Imunologia & Doenças Infecciosas e Parasitárias

EDIÇÃO X

Capítulo 13

SALMONELOSE AVIÁRIA POR SOROVARES ADAPTADOS: DESAFIOS EPIDEMIOLÓGICOS E SANITÁRIOS







ANA LUIZA FERREIRA MACHADO[1]
KENNEDY CERES SOUSA LIMA[1]
ARTHUR MASAHARU DA NÓBREGA BATISTA[1]
MATEUS MARQUES DO NASCIMENTO[1]
MIRIÃ MAMEDE NORONHA DE SOUZA[2]
INGRID LISBOA DUTRA[1]
GABRIELA CRISTINA DE OLIVEIRA GOUVEIA[3]
FELIX ANTONIO MARTINS DE ARAÚJO SOUSA[3]
ANTONIO ERINALDO DE LIMA[1]
MURILO YWSK DA SILVA BORGES[1]
WANDERSON MIGUEL DA SILVA[1]
AYONNA SAVANA FERNANDES LINHARES[1]
ALANA AGUDELO DE CARVALHO[1]
ROBERTA CRISTINA DA ROCHA-E-SILVA[4]
VITÓRIA VIVIANE FERREIRA DE AQUINO[4]

1. Discente – Medicina Veterinária da Universidade Federal de Campina Grande.
2. Discente – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Saúde Animal – Universidade Federal de Campina Grande.
3. Discente – Medicina Veterinária do Centro Universitário de João Pessoa – UNIPÊ.
4. Docente – Unidade Acadêmica de Medicina Veterinária da Universidade Federal de Campina Grande.

Palavras-chave: *Resistência Antimicrobiana; Salmonella enterica; Sanidade Avícola.*

DOI 10.59290/0018292021

EDITORA PASTEUR

INTRODUÇÃO

Na Indonésia, *Salmonella gallinarum* (1,5%) e *Salmonella pullorum* (2,7%) persistem em carnes pré-abate mesmo em fazendas integradas com vacinação e biosseguridade nível 3, indicando falhas críticas na descontaminação terminal durante evisceração e refrigeração. Esses patógenos sobrevivem ao processo frigorífico por formar biofilmes resistentes em mesas de corte e esteiras transportadoras, comprometendo toda a cadeia alimentar exportadora que abastece mercados halal do sudeste asiático (JULIANINGSIH *et al.*, 2024).

Isolados chineses de *Salmonella pullorum* revelam 95% de resistência antimicrobiana com 33% multirresistentes, propagando-se clonalmente por rotas de incubadoras entre províncias de alta densidade avícola. A disseminação ocorre principalmente por ovos chocos contaminados vendidos em mercados informais, criando reservatórios crônicos que desafiam programas nacionais de erradicação baseados em sorologia tradicional (CUI *et al.*, 2024).

Estudos de caracterização de isolados de Salmonella em frangos de criação também relatam elevada diversidade sorotípica, incluindo prevalência significativa de *Salmonella pullorum* e *Salmonella gallinarum*, e altos níveis de resistência a antibióticos como ampicilina e tetraciclina, o que reforça os desafios atuais de vigilância e controle desses patógenos em sistemas de produção intensiva (WANG *et al.*, 2020).

O objetivo deste estudo foi realizar uma revisão bibliográfica da salmonelose com ênfase em sua epidemiologia, abordando sua patogenia, sinais clínicos, transmissão, medidas de controle e prevenção.

MÉTODO

Este estudo consistiu em uma revisão narrativa estruturada da literatura, conduzida com o objetivo de sintetizar evidências científicas recentes e clássicas sobre a salmonelose aviária, com ênfase nos sorovares *Salmonella gallinarum* e *Salmonella pullorum*.

As buscas bibliográficas foram realizadas nas bases de dados PubMed, Scopus, *Web of Science*, *ScienceDirect*, SciELO e *Google Scholar*, no período de setembro a dezembro de 2025. Foram utilizadas combinações dos descritores em português e inglês: "*Salmonella enterica*", "*Salmonella gallinarum*", "*Salmonella pullorum*", "*avian salmonellosis*", "*pathogenesis*", "*epidemiology*", "*transmission*", "*diagnosis*", "*antimicrobial resistance*", "*control*" e "*prevention*", aplicando operadores booleanos *AND* e *OR* de acordo com a sintaxe de cada base.

A triagem dos estudos foi realizada em três etapas sucessivas, iniciando-se pela leitura dos títulos, seguida da análise dos resumos e, por fim, pela avaliação do texto completo dos artigos considerados potencialmente elegíveis.

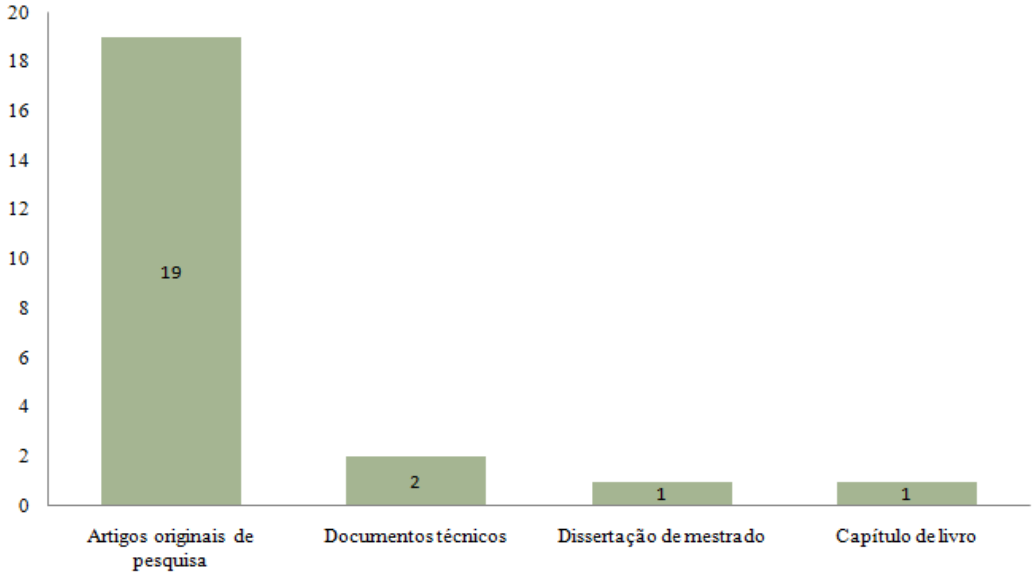
Foram incluídos estudos originais que abordassem aspectos etiológicos, genômicos, epidemiológicos, patogênicos, clínicos, diagnósticos ou de controle da salmonelose em aves domésticas, publicados preferencialmente entre 2020 e 2025, sem restrição de país de origem. Trabalhos clássicos anteriores foram incorporados quando necessários para fundamentação conceitual.

Foram excluídos artigos de revisão, relatos sem dados primários, publicações duplicadas, estudos sem acesso ao texto completo e trabalhos cuja metodologia não permitisse a adequada avaliação da qualidade dos dados.

Ao final, foram selecionados 19 artigos originais de pesquisa, dois documentos técnicos, uma dissertação de mestrado e um capítulo de livro. Os estudos selecionados foram analisados de forma qualitativa e integrativa, com extração

das informações relevantes sobre sorovares envolvidos, mecanismos de patogenicidade, padrões epidemiológicos, resistência antimicrobiana, métodos diagnósticos e estratégias de controle. A síntese dos dados foi realizada de maneira descritiva, buscando integrar achados moleculares, clínicos e sanitários em uma perspectiva aplicada à avicultura e à saúde única. A **Figura 13.1** representa a distribuição quantitativa dos tipos de estudos incluídos para a revisão.

Figura 13.1 Número de fontes bibliográficas incluídas na revisão, considerando o tipo de publicação



RESULTADOS E DISCUSSÃO

Agente etiológico

Salmonella enterica, principal patógeno da família Enterobacteriaceae, prospera em condições aeróbias e anaeróbias graças à sua membrana externa com lipopolissacarídeos (LPS), essenciais para aderir e invadir células epiteliais de aves (MOREAU *et al.*, 2025).

O pangenoma de *Salmonella enterica* abriga milhares de proteínas de virulência organizadas em ilhas genéticas móveis, permitindo adaptação rápida a nichos específicos como o trato aviário (MEDVEDEV *et al.*, 2024).

As salmonelas apresentam três tipos principais de antígenos: o antígeno H, associado aos flagelos; o antígeno O, localizado na superfície da célula; e o antígeno Vi, de natureza capsular, que ocorre apenas em alguns sorovares. A combinação desses antígenos é utilizada para classificar e diferenciar as salmonelas em sorotipos distintos (BIO-RAD LABORATORIES, 2024).

Epidemiologia

A dinâmica epidemiológica varia conforme o sorovar predominante. Sorovares altamente adaptados, como *Salmonella pullorum,* estabelecem reservatórios ovarianos crônicos com transmissão transovariana elevada, comprometendo toda a pirâmide reprodutiva. Já *Salmonella enteritidis* e *Salmonella typhimurium*, de amplo espectro hospedeiro, disseminam-se via cadeia alimentar (ração com farinha de carne contaminada) e contato ambiental, gerando surtos autolimitados porém economicamente devastadores (BERCHIERI JÚNIOR & FREITAS NETO, 2009).

Variações regionais revelam altas prevalências de *Salmonella* na Ásia Central e no Paquistão em granjas integradas e criações de quintal,

com isolamentos frequentes em fezes, vísceras e carnes, contrastando com surtos em poedeiras colombianas e bandos parentais austríacos, onde perfis genéticos distintos sinalizam adaptações locais (CHACÓN *et al.*, 2023; MATOS *et al.*, 2021; WAHEED *et al.*, 2025; WANG *et al.*, 2020).

Em incubatórios chineses de frangos de penas amarelas, a *Salmonella* aparece em 11,3% das etapas produtivas, com *S. pullorum* dominando 94% dos casos, especialmente na incubação. Ademais, análises genéticas indicam contaminações ambientais ligadas a ovos e pintinhos, exigindo barreiras em toda a cadeia (WU *et al.*, 2025).

Hospedeiros

Análises genômicas comparativas identificaram genes compartilhados entre as *Salmonella pullorum* e *Salmonella gallinarum* que promovem persistência em galináceos, concentrados em ilhas de patogenicidade específicas do hospedeiro aviário (VAID *et al.*, 2021).

A suscetibilidade das aves a *Salmonella pullorum* depende de genes hospedeiros e da microbiota intestinal, pois sobreviventes mantêm equilíbrio microbiano estável, enquanto falecidos mostram proliferação de gêneros como *Lactobacillus* e *Klebsiella*, complicando a imunidade. Esses achados reforçam que a interação entre o patógeno e o hospedeiro é um processo complexo, que vai além da simples resposta imunológica e envolve fatores genéticos e ecológicos que moldam o curso da infecção (DING *et al.*, 2025).

Na Colômbia, genomas de *Salmonella gallinarum* de surtos em poedeiras comerciais exibem ilhas de virulência e genes de resistência variáveis por região, demandando genotipagem para rastrear adaptações locais e melhorar o controle (CHACÓN *et al.*, 2023).

Sinais clínicos

Galinhas com infecção sistêmica por *Salmonella gallinarum* exibem depressão geral, plumagem arrepiada e fezes esverdeadas, sinais clássicos documentados em modelos experimentais (OJIMA *et al.*, 2021).

Em contraste com a apresentação clássica, surtos europeus revelaram facetas neurológicas atípicas de *Salmonella pullorum*, com tremores, torcicolo e ataxia em 18% dos afetados. Tais sinais, ausentes em linhagens asiáticas e africanas, sugerem tropismo nervoso específico de clones bacterianos europeus, possivelmente relacionado à pseudocápsula Vi, expressa diferencialmente sob estresse térmico. Tal variabilidade fenotípica complica diagnósticos diferenciais com Newcastle e Marek em pintinhos de 7 a 14 dias (MATOS *et al.*, 2021).

Transmissão

Aves sinantrópicas (como pombos) e gambás atuam como vetores epidemiológicos críticos no Brasil. Em regiões de avicultura intensiva como o agreste nordestino, columbídeos alimentam-se em comedouros externos e depositam *Salmonella*, que permanece viável em bebedouros, criando ponto crítico de entrada. Isolados dessas aves urbanas, apresentam perfis genéticos idênticos às linhagens humanas, confirmando ciclo interespécies (VERGARA *et al.*, 2025).

Esta interface silvestre-doméstica explica surtos recorrentes em granjas "blindadas", demandando barreiras duplas, como telas e repelentes, e monitoramento ambiental semanal de fezes de pombos ao redor dos planteis (BERCHIERI JÚNIOR & FREITAS NETO, 2009).

Patogenia

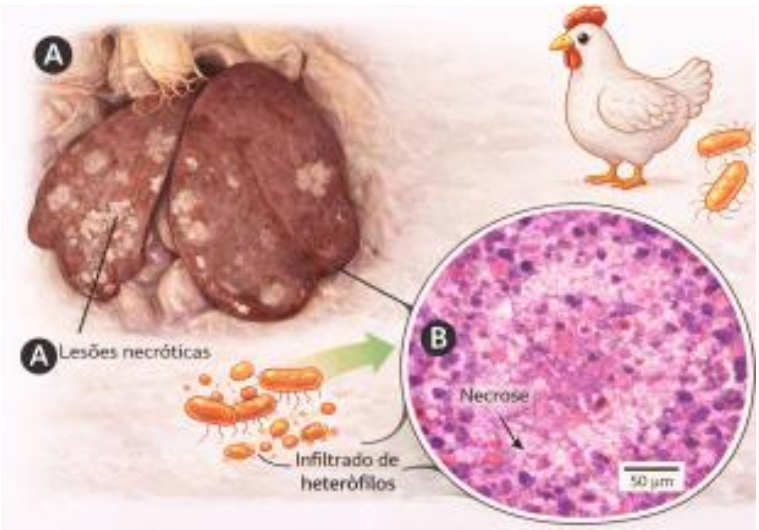
A colonização inicial por *Salmonella enterica* ocorre na mucosa entérica via SPI-1, sistema de secreção que media adesão ativa e inva-

são de enterócitos em frangos (PICO-RODRÍGUEZ *et al.*, 2024).

Salmonella gallinarum ativa SPI-13/14 e mig-14 durante infecções sistêmicas, além de vias metabólicas únicas de ascorbato que favorecem sobrevivência intracelular em macrófagos aviários (FEI *et al.*, 2023).

Lesões hepáticas, evidenciadas na **Figura 13.2**, constituem o marcador patognomônico da septicemia por *Salmonella gallinarum* e *Salmonella pullorum*, como hepatomegalia difusa com coloração verde-amarelada e múltiplos focos necróticos esbranquiçados de 1 a 3 mm no parênquima, cuja tonalidade biliverdínica resulta de falência hepatocelular aguda por endotoxinas liberadas em macrófagos de Kupffer saturados, enquanto necroses multifocais decorrem de microtromboses vasculares. Microscopicamente, infiltrados mononucleares perinecróticos com hepatócitos vacuolizados confirmam agressão hepatotrópica característica, diferenciando de colangio-hepatites virais por ausência de inclusões intranucleares (HU *et al.*, 2024; OJIMA *et al.*, 2021).

Figura 13.2 Achados patológicos característicos da salmonelose aviária por sorovares adaptados ao hospedeiro aviário



Legenda: (A) Fígado de ave com hepatomegalia e múltiplos focos necróticos esbranquiçados, compatíveis com septicemia por *Salmonella* spp.; (B) Corte histológico do parênquima hepático evidenciando áreas de necrose associadas a intenso infiltrado de heterófilos. **Fonte**: OJIMA *et al.*, 2021.

Diagnóstico

A vigilância epidemiológica ativa integra diagnóstico multissetorial desde achados lesacionais característicos em necropsias de campo, cultura bacteriana confirmatória em meios termo-tolerantes (XLD-Rappaport) e perfil sorológico populacional via ELISA de grupo. No contexto brasileiro, a sensibilidade diagnóstica atinge 89% combinando necropsia e cultura, elevando-se a 97% com PCR adjunta para invA/spiC em surtos agudos (LOUREIRO, 2023; WAHEED *et al.*, 2025).

A cultura em XLD confirma sorovares em 3 a 5 dias como padrão-ouro, complementada por ELISA para portadores assintomáticos e PCR rápida para emergências (LOUREIRO, 2023; WAHEED *et al.*, 2025). Já os testes sorológicos, especialmente ELISA indireto, revolucionaram a triagem em abatedouros e planteis comerciais por detectar IgY pós-aguda, o que é crucial para identificar portadores assintomáticos que disseminam o patógeno após recuperação clínica. Validado em condições brasileiras,

este método atinge sensibilidade de 92% na janela sorológica entre 21 e 42 dias pós-infecção, permitindo intervenção rápida em lotes de risco (COELHO *et al.*, 2020; LOUREIRO, 2023). Finalmente, a PCR em tempo real oferece especificidade molecular em poucas horas, ideal para surtos agudos ou confirmação de sorovares adaptados, embora seu alto custo limite aplicação rotineira no Brasil (LOUREIRO, 2023; WAHEED *et al.*, 2025).

Controle e prevenção

O controle sanitário em três frentes hierarquizadas define o Programa Nacional de Sanidade Avícola. No fluxo primário, barreiras sanitárias externas estabelecem zona de exclusão de 500 metros com cerca elétrica, vestiários duplos com chuveiro forçado e esteiras desinfetantes obrigatórias para rodoviários. Tal sistema reduziu introduções de *Salmonella pullorum* em 87% nos planteis certificados do Centro-Oeste (MATO GROSSO DO SUL, 2021).

No fluxo secundário interno, o manejo operacional segue princípios de entrada total e saída total com vazio sanitário de 21 dias entre lotes, compostagem termofílica da cama (60°C/7 dias) e rodízio de bebedouros com sanificação por hipoclorito. Testagem sorológica obrigatória às 24 semanas em reprodutoras elimina matrizes soropositivas antes da postura comercial, cortando a transmissão vertical em 98% dos casos. Eutanásia humanitária (com gás carbônico em câmara) aplica-se a lotes com mortalidade superior a 2% em 72 horas (LOUREIRO, 2023; MATO GROSSO DO SUL, 2021).

A detecção precoce de aves infectadas é necessária para interromper a transmissão de *Salmonella pullorum*, especialmente porque aves assintomáticas podem permanecer no plantel sem serem identificadas. Diante dessa limitação dos métodos convencionais, foi desenvolvido um ensaio baseado em qPCR capaz de detectar o patógeno em fezes e *swabs* em aproximadamente 90 minutos, alcançando cerca de 80% de identificação nas três primeiras semanas de infecção, período em que os métodos de cultura deixam de detectar aproximadamente 77% das aves assintomáticas. Inicialmente, realiza-se uma triagem por ELISA em grupos de até 30 aves, seguida da confirmação por qPCR apenas nos indivíduos reagentes, o que permite atingir cerca de 92% de acurácia quando aplicado a amostras de fezes, sangue e *swabs* vaginais. A aplicação do protocolo possibilitou a remoção de aves portadoras antes da contaminação dos ovos, reduzindo em aproximadamente 87% a transmissão vertical (WANG *et al.*, 2025).

A gestão de carcaças segue fluxo sanitário específico aprovado pelo MAPA. Aves mortas seguem dupla contenção, com sacos plásticos duplos e desinfetante fenólico, para incineração centralizada ou aterro técnico com camada argilosa impermeável. Biosseguridade terciária inclui vacinação avinizada em avós após cerca de 7 a 10 dias e quimioprofilaxia direcionada por antibiograma nos primeiros 7 dias de incubação. Protocolos IAGRO-MS conseguiram reduzir a prevalência de *Salmonella* Gallinarum em Mato Grosso do Sul entre 2016 e 2024 (LOUREIRO, 2023; MATO GROSSO DO SUL, 2021; XU *et al.*, 2020).

CONCLUSÃO

A salmonelose aviária por sorovares *Salmonella gallinarum* e *Salmonella pullorum* mantém-se como desafio persistente na avicultura brasileira, caracterizando-se por infecções sistêmicas graves que afetam principalmente aves jovens e reprodutoras. A capacidade destes patógenos de transmissão vertical através de ovos infectados, aliada à sobrevivência prolongada no ambiente produtivo e ao crescente perfil de

resistência antimicrobiana, complica significativamente os esforços de erradicação. A circulação entre aves domésticas, silvestres e sinantrópicas reforça a complexidade do ciclo epidemiológico em sistemas intensivos.

O diagnóstico diferencial deve integrar necropsia com lesões hepáticas patognomônicas, cultura bacteriana confirmatória e testes sorológicos populacionais para identificar portadores subclínicos. Estratégias de contenção passam necessariamente por biosseguridade estrutural com sistema de entrada total e saída total, vazio sanitário adequado entre lotes e descarte sanitário rigoroso de carcaças, complementados pela vacinação estratégica em matrizes comprovadamente soronegativas.

A superação deste problema sanitário exige articulação efetiva entre produtores, serviços veterinários oficiais e a indústria avícola, sob a perspectiva da Saúde Única. A implementação consistente de protocolos sanitários padronizados, acompanhada do aprimoramento das capacidades diagnósticas regionais, representa o caminho mais viável para a redução progressiva da prevalência e garantia da qualidade sanitária dos produtos avícolas brasileiros.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BERCHIERI JÚNIOR, Â. & FREITAS NETO, O.C. Salmoneloses aviárias. In: BERCHIERI JÚNIOR, Â. *et al.*, editores. Doenças das aves. 2. ed. Campinas: FACTA, 2009.

BIO-RAD LABORATORIES. Bacterial serotyping guide for *Salmonella*. Hercules, CA: Bio-Rad Laboratories, 2024.

CHACÓN, R.D. *et al*. Genomic characterization and genetic profiles of *Salmonella* Gallinarum strains isolated from layers with fowl typhoid in Colombia. Genes, v. 14, p. 823, 2023. doi: 10.3390/genes14040823.

COELHO, L.R. *et al*. Validation of alternative methods of detection of *Salmonella* spp. in experimentally contaminated poultry environmental samples. Brazilian Journal of Poultry Science, v. 23, 2020. doi: 10.1590/1806-9061-2020-1380.

CUI, L. *et al*. Antimicrobial resistance and clonal relationships of *Salmonella enterica* serovar Gallinarum biovar Pullorum strains isolated in China based on whole genome sequencing. BMC Microbiology, v. 24, p. 414, 2024. doi: 10.1186/s12866-024-03296-3.

DING, J. *et al*. The host susceptibility/resistance-related genes and gut microbial characteristics in *Salmonella pullorum*-infected chickens. Microbiology Spectrum, v. 13, e0039224, 2025. doi: 10.1128/spectrum.00392-24.

FEI, X. *et al*. The global transcriptomes of *Salmonella enterica* serovars Gallinarum, Dublin and Enteritidis in the avian host. Microbial Pathogenesis, v. 182, p. 106236, 2023. doi: 10.1016/j.micpath.2023.106236.

HU, Z. *et al*. *Salmonella* pathogenicity island-14 is a critical virulence factor of *Salmonella gallinarum*. Frontiers in Veterinary Science, v. 11, p. 1401392, 2024. doi: 10.3389/fvets.2024.1401392.

JULIANINGSIH, D. *et al*. Identification of *Salmonella enterica* biovars Gallinarum and Pullorum and their antibiotic resistance pattern in integrated crop-livestock farms and poultry meats. Access Microbiology, v. 6, p. 000775, 2024. doi: 10.1099/acmi.0.000775.v6.

LOUREIRO, S.R. Padronização do teste ELISA indireto para o diagnóstico da salmonelose aviária em abatedouro frigorífico no Recôncavo da Bahia [dissertação]. Cruz das Almas: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2023.

MATO GROSSO DO SUL. Agência Estadual de Defesa Sanitária Animal e Vegetal. Salmonelose aviária. Campo Grande: IAGRO, 2021.

MATOS, M. *et al*. An outbreak of Pullorum disease in a young layer parent flock in Austria presented with central nervous system signs. Avian Diseases, v. 65, p. 159, 2021. doi: 10.1637/aviandiseases-D-20-00091.

MEDVEDEV, K.E. *et al*. Structure classification of the proteins from *Salmonella enterica* pangenome revealed novel potential pathogenicity islands. Scientific Reports, v. 14, p. 12260, 2024. doi: 10.1038/s41598-024-60991-x.

MOREAU, M.R. *et al*. Comparative patho-genomics of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis reveal potential host-specific virulence factors. Pathogens, v. 14, p. 128, 2025. doi: 10.3390/pathogens14020128.

OJIMA, S. *et al*. Characteristics of systemic infection and host responses in chickens infected with *Salmonella enterica* serovar Gallinarum biovar Gallinarum. Journal of Veterinary Medical Science, v. 83, p. 1147, 2021. doi: 10.1292/jvms.21-0227.

PICO-RODRÍGUEZ, J.T. *et al*. Effect of *Salmonella* pathogenicity island 1 and 2 (SPI-1 and SPI-2) deletion on intestinal colonization and systemic dissemination in chickens. Veterinary Research Communications, v. 48, p. 49, 2024. doi: 10.1007/s11259-023-10185-z.

VAID, R.K. *et al.* Comparative genome analysis of *Salmonella enterica* serovar Gallinarum biovars Pullorum and Gallinarum decodes strain specific genes. PLoS One, v. 16, e0255612, 2021. doi: 10.1371/journal.pone.0255612.

VERGARA, A. *et al*. Prevalence of *Salmonella* spp. isolated from seagulls and pigeons in Barcelona, Spain and its genetic relatedness with *Salmonella* human clinical isolates. Journal of Infection and Public Health, v. 18, p. 102933, 2025. doi: 10.1016/j.jiph.2025.102933.

WAHEED, N. *et al*. Epidemiology of indigenous strains of avian *Salmonella* in commercial and backyard poultry in District Faisalabad, Pakistan. International Journal of Agriculture and Biology, v. 34, p. 340503, 2025. doi: 0.17957/IJAB/15.2388.

WANG, H. *et al*. Developing a novel TaqMan qPCR assay for optimizing *Salmonella* Pullorum detection in chickens. Veterinary Quarterly, v. 45, 2025. doi: 10.1080/01652176.2025.2454473.

WANG, X. *et al*. Characterization of *Salmonella* spp. isolated from chickens in Central China. BMC Veterinary Research, v. 16, p. 299, 2020. doi: 10.1186/s12917-020-02513-1.

WU, C. *et al*. Prevalence, antimicrobial resistance and phylogenetic analysis of *Salmonella* contamination and transmission in yellow-feathered broiler hatcheries in China. Veterinary and Animal Science, v. 27, p. 100428, 2025. doi: 10.1016/j.vas.2025.100428.

XU, Z. *et al*. Prevalence and antimicrobial resistance of retail-meat-borne *Salmonella* in southern China during the years 2009–2016: the diversity of contamination and the resistance evolution of multidrug-resistant isolates. International Journal of Food Microbiology, v. 333, p. 108790, 2020. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108790.