

ENTEROPATÓGENOS DE POTENCIAL ZOONÓTICO IDENTIFICADOS EM AVES SILVESTRES

Amanda Bonalume Cordeiro de Morais¹

Fernando Paganini Listoni¹

Márcio Garcia Ribeiro²

RESUMO

Os enteropatógenos podem ser considerados um dos principais grupos de micro-organismos patogênicos para humanos e animais. Podem estabelecer infecção nos suscetíveis devido a contaminação de água, alimentos ou pelo contato estreito com animais, incluindo as aves silvestres ou com o ambiente de criação. O acesso das aves da fauna silvestre ao ambiente próximo aos domicílios favorece a contaminação peridomiciliar pelas fezes dos passeriformes e psitacíformes. Locais como parques e praças podem se tornar propícios para veiculação destes patógenos devido a deficiente higienização e livre acesso destas aves silvestres. Neste artigo foram revisados alguns enteropatógenos de origem bacteriana e viral que podem ser considerados de alto risco para infecção humana levando-se em consideração a relevância das aves silvestres neste contexto.

Palavras chave: *Rhodococcus equi*, *Escherichia coli*, *Salmonella* sp., Rotavírus, Coronavírus

ENTERIC PATHOGENS WITH ZOONOTIC POTENCIAL IDENTIFIED IN WILD BIRDS

ABSTRACT

Enteric pathogens can be considered one of the main pathogenic groups of microorganisms in humans and animals. It can establish infection in susceptible due to contamination of water, food, or by close contact with animals, including wild birds or the breeding environment. The access of wild birds to the environment close to residences predispose peridomestic contamination by feces of passeriforms and psittaciformes. Places like parks and squares can become propitious for propagation of these pathogens due to poor hygiene and free access of wild birds. In this article some enteric pathogens of bacterial and viral origin was revised, which can be considered of high risk for human infection considering the relevance of wild birds in this context.

Key words: *Rhodococcus equi*, *Escherichia coli*, *Salmonella* sp., Rotavírus, Coronavírus

PATÓGENOS ENTÉRICOS DE POTENCIAL ZOONÓTICO IDENTIFICADOS EM AVES SILVESTRES

RESUMEN

Los patógenos entéricos pueden ser considerados como uno de los grupos principales de microorganismos patogênicos para el ser humano y los animales. Pueden establecer la infección

¹ Departamento de Higiene Veterinária e Saúde Pública. Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia. UNESP Botucatu. Correspondência. amandabonalume@gmail.com

² Professor do Departamento de Higiene Veterinária e Saúde Pública. Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia - UNESP Botucatu. marcio.ribeiro@unesp.br

en susceptibles debido a la contaminación del agua, los alimentos o por el contacto cercano con los animales, incluyendo los pájaros salvajes o con el ambiente de la creación. El acceso a las aves de vida silvestre para el medio ambiente cerca de los hogares peridomésticos favorece la contaminación por heces de aves passeriformes y psitaciformes. Los lugares como parques y plazas pueden llegar a ser propicio para la propagación de estos patógenos debido a la falta de higiene y el libre acceso de las aves silvestres. Em este artículo algunos patógenos entéricos del origen bacteriano y viral fueron revisados que pueden ser considerados de alto riesgo de contaminación humana, teniendo en cuenta la relevancia de las aves silvestres en este contexto.

Palabras-chave: *Rhodococcus equi*, *Escherichia coli*, *Salmonella* sp., Rotavírus, Coronavírus

INTRODUÇÃO

O Brasil possui um dos biomas mais ricos e complexos de todo o mundo. No tocante às aves, estima-se que o país detenha cerca de 1.832 espécies pertencentes a fauna nacional (1). Os patógenos de veiculação entérica figuram dentre as principais classes de micro-organismos patogênicos para humanos e animais. Este grupo peculiar de organismos caracteriza-se por permanecerem viáveis e com capacidade infectante em condições hostis do ambiente após a eliminação fecal pelos hospedeiros. Em sua grande maioria, estabelecem infecção nos susceptíveis mediante a contaminação de alimentos de origem animal, água, verduras e frutas. Releva-se notar também, que o contato estreito com animais ou mesmo com o ambiente de criação dos animais, são importantes elos na cadeia epidemiológica de transmissão de enteropatógenos dos animais para os humanos.

O acesso das aves da fauna silvestre ao ambiente próximo aos domicílios favorece a contaminação peridomiciliar pelas fezes dos passeriformes e psitaciformes. Ademais, a deficiente higienização de praças e parques e a falta de conscientização da população em geral quanto aos riscos representados por micro-organismos entéricos, tornam estes ambientes de alto risco à veiculação de enteropatógenos para os humanos.

Dentre os patógenos de veiculação fecal, com atributos de reconhecida resistência ambiental e de potencial zoonótico, relacionados à graves doenças em humanos, faz-se importante destacar: *Escherichia coli* (*E. coli*), *Salmonella* spp., *Rhodococcus equi* (*R. equi*), *Coronavírus* sp. e *Rotavírus* sp. (2).

E. coli é reconhecida classicamente como a enterobactéria mais importante dos animais e humanos. Linhagens da classe enterohemorrágica, pertencentes ao sorotipo O157:H7 tem sido investigadas nos últimos anos quanto a produção de verotoxinas, um tipo especial de toxina de efeito citotóxico. As estirpes produtoras desta toxina são relacionadas atualmente nos humanos às graves manifestações clínicas de colite hemorrágica e falha renal aguda, de curso geralmente fatal em crianças e pacientes debilitados. O desenvolvimento dos quadros clínicos está intimamente relacionado ao consumo de carne e subprodutos de origem bovina - com cocção inadequada - leite e derivados, verduras, frutas e água contaminadas com as fezes de animais portadores (3). Não está claramente estabelecido na literatura, especialmente no Brasil, o impacto da manutenção deste sorotipo patogênico no ambiente dos humanos.

No Brasil, as investigações de *E. coli* O157:H7 verotoxigênicas foram iniciadas com a detecção do sorotipo nas fezes de bovinos de abatedouro (4). Subsequentemente, os estudos têm avançado na investigação do sorotipo em alimentos de origem animal (5) e, de forma preocupante, em pacientes humanos acometidos por distúrbios gastroentéricos e/ou renais. Apesar da ocorrência do sorotipo em pacientes humanos na América Latina, são ainda pouco frequentes as identificações de linhagens verotoxigênicas em pacientes no Brasil, o que dificulta, sobremaneira, aquilatar o real impacto da doença no país. Ademais, são também escassos no Brasil os estudos disponíveis na literatura conduzidos na investigação do sorotipo

no ambiente cotidiano dos humanos, notadamente de crianças, em face da alta mortalidade neste grupo considerado de vulnerabilidade ou de risco. Estudo recente investigou a presença de marcadores de virulência em 63 linhagens de *E.coli* isolados da areia de praças e parques públicos e privados da região central do estado de São Paulo, sugerindo a participação de passeriformes e psitaciformes na contaminação do ambiente (6).

O gênero *Salmonella* spp. frequentemente é incriminado como agente causal de severos surtos de toxi-infecções de origem alimentar nos humanos. O micro-organismo possui vários sorotipos que são comuns aos animais e humanos. Este gênero de bactérias coloniza a porção distal do intestino delgado e/ou cólon das aves e de outros animais (7). A bactéria é eliminada intermitentemente pelas fezes por várias espécies de animais domésticos, répteis, anfíbios e aves - com e sem sinais entéricos - mantendo-se viável por meses no ambiente (2).

Determinados sorotipos de *Salmonella* spp. isolados de animais são reconhecidos atualmente como emergentes de doença nos humanos, como *Salmonella enterica* sorotipo Enteritidis (8). A grande maioria dos casos e surtos de salmonelose em humanos tem-se voltado à investigação dos manipuladores de alimentos, dos utensílios de cozinha e dos próprios alimentos. No entanto, denota-se pouca preocupação com a participação da contaminação ambiental pela bactéria no estabelecimento das infecções nos humanos. No zoológico Quinzinho de Barros em Sorocaba, SP, foi realizado estudo para avaliar a presença de *Salmonella* spp. em aves silvestres mantidas em cativeiro. Foram analisadas 100 amostras de fezes, das quais 11 positivas, nas seguintes espécies: um irerê (*Dendrocygna viduata*), um urumutum (*Nothocrax urumutum*), um mutum de penacho (*Crax fasciolata*), um papagaio do mangue (*Amazona amazonica*), quatro corujas-do-mato (*Ciccaba sp*), um frango d'água (*Gallinula chloropus*) e de dois emus (*Dromiceius novaehollandiae*) (9).

À semelhança de *E. coli*, ambientes peridomiciliares de visitaçaõ humana como praças e parques estão sujeitos a contaminação por fezes de passeriformes e psitaciformes, em especial para crianças e adolescentes (6).

R. equi são bactérias de comportamento oportunista, relacionadas à graves infecções piogranulomatosas nos animais e humanos. O micro-organismo é eliminado pelas fezes de várias espécies de animais silvestres e domésticos (10,11). Sugere-se que pacientes humanos infectados possam adquirir a bactéria pelo contato com o solo ou fezes de aves silvestres (12). *R. equi* multiplica-se ativamente no solo que contenha material de origem fecal, mantendo-se viável por vários meses no ambiente (13).

Recentemente, a patogenicidade do organismo foi relacionada à presença de marcadores de virulência (plasmídios e proteínas), identificados em linhagens isoladas de casos de rodococose em potros, suínos e em pacientes humanos com doenças de base imunossupressoras, em especial acometidos pela síndrome da imunodeficiência adquirida (Aids) (14). Não está completamente esclarecido o papel do ambiente do cotidiano dos humanos, assim como o ambiente dos animais, na transmissão da rodococose, tendo em vista que estudos em outros países têm identificado tanto linhagens virulentas como avirulentas no ambiente de criatórios de animais de produção e de entretenimento humano (14).

Em dias atuais, a detecção dos marcadores de virulência de *R. equi* são imprescindíveis para a investigação da epidemiologia molecular da doença nos humanos e em animais, assim como para avaliar os reflexos em saúde pública da rodococose. No Brasil são pontuais os estudos direcionados à caracterização de virulência em linhagens de *R. equi* de origem humana e animal (11). São escassos estudos no país visando detectar a virulência de estirpes isoladas do ambiente dos humanos e/ou dos animais (11). Em estudo recente, foi identificado em 200 amostras de areia obtidas de praças públicas e privadas da região central do estado de São Paulo, a presença de 23 linhagens de *R. equi*, aventando que a contaminação da areia pudesse ter ocorrido pelas fezes de passeriformes e psitaciformes (6).

O gênero *Coronavírus* pode infectar várias espécies de aves e de mamíferos. Este vírus

possui tropismo pelas células epiteliais intestinais e respiratórias. Nos animais, causam doenças como a bronquite infecciosa das galinhas, a gastroenterite transmissível dos suínos, enterite em cães, bovinos e felinos, e a peritonite infecciosa dos felinos. As infecções em animais domésticos geralmente são inaparentes (15).

O interesse por essa família aumentou recentemente com a classificação de novo coronavírus humano causador da pneumonia asiática (SARS-COV), visto que classicamente os patógenos deste gênero estavam relacionados aos resfriados comuns em humanos (16).

Os coronavírus não são estritamente espécie-específicos e são capazes de mutações frequentes. Desta forma, podem infectar novas espécies e, portanto, é possível a infecção cruzada entre animais e humanos (17). Assim, as aves domésticas, silvestres e selvagens, assumem preocupação na cadeia epidemiológica da coronavirose humana. Neste contexto, são incipientes os estudos no Brasil envolvendo a detecção de coronavírus obtidos das fezes de passeriformes e psitaciformes da fauna nacional. Um estudo detectou duas cepas de *Coronavírus* sp. na areia de parques/praças do interior do estado de São Paulo e sugeriram a participação de aves sinantrópicas/silvestres na contaminação destes ambientes por eliminação fecal do vírus (6).

O gênero *Rotavírus* é considerado um dos principais vírus entéricos para os animais e humanos. Encontram-se amplamente disseminados na natureza. Acomete humanos, aves, animais domésticos e silvestres. As infecções por rotavírus constituem uma das principais causas de morbimortalidade infantil em todo o mundo (2,18,19).

A excreção viral em altos títulos por períodos prolongados, a existência de portadores e a alta resistência ambiental, contribuem para a ampla disseminação da rotavirose. O vírus é predominantemente espécie específico, embora infecções heterólogas sejam relatadas. Cepas geneticamente relacionadas com vírus de origem bovina, suína, canina, felina e aviária têm sido isoladas de crianças com infecções sintomáticas ou assintomáticas. De maneira similar, cepas de rotavírus do grupo A, de origem humana, têm sido identificadas em animais (20,21,22).

A rotavirose afeta principalmente crianças de até cinco anos de idade, com predomínio entre seis meses a um ano de idade (2). Nos animais de produção, a rotavirose ocorre predominantemente nas primeiras semanas de idade (10).

Não se tem notado na literatura esforços no sentido de avaliar, simultaneamente, os principais patógenos com potencial zoonótico e de veiculação fecal, de origem bacteriana e/ou viral, em aves da fauna brasileira presentes em ambientes do cotidiano humano, tampouco na investigação de marcadores de virulência destes micro-organismos. Tal estudo seria fundamental para sinalizar o real impacto da patogenicidade destes enteropatógenos, bem como os reflexos das aves como fontes de infecção de patógenos entéricos para os humanos.

REVISÃO DE LITERATURA

E. coli certamente é o principal representante das bactérias da família *Enterobacteriaceae*. Microbiologicamente apresenta-se sob a forma de bastonete, Gram-negativo, encontrado na microbiota entérica de animais e humanos (23). Diversos autores consideram a presença de micro-organismos Gram-negativos no trato digestório de psitaciformes e passeriformes como fator preocupante, devido ao potencial de patogenicidade destas bactérias para as aves, outros animais e ocasionalmente humanos. *E. coli* é a bactéria mais frequentemente isolada em tecidos obtidos na necrópsia de aves silvestres (24)

Determinadas linhagens são patogênicas para os humano e animais. Nos animais acarreta, classicamente, quadros gastroentéricos e grande variedade de outras afecções, incluindo mastite, diarreia, endometrite, cistite, nefrite, artrite, abortamento, osteomielite, endocardite, pneumonia, conjuntivite e septicemia (10). Nos humanos, está bem documentada a participação

do agente em distúrbios gastrintestinais graves, infecções urinárias, meningites do recém-nascido e septicemias (25).

E. coli é responsável por cerca de 40 a 50% da casuística de septicemias por bactérias Gram-negativas em humanos (23). Quase que, invariavelmente, *E. coli* pode ser isolada do material fecal de animais com e sem diarreia. A colonização intestinal das aves por *E. coli* patogênicas está intimamente associada a fatores de estresse, má nutrição ou problemas de manejo (26). A severidade clínica das colibaciloses depende da presença de fatores de virulência, que determinam o grau de patogenicidade das linhagens. Certos fatores de virulência são componentes intrínsecos da estrutura bacteriana, também denominados endotoxinas (27). Outros, porém, constituem-se de diferentes tipos de exotoxinas (enterotoxinas, verotoxinas, hemolisinas e fator necrosante citotóxico), bem como propriedades que permitem a multiplicação em meios com baixa disponibilidade de ferro ou a multirresistência aos antimicrobianos (23).

A patogênese das infecções de psitaciformes, passeriformes e outras aves silvestres por *E. coli* é pouco conhecida. Aparentemente, *E. coli* de origem aviária produz menos exotoxinas comparativamente às estirpes de mamíferos que produzem grandes quantidades de exotoxinas, resultando em diversas manifestações clínicas nestas espécies (28).

As linhagens de *E. coli* responsáveis por distúrbios entéricos nos humanos e nos animais são agrupadas em seis classes patogênicas: enterotoxigênicas (ETEC), enteropatogênicas (EPEC), enterohemorrágicas (EHEC), enteroinvasoras (EIEC), enteroagregativas (EaggEC) e de aderência difusa (DAEC), subdivididas pela capacidade de produção de toxinas, de invasão celular (25) e pela apresentação de determinadas manifestações clínicas. Nos últimos anos, *E. coli* EHEC sorotipo O157:H7 tem emergido como causa preocupante de doença entérica e síndrome urêmica em humanos (3). *E. coli* sorotipo O157:H7 inibe a síntese proteica, produz toxinas com efeito citopático “in vitro” em células Vero, denominadas de verotoxinas-VTs ou *Shiga-like* toxinas (STX) (29) e altera os fatores de coagulação sanguínea. O conjunto desses efeitos patogênicos culmina em grave quadro de colite hemorrágica, trombocitopenia e síndrome urêmica hemolítica, frequentemente fatal em crianças e indivíduos com debilidade orgânica (3).

Epidemiologicamente, a espécie bovina é caracterizada como a principal fonte de infecção do sorotipo O157:H7, eliminado pelas fezes de bovinos com e sem sinais entéricos (30). A absorção das toxinas pelo trato intestinal desencadeia, inicialmente, forte dor abdominal, acompanhada ou não de estado febril, com evolução para disenteria, emese e desidratação (31). A doença pode evoluir para grave comprometimento renal ou síndrome urêmica hemolítica (HUS), provocada por lesões no endotélio vascular renal pela ação das VTs. Em crianças com idade inferior a dez anos, os sinais clínicos tornam-se mais pronunciados, com elevada letalidade (3).

E. coli O157:H7 representa a maior causa de falha renal aguda em crianças nos EUA, das quais 3 a 5% com evolução fatal. Dentre as crianças que se recuperam, aproximadamente 12% apresentam sequelas secundárias à doença renal crônica, hipertensão e/ou sinais neurológicos (32).

Foi notificado pela primeira vez o sorotipo nas fezes de bovinos em abatedouros no Rio de Janeiro (4). Subsequentemente, outros estudos se sucederam no país no intuito de investigar a ocorrência do sorotipo O157:H7 em leite bovino (5), ou em casos de infecção entérica e renal em crianças por linhagens verotoxigênicas (33).

Apesar da ocorrência do sorotipo em países da América Latina não está esclarecido o real impacto de *E. coli* verotoxigênicas na epidemiologia de doenças nos humanos e em animais no Brasil. Adicionalmente, estudos conduzidos na investigação do agente em animais, alimentos, água, ambiente e em infecções nos humanos são fundamentais na vigilância epidemiológica da doença, notadamente em virtude da letalidade dos casos clínicos, especialmente em crianças.

Em São Paulo realizaram a caracterização molecular dos fatores de virulência de estirpes de *E. coli* isoladas de papagaios com colibacilose e detectaram a presença do gene *pap* em três de oito linhagens (34). A fímbria P é uma adesina manose-resistente frequentemente observada em linhagens uropatogênicas presentes em isolados de infecções do trato urinário (cistite e pielonefrite) em humanos. A expressão da fímbria P em *E. coli* de aves parece estar relacionada à colonização de órgãos internos (fígado e coração) nos estágios mais avançados da colibacilose.

Estudo recente conduzido na identificação de marcadores de virulência de *E. coli* isolados de areia em parques e praças do interior do estado de São Paulo, detectaram os genes *eae*, *bfp*, *saa*, *iucD*, *pap GI*, *sfa* e *hly* em 63 isolados, postulando a possível participação de passeriformes e psitacíformes na contaminação dos ambientes por eliminação fecal do patógeno (6).

As manifestações clínicas da doença nas aves incluem sinais de intensa prostração, enterite, hepatite, hepato e esplenomegalia, aerossaculite, poliserosite e comprometimento de diversos órgãos como rins, oviduto, pulmões, medula óssea e articulações (34).

No Brasil, os estudos de infecção por *E. coli* geralmente são conduzidos na avaliação de alimentos e de humores orgânicos de pacientes infectados. Nota-se pouca preocupação, no país, quanto a transmissão destes agentes patogênicos provenientes de animais silvestres, particularmente aves, que podem se constituir em reservatórios ou portadores de linhagens patogênicas para os humanos.

A salmonelose é considerada uma das principais zoonoses em todo o mundo. *Salmonella* spp. é um micro-organismo ubíquo que acarreta diversas afecções nos humanos, animais domésticos e silvestres. O conhecimento da ocorrência e a distribuição de *Salmonella* spp. em animais silvestres e domésticos é essencial para relacionar os possíveis reservatórios relacionados a transmissão do agente. Fatores que provocam desequilíbrio na microbiota intestinal, como o uso de antimicrobianos, mudanças na dieta ou privação de comida e água, podem facilitar a multiplicação do patógeno no trato intestinal (15).

A taxonomia do gênero *Salmonella* é, entre os bacteriologistas, motivo de controvérsia em virtude da coexistência de classificação sorológica e, recentemente, molecular. Aceita-se atualmente a existência de duas espécies, *S. enterica* (patogênica) e *S. bongori* (saprófita). *S. enterica* é a espécie de maior importância contendo vários sorotipos, que têm sido relacionados a quadros de gastroenterite, pneumonia, septicemia e, eventualmente, abortamentos nos animais e humanos (2).

As aves domésticas e selvagens constituem o reservatório mais frequentemente associado aos surtos de salmoneloses em humanos, sobretudo devido às contaminações que ocorrem durante a cadeia de produção e beneficiamento de alimentos (35). Comumente aves de vida livre podem estabelecer contato direto ou indireto com aves de produção, favorecendo a infecção de humanos pelo consumo de carne e ovos de aves infectadas. Ademais, é crescente o uso de aves selvagens/exóticas como animais de estimação, estreitando o contato destes animais e humanos, aumentando significativamente os riscos de infecção, independente da ave ser proveniente de criador legalizado ou de comércio ilegal (36).

Nos humanos, o micro-organismo está intimamente relacionado às toxinfecções alimentares mediante o consumo de produtos de origem animal. A principal forma de transmissão da bactéria para os humanos é representada pela via fecal-oral por contaminação de água e utensílios, levando a gastroenterite severa, ocasionalmente fatal. As manifestações clínicas da doença nos pacientes incluem febre, dor abdominal, vômito e diarreia com estrias de sangue, mialgias e sinais de desidratação (2).

A bactéria é eliminada pelas fezes e possui elevada resistência ambiental, especialmente em ambientes úmidos, ao abrigo da luz solar direta. Diferentes espécies de animais e inclusive os humanos podem albergar a bactéria no intestino, com eliminação intermitente pelas fezes. Os cães, gatos e animais de produção são considerados, epidemiologicamente, como

importantes fontes de infecção. Em virtude do íntimo contato entre as crianças e os animais de companhia e, muitas vezes, pelos hábitos indevidos ou precários de higiene observados em crianças nessa faixa etária, o risco de infecções por bactérias do gênero *Salmonella* é motivo de grande preocupação entre os profissionais da área de saúde, principalmente em crianças abaixo dos quatro anos (37,38). As aves podem se infectar pelo contato direto com outros animais infectados ou superfícies contaminadas, pela ingestão de água ou alimento, ou pela inalação de aerossóis contendo o micro-organismo. As aves de vida livre podem servir como portadores ou reservatórios para animais mantidos em cativeiro (39,40).

Recentemente, *Salmonella enterica* sorotipo Enteritidis tem sido considerada agente emergente de zoonose (32). No Brasil, estudo descreveu caso de gastroenterite, septicemia e falha renal em cão domiciliado por *S. enterica* sorotipo Enteritidis, e ressaltou os riscos do convívio estreito do proprietário e o cão na transmissão desta zoonose (8).

As bactérias do gênero *Salmonella* podem causar três doenças distintas nas aves: tifo aviário causado pela *Salmonella gallinarum*, pulrose causada pela *Salmonella pullorum* e o paratifo aviário causados por vários sorotipos do gênero *Salmonella* (41). As infecções causadas por *S. pullorum* e *S. gallinarum* podem ser transmitidas verticalmente e se caracterizam por quadros entéricos e septicêmicos com elevada mortalidade em aves jovens. As infecções paratífoides, causadas por qualquer outro sorotipo, exceto *S. gallinarum* e *S. pullorum*, podem ser transmitidas pelo contato com outros animais, incluindo aves, répteis, mamíferos, roedores e humanos (42). *Salmonella* spp. é o agente responsável por quadros agudos, subagudos e crônicos de enterite nas aves que, após a recuperação da infecção, permanecem assintomáticas, continuando a eliminar o agente nas fezes por várias semanas (41). Animais que não desenvolvem a doença ou que se recuperam clinicamente podem tornar-se portadores, servindo como fonte de infecção para outros animais e humanos (43).

No zoológico infantil (local onde crianças têm contato com animais) de Nagano, Japão, 11 aves domésticas representadas por quatro gansos da China (*Anser cygnoide*), um ganso de Toulouse (*Anser anser*), três patos (*Anas platyrhynchos*) e três perus (*Meleagris gallopavo*) foram positivos para o isolamento de *Salmonella* Typhimurium (44). Em zoológico pertencente ao estado do Rio Grande do Sul, foram coletados 280 suabes cloacais de psitacídeos, pertencentes a treze espécies, mantidos em cativeiro. Utilizando a técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) foi detectada a positividade para *Salmonella* spp. em 37 amostras, indicando que 13,2% dos psitacídeos eram portadores assintomáticos ou eram transientes infectados pelo gênero (45).

Em pombos domésticos capturados no município de Jaboticabal, SP, foi isolado *Salmonella* spp. de órgãos (pulmões, gônadas e fígado/baço) e conteúdo intestinal em dez (7,94%) dentre 126 pombos. Dos dez pombos positivos para *Salmonella* spp., em sete o agente foi isolado de apenas um órgão e em três aves o isolamento ocorreu em mais de um órgão. A sorotipagem revelou oito isolamentos pertencentes ao sorotipo *S. Typhimurium*, um sorotipo *S. enterica* subsp. *enterica* 4, 12 e um *S. enterica* subsp. *enterica* 4, 12, i (46).

Com efeito, são ainda pontuais os estudos no Brasil conduzidos na investigação do risco microbiológico que as aves da fauna nacional representam para os humanos como portadoras do gênero *Salmonella*.

A rodococose é uma doença infectocontagiosa causada por *R. equi* que acomete animais domésticos, selvagens e humanos. De comportamento oportunista, está relacionada às diversas manifestações clínicas como graves reações piogranulomatosas, de difícil resolução terapêutica (13). Entre os animais, o equino é a principal espécie acometida pelo *R. equi*, especialmente potros. Clinicamente, a doença manifesta-se por infecções pulmonares e em menor frequência, por distúrbios entéricos e/ou articulares. Nos suínos a doença não é progressiva, apresentando-se como linfadenite com lesões semelhantes às observadas na tuberculose (14). Em outras espécies de animais de produção, de companhia e selvagens, a doença é rara, ocorrendo sob a

forma de enterite, linfadenite, abortamento, mastite, dermatite e piometra (12). *R. equi* é eliminado pelas fezes de aves silvestres/selvagens, herbívoros ou onívoros, incluindo equinos, bovinos, suínos, ovinos, caprinos e cervos. Raramente é isolado das fezes de humanos, cães e de galinhas, e até o momento, não foi isolado das fezes de gatos (12).

Nos últimos anos a virulência das linhagens de *R. equi* foi atribuída a presença de plasmídios e antígenos (proteínas) denominados VAP (virulence associated protein), que impulsionaram os estudos na epidemiologia e patogenicidade em linhagens isoladas de animais e de humanos. As linhagens virulentas (possuem antígenos de 15 a 17 kDa que codificam proteínas VapA), são encontradas em estirpes isoladas de pneumonia em potros, em indivíduos imunocompetentes e também, acometidos pela síndrome da imunodeficiência adquirida - Aids. As estirpes de virulência intermediária (20 kDa - VapB) são identificadas na linfadenite em suínos e, predominantemente, em pacientes com Aids, enquanto as avirulentas (não detentoras dos plasmídios supracitados) ocorrem geralmente no ambiente de criação de herbívoros domésticos (solo, fezes), especialmente em criatórios de equinos e bovinos (14,47).

Dentre a literatura consultada não existe referencial de estudos sobre o perfil de virulência de *R. equi* isolados de aves silvestres, apesar da descrição do patógeno isolado das fezes de passeriformes e psitacíformes (12).

A rodococose humana é considerada em certos países como doença emergente (13). As infecções por *R. equi* são descritas, principalmente, em indivíduos severamente comprometidos ou imunossuprimidos, transplantados, portadores de neoplasias, submetidos à terapia prolongada com corticóide e, em especial, pacientes acometidos pela Aids (13,48). Estima-se que, em média, 39,4 milhões de pessoas convivam atualmente com a Aids em todo o mundo. No Brasil, o Sistema Nacional de Vigilância Epidemiológica assinalou que entre 1980 e 2006 ocorreram 433 mil casos de Aids oficialmente notificados. Até metade da década de 90, as taxas de incidência atingiram 19 casos de Aids / 100 mil habitantes. Destes, cerca de 80% concentravam-se nas regiões Sudeste e Sul (49). No Brasil, foi descrito o primeiro caso de rodococose em paciente humano acometido por Aids, apresentando sinais pulmonares, do qual foi isolada estirpe de *R. equi* de virulência intermediária (VapB) (50). Nos EUA, investigaram detalhadamente a epidemiologia de 12 casos de rodococose humana, dos quais seis acometidos por Aids, e constataram que dois tinham histórico de contato estreito com equinos e seu ambiente de criação, um com cão doméstico e outro com ambiente rural (51)

Sugere-se que a transmissão de *R. equi* dos animais para os humanos estaria relacionada à exposição ao agente no ambiente, secundária à inalação ou por lesões transcutâneas, (12,52). Clinicamente, a rodococose manifesta-se nos pacientes por pneumonia cavitária crônica com derrame pleural. Secundariamente são observados quadros extrapulmonares como abscessos renais, diarreia com sangue, caquexia, pleurisia, hepatopatias, peritonite, artrite séptica, osteomielite, linfadenite e meningite (53).

R. equi multiplica-se ativamente no ambiente, tendo como exigência condições mínimas de temperatura, pH e umidade obtidas, principalmente, no solo e material fecal de animais. Multiplica-se em extremos de temperatura (15°C a 37°C), mas preferencialmente em ambientes quentes, o que explicaria a elevada ocorrência do micro-organismo em países de clima tropical. Diferenças entre as condições ambientais a cada ano, principalmente de temperatura, poderiam justificar variações anuais e sazonais nas infecções pela bactéria em animais (12).

No Brasil, estudo investigou a virulência de 23 linhagens de *R. equi* isoladas de 200 amostras de areia de parques e praças, públicas e privadas, do interior do estado de São Paulo, e em nenhuma destas linhagens foram detectados plasmídeos Vap A ou VAp B. O autor sugere a possibilidade de veiculação fecal das estirpes de *R. equi* por pássaros da fauna nacional, que poderiam justificar a presença do patógeno na areia tanto de parques públicos, como privados (6).

São escassos os estudos no Brasil investigando os mecanismos de virulência de estirpes de *R. equi* isoladas dos animais e humanos. Estudo revelou a extrema virulência de linhagens isoladas de potros, no estado de São Paulo (5). Foi relatada a virulência de *R. equi* em gato com infecção cutânea (54). Recentemente, foi estudada a virulência de *R. equi* isolados de 20 humanos no Brasil. Destes, nove linhagens eram provenientes de pacientes HIV-positivos, seis de HIV-negativos e cinco de status desconhecido. Foram detectadas cinco linhagens isoladas VapB (todas em pacientes com Aids), quatro VapA e onze avirulentas. Dentre os 20 indivíduos, onze tinham histórico de contato com ambiente rural e/ou animais de produção (bovinos, equinos). Os autores destacaram a necessidade de novos estudos de epidemiologia molecular com *R. equi* no intuito de esclarecer o impacto de linhagens avirulentas na doença no Brasil, incluindo em pacientes sem contato com animais domésticos, que poderiam ter se infectado com isolados oriundos do ambiente (11).

Não existe, até o momento, nenhum estudo no país que tenha investigado a virulência de estirpes isoladas de fezes de aves silvestres, que permitisse a comparação com o perfil de virulência de estirpes humanas ou de outros animais. O reconhecimento dos antígenos de virulência do micro-organismo e a sua utilização como marcadores de patogenicidade têm permitido avanços significativos na identificação do perfil de virulência e de novas variantes da bactéria, e são imprescindíveis no entendimento da epidemiologia, patogenia, controle e reflexos em saúde pública da doença (11).

Os vírus da família *Coronaviridae* estão classificados na ordem *Nidovirales* e são subdivididos em três sorogrupos (grupos I, II, III), classificados com base no hospedeiro natural, reações sorológicas e técnicas moleculares (16). O grupo I está envolvido em manifestações entéricas e respiratórias em suínos, gastroenterite em cães e peritonite em felinos. O grupo II causa resfriado em humanos, encefalite e gastroenterite em suínos, hepatite em camundongos e sinais de enterite em bovinos e perus, enquanto o grupo III provoca traqueobronquite e nefrite em aves (16).

Os coronavírus são vírus RNA envelopados. Possuem o maior genoma conhecido entre os vírus RNA. Os vírions possuem forma esférica, entre 80 a 120nm, circundados por projeções externas de aproximadamente 20 nm de extensão, que conferem à partícula viral aparência similar a uma coroa (15). Este grupo de vírus são inativados por solventes lipídicos, agentes oxidantes, formaldeído, detergentes e desinfetantes comuns. Apresentam grande sensibilidade ao calor e ao pH ácido, e podem permanecer viáveis em pH 3 (17). Foi avaliada a viabilidade do coronavírus em água parada e água de esgoto a 4°C e 23°C, e observaram presença de partículas virais viáveis por mais de 100 dias na água a 4°C, 10 dias na água a 23°C e entre 2 a 4 dias na água de esgoto (55).

O gênero *Coronavirus* apresenta complexo mecanismo de replicação viral, que inclui a produção de RNAs mensageiros (mRNA) subgenômicos, gerando alta frequência de recombinações, grande variação antigênica e a existência de vários sorotipos. Além disso, os coronavírus sofrem mutações frequentes no seu genoma, decorrentes de erros cometidos pela RNA polimerase e deleções no genoma de vírus preexistentes (16).

Os coronavírus podem infectar várias espécies de aves e de mamíferos. Apresentam tropismo por células epiteliais intestinais e respiratórias. As infecções podem ser graves em animais jovens e nos adultos, mas geralmente são brandas ou inaparentes (15).

O interesse por este grupo viral aumentou recentemente com a classificação de um novo coronavírus humano, o agente causal da pneumonia asiática (SARS-COV). Antes do reconhecimento deste coronavírus nos humanos, os patógenos deste gênero estavam relacionados principalmente a resfriados de evolução benigna (16). Os coronavírus não são estritamente espécie-específicos e são capazes de infectar novas espécies. Desta forma, postula-se a possibilidade de infecções cruzadas entre animais e humanos, incluindo aves silvestres ou selvagens. Neste contexto, estudos voltados a detecção de coronavírus em aves silvestres ou

selvagens assumem importância na vigilância epidemiológica da SARS em humanos.

A presença de coronavírus em 29 aves silvestres da região nordeste do Estado de São Paulo, distribuídas em 18 espécies e 12 famílias, foi investigada. Os resultados evidenciaram que três das 29 aves, pertencentes às espécies *Coragyps atratus* (Urubu de cabeça preta), *Passer domesticus* (Pardal) e *Zenaida auriculata* (Pomba de bando), foram positivas para Coronavírus semelhante ao vírus da bronquite infecciosa das galinhas (VBI) (56).

Os rotavírus são reconhecidos mundialmente como um dos principais vírus entéricos para humanos e animais. Estão amplamente distribuídos na natureza e acometem grande diversidade de hospedeiros, incluindo mamíferos domésticos, silvestres e as aves (2).

As partículas destes vírus quando observadas na microscopia eletrônica apresentam aparência de roda, fato que motivou a denominação *Rotavírus*. Os vírions medem cerca de 85nm de diâmetro e não possuem envelope. São os únicos vírus de mamíferos e aves que possuem 11 segmentos de RNA de fita dupla (dsRNA) no genoma e com diferentes tamanhos. A diferença de tamanho permite caracterizar o perfil de migração singular dos segmentos genômicos para os rotavírus quando separados por eletroforese em gel de poliacrilamida (PAGE). Cada segmento codifica pelo menos uma proteína viral, totalizando seis proteínas estruturais e seis não-estruturais. O segmento 11 do genoma é o único que codifica mais de uma proteína. No núcleo viral, estão presentes as proteínas VP1, VP2 e VP3. No capsídeo intermediário localiza-se a VP6 e, no capsídeo externo, a VP4 e VP7 (15).

Os rotavírus podem ser classificados em sete sorogrupos, designados pelas letras A a G, segundo diferenças antigênicas da proteína VP6, como também pelo padrão eletroforético de migração dos 11 segmentos genômicos. Os grupos A, B e C são encontrados tanto em humanos quanto em animais, enquanto os grupos D e G são identificados exclusivamente em animais. As proteínas do capsídeo externo VP4 e VP7 permitem também a caracterização do vírus em sorotipos e/ou genótipos. Dessa forma, o rotavírus possui sistema binário de classificação, constituído por tipos de VP4 e tipos de VP7. Atualmente são reconhecidos mais de 27 diferentes tipos de VP4 e VP7 e mais de 405 combinações possíveis entre os diferentes genótipos (2,16). A diversidade antigênica dos rotavírus é decorrente de mutações pontuais (substituições de aminoácidos das proteínas), de ressortimento (troca de segmentos genômicos por cepas diferentes ao coinfetarem uma célula) e de rearranjos genômicos (deleções ou duplicações em porções de um segmento genômico) (16).

Os rotavírus mantêm a infectividade em pH entre 3 e 9. São relativamente estáveis em condições ambientais e podem se manter viáveis por meses nas fezes. São sensíveis a formalina, cloro, betapropiolactona, etanol (95%) e glutaraldeído (17).

Os enterócitos dos animais jovens são altamente susceptíveis à infecção devido ao desenvolvimento completo do ciclo replicativo e a produção de progênie viral (10). Clinicamente, as infecções nos animais manifestam-se por diarreia, desidratação, desequilíbrio eletrolítico e acidose, acometendo principalmente animais jovens durante o primeiro mês de vida, o que acarreta grandes perdas econômicas nas criações comerciais. Em adultos, a infecção geralmente é assintomática, porém podem se tornar portadores e transmitir o vírus para os animais jovens (57). A transmissão da rotavirose ocorre via oral-fecal pela água, alimentos e fômites contaminados.

Os rotavírus são predominantemente espécie-específicos. Entretanto, infecções heterólogas são relatadas com grande frequência. Cepas virais que são geneticamente relacionadas com vírus de origem bovina, suína, canina, felina e aviária têm sido isoladas de crianças com infecções sintomáticas ou assintomáticas. Ademais, combinações genotípicas comumente associadas com cepas de rotavírus do grupo A de origem humana têm sido identificadas em animais (16).

O Center for Disease Control - CDC (18) dos EUA examinou amostras fecais de crianças por 23 meses e 20% das amostras foram positivas para rotavírus, com maior incidência nos

meses de inverno. No Brasil, foram analisadas 557 amostras fecais de crianças hospitalizadas em Goiânia, com ou sem gastroenterite. Do grupo de crianças com diarreia foi encontrado 29,2% de amostras positivas, enquanto no grupo sem diarreia 4,1% foram positivas (58).

Estudo analisou 85 amostras fecais de frangos de corte (*Gallus gallus*), provenientes de 37 granjas aviárias. No total, das 85 amostras fecais, 35 (41,2%) mostraram-se positivas para Rotavírus. Foram encontrados 19 (51,4%) aviários com pelo menos um galpão positivo para Rotavírus aviário (59).

Referiram participação de *Rotavírus* na etiologia das diarreias em comunidades indígenas da Amazônia e ressaltaram alguns aspectos singulares, como a rápida disseminação dos surtos epidêmicos, o acometimento de todas as faixas etárias com severidade clínica, e a existência de reservatórios silvestres como reservatórios ou portadores do vírus entre esses silvícolas (57).

CONCLUSÃO

R. equi são bactérias que possuem o comportamento oportunista e estão relacionadas à graves infecções piogranulomatosas nos humanos e nos animais. Estas bactérias são eliminadas pelas fezes de aves silvestres.

Estudo identificou linhagens de *R. equi* na areia de praças e parques da região de Botucatu, SP, e aventaram a possibilidade da contaminação destes ambientes com *R. equi* pelas fezes de pássaros (6).

No Brasil, os estudos de infecção por *E. coli* geralmente são conduzidos na avaliação de humores orgânicos de animais, pacientes infectados e alimentos. Pouca atenção é observada no país quanto a transmissão destes agentes patogênicos originários de animais silvestres, principalmente as aves, que podem ser considerados reservatórios ou portadores de linhagens patogênicas para os humanos. Diferentes autores consideram a presença de enterobactérias no trato digestório de psitaciformes e passeriformes como fator preocupante, pois há um alto potencial de patogenicidade destas bactérias para as aves e ocasionalmente para os humanos (24).

As aves selvagens e domésticas são consideradas um dos reservatórios mais comumente associado aos surtos de salmoneloses em humanos, principalmente devido às contaminações que ocorrem durante a cadeia de produção e beneficiamento de alimentos (35). Frequentemente aves silvestres de vida livre podem estabelecer contato, direto ou indireto, com aves de produção fato que pode favorecer a infecção de humanos devido ao consumo de carne e ovos de aves infectadas. É crescente, também, o uso de aves selvagens/exóticas como animais de estimação, estreitando o contato destes animais e humanos, aumentando consideravelmente os riscos de infecção, independente de a ave ser proveniente de criador legalizado ou de comércio ilegal (36).

O gênero *Coronavírus* possui tropismo pelas células epiteliais intestinais e respiratórias e pode infectar diversas espécies de aves e mamíferos (15). Aumentou-se recentemente o interesse em pesquisar esta família viral devido a classificação de novo coronavírus humano causador da pneumonia asiática (SARS-COV), visto que os patógenos deste gênero estavam relacionados, classicamente, aos resfriados comuns em humanos (16).

Foram detectadas duas cepas de *Coronavírus* sp. na areia de parques/praças do interior do estado de São Paulo, e sugeriram a participação de aves sinantrópicas/silvestres na contaminação destes ambientes por eliminação fecal do vírus (6).

O gênero *Rotavírus* é considerado um dos principais vírus entéricos para os animais e humanos. Acomete humanos, aves, animais domésticos e silvestres. As infecções por rotavírus constituem uma das principais causas de morbimortalidade infantil em todo o mundo (2,18,19). Cepas de rotavírus do grupo A, de origem humana, têm sido identificadas em animais

(20,21,22). No entanto, pouca atenção tem sido dada a investigação de rotavírus em aves silvestres no Brasil.

Considerando o potencial zoonótico dos patógenos entéricos como *E. coli*, *Salmonella* spp., *R. equi*, *Coronavírus* e *Rotavírus* e a grande diversidade de aves da fauna brasileira, são necessários estudos no país envolvendo a investigação destes patógenos, e da virulência de *E. coli* e *R. equi* isolados de passeriformes e psitaciformes com intuito de esclarecer o impacto destes animais como fontes de infecção de patógenos entéricos para os humanos.

REFERÊNCIAS

1. Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. Listas das aves do Brasil [Internet]. 10a ed. 2011 [cited 2013 Mar 20]. Available from: <http://www.cbro.org.br>
2. Acha PN, Szyfres B. Zoonosis y enfermedades transmisibles comunes al hombre y a los animales. 3a ed. Washington: Organización Panamericana de la Salud; 2003.
3. Tauxe RV. Emerging foodborne diseases: an evolving public health challenge. *Emerg Infect Dis.* 1997;4:1-13.
4. Cerqueira AMF, Guth BEC, Joaquim RM, Andrade JRC. High occurrence of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) in healthy cattle in Rio de Janeiro State, Brazil. *Vet Microbiol.* 1999;70:111-21.
5. Ribeiro MG, Costa EO, Leite DS, Langoni H, Garino Júnior F, Victoria C, et al. Fatores de virulência em linhagens de *Escherichia coli* isoladas de mastite bovina. *Arq Bras Med Vet.* 2006;5:724-31.
6. Fernandes MC. Indicadores de contaminação microbiológica e pesquisa de marcadores de virulência de enteropatógenos identificados em solo/areia de parques e praças de recreação [dissertação]. Botucatu: Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual; 2010.
7. Aguilar RF, Hernández SM, Hernández SJ. Atlas de medicina, terapêutica e patologia de animais exóticos. São Caetano do Sul, SP: Interbook; 2006. Medicina e patologia de aves de companhia; p.213-64.
8. Ribeiro MG, Brito CJC, Paes AC, Megid J, Pinto JPAN, Listoni FJP. Infecção do trato urinário em cão por *Salmonella entérica* sorotipo Enteritidis. Relato de caso. *Clin Vet (São Paulo).* 2003;43:30-7.
9. Schubert MAR. Isolamento de *Salmonella* spp. de amostras fecais de aves silvestres mantidas em cativeiro [trabalho de conclusão de curso]. São Paulo: Faculdades Metropolitanas Unidas; 2008.
10. Radostits OM, Gay ME, Hinchcliff KW, Constable PD. *Veterinary Medicine: a textbook of the disease of cattle, horses, sheep, pigs and goats.* London: WB Saunders; 2007.
11. Ribeiro MG, Salerno T, Lara GHB, Siqueira AK, Fernandes MC. Fatores de virulência de *Rhodococcus equi*. Implicações na epidemiologia e controle da rodococose nos animais e no homem. *Vet Zootec.* 2007;14:1-8.

12. Prescott JF. *Rhodococcus equi*: an animal and human pathogen. Clin Microbiol Rev. 1991;4:20-34.
13. Linder R. *Rhodococcus equi* and *Corynebacterium haemolyticum*: two “Coryneform” bacteria increasingly recognized as agents of human infection. Emerg Infect Dis. 1992;3:1-10.
14. Takai S. Epidemiology of *Rhodococcus equi* infections: a review. Vet Microbiol. 1997;56:167-76.
15. Quinn PJ, Markey BK, Carter ME, Donnelly WJ, Leonard FC. Microbiologia veterinária e doenças infecciosas. Porto Alegre: Artmed; 2005. p.71-3.
16. Flores EF. Virologia veterinária. Santa Maria: UFSM; 2007.
17. Greene CE. Infectious diseases of the dog and cat. 3rd ed. Philadelphia: Saunders Company; 2006. p.310-1.
18. Centers for Disease Control and Prevention - CDC. Rotavirus surveillance: United States, 1989-1990. MMWR. 1991;40:80-1.
19. Glass RI, Lew JF, Gangarosa RE. Estimates of morbidity and mortality rates for diarrhea in American children. J Pediatrics. 1991;118:27-33.
20. Nakagomi O, Nakagomi T. Interspecies transmission of rotaviruses studies from the perspective of Genogroup. Microbiol Immunol. 1993;37:337-48.
21. De Leener K, Rahman M, Matthijssens J, Hoovels LV, Goegebuer T, Van Der Donck I, et al. Human infection with a P[14], G3 lapine rotavirus. Virology. 2004;325:11-7.
22. Steyer A, Poljisač-Prijatelj M, Barlič-Maganja D, Marin J. Human, porcine and bovine rotaviruses in Slovenia: evidence of interspecies transmission and genome reassortment. J Gen Virol. 2008;89:1690-8.
23. Campos LC, Trabulsi LR. *Escherichia*. In: Trabulsi LR, Alterthum F, Gompertz OF, Candeias JAN. Microbiologia. São Paulo: Atheneu; 1999.
24. Dorrestein GM, Buitelaar MN, Van Der Hage MH, Zwart P. Evaluation of a bacteriological and mycological examination of psittacine birds. Avian Dis. 1985;4:951-62.
25. Franco BDGM, Landgraf M. Microbiologia dos alimentos. São Paulo: Atheneu; 1996. Micro-organismos patogênicos de importância em alimentos; p. 33-41.
26. Mattes BR, Consiglio SAS, Almeida BZ, Guido MC, Orsi RB, Silva RM, et al. Influência da biossegurança na colonização intestinal por *Escherichia coli* em psitacídeos. Arq Inst Biol. 2005;72:13-6.
27. Castro AFP, Yano T. Principais doenças entéricas dos bezerros de origem bacteriana. In: Charles TP, Furlong J. Diarreia dos bezerros. Coronel Pacheco: EMBRAPA-CNPGL;

- 1992.
28. Ritchie BW, Harrison GJ, Harrison LR. Avian med: principles and application. Lake Worth: Wingers Publishing; 1994.
 29. Levine MM. *Escherichia coli* that cause diarrhea: Enterotoxigenic, Enteropathogenic, Enteroinvasive, Enterohemorrhagic, and Enteroadherent. J Infect Dis. 1987;155:377-89.
 30. Faith NG, Sheer JA, Brosh R. Prevalence and clonal nature of *Escherichia coli* O157:H7 on dairy farms in Wisconsin. Appl Environ Microbiol. 1996;62:1519-25.
 31. Doyle MP. *Escherichia coli* O157:H7 and its significance in foods. Int J Food Microbiol. 1991;12:289-302.
 32. Altekruze SF, Cohen ML, Swerdlow DL. Emerging foodborn diseases. Emerg Infec Dis. 1997;3:285-93.
 33. De Souza RL, Nishimura LS, Guth BE. Uncommon Shiga toxin-producing *Escherichia coli* serotype O165: HNM as cause of hemolytic uremic syndrome in São Paulo, Brazil. Diagn Microbiol Infec Dis. 2007;59:223-5.
 34. Knöbl T, Godoy SN, Matushima ER, Guimarães MB, Ferreira AJP. Caracterização molecular dos fatores de virulência de estirpes de *Escherichia coli* isoladas de papagaios com colibacilose aviária. J Braz Vet Res Anim Sci. 2008;45:54-60.
 35. Pedersen K. Prevalence of shiga toxin-producing *Escherichia coli* and *Salmonella enterica* in rock pigeons captured in Fort Collins, Colorado. J Wildl Dis. 2006;42:46-55.
 36. Freitas Neto OCF. Search for *Salmonella* spp. in ostrich productive chain of Brazilian southeast region. Trop Anim Health Prod. 2009;41:1607-14.
 37. Schutze GE, Sikes JD, Stefanova R, Cave MD. The home environment and Salmonellosis in children. Pediatrics. 1999;103:1-5.
 38. Trevejo RT, Courtney JG, Starr M, Vugia DJ. Epidemiology of Salmonellosis in California, 1990-1999: morbidity, mortality, and hospitalization costs. Am J Epidemiol. 2003;157:48-57.
 39. Friend M. Bacterial diseases. In: University of Nebraska-Lincoln. Field manual of wildlife diseases: general field procedures and diseases of birds [Internet]. Lincoln: UNL; 1999 [cited 2013 Sept 20]. Available from: <http://digitalcommons.unl.edu/zoonoticpub/12>
 40. Brown NHH. Psittacine birds. In: Tully Jr TN, Lawton MPC, Dorrestein GM. Avian medicine. Oxford: Reed Educational and Professional Publishing Ltda; 2000.
 41. Berchieri Jr A. Salmoneloses aviárias. In: Berchieri Jr A, Macari M, editores. Doença das aves. Campinas: FACTA; 2000. p. 185-95.
 42. Hoefler HL. Diseases of the gastrointestinal tract. In: Altman RB, Clubb SL, Dorrestein GM, Qusenbery K. Avian medicine and surgery. Philadelphia: Saunders Company; 1997. p.

- 419-53.
43. Ketz-Riley CJ. Salmonellosis and Shigelosis. In: Fowler ME, Miller RE. Zoo and wild animal medicine. 5th ed. St. Louis: Saunders; 2003. p.686-8.
 44. Sato Y, Fukui S, Kurusu H, Kitazawa I, Kuwamoto R, Aoyagi T. *Salmonella typhimurium* infection in domesticated fowl in a children's Zoo. Avian Dis. 1999;43:611-5.
 45. Allgayer MC. Detecção de *Salmonella* sp. em psitacídeos de cativo através da reação em cadeia da polimerase (PCR) [dissertação]. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul; 2003.
 46. Marciano JA. Pesquisa de *Salmonella* sp., *Cryptococcus neoformans* e anticorpos anti-*Toxoplasma gondii* em pombos urbanos (*Columba livia*) no município de Jaboticabal-SP. [dissertação]. Jaboticabal: Faculdade de ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista; 2004.
 47. Hines SA, Kanaly ST, Byrne BA, Palmer GH. Immunity to *Rhodococcus equi*. Vet Microbiol. 1997;56:177-85.
 48. Takai S, Tharavichitkul P, Sasaki C, Onishi Y, Yamano S, Kakuda T, et al. Identification of virulence-associated antigens and plasmids in *Rhodococcus equi* from patients with acquired immune deficiency syndrome and prevalence of virulent *R. equi* in soil collected from domestic animal farms in Chiang Mai, Thailand. Am J Trop Med Hyg. 2002;66:52-5.
 49. Brasil. Ministério da Saúde. Dados e pesquisas em doenças sexualmente transmissíveis e AIDS [Internet]. Brasília: Ministério da Saúde; 2007 [cited 2013 Sept 10]. Available from: www.aids.gov.br/
 50. Caterino-de-Araújo A, De Los Santos-Fortuna E, Zandona-Meleiro MC, Calore EE, Perez Calore NM. Detection of the 20- kDa virulence-associated antigen of *Rhodococcus equi* in malakoplakia lesion in pleural tissue obtained from an AIDS patient. Pathol Res Pract. 2000;196:321-7.
 51. Verville TD, Huycke MM, Greenfield RA, Fine DP, Kuhls TL, Slater LN. *Rhodococcus equi* infections in humans. Medicine. 1994;73:119-32.
 52. Adal KA, Shiner PT, Francis JB. Primary subcutaneous abscess caused by *Rhodococcus equi*. Ann Intern Med. 1995;122:317.
 53. Severo LC, Londero AT. Rodococoses. In: Veronesi R, Focaccia R. Tratado de infectologia. São Paulo: Atheneu; 1996.
 54. Farias MR, Takai S, Ribeiro MG, Fabris VE, Franco SRVS. Cutaneous pyogranuloma in a cat caused by virulent *Rhodococcus equi* containing an 87-kb type I plasmid. Aust Vet J. 2007;85:29-31.
 55. Gundy PM, Gerba CP, Pepper IL. Survival of coronaviruses in water and wastewater. Food Environ Virol. 2009;1:10-4.

56. Montassier MFS, Teixeira FC, Barboza KB, Werther K, Ávila FA, Montassie HJR. Detecção de coronavírus em aves silvestres da região nordeste do estado de São Paulo, Brasil, por técnicas moleculares de rt-pcr e nested-pcr/ detection of coronavirus by rt-pcr and nested-pcr in wild birds from northeastern São Paulo state, Brazil. *Ars Vet.* 2013;29.
57. Veronesi R, Foccacia R. Tratado de infectologia. São Paulo: Atheneu; 1996. v. 1.
58. Cardoso DD, Martins RMB, Kitajima EW, Barbosa AJ, Camarota SCT, Azevedo MSP. Rotavírus e adenovírus em crianças de 0-05 anos hospitalizadas com ou sem gastroenterite em Goiania - GO, Brasil. *Rev Inst Med Trop São Paulo.* 1992;34:433-9.
59. Silva RR, Bezerra DAM, Kaiano JHL. Molecular epidemiology of avian rotavirus in fecal samples of broiler chickens in Amazon Region, Brazil. *Rev Pan-Amaz Saude.* 2013;4:55-62.

Recebido em: 22/02/2019

Aceito em: 11/10/2019