to 2000. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 68, n. 11, p. 5595-5599, 2002b.

ROCHA, J. M. *Relação parasito-hospedeiro e infecção por rickettsia, em carrapatos associados a pequenos mamíferos e aves silvestres no estado da Bahia*. 2018. Tese [Doutorado em Ciência Animal], Universidade Estadual de Santa Cruz, Bahia.

RODRIGUES, D. P. Perspectivas atuais e falhas no diagnóstico antigênico de *Salmonella* spp.: importância no reconhecimento dos sorovares circulantes, emergentes e exóticos. In: *Memoria Del Seminário Internacional Sobre Salmonelose Aviar*, 2011, Rio de Janeiro. Anais... Rio de Janeiro, 2011. p.1-7. 1 CD-ROM.

RUBINI, S.; RAVAIOLI, C.; PREVIATO, S.; D'INCAU, M.; TASSINARI, M.; GUIDI, E.; LUPI, S.; MERIALDI, G.; BERGAMINI, M. Prevalence of *Salmonella* strains in wild animals from a highly populated area of north-eastern Italy. **Annali dell' Istituto Superiore di Sanità**, v. 52, n. 2, p. 277-280, 2016.

RUIZ-PINA, H. A.; PUC-FRANCO, M. A.; FLORES-ABUXAPQUI, J.; VADO-SOLIS, I.; CARDENAS-MARRUFO, M. F. Isolation of *Salmonella enterica* and serologic reactivity to *Leptospira interrogans* in opossums (*Didelphis virginiana*) from Yucatán, México. **Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo**, v. 44, n. 4, p. 235-237, 2002.

SCHMIDT, H.; HENSEL, M. Pathogenicity islands in bacterial pathogenesis. **Clinical microbiology reviews**, v. 17, n. 1, p. 14-56, 2004.

SHEOREY, H.; DARBY, J. Searching for salmonella. **Australian Family Physician**, v. 37, n. 10, p. 806, 2008.

SIGRIST, T. **Guia de Campo Avis Brasilis: Avifauna Brasileira**. Avisbrasilis Editora, 2013.

SILVA, J. C. R.; DIAS, J. L. C; CUBAS, Z. S. Tratado de animais selvagens. **São Paulo: Roca**, 2006.

SILVA, N.; JUNQUEIRA, V. C. A.; SILVEIRA, N. F. A.; TANIWAKI, M. H.; SANTOS, R. F. S.; GOMES, R. A. R. *Salmonella*. In: **Manual de métodos de análise microbiológica de alimentos**. 3. ed. São Paulo: Varela, 2007. Cap. 19, p. 253-285, 2007.

SILVA, A. A. S. *Diversidade em pequenos mamíferos não voadores e a intensificação do manejo em agroflorestas no sul da Bahia*. 2017. Dissertação [Mestrado em Zoologia], Universidade Estadual de Santa Cruz, Bahia.

SILVEIRA, D. R.; MILAN, C.; FERRASSO, M. M.; DIAS, P. A.; MORAES, T. P.; BANDARRA, P. M.; MINELLO, L. F.; TIMM, C. D. *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli*, *Salmonella* spp. and *Yersinia enterocolitica* isolated from wildlife animals of a rehabilitation center. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 38, n. 9, p. 1838-1843, 2018.

SINTCHENKO, V.; WANG, Q.; HOWARD, P.; HA, C. W.; KARDAMANIDIS, K.; MUSTO, J.; Gilbert, G. L. Improving resolution of public health surveillance for human *Salmonella enteric* serovar Typhimurium infection: 3 years of prospective multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA). **BMC Infectious Diseases**, v. 12, n. 1, p. 78, 2012.

SMITH, W. A.; MAZET, J. A. K.; HIRSH, D. C. *Salmonella* in California wildlife species: prevalence in rehabilitation centers and characterization of isolates. **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 33, n. 3, p. 228-235, 2002.

SNOW, D. Red-headed Manakin (*Ceratopipra rubrocapilla*). In: del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D.A. & de Juana, E. (eds.). *Handbook of the Birds of the World Alive*. Lynx Edicions, Barcelona. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/57066>). Acesso em: 20 dez. 2018.

SRIKANTIAH, P.; LAY, J. C.; CRUMP, J. A. An outbreak of *Salmonella* Javiana associated with amphibian contact---Mississippi, 2001. In: **International Conference on Emerging Infectious Diseases, Atlanta, Georgia**. 2002.

SUCCO, P. A.; VECCHI, M. B.; HENUD, K. F.; RIBEIRO, E. A.; ALVES, M. A. S. Dieta de *Ceratopipra rubrocapilla* (aves: pipridae) na reserva biológica união, Rio de Janeiro. In: MONTEIRO, L. R.; NASCIMENTO, M. T; COSTA JÚNIOR, W. (Org.). I Encontro de Pesquisadores da Reserva Biológica União, p. 53-55, 2016.

SUPHORONSKI, S. A.; RASO, T. D. F.; WEINERT, N. C.; SEKI, M. C.; CARRASCO, A. D. O. T. Occurrence of *Salmonella* sp. and *Escherichia coli* in free-living and captive wild birds from 2010-2013 in Guarapuava, Paraná, Brazil. **African Journal Microbiology Research**, v. 9, p. 1778-1782, 2015.

TENOVER, F. C.; ARBEIT, R. D.; GOERING, R. V. How to select and interpret molecular strain typing methods for epidemiological studies of bacterial infections a review for healthcare epidemiologists. **Infection Control & Hospital Epidemiology**, v. 18, n. 06, p. 426-439, 1997.

TESSIER, C.; ATIANA, L. P.; LAGADEC, E.; LE MINTER, G.; DENIS, M.; CARDINALE, E. Wild fauna as a carrier of *Salmonella* in Reunion Island: Impact on pig farms. **Acta Tropica**, v. 158, p. 6-12, 2016.

THOMAS, W. W. Natural vegetation types in southern Bahia. **Corredor de Biodiversidade da Mata Atlântica do Sul da Bahia. Publicação em CD-ROM, Ilhéus, IESB/CI/CABS/UFMG/UNICAMP**, p. 1-4, 2003.

TISCHLER, A. D.; MCKINNEY, J. D. Contrasting persistence strategies in *Salmonella* and *Mycobacterium*. **Current Opinion in Microbiology**, v. 13, n. 1, p. 93-99, 2010.

TORTORA, G. J.; FUNKE, B. R.; CASE, C. L. **Microbiologia**. 10. ed. Porto Alegre: Artmed, 2012.

VIGNAUD, M. L.; CHERCHAME, E.; MARAULT, M.; CHAING, E.; LE HELLO, S.; MICHEL, V.; SILVA, N. J.; LAILLER, R.; BRISABOIS, A.; CADEL-SIX, S. MLVA for *Salmonella enterica* subsp. *Enteric* Serovar Dublin: Development of a Method Suitable for Inter-Laboratory Surveillance and Application in the Context of a Raw Milk Cheese Outbreak in France in 2012. **Frontiers in Microbiology**, v. 8, 2017.

WAHLSTROM, H.; TYSEN, E.; ENGVALL, E. O.; BRANDSTROM, B.; ERIKSSON, E.; MORNER, T.; VAGSHOLM, I. Survey of Campylobacter species, VTEC O157 and *Salmonella* species in Swedish wildlife. **Veterinary Record**, v. 153, n. 3, p. 74-80, 2003.

WALLIS, T. S. Host-specificity of *Salmonella* infections in animal species. **Salmonella Infections: Clinical, Immunological and Molecular Aspects.**, p. 57-88, 2006.

WATTIAU, P.; BOLAND, C.; BERTRAND, S. Methodologies for *Salmonella enterica* subsp. *enterica* subtyping: gold standards and alternatives. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 77, n. 22, p. 7877-7885, 2011.

WAYNE, P. A. Clinical and Laboratory Standards Institute: Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: Twenty-fourth informational supplement, M100-S24. **Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI)**, v. 34, n. 1, 2014.

WEIL, B. J.; MARTENS, P. B.; HARTE, J. S. Iguana-associated salmonellosis in a young adult. **Journal of Adolescent Health**, v. 17, n. 2, p. 120-122, 1995.

WINN JÚNIOR, W.; ALLEN, S.; JANDA, W.; KONEMAN, E.; PROCOP, G.; SCHRECKENBERGER, P.; WOODS, G. **Diagnóstico microbiológico: texto e atlas colorido**. 1565p. 2008.

WUYTS, V.; MATTHEUS, W.; DE BEX, G. D. L.; WILDEMAUWE, C.; ROOSENS, N. H.; MARCHAL, K.; DE KEERSMAECKER, S. C. J.; BERTRAND, S. MLVA as a tool for public health surveillance of human *Salmonella* Typhimurium: prospective study in Belgium and evaluation of MLVA loci stability. **PLoS One**, v. 8, n. 12, p. e84055, 2013.

WUYTS, V.; DENAYER, S.; ROOSENS, N. H.; MATTHEUS, W.; BERTRAND, S.; MARCHAL, K.; DIERICK, K.; DE KEERSMAECKER, S. C. Whole Genome Sequence Analysis of *Salmonella* Enteritidis PT4 Outbreaks from a National Reference Laboratory's Viewpoint. **PLoS Currents**, v. 7, 2015.

YAN, S. S.; PENDRAK, M. L.; ABELA-RIDDER, B.; PUNDERSON, J. W.; FEDORKO, D. P.; FOLEY, S. L. An overview of *Salmonella* typing: public health perspectives. **Clinical and Applied Immunology Reviews**, v. 4, n. 3, p. 189-204, 2004.

ZHOU, D.; GALÁN, J. *Salmonella* entry into host cells: the work in concert of type III secreted effector proteins. **Microbes and Infection**, v. 3, n. 14-15, p. 1293-1298, 2001.