



INSTITUTO FEDERAL
GOIANO
Câmpus Rio Verde

ENGENHARIA DE ALIMENTOS

***SALMONELLA SPP.* NA CADEIA PRODUTIVA DE FRANGOS
DE CORTE**

KASSIA AMANDA RODRIGUES VIEIRA

Rio Verde, GO
2019

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
GOIANO – CÂMPUS RIO VERDE
ENGENHARIA DE ALIMENTOS**

***SALMONELLA SPP.* NA CADEIA PRODUTIVA DE FRANGOS DE
CORTE**

KASSIA AMANDA RODRIGUES VIEIRA

Trabalho de Curso apresentado ao Instituto Federal Goiano – Câmpus Rio Verde, como requisito parcial para a obtenção do Grau de Engenheiro de Alimentos.

Orientadora: Prof(a). Dr(a). Melissa Cássia Favaro Boldrin Freire

Rio Verde – GO

Julho, 2019

Sistema desenvolvido pelo ICMC/USP
Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema Integrado de Bibliotecas - Instituto Federal Goiano

VV658
s Vieira, Kássia Amanda Rodrigues
Salmonella spp. na cadeia produtiva de frangos de
corte / Kássia Amanda Rodrigues Vieira; orientadora
Melissa Cássia Favaro Boldrin Freire. -- Rio Verde,
2019.
44 p.

Monografia (Graduação em Engenharia de alimentos) -
- Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, 2019.

1. Salmonella spp. . 2. reservatórios. 3.
resistência . 4. risco. 5. virulência. I. Freire,
Melissa Cássia Favaro Boldrin , orient. II. Título.

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR PRODUÇÕES TÉCNICO-CIENTÍFICAS NO REPOSITÓRIO INSTITUCIONAL DO IF GOIANO

Com base no disposto na Lei Federal nº 9.610/98, AUTORIZO o Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, a disponibilizar gratuitamente o documento no Repositório Institucional do IF Goiano (RIIF Goiano), sem ressarcimento de direitos autorais, conforme permissão assinada abaixo, em formato digital para fins de leitura, download e impressão, a título de divulgação da produção técnico-científica no IF Goiano.

Identificação da Produção Técnico-Científica

- | | |
|----------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------|
| <input type="checkbox"/> Tese | <input type="checkbox"/> Artigo Científico |
| <input type="checkbox"/> Dissertação | <input type="checkbox"/> Capítulo de Livro |
| <input type="checkbox"/> Monografia - Especialização | <input type="checkbox"/> Livro |
| <input checked="" type="checkbox"/> TCC - Graduação | <input type="checkbox"/> Trabalho Apresentado em Evento |
| <input type="checkbox"/> Produto Técnico e Educacional - Tipo: _____ | |

Nome Completo do Autor: Kássia Amanda Rodrigues Vieira

Matrícula: 2013102200340024

Título do Trabalho: *Salmonella spp.* na cadeia produtiva de frangos de corte

Restrições de Acesso ao Documento

Documento confidencial: Não Sim, justifique: _____

Informe a data que poderá ser disponibilizado no RIIF Goiano: 12/12/19

O documento está sujeito a registro de patente? Sim Não

O documento pode vir a ser publicado como livro? Sim Não

DECLARAÇÃO DE DISTRIBUIÇÃO NÃO-EXCLUSIVA

O/A referido/a autor/a declara que:

- o documento é seu trabalho original, detém os direitos autorais da produção técnico-científica e não infringe os direitos de qualquer outra pessoa ou entidade;
- obteve autorização de quaisquer materiais incluídos no documento do qual não detém os direitos de autor/a, para conceder ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano os direitos requeridos e que este material cujos direitos autorais são de terceiros, estão claramente identificados e reconhecidos no texto ou conteúdo do documento entregue;
- cumpriu quaisquer obrigações exigidas por contrato ou acordo, caso o documento entregue seja baseado em trabalho financiado ou apoiado por outra instituição que não o Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano.

R. da Várzea, 12/12/19
Local Data

Kássia Amanda Rodrigues Vieira
Assinatura do Autor e/ou Detentor dos Direitos Autorais
Kássia Amanda Rodrigues Vieira

Ciente e de acordo:

Melissa Boldrin Freire
Assinatura do(a) orientador(a)
Melissa Cássia Favaro Boldrin Freire

ATA DE DEFESA DO TRABALHO DE CURSO (TC)

ANO	SEMESTRE
2019	1º

No dia 03 do mês de Julho de 2019, às 16:00 horas, reuniu-se a banca examinadora composta pelos docentes Dra. Melissa Cássia Favaro Boldrin Freire, Dr. Rogério Favareto, e a Ms. Marussa Cássia Favaro Boldrin, para examinar o Trabalho de Curso (TC) intitulado:

Salmonella spp. na cadeia produtiva de frangos de corte

da acadêmica **Kássia Amanda Rodrigues Vieira**, Matrícula nº 2013102200340024 do Curso de Bacharelado em Engenharia de Alimentos do IF Goiano - Campus Rio Verde. Após a apresentação oral do TC, houve arguição da candidata pelos membros da banca examinadora. Após tal etapa, a banca examinadora decidiu pela Aprovação da acadêmica. Ao final da sessão pública de defesa foi lavrada a presente ata, que segue datada e assinada pelos examinadores.

Rio Verde, 03 de Julho de 2019

Melissa Boldrin Freire
Dra. Melissa Cássia Favaro Boldrin Freire
IF Goiano - Rio Verde
Orientadora

Rogério Favareto
Dr. Rogério Favareto
IF Goiano - Rio Verde
Membro Interno

Marussa Boldrin
Ms. Marussa Cássia Favaro Boldrin
Membro Externo

Observação:

() O(a) acadêmico(a) não compareceu à defesa do TC.

RESUMO

VIEIRA, Kassia Amanda Rodrigues. *Salmonella spp. na cadeia produtiva de frango de corte*. 2019. 44 p. Monografia (Curso de Engenharia de Alimentos). Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – Câmpus Rio Verde, Rio Verde, GO, 2019.

Com essa revisão de literatura objetivou-se conhecer os fatores de virulência e os possíveis riscos que possa acometer à saúde humana através da *S. Minnesota* e *S. Typhimurium*. A salmonelose é uma das zoonoses mais complexas que afetam a saúde pública mundial. O patógeno é encontrado em uma ampla variedade de reservatórios animais, principalmente em frangos de corte, em diversos ambientes, o que explica seu alto potencial de disseminação. O consumo da carne de frango é considerado um importante fator de risco para ocorrência da doença em humanos. Por meio de uma revisão de literatura, foi realizada uma pesquisa exploratória de diferentes materiais que trata do assunto proposto. Os resultados expostos mostram que é de fundamental importância, que critérios associados a cuidados específicos com as aves no ambiente de criação, como o controle microbiológico das rações disponibilizadas aos animais, adoção de práticas higiênicas na criação, até medidas higiênico-sanitárias rigorosas durante o abate, no manuseio e processamento da carne de frango. Este rigoroso programa de limpeza e desinfecção das instalações e equipamentos, e a prevenção de contaminações cruzadas, são medidas importantes que auxiliam para a contenção dos níveis de contaminação.

Palavras-chave: *Salmonella spp.*, reservatórios, resistência, risco, virulência.

LISTA DE SIGLAS

ABPA	Associação Brasileira de Proteína Animal
AGF	<i>Aggregative fimbriae</i>
ANVISA	Agência Nacional de Vigilância Sanitária
APPCC	Análise de Perigos e Pontos Críticos de Controle
BPF	Boas Práticas de Fabricação
CDC	<i>Centers for Disease Control and Prevention</i>
CERVA	<i>Centre d'Etude et des Recherches Vétérinaires et Agrochimiques</i>
CODA	<i>Centrum voor Onderzoek in Diergeneeskunde en Agrochemie</i>
CTX-M	Cefalosporinase
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
EFSA	Autoridade Europeia para a Segurança Alimentar
ESBLs	β -Lactamase de Espectro Ampliado
EUA	Estados Unidos da América
FAO	<i>Food and Agriculture Organization</i>
GTA	Guia de Trânsito de Animais
H ₂ S	Sulfeto de Hidrogênio
IPS	Ilhas de Patogenicidade em <i>Salmonella</i>
LPF	<i>Long Polar Fimbriae</i>
MAPA	Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
OIE	<i>World Organisation for Animal Health</i>
OMS	Organização Mundial da Saúde
PCR	Reação em Cadeia da Polimerase
PEF	<i>Plasmid Encoded Fimbriae</i>
PFGE	<i>Pulsed Field Gel Electrophoresis</i>
pH	Potencial Hidrogeniônico
PNSA	Programa Nacional de Sanidade Avícola
PPHO	Procedimento Padrão de Higiene Operacional
PREBAF	Programa Nacional de Monitoramento da Prevalência e da Resistência Bacteriana em Frango
PRP	Programa de Redução de Patógenos
RAPD	<i>Random Amplified Polymorphic DNA</i>
RASFF	<i>Rapid Alert System for Food and Feed</i>

RNAr	RNA ribossomal
SEF	<i>Salmonella Enteritidis Fimbriae</i>
SHV	Sulfidrilvariável
SP	São Paulo
SUS	Sistema Único de Saúde
TEM	Temoniera
WHO	<i>World Health Organization</i>

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	09
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	11
2.1 Caracterização do gênero <i>Salmonella spp.</i>	11
2.2 Características epidemiológicas de <i>Salmonella spp.</i>	12
2.3 <i>Salmonella spp.</i> na cadeia produtiva brasileira do frango de corte.....	13
2.3.1 <i>Salmonella spp.</i> em ovos.....	16
2.3.2 <i>Salmonella spp.</i> em abatedouros.....	17
2.4 Programas governamentais para controle de <i>Salmonella spp.</i>	19
2.5 Resistência antimicrobiana em <i>Salmonella spp.</i> e perfis multirresistentes.....	20
2.5.1 Genes de resistência aos antimicrobianos.....	22
2.5.2 Genes de virulência.....	24
2.6 Métodos de tipificação da <i>Salmonella spp.</i>	25
2.7 <i>S. Minnesota</i> e <i>S. Typhimurium</i> de origem avícola como fatores de virulência e risco potencial aos humanos.....	28
3 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	34
4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	36

1 INTRODUÇÃO

A salmonelose é uma das zoonoses mais complexas que afetam a saúde pública mundial. O patógeno é encontrado em uma ampla variedade de reservatórios animais, principalmente em frangos de corte, em diversos ambientes, o que explica seu alto potencial de disseminação. Segundo a *European Food Safety Authority* - Autoridade Europeia para a Segurança Alimentar (EFSA), o consumo da carne de frango é considerado um importante fator de risco para ocorrência da doença em humanos (EFSA, 2015).

Outra questão relevante é a dispersão de cepas resistentes aos antimicrobianos. O uso desses agentes na medicina humana e veterinária promove pressão seletiva, favorecendo o surgimento de cepas resistentes e estreitando a escolha de medicamentos terapêuticamente eficazes (LAI et al., 2014). Os problemas mais comuns relacionados com a resistência antimicrobiana incluem morbidade, mortalidade e os custos associados com doenças (MUHAMMAD et al., 2010).

Em função da existência de diversas fontes potenciais de infecção e contaminação, como o ambiente, transporte, equipamentos, cama, vetores, água, ração, o controle de salmonela é bastante complexo, de acordo com a Organização Mundial de Saúde (OMS, 2009). Com estas questões agregadas, vários sorotipos são capazes de colonizar o trato intestinal de frangos de corte e contaminar o mesmo durante o abate e processamento, permanecendo circulantes na cadeia de produção de frangos de corte, representando um desafio extra para minimizar os riscos até os consumidores finais (VOSS-RECH et al., 2015).

Um dos instrumentos de intervenção para garantir a inocuidade dos alimentos é o *Rapid Alert System for Food and Feed* (RASFF), um portal da Comissão Europeia, que tem por finalidade garantir que os produtos de origem alimentar sejam livres de patógenos e toxinas. No ano de 2013 houve aumento significativo das notificações por meio do RASFF ao produto de origem brasileira (UBABEF, 2013). Os sorovares mais prevalentes identificados na carne de frango brasileira foram *Enteritidis* seguido de *Minnesota* (FREITAS, 2011, RASFF, 2012).

Estudos para rastrear o patógeno ao longo da cadeia produtiva podem ser úteis na prevenção e na implantação de programas mais eficazes de controle. Nas últimas décadas, métodos de tipagem molecular de *Salmonella* estão sendo utilizados para determinar a relação filogenética entre as cepas. Entre estes, o *pulsed field gel electrophoresis* (PFGE) é considerado o padrão ouro para a subtipagem molecular de *Salmonella* (YANG et al., 2013). No entanto, a técnica de *Random amplified polymorphic DNA/Polymerase Chain Reaction* (RAPD-PCR)

vem garantindo alto poder discriminatório e é amplamente utilizado em estudos epidemiológicos em vários países (TURKI et al., 2014).

No Brasil, poucos trabalhos são publicados sobre sorotipos de *Salmonella* não-tifóide, especialmente sobre *Salmonella Minnesota*, já que o maior foco é aplicado aos sorovares *S. Enteritidis* e *S. Typhimurium* em função de questões de saúde pública (VAZ et al., 2010). *S. Minnesota* foi considerado sorotipo mais prevalente em poedeiras no Chad, África Central e também em granjas de frangos na Bélgica (TABO et al., 2010). No entanto, raramente é responsável por surtos de salmonelose humana no mundo (CDC-CERVA, 2014, EFSA, 2014).

Considerando a importância do assunto, o trabalho objetivou-se conhecer os fatores de virulência e os possíveis riscos que possa acometer à saúde humana através da *S. Minnesota* e *S. Typhimurium*.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Caracterização do gênero *Salmonella* spp.

O gênero *Salmonella* recebeu o nome em homenagem ao cientista americano Daniel Salmon, microbiologista veterinário do Departamento de Agricultura dos EUA, e tem sua autenticidade como agente da doença há mais de 125 anos (RESENDE, 2015).

Salmonella é um gênero, dividido em duas espécies: *S. bongori* e *S. enterica*, esta última espécie com seis subespécies: *enterica*, *salamae*, *arizonae*, *diarizonae*, *houtenae* e indica que de acordo com o perfil antigênico agrupam mais de 2400 sorotipos (BRASÃO, 2017).

Pertencente à família *Enterobacteriaceae*, definido como bastonetes Gram-negativos, não esporogênicos, anaeróbios facultativos e oxidase negativos. As bactérias deste gênero possuem a forma de bacilos curtos, com largura de 0,7 a 1,5 µm e comprimento de 2,0 a 5,0 µm. Para seu desenvolvimento, a temperatura de crescimento varia de 5 a 45 °C, com temperatura ótima de 37 °C; o pH varia entre 4,0 e 9,0, sendo 7,0 o ideal, a atividade de água mínima para crescimento é de 0,94 (CARDOSO & TESSARI, 2015).

São catalases positivas, normalmente, reduzem nitrato a nitrito e vermelho de metila positiva. Além disso, a maioria dos sorotipos fermenta a glicose com produção de ácido e gás, não fermentam a lactose e a sacarose, produzem H₂S, não produzem urease e indol, descarboxilam lisina e ornitina, fermentam o dulcitol e utilizam o citrato (SILVA et al., 2007).

A bactéria é sensível a temperaturas altas e é, no geral, destruída por aquecimento a 60 °C, por 15 a 20 minutos, por outro lado, o processo de congelamento necessita apenas de uma redução considerável do número de células viáveis, não sendo capaz de ocasionar a extinção completa (CESCO, 2010).

Estas bactérias tem em sua estrutura lipopolissacarídeos, flagelos, fímbrias, e algumas proteínas da membrana externa que contribuem na junção e/ou incursão do epitélio do trato intestinal (MENDONÇA, 2016).

O maior número apresenta grande quantidade de fímbrias a fim de expandir a capacidade de fixação a diversos substratos. No geral, são móveis pela presença de flagelos peritríquios, exceto dos sorotipos *Pullorum* e *Gallinarum*, esses por sua vez, são livres de flagelos e, assim, imóveis (RAVAGNANI, 2012). São microrganismos intracelulares facultativos, podendo resistir no interior de fagócitos e multiplicar intracelularmente (RODRIGUES, 2011).

2.2 Características epidemiológicas de *Salmonella* spp.

Salmonellas são muito disseminadas geograficamente pelo mundo. Sua composição genética possibilita sua adequação a uma diversidade de ambientes e animais, abrangendo hospedeiros mamíferos e não-mamíferos (BERCHIERI JR & FREITAS NETO, 2009), e principal habitat é o trato intestinal de humanos e animais (MUNIZ, 2004).

Têm como referência as principais fontes de *Salmonella* no ambiente, a água, o solo, as fezes de animais, os insetos e ratos, e as superfícies de equipamentos e utensílios de fábricas e cozinhas. Esta multiplicidade de reservatórios e fontes de transmissão colabora no aumento predominante da infecção humana (SOUZA, 2015).

A maior parte dos sorovares não possui um hospedeiro específico, assim, pode provocar diversas espécies variadas e, propriamente, ocasionam gastroenterites sem complicações, e sem a necessidade de tratamento. Contudo, alguns sorotipos preferem algum tipo de hospedeiro, que se denominam cepas espécies específicas, isto é, bactérias que ocasionam doença de preferência em uma espécie. A especificidade de alguns sorovares por determinados hospedeiros acontece em função às sucessivas mutações e seleções naturais, fazendo com que algumas cepas assumam traços singulares de infecção em um hospedeiro específico (BRASÃO, 2017).

Segundo HELM et al. (2004), ao passo que o desenvolvimento em direção a especificidade do hospedeiro ocorre, mais rearranjos genômicos são analisados. Nesse sentido, citam-se como sorovares espécie-específicos, *S. Typhi* e *S. Paratyphi* ocasionando uma ação agressiva aos humanos, *S. Abortusovis* aos ovinos, *S. Abortusequi* aos equinos, *S. Gallinarum* e *S. Pullorum* as aves, *S. Dublin*, aos bovinos e *S. Choleraesuis* aos suínos. Uma vez que estes sorotipos específicos ocasionam doença em humanos, o procedimento é no geral invasivo, podendo ser fatal (SILVA et al., 2007).

Salmonella é uma bactéria dominante em animais de produção, podendo ser habitualmente encontrada no intestino de aves, suínos, bovinos, no entanto, também isolada em animais domésticos, como cães, gatos, aves e répteis. No geral, por ser encontrada no ambiente de produção animal é, conseqüentemente, muito isolada em alimentos de origem animal tem relação a grandes questões de saúde pública, em consequência da sua abrangência com doenças de origem alimentar no mundo todo. Assim, é considerada uma doença zoonótica podendo transmitida diretamente ou indiretamente entre os animais e os seres humanos. Entre os alimentos que podem ser atribuídos em casos de salmonelose podem-se mencionar os ovos, as carnes de aves e bovina e o leite (MENDONÇA, 2016).

A maior parte das pessoas infectadas por *Salmonella* apresentam sintomas como diarreia, febre, náuseas, às vezes seguida de vômitos, e cólicas abdominais. O início dos sintomas da doença acontece entre 6 e 72 horas, com média entre 12 e 36 horas após a infecção, podendo durar de 2 a 7 dias. Os sintomas da salmonelose são relativamente de pouca gravidade, e no geral, as pessoas afetadas normalmente se recuperam da doença sem necessidade de tratamento específico (MUNIZ, 2004).

Por sua vez, em algumas situações, a diarreia pode levar a desidratação, fazendo com o paciente seja hospitalizado. Nesses casos, a infecção pode se espalhar dos intestinos para a corrente sanguínea, e posteriormente para outros órgãos do corpo, podendo levar a morte, a menos que a pessoa seja tratada rapidamente com uso de antibióticos. Um estudo desenvolvido por BAPTISTA et al. (2018), mostrou que um pequeno número de pessoas infectadas com *Salmonella* apresentaram dores nas articulações, denominada como artrite reativa, podendo permanecer meses ou anos, além de levar à artrite crônica, sendo de difícil tratamento (BAPTISTA et al., 2018).

O período da doença pode variar de acordo com o hospedeiro, da dose ingerida e da cepa de *Salmonella* envolvida. Os grupos de pessoas, como idosos, crianças com menos de cinco anos e pessoas com comprometimento do sistema imunológico, tem maior tendência a desenvolver uma doença grave, podendo converter em problemas de saúde por muito tempo, ou morte (SILVA et al., 2007).

Para a prevenção da doença, é fundamental que medidas de controle em todas as etapas da produção de alimentos sejam tomadas, que vão desde a produção agrícola ou ambiente de criação de animais de produção, processamento do alimento na indústria, preparação nos estabelecimentos comerciais, até nas residências e cozinhas industriais. A manipulação cuidadosa da carne crua, bom cozimento e boa higiene na cozinha podem impedir ou diminuir o risco evidenciado pelos alimentos contaminados (CARDOSO & TESSARI, 2015).

2.3 *Salmonella* spp. na cadeia produtiva brasileira do frango de corte

Atualmente, o Brasil ocupa a posição de segundo maior produtor mundial e primeiro maior exportador de carne de frango, de acordo com levantamento anual realizado pela Associação Brasileira de Proteína Animal (ABPA, 2016). No ano de 2016 foram produzidas 12,90 milhões de toneladas de carne frango, sendo 34% destinado ao mercado externo. O

consumo *per capita* da carne de frango no Brasil no ano de 2016 foi de 41,10 kg (ABPA, 2016).

A avicultura consiste no setor do agronegócio brasileiro que mais investiu em tecnologia nos últimos anos, elevando significativamente a produção e a produtividade e contribuindo com o fornecimento de proteína animal a baixo custo (PERETTI, 2017). Neste sentido, modernos processos de criação e industrialização atrelados ao constante melhoramento genético levaram a melhores resultados de conversão alimentar, precocidade, sanidade e reprodução (MILAN & TIMM, 2015).

Este aumento no consumo se deve, dentre outros fatores, à substituição de carnes vermelhas por carnes brancas, crescente preocupação com a saúde humana, melhorias na produção agroindustrial do frango e surgimento de novos produtos e marcas (VIOLÀ & TRICHES, 2015).

Além desses fatores, os avanços tecnológicos adotados pelas indústrias são responsáveis por esse consumo. No entanto, ao passo que a avicultura desenvolveu no mundo inteiro, expandiu também, a quantidade de aves hospedadas, proporcionando a instalação, multiplicação e disseminação de agentes patogênicos (MILAN & TIMM, 2015).

Desta forma, associada esta intensa modernização, é fundamental que sejam adotados diversos cuidados para alcançar um produto de qualidade, fazendo com que a prevenção e o controle de patógenos dentro da cadeia produtiva seja de fundamental importância, com intuito de prevenir as doenças avícolas e a ave como fonte de infecção para os seres humanos e, principalmente, responder aos requisitos dos países importadores (CARDOSO & TESSARI, 2015).

Do ponto de vista da região geográfica política atual no Brasil, o maior número de isolamento de *Salmonella*, a partir de amostras de carcaça de frango, ocorre na região sudeste (50,4%), sendo *S. Enteritidis* o sorovar mais incidente (47,6%). Este sorovar se apresenta disseminado em todas as regiões, enquanto *S. Infantis* apenas na região sudeste, *S. Typhimurium*, no sudeste, norte e centro-oeste, *S. Mbandaka*, no norte e nordeste e *S. Heidelberg* no sudeste (BRASIL, 2012).

Como visto anteriormente, a *Salmonella* é facilmente difundida no ambiente de criação animal, sendo essencial no controle da salmonelose, detectar e extinguir elementos que contribuem para a multiplicação deste microrganismo (BRASÃO, 2017).

Os frangos de corte estão entre os principais reservatórios de *Salmonella*, sendo um importante meio de transmissão da bactéria (TABO et al., 2013). As aves infectadas com bactéria excretam cerca de 10^8 células por grama de fezes, podendo infectar um lote inteiro,

além de atingir lotes vizinhos sem que as aves apresentem qualquer sintomatologia da doença (BRASÃO, 2017).

Em relação à cadeia de produção e processamento do frango de corte, que vai desde a criação até a mesa do consumidor, a transmissão de *Salmonella* pode acontecer de diversas maneiras, sendo sua epidemiologia melindrosa, sendo complicado estabelecer o modo que o lote de aves foi infectado, ou como aconteceu a transmissão do patógeno no aviário. A epidemiologia da *Salmonella* na cadeia de produção de aves abrange a contaminação vertical, provocando a germinação de pintainhos infectados, onde poderão ou não evoluir a doença (PANDINI et al., 2015).

Na concepção de CARDOSO & TESSARI (2015) as fontes de transmissão horizontal de *Salmonella spp.* no agrupamento atual de acomodação das aves, podem ser: obtenção de aves infectadas, presença de roedores, pássaros e aves silvestres no ambiente de criação, anomalias na biossegurança, manejo inadequado, instalações e equipamentos inadequadamente higienizados.

Segundo REITER et al. (2007), os frangos são colonizados principalmente no ceco por bactérias existentes na água de bebida, ração ou através do contato com o solo contaminado. Ao passo que as rações são concebidas fontes principais de infecção dos plantéis por *salmonelas*, as indústrias não fazem uso para plantéis de matrizes e avós rações com produtos de origem animal, isso porque as farinhas de carnes e ossos tem se apresentado fontes habituais de *Salmonella*.

As rações infectadas e suas matérias-primas, principalmente as de origem animal, continuamente exprimem taxas elevadas de contaminação por *Salmonella*, sendo assim concebidas principais fontes de abertura do patógeno nos plantéis (GALDINO et al., 2013).

A gama de frequência de roedores institui-se num fator de risco expressivo no aumento da existência de *Salmonella* em granjas. Esse fato ocorre em função do fácil acesso que os roedores têm ao local de armazenamento das rações, podendo contaminar pelas fezes o alimento viabilizado para os animais de criação, sendo infectados ao consumir a ração contaminada (RESENDE, 2015).

O predomínio elevado de *Salmonella* em amostras ambientais procedentes do aviário, como poeira, cama e fezes, foi observado por MARIN et al. (2011). Os insetos contribuem na propagação de agentes patogênicos, pois abrigam diferentes bactérias, estando em ligação direta com as fezes das aves. Os principais vetores mecânicos de *Salmonella* no aviário são as moscas e o cascudinho (*Alphitobius diaperinus*), expostos na cama do aviário (BAPTISTA et al., 2018).

Segundo os estudos de MORO et al. (2009), os ácaros também exercem papel de vetores de *Salmonella* para as aves, isso se dá pois esses parasitos (*Dermanyssus gallinae*) podem possuir o patógeno ao picar a ave, e uma vez infectados, podem ser ingeridos por outras aves, infectando-as. As aves selvagens e migratórias têm a função de reservatórios ou vetores mecânicos de variados agentes contaminados, retratando um risco para a indústria avícola, uma vez que estas aves vivem, se alimentam e defecam próximo as instalações avícolas (FREITAS NETO, 2015).

A reposição das aves constitui outra fonte de infecção do frango, através da introdução de pintainhos contaminados (TESSMAN et al., 2008). NAMATA et al. (2009) desenvolveu um estudo onde exemplificou que um dos principais fatores abrangidos na constância de *Salmonella* em granjas avícolas tinha relação ao contato das pessoas que trabalhavam diretamente com o manejo das aves, em função do contato que possuíam com outras aves, tanto domésticas como silvestres.

2.3.1 *Salmonella* spp. em ovos

O microrganismo específico da bactéria no frango irá depender do sorotipo e da cepa abrangida, além da sensibilidade e idade da ave. A bactéria pode ser transmitida verticalmente através de via transovariana, onde a invasão do patógeno no ovo acontece ainda na formação deste no oviduto (PENHA FILHO & BERCHIERI JR, 2015).

Assim sendo, a contaminação está posicionada na gema e os métodos convencionais de desinfecção dos ovos não são apropriados. No geral, a clara mostra-se com baixa contaminação por salmonelas, por conter componentes naturais que prejudicam o desenvolvimento bacteriano, como a presença de enzimas antibacterianas (lisozima) e a deficiência em ferro, componente fundamental para a propagação bacteriana. No entanto, o manejo da clara na composição de alguns pratos pode romper esse equilíbrio e facilitar a propagação de *salmonelas* (FIGUEIREDO et al., 2011).

Outro condutor observado é a invasão da bactéria por meio da casca, quando o ovo desenvolvido se contamina com as fezes das aves ao trespassar pela cloaca (COSTA, 2012). Geralmente, não há morte embrionária no ovo contaminado, se dá a germinação do pintainho, tornando-se assim, importante meio de infecção e contaminação no aviário. A desinfecção e o resfriamento do ovo, após a postura são técnicas assumidas em diversos países como precauções na redução da contaminação e a disseminação bacteriana (MOREIRA, 2012).

Após a postura os ovos incubáveis podem se tornar contaminados por *Salmonella* de várias formas, seja ainda nos ninhos, nos galpões de matrizes, nos caminhões e no próprio incubatório, evidenciando a transmissão horizontal do microrganismo. Nas incubadoras e nascedouros, as condições de temperatura e umidade podem viabilizar a disseminação da bactéria (SANTOS, 2013).

No Brasil, existem poucos estudos relacionados à existência de salmonelas em ovos comerciais. A maior parte dos ovos comerciais ocorre por galinhas acondicionadas em gaiolas. Uma quantidade mínima é reproduzida por ovos de descarte de incubação que são constituídas por matrizes em ninhos com cama de maravalhas. Parte desses ovos, provenientes de reprodutoras, expõem deformações na casca que favorecem a passagem das salmonelas da superfície para suas estruturas internas ampliando assim, o risco de contaminação (DELFINO, 2016).

2.3.2 *Salmonella* spp. em abatedouros

Ao analisar a existência de *Salmonella* em abatedouros de aves no Brasil, BERSOT (2006) constatou que a fase de criação tem função epidemiologicamente essencial na propagação de *Salmonella* e, por conseguinte, pode originar um produto contaminado. No abate, as fases tecnológicas de aquisição de carcaças também tem relação direta com o aumento predominantemente do produto contaminado. No entanto, ao analisar as fases críticas do processo de produção, percebeu que existe um assentimento de que o abate, no máximo, pode colaborar para a conservação da prevalência do patógeno. Desse modo, fica evidente que quanto maior a prevalência nos animais vivos, maior será o percentual de contaminação nas carcaças abatidas.

Durante as fases de transporte, abate e processamento dos frangos, pode haver posterior contaminação da carne, derivados e subprodutos, em função da existência de *Salmonella* nos intestinos, pele e penas das aves, ou ainda devido a outras fontes como instrumentos usados nestes processos ou a mão dos manipuladores (MUNIZ, 2014).

Pesquisas revelam que intervalos de tempos prolongados de jejum podem prejudicar o pH do intestino da ave, proporcionando a proliferação de microrganismos patogênicos, incluindo a *Salmonella*, o que pode aumentar o risco de contaminação da carcaça no abate, caso haja rompimento dos intestinos (SOARES, 2015).

Estudo realizado por MUNIZ (2012) em abatedouros de frango averiguou a presença de *Salmonella* em amostras de fezes, penas, vísceras, água de escaldagem, de *chiller* e de lavagem, sendo os sorovares *Enteritidis* e *Typhimurium* os mais predominantes.

Já num estudo desenvolvido por RODRIGUES (2013) sobre a incidência de *Salmonella* em diversas fases do processamento de frangos em um abatedouro no Brasil, verificou-se que a bactéria foi percebida em 5,4% (33/615) amostras analisadas. As maiores contaminações foram observadas nas caixas de transporte dos animais e na água de escaldagem, com índice de 16,7% em cada caso, seguidas dos isolamentos na asa e na coxa congelada (13,3%), e na pele de peito e de coxa (10%). Em amostras de intestino, a porcentagem de positividade de *Salmonella* foi de 6,7%, demonstrando que a contaminação cruzada dentro do abatedouro pode ocorrer (RODRIGUES, 2013).

As etapas de resfriamento das carcaças, mesmo tendo relação com uma redução na carga bacteriana, podem contribuir de modo inverso levando a contaminação das carcaças em função da elevada velocidade nas linhas de abate, equipamentos desregulados, desuniformidade no tamanho das aves, temperaturas inadequadas no *pré-chiller* e *chiller* e cloração deficiente da água (BERCHIERI JR & FREITAS NETO, 2009).

Os utensílios e equipamentos utilizados no abatedouro também podem ocasionar contaminação cruzada, agindo como meios de disseminação do patógeno na indústria. A higiene pessoal dos manipuladores também tem relação direta com a contaminação da carcaça, sendo a antissepsia de mãos e a desinfecção de utensílios, de fundamental importância para a prevenção da contaminação (SOARES, 2015).

Mesmo dispondo de todos os cuidados a fim de assegurar a produção da carne de frango com qualidade microbiológica apropriada, e das diversas ascensões tecnológicas empregadas no setor avícola brasileiro, nota-se que *Salmonella* ainda está presente ao longo da cadeia de produção do frango de corte (MUNIZ, 2014).

Assim, é de fundamental importância, que critérios associados a cuidados específicos com as aves no ambiente de criação, como o controle microbiológico das rações disponibilizadas aos animais, adoção de práticas higiênicas na criação, até medidas higiênico-sanitárias rigorosas durante o abate, no manuseio e processamento da carne de frango. Este rigoroso programa de limpeza e desinfecção das instalações e equipamentos, e a prevenção de contaminações cruzadas, são medidas importantes que auxiliam para a contenção dos níveis de contaminação das carcaças (MILAN & TIMM, 2015).

2.4 Programas governamentais para controle de *Salmonella spp.*

No Brasil, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) decretou várias portarias em diversos segmentos veiculados à indústria de frangos, visando diminuir ao máximo a disseminação desta doença. Tais publicações visam seguir o programa internacional *Codex Alimentarius*, que é um Programa Conjunto entre a Organização das Nações Unidas para a Agricultura e a Alimentação (FAO) e a Organização Mundial da Saúde (OMS), onde constam as normas, diretrizes, padrões e recomendações relacionados à qualidade e inocuidade dos alimentos (OMS, 2012).

O Programa Nacional de Sanidade Avícola - PNSA (Portaria nº 193-19/09/1994) tem como objetivo definir ações que possibilitem a certificação sanitária do plantel avícola nacional e favorecer a elaboração de produtos avícolas saudáveis para o mercado interno e externo. As aves têm fiscalização e controle através da guia de trânsito de animais (GTA), onde o local de saída e chegada deve ser registrado pelo MAPA (BRASIL/PNSA, 1994).

Com intuito de amenizar ainda mais a ausência de determinados microorganismos causadores das zoonoses em produtos de origem animal específicos, o governo estabeleceu um plano pioneiro no país, o chamado “Programa de redução de patógenos (PRP) – Monitoramento microbiológico e controle de *Salmonella spp.* em carcaças de frangos e perus”, com o objetivo de realizar um monitoramento constante do nível de contaminação por este patógeno em estabelecimentos de abate de aves.

O PRP é um sistema de segurança alimentar moderno, e inclui o conceito de proatividade, prevenção, responsabilidade compartilhada, integração, controle do processo de produção e aplicação da análise de risco, pois seus princípios e técnicas permitem o diagnóstico de problemas e a definição de soluções mais específicas e eficientes (MAPA, 2017).

A análise de risco instrumentaliza os processos de tomada de decisão, contribuindo para a definição de metas e de estratégias para a redução da ocorrência das doenças transmitidas por alimentos e água, com embasamento científico; o planejamento e a implementação de intervenções adequadas, bem como o monitoramento de resultados (MAPA, 2017).

A análise de risco tornou-se mais importante do que nunca devido aos novos modos de produção e processamento, alteração nos padrões de consumo e expansão do mercado internacional que contribuem para o surgimento de novos perigos. Cada vez mais os acordos

de comércio internacional estabelecem regras e padrões para a produção e o comércio de alimentos inócuos e de qualidade (OMS, 2008).

Esse plano foi estabelecido por meio da Instrução Normativa nº 70 (BRASIL, 2003), que confere um controle minucioso sobre o processo de abate e atente as exigências de segurança do alimento baseado nos princípios de Boas Práticas de Fabricação (BPF), no Procedimento Padrão de Higiene Operacional (PPHO) e na Análise de Perigos e Pontos Críticos de Controle (APPCC) (VOSS-RECH et al., 2015).

2.5 Resistência antimicrobiana em *Salmonella spp.* e perfis de multirresistência

De acordo com a Organização Mundial de Saúde (OMS), resistência antimicrobiana é a capacidade do microrganismo de interromper a ação de um determinado agente antimicrobiano ou de atuar sobre ele, resultando em tratamentos ineficazes, infecções/contaminações persistentes e a possibilidade de transmitir essa característica a outros microrganismos (OMS, 2012).

O setor avícola enfrenta novas situações emergenciais relacionada com a resistência antimicrobiana de patógenos em toda a cadeia de produção de aves (GELINSKI et al., 2014).

Um fator importante no que diz respeito a veiculação de *Salmonella* ao homem pelo consumo de alimentos de origem animal, tem relação à disseminação de cepas resistentes aos antimicrobianos. A utilização abusiva de antimicrobianos na medicina humana e veterinária, como agentes terapêuticos ou profiláticos, e também como promotores de crescimento na produção animal, promove a pressão de seleção, favorecendo o surgimento de cepas resistentes e estreitando a escolha de medicamentos eficazes disponíveis para a terapêutica (LAI et al., 2014).

Outro aspecto que merece destaque relacionado à resistência aos antimicrobianos é o alerta da Organização Mundial de Saúde para a emergência de um grande número de *Salmonella* multirresistentes a antibióticos, já que muitas cepas têm incorporado essa característica em seu material genético. Como resultado há uma limitação severa das possibilidades de tratamento efetivo de infecções em seres humanos (OMS, 2005).

Outro problema comum associado com a resistência antimicrobiana inclui a morbidade, mortalidade, e os custos associados ao tratamento e a doença na população humana (LIMA et al., 2009), o que representa um grande problema de saúde pública.

De acordo com RESENDE (2015), bactérias de caráter multirresistentes isoladas em humanos são pelo menos em parte, de origem animal e podem ter adquirido seus genes de

resistência ainda durante a criação, antes mesmo de ser transmitida ao homem pelo consumo de alimento.

Segundo a Organização Mundial de Saúde (OMS), estima-se que, do total de antibióticos produzidos no mundo, metade é utilizada em rações animais, sendo que na Europa verificou-se que aproximadamente 100 miligramas de antimicrobiano são utilizados em animais para a produção de um quilograma de carne para consumo humano (OMS, 2012).

Várias pesquisas vêm sendo realizadas com a intenção de avaliar o perfil de resistência antimicrobiana de *Salmonella spp.* isoladas de aves e seus produtos frente a agentes antimicrobianos. Nesse sentido, destacam-se estudos em que foram encontrados isolados em *Salmonella spp.* com elevadas taxas de resistências no Brasil (ALMEIDA, 2016).

Estudos tem demonstrado ainda que diferenças significativas no perfil de resistência varia de acordo com os diferentes sorotipos de *Salmonella spp.* (SANTOS; CARDOSO, 2008). Todos os sorotipos de *Salmonella* podem ser considerados patogênicos ao homem, porém, alguns fatores de virulência parecem estar presentes em um número limitado deles. Desta forma, a sorotipagem e a avaliação do perfil de resistência antimicrobiana constituem importantes ferramentas para investigações epidemiológicas e para o estabelecimento de estratégias eficientes para o uso adequado dos antibióticos (TESSMANN et al., 2008).

Baseado nos dados apresentados observa-se a importância do uso controlado de antimicrobianos na produção animal, assim como o monitoramento constante de *Salmonella* na cadeia avícola, como formas de contribuir com a saúde pública e com a redução da pressão de seleção. Estas são formas adequadas para evitar a emergência e a disseminação de sorotipos resistentes, garantindo também a eficácia clínica na utilização dos antimicrobianos (PANDINI et al., 2014).

Além do envolvimento em doenças de veiculação alimentar, *Salmonella* assume significativa importância mundial na saúde pública. A relevância é decorrente da existência de cepas multirresistentes aos antimicrobianos, e suas possíveis implicações no tratamento de quadros clínicos graves de salmonelose, que estão muitas vezes associados a surtos de DVA em vários países, incluindo o Brasil (BRASIL, 2012).

No Brasil, um estudo realizado por RIBEIRO et al. (2008) com cepas de *S. Enteritidis* isoladas de amostras de origem avícola, verificou que 82,3% (65/79) das amostras foram resistentes a um ou mais agentes antimicrobianos utilizados, apresentando 19 perfis de resistência. Dentre as 65 amostras de *S. Enteritidis* resistentes, 43 (66,1%) apresentaram resistência a dois ou mais agentes antimicrobianos e 22 (33,8%) a somente um, havendo maior número de cepas resistentes à tetraciclina (67,1%).

A determinação do perfil de resistência das cepas de *Salmonella* é importante para o estabelecimento de suas características tanto dentro da cadeia produtiva do frango, como também na medicina humana, a qual utiliza destes agentes antimicrobianos para tratamento de infecções mais graves de salmonelose. A partir destes resultados é possível fazer uma correlação do uso dessas drogas em ambas as áreas baseado nas características de resistência obtidas. Além disto, a construção destes perfis de resistência aos antimicrobianos tem ainda importante aplicação para a tipagem de *Salmonella*, tendo maior valor em clones multirresistentes, e sempre em combinação com métodos moleculares (MENDONÇA, 2016).

A caracterização genotípica e o monitoramento da resistência, representam valiosas ferramentas na epidemiologia de *Salmonella* sp, permitindo o conhecimento quanto a fonte de disseminação em sorovares de importância em saúde pública (BRASIL, 2012).

2.5.1 Genes de resistência aos antimicrobianos

As populações bacterianas sensíveis à ação de drogas podem se tornar resistentes basicamente por dois processos. Primeiro, por mutação espontânea e seleção, onde as bactérias sofrem mutação em seu material genético capaz de conferir resistência e sobrevivem ao uso da droga e, no segundo caso, as bactérias sensíveis são eliminadas. As células resistentes transferem essa característica às células-filhas, caracterizando a transmissão vertical. Outro processo de desenvolvimento de resistência é a aquisição de genes transportados por bactérias que são resistentes, caracterizando a transferência horizontal (TENOVER, 2006).

Vários são os genes associados à resistência aos antibióticos pertencentes às mais variadas classes de antimicrobianos. O grupo dos β -lactâmicos (subclasse das cefalosporinas e 3ª geração) destaca-se por agrupar antimicrobianos muito utilizados na medicina humana e animal no tratamento de infecções causadas por enterobactérias, e por isso são de interesse para estudo de genes associados à resistência. Dentre estes genes, muitos estudos citam o gene bla_{TEM} e bla_{SHV} por seu envolvimento em quadros de resistência aos β -lactâmicos (AHMED et al., 2014).

Os β -lactâmicos consistem em quatro grandes grupos, incluindo penicilina, cefalosporinas, monobactams e carbapenêmicos. Estes quatro grupos principais têm em comum um anel β -lactâmico, que pode ser hidrolisado pelas enzimas β -lactamases resultando na inativação do antibiótico. Em gram-negativos, a produção de β -lactamases continua a ser o mais importante fator que contribui para a resistência aos β -lactâmicos (MENDONÇA, 2016).

De acordo com o esquema de classificação de Ambler, as β -lactamases podem ser divididas em quatro classes: A, B, C e D. As classes A, C e D atuam sobre muitas penicilinas, cefalosporinas e monobactams. Proteínas da classe B agem em penicilinas, cefalosporinas e carbapenêmicos (GUPTA, 2007). AmpC, uma enzima indutível de origem cromossômica encontrada em muitas espécies de *Enterobacteriaceae* e *P. aeruginosa* é o protótipo da enzima referente à classe C (MO et al., 2014).

A exposição persistente em estirpes de bactérias a uma multiplicidade de β -lactâmicos levou a superprodução e mutação das β -lactâmicos. Algumas β -lactamases são capazes de hidrolisar penicilinas, cefalosporinas e monobactams e são chamadas beta-lactamases de espectro estendido (ESBLs – Extended Spectrum β -lactamases) (ROSSOLINI et al., 2008).

Inicialmente as ESBLs foram relatadas nas espécies de *E. coli* e *Klebsiella*. Porém, atualmente elas também vêm sendo encontradas em outras espécies bacterianas, incluindo *Salmonella* entérica, e em diversos ambientes, sugerindo uma expansão global dessas enzimas (VIEIRA, 2009).

A maioria das ESBLs podem ser divididas em três grupos: TEM, SHV e CTX-M (RESENDE, 2015).

A enzima TEM-1 foi originalmente descoberta em *E. coli* isoladas de uma paciente chamada Temoniera, daí a designação TEM. Poucos anos depois, foi isolada pela primeira vez a porção plasmidial em bactérias gram-negativas, que é responsável por codificar a β -lactamase TEM-1, a qual se espalhou pelo mundo e para muitas espécies bacterianas (GUPTA, 2007).

O progenitor da classe de enzimas SHV, SHV-1 é universalmente encontrado em *K. pneumoniae*. SHV-1 confere resistência às penicilinas de largo espectro, tais como ampicilina, ticarcilina e piperacilina, mas não para cefalosporinas. Em 1983, SHV-2 de origem plasmidial, derivado de uma mutação em SHV-1, foi isolado a partir de três *K. pneumoniae* que demonstraram resistência à cefotaxima, bem como para outras cefalosporinas (LU et al., 2014).

As enzimas do tipo CTX-M, grupo mais recente das ESBLs estão se espalhando rapidamente entre as bactérias pertencentes à família das *Enterobacteriaceae* e em todo o mundo. CTX-M ESBLs exibem forte atividade contra cefotaxima e ceftiazona, mas geralmente não contra ceftazidima. Mais de 50 diferentes tipos de CTX-M β -lactamases tem sido descritos e classificados com base na composição e conformação de aminoácidos (RESENDE, 2015).

O estudo de microrganismos produtores de ESBLs pode gerar informações relevantes a respeito da transferência de genes de resistência e sobre a necessidade de medidas de controle para o uso de antibióticos na alimentação animal. A elevada ocorrência de transferência de genes associados às ESBLs promoveu a disseminação desse caráter para diferentes agentes patogênicos entéricos. Isso promoveu aumento da resistência à ampicilina e, mais recentemente, da resistência à cefalosporina, mesmo na ausência de pressão seletiva de agentes antimicrobianos (SANTIAGO et al., 2016).

2.5.2 Genes de virulência

As bactérias patogênicas se diferenciam de outras não patogênicas devido à presença e expressão de genes que codificam os fatores de virulência, que possibilitam ao patógeno a habilidade em causar a doença no hospedeiro. Estes fatores são reconhecidos por propiciar ao micro-organismo a invasão e colonização das células do hospedeiro, determinando uma série de eventos que desencadeiam a doença (VIEIRA, 2009).

Ao longo do processo de infecção, a *Salmonella* encontra diversos ambientes hostis no hospedeiro, necessitando ainda sobreviver às defesas do sistema imune. Para adaptar a estas condições, o patógeno precisa de um grande número de genes responsáveis pela adaptação da bactéria à célula e para que ela supere os mecanismos de defesa do hospedeiro (VIEIRA, 2009). Dessa maneira *Salmonella* precisa regular constantemente sua expressão gênica para sobreviver às condições adversas e atravessar a mucosa intestinal, a fim de ter acesso ao epitélio subjacente (OLIVEIRA et al, 2013).

Os genes de virulência das salmonelas podem ser cromossômicos e plasmideais. A maioria destes genes está localizada em grandes regiões do cromossomo, denominadas ilhas de patogenicidade em *Salmonella* (IPS). São conhecidas cinco IPS (IPS-1, IPS-2, IPS-3, IPS-4 e IPS-5), sendo a IPS-1 a mais bem estudada (FERREIRA & CAMPOS, 2008). Acredita-se que esses genes foram adquiridos ao longo do tempo, por meio da incorporação de material genético de outras bactérias (BERCHIERI JÚNIOR & FREITAS NETO, 2009).

Uma das primeiras etapas relacionada à patogenicidade da *Salmonella spp.* é sua capacidade de aderir às células do hospedeiro, na qual as fímbrias exercem um papel extremamente importante. A partir desta adesão haverá invasão e colonização das células intestinais, além de ser responsável pela persistência ambiental e formação de biofilmes (MOREIRA, 2012).

Existem diferentes tipos de fímbrias, dentre elas, as fímbrias do tipo I (Fim), fímbrias codificadas por plasmídeos (*Plasmid Encoded Fimbriae* – PEF), fímbria polar longa (*Long Polar Fimbriae* – LPF) e fímbrias agregativas (*Aggregative fimbriae* – AGF), sendo que cada uma destas possui tropismo por diferentes tipos de células em diferentes hospedeiros. Os sorovares de *Salmonella* pertencentes ao grupo D1, incluindo *S. Enteritidis*, ainda possuem a fímbria *Salmonella Enteritidis* (*Salmonella Enteritidis Fimbriae* – SEF) (ZHANG, 2013).

Em um estudo desenvolvido com cepas de *S. Enteritidis* provenientes de diferentes amostras avícolas, o gene *invA* foi identificado em 97% (GALDINO et al., 2013). ROWLANDS et al. (2014) detectaram a presença do gene em 100% das cepas de *Salmonella spp.* isoladas de alimentos no Brasil.

BORGES et al. (2013), ao analisarem cepas de *S. Enteritidis* isoladas de diferentes amostras provenientes de aves no sul do Brasil, identificaram os genes *invA* e *sefA* em 100% dos isolados, *lpfA* em 99% e *agfA* em 96%. Verificaram ainda que todas as cepas tinham pelo menos dois genes fimbriais, destacando a importância da fímbria no processo de infecção.

Apesar de todos os sorotipos de *Salmonella spp.* serem considerados como potencialmente patogênico, existem algumas diferenças na sua virulência (MENDONÇA, 2016). Isso porque a bactéria pode perder e adquirir novos fatores de virulência ao longo do tempo, a fim de adaptar-se a novos hospedeiros ou ao ambiente (OLIVEIRA, 2013).

O conhecimento destas características permite uma melhor abordagem no estudo da virulência de *Salmonella*. Pesquisas sobre a participação de cada gene na patogênese desta bactéria torna possível estabelecer critérios para prever a virulência deste microrganismo (BORGES et al., 2013).

2.6 Métodos de tipificação da *Salmonella spp.*

Salmonella spp. tem sido foco nos estudos que envolvem as características epidemiológicas e moleculares, uma vez que é importante patógeno responsável por toxinfecções alimentares em humanos, além de apresentar complexa interação entre agente, meio ambiente e diversas espécies de hospedeiros (LIU et al., 2011).

Durante a caracterização epidemiológica de um surto ocasionado por infecção bacteriana é fundamental estabelecer a relação clonal entre os isolados, pois em diversos casos, a origem da doença se encontra na exposição a uma fonte comum do patógeno. Assim, muitos desses microrganismos são resultantes da divisão contínua de uma única célula, gerando isolados praticamente idênticos geneticamente. Contudo, a identificação e

diferenciação de clones bacterianos são possíveis, em função da tipificação bacteriana (TOZETTO, 2006).

Várias técnicas são capazes de diferenciar isolados de *Salmonella spp.* e devem ser constantemente utilizadas no campo da vigilância epidemiológica, considerando o aumento da diversidade de sorovares. No entanto, são aplicados os métodos de tipificação que ajudam no monitoramento epidemiológico de cepas, sendo possível a investigação da origem de um surto alimentar bem como o monitoramento de perfis de resistência antimicrobiana. Além disso, a tipificação de *Salmonella* também é utilizada para a detecção de focos de contaminação em ambientes de processamento de produtos alimentares (MOREIRA, 2012).

Métodos de tipificação bacteriana, portanto, são definidos como qualquer método que possa diferenciar os microrganismos além da classificação em espécies, apresentando como base a capacidade de comparar isolados e agrupar cepas que demonstrem resultados idênticos. Assim, parte-se da ideia de que linhagens clonais de bactérias (microrganismos proximamente relacionados) compartilham propriedades que podem ser identificadas e utilizadas para diferenciá-las das que não são similares (EBERLE & KIESS, 2012).

As técnicas de tipificação são baseadas no fenótipo e no genótipo das bactérias. Os métodos fenotípicos são aqueles que diferenciam as cepas por meio da caracterização dos produtos da expressão gênica, como por exemplo, a presença de antígenos na superfície celular e o perfil de suscetibilidade a antimicrobianos. Já os métodos genotípicos são baseados na análise da estrutura genética do microrganismo utilizando-se enzimas de restrição, amplificação de ácido nucléico ou sequenciamento de nucleotídeos (FOLEY et al., 2009).

Dentre os diversos métodos de tipificação existentes, sejam eles fenotípicos ou genotípicos, a escolha do mais adequado ao objetivo do estudo deve ser baseada na análise de três critérios essenciais: tipicidade, reprodutibilidade e discriminação (MOREIRA, 2012).

Atualmente existem diversas técnicas para realizar a tipificação de *Salmonella spp.* Dentre os métodos fenotípicos, que são considerados os mais tradicionais, estão a sorotipificação, fagotipificação e perfil de suscetibilidade a antimicrobianos. Em relação às técnicas moleculares, utilizadas para a caracterização do genótipo da *Salmonella* podem ser destacadas o perfil plasmidial, polimorfismo de DNA amplificado ao acaso (RAPD) e eletroforese em campo pulsado (PFGE) e a técnica de ribotipagem automatizada (MENDONÇA, 2016).

Métodos de tipagem molecular têm sido amplamente utilizados com o objetivo de realizar a caracterização bacteriana, permitindo a análise de diferenças e similaridades entre amostras bacterianas, ou ainda, para se verificar a origem e disseminação das cepas. Com os

dados obtidos a partir destas análises, pode-se construir dendogramas que mostram a similaridade existente entre amostras filogeneticamente próximas. A utilização destas ferramentas de tipagem permite o rastreamento de determinado microrganismo em investigações epidemiológicas, fornecendo informações importantes sobre a característica do patógeno (RESENDE, 2015).

O RAPD (*Randomly amplified polymorphic DNA*) é caracterizado como uma técnica rápida que permite detectar polimorfismos genômicos, pelo uso de iniciadores de sequência curta. A eficácia, rapidez e flexibilidade do método de tipagem permite sua ampla utilização em estudos epidemiológicos (GANDRA et al., 2008).

A técnica consiste metodologicamente na amplificação do DNA utilizando sequências de iniciadores ou *primers* escolhidos aleatoriamente, com baixa complementariedade ao DNA alvo. A reação sucede em condições de baixa específicas de maneira a permitir aos *primers* se anelarem em vários locais das duas fitas do DNA, tendo assim inúmeros fragmentos amplificados, desvendando assim a diversidade genética entre os microrganismos (MARTINEZ & TADDEI, 2008).

Apesar não ser o padrão ouro para diferenciar as cepas relacionadas de *S. enterica*, essa metodologia permanece como uma ferramenta de análise válida para epidemiologistas, particularmente útil em países com recursos limitados voltados para saúde pública (MOREIRA, 2012).

Métodos baseados na restrição do DNA têm sido frequentemente adotados para monitoria da disseminação de *Salmonella* dentro da cadeia produtiva de alimentos, podendo identificar cepas envolvidas na infecção humana e dar informações epidemiológicas sobre as relações genéticas entre sorotipos. Desta forma, a ribotipagem tem sido empregada pelos laboratórios de referência mundial, como um método molecular imprescindível para investigação epidemiológica, pela detecção da fonte de infecção (MARTINS et al., 2006).

Este sistema permite realizar a rastreabilidade completa do microrganismo em questão, identificando a fonte e causa da contaminação de maneira direta e indubitável, pois fornece um perfil genético de cada uma das bactérias implicadas, permitindo que as bactérias com o ribogrupo coincidente sejam identificadas e a causa do problema prevenida e/ou eliminada. Este sistema consiste em um avanço tecnológico com relação à comodidade, reprodutibilidade e velocidade de realização (GANDRA et al., 2008).

Cada técnica apresenta vantagens e desvantagens e nenhuma utilizada isoladamente, irá cumprir todos os requisitos necessários para um resultado adequado ao objetivo do estudo.

Por isso é importante uma avaliação detalhada e a compreensão do pesquisador em relação às limitações de cada uma (MOREIRA, 2012).

2.7 *S. Minnesota* e *S. Typhimurium* de origem avícola como fatores de virulência e risco potencial aos humanos

Salmonelose aviária refere-se aos diversos tipos de doenças em aves ocasionadas pelos variados sorovares de *Salmonella*, sendo todas estas enfermidades de grande importância para a avicultura mundial (PLUMMER, 2012).

A demanda por produtos avícolas é considerada alta, podendo ser atribuída ao baixo custo deste produto, e pelo fato dos consumidores buscarem opções alimentares mais saudáveis, como a ingestão de carne branca (RESENDE, 2016). No entanto, o consumo de carne de frango é considerado um fator de risco para infecções por *Salmonella* em humanos (OMS, 2009).

Mesmo com as inúmeras medidas de biossegurança preconizadas no intuito de assegurar a sanidade dos plantéis avícolas, são registrados inúmeros surtos de salmonelose no Brasil. Dados do Ministério da Saúde mostram que o agente etiológico mais associado a surtos de doenças transmitidas por alimentos no Brasil, de 2000 a 2014, foi *Salmonella spp.*, representando 38,2% do total de agentes notificados (BRASIL, 2014).

Segundo MUNIZ (2012), a presença de *Salmonella spp.* no alimento não significa necessariamente o desencadeamento de doença no homem. Para que a doença se desenvolva, é necessária a associação de diversos fatores, entre eles, a concentração da bactéria, que deve ser superior à dose infectante e a virulência do sorovar envolvido. Já entre os fatores ligados ao hospedeiro, destacam-se a espécie, raça, idade, condições imunológicas e nutricionais. A dose infectante capaz de provocar a doença pode variar desde uma célula, como ocorre com *S. Typhi*, ou de milhões de células, como por exemplo, 10^5 a 10^6 para *S. Bareilly* e *S. Newport* e 10^9 e 10^{10} para *S. Pullorum*.

Desde 1940, tem-se registrado um crescente aumento de salmonelas não específicas de humanos e animais, particularmente *S. Typhimurium*. Recentemente, *S. Enteritidis* passou a ser um dos sorovares mais isolados em casos de toxinfecções alimentares em humanos, em função da sua alta capacidade de transmissão vertical e horizontal. Assim, no Brasil e no mundo, a ocorrência de casos de salmonelose continua a ser um grande desafio para a saúde pública (TESSMAN et al., 2008).

A salmonelose destaca-se como uma das principais zoonoses que transmitidas pelos alimentos impactam a saúde pública. A maior fonte de infecção para os humanos é a ingestão de alimentos de origem animal contaminados, principalmente a carne de aves, ovos e seus derivados (TABO et al. 2013).

Esta zoonose também tem influência na economia, já que a positividade em carcaças de frango e seus derivados é uma das principais barreiras sanitárias à sua exportação. Existem poucos estudos específicos envolvendo *S. Minnesota*, pois geralmente são privilegiadas pesquisas em sorovares que comprovadamente impactam a saúde humana, como *S. Enteritidis* e *S. Typhimurium* como exemplos, por estarem mais envolvidos nas infecções alimentares (VAZ et al. 2010). Assim, pouco se conhece sobre a real importância de *S. Minnesota* em saúde pública, e até o momento, não há relatos deste sorotipo como responsável por surtos de salmonelose humana no mundo (PICKLER et al. 2012).

Porém, na avaliação de alimentos, em algumas situações, existem inadequações que consistem na positividade de *Salmonella spp.*, não levando em consideração o sorovar. Isso torna as informações sobre prevalência, características, disseminação e potencial virulento de sorovares emergentes individualmente, importantes tanto para a saúde pública, como para a economia (PICKLER et al. 2012).

No Brasil e no mundo, alguns estudos têm demonstrando aumento nos isolamentos de *S. Minnesota* na cadeia avícola (SCHERRER & MARCON, 2016). FREITAS (2011) demonstrou que no período de 2009 a 2010, *S. Minnesota* foi o segundo sorovar mais isolado em frangos de corte brasileiros e VOSS-RECH et al. (2015) estabeleceu a emergência deste sorovar no país, que foi o mais prevalente, representando 40,24% dos isolamentos. Na Bélgica, CODA-CERVA (2014) relatou aumento representativo na ocorrência deste sorovar em frangos de corte, o qual foi o segundo sorotipo mais comumente isolado, passando de 2% em 2009 para 17,6% em 2012 (FREITAS, 2011).

Vários fatores podem contribuir para a emergência de determinados sorovares de *Salmonella*. Entre eles, está o fato de não causarem sinais clínicos nas aves, favorecendo sua disseminação no ambiente e para outras aves (PICKLER et al. 2014). Outra situação é a capacidade de produzir biofilmes, que perpetua os micro-organismos no ambiente, que se tornam então, fontes constantes de contaminação tanto no ambiente de criação das aves quanto nas plantas de abate (SCHERRER & MARCON, 2016).

Uma vez associada a biofilmes, *Salmonella* está mais protegida contra agressões ambientais, fato que dificulta sua eliminação, pois se tornam mais tolerantes aos diferentes fatores de estresse, como o calor, frio e a ação de desinfetantes (BURMOLLE et al. 2010).

A capacidade de associação de *Salmonella* nestas comunidades está relacionada a presença dos genes *csgD* e *adrA* e ao sistema de comunicação entre células *quorum sensing* (QS) (AMMOR et al, 2008). Este sistema é responsável por importantes funções fisiológicas como a formação do biofilme, expressão de genes de virulência e colonização na célula hospedeira. O mecanismo de QS em *Salmonella* spp utiliza o gene *lux S* para a comunicação intra e interespecie (PLUMMER, 2012).

O Brasil é o maior exportador e segundo maior produtor de frangos de corte do mundo (ABPA 2016), e isto faz com que haja constante necessidade da comprovação da inocuidade destes alimentos. Uma estratégia preventiva para garantir a qualidade é o monitoramento de *Salmonella* na cadeia de produção de alimentos, com identificação e caracterização de sorotipos emergentes, além de utilizar ferramentas que permitam entender sua disseminação e possíveis fontes de contaminação. Estas informações são importantes para basear medidas para o seu controle (STEENACKERS et al., 2012).

O estudo realizado por BRASÃO (2017) foi capaz de demonstrar a presença de *S. Minnesota* produtoras de biofilme nas granjas e nos 323 abatedouros de frangos de corte, indicando que estas comunidades podem contribuir para a persistência deste sorovar ao longo da cadeia de produção, incluindo sua presença nos alimentos produzidos. Nestas cepas, os 325 genes *csgD*, *adrA* e *luxS*, que são associados à formação de biofilmes, estavam presentes na maioria das cepas.

Os isolados demonstraram alta similaridade genética ao longo do período estudado, confirmando sua persistência no ambiente, o que embasa a hipótese de uma disseminação clonal associada a biofilmes como fonte de contaminação por esse sorovar nas indústrias, que contribui para o aumento do número de isolamentos no ambiente e nos alimentos produzidos (BRASÃO, 2017).

Existem poucos estudos específicos relacionados a *S. Minnesota*, pois geralmente são privilegiadas pesquisas em sorovares que comprovadamente impactam a saúde humana, como *S. Enteritidis* e *S. Typhimurium* como exemplos, por estarem mais envolvidos nas infecções alimentares (VAZ et al. 2010). Assim, pouco se conhece sobre a real importância de *S. Minnesota* em saúde pública, e até o momento, não há relatos deste sorotipo como responsável por surtos de salmonelose humana no mundo (PICKLER et al. 2012).

Atualmente, *S. Minnesota* tem trazido preocupação pelo aumento no número de isolamentos na cadeia de produção de carne de aves (VOSS-RECH et al., 2015) e pelo fato de pouco se conhecer sua sobre seu potencial zoonótico. Somente no ano de 2013 ocorreu o primeiro relato do envolvimento deste sorovar como responsável por urosepse em um

paciente imunodeprimido pela síndrome de *Crohn's*. No entanto, este relato isoladamente, principalmente por tratar-se de paciente imunocomprometido, não permite estabelecer sua importância em saúde pública (TESSMAN et al., 2008).

FREITAS (2011) aplicou a técnica de ribotipagem para identificação de cepas de *Salmonella* provenientes de frangos de corte no Brasil no período de 2009 a 2010. Constatou que *S. Minnesota* foi o segundo sorovar mais identificado em amostras de origem avícola, evidenciando que este sorovar vem ocupando espaço entre os principais isolados de aves no Brasil. No ano de 2012 distintos sorovares de *Salmonella* isolados de carne de frango importada do Brasil foram reportados na Europa, sendo os mais identificados: *S. Heidelberg* seguida de *S. Minnesota* (RASFF, 2012).

No banco de dados do *Rapid Alert System for Food and Feed* (RASFF) há relato de três identificações de *S. Minnesota* no ano de 2017 em amostras de carne de frango brasileiras. Uma cepa foi identificada na Eslováquia em peito de frango salgado congelado, e duas cepas foram isoladas na Alemanha em amostras de filetes de peitos de frangos congelados, sendo um salgado e outro natural (RASFF, 2017a).

VOSS-RECH et al. (2015) demonstraram a emergência de *S. Minnesota* no Brasil, o qual foi o sorovar mais isolado de swabs de arrasto em propriedades de frango de corte, representando 40,24% dos isolamentos, seguido de *S. Infantis* (14,63%) e *S. Heidelberg* (7,31%). Na Bélgica, o Centro de Pesquisa de Veterinária e Agronomia (CODA-CERVA) demonstrou um aumento representativo na ocorrência deste sorovar em carnes de frangos de corte no país, que se tornou o segundo sorotipo mais comumente isolado neste alimento, passando de 2% em 2009 para 17,6% em 2012 (CODA-CERVA, 2014).

De acordo com PICKLER et al. (2014), salmonelas paratíficas, como *S. Minnesota* não causam sinais clínicos nas aves, porém persistem no intestino destas, fator que favorece sua disseminação na cadeia produtiva. Apesar da pouca evidência entre associação de *S. Minnesota* com doença nas aves ou em saúde pública, a presença de representantes deste gênero bacteriano na carne é indesejável e interfere na relação comercial entre os países, podendo levar até mesmo à interdição do alimento exportado (BACK; ISHIZUKA, 2010).

Em um estudo desenvolvido por MEDEIROS et al. (2011), no Brasil, verificou-se que os sorovares mais comumente isolados de carcaças de frango foram *S. Enteritidis*, *S. Infantis* e *S. Typhimurium*, os quais são os principais associados com a doença em humanos.

Por muitos anos, e em todo o mundo, os sorotipos mais importantes na transmissão de salmonelas de animais para humanos foram *S. Enteritidis* e *S. Typhimurium*. Juntamente a

estes sorovares, atualmente, o sorovar Infantis também tem sido bastante incriminado pelo envolvimento em casos de infecção alimentar (MENDONÇA, 2016).

Estudos utilizando a técnica de fagotipagem tem demonstrado a estrita relação de isolados de origem avícola com aqueles envolvidos em casos de salmonelose humana (TESSMAN et al., 2008). ANDREATTI-FILHO & PINTO (2009), encontraram uma alta frequência do fagotipo PT4, presente em 95,2% das cepas de *S. Enteritidis* isoladas de cortes de frangos na região sudeste do Brasil no período de setembro a dezembro de 1996. Segundo os autores, a elevada frequência em carcaças de frango e o predomínio deste fagotipo na salmonelose humana, sugerem particular associação entre reservatórios aviários e os surtos de infecção alimentar no Brasil durante o período de estudo. A infecção humana causada por *S. Typhimurium* fagotipo DT104 veiculada por alimentos é apontada como um problema para a saúde pública em todo o mundo.

No Brasil, GHILARDI et al. (2006) relataram a identificação deste fagotipo a partir de pacientes hospitalizados em São Paulo. Um relatório do *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC), abrangendo os anos de 1968 a 2011, demonstrou que dentre as inúmeras fontes possíveis de *S. Enteritidis*, o frango ocupou o topo da lista, sendo o principal veiculador deste patógeno, o qual foi isolado em 50,2% de amostras provenientes de animais apresentando sinais clínicos da doença (amostras clínicas), e em 82,5% em amostras provenientes do ambiente de criação da ave, incluindo ração e também carcaça (amostras não clínicas).

Outra grande preocupação em saúde pública com relação às *salmonelas* paratíficas diz respeito a sua capacidade em formação de biofilmes nos frigoríficos. O primeiro passo para a formação de biofilmes consiste na fixação das bactérias às superfícies de processamento, e é reconhecida como uma das causas da contínua contaminação de alimentos (PANDINI et al., 2015).

De acordo com MOREIRA (2012), *Salmonella* é capaz de formar biofilmes de maneira significativa e em diferentes tipos de superfícies, sejam elas abióticas (plástico, borracha, vidro e aço inoxidável), ou bióticas (plantas, células epiteliais, cálculos biliares).

Estudos demonstram que tanto *S. Enteritidis* como *S. Typhimurium* podem persistir no ambiente devido a sua capacidade em formar biofilmes em superfícies inertes, podendo esses biofilmes serem compostos por uma única espécie bacteriana ou de uma comunidade derivada de várias espécies (SOUZA, 2015).

O ambiente de abate pode ser uma fonte importante na disseminação de *Salmonella*, pois uma vez instalada a contaminação pelo micro-organismo na indústria, a remoção é

dificultada devido à sua capacidade em formar biofilmes, e de se multiplicar em baixas temperaturas (BERCHIERI JR & FREITAS NETO, 2009).

Uma pesquisa desenvolvida por FUZIHARA et al. (2015), em 60 pequenos abatedouros da cidade de Mauá (SP) comprova este fato, pois verificaram a presença de *Salmonella spp.* em utensílios (23,1%) e superfícies de refrigeradores e congeladores (71,4%). Desta forma, biofilmes formados por *Salmonella spp.* em equipamentos e superfícies de processamento de alimentos servem como um reservatório persistente de contaminação, comprometendo a segurança alimentar e a saúde humana (RODRIGUES, 2013).

Uma vez que a enfermidade é mais comum em aves adultas e que a mortalidade pode persistir por períodos prolongados, é preciso tomar cuidado para não intoxicar as aves com a administração prolongada de antimicrobianos. Mesmo na presença de um surto de tifo aviário, a maior aliada do tratamento é a adoção de medidas de limpeza e higiene eficazes, e a eliminação rápida e correta de aves mortas (FUZIHARA et al., 2015).

O melhor programa de prevenção baseia-se na limpeza, na higiene e na desinfecção da granja. É preciso ter cuidado com dejetos, evitar água parada, realizar o destino correto e rápido de animais mortos, ter cuidado com veículos que transportam aves, ração e suas matérias-primas, fezes (cama) e ovos, entre outros. Também é necessário evitar pássaros, roedores, mosquitos, outras espécies de aves e de outros animais. Evitar aves de diferentes idades também é outra medida importante. O monitoramento de rotina da granja deveria compreender o exame microbiológico das aves que morrerem (BERCHIERI JR & FREITAS NETO, 2012).

Por todo o exposto, é fundamental que haja a busca de procedimentos de controle do patógeno, principalmente na indústria avícola, visando à redução dos níveis de contaminação de carcaças de frango e, conseqüentemente, reduzindo o risco potencial de transferência do microrganismo para humanos, pelo consumo de alimentos contaminados. Esses procedimentos incluem o esforço tanto da indústria, com a implantação de programas cada vez mais eficientes e rígidos de análise de risco e controle de pontos críticos, envolvendo desde a criação do animal, o processamento na planta industrial, até o preparo do alimento pelo consumidor (SANTOS et al., 2013).

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A *Salmonella* é um patógeno de natureza zoonótica, que sobrevive predominantemente nas aves, sendo potencializada através de irregularidades no cumprimento de técnicas fundamentais para o controle de boas práticas. Esse cenário pode ser comprovado através do estudo realizado no presente trabalho. É de fundamental importância salientar que muitas são as perdas econômicas ocasionadas pela contaminação por *Salmonella spp.*

Concluiu-se que é preciso fazer o controle por meio de boas práticas a fim de eliminar a salmonela, cumprindo todas as etapas da produção de alimentos sejam tomadas, que vai desde a produção agrícola ou ambiente de criação de animais de produção, processamento do alimento na indústria, preparação nos estabelecimentos comerciais, até nas residências e cozinhas industriais. A manipulação cuidadosa da carne crua, bom cozimento e boa higiene na cozinha podem impedir ou diminuir o risco evidenciado pelos alimentos contaminados.

Observou-se ainda, que se trata de critérios específicos, associados a cuidados com as aves no ambiente de criação, como o controle microbiológico das rações disponibilizadas aos animais, adoção de práticas higiênicas na criação, até medidas higiênico-sanitárias rigorosas durante o abate, no manuseio e processamento da carne de frango. Este rigoroso programa de limpeza e desinfecção das instalações e equipamentos, e a prevenção de contaminações cruzadas, são medidas importantes que auxiliam para a contenção dos níveis de contaminação.

Observou-se que a indústria avícola brasileira tem utilizado diversas técnicas para o controle de salmonelas, no entanto, ainda há contaminações que precisam ser amenizadas. Arelado a essas técnicas, o governo também dispõe de resoluções de controle, fiscalização, monitoramento e supervisão para redução desse patógeno. É eminente o controle da salmonela, no entanto, demanda planejamento, organização e investimento, onde tem como retorno principalmente a qualidade.

Percebeu-se que nos últimos anos têm ocorrido alterações significativas na predominância de sorovares de *Salmonella* associados a aves comerciais e infecções em humanos. Assim, o controle da salmonelose é um desafio para a saúde pública e para a indústria avícola devido ao isolamento de sorovares em áreas diferentes, tanto em países em desenvolvimento como nos desenvolvidos. Os animais portadores são fatores epidemiológicos importantes, devido à ausência de sintomas e dificuldade técnica em detectá-los antes ou durante a inspeção sanitária das aves.

Existem poucos estudos específicos relacionados a *S. Minnesota*, pois geralmente são privilegiadas pesquisas em sorovares que comprovadamente impactam a saúde humana, como *S. Enteritidis* e *S. Typhimurium* como exemplos, por estarem mais envolvidos nas infecções alimentares. Assim, faz necessário que surjam mais trabalhos relacionados ao assunto, pois pouco se conhece sobre a real importância de *S. Minnesota* em saúde pública, e até o momento, não há relatos deste sorotipo como responsável por surtos de salmonelose humana no mundo.

4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AHMED, D.; BALFOUR, A. E.; LEWIS, R. *Emergence of bla_{TEM} Type Extended-Spectrum - Lactamase Producing Salmonella spp. in the Urban Area of Bangladesh*. **International Scholarly Research Notices** – ISRN Microbiology, Article ID 715310, 3p, 2014.
- ALMEIDA, F. **Caracterização molecular de linhagens de *Salmonella Typhimurium* isoladas de humanos, alimentos, animais e ambiente no Brasil**. 2016. 103f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto – Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2016.
- AMMOR, M. S.; MICHAELIDIS, C.; NYCHAS, G. J. *Insights into the role of quorum sensing in food spoilage*. **Journal of Food Protection**, v. 71, p. 1510-1525, 2008.
- BACK, A. **Biosseguridade na avicultura brasileira**. *Avicultura industrial*, v. 98, n. 10, p. 22-24, 2006.
- _____. **Manual de doenças de aves**. 2. ed. Editora Integração: Cascavel, PR. 2010. 311p.
- BAPTISTA, D. Q.; SANTOS, A. F.M.; AQUINO, M. H. C.; ABREU, D.L.C.; RODRIGUES, D.P.; NASCIMENTO, E.R.; PERIERA, V.L.A. Prevalência e susceptibilidade antimicrobiana de sorotipos de *Salmonella spp.* isolados de frangos vivos e carcaças no estado do Rio de Janeiro. **Pesq. Vet. Bras.**, v. 38, n. 7, p. 1278-1285, julho 2018.
- BERCHIERI JÚNIOR, A.; FREITAS NETO, O.C. Controle de Salmoneloses mostra resultados no combate ao tifo aviário. **Informativo Técnico Avícola Biovet**, ano 11, n.2, 2012.
- BERCHIERI JÚNIOR, A.; FREITAS NETO, O.C. Salmoneloses. In: BERCHIERI JÚNIOR, A.; SILVA, E.N.; DI FÁBIO, J.; SESTI, L.; ZUANAZE, M.A.F. (Eds.). **Doenças das aves**, 2. ed. Campinas: FACTA, 2009, p.435-454.
- BERCHIERI JÚNIOR, A.; OLIVEIRA, G.H. Salmoneloses Aviárias. In: ANDREATTI FILHO, R.L. Saúde Aviária e Doenças. São Paulo: Editora Roca, 2007. p. 84-106.
- BERSOT, L.S. *Salmonella* no Brasil: sua importância no abate de aves. In: **SIMPÓSIO DE SANIDADE AVÍCOLA DA UFSM**, 5., 2006, Santa Maria. Anais... Santa Maria: UFSM, 2006. p. 90-94.
- BORGES, K. A.; Furian T.Q., Borsoi A., Moraes H.L.S., Salle C.T.P. & Nascimento V.P. Detecção de genes associados à virulência em *Salmonella Enteritidis* isolados de frango no sul do Brasil. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 33, n. 12, p. 1416-1422, 2013.
- BRASÃO, S.C. **Biofilmes de *Salmonella Minnesota*: formação, influência da superfície, inibição por agentes químicos e importância do período entre tratamentos**. 2017. 82p. Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias. Uberlândia, MG, 2017.

BRASIL. **Agência Nacional de Vigilância Sanitária - ANVISA**. 2012. Relatório de Pesquisa em Vigilância Sanitária de Alimentos. Brasília. 171 p. Disponível em: <<http://portal.anvisa.gov.br/documents/281258/2742545/Relat%C3%B3rio+de+atividades+2012.pdf/9e496d4d-7d1e-4541-a710-43633093a11d>>. Acesso em: 12 fev. 2019.

_____. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução Normativa nº 26**, de 09 de julho de 2009. Aprova o regulamento técnico para a fabricação, o controle de qualidade, a comercialização e o emprego de produtos antimicrobianos de uso veterinário. Diário Oficial da União, Brasília, DF, 10 jul. 2009, seção 1, p. 14.

_____. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Manual técnico de diagnóstico laboratorial de *Salmonella spp.***: diagnóstico laboratorial do gênero *Salmonella* / Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde, Fundação Oswaldo Cruz. Laboratório de Referência Nacional de Enteroinfecções Bacterianas, Instituto Adolfo Lutz. – Brasília : Ministério da Saúde, 2011.

_____. Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária – Anvisa. **Relatório do Monitoramento da Prevalência e do Perfil de Suscetibilidade aos Antimicrobianos em *Enterococos* e *Salmonelas* Isolados de Carcaças de Frango Congeladas Comercializadas no Brasil**. Programa Nacional de Monitoramento da Prevalência e da Resistência Bacteriana em Frango (PREBAF). Brasília, jan. 2008. 186p.

BURMOLLE, M.; THOMSEN, T.R.; FAZLI, M.; DIGE, I.; CHRISTENSEN, L.; HOMØE, P.; TVEDE, M.; NYVAD, B.; TOLKER-NIELSEN, T.; GIVSKOV, M.; MOSER, C.; KIRKETERP-MØLLER, K.; JOHANSEN, H.K.; HØIBY, N.; JENSEN, P. O.; SØRENSEN, S. J.; BJARNSHOLT, T. *Biofilms in chronic infections-a matter of opportunity monospecies biofilms in multispecies infections*. **FEMS Immunology and Medical Microbiology.**, v.59, p. 324-336, 2010.

CARDOSO, A.L.S.P.; TESSARI, E.N.C. Divulgação técnica – *Salmonela* na segurança dos alimentos. **Biológico**, v. 70, n. 1, p. 11-13, 2008.

_____. Salmoneloses aviárias: Revisão. **Rev. Eletrônica Nutritime**, v. 12, n. 03, p.: 4049-4069, mai./jun. 2015.

CESCO, M. A. O. **Pesquisa de fatores associados à virulência de *Salmonella Hadar* através da reação em cadeia da polimerase (PCR)**. 2010. 84f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Veterinária, PPGCV, Porto Alegre: UFRGS, 2010.

CODA-CERVA (*Centrum voor Onderzoek in Diergeneeskunde en Agrochemie, Centre d'Etude et des Recherches Vétérinaires et Agrochimiques*). ***Salmonella Serotypes Analyzed at the CODA-CERVA in 2013***. Federal Public Service Health, Food Chain Security and Environment, Brussels, Belgium, 2014.

COSTA, M.L. **Determinação de *Salmonella spp.* e identificação dos pontos críticos de controle no processamento de frango congelado**. 2012. 112 f. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal da Bahia, Faculdade de Farmácia, Bahia: 2012.

DDTHA - Divisão de Doenças de Transmissão Hídrica e Alimentar. Toxinfecção alimentar por *Salmonella* em um evento científico, São Paulo, 2004 CVE/CCD-SES. **Revista de Saúde Pública**, São Paulo, v. 39, n. 3, p. 515-518, 2005.

DELFINO, D.A. de A. ***Salmonella spp. em ovos e patos (Cairina Moschata) de criações informais.*** 2016. 74f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Goiás, Escola de Veterinária e Zootecnia (EVZ), Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Goiânia, 2016.

EBERLE, K. N.; KIESS, A. S. Métodos fenotípicos e genotípicos para a tipagem de *Campylobacter jejuni* e *Campylobacter coli* em aves. **Poultry Science**, Champaign, v. 91, p. 255-264, 2012.

FERREIRA, E. O.; CAMPOS, L. C. *Salmonella*. In: TRABULSI, L. R.; ALTERTHUM, F. (Ed.). **Microbiologia**. 5 ed. São Paulo: Atheneu, 2008. p. 329-338

FIGUEIREDO, T.C.; CANÇADO, S.V.; VIEGAS, R.P.; RÊGO, I.O.; LARA, L.J.; SOUZA, M.R.; BAIÃO, N.C. Qualidade de ovos comerciais submetidos a diferentes condições de armazenamento. **Arq bras med vet zootec.**, v. 63, n. 6, p. 712-20, 2011.

FOLEY, S. L.; LYNNE, A. M.; NAYAK, R. Metodologias moleculares de tipagem para rastreamento de fontes microbianas e investigações epidemiológicas de patógenos bacterianos Gram-negativos transmitidos por alimentos. **Infections, Genetic and Evolution**, Amsterdam, v. 9, p. 430–440, 2009.

FORTES, T.P.; FAGUNDES, M.Q.; VASCONCELLOS, F.A.; TIMM, C.D.; SILVA, É.F. da. Ilhas de patogenicidade de *Salmonella enterica*: uma revisão. **Rev Inst Adolfo Lutz.**, v. 71, n. 2, p. 219-27, São Paulo, 2012.

FREITAS, J. Evolução de sorovares Modelo de banco de cepas. In: Seminário internacional de salmoneloses aviárias, 2011, Rio de Janeiro, RJ. **Anais...** Campinas: UBABEF, 2011.

FREITAS NETO, O.C. Patogenia. Mecanismos de invasão e evasão de *Salmonella spp.* durante a infecção de aves. *Salmonella Gallinarum*. **Avisite-Encarte Especial**, n.01, p.9-11 março, 2015.

GALDINO, V.M.C.A.; MELO, R.T.de; OLIVEIRA, R.P.; MENDONÇA, E.P.; NALEVAIDO, P.C.; ROSSI, A. Virulência de *Salmonella spp.* de origem avícola e resistência a antimicrobianos. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 29, n. 4, p. 932-939, July/Aug. 2013.

GANDRA, E.Á.; GANDRA, T.K.V.; MELLO, W.S. de; GODOI, H.S.G. Técnicas moleculares aplicadas à microbiologia de alimentos. **Acta Sci. Technol.** Maringá, v. 30, n. 1, p. 109-118, 2008.

GELINLKI, J.M.L.N.; BOMBASSARO, A.; BARATTO, C.M.; VICENTE, V.A. Resistance to Extended-Spectrum β -Lactamases in *Salmonella* from a Broiler Supply Chain. **Int J Environ Res Public Health.**, v. 11, n. 11, p. 11718-11726, nov. 2014.

GHILARDI, A. C.; TAVECHIO, A. T.; FERNANDEES, S. A. *Antimicrobial susceptibility, phage types, and pulsetypes of Salmonella Typhimurium*, in São Paulo, Brazil. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 101, n. 3, p. 281-286, 2006.

GUPTA, V. *An update on newer beta-lactamases*. **The Indian Journal of Medical Research**, v. 126, n. 5, p. 417-427, 2007.

HELM, R. A.; PORWOLLIK, S.; STANLEY, A.E.; MALOY, S.; MCCLELLAND, M.; RABSCH, W.; EISENSTARK A. *Pigeon-associated strains of Salmonella enterica serovar Typhimurium phage type DT2 have genomic rearrangements at rRNA operons*. **Infection and Immunity**, v. 72, n. 12, p. 7338-7341, 2004.

HERMANN, S. Principais pontos críticos de controle da Salmonella na cadeia de produção avícola. XIII SIMPÓSIO BRASIL SUL DE AVICULTURA E IV BRASIL SUL POULTRY FAIR. 17 a 19 de abril de 2012, Chapecó. **Anais...** Núcleo Oeste de médicos veterinários e zootecnistas. Concórdia: Embrapa Suínos e Aves, 2012. p.39-51.

LAI, J.; WU, C.; WU, C.; QI, J.; WANG, Y.; WANG, H.; LIU, Y.; SHEN, J. *Serotype distribution and antibiotic resistance of Salmonella in foodproducing animals in Shandong province of China, 2009 and 2012*. **International Journal of Food Microbiology**, v. 180, p. 30-38, 2014.

LIMA, E.T.; ANDREATTI-FILHO, R.L.; PINTO, J.P.A.N. Perfil de susceptibilidade antimicrobiana de sorotipos de *Salmonella* isolados de produtos avícolas. **Veterinária e Zootecnia**, v. 16, n. 2, p. 394-400, 2009.

LIU, W.; ZHU, X. N.; YU, S.; SHI, X. M. Diversidade de isolados de *Salmonella* usando sorotipagem e tipagem de sequência multilocus, **Food Microbiology**, Londres, v. 28, n. 6, p. 1182-1189, 2011.

LU, Y.; ZHAO, H.; SUN, J.; LIU, Y.; ZHOU, X.; BEIER, R.C.; WU, G.; HOU, X. *Characterization of Multidrug-Resistant Salmonella enterica Serovars Indiana and Enteritidis from Chickens in Eastern China*. **PLoS ONE**, v. 9, n. 5, 2014.

MARIN, C.; BALASCH, S.; VEGA, S.; LAINEZ, M. *Sources of Salmonella contamination during broiler production in Eastern Spain*. **Preventive Veterinary Medicine**, v. 98, n. 1, p. 39-45, 2011.

MARTINEZ, M. B.; TADDEI, C. R. Métodos de diagnóstico. In: TRABULSI, L. R.; ALTERTHUM, F. (Ed.). **Microbiologia**. 5 ed. São Paulo: Atheneu, 2008. p.117-125.

MARTINS, C. H. G.; SANTOS, V.R.S.; CASTRO, F.A.; FERNANDES, S.A.; MARTINEZ, R. A ribotipagem de cepas de *Salmonella Enteritidis* revela propagação de um único genótipo na cidade brasileira de Ribeirão Preto. **Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial**, v. 42, n. 1, p. 19-23, fev. 2006.

MEDEIROS M.A.N., OLIVEIRA D.C.N.D., RODRIGUES D.D.P.; FREITAS D.R.C.D. *Prevalence and antimicrobial resistance of Salmonella in chicken carcasses at retail in 15 Brazilian cities*. **Revta Panam. Salud Publica**, v. 30, n. 6, p.:555-560, 2011.

MENDONÇA, Eliane Pereira. **Características de virulência, resistência e diversidade genética de sorovares de *Salmonella* com impacto na saúde pública, isolados de frangos de corte no Brasil**. 2016. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias. 131f. 2016.

MILAN, C.; TIMM, C.D. Fatores de virulência associados à formação de biofilme por *Salmonella* entérica, **Rev. Science and animal health**, v.3, n.1, p. 94-102, 2015.

MIRMONENI, M. H.; KIANI, S.; SISAKHTNEZHAD, S. *Rapid detection of Salmonella Dublin by PCR amplification of the sopE gene and its cloning*. **Pak J Biol Sci.**, vol. 11, n. 11, p. 1497-501, jun. 2008.

MO, S.S.; NORSTRÖM, M.; SLETTEMEÅS, J.S.; LØVLAND, A.; URDAHL, A.M.; SUNDE, M. *Emergence of AmpC-producing Escherichia coli in the broiler production chain in a country with a low antimicrobial usage profile*. **Veterinary Microbiology**, v. 171, n. 3-4, p. 315-320, 2014.

MORO, C. V.; LUNA, C.J.; ZENNER, L.. *The poultry red mite (Dermanyssus gallinae): a potential vector of pathogenic agents*. **Experimental and Applied Acarology**, v. 48, n. 1-2, p. 93-104, 2009.

MOREIRA, G.D.N.; REZENDE, C.S.M.; CARVALHO, R.N.; MESQUITA, S.Q.P.D.; OLIVEIRA, A.N.D.; ARRUDA, M.L.T. Ocorrência de *Salmonella spp.* em carcaças de frangos abatidos e comercializados em municípios do estado de Goiás. **Revta Inst. Adolfo Lutz**, v. 67, n. 2, p.126-130, 2008.

MOREIRA, N.M. **Métodos de tipificação de *Salmonella spp.*** Seminário (Mestrado) – Ciências Animal da Escola de Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal de Goiás. 43f, 2012.

MUNIZ, E.C. Atualidades no estudo das salmoneloses aviárias. XIII SIMPÓSIO BRASIL SUL DE AVICULTURA E IV BRASIL SUL POULTRY FAIR, 2012, Chapecó. **Anais...** Núcleo Oeste de médicos veterinários e zootecnistas. Concórdia: Embrapa Suínos e Aves, 2012. p.13-26.

MUNIZ, E.C. ***Salmonelas paratíficas em aves***: avaliação da resposta imunológica e controle por meio de probióticos. 2014. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias – Patologia Veterinária. Curitiba. 98f, 2014.

NAMATA, H.; WELBY, S.; AERTS, M.; FAES, C.; ABRAHANTES, J.C.; IMBERECHTS, H.; VERMEERSCH, K.; HOOYBERGHS, J.; MÉROC, E.; MINTIENS, K. *Identification of risk factors for the prevalence and persistence of Salmonella in Belgian broiler chicken flocks*. **Preventive Veterinary Medicine**, v. 90, n. 3-4, p. 211-222, 2009.

OLIVEIRA, Aline Pedrosa de; SOLA, Marília Cristina; FEISTEL, Janaína Costa; MOREIRA, Natália Menezes; OLIVEIRA, Julierme José de. *Salmonella Enterica*: Genes de virulência e ilhas de patogenicidade. **Enciclopédia Biosfera**, Centro Científico Conhecer - Goiânia, v.9, n.16; 2013.

PANDINI, J.A.; PINTO, F.G.S.; MULLER, J.M.; WEBER, L.D.; MOURA, A.C. Ocorrência e perfil de resistência antimicrobiana de sorotipos de *Salmonella spp.* isolados de aviários do Paraná, Brasil. **Arqs Inst. Biológico**, v. 82, p.1-6, 2014.

PENHA FILHO, R.C.; BERCHIERI JÚNIOR, A. Mecanismos imunes na resposta da ave contra *Salmonella Gallinarum*. **Avisite, Encarte Especial**, n.01, p.12-18, março, 2015.

PICKLER, L.; MUNIZ, E.C.; KURITZA, L.N.; LOURENÇO, M. C.; SANTIN, E. Resposta imunológica e uso de ácidos orgânicos em frangos desafiados com *Salmonella Minnesota*. **Acta Scientiae Veterinariae**, v. 4, p.1203, 2014.

PLUMMER, P.J. *luxS* and quorum-sensing in *Campylobacter*. **Front Cell Infect. Microbiol.** v. 2, p. 1-9, 2012.

QUEIROZ, N.G. **Salmonelose em Aves**. Curso Básico de Sanidade Avícola. 2002. Laboratório Fort Dodge, 9., Jaguariúma, SP, v.2, ago. 2002.

QUINTAES, B.R.; LEAL, N.C.; REIS, E.M.F.; FONSECA, É.L.; HOFER, E. Métodos convencionais e moleculares para tipagem de *Salmonella Typhi* isoladas no Brasil. **Rev. Inst. Med. trop. S. Paulo** [online]. 2002, vol.44, n.6, p.315-319.

RASFF (*Rapid Alert System for Food and Feed*). *The rapid alert system for food and feed. Annual Report of European Comission*. 60p, 2012.

RASFF (*Rapid Alert System for Food and Feed*). **Salmonella enterica ser. Minnesota (presença/25g) em peitos de frango salgados congelados do Brasil através dos Países Baixos**, 2017.

RAVAGNANI, L.K.; AGOSTINIS, R.O.; OTUTUMI, L.K.; LIMA, E.T.; FERNANDE J.I.M.; MARTINS L.A. Pesquisa de *Salmonella spp.* em frangos de corte criados em galpões climatizados de uma integração na região Oeste do Paraná. **Semina, Ciênc. Agrárias**, v. 33, n. 6, p. 2327-2336, 2012.

REITER, M. G. R.; FIORESE, M. L.; MORETTO, G.; LÓPEZ, M. C.; JORDANO, R. *Prevalence of Salmonella in a poultry slaughterhouse*. **Journal of Food Protection**, v. 70, n. 7, p. 1723-1725, 2007.

RESENDE, A.R. **Fatores de patogenicidade e estudo epidemiológico de Salmonella Minnesota de origem avícola**. 2015. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias. 67f, 2015.

RIBEIRO, A.R. KELLERMANN, A.; SANTOS, L.R.; NASCIMENTO, V.P. Resistência antimicrobiana em *Salmonella Enteritidis* isoladas de amostras clínicas e ambientais de frangos de corte e matrizes pesadas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, n.5, p. 1259-1262, 2008.

RODRIGUES, D.P. Ecologia e Prevalência de *Salmonella spp.* em aves e material avícola no Brasil. In: CONFERÊNCIA APINCO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA AVÍCOLA, 2005, São Paulo. **Anais...** São Paulo: FACTA, 2005. v.2, p.223-228.

RODRIGUES, D.P. Dinâmica dos sorovares de *Salmonella* no Brasil. In: CONFERÊNCIA APINCO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA AVÍCOLA, 10 a 12 de junho de 2013, Campinas. **Anais...** Campinas: FACTA, 2013. p.1576-157. 1 CD-ROM.

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 SEMINARIO INTERNACIONAL SOBRE SALMONELOSE AVIAR, 2011, Rio de Janeiro. **Anais...** Rio de Janeiro, 2011. p.1-7. 1 CD-ROM.

ROSSOLINI, G.M.; D'ANDREA, M.M.; MUGNAIOLI, C. *The spread of CTX-M-type extended-spectrum beta-lactamases.* **Clinical Microbiology and Infection**, v. 14, p. 33-41, 2008. Supplement 1.

ROWLANDS, R.E.G. **Perfil de susceptibilidade antimicrobiana e genes de virulência em cepas de *Salmonella spp.* isoladas de alimentos associados ou não à toxinfecções alimentares.** 111f. 2008. Dissertação (Mestrado) – Universidade de São Paulo – Programa de Pós-graduação em Ciências dos Alimentos – Área de Bromatologia. São Paulo, 2008.

ROWLANDS, R.E.G.; RISTORI, C.A.; IKUNO, A.A.; BARBOSA, M.L.; JAKABI, M.; FRANCO, D.G.M. Prevalência de resistência a drogas e características de virulência em *Salmonella spp.* isolados de alimentos associados ou não à salmonelose no Brasil. **Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo**, v. 56, n. 6, p. 461-567, 2014.

SANTIAGO, G.S.; MOTTA, C.C. da; BRONZATO, G.F.; GONÇALVES, D.; SOUZA, M.M.S de; COELHO, I. da S.; FERREIRA, H.N.; COELHO, S. de M. de O. Revisão: Produção de β -lactamases do Tipo AmpC em Enterobacteriaceae. **Rev. Bras. Med. Vet.**, v. 38(Supl.3), p.17-30, dezembro 2016.

SANTOS, J.R.; SHARON, K.L.M.; MARTINI, K.C.; NUNES, R.V.N. A importância do controle da *Salmonella* na cadeia produtiva de frango de corte. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 12, n. 3, p. 167-174, 2013.

SCHÜRCH, A. C.; SOOLINGEN, D. V. *DNA fingerprinting of Mycobacterium tuberculosis: Da tipagem do fago ao sequenciamento do genoma completo.* **Infections, Genetic and Evolution**, Amsterdam, v. 12, p. 602-609, 2012.

SILVA, K.C. **Monitoramento dos mecanismos de resistência em *Salmonella spp.* e *Escherichia coli* isoladas de animais de produção agropecuária e alimentos derivados.** Mestrado, Programa de Pós-Graduação em Microbiologia do Instituto de Ciências Biomédicas da Universidade de São Paulo, São Paulo, 2011.

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.

SILVA, P.L. O tifo aviário na avicultura de corte. *Salmonella Gallinarum*. **Avisite, Encarte Especial**, n.01, p.5-6, março, 2015.

SOARES, N.M. O tifo aviário na avicultura de postura. *Salmonella Gallinarum*. **Avisite, Encarte Especial**, n.01, p.7-8, março, 2015.

SOUZA, I.D.P. Heidelberg é a *salmonela* da vez. O presente rural - **Avicultura, corte e postura**, Paraná, p.28, fev./mar. 2015.

STEENACKERS, H.; HERMANS, K.I.M.; VANDERLEYDEN, J.O.S.; SIGRID, C.J.; KEERSMAECKER, D.E. *Salmonella* biofilms: an overview on occurrence, structure, regulation and eradication. **Food Research International**, v.45, n.2, p.502-531, 2012.

TABO, D.C.; DIGUIMBAYE, C.D.; GRANIER, S.A.; MOURY, F.; BRISABOIS, A.; ELGROUD, R.; MILLEMANN, Y. *Prevalence and antimicrobial resistance of non-typhoidal Salmonella serotypes isolated from laying hens and broiler chicken farms in N'Djamena, Chad*. **Veterinary Microbiology**, v. 166, n. 1-2, p. 293-298, 2013.

TENOVER, F.C. *Mechanisms of Antimicrobial Resistance in Bacteria*. **The American Journal of Medicine**, v. 119 (6A), 2006. S3–S10

TESSMANN, C.; PANDINI, J.A.; PINTO, F.G.S.; MULLER, J.M.; WEBER, L.D. Ocorrência e perfil de sensibilidade a antibióticos de *Salmonella spp.* isolada em cortes de carne suína comercializados em feiras-livres de Pelotas (RS). **Boletim do Centro de Pesquisa de Processamento de Alimentos**, v. 26, n. 2, p. 307-313, 2008.

TURKI, Y.; MEHRI, I.; FHOULA, I.; HASSEN, A.; OUZARI, H. *Comparison of five molecular subtyping methods for differentiation of Salmonella Kentucky isolates in Tunisia*. **World Journal of Microbiology & Biotechnology**, v. 30, n. 1, p. 87-98, 2014.

VAZ, C. S. L.; STRECK, A. F.; MICHAEL, G. B.; MARKS, F. S.; RODRIGUES, D. P. REIS, E. M.; CARDOSO, M. R.; CANAL, C. W. *Antimicrobial resistance and subtyping of Salmonella entérica serovar Enteritidis isolate from human outbreaks and poultry in southern Brazil*. **Poult. Sci.**, v. 89, p. 1530-1536, 2010.

VIEIRA, M.A.M. **Ilhas de patogenicidade**. O mundo da saúde, São Paulo, v. 33, n. 4, p. 406-414, 2009.

VOSS RECH, D. **Impacto de tratamentos de cama aviária reutilizada na viabilidade e infectividade de microrganismos**. 67p. 2017. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), Programa de Pós-Graduação em Medicina Veterinária, Santa Maria, RS, 2017.

VOSS RECH, D.; VAZ, C.S.; ALVES, L.; COLDEBELLA, A.; LEÃO, J.; RODRIGUES, D.P.; BACK, A. *A temporal study of Salmonella enterica serotypes from broiler farms in Brazil*. **Poultry Science**, v. 94, n. 3, p. 433-441, 2015.

YAMAZI, Anderson Keizo. **Caracterização da atividade e do potencial proteolítico de Pseudomonas spp. isolados de leite de cabra**. 60f. 2012. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa. Programa de Pós-Graduação em Medicina Veterinária, Viçosa, MG, 2012.

ZHANG, N. *A comparison of Salmonella enterica serovars: are prevalence, virulence and responses to environmental conditions serovar or strain dependent?* 2013. 66 f. Tese (Doutorado em Ciência e Tecnologia de Alimento) - University of Tennessee, Tennessee, 2013.