



Importância dos animais silvestres como potenciais carreadores de patógenos alimentares

[Importance of wild animals as potential carriers of foodborne pathogens]

"Revisão/Review"

Thamiris Pereira Moraes*¹, Cláudio Dias Timm¹

¹Departamento de Preventiva, Universidade Federal de Pelotas, Campus Capão do Leão, Capão do Leão-RS, Brasil

*Autor para correspondência/Corresponding author: E-mail: thamiris.p@outlook.com

Resumo

Alguns dos micro-organismos mais comumente associados a doenças transmitidas por alimentos (DTA) são *Salmonella*, *Yersinia enterocolitica*, *Listeria monocytogenes* e *Staphylococcus* coagulase positiva, sendo responsáveis por diversos surtos em todo o mundo. Os alimentos mais comumente envolvidos nos surtos de DTA são os de origem animal. A maioria dos micro-organismos responsáveis pelas DTA podem ser eliminados pelas fezes de quem ingeriu o alimento contaminado. Também a eliminação dos micro-organismos pelas fezes de portadores constitui uma fonte importante de infecção para seres humanos e outros animais. Animais silvestres têm alto potencial para dispersar micro-organismos no ambiente, uma vez que eles se encontram nos mais diversos *habitats*, entram em contato com animais domésticos e silvestres, alimentos, fômites e pessoas. Portanto, estes animais podem representar importantes reservatórios de patógenos com potencial de contaminar o ambiente e infectar tanto as pessoas quanto outros animais.

Palavras-chave: *Listeria monocytogenes*; *Yersinia enterocolitica*; *Staphylococcus*; *Salmonella*; zoonoses.

Abstract

Some of the microorganisms most commonly associated with foodborne diseases (DTA) are *Salmonella*, *Yersinia enterocolitica*, *Listeria monocytogenes* and coagulase-positive *Staphylococcus*, being responsible for several outbreaks worldwide. The foods most commonly involved in DTA outbreaks are those of animal origin. Most of the microorganisms responsible for DTA can be eliminated in the feces of those who ate the contaminated food. Also, the elimination of microorganisms in feces from carriers is an important source of contamination for humans and other animals. Wild animals have high potential to disperse microorganisms into the environment, since they are found in the most diverse habitats, and come into contact with domestic and wild animals, food, fomites, and people. Therefore, these animals may represent important reservoirs of pathogens with potential to contaminate the environment and infect both humans and other animals.

Keywords: *Listeria monocytogenes*; *Yersinia enterocolitica*; *Staphylococcus*; *Salmonella*, zoonoses.

Introdução

No Brasil, entre janeiro de 2007 e maio de 2017, aconteceram 7.170 surtos de doenças transmitidas por alimentos (DTA), acometendo 126.712 pessoas. O principal grupo de micro-organismos envolvidos foi o das bactérias, sendo que, do total de surtos, 7,3% (525) deles tiveram como agente *Escherichia coli*, 7,2% (515) *Salmonella* e 5,8% (407) *Staphylococcus aureus* (Brasil, 2016). Os micro-organismos responsáveis por causar DTA, quando contaminam alimentos,

podem ser eliminados pelas fezes de quem ingeriu o alimento contaminado e, caso essas fezes com o patógeno entrem em contato com pessoas, animais domésticos e silvestres ou também com alimento, podem contaminá-los, mesmo sem a veiculação pelo alimento. Alguns dos micro-organismos mais comumente associados a DTA são *Salmonella*, *Yersinia enterocolitica*, *Listeria monocytogenes* e *Staphylococcus* coagulase positiva, sendo

responsáveis por diversos surtos em todo o mundo (CDC, 2017a).

A conservação da diversidade biológica é uma das preocupações mundiais mais atuais, devido a diversos fatores, como a extinção e a vulnerabilidade de espécies, introdução de espécies exóticas e dispersão de doenças, principalmente as infecciosas (Silva et al., 2010). Ao longo da história, a vida selvagem tem sido uma importante fonte de infecção de doenças infecciosas transmissíveis aos seres humanos e outros animais (Kruse et al., 2004).

As mudanças ecológicas que influenciam a epidemiologia das zoonoses transmitidas por animais de vida silvestre podem ser de origem natural ou antropogênica. Estas, incluem expansão e invasão da população humana, reflorestamento e outras mudanças de *habitat*, poluição e mudanças climáticas. A transmissão de micro-organismos a partir de animais silvestres para os seres humanos, direta ou indiretamente, através de animais domésticos, pode ocorrer de várias maneiras. Nesse aspecto, o comércio internacional de animais silvestres, muitas vezes ilegal, no qual animais silvestres acabam em mercados de animais vivos, restaurantes e fazendas, é significativo, porque tais práticas aumentam a proximidade entre animais silvestres, animais domésticos e humanos (Kruse et al., 2004).

Animais exóticos também podem criar sérios problemas de saúde pública quando introduzem uma doença a populações animais e humanas nativas. Assim, o transporte, a venda ou a distribuição de animais ou a liberação de animais no meio ambiente, pode representar um risco para a disseminação de zoonoses. Além disso, mutações microbianas ou adaptação também influenciam a epidemiologia das zoonoses (Kruse et al., 2004).

Animais silvestres de vida livre constituem importantes reservatórios de micro-organismos patogênicos (Chomel et al., 2007), podendo carregá-los até alimentos, humanos, animais domésticos e, também, contaminar o ambiente onde vivem, proporcionando, dessa forma, a possibilidade de transmissão para outros animais de vida livre. O uso de animais silvestres como *pets* configura uma via importante de contato de seres humanos e animais domésticos com esses animais e risco de infecção, caso eles estejam carregando micro-organismos patogênicos. Os centros de recuperação e reabilitação de animais silvestres igualmente podem se constituir de vias de transmissão de patógenos em potencial, tanto para

quem manipula estes animais quanto para os outros animais e o ambiente (Casagrande et al., 2011).

As aves silvestres, especialmente as migratórias, têm alto potencial para dispersar micro-organismos no ambiente, uma vez que elas se encontram nos mais diversos *habitats*, podendo entrar em contato com animais domésticos e silvestres, alimentos, fômites e pessoas (Hubálek, 2004).

A fim de compreender melhor o comportamento de micro-organismos patogênicos, é necessário que sejam feitas pesquisas de isolamento e identificação não só em seres humanos, mas também em animais tanto de produção, quanto de vida livre (Nowakiewicz et al., 2015). Portanto, esta revisão tem por objetivo fazer um levantamento bibliográfico da ocorrência de *Listeria monocytogenes*, *Yersinia enterocolitica*, *Staphylococcus coagulase positiva* e *Salmonella* em animais silvestres, incluindo aves, répteis e mamíferos não voadores.

Desenvolvimento

O homem e a maioria dos animais domésticos podem ser portadores de *Staphylococcus* spp. Também animais silvestres de diferentes espécies têm sido identificados como portadores desse micro-organismo em vários estudos. Seinige et al. (2017), que isolaram *S. aureus* de 36,9% (41/111) das amostras de material nasal provenientes de javalis de vida livre (*Sus scrofa*) na Alemanha. Thapaliya et al. (2017) isolaram *S. aureus* de 7,1% (13/182) de *Anser anser* coletados em Ohio, Estados Unidos da América (EUA) Nowakiewicz et al. (2013) isolaram *Staphylococcus coagulase positiva* de 70,6% (202/286) de *Vulpes vulpes*, 41,5% (27/65) de *Martes foina* e 35,7% (25/70) de *Procyon lotor*, sendo identificado *S. aureus* em 9,8% (28/286), 12,3% (8/65) e 5,7% (4/70) das amostras, respectivamente.

Nowakiewicz et al. (2015) realizaram coleta de fezes de 76 animais na Polônia, de janeiro a julho de 2013. Foram positivos para *S. aureus* 5,1% (2/39) das amostras provenientes de *V. vulpes*, 12,5% (3/24) das de *Martes martes* e 33,3% (1/3) de *Cricetus cricetus*.

Aspis et al. (2003) coletaram amostras da mucosa oral de macaco-prego (*Sapajus apella*) adultos, alocados na Fundação Parque Zoológico de São Paulo, a fim de verificar o isolamento de *S. aureus*, foram positivos 93,1% (27/29) dos animais coletados. Estes autores afirmaram que os micro-

organismos comumente encontrados na boca de macacos são consequência dos hábitos alimentares destes animais, que incluem desde frutas variadas até pequenos roedores e insetos ou ao costume de levar constantemente as mãos contaminadas à boca, mesmo com matéria fecal.

Estima-se que 1.600 pessoas adquiram listeriose a cada ano e 260 morram nos EUA em decorrência dessa enfermidade (CDC, 2017b). Tanto o homem como os animais e o ambiente servem como reservatório de *L. monocytogenes*. Lyautey et al. (2007) afirmaram que *L. monocytogenes* é um patógeno intracelular facultativo que pode ser transportado assintomaticamente em vários animais e pode ser eliminado pelas fezes. Weinde et al. (2016) isolaram *L. monocytogenes* de 42,2% (19/45) das amostras coletadas de *Cervus elaphus* e 24,4% (12/49) de javalis de vida livre (*S. scrofa*). Foi coletado material de tonsilas, conteúdo ruminal/estomacal, fígado, linfonodos intestinais, conteúdo cecal e fezes. Na China, foi realizado um estudo com diversas espécies de roedores silvestres, também com o objetivo de isolar *L. monocytogenes*. Foram coletadas amostras de fezes dos roedores em diferentes regiões do país, incluindo Tibet, Hainan, Guangdong, Fujian e Província Shanki. Após as análises, o resultado obtido foi que 3,2% (11/341) dos animais avaliados foi positivo para *L. monocytogenes*. As espécies que apresentaram o micro-organismo foram *Rattus lossea*, *Niviventer confucianus*, *Bandicota indica*, *Apodemus chevrieri*, *Apodemus peninsulae*, *Cricetulus kamensis*, *Mus musculus* e *Rattus norvegicus* (Wang et al., 2017).

Yoshida et al. (2000), após analisarem fezes de mamíferos e aves de diferentes espécies, obtiveram isolamento de *L. monocytogenes* de 1,3% (1/80) de *Macaca fuscata*, 13,3% (2/15) de *V. vulpes*, 1% (1/104) de *Nyctereutes procyonoides*, 0,8% (1/127) de *Martes melampus*, 1,1% (1/95) de *Cervus nippon* e 2% (6/301) de *Corvus corone*.

Fenlon (1985) analisou amostras de fezes de diversas espécies de gaiotas que se encontravam em locais próximos a esgotos e locais de repouso destes animais, também foram coletadas amostras de fezes de gralhas, por meio da inserção de zaragatoas nas cloacas desses animais e diretamente do intestino dos animais que eram encontrados mortos. Foram coletadas gaiotas e gralhas de diversas espécies, e 8,4% (23/273) das amostras foram positivas para *L. monocytogenes*. As gaiotas agem como carreadoras de patógenos,

transferindo micro-organismos de um lugar para outro sem se tornarem claramente infectadas. A bactéria, neste estudo, foi isolada no período de nidificação, na primavera, momento de estresse para as aves, pois os recursos alimentares podem ser baixos e as aves são frequentemente vistas em cochos usados para alimentar os animais de produção.

Hellström et al. (2007) avaliaram as fezes de aves que vivem livremente nas cidades e em aterros sanitários, a fim de isolar *L. monocytogenes*, e obtiveram 3% (1/37) de positividade nas fezes de *Larus canus*, 15% (3/20%) de *Larus ridibundus*, 13% (2/16) de *Columbia livia*, 17% (1/6) de *Larus argentatus* e 25% (1/4) de pardal (*Passer domesticus*). Estes autores concluíram que aves selvagens saudáveis geralmente transportam *L. monocytogenes* em seus intestinos e que a prevalência deste micro-organismo era maior nas aves que viviam em aterros sanitários do que nas que viviam em áreas urbanas. O ambiente de vida, combinado com os hábitos alimentares de certas espécies de aves provavelmente afeta o transporte fecal de *L. monocytogenes*, variando a prevalência de acordo com esses fatores (Hellström et al., 2007).

Salmonella está amplamente distribuída na natureza, porém entre os animais, as aves são os reservatórios mais importantes, pois podem ser portadoras assintomáticas, excretando continuamente o micro-organismo pelas fezes. Ferreria et al. (2011) analisaram fezes de *Sapajus apella* e 17,9% (5/28) eram positivas para *Salmonella*. Os sorotipos identificados foram 40% Infantis, 40% Panama e 20% Newport. Nenhum dos animais apresentava sinal clínico. A identificação de animais sem sinais clínicos de salmonelose nesse estudo também alerta para o estado de portador são, fator relevante na transmissão de *Salmonella* e favorece a manutenção da cadeia de transmissão de salmonelose.

Allgayer et al. (2009) isolaram *Salmonella* de fezes de 7,1% (1/14) de arara-azul (*Anodorhynchus hyacinthinus*) que viviam em um centro de reabilitação. Segundo estes autores, é essencial que informações sobre a ocorrência e distribuição desse micro-organismo em animais domésticos e silvestres sejam estudadas, uma vez que podem ser responsáveis pela transmissão do patógeno para outros animais silvestres e domésticos, ambiente e humanos. É interessante que dados microbiológicos de populações naturais

sejam estudados, porque assim podem contribuir para a sua conservação, estabelecendo critérios sanitários preventivos para o manejo de animais em cativeiro ou em ambiente natural alterado.

Nunes et al. (2010) afirmaram que a salmonelose destaca-se como a principal zoonose transmitida por répteis levados para o interior dos domicílios para serem criados como *pets*. Segundo Kruse et al. (2004), a crescente popularidade de manter répteis e outros animais exóticos como animais de estimação apresenta um problema de saúde pública, pois estes animais podem ser portadores de *Salmonella* e infectar os seres humanos, direta ou indiretamente. Nunes et al. (2010) encontraram 12,4% (11/89) de fezes de jabuti-piranga (*Chelonoidis carbonaria*) com *Salmonella* dos sorovares *S. Salame*, *S. Houtenae*, *S. Panama*, *S. Javiana* e *S. Michigan*. Estes autores, também, afirmaram que o tráfico de animais silvestres é um fator importante na disseminação de enfermidades, uma vez que não há controle sanitário durante o transporte e, ainda, pela debilidade física e imunológica em que os animais muitas vezes se encontram, decorrentes de sede, fome e densidade populacional elevada durante o transporte, que são características do transporte ilegal de fauna.

Skov et al. (2008) afirmaram que a presença de *Salmonella* em produtos alimentícios de origem animal está associada à ocorrência deste micro-organismo na produção animal primária, portanto seriam necessárias estratégias para controlar a introdução e propagação de infecção. Para que essa afirmação pudesse ser feita, estes autores realizaram coletas de 2.933 amostras de fezes de animais silvestres e 689 de animais de produção. *Salmonella* foi detectada apenas nos silvestres, que viviam em fazendas ou próximas a elas onde este micro-organismo havia sido previamente detectado nos animais de produção. Os silvestres coletados foram aves, roedores e insetos. *S. Typhimurium* foi o sorotipo mais frequentemente detectado. Em um trabalho realizado no Rio Grande do Sul, Brasil, Dias et al. (2014) isolaram *Salmonella* de 24% (6/23) das amostras de fezes de *Chrysomus ruficapillus* capturados e de 100% (1/1) das amostras de fezes de canário-da-terra (*Sicalis flaveola*) estudados.

Em um trabalho realizado na Polônia, Nowakiewicz et al. (2013) coletaram fezes de diversos animais e os resultados obtidos foram que 2,5% (7/286) de *V. vulpes* tinham *Salmonella*, assim como 9,2% (6/65) de *M. foina* e 2,9% (2/70)

de *P. lotor*. O sorotipo Typhimurium foi identificado entre os isolados das três espécies. Sanno et al. (2014) isolaram *Salmonella* e *Y. enterocolitica* de tonsilas, linfonodos ileoceais e fezes de javalis de vida livre (*S. scrofa*), 41% (36/88) foram positivos para um ou mais patógenos ao mesmo tempo. Eles ressaltam o risco de infecção das pessoas ao consumirem carne contaminada com patógenos, uma vez que estes animais são amplamente utilizados para a alimentação.

Salmonella spp. foi isolada, entre 1969 e 2000, na Noruega, de 470 aves pertencentes a 26 espécies diferentes. Foram positivos para *Salmonella* 79,6% (195/242) de *Pyrrhula pyrrhula*, 80,3% (57/71) de *Carduelis chloris*, 75,4% (52/69) de *Carduelis spirus*, 78% (32/41) de *Carduelis flammea*, 22,6% (7/31) de *P. domesticus*, 6,9% (6/87) de *Parus major*, 21,4% (3/14) de *Cyanister caeruleus*, 14,3% (2/15) de *Emberiza citrinella*, 9,5% (2/21) de *Fringilla coelebs*, 50% (3/6) de *Passer montanus*, 6,3% (1/16) de *Fringilla montefringilla*, 50% (1/2) de *Coccothraustes coccothraustes* e 12,5% (1/8) de *Poecile montanus*. A grande maioria dos casos ocorreu em passeriformes, representando 14 espécies e compreendendo 94% do material total. Os casos restantes (n=29) ocorreram em 12 espécies de gaivotas, aves aquáticas, aves de rapina, pombas e corvos. Em todos os casos, *S. Typhimurium* foi encontrada, exceto em um *C. corone*, do qual foi isolado *S. Paratyphi B* var. Java. Este achado indica fortemente que o sorovar Typhimurium está endemicamente presente na fauna aviária da Noruega. Outra pesquisa (Refsum et al., 2002) realizada no mesmo local, mostrou que as gaivotas e os corvos podem atuar como portadores saudáveis de uma ampla gama de sorovares de *Salmonella*.

Smith et al. (2002) analisaram 212 amostras fecais de mamíferos e aves marinhas, além de aves de rapina. *Salmonella* dos sorotipos Johannesburg, Montevideo, Newport, Ohio, São Paulo e Enteritidis foi isolada de nove amostras. As amostras positivas foram 10,5% (2/19) de *Circus cyaneus*, 6,3% (2/32) de *Larus occidentalis*, 13,6% (3/22) de *Zalophus californianus*, 3,2% (1/31) de *Mirounga angustirostris* e 3,3% (1/30) de *Enhydra lutris*. Estes autores afirmaram que muitas espécies animais transportam *Salmonella*, incluindo mamíferos, répteis e humanos em todos os continentes. As mesmas cepas de *Salmonella* foram isoladas de seres humanos e animais

silvestres, sugerindo que a vida selvagem pode servir como reservatório de salmonelose que pode acometer humanos. Estresse, como doença concomitante, podem aumentar a suscetibilidade dos animais à infecção ou podem resultar em recrudescência da eliminação de *Salmonella* em portadores (Dias et al., 2014).

Um trabalho realizado por Handeland et al. (2002) avaliou amostras de fezes de *Erinaceus europaeus* de vida livre, na Noruega, e 22,8% (73/320) das amostras foram positivas para *Salmonella* Typhimurium, sorotipo também isolado em surtos em humanos que ocorreram na mesma região. Todos os isolados, tanto de ouriços quanto de humanos, tinham o mesmo perfil molecular. Essas descobertas apoiam fortemente sugestões anteriores de que surtos humanos ocorridos na mesma época tiveram origem em ouriços infectados que haviam contaminado o ambiente ao ar livre. Segundo Refsum et al. (2002), há fortes evidências de que *Salmonella* Typhimurium estabeleceu reservatórios em aves selvagens e ouriços na Noruega. Os locais de disseminação dos ouriços podem servir como locais de transmissão de *Salmonella* para o meio ambiente e para outros animais, sejam de vida livre ou não.

Kirk et al. (2002) capturaram aves que se encontravam no entorno de laticínios na Califórnia. Embora todos os animais aparentassem estar saudáveis, foram positivos para *Salmonella* 3,1% (14/451) dos *P. domesticus*, 1,6% (1/61) dos *Carpodacus mexicanus*, 1,3% (1/80) dos *Sturnus vulgaris*, 1,3% (1/78) dos *Agelaius phoeniceus*, 2,3% (1/44) dos *Euphagus cyanocephalus*, 3,2% (3/95) dos *Molothrus ater* e 1,2% (1/83) dos *C. livia*. Os sorotipos identificados foram Meleagridis, Montevideo, Muenster e Typhimurium. Estes autores afirmaram que a ocorrência de *Salmonella* em aves selvagens geralmente está associada a congregação de pássaros em estações de alimentação livre ou quintal.

Casagrande et al. (2011) analisaram, entre os anos de 2005 e 2006, cadáveres de gambás-de-orelhas-pretas (*Didelphis aurita*) e de gambás-de-orelhas-brancas (*Didelphis albiventris*), e isolaram *Salmonella* de 17% (18/106) e 17,5% (7/40) deles, respectivamente. A maioria dos animais era de vida livre e habitavam áreas de mata pequena ou parques próximos à população humana. O isolamento foi feito das amostras obtidas diretamente dos intestinos dos animais,

constatando que estes animais além de portadores também estavam eliminando o agente no meio ambiente. Os autores afirmaram que os gambás são extremamente adaptáveis aos mais diferentes ambientes, como florestas e em meio à civilização humana. São nômades, percorrem longas distâncias e permanecem em uma área por períodos relativamente curtos, facilitando, assim, a disseminação de patógenos. Como os animais não apresentavam lesões nos intestinos, pode-se considerar que os gambás são reservatórios dessa bactéria na natureza.

Kapperud e Rosef (1983), analisando fezes de aves, observaram que 0,9% (5/540) apresentavam *Y. enterocolitica* e 0,7% (4/540) *Salmonella*, sendo 50% Typhimurium, 25% Indiana e 25% Djugu. Todos os animais estavam aparentemente sadios quando capturados. Foram positivos 7% (3/43) de *Larus argentatus* e 25% (1/4) de *Larus marinus*, para *Salmonella*, além de 2,3% (2/88) de *L. ridibundus* que foram positivos para ambos micro-organismos, e 16,7% (2/12) de *Aegolius funereus*, 20% (1/5) de *Emberiza schoeniclus* e 2,8% (1/36) de *Sterna hirundo*, que foram positivos para *Y. enterocolitica*. Segundo esses autores, hábitos de alimentação relacionados com lixo e esgoto aumentam o risco de infecção para os micro-organismos patogênicos.

Segundo Bancercz-Kisiel et al. (2017) a epidemiologia das infecções de *Y. enterocolitica* é complexa e não é totalmente elucidada, porque o patógeno coloniza *habitats* terrestres e aquáticos e várias espécies de animais. Joutsen et al. (2017) afirmaram que pequenos mamíferos são suspeitos de serem um importante reservatório de *Y. enterocolitica*, mas as evidências ainda são insuficientes.

Platt-Samoraj et al. (2015) afirmaram que os mecanismos da circulação ambiental de *Y. enterocolitica* são complicados e não totalmente conhecidos. A participação de animais silvestres de vida livre na disseminação de *Y. enterocolitica* no meio ambiente não pode ser excluída. Esses autores coletaram amostras de fezes e amídalas de *Castor fiber*. Todos os animais eram oriundos de caça. Das amostras fecais, 16,7% (4/24) foram positivas e, das amídalas, 8,3% (1/12).

Oda et al. (2015) capturaram roedores silvestres no Japão, de 2003 a 2008, de oito espécies diferentes e analisaram os conteúdos intestinais. *Y. enterocolitica* foi isolada de 15,7% (88/560) dos animais capturados, de três espécies, *Apodemus speciosus*, *A. argenteus* e *Myodes*

rufocanus bedfordiae. Já, Arrausi-Subiza et al. (2016), estudando javalis de vida livre (*S. scrofa*) no norte da Espanha, através de soro e tonsilas, encontraram 33,3% (168/505) das amostras positivas para *Y. enterocolitica*. Segundo os autores, a maior prevalência de positividade foi nos animais coletados durante o período de inverno, uma vez que eles ficam mais agrupados e a infecção entre o bando foi maior. Nowakiewicz et al. (2013), na Polônia, isolaram *Y. enterocolitica* em 2,1% (6/286) de *V. vulpes*, 3,1% (2/65) *M. foinea* e 2,9% (2/70) de *P. lotor*.

Kaneco e Hashimoto (1981) coletaram, no Japão, amostras de íleo e ceco de pequenos animais selvagens e isolaram *Y. enterocolitica* de 1,3% (3/238) dos *Apodemus speciosus*, 4,6% (3/65) dos *Apodemus argenteus*, 5,7% (10/176) dos *Clethrionomys rufocanus bedfordiae* e 100% (5/5) dos *Clethrionomys rutilus*. Também foi coletado conteúdo do íleo e fígado de *V. vulpes* e 2,6% (1/38) foram positivas.

Shayegani et al. (1986) examinaram 1.426 animais em Nova York, e os resultados foram que 8,9% (19/213) dos *P. lotor* estudados foram positivos para *Y. enterocolitica*, também 18,6% (27/145) dos *Odocoileus virginianus*, 11,7% (9/76) dos *Yrocyon cinereoargenteus*, 5% (3/60) dos *Ondatra zibethicus*, 13,6% (8/59) dos *V. vulpes*, 10,2% (5/49) dos *Mephitis mephitis*, 4% (1/25) dos *Marmota monax*, 11,8% (2/17) dos *Sciurus caroliensis*, 6,3% (1/16) dos *Castor canadenses*, 25% (3/12) dos gambás-de-orelhas-pretas (*Didephis marsupialis*), 12,5% (1/8) dos *Ursus americanos*, 12,5% (1/8) dos *Erithizon dorsatum* e 100% (1/1) de um roedor não identificado. Embora nenhum destes isolados tenha sido epidemiologicamente ligado a infecções humanas, os achados sugerem que a vida silvestre pode, ocasionalmente, ser uma fonte de infecção de *Y. enterocolitica*.

De outubro de 2007 a março de 2008, Fredriksson-Ahomaa et al. (2009) coletaram fezes e amídalas de javalis de vida livre (*S. scrofa*) na Suíça e 9% (13/145) dos animais foram positivos para *Y. enterocolitica*. Este estudo mostrou que os javalis podem ser reservatórios importantes para este micro-organismo. O isolamento foi maior em fêmeas do que em machos, porque as fêmeas vivem em bandos e os machos, por viverem sozinhos, têm menos contato com outros animais. Fredriksson-Ahomaa et al. (2009) afirmaram que *Y. enterocolitica* foi recuperada de diversos tipos de animais, desde animais de fazenda e estimação

domésticos, até silvestres de vida livre e em cativeiro. Nos últimos anos aumentou a população de javalis na Europa, ao mesmo tempo, criação extensiva de suínos domésticos é cada vez mais popular, o que pode aumentar o risco de contato entre javalis e suínos domésticos e, desse modo, também aumentando o risco de transmissão de *Y. enterocolitica* entre os animais.

Silveira et al. (2018) isolaram *Y. enterocolitica* de 5,5% (4/73) das fezes de animais silvestres alocados em um centro de reabilitação, sendo que foram positivos para este micro-organismo *Turdus rufiventris*, *D. albiventris* e *Pantherophis guttatus*. Segundo Steele et al. (2005), a infecção de animais e humanos por micro-organismos patogênicos em um centro de reabilitação pode ser evitada, já que esses micro-organismos são disseminados, na maioria das vezes, por via fecal-oral. Essa disseminação pode ser reduzida com higiene, manejo e desinfecção adequadas. Objetos utilizados no manejo dos animais, como superfícies, cobertores, esponjas, balanças, luvas, são facilmente esquecidos durante a higienização e podem conter bactérias. Para evitar a multiplicação e disseminação desses patógenos, é recomendado que seja feita higienização regular desses objetos. Diversos fatores podem ocasionar estresse nos animais, levando-os, caso estejam contaminados, a eliminar os micro-organismos patogênicos nas fezes, portanto diminuir o estresse durante o processo de reabilitação auxilia a reduzir o risco de infecção.

Considerações Finais

Os dados levantados nesta revisão mostram que animais silvestres são importantes reservatórios de patógenos e que podem ser fonte potencial de infecção tanto para o ambiente, quanto para as pessoas e outros animais.

Além dos animais silvestres de vida livre, o risco representado pelo agrupamento de animais, mesmo de espécies distintas, como ocorre no tráfico de animais silvestres ou em centros de recuperação de animais silvestres, pode estar aumentado devido à maior facilidade de transmissão. Também o uso de silvestres como *pets* exige monitoração cuidadosa para que estes animais não se tornem disseminadores de micro-organismos patogênicos para quem os manipula.

Referências

Allgayer, M.C.; Oliveira, S.J.; Mottin, V.D.; Loiko, M.R.; Abilleira, F.; Guedes, N.M.R.; Passos,

- D.T.; Weimer, T.A. Isolamento de *Salmonella* Braenderup em arara-azul (*Anodorhynchus hyacinthinus*). **Ciência Rural**, 39(8): 2542-2545, 2009.
- Arrausi-Subiza, M.; Gerrikagoitia, X.; Alvarez, V.; Alvarez, V.; Ibabe, J.C.; Barral, M. Prevalence of *Yersinia enterocolitica* and *Yersinia pseudotuberculosis* in wild boars in the Basque Country, northern Spain. **Acta Veterinaria Scandinavica**, 58(4), 2016.
- Aspis, D.; Baldassi, L.; Germano, P.M.L.; Fedullo, J.D.L.; Passos, E.C.; Gonçalves, M.A. Suscetibilidade *in vitro* a antibióticos de cepas de *Staphylococcus* spp e *Micrococcus* spp isoladas a partir de mucosa oral de macacos-prego (*Cebus apella*) mantidos em cativeiro. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, 40: 83-89, 2003.
- Bancerz-Kisiel, A.; Szczerba-Turek, A.; Platt-Samoraj, A.; Michalczyk, M.; Szwada, W. A study of single nucleotide polymorphism in the *ystB* gene of *Yersinia enterocolitica* strains isolated from various wild animal species. **Annals of Agricultural and Environmental Medicine**, 24(1): 56-61, 2017.
- BRASIL. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis, Coordenação Geral de Doenças Transmissíveis, Unidade de Vigilância das Doenças de Transmissão Hídrica e Alimentar. **Surtos de Doenças Transmitidas por Alimentos no Brasil**. Brasília, 2016.
- Casagrande, R.A.; Lopes, L.F.L.; Reis, E.M.; Rodrigues, D.P.; Matushima, E.R. Isolamento de *Salmonella enterica* em gambás (*Didelphis aurita* e *Didelphis albiventris*) do Estado de São Paulo, Brasil. **Ciência Rural**, 41(3): 492-496, 2011.
- Center for Disease Control and Prevention (CDC). **Surveillance for Foodborne Disease Outbreaks United States, 1015: Annual report**. Atlanta, Georgia: US Department of Health and Human Services, CDC, 2017a.
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). **Foodborne germs and illnesses**. 2017. Disponível em: <<https://www.cdc.gov/foodsafety/foodborne-germs.html>>. Acesso em: 26 jun. 2017b.
- Chomel, B.B.; Belotto, A.; Meslin, F.X. Wildlife, exotic pets and emerging zoonoses. **Emerging Infectious Diseases**, 13(1): 6-11, 2007.
- Dias, P.A.; Wilsman, D.E.; Heinen, J.G.; Corsini, C.D.; Calabuig, C.; Timm, C.D. Primeiro relato de *Salmonella enterica* e *Campylobacter* spp. isolados de garibaldi (*Chrysomius ruficapillus*) e canário-da-terra (*Sicalis flaveola*) silvestres. **Revista do Instituto Adolfo Lutz**, 73(4): 368-371, 2014.
- Fenlon, D.R. Wild birds and silage as reservoirs of *Listeria* in the agricultural environment. **Journal of Applied Bacteriology**, 59: 537-543, 1985.
- Ferreria, D.R.A.; Santos, A.S.; Wagner, P.G.C.; Reis, E.M.F.; Júnior, J.W.P.; Porto, W.J.N.; Silva, L.B.G.; Rego, E.W.; Mota, R.A. Ocorrência de *Salmonella* spp. em *Cebus* spp. mantidos em Centros de Triagem de Animais Silvestres no Nordeste do Brasil. **Revista Biotemas**, 25(2): 181-186, 2012.
- Fredriksson-Ahomaa, M.; Wacheck, S.; Koenig, M.; Stolle, A.; Stephan, R. Prevalence of pathogenic *Yersinia enterocolitica* and *Yersinia pseudotuberculosis* in wild boars in Switzerland. **International Journal of Food Microbiology**, 135: 199-202, 2009.
- Handeland, K.; Refsum, T.; Johansen, B.S.; Holstad, G.; Knutsen, G.; Solberg, I.; Schulze, J.; Kapperud, G. Prevalence of *Salmonella* Typhimurium infection in Norwegian hedgehog populations associated with two human disease outbreaks. **Epidemiology & Infection**, 128: 523-527, 2002.
- Hellström, S.; Kiviniemi, K.; Autio, T.; Korkeala, H. *Listeria monocytogenes* is common in wild birds in Helsinki region and genotypes are frequently similar with those found along the food chain. **Journal of Applied Microbiology**, 104: 883-888, 2007.
- Hubálek, Z. An annotated checklist of pathogenic microorganisms associated with migratory birds. **Journal of wildlife diseases**, 40(4): 639-659, 2004.
- Kapperud, G.; Rosef, O. Avian wildlife reservoir of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni*, *Yersinia* spp.; and *Salmonella* spp. in Norway. **Applied and Environmental Microbiology**, 45(2): 375-380, 1983.
- Kaneko, K.; Hashimoto, N. Occurrence of *Yersinia enterocolitica* in wild animals. **Applied and Environmental Microbiology**, 41(3): 635-638, 1981.
- Kirk, J.H.; Holmberg, C.A.; Jeffrey, J. S. Prevalence of *Salmonella* spp in selected birds captured on California dairies. **Journal of the**

- American Veterinary Medical Association**, 220(3): 359-362, 2002.
- Kruse, H.; Kirkemo, A. M.; Handeland, K. Wildlife as source of zoonotic infections. **Emerging Infectious Diseases**, 10(12): 2067-2072, 2004.
- Joutsen, S.; Laukkanen-Ninios, R.; Henttonen, H.; Niemimaa, J.; Voutilainen, L.; Hallio, E.R.; Helle, H.; Korkeala, H.; Fredriksson-Ahomaa, M. *Yersinia* spp. in wild rodents and shrews in Finland. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**: 01-09, 2017.
- Lyautey, E.; Hartmann, A.; Pagotto, F.; Tyler K.; Lapen, D.R.; Wilkes, G.; Piveteau, P.; Rieu, A.; Robertson, W.J.; Medeiros, D.T.; Edge, T.A.; Gannon, B.; Topp, E. Characteristics and frequency of detection of fecal *Listeria monocytogenes* shed by livestock, wildlife, and humans. **Canadian Journal of Microbiology**, 53: 1158-1167, 2007.
- Nowakiewicz, A.; Ziółkowska, G.; Zieba, P.; Gnat, S.; Wojtanowicz-Markiewicz, K.; Troscianczyk, A. Coagulase-positive *Staphylococcus* isolated from wildlife: Identification, molecular characterization and evaluation of resistance profiles with focus on a methicillin-resistant strain. **Comparative Immunology, Microbiology & Infectious Diseases**, 4: 21-28, 2013.
- Nowakiewicz, A.; Zieba, P.; Ziółkowska, G.; Gnat, S.; Musznska, M.; Tomczuk, K.; Dziedzic, B.M.; Ulbrych, L.; Troscianczyk A. Free-Living species of carnivorous mammals in Poland: red fox, beech marten, and raccoon as a potential reservoir of *Salmonella*, *Yersinia*, *Listeria* spp. and coagulase-positive *Staphylococcus*. **PLoS ONE**, 11(5): 1-16, 2015.
- Nunes, O.C.; Oliveira, E.D.; Laborda, S.S.; Hohlenwerger, J.C.; Neto, M.M.; Franke, C.R. Isolamento e identificação de *Salmonella* sp. de jabutis-piranga (*Chelonoidis carbonaria*) oriundos do tráfico de animais silvestres. **Ciência Animal Brasileira**, 11(1): 168-173, 2010.
- Oda, S.; Kabeya, H.; Sato, S.; Shimonagane, A.; Inoue, K.; Hayashidani, H.; Takada, N.; Fujita, Kawabata, H.; Maruyama, S. Isolation of Pathogenic *Yersinia enterocolitica* 1B/O:8 from *Apodemus* mice in Japan. **Journal of Wildlife Diseases**, 51(1): 260-264, 2015.
- Platt-Samoraj, A.; Syczyło, K.; Bancercz-Kisiel, A.; Szczerba-Turek, A.; Giżewska, A.; Szweda, W. *Yersinia enterocolitica* strains isolated from beavers (*Castor fiber*). **Polish Journal of Veterinary Sciences**, 18(2): 449-451, 2015.
- Refsum, T.; Handeland, K.; Baggesen, D.L.; Holstad, G.; Kapperud, G. Salmonellae in avian wildlife in Norway from 1969 to 2000. **Applied and Environmental Microbiology**, 68(11): 5595-5599, 2002.
- Sanno, A.; Aspán, A.; Hestvik, G.; Jacobson, M. Presence of *Salmonella* spp., *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia pseudotuberculosis* and *Escherichia coli* O157:H7 in wild boars. **Epidemiology & Infection**, 142: 2542-2547, 2014.
- Seinige, D.; Von Altrock, A.; Kehrenberg, C. Genetic diversity and antibiotic susceptibility of *Staphylococcus aureus* isolates from wild boars. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, 54: 7-12, 2017.
- Shayegani, M.; Stone, W.B.; DeForge, I.; Root, T.; Parsons, L.M.; Maupin, P. *Yersinia enterocolitica* and related species isolated from wildlife in New York State. **Applied and Environmental Microbiology**, 52(3): 420-424, 1986.
- Silva, A.M.; Marvulo, M.F.V.; Mota, R.A.; Silva, J.C.R. A importância da ordem Ciconiiformes na cadeia epidemiológica de *Salmonella* spp. para a saúde pública e a conservação da diversidade biológica. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, 30(7): 573-580, 2010.
- Silveira D.R.; Milan C.; Ferrasso, M.M.; Dias, P.A.; Moraes, T.P.; Bandarra, P.M.; Minello, L.F.; Timm C.D. *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli*, *Salmonella* spp and *Yersinia enterocolitica* isolated from wild life animals from a rehabilitation center. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, 38(9): 1838-1843, 2018.
- Skov, M.N.; Madsen, J. J.; Rahbek, C.; Lodal, J.; Jespersen, J. B.; Jorgensen, J. C.; Dietz, H. H.; Chriél, M.; Baggesen, D. L. Transmission of *Salmonella* between wildlife and meat-production animals in Denmark. **Journal of Applied Microbiology**, 105: 1558-1568, 2008.
- Smith, W.A.; Mazet, J.A.; Hirsh, D.C. *Salmonella* in California wildlife species: prevalence in rehabilitation centers and characterization of isolates. **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, 33(3): 228-235, 2002.

- Steele, C.M.; Brown, R.N.; Botzler, R. G. Prevalences of zoonotic bacteria among seabirds in rehabilitation centers along the Pacific Coast of California and Washington, USA. **Journal of Wildlife Diseases**, 41(4): 735-744, 2005.
- Thapaliya, D.; Dalman, M.; Kadariya, J.; Little, K.; Mansell, V.; Taha, M.Y.; Grenier, D.; Smith, T.C. Characterization of *Staphylococcus aureus* in Goose Feces from State Parks in Northeast Ohio. **EcoHealth**, 14: 303-309, 2017.
- Wang, Y.; Lu, L.; Lan, R.; Salazar, J.K.; Liu, J.; Xu, J.; Ye, C. Isolation and characterization of *Listeria* species from rodents in natural environments in China. **Emerging Microbes & Infectious**, 6(1): 1-6, 2017.
- Weinde, L.; Frank, E.; Ullrich, U.; Heurich, M.; Kleta, S.; Ellerbroek, L.; Gareis, M. *Listeria monocytogenes* in different specimens from healthy red deer and wild boars. **Foodborne Pathogens and Disease**, 13(7): 391-397, 2016.
- Yoshida, T.; Sugimoto, T.; Sato, M.; Hirai, K. Incidence of *Listeria monocytogenes* in wild animals in Japan. **Journal of Veterinary Medical Science**, 62(6): 673-675, 2000.