

UFRRJ
INSTITUTO DE VETERINÁRIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS
VETERINÁRIAS

TESE

**Vigilância e diagnóstico de *Salmonella*
spp. em pisciculturas de peixes redondos
nativos (*Colossoma macropomum*)**

Yuri Duarte Porto

2023



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE VETERINÁRIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS VETERINÁRIAS**

**VIGILÂNCIA E DIAGNÓSTICO DE *Salmonella*
spp. EM PISCICULTURAS DE PEIXES REDONDOS
NATIVOS (*Colossoma macropomum*)**

YURI DUARTE PORTO

Sob a Orientação do Professor

Wagner de Souza Tassinari

e Coorientação da D.Sc

Fabiola Helena dos Santos Fogaça

Tese submetida como requisito parcial
para obtenção do grau de **Doutor em
Ciências**, no Curso de Pós-Graduação
em Ciências Veterinárias.

Seropédica, RJ

Maio de 2023

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Biblioteca Central / Seção de Processamento Técnico

Ficha catalográfica elaborada
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

P839v Porto, Yuri Duarte, 1986-
Vigilância e diagnóstico de Salmonella spp. em pisciculturas de peixes redondos nativos (Colossoma macropomum) / Yuri Duarte Porto. - Rio de Janeiro, 2023.
99 f.: il.

Orientador: Wagner de Souza Tassinari.
Coorientadora: Fabiola Helena dos Santos Fogaça.
Tese(Doutorado). -- Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Programa de Pós-graduação em Ciências Veterinárias, 2023.

1. Ciências Veterinárias. 2. Vigilância Sanitária. 3. Aquicultura. 4. Microbiologia. 5. Microbiologia de Alimentos. I. Tassinari, Wagner de Souza, 09/08/1976 , orient. II. Fogaça, Fabiola Helena dos Santos, 08/06/1979-, coorient. III Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Programa de Pós-graduação em Ciências Veterinárias. IV. Título.



ATA Nº 787 / 2023 - PPGCV (12.28.01.00.00.00.50)

Nº do Protocolo: 23083.028456/2023-61

Seropédica-RJ, 05 de maio de 2023.

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS VETERINÁRIAS

YURI DUARTE PORTO

Tese submetida como requisito parcial para a obtenção do grau de **Doutor em Ciências**, no Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias.

TESE APROVADA EM 05/05/2023

(Assinado digitalmente em 05/05/2023 18:57)

ADRIANA OLIVEIRA ANDRADE
PROFESSOR DO MAGISTERIO SUPERIOR
DeptM (12.28.01.00.00.00.63)
Matrícula: 2619473

(Assinado digitalmente em 08/05/2023 17:02)

FRANCISCO DE ASSIS BARONI
PROFESSOR DO MAGISTERIO SUPERIOR
DMIV (12.28.01.00.00.00.54)
Matrícula: 386849

(Assinado digitalmente em 06/05/2023 10:43)

WAGNER DE SOUZA TASSINARI
PROFESSOR DO MAGISTERIO SUPERIOR
DeptM (12.28.01.00.00.00.63)
Matrícula: 2545823

(Assinado digitalmente em 08/05/2023 14:04)

EDUARDO JACUSIEL MIRANDA
ASSINANTE EXTERNO
CPF: 870.906.431-15

(Assinado digitalmente em 08/05/2023 19:05)

GLÓRIA MARIA DIREITO
ASSINANTE EXTERNO
CPF: 907.097.137-20

Visualize o documento original em <https://sipac.ufrrj.br/public/documentos/index.jsp> informando seu número: **787**, ano: **2023**, tipo: **ATA**, data de emissão: **05/05/2023** e o código de verificação: **f6338f122f**

À Elba Gaya, minha mãe virtuosa
e incansável; à Fabiana Raslan, minha
irmã amorosa e simplesmente genial.

Dedico.

*“Sometimes I lay under the moon
And I thank God I’m breathing
Then I pray don’t take me soon
‘Cause I am here for a reason
Sometimes in my tears I drown
But I never let it get me down
So when negativity surrounds
I know someday it’ll all turn around
Because (...)”
One Day, Matisyahu*

AGRADECIMENTOS

Através da minha vivência religiosa e dedicada no Unsaba Mulendi, eu agradeço à Deus por me conceder bênçãos a minha saúde, pela sabedoria, autoconhecimento, evolução espiritual e pessoal, e por me dar um propósito de vida através da ciência.

À minha mãe Elba Gaya e meu pai, Marcio, meus irmãos, Fabiana e Leonardo, agradeço por toda paciência, incentivo, suporte e apoio incondicional.

À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) por toda a minha vida de formação do colégio técnico ao doutorado! Ao Centro Nacional de Pesquisa de Tecnologia Agroindustrial de Alimentos – CTAA da Embrapa Agroindústria de Alimentos (RJ) pela oportunidade de fazer parte deste grande projeto de pesquisa! À Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT) por tornar possível a concretização do trabalho de doutorado da minha vida!

Aos meus orientadores Dra. Fabiola Helena dos Santos Fogaça, professor Dr. Wagner de Souza Tassinari e professora Dra. Adriana Oliveira Andrade pela oportunidade de trabalhar com os Srs. neste importante projeto, pela orientação, por todo apoio, suporte, empatia, por acreditarem em meu potencial, pela amizade, por toda paciência, pela confiança em me indicar aos laboratórios Labmma e Labcarpesc (UFMT) para execução dos planos de ação de trabalho... Eu agradeço por tudo! Este projeto mudou a minha vida! Gratidão!

Aos professores Dr. Eduardo Eustáquio de Souza Figueiredo e Dra. Luciana Kimie Savay da Silva por me receberem na UFMT como seu aluno e integrante da equipe, por toda orientação, por todo conhecimento passado, treinamento, suporte, parceria, ajuda, amizade, confiança, por todo trabalho e esforço conjunto que os Srs. têm se dedicado na pesquisa, para que eu conseguisse realizar meu doutorado e pela oportunidade de seguir a diante na expansão deste grande projeto! Fazer parte da equipe e trabalhar com os Srs. tem sido motivo de completa realização profissional, pessoal e de felicidade em permanecer em Cuiabá. Gratidão!

Aos técnicos Dr. Adelino Cunha Neto e Dr. Marcio Gonçalo de Lima por todo acompanhamento, paciência, incentivo, amizade e ensinamentos durante os dias das rotinas do laboratório e fora também. A participação de vocês foi fundamental para a construção, execução e conclusão deste trabalho tão importante para minha vida pessoal e profissional.

Aos meus amigos e colegas de laboratório na UFMT, Jaqueline, Maxueli, Nataly, Luciano, Alexandre, Elisana, Sara e Washington pela amizade, companhia, suporte e convivência maravilhosa.

Ao Dr. Eduardo Jacusiel Miranda pelo acompanhamento em todas as coletas que fizemos, pela amizade! Seu apoio foi imprescindível!

À pesquisadora Dra. Janine Passos, analistas Dra. Anna Beatriz, Dra. Simone e Dra. Andreza, e Técnicos Adriano, Tatiane, Ana e Vanessa, pelo acompanhamento no início do meu doutorado que representou meu retorno ao laboratório de microbiologia depois de alguns anos afastado do meu propósito.

À Dra. Izabela de Castro Miranda e Dr. Otniel Freitas Silva que me formaram no mestrado, pela amizade, pelo incentivo de eu seguir a diante na pesquisa, por terem me apresentado e indicado para minha orientadora para que eu pudesse realizar este doutorado!

Ao professores Dr. Francisco de Assis Baroni e Dra. Glória Maria Direito pelos ensinamentos, pela amizade, por todos os bons momentos enquanto fui seu aluno no DMIV-UFRRJ durante a graduação. Minha dedicação e felicidade em trabalhar com microbiologia começou quando trabalhei com os Srs.!

Aos meus novos amigos de Cuiabá, em especial Weric (Quintal do Boa), Mestre Rillei (Maldonado Team), colegas de treino da Maldonado Team e da Team Noya Kickboxing; meus camaradas de república Diego “mineiro” e Elmiro Neto.

Aos meus amigos do RJ, em especial Ulisses Dardon (*in memorian*).

Agradeço ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos.

A presente pesquisa obteve financiamento e dados gerados como parte do projeto de pesquisa da Embrapa Agroindústria de Alimentos (Guaratiba – RJ) intitulado “Ocorrência de *Salmonella* spp. em tabaqui cultivado e seus híbridos e desenvolvimento de boas práticas e tecnologias para sua prevenção e controle (Salmocontrol)” (Código SEG: 20.19.03.049.00.00). Financiada pela Embrapa Edital SEG 01/2019. Agradeço o financiamento desta pesquisa.

O presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001. Agradeço o financiamento desta pesquisa.

RESUMO GERAL

YURI DUARTE PORTO, filho de **Elba Gaya Duarte** e **Marcio Moises Porto**, nascido na cidade do Rio de Janeiro – RJ no dia 19 de abril de 1986. Em 2003 formou no curso Técnico em Agropecuária Orgânica no Colégio Técnico da Universidade Rural (CTUR), na cidade de Seropédica – RJ. No segundo semestre de 2006 ingressou no curso de graduação em Medicina Veterinária da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), concluindo-o em 2012. Durante a graduação foi estagiário no Laboratório de Leveduras Patogênicas e Ambientais no Departamento de Microbiologia e Imunologia do Instituto de Veterinária (DMIV-IV) – UFRRJ, onde também exerceu monitoria na disciplina de Micologia Veterinária no período de agosto de 2009 a julho de 2012, e foi auxiliar de apoio técnico no período de agosto a dezembro de 2012 no mesmo laboratório. Em março de 2013 ingressou no mestrado *stricto sensu* do Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Alimentos (PPGCTA) da UFRRJ, desenvolvendo toda pesquisa em parceria com pesquisadores do Laboratório de Micotoxinas do Centro Nacional de Pesquisa de Tecnologia Agroindustrial de Alimentos – CTAA da Embrapa Agroindústria de Alimentos, em Guaratiba – RJ, sendo aprovado na defesa da dissertação intitulada “*Ozonização em canjiquinha de milho e seu efeito nos níveis de aflatoxinas, contagem de fungos e qualidade do alimento*” em abril de 2017. Em março de 2019 ingressou no doutorado *stricto sensu* do Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias (PPGCV) da UFRRJ, desenvolvendo a pesquisa com pesquisadores dos Laboratórios de Bioacessibilidade e Diagnósticos Microbiológico e Biomolecular do CTAA da Embrapa Agroindústria de Alimentos, em parceria com professores pesquisadores do Laboratório de Diagnóstico Microbiológico e Molecular de Alimentos (LABMMA) e Laboratório de Carnes e Pescado (LABCarPesc) da Faculdade de Nutrição e Ciência e Tecnologia de Alimentos na UFMT em projeto de investigação da ocorrência de *Salmonella* spp. em pisciculturas de peixes redondos nativos na Baixada Cuiabana, bem como desenvolver soluções técnicas para controle microbiológico e mitigação de riscos de contaminação na cadeia produtiva desses peixes, com previsão de defesa em março de 2023. Em março de 2020 ingressou no Curso de Especialização em Estatística Aplicada (UFRRJ), concluído em dezembro de 2021, onde desenvolveu a base de dados a partir de uma revisão sistemática sobre o diagnóstico de *Salmonella* spp. na aquicultura no período de 2000 a 2020, contida no primeiro capítulo da presente tese.

RESUMO GERAL

PORTO, Yuri Duarte. **Vigilância e diagnóstico de *Salmonella* spp. em pisciculturas de peixes redondos nativos (*Colossoma macropomum*)**. 2023. 99 p. Tese (Doutorado em Ciências Veterinárias) – Instituto de Veterinária, Departamento de Parasitologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ. 2023.

O Brasil possui grande potencial para aquicultura. Contudo o pescado também pode ser cofator de surtos de doenças transmitidas por alimentos (DTA). A salmonelose é causada por bactérias do gênero *Salmonella* de interesse para saúde pública em todo o mundo pelas suas características de morbidade e dificuldade de controle. A *Salmonella* spp. possui grande adaptação fisiológica capaz de sobreviver em solo e água permitindo contaminação e disseminação entre animais e manipuladores na indústria processadora de pescado. Na legislação brasileira a presença de *Salmonella* spp. em alimentos é proibida e quando detectada, todo o lote deve ser descartado e a indústria deve passar por processo de higienização. Caracterizada pela infecção por espécies não tifoidais do gênero *Salmonella*, embora não pertençam naturalmente ao habitat aquático ou microbiota dos peixes, os sistemas de criação piscícola em tanques podem oferecer condições que propiciam contaminação e concentração da carga microbiana deste patógeno, e como resultado, persistir pós etapas de processamento e beneficiamento industrial, mantendo-se como risco microbiológico quando não totalmente eliminado. No Capítulo 1 foi realizada uma revisão sistemática dos diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000-2020. Dentre os resultados apresentados, o método de isolamento por cultura foi o mais difundido, apoiado por técnicas mais precisas como PCR. Os sorovares de *Salmonella* mais predominantes reportados foram *S. Typhimurium*, *S. Weltevreden* e *S. Newport*. As informações produzidas caracterizam a ocorrência de *Salmonella* spp. no setor da aquicultura trazendo um panorama dos últimos anos. Pesquisas futuras com foco nas estratégias de controle e prevenção de *Salmonella* spp. na produção de pescado são necessárias e devem ser incentivadas. No Capítulo 2, um estudo foi conduzido para verificar a ocorrência de *Salmonella* spp. em criações de tambatingas (*Colossoma macropomum* x *Piaractus brachypomus*) e traçar um perfil de suscetibilidade a antimicrobianos de isolados de 25 pisciculturas distribuídas em oito municípios pertencentes a região da Baixada Cuiabana em Mato Grosso, no período de novembro de 2021 a junho de 2022. Para tanto 184 amostras (peixe, água e terra do tanque, ração e fezes) de 25 pisciculturas foram avaliadas para detecção presuntiva de *Salmonella* spp. pelo método microbiológico baseado na ISO 6579-1, e confirmados após reação de cadeia de polimerase (PCR) tendo como alvo o gene *hlyA* e leitura após eletroforese em gel de agarose. Das pisciculturas, 88% (22/25) foram diagnosticadas com *Salmonella* spp. em pelo menos uma das amostras. Alguns fatores de risco, como o livre acesso de animais alheios a produção aquícola (domésticos, aves, de produção, selvagens) aos tanques de criação, foram identificados e sugerem potencial fonte contribuidora para contaminação. Os resultados demonstram alta prevalência, sendo um problema silencioso, visto que o peixe na fase de criação alberga um patógeno de interesse em saúde pública sem manifestar sintomas de infecção aparentes.

Palavras-chave: *Salmonella*, diagnóstico microbiológico, aquicultura, segurança alimentar, saúde pública, revisão sistemática

GENERAL ABSTRACT

PORTO, Yuri Duarte. **Surveillance and diagnosis of *Salmonella* spp. in native roundfish (*Colossoma macropomum*) fish farms.** 2023. 99 p. Thesis (Doctorate in Veterinary Sciences) – Institute of Veterinary Medicine, Department of Animal Parasitology, Federal Rural University of Rio de Janeiro, Seropédica, RJ. 2023.

Brazil has great potential for aquaculture. However, fish can also be a cofactor of foodborne illness (FBI) outbreaks. Salmonellosis is caused by bacteria of the genus *Salmonella* of interest to public health worldwide due to its morbidity and control difficulties. *Salmonella* spp. it has great physiological adaptation capable of surviving in soil and water allowing contamination and dissemination between animals and handlers in the fish processing industry. In Brazilian legislation, *Salmonella* spp. is prohibited and when detected, the entire batch must be discarded and the industry must undergo a cleaning process. Characterized by infection by non-typhoidal species of the genus *Salmonella*, although they do not naturally belong to the aquatic habitat or microbiota of fish, fish farming systems in tanks can offer conditions that provide contamination and concentration of the microbial load of this pathogen, and as a result, persist after stages of processing and industrial improvement, remaining as a microbiological risk when not completely eliminated. In Chapter 1, a systematic review of the microbiological diagnoses of *Salmonella* spp. in aquaculture between 2000-2020. Among the results presented, the isolation method by culture was the most widespread, supported by more precise techniques such as PCR. The most prevalent *Salmonella* serovars reported were *S.* Typhimurium, *S.* Weltevreden and *S.* Newport. The information produced characterizes the occurrence of *Salmonella* spp. in the aquaculture sector bringing an overview of recent years. Future research focusing on control and prevention strategies for *Salmonella* spp. in fish production are necessary and should be encouraged. In Chapter 2, a study was conducted to verify the occurrence of *Salmonella* spp. in tambatinga farms (*Colossoma macropomum* x *Piaractus brachypomus*) and to draw a susceptibility profile to antimicrobials of isolates from 25 fish farms distributed in eight municipalities belonging to the Baixada Cuiabana region in Mato Grosso, from November 2021 to June 2022. Both 184 samples (fish, pond water and soil, feed and faeces) from 25 farms were evaluated for presumptive detection of *Salmonella* spp. by the microbiological method based on ISO 6579-1, and confirmed after polymerase chain reaction (PCR) targeting the *hlyA* gene and reading after electrophoresis in agarose gel. Of the fish farms 88% (22/25) were diagnosed with *Salmonella* spp. in at least one of the samples. Some risk factors, such as the free access of animals outside aquaculture production (domestic, poultry, production, wild) to the breeding tanks, were identified and suggest a potential source of contamination. The results demonstrate a high prevalence, being a silent problem, since the fish in the rearing phase harbors a pathogen of interest in public health without manifesting symptoms of apparent infection.

Key words: *Salmonella*, microbiological diagnosis, aquaculture, food safety, public health, systematic review

OBJETIVO GERAL

Estimar a prevalência de *Salmonella* spp. em pisciculturas de peixes redondos nativos (*Colossoma macropomum*) da baixada cuiabana do Estado de Mato Grosso e identificar possíveis fontes de contaminação de *Salmonella* spp. nos tanques de produção.

Objetivos Específicos:

- 1- Coletar dados científicos através de revisão sistematizada (*Salmonella* spp. X Aquicultura);
- 2- Estimar a prevalência de *Salmonella* spp. em 25 pisciculturas localizadas em oito municípios da baixa cuiabana, incluindo região do pantanal;
- 3- Realizar diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. em amostras de tambatingas (♀ *Colossoma macropomum* x ♂ *Piaractus brachypomus*), em amostras do ambiente de produção (água e terra do tanque de criação), ração de peixe e amostras fecais de animais externos a piscicultura;
- 4- Caracterizar os isolados de *Salmonella* spp. quanto ao perfil de resistência/suscetibilidade a antimicrobianos de oito classes diferentes;
- 5- Identificar as possíveis fontes de contaminação durante o cultivo de peixes nativos.

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II - OCORRÊNCIA E RASTREAMENTO DA ORIGEM DE CONTAMINAÇÃO POR *Salmonella* spp. EM PISCICULTURAS DE PEIXES NATIVOS NA REGIÃO DA BAIXADA CUIABANA E PANTANAL MATO-GROSSENSE BRASILEIRO

- Tabela 1.** Frequência e distribuição dos isolados de *Salmonella* spp. identificados pelo gene *hilA* em amostras de peixe e ambientais. **52**
- Tabela 2.** Perfil de resistência aos antimicrobianos testados nos diferentes isolados das pisciculturas. **54**
- Tabela 3.** Distribuição por municípios e as principais características observadas pelo *check-list*, identificação das cepas de *Salmonella* spp. isoladas e perfil antimicrobiano observados nas 25 pisciculturas visitadas. **56**
- Tabela 4.** Resultados das análises de Qui-quadrado sobre as variáveis estudadas em relação a *Salmonella* spp. **59**
- Tabela 5.** Resultados das análises do teste de *Mann-Whitney* sobre as variáveis estudadas em relação ao número de cepas de *Salmonella* spp. isoladas. **60**

LISTA DE QUADROS

CAPÍTULO II - OCORRÊNCIA E RASTREAMENTO DA ORIGEM DE CONTAMINAÇÃO POR *Salmonella* spp. EM PISCICULTURAS DE PEIXES NATIVOS NA REGIÃO DA BAIXADA CUIABANA E PANTANAL MATO-GROSSENSE BRASILEIRO

- Quadro 1.** Coordenadas geográficas dos municípios e distribuição das vinte e cinco pisciculturas visitadas para coleta de amostras durante o período de novembro de 2021 a junho de 2022. **45**
- Quadro 2.** Variáveis, categorias e legendas para o estudo de associação. **49**

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I - *Salmonella* spp. NA AQUICULTURA: UMA ANÁLISE EXPLORATÓRIA (REVISÃO INTEGRATIVA) DOS DIAGNÓSTICOS MICROBIOLÓGICOS ENTRE 2000 E 2020

- Figura 1.** Estratégia de seleção dos artigos elegíveis. 8
- Figura 2.** Nuvem de palavras formada a partir dos resumos dos artigos selecionados pela revisão integrativa sobre diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. em aquicultura entre 2000 e 2020. N total de palavras = 17142. 11
- Figura 3.** Gráfico de similitude com a relação das palavras mais utilizadas nos resumos dos artigos selecionados pela revisão integrativa sobre diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020. 12
- Figura 4.** Gráfico gerado pela técnica de classificação hierárquica descendente (CHD) contendo o corpus textual dos resumos dos artigos selecionados pela revisão integrativa sobre diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020, divididos por agrupamentos de segmentos de texto de acordo com a similitude dos termos. 14
- Figura 5.** Representação hierárquica e classificação dos cinco grupos formados pela divisão do corpus textual dos resumos dos artigos selecionados pela revisão integrativa sobre diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020, de acordo com a similitude de termos. 15
- Figura 6.** Frequência de artigos científicos selecionados na revisão integrativa sobre diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020 por países de diferentes continentes. 16
- Figura 7.** Frequência de artigos científicos sobre diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020 por ano de publicação. 18
- Figura 8.** Algumas espécies da aquicultura mais amostradas pelos artigos selecionados na revisão integrativa sobre os diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020. 19
- Figura 9.** Alíquotas de amostras mais analisadas nos artigos científicos selecionados pela revisão integrativa sobre diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. em aquicultura entre 2000 e 2020. 21
- Figura 10.** Alguns dos sorotipos de *Salmonella* mais relatados pelos artigos científicos selecionados na revisão integrativa sobre 22

diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. em aquicultura entre 2000 e 2020.

CAPÍTULO II - OCORRÊNCIA E RASTREAMENTO DA ORIGEM DE CONTAMINAÇÃO POR *Salmonella* spp. EM PISCICULTURAS DE PEIXES NATIVOS NA REGIÃO DA BAIXADA CUIABANA E PANTANAL MATO-GROSSENSE BRASILEIRO

- Figura 1.** Distribuição geográfica das 25 pisciculturas visitadas localizadas em oito municípios dentro e próximos ao pantanal mato-grossense, Mato Grosso, Brasil. **44**
- Figura 2.** Fluxograma resumido das etapas de coleta das amostras das pisciculturas e análises laboratoriais para *Salmonella* spp. **46**
- Figura 3.** Esquema resumido das etapas de análise microbiológica e molecular para *Salmonella* spp. **47**
- Figura 4.** Gráfico da Análise de Correspondência Múltipla demonstrando as categorias contidas na Dimensão 1 e Dimensão 2. **61**
- Figura 5.** Representação gráfica da Análise de Correspondência Múltipla entre as categorias das variáveis ‘estação’, ‘bioma’, ‘tanque’, ‘amostra’ e ‘salmonella’, para detecção de *Salmonella* spp. em 22 pisciculturas da região da baixada cuiabana, Mato Grosso, Nov2021-Jun2022. **62**

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	1
CAPÍTULO I – <i>Salmonella</i> spp. NA AQUICULTURA: UMA ANÁLISE EXPLORATÓRIA (REVISÃO INTEGRATIVA) DOS DIAGNÓSTICOS MICROBIOLÓGICOS ENTRE 2000 E 2020.	3
RESUMO.	4
ABSTRACT	5
1 INTRODUÇÃO	6
2 MATERIAL E MÉTODOS	8
2.1 Fonte de dados e estratégia de pesquisa	8
2.2 Desenho da pesquisa	8
2.3 Processo de seleção	8
2.4 Critérios de eleição	9
2.5 Resumo e análise de dados	9
2.6 Análise textual	9
3 RESULTADOS	11
4 DISCUSSÃO	23
5 CONCLUSÕES	27
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	28
CAPÍTULO II – OCORRÊNCIA E RASTREAMENTO DA ORIGEM DE CONTAMINAÇÃO POR <i>Salmonella</i> spp. EM PISCICULTURAS DE PEIXES NATIVOS NA REGIÃO DA BAIXADA CUIABANA E PANTANAL MATO-GROSSENSE BRASILEIRO	39
RESUMO	40
ABSTRACT	41
1 INTRODUÇÃO	42
2 MATERIAL E MÉTODOS	44

2.1 Financiamento da pesquisa	44
2.2 Amostragem	44
2.2.1 Pisciculturas	44
2.3 Desenho do estudo	45
2.4 Coleta das amostras	46
2.5 Inquérito epidemiológico	46
2.6 Detecção de <i>Salmonella</i> spp.	46
2.7 Preparo da unidade analítica	47
2.8 Análise microbiológica para <i>Salmonella</i> spp.	47
2.9 Análise molecular para <i>Salmonella</i> spp.	48
2.10 Antibiograma	48
2.11 Análises estatísticas	48
3 RESULTADOS	51
4 DISCUSSÃO	64
5 CONCLUSÕES	68
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	69
CONCLUSÃO GERAL	76
CONSIDERAÇÕES FINAIS	77
ANEXO	78

1 INTRODUÇÃO GERAL

A salmonelose é uma das principais doenças transmitidas por alimentos (DTA) de interesse em prevenção para saúde pública. Está caracterizada pela infecção por espécies não tifoidais do gênero *Salmonella* que, embora não pertençam naturalmente ao ambiente aquático ou microbiota dos peixes, os sistemas de criação piscícola podem oferecer condições que propiciam contaminação e concentração da carga microbiana deste patógeno, e como resultado, persistir pós etapas de processamento e beneficiamento industrial, mantendo-se como risco microbiológico.

Como patógeno bacteriano que possui ampla distribuição em diversas espécies animais e ambiente, *Salmonella* spp. é passível de causar prejuízos econômicos na produção. A presença deste patógeno na cadeia produtiva de pescado tem sido observada em pesquisas ao longo dos anos demonstrando preocupação sobre o pouco conhecimento sobre a patogenicidade desta bactéria no pescado e os possíveis sorovares que possam ser encontrados nos peixes, evidenciando questionamentos alarmantes quanto à saúde pública e o quanto ao desenvolvimento econômico. *Salmonella* spp. aparentemente não causam doença nos peixes ao longo do cultivo, porém podem contaminar o produto do pescado em qualquer fase da produção até chegar ao consumidor.

No Brasil há poucos estudos sobre ocorrência de *Salmonella* spp. em criação de peixes nativos. Como um produto pouco processado, todo o período que compreende a produção (fases de criação, captura ou remoção, processamento e varejo), o pescado está sujeito a contaminação por microrganismos patogênicos naturalmente presentes no ambiente aquático e outros oportunistas introduzidos por meio de dejetos animais e humanos durante o processamento e/ou preparação da cadeia produtiva. Nesse sentido, *Salmonella* spp. precisa ser mantida sob vigilância, pois os produtos aquícolas têm se tornado potenciais fontes de propagação.

Pesquisas sobre diagnóstico microbiológico na cadeia produtiva de pescado vêm sendo desenvolvidas no Laboratório de Microbiologia Molecular de Alimentos (LABMMA), do Departamento de Nutrição e Alimentos da Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT). Em parceria com o Laboratório de Bioacessibilidade, da Embrapa Agroindústria de Alimentos (CTAA – RJ) essa tese foi desenvolvida como objetivo geral de aprofundar os conhecimentos relacionados a *Salmonella* spp. que ocorrem em peixes redondos nativos durante a fase de criação nas pisciculturas.

A presente tese foi escrita em formato de artigo, composta por dois capítulos, sendo cada um deles um artigo. O capítulo I foi publicado como artigo de revisão na Revista Animals, sob o título “*Salmonella* spp. in Aquaculture: An Exploratory Analysis (Integrative Review) of Microbiological Diagnoses between 2000 and 2020” (<https://doi.org/10.3390/ani13010027>). A capa do artigo encontra-se no Anexo A desta tese. O capítulo II será enviado para publicação em breve, após a realização dos ajustes necessários.

No CAPÍTULO I, foi realizada uma revisão de literatura sistemática integrativa cujo objetivo geral foi caracterizar por meio da estatística descritiva, mineração e análise textual, um banco de dados formado a partir dos artigos científicos selecionados por uma revisão sistemática dos diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020.

No CAPÍTULO II, foi conduzido um estudo microbiológico para determinar a ocorrência de *Salmonella* spp. em criações de tambatingas (*Colossoma macropomum* x *Piaractus brachypomus*) de vinte e cinco pisciculturas localizadas em diversos municípios da Baixada Cuiabana – MT. Foram coletadas e analisadas amostras de peixe

e ambientais. Vinte e dois (22) isolados foram selecionados e avaliados quanto ao perfil de resistência a diferentes classes de antimicrobianos.

CAPÍTULO I

***Salmonella* spp. NA AQUICULTURA: UMA ANÁLISE EXPLORATÓRIA (REVISÃO INTEGRATIVA) DOS DIAGNÓSTICOS MICROBIOLÓGICOS ENTRE 2000 E 2020**

RESUMO

PORTO, Yuri Duarte. **Capítulo I: *Salmonella* spp. na aquicultura: uma análise exploratória (revisão integrativa) dos diagnósticos microbiológicos entre 2000 e 2020.** 2023. 99p. Tese (Doutorado em Ciências Veterinárias). Instituto de Veterinária, Departamento de Parasitologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2023.

A salmonelose é caracterizada por uma infecção gastrointestinal decorrente da ingestão de água e alimentos contaminados por bactérias do gênero *Salmonella*, que causam a enterocolite. Embora as infecções sejam agudas e autolimitadas, os esforços para prevenir esse problema de interesse para a saúde pública global são importantes. *Salmonella* spp. distribui-se em diferentes ambientes e espécies animais; portanto, a carne derivada da produção animal é uma das principais vias de infecção humana, aumentando a importância de pesquisas com foco na qualidade microbiológica e segurança alimentar. A aquicultura é um setor em constante crescimento no mundo, e o monitoramento de *Salmonella* spp. em produtos pesqueiros é importante para a saúde pública devido aos riscos de contaminação durante todas as etapas da produção. O presente estudo teve como objetivo caracterizar, por meio de estatística descritiva, dados de artigos científicos selecionados em uma revisão sistemática integrativa que realizou diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. na aquicultura. Os dados foram obtidos a partir de artigos de pesquisa publicados nas bases de dados BVS, Scielo, Science Direct, Scopus e Web of Science. Os estudos selecionados foram publicados entre 2000 e 2020 em amostras de produção animal aquícola (peixes, camarões, moluscos bivalves e outros crustáceos) e amostras ambientais da atividade aquícola (água, solo e sedimentos). Após a aplicação dos critérios de exclusão, foram selecionados 80 artigos. Dados como país de origem, categorias de peixes investigados, métodos de diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp., as unidades amostrais analisadas e a maioria dos sorovares relatados foram minerados. A análise textual da nuvem de palavras e por similitude e classificação hierárquica descendente com a aplicação do algoritmo de Reinert foi realizada por meio dos softwares R[®] e Iramuteq[®]. Os resultados mostraram que uma porcentagem maior dos artigos selecionados veio de países asiáticos (38,75%). Peixe foi a categoria mais amostrada, e as unidades de análise da água de cultivo, músculo e intestino foram as mais positivas. O método de isolamento por cultura é o mais difundido, respaldado por técnicas mais precisas como a PCR. Os sorovares de *Salmonella* mais prevalentes relatados foram *S. Typhimurium*, *S. Weltevreden* e *S. Newport*. A análise textual mostrou forte associação dos termos “*Salmonella*”, “peixe” e “água”, sendo que a classe hierárquica mais alta agrupou 25,4% dos segmentos de texto associados, como “aquicultura”, “alimentação” e “saúde pública”. As informações produzidas caracterizam a ocorrência de *Salmonella* spp. no setor da aquicultura, fornecendo uma visão geral dos últimos anos. Pesquisas futuras com foco em estratégias de controle e prevenção de *Salmonella* spp. na produção de peixes são necessários e devem ser incentivados.

Palavras-chave: *Salmonella*, piscicultura, segurança alimentar, saúde pública, nuvem de palavras, similitude, algoritmo de Reinert.

ABSTRACT

PORTO, Yuri Duarte. **Chapter I: *Salmonella* spp. in aquaculture: an exploratory analysis (integrative review) of microbiological diagnoses between 2000 and 2020.** 2023. 99p. Tese (Doutorado em Ciências Veterinárias). Instituto de Veterinária, Departamento de Parasitologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2023.

Salmonellosis is characterized by a gastrointestinal infection resulting from the ingestion of water and food contaminated by bacteria of the genus *Salmonella*, of which causes enterocolitis. Although infections are acute and self-limiting, efforts to prevent this problem of interest to global public health are important. *Salmonella* spp. is distributed in different environments and animal species; therefore, meat derived from animal production is one of the main routes of human infection, increasing the importance of research focusing on microbiological quality and food safety. Aquaculture is a constantly growing sector in the world, and the monitoring of *Salmonella* spp. in fish products is important for public health due to the risks of contamination during all stages of production. The present study aimed to characterize, through descriptive statistics, data from scientific articles selected in a systematic integrative review that performed a microbiological diagnosis of *Salmonella* spp. in aquaculture. Data were obtained from research articles published in the BVS, Scielo, Science Direct, Scopus and Web of Science databases. The selected studies were published between 2000 and 2020 on samples of aquaculture animal production (fish, shrimp, bivalve mollusks, and other crustaceans) and environmental samples of aquaculture activity (farming water, soil, and sediments). After applying the exclusion criteria, 80 articles were selected. Data such as country of origin, categories of fish investigated, methods of microbiological diagnosis of *Salmonella* spp., sample units analyzed and most reported serovars were mined. A textual analysis of the word cloud and by similarity and descending hierarchical classification with the application of Reinert's algorithm was performed using R[®] and Iramuteq[®] software. The results showed that a higher percentage of the selected articles came from Asian countries (38.75%). Fish was the most sampled category, and the units of analysis of the culture water, muscle and intestine were more positive. The culture isolation method is the most widespread, supported by more accurate techniques such as PCR. The most prevalent *Salmonella* serovars reported were *S. Typhimurium*, *S. Weltevreden* and *S. Newport*. The textual analysis showed a strong association of the terms "*Salmonella*", "fish" and "water", and the highest hierarchical class grouped 25.4% of the associated text segments, such as "aquaculture", "food" and "public health". The information produced characterizes the occurrence of *Salmonella* spp. in the aquaculture sector, providing an overview of recent years. Future research focusing on strategies for the control and prevention of *Salmonella* spp. in fish production are necessary and should be encouraged.

Palavras-chave: *Salmonella*; fish farming; food safety; public health; word cloud; similarity; Reinert's algorithm.

1 INTRODUÇÃO

O gênero *Salmonella* spp. pertence à família Enterobacteriaceae e possui importantes características metabólicas que não apenas promovem sua sobrevivência no ambiente do trato gastrointestinal, mas também possuem mecanismos de virulência para escapar das células de defesa, reproduzir e causar distúrbios homeostáticos no hospedeiro (WHO, 2014; SÁNCHEZ-VARGAS et al., 2011). *Salmonella* spp. causa a salmonelose, infecção clássica caracterizada por enterocolite, que na maioria das vezes é aguda e autolimitada, dificultando o diagnóstico e resultando em subnotificação e comprometendo as ações de controle e prevenção de novos surtos.

A salmonelose é uma doença transmitida por alimentos (DTA) e representa um importante problema de saúde pública em vários países do mundo (PINEDO et al., 2022). Sorovares não tifóides do gênero *Salmonella* spp. são responsáveis por grande parte da incidência de surtos de origem alimentar, com uma variedade de alimentos servindo como veículos para a ocorrência de salmonelose em humanos (PINEDO et al., 2022; JACKSON et al., 2013; FERRARI et al. 2019). Tais alimentos incluem carne (bovina, frango, porco e peixe), ovos, leite, queijo, frutas frescas, sucos de frutas, vegetais e peixes (FERRARI et al., 2019; ALI et al., 2020; AMAGLIANI et al., 2012).

Salmonella spp. encontra-se amplamente distribuído no meio ambiente e em diversas espécies de animais silvestres, de produção e de estimação. Mamíferos, peixes, aves, répteis, anfíbios e plantas podem atuar como reservatórios e disseminadores de *Salmonella* spp. (DRÓZDZ et al., 2021; PILARSKI et al., 2004; MELETIADIS et al., 2022). Entretanto, a adoção de medidas corretas e estratégicas no manejo pecuário pode auxiliar na prevenção e redução dos riscos de contaminação por *Salmonella* spp., uma vez que sua disseminação pode ocorrer em diversas etapas da cadeia produtiva, incluindo todas as etapas de produção, processamento, distribuição, comercialização e manipulação/preparação (CASANOVA et al., 2016; AKINJOGUNLA et al., 2011; BASTI et al., 2006; ZHAO et al., 2003).

Salmonella spp. foi isolado de pontos na cadeia de produção de pescado (WHO, 2014; FERNANDES et al., 2018). Existe um consenso entre os pesquisadores de que *Salmonella* spp. não pertence naturalmente ao ambiente aquático, embora seja isolado de água, peixes e produtos derivados da aquicultura (FERNANDES et al., 2018; NOVOTNY et al., 2004; LI et al., 2017; dos SANTOS et al., 2019). A contaminação de peixes por *Salmonella* spp. é pouco conhecido, pois pesquisas relatam que os peixes atuam como hospedeiros da bactéria por períodos de tempo relativamente curtos sem que haja descrição de manifestação sintomática da doença (FERNANDES et al., 2018; NOVOTNY et al., 2004; LI et al., 2017; dos SANTOS et al., 2019; KODAMA et al., 1987). Assim, *Salmonella* spp. tem sido isolado não apenas das vísceras, mas também das brânquias e da pele dos peixes, contribuindo para o aumento do risco de contaminação cruzada durante o manuseio, processamento, armazenamento e comercialização devido a falhas nos cuidados higiênico-sanitários ou no uso de equipamentos, superfícies e utensílios que são higienizados inadequadamente durante a cadeia produtiva (AKINJOGUNLA et al., 2011; GAZAL et al., 2018; DIB et al., 2018; ANTUNES, 2018 et al., 2018).

É notável que a saúde dos peixes depende da qualidade da água. Desta forma, os fatores químicos, físicos e microbiológicos da água são de extrema importância. Entre as possíveis fontes de contaminação, a água parece ser um provável veículo, pois está amplamente exposta à poluição humana, agrícola e industrial (ESPOSTO et al., 2007; SAIGAM et al., 2020; KLASE et al., 2019). Além disso, a própria água utilizada para aquicultura pode ser uma fonte de contaminação. Pesquisas foram realizadas para avaliar a presença de *Salmonella* spp. nas águas superficiais e na água do mar e a subsequente

contaminação dos produtos da pesca e da aquicultura (CASANOVA et al., 2016; MCCOY et al., 2011). A água doce é frequentemente contaminada por *Salmonella* spp. através de efluentes e, conseqüentemente, águas costeiras; mariscos e áreas de piscicultura estão especialmente sujeitas a este patógeno (MCCOY et al., 2011; MARTINEZ et al., 2009; AMPOFO et al., 2003). Mesmo que a presença de *Salmonella* spp. na produção aquícola seja relatada com baixa prevalência, é um patógeno de interesse em saúde pública, devendo ser observadas, testadas e aprimoradas as técnicas de detecção na prevalência.

Métodos de identificação rápida e precisa de patógenos na cadeia produtiva são importantes para garantir a qualidade dos alimentos e tomar medidas de controle por meio da rastreabilidade para minimizar perdas econômicas e danos à saúde pública. Os riscos à saúde associados ao consumo de alimentos de aquicultura de baixa qualidade tornam a avaliação e controle de tópicos de segurança alimentar uma preocupação global (WHO, 2014; AMAGLIANI et al., 2012; AO et al., 2015). Os controles microbiológicos devem ser abordados em ambientes de aquicultura designados para práticas adequadas de gerenciamento de produção e para programas de educação do consumidor.

Nesse contexto, decidiu-se realizar uma revisão integrativa das investigações acerca de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020, com a influência do modelo de revisão sistemática já observada em outras revisões, pois sistematiza os procedimentos de pesquisa, tornando o método explícito e um modelo mais auditável e reprodutível para facilitar a consolidação do conhecimento (SUTTON et al., 2019; BOOTH et al., 2016). Os artigos selecionados tiveram como objetivo caracterizar e produzir informações por meio de técnicas de estatística descritiva e mineração de texto (MISHRA et al., 2019; NAHM; MOONEY, 2000) – refere-se a dados extraídos relativos aos anos de publicação, país de origem, área de estudo, categorias das espécies de aquicultura mais amostradas, origem da amostragem, métodos de diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp., unidades de análise mais avaliadas e sorovares de *Salmonella* mais identificados contribuindo para o controle e prevenção de *Salmonella* spp. na produção de peixes. A análise textual dos resumos foi realizada com agrupamento em nuvem de palavras de similitude e classificação hierárquica descendente com a aplicação do algoritmo de Reinert (REINERT, 1990; SOUSA, 2021); isso foi feito para permitir identificar, organizar e classificar os diferentes temas mais predominantes abordados nos artigos científicos para uma melhor interpretação dos temas abordados nas investigações sobre o diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. na aquicultura.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Fontes de dados e estratégia de pesquisa

As buscas realizadas nas bases de dados bibliográficas eletrônicas BVS, Scielo, Science Direct, Scopus e Web of Science foram restritas aos termos-chave: (fish farming) AND (*Salmonella*) OR (salmonellosis); o período entre 2000 e 2020; inglês e português; formatos de artigos originais. Um total de 3.373 artigos foram identificados (Figura 1).

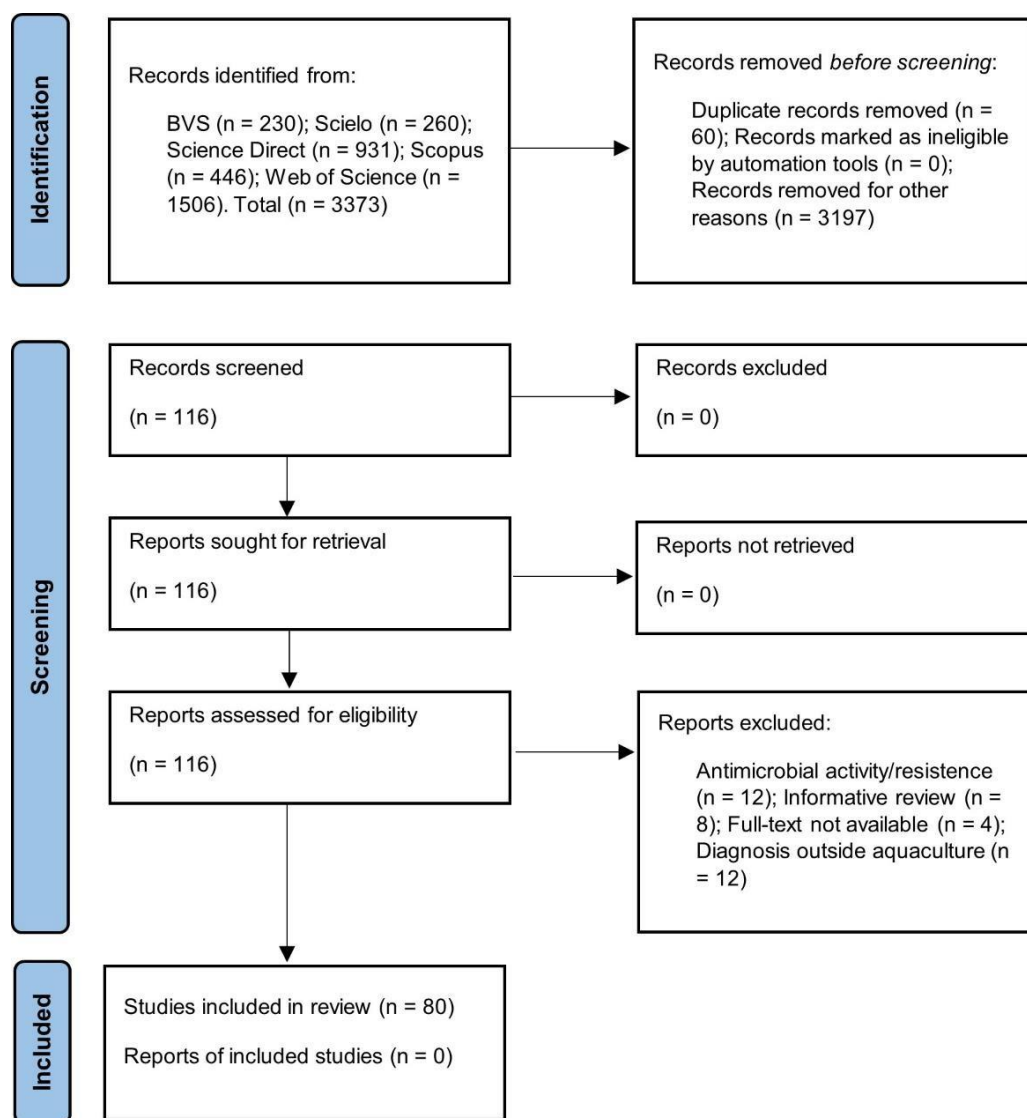


Figura 1. Estratégia de seleção dos artigos elegíveis. **Fonte:** Porto et al. (2023).

2.2. Desenho da pesquisa

A revisão integrativa foi baseada nas etapas estabelecidas pelo protocolo de Revisões Sistemáticas e Meta-Análises (PRISMA) (PAGE et al., 2020). Todas as etapas e estratégias de seleção dos artigos estão detalhadas na Figura 1.

2.3. Processo de seleção

Dois revisores (YDP e AOA) realizaram a seleção dos artigos possivelmente relevantes por meio da leitura crítica dos títulos e resumos. Assim, 3.197 artigos foram excluídos, pois foram considerados sem relação direta com o tema estudado. Zotero[®] Reference Manager versão 5.0.96.2. identificou 60 artigos duplicados que foram

excluídos. Um total de 116 artigos foram recuperados e selecionados. Todas as discordâncias foram resolvidas por consenso.

2.4. Critérios de eleição

Estudos primários testados para *Salmonella* spp. com relatos de contaminação positiva ou negativa de amostras de espécies produzidas na aquicultura, amostras ambientais (água de cultivo, solo e sedimentos) da fase de criação ou como produto e derivados para venda em mercados. Portanto, na etapa de triagem, os estudos focaram apenas na resistência ou atividade de *Salmonella* spp. contra antimicrobianos (12), revisões informativas (8), diagnóstico de *Salmonella* spp. em água e outras amostras ambientais não relacionadas à aquicultura (12) e estudos sem acesso ao documento completo (4). Assim, 80 produções foram escolhidas para esta revisão.

2.5. Resumo e análise de dados

Dois revisores (YDP e WST) realizaram uma análise crítica do conteúdo dos artigos que foram escolhidos para extração de dados. Dois revisores (WST e AOA) verificaram a consistência dos dados.

As informações extraídas foram ano de publicação, autores, título da pesquisa, nome do periódico publicado e país. Informações como origem da amostra, espécie estudada na investigação, taxa(s) amostral(is) testada(s), tamanho da amostra testada, ensaio(s) diagnóstico(s) realizado(s), número de amostras positivas e sorotipos também foram extraídas. Algumas informações foram categorizadas para melhor interpretação.

Toda a análise de dados foi realizada usando o pacote estatístico R[®] versão 4.0.2 (22 de junho de 2020) (R Foundation for Statistical Computing, Viena, Áustria) (R CORE TEAM, 2020). As bibliotecas utilizadas foram “tm” e “SnowballC” para text mining e text stemming (FEINERER; HORNIK, 2020; BOUCHET-VALAT, 2020), o gerador “word cloud” (FELLOWS, 2018) e o gerador de mapa-múndi para analisar a frequência de produções por país (TENNEKES, 2018). O programa Iramuteq[®] (Interface de R pour les Analysis Multidimensionnelles de Textes et de Questionnaires) (LERASS—Laboratoire d'Études et de Recherches Appliquées en Sciences Sociales, Toulouse, França), desenvolvido em R[®], foi utilizado para a análise de similitude e classificação hierárquica descendente (DHC) com a aplicação do algoritmo de Reinert do conteúdo dos resumos (REINERT, 1990; SOUSA, 2021).

2.6. Análise textual

A utilização de técnicas clássicas de análise exploratória de dados (MISHRA et al., 2019) e técnicas analíticas de mineração de texto (NAHM; MOONEY, 2020) para análise de dados não estruturados identificou padrões que caracterizaram a produção sob a ótica da presença de *Salmonella* spp. na aquicultura.

Foi gerado um banco de dados contendo os resumos dos artigos selecionados na revisão integrativa, gerando um corpus com 17.142 palavras, no qual foi produzida uma nuvem de palavras composta pelas palavras mais frequentes, um gráfico de similitude e um gráfico de classificação hierárquica descendente (CHD). A partir da análise de similitude foi possível identificar a intensidade de ocorrência das palavras e os indícios de ligação entre elas. O gráfico de similitude apresenta uma estrutura em árvore com ramificações; assim, o conteúdo dos resumos selecionados pode ser caracterizado pela identificação das palavras mais utilizadas e pela proximidade entre elas. Para gerar a imagem gráfica visualmente mais legível, a limpeza foi realizada recortando algumas palavras de menor ou nenhuma importância com o contexto e selecionando os termos cujas frequências eram iguais ou superiores a 20. Por fim, aplicou-se a técnica de classificação hierárquica descendente (CHD) para gerar um gráfico contendo o corpus textual dos resumos divididos por agrupamentos de segmentos de texto de acordo com a

similitude dos termos utilizados. O objetivo de toda a análise textual dos resumos foi possibilitar a identificação dos distintos temas mais predominantes abordados nos artigos científicos, organizá-los e, assim, classificá-los para uma melhor interpretação dos temas abordados nas investigações sobre diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura.



Figura 3. Gráfico de similitude com a relação das palavras mais utilizadas nos resumos dos artigos selecionados pela revisão integrativa sobre diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020. **Fonte:** Porto et al. (2023).

A nuvem de palavras (Figura 2) foi formada pelas palavras mais frequentes contidas nos resumos. Quanto maior a frequência da palavra, maior o tamanho da fonte da palavra representada na nuvem. Nesta análise, as cinco palavras que mais se destacaram em ordem decrescente de frequência (n_i) foram “*Salmonella*” (212), “fish” (207), “resistance” (85), “bacteria” (80) e “water” (79), enquanto as demais palavras contidas na nuvem tiveram frequência (n_i) inferior a 64. O maior uso dessas palavras de maior destaque indica que os artigos selecionados enfatizaram *Salmonella* spp. (“*Salmonella*”) como um importante patógeno mantido sob vigilância e investigação microbiológica na cadeia produtiva da aquicultura. Nesse sentido, a palavra “bacteria” geralmente pode apoiar o interesse na segurança microbiológica e alimentos seguros para produtos da aquicultura. O “fish” representou a categoria de peixes mais acometida ou de maior interesse para vigilância microbiológica contra *Salmonella* spp. isso representaria riscos de causar um DTA. As palavras “water” e “resistance” podem representar, respectivamente, o veículo que mais contribui para a disseminação e contaminação silenciosa do patógeno na fase de reprodução e a preocupação com a caracterização dos isolados quanto ao perfil de suscetibilidade ou resistência aos antimicrobianos.

Para análise de similitude, a composição dos resumos dos artigos gerou um gráfico (Figura 3) com as palavras centrais mais frequentes (n_i) “fish” (166), “sample” (151), “isolate” (137), “*Salmonella*” (126) e “study” (95). Os ramos fazem ligações com outras palavras que muitas vezes foram mencionadas simultaneamente nos resumos e, portanto, observa-se sua relação com as respectivas palavras centrais. Dessa forma, foi possível contextualizar e entender como o tema *Salmonella* spp. na aquicultura mostrou-se estruturada nos artigos selecionados pela revisão integrativa.

A coocorrência das palavras “fish”, “water”, “pond” e “bacteria” aponta para peixe de água doce e água, respectivamente, como a categoria de peixe e o meio que mais favorece a dispersão microbiológica; estas foram as palavras mais usadas e analisadas para o diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. O uso da palavra “sample” foi frequentemente seguido de palavras que denotam os relatos dos autores sobre a investigação, detecção e identificação de cepas (“strain”) ou espécies de *Salmonella* (“*S. enterica*”) em diversas amostras de espécies aquícolas, caracterizada pelos termos “seafood”, “shrimp” e “mussel”.

Ao lado da palavra “*Salmonella*_spp.” são “*Escherichia coli*” e “*Enterobacter* spp.”, representando o interesse e relatos dos autores na investigação e diagnóstico microbiológico de outros importantes patógenos bacterianos pertencentes à família Enterobacteriaceae em espécies de aquicultura. Associada a este mesmo contexto está a palavra “*Listeria monocytogenes*”, por se tratar de outro patógeno bacteriano de origem alimentar que causa sérios problemas de importância para a saúde pública.

As ramificações menores associadas ao termo “study” caracterizam de forma mais detalhada os rumos tomados pelos autores em relação ao objeto de investigação (*Salmonella*). Essa afirmação pode ficar mais evidente quando associada ao termo “antimicrobial_resistance”, pois indica que pesquisas têm sido realizadas a respeito do controle de um problema crônico de contaminação. Dessa forma, o termo “isolate” está relacionado a técnicas biomoleculares baseadas na reação em cadeia da polimerase (“PCR”) utilizadas em diagnósticos, bem como a isolados bacterianos com perfil de resistência antimicrobiana ou àqueles submetidos a análises de suscetibilidade ou resistência a grupos de antibióticos. “Tetracyclin” foi o mais relatado pelos autores.

Para auxiliar na identificação dos temas abordados nos artigos selecionados e, assim, verificar as linhas de estudos privilegiadas, foi gerado um gráfico por meio da técnica de classificação hierárquica descendente (CHD). Assim, foram obtidas cinco classes ou linhas de estudo diferentes, agrupando os segmentos de texto com maior semelhança quanto às palavras utilizadas. A Figura 4 e a Figura 5 apresentam os resultados CHD dos resumos incluídos nesta revisão. A classe mais representativa continha 25,4% dos segmentos de texto. A classe menos representativa foi de apenas 13,9%.

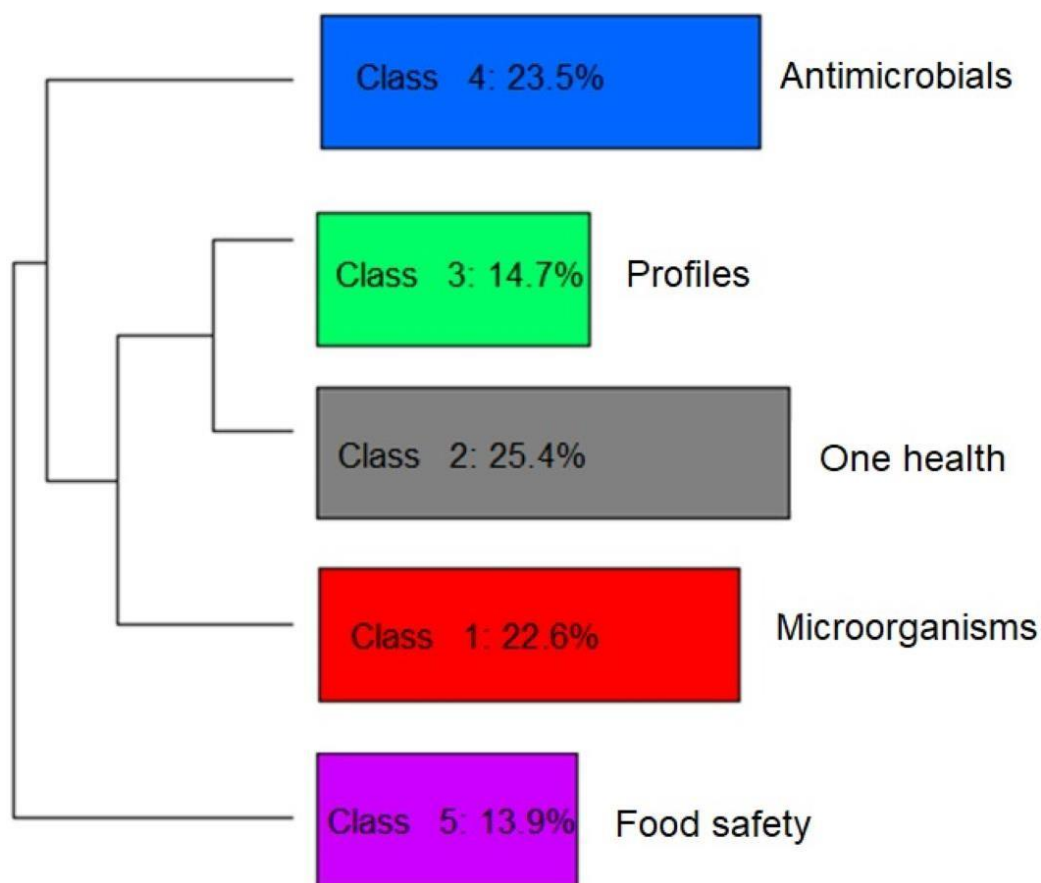


Figura 5. Representação hierárquica e classificação dos cinco grupos formados pela divisão do corpus textual dos resumos dos artigos selecionados pela revisão integrativa sobre diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020, de acordo com a similitude de termos. **Fonte:** Porto et al. 2023.

Em perspectiva, a Figura 4 e a Figura 5 fornecem uma visualização dos termos de cada classe realizada no grafo espacial bidimensional para que seja possível avaliar a composição de cada classe com base no posicionamento e intensidade e no tamanho das palavras. Observe que enquanto as classes 4 e 5 estão mais distantes, cada uma em um quadrante diferente do plano, as demais apresentam algum nível de sobreposição (ver Figura 4), o que indica que compartilham conteúdos comuns. Com base na frequência de ocorrência dos termos em cada classe, foi possível atribuir um nome que sintetiza o significado geral de cada agrupamento de textos (Figura 5).

Foi possível verificar que a classe 5 foi separada das demais, o que implica em uma maior diferenciação de seu conteúdo em relação às demais classes (Figura 5). Outra divisão ocorreu com a separação da classe 4, em seguida, uma nova divisão nas três classes restantes ocorreu com base na grande semelhança entre si.

Na classe 5, destacaram-se palavras como “storage”, “sensory”, “shelf” e “quality” (Figura 4). Essa classe foi denominada “food safety”, contendo termos que mencionam o período que o alimento tem garantia de estar livre de patógenos ou a ação de microrganismos deteriorantes que modificariam a qualidade, tornando-o impróprio para o consumo. Mais distante e diferente da classe 5 está a classe 4, que foi denominada “antimicrobials”, onde os termos mais frequentes foram “resistance”, “resistant”, “ampicillin” junto com vários outros termos que são nomes de outros antimicrobianos. Essa maior diferenciação ocorreu devido aos estudos com foco em testar como os patógenos isolados interagem com a ação de diferentes agentes antimicrobianos.

A classe 1 (“microorganisms”), a classe 2 (“one health”) e a classe 3 (“profiles”) apresentam semelhanças marcantes entre si. O termo “aquaculture” (classe 2) é encontrado juntamente com os termos “food” e “public health”, indicando a importância desta atividade produtiva para a alimentação humana de forma sustentável por meio da prática do cultivo, aliada a políticas de saúde coletiva. Os termos referentes a outros perigos microbiológicos a serem evitados em alimentos provenientes da aquicultura encontram-se na classe 1, por exemplo, “*Staphylococcus aureus*”, “*Aeromonas spp.*” e “*Salmonella spp.*”, indicando outros patógenos potencialmente investigados e isolados em pesquisas em diferentes tipos de amostras. Por outro lado, a classe 3 agrupou termos como “multiple antibiotic resistance”, “prevalence” e “susceptibility”, indicando que é representativa de termos que se referem à ocorrência e perfil microbiológico dos isolados investigados.

Os produtores aquícolas de 37 países localizados em todos os continentes, com exceção da Oceania, deram origem às produções científicas eleitas pela revisão integrativa (Figura 6). Portanto, foi possível observar vigilância contínua de *Salmonella spp.* no setor da aquicultura através das publicações analisadas ao longo dos últimos anos.

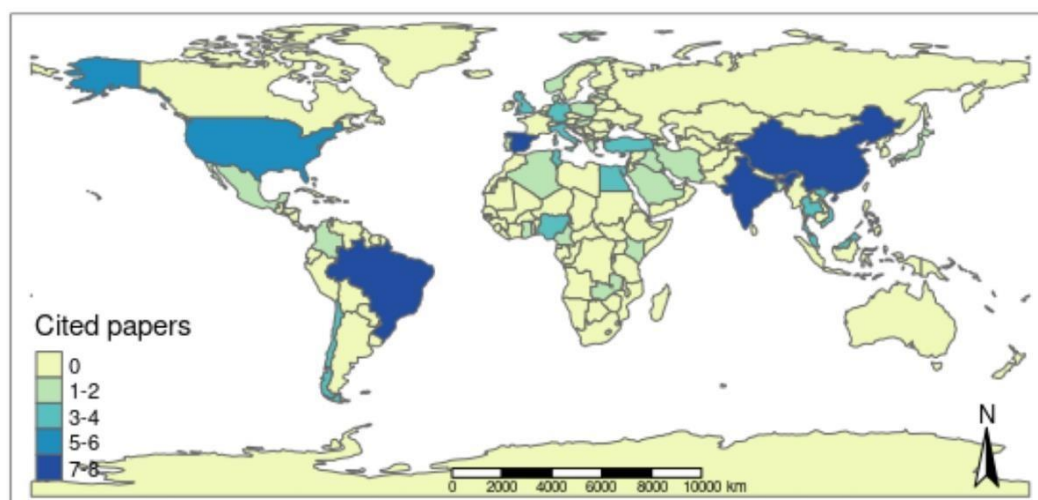


Figura 6. Frequência de artigos científicos selecionados na revisão integrativa sobre diagnóstico microbiológico de *Salmonella spp.* na aquicultura entre 2000 e 2020 por países de diferentes continentes. **Fonte:** Porto et al. 2023.

Dentre todas as nações, o Brasil foi o país com maior número de artigos selecionados pela revisão integrativa, representando 10% dos artigos selecionados (8 artigos). Os países do continente asiático foram responsáveis por 38,75% das publicações (31 artigos), sendo a China (LI et al., 2017; KLASE et al., 2019; BROUGHTON et al., 2009; LI et al., 2019; PAWAR et al., 2020; YANG et al., 2015; ZHANG et al., 2015), a Índia (SURENDRARAJ et al., 2009; KUMAR et al., 2009; KAKATKAR et al., 2011; PATEL et al., 2020; SAHARAN et al., 2020; SHABARINATH et al., 2007; SHAKILA et al., 2012), Malásia (BANERJEE et al., 2012; BUDIATI et al., 2013; SING, et al., 2016), Vietnã (NGUYEN et al., 2016; NOOR UDIN et al., 2015; YEN et al., 2020) e a Tailândia (DHOWLAGHAR et al., 2018; UPADHYAY et al., 2010) tiveram o maior número de publicações eleitas. Os países do continente europeu contribuíram com 25% (20 artigos), o segundo maior percentual de publicações selecionadas, com Espanha (MARTINEZ et al., 2009; ÁLVAREZ et al., 2008; DOMÉNECH et al., 2015; HERNÁNDEZ et al., 2009; MARTINEZ-URTAZA et al., 2005; COSTA et al., 2020), Itália (CARUSO et al., 2004; RUBINI et al., 2018; SMALDONE et al., 2017) e Alemanha

(ATASSANOVA et al., 2008; BRENNER et al., 2009) tendo maior destaque. No continente americano, com percentual de 21,25% (17 artigos), o maior número de publicações selecionadas está no Brasil (PILARSKI et al., 2004; dos SANTOS et al., 2019; ESPOSTO et al., 2007; ARAÚJO et al., 2017; CALIXTO et al., 2016; PALHARES et al., 2014; PASTRO et al., 2019; RIBEIRO et al., 2010), seguidos pelos EUA (ZHAO et al., 2003); AKIYAMA et al., 2011; PAL et al., 2009; PONCE et al., 2008; WANG et al., 2011) e Chile (AUBOURG et al., 2007; DONDERO et al., 2004), enquanto no continente africano com 15% (12 artigos), Egito (ABOU-ELELA et al., 2009; ELSAIDY et al., 2015; MAHMOUD et al., 2016), Nigéria (AKINJOGUNLA et al., 2011; EFUNTOYE et al., 2012), Tunísia (ABBASSI-GHOZZI et al., 2012; BOULARES et al., 2011), Quênia (WANJA et al., 2020; MIRUKA et al., 2013) e Turquia (BINGOL et al., 2008; YILDIRIM et al., 2018) teve o maior número de obras selecionadas. As nações que tiveram 1 publicação eleita foram Argélia (DIB et al., 2018), Bangladesh (MANNAN et al., 2020), Bélgica (HUYS et al., 2007), Camarões (KAKTCHAM et al., 2017), Colômbia (AYAZO-GENES et al., 2019), Dinamarca (KROG et al., 2014), Inglaterra (SAGOO et al., 2007), Gana (AMPOFO et al., 2003), Grécia (ALEXOPOULOS et al., 2011), Hungria (HUDECOVA et al., 2010), Irã (BASTI et al., 2006), Iraque (ALAMEER et al., 2020), Japão (FURUSHITA et al., 2003), Letônia (TERENTJEVA et al., 2015), Líbano (HARAKEH et al., 2006), México (VALENZUELA-ARMENTA et al., 2018), Noruega (NESSE et al., 2005), Polónia (PYZ-LUKASIK et al., 2018), Portugal (ANTUNES et al., 2018), Arábia Saudita (AL-HARBI et al., 2006) e Zâmbia (NTENGWE et al., 2008).

Foi verificada a frequência de publicações científicas entre 2000 e 2020 (Figura 7). Observou-se aumento no número de publicações até 2009 e a partir de 2016; no entanto, não foram observadas tendências gerais de aumento ou diminuição da produção durante todo o período.

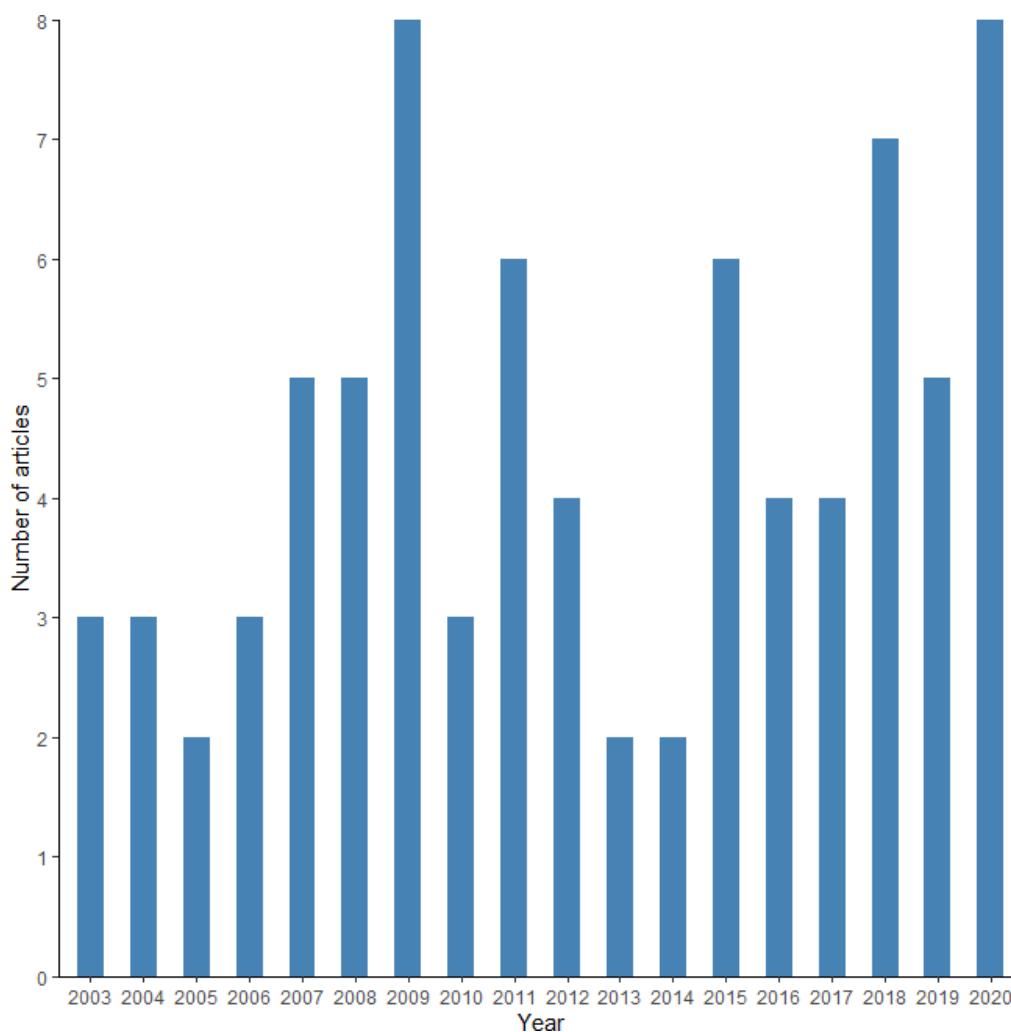


Figura 7. Frequência de artigos científicos sobre diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020 por ano de publicação. **Fonte:** Porto et al. 2023.

Artigos publicados por um período de tempo mais longo dentro do período de cobertura adotado na presente revisão sistemática integrativa foram publicados por Gana (AMPOFO et al., 2003), Japão (FURUSHITA et al., 2003) e EUA (ZHAO et al., 2003) em 2003, enquanto as produções mais recentes foram publicadas pela Índia (PATEL et al., 2020; SAHARAN et al., 2020), Bangladesh (MANNAN et al., 2020), China (PAWAR et al., 2020), Iraque (ALAMEER et al., 2020), Espanha (COSTA et al., 2020) e Vietnã (YEN et al., 2020). Em 2020 e 2009 foram os anos com maior número de publicações (8 artigos), seguido de 2018 (7 artigos), 2015 e 2011 (6 artigos), e 2019, 2008 e 2007 (5 artigos). Não houve produção científica selecionada para esta revisão no período de 2000 a 2002.

3.2. Amostragem e espécies estudadas

Diferentes frequências foram observadas quanto à origem, habitat, espécies de peixes e amostras ambientais coletadas como unidades de análise nos artigos. Em geral, essas variações ocorreram devido aos diferentes objetivos realizados nas pesquisas com *Salmonella* spp. sobre investigação microbiológica e segurança desses alimentos.

A maioria dos artigos coletou amostras de aquicultura (54 artigos) desenvolvidas em água doce (44 artigos), indicando maior interesse em pesquisas científicas na vigilância de *Salmonella* spp. sobre este setor da aquicultura.

No total, 192 espécies animais foram investigadas nos estudos aqui incluídos, incluindo 136 representantes de peixes (76 espécies identificadas), 20 representantes de camarões (8 espécies identificadas) e 36 representantes de moluscos bivalves, outros crustáceos e frutos do mar (18 espécies identificadas). Portanto, o peixe foi a categoria de espécie aquícola mais utilizada para investigações de *Salmonella* spp. nos artigos selecionados, aparecendo em pelo menos 58 artigos, 31 dos quais investigaram apenas amostras de peixes. O camarão esteve presente em 12 artigos, enquanto outras espécies de crustáceos e moluscos bivalves estiveram presentes em 16 artigos. A Figura 8 demonstra algumas das espécies mais relatadas nos artigos.

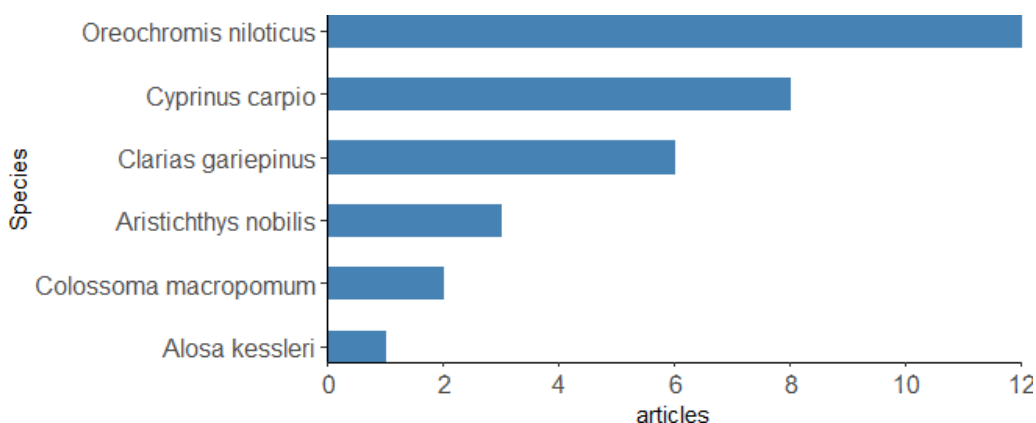


Figura 8. Algumas espécies da aquicultura mais amostradas pelos artigos selecionados na revisão integrativa sobre os diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura entre 2000 e 2020. **Fonte:** Porto et al. 2023.

Entre as espécies de peixes estão *Oreochromis niloticus* (ESPOSTO et al., 2007), *Cyprinus carpio* (ALAMEER et al., 2020), *Salmo salar* (DONDERO et al., 2007; NESSE et al., 2005), *Sparus aurata* (ÁLVAREZ et al., 2008), *Catla catla* (PAWAR et al., 2020), *Colossoma macropomum* (ARAÚJO et al., 2017), *Rachycentron canadum* (SHAKILA et al., 2012), *Dicentrarchus labrax* (COSTA et al., 2020), *Trachurus trachurus* (SMALDONE et al., 2017) e *Oncorhynchus mykiss* (SMALDONE et al., 2017). As espécies de camarão foram *Litopenaeus vannamei* (NOOR UDDIN et al., 2015), *Paeneus monodon* e *P. vannamei* (UPADHYAY et al., 2010). Outras espécies de crustáceos e moluscos bivalves relatados foram *Mytilus edulis* (BRENNER et al., 2009; KROG et al., 2014), *Midye Dolma* (YILDIRIM et al., 2018), *M. galloprovincialis*, *Venerupis pullastra*, *Ruditapes philippinarum*, *Dosinia exoleta* e *Cerastoderma* sp. (MARTINEZ et al., 2009). Menos artigos científicos têm focado em *Salmonella* spp. apenas em amostras ambientais de água (KLASE et al., 2019; PALHARES et al., 2014; ABOU-ELELA et al., 2009; NTENGWE et al., 2008) e sedimentos (AL-HARBI et al., 2006). A descrição das espécies animal investigada nos artigos científicos selecionados pode ser encontrada como Material Suplementar (Tabela Anexo A).

3.3. Metodologias de pesquisa e alíquotas analisadas

Todos os estudos utilizaram metodologias de cultivo microbiológico para investigação e isolamento de *Salmonella* spp., dos quais 21 utilizaram a técnica de PCR e 1 utilizou a técnica de qPCR (KLASE et al., 2019) concomitantemente com o cultivo.

Em geral, nas técnicas de diagnóstico aplicadas, foram realizados testes para determinar as características da colônia, morfologia dos isolados, reação de coloração de Gram, teste de indol, vermelho de metila e testes de Voges-Proskauer, uso de citrato, teste de oxidase, motilidade celular, catalase, hidrogênio produção de sulfeto, utilização de açúcar, redução de nitrato, hidrólise de gelatina, hidrólise de amido e leitura de testes.

Alguns dos estudos (17) relataram a presença de *Salmonella* spp. de acordo com o método padrão ISO 6579 (pré-enriquecimento em água peptonada tamponada, incubação a 41,5 °C por 24 h em BOD, enriquecimento em Rappaport-Vassiliadis (RVS) e com tetracionato Muller-Kauffmann Novobiocin (MKTTn), incubado a 42 °C e 37 °C por 24 h em BOD, respectivamente, seguido de isolamento para colônias vermelhas típicas com centro preto e translúcido com halo vermelho em ágar xilose lisina desoxicolato (XLD) incubadas a 37 °C por 24 h e posteriormente submetidas a confirmações bioquímicas), enquanto 13 estudos relataram o método recomendado pelo Manual Analítico Bacteriológico do FDA.

Outras metodologias recomendadas por órgãos importantes, como a APHA (American Public Health Association) (BASTI et al., 2006; PASTRO et al., 2019; MAHMOUD et al., 2016) e Association of Official Analyst's Chemists (AOAC) (PAWAR et al., 2020; CALIXTO et al., 2016; HARAKEH et al., 2006), também foram utilizadas por pesquisadores em pelo menos seis estudos.

Em relação às técnicas de PCR utilizadas em vinte e um estudos, os principais genes-alvo foram o gene *invA* (ANTUNES et al., 2018; MARTINEZ et al., 2009; PATEL et al., 2020; SAHARAN et al., 2020; SHABARINATH et al., 2007; SING et al., 2016; UPADHYAY et al., 2010; PASTRO et al., 2019; ABBASSI-GHOZZI et al., 2012) e o gene *16S rRNA* (KLASE et al., 2019; COSTA et al., 2020; BOULARES et al., 2011; HUYS et al., 2007; KAKTCHAM et al., 2017; FURUSHITA et al., 2003). Outros alvos, como o gene *rfb* (HARAKEH et al., 2006), *hns* e *invE* (SHABARINATH et al., 2007), e o *fliB-fliA* região intergênica (NGUYEN et al., 2016), também foram utilizadas.

O número de amostras analisadas foi bastante heterogêneo. A publicação com menor número de amostras analisadas foi 2 porções de curry de peixe (SHAKILA et al., 2012), enquanto o estudo com maior número foi de 10.757 amostras de água e moluscos bivalves vivos (RUBINI et al., 2018).

Foi possível verificar que os artigos utilizaram de uma a sete unidades amostrais para análise microbiológica de *Salmonella* spp. (Figura 9), apenas dois artigos estão acima disso (ZHAO et al., 2003; KUMAR et al., 2009). Para melhorar a apresentação na Figura 9, as unidades amostrais foram categorizadas em “ambiente” quando os artigos realizaram análises microbiológicas para *Salmonella* spp. em amostras de água, gelo e sedimentos (PILARSKI et al., 2004; LI et al., 2017; KLASE et al., 2019; AMPOFO et al., 2003; COSTA et al., 2020; MAHMOUD et al., 2016), “corpo” para análise de partes do corpo como concha, cabeça, camarão, carapaça, brânquias, pele, muco e swabs superficiais (LI et al., 2019; SING et al., 2016; YEN et al., 2020), “vísceras” para análise de fígado, rins, baço, intestino, hepatopâncreas, tecido gastrointestinal (NGUYEN et al., 2016; MANNAN et al., 2020; FURUSHITA et al., 2003; NESSE et al., 2005), “tecido” para análise de músculo, filé (fresco, congelado, salgados, defumados e embalados a vácuo), carne, massa de carne, carcaça, sangue e cérebro (ATANASSOVA et al., 2008; ARAÚJO et al., 2017; CALIXTO et al., 2016; DONDERO et al., 2004), “biofoco” (AYAZO-GENES et al., 2019) e “fezes” (dos SANTOS et al., 2019; SAHARAN et al., 2020). A descrição das taxas amostrais analisadas nos artigos científicos selecionados pode ser encontrada como Material Suplementar (Tabela Anexo A).

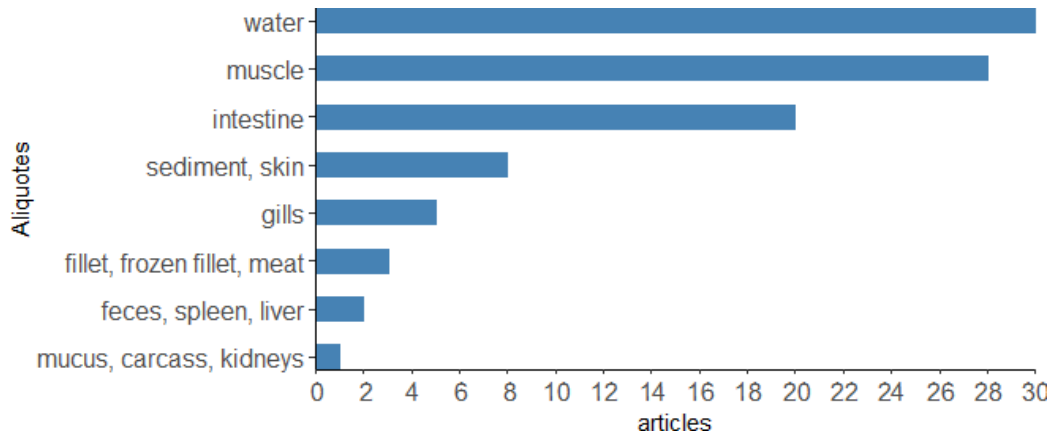


Figura 9. Alíquotas de amostras mais analisadas nos artigos científicos selecionados pela revisão integrativa sobre diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. em aquicultura entre 2000 e 2020. **Fonte:** Porto et al. 2023.

3.4. *Salmonella* spp. positivos

Detecção de *Salmonella* spp. foi positivo em 56 (70%) artigos, enquanto os restantes 24 (30%) não foram detectados. Dentre as amostras positivas para a presença de *Salmonella* spp., os menores percentuais de contaminação detectados foram de 0,93% e 1,43%, representando positividade para apenas uma amostra (BASTI et al., 2006; ALEXOPOULOS et al., 2011). O maior número de positivos detectados foi de 217 isolados (29,7%) (ZHAO et al., 2003). A maioria dos resultados “não detectáveis” está em investigações que utilizam apenas uma unidade amostral (14 artigos).

O número de sorotipos de *Salmonella* identificados em artigos científicos também foi heterogêneo (Figura 10), mas alguns dos produtos (21 artigos) relataram isolamento até o nível de gênero. Apenas um sorotipo de *Salmonella* foi identificado e relatado em alguns artigos científicos, como *S. Dublin* (BASTI et al., 2006), *S. Enteritidis* (WANJA et al., 2020), *S. Saintpaul* (AKIYAMA et al., 2011), *S. Senftenberg* (MARTINEZ-URTADA et al., 2005), *S. Typhimurium* (WANG et al., 2011), *S. Corvallis* (BANERJEE et al., 2012) e *S. Infantis* (GAZAL et al., 2018), enquanto o maior número de sorotipos identificados e relatados no mesmo artigo foi de sessenta e quatro (PONCE et al., 2008). Os sorotipos mais prevalentes encontrados foram *S. Typhimurium* investigado em peixe e músculo de camarão (WANG et al., 2011; FURUSHITA et al., 2003), brânquias e intestino de peixe (SING et al., 2016; EFUNTOYE et al., 2012) e *S. Weltevreden* investigou músculos e vísceras de camarão (NOOR UDDIN et al., 2015), músculo de peixe (KAKATKAR et al., 2011; PONCE et al., 2008), frutos do mar (ZHAO et al., 2003; KUMAR et al., 2009) e músculo de camarão e molusco (PONCE et al., 2008). Uma descrição dos principais sorotipos relatados nos artigos científicos selecionados pode ser encontrada como Material Suplementar (Tabela Anexo A).

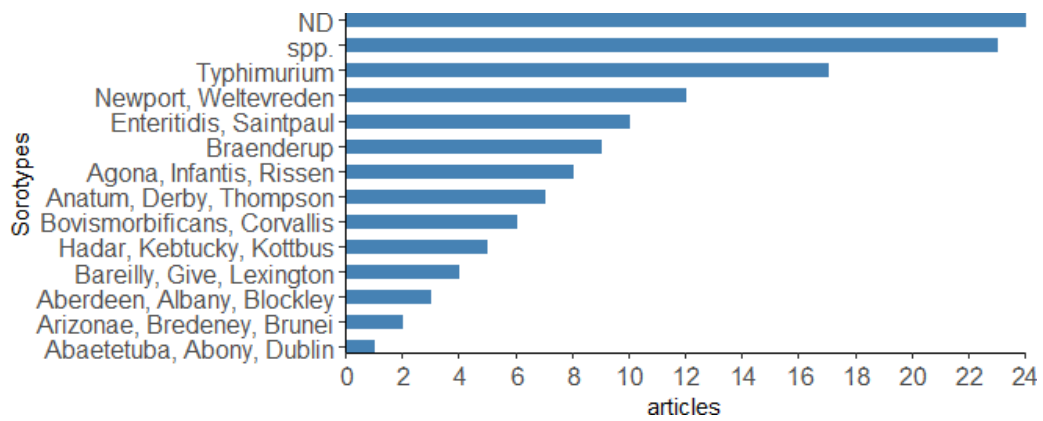


Figura 10. Alguns dos sorotipos de *Salmonella* mais relatados pelos artigos científicos selecionados na revisão integrativa sobre diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. em aquicultura entre 2000 e 2020. Legenda: “ND” — *Salmonella* não detectada; “spp.” — *Salmonella* spp. relatado. **Fonte:** Porto et al. 2023.

4 DISCUSSÃO

A salmonelose é um problema de saúde pública em escala global. Por meio desta revisão sistemática integrativa, foi possível demonstrar a vigilância contínua de *Salmonella* spp. no setor de aquicultura através das publicações analisadas de diferentes países produtores localizados em diferentes continentes ao longo dos anos entre 2000 e 2020 (Figura 6 e Figura 7).

No total, 80 artigos foram incluídos neste estudo após a eliminação daqueles com base nos critérios de elegibilidade, onde os países mais representativos em número de produções foram Brasil, China e Índia. No entanto, não são apenas os países considerados grandes produtores mundiais de aquicultura - como China (LI et al., 2017; LI et al., 2019; YANG et al., 2015), Bangladesh (MANNAN et al., 2020), Chile (AUBOURG et al., 2007), Egito (ABOU-ELELA et al., 2009), Índia (KAKATKAR et al., 2011; SAHARAN et al., 2020), Noruega (NESSE et al., 2005) e Vietnã (NGUYEN et al., 2016) ou mesmo Brasil (dos SANTOS et al., 2019; ARAÚJO et al., 2017; PALHARES et al., 2014), que está em expansão de produção – mas também países com menor relevância na atividade têm feito vigilância de *Salmonella* spp. Este patógeno tem um impacto negativo não só na saúde pública, uma vez que a salmonelose pode ser transmitida através de produtos pesqueiros contaminados, mas também nos índices de produção dos rebanhos, e atua como uma importante barreira sanitária às transações comerciais entre países.

Ressaltando a importância e o interesse de vigilância de *Salmonella* spp., as produções científicas tiveram seus resultados publicados em diversos títulos de periódicos que abrangem diversas áreas do conhecimento – trata-se de um tema essencialmente multidisciplinar que pode abranger diversas áreas relacionadas à saúde (BROUGHTON et al., 2009; UPADHYAY et al., 2010) e ao ambiente (ANTUNES et al., 2018; KLASE 2019; SAGOO et al., 2007), como microbiologia (SURENDRARAJ et al., 2009), produção animal (PILARSKI et al., 2004; CARUSO et al., 2004) e ciência de alimentos (BASTI et al., 2006; ARAÚJO et al., 2017).

A partir da análise textual das palavras mais frequentes e análise de similitude, pode-se inferir, de modo geral, que os estudos selecionados nesta revisão integrativa apresentam referências inerentes ao diagnóstico de patógenos de importância em saúde pública na produção aquícola - este ajuda a entender como manter a vigilância ao relatar o diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. nas espécies aquícolas, onde se destacou o pescado proveniente da produção. Eles também revelam outros aspectos complementares que ajudam a entender o assunto de forma mais ampla. Entre eles está a ligação que os trabalhos fazem com o diagnóstico microbiológico, englobando outros patógenos bacterianos da família Enterobacteriaceae e outros patógenos bacterianos como *Listeria monocytogenes*, também de interesse para a saúde pública, pois também podem se espalhar pela água e causar doenças transmitidas por alimentos contaminados (DTA) - isso mostra que diferentes categorias de peixes também podem abrigar *Salmonella* spp. e, portanto, podem aumentar o risco de surtos de salmonelose em humanos; isolados de *Salmonella* já foram testados quanto ao seu perfil de resistência antimicrobiana devido à consideração de que são uma ameaça à saúde.

Mais da metade dos produtos científicos analisados relatou a presença de *Salmonella* spp. Ao longo dos anos (entre 2000 e 2020), as técnicas clássicas de cultura microbiológica permaneceram ferramentas fundamentais no diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. em peixes (ANTUNES et al., 2018; NOOR UDDIN et al., 2015; DOMÉNECH et al., 2015). Esses dados sugerem que o método de isolamento por cultura ainda é bastante difundido, pois as etapas de análise fornecem uma combinação de fatores favoráveis ao isolamento de células viáveis de *Salmonella* spp., que podem ser

sorotipadas, cultivadas e classificadas quanto às características de virulência, como capacidade de formação de biofilme e resistência antimicrobiana e perfis de suscetibilidade.

O uso de metodologias complementares, como o diagnóstico molecular convencional (ZHAO et al., 2003) ou reação em cadeia da polimerase (PCR) em tempo real (KLASE et al., 2019) para identificar *Salmonella* spp., técnicas como MALDI-TOF-espectrometria de massas (LI et al., 2017; DIB et al., 2018) e MLST (Multilocus Sequence Typing) para sorotipagem foram conduzidos em menor grau nos estudos. Embora o diagnóstico molecular por PCR seja considerado uma técnica mais sensível com as vantagens de não gerar resultados falsos positivos ou falsos negativos (HOLLMANN et al., 2022) e ter um diagnóstico em menor tempo em comparação com as técnicas microbiológicas, há a limitação de não conseguir diferenciar as células viáveis e não viáveis de um patógeno o que inviabiliza posterior isolamento microbiano. Shabarinath et al. (SHABARINATH et al., 2007) investigaram 100 amostras e detectaram *Salmonella* spp. em 20% deles pela técnica de microbiologia convencional, enquanto a técnica de PCR detectou positividade em 52%; em contraste, Hollmann et al. (2022) realizaram técnica de diagnóstico microbiológico após exame de PCR direto das amostras, isolando aproximadamente 74% dos positivos.

Salmonella é um entre muitos outros riscos microbiológicos a serem evitados na produção aquícola (RIBEIRO et al., 2010; EFUNTOYE et al., 2012); portanto, por ser um importante patógeno em saúde pública, foi possível observar a inclusão de *Salmonella* spp. em investigações microbiológicas em aquicultura (WANG et al., 2011; HARAKEH et al., 2006), uma vez que este gênero bacteriano não faz parte da microbiota natural dos peixes, e faltam estudos que possam concluir que os peixes são acometidos por sintomas clínicos que caracterizem infecção. Portanto, mesmo sendo um patógeno da família Enterobacteriaceae, foi possível identificar que *Salmonella* spp. podem sobreviver e se multiplicar em outros locais além do trato gastrointestinal dos peixes (dos SANTOS et al., 2019; COSTA et al., 2020). Nesse sentido, isolados de *Salmonella* têm sido detectados em coleções de água doce ou salgada (ANTUNES et al., 2018; HUYS et al., 2007) em diferentes partes anatômicas externas, como muco, pele e brânquias (LI et al., 2017; AMPOFO et al., 2003; EFUNTOYE et al., 2012) de peixes e produtos alimentícios congelados importados (WANG et al., 2011). Além de mostrar que esses animais são potenciais reservatórios de *Salmonella*, todos esses achados servem como ferramenta básica para medidas de controle ou prevenção a serem tomadas, para evitar a disseminação e contaminação cruzada nos sistemas de criação e produção e, conseqüentemente, prevenir o risco de ocorrência de surtos de salmonelose em humanos.

Os estudos apresentaram diversas opções de unidades de análise de amostras de diferentes categorias de espécies aquícolas para o diagnóstico microbiológico de *Salmonella* spp. Essa falta de uniformidade pode ser explicada pela diferença nos diferentes objetivos da produção ou outros fatores contextuais no país que possam impactar a contaminação microbiana dos produtos da aquicultura a serem mantidos sob vigilância. Existem também diferenças geográficas nos locais de estudo. Fatores relacionados ao desenho do estudo: tipo de amostra utilizada (músculo ou várias outras partes) e tipo de testes utilizados para medir a prevalência bacteriana (microbiologia, PCR) ou concentração provavelmente contribuem para as diferenças observadas.

Os diferentes intervalos de amostras e resultados de prevalência podem ser porque a maioria dos peixes amostrados foram coletados de forma levemente processada em uma fazenda ou mercado, onde as chances de contaminação são altas e podem contribuir para muitos resultados observados nos estudos.

Nos 56 estudos que relataram *Salmonella* positiva, 164 sorotipos foram identificados (Figura 10), com 31 deles citados em pelo menos quatro artigos ou mais. Fatores extrínsecos, como região, ambiente, espécies de produção e tipos de amostras

analisadas nas investigações, são alguns dos fatores que contribuem para a diversidade de sorovares.

S. Typhimurium foi o mais frequentemente identificado em 17 artigos científicos de diferentes países do continente asiático (LI et al., 2019; KAKATKAR et al., 2011; SING et al., 2016; NGUYEN et al., 2016; UPADHYAY et al., 2010; YILDIRIM et al., 2018; FURUSHITA et al., 2003), países da América do Norte e do Sul (PALHARES et al., 2014; WANG et al., 2011) e países africanos (EFUNTOYE et al., 2012), e foi isolado de água doce (PALHARES et al., 2014), músculo, intestino e brânquias de peixes de água doce (KAKATKAR et al., 2011; EFUNTOYE et al., 2012), peixes marinhos (FURUSHITA et al., 2003) e outros frutos do mar (ZHAO et al., 2003; KUMAR et al., 2009). É o sorotipo que mais comumente causa salmonelose entre os sorotipos não tifóides (AO et al., 2015) e foi relatado como o sorovar dominante causando infecção humana na China (WANG et al., 2022). Também pode ser isolado de animais de diferentes setores da pecuária, como suínos, bovinos e frangos (WALLIS et al., 2005). Esses resultados concordam com as análises realizadas por Ferrari et al. (2019), em que o sorotipo *S. Typhimurium* apresentou perfil cosmopolita, sendo o mais prevalente e disseminado mundialmente e sendo considerado um exemplo de sorotipo generalista por diversas matrizes alimentares (bovina, suína, frango e peixe), mas principalmente pela carne suína. Em pesquisa recente, Wang et al. (2022) relatou que *S. Enteritidis*, *S. Derby*, *S. Typhimurium*, *S. Thompson* e *S. Aberdeen* foram os sorovares mais comuns detectados em galinhas, porcos, patos, produtos aquáticos e tartarugas, respectivamente.

S. Weltevreden foi o segundo sorotipo mais relatado em artigos científicos de países da Ásia (LI et al., 2017; KAKATKAR et al., 2011; NGUYEN et al., 2016; UPADHYAY et al., 2010) e América do Norte (PONCE et al., 2008), estando intimamente associado à aquicultura de peixes de água doce (LI et al., 2017), camarões marinhos (NOOR UDDIN et al., 2015; UPADHYAY et al., 2010) e vários frutos do mar importados para os EUA (ZHAO et al., 2003; PONCE et al., 2008). Este sorotipo apresenta importância global em frutos do mar e é mais prevalente no sul e sudeste da Ásia (FERRARI et al., 2019); no entanto, em um estudo recente usando mais de 35.000 *Salmonella enterica* isolados para explorar a dinâmica temporal e espacial dos sorovares dominantes na China, os autores descobriram que *S. Typhimurium* é o sorovar dominante (WANG et al., 2022). Em menor grau, esse sorotipo tem sido a causa de surtos na América do Norte (JACKSON et al., 2013). Ferrari et al. (2019) sugeriram que as importações de peixes da Ásia também podem ter importado esse patógeno, pois em sua análise não havia evidências de que *S. Weltevreden* fosse nativo da América do Norte. Na presente revisão, foram selecionados dois artigos com amostras de frutos do mar importados para os EUA relatando a presença de *S. Weltevreden* (ZHAO et al., 2003; PONCE et al., 2008). Este é um exemplo clássico de transmissão de patógenos de regiões distantes, obrigando ao aprimoramento das medidas de controle higiênico-sanitário.

S. Newport também foi o segundo sorotipo mais relatado em artigos científicos da China (YANG et al., 2015; ZHANG et al., 2015), Índia (KUMAR et al., 2009; SHABARINATH et al., 2007) e EUA (ZHAO et al., 2003) em amostras de frutos do mar. Sua maior prevalência foi detectada na América do Norte, sendo um patógeno transmissível ao homem principalmente pelo consumo de frutos do mar (FERRARI et al., 2019). No entanto, Zhao et al. (2003) relataram a detecção de *S. Newport* de vários frutos do mar importados de 38 países.

Outros sorotipos relatados, como *S. Stanley* (8), *S. Kentucky* e *S. Hadar* (5) e *S. Heidelberg* (2), também foram discutidos anteriormente em relatórios da FSA e NARMS como sendo importantes na causa de salmonelose em humanos (EFSA, 2015; CDC, 2015).

Todos os sorotipos precisam ser mantidos sob vigilância, pois os produtos da aquicultura se tornaram fontes potenciais de disseminação de *Salmonella* spp. Durante

todo o período que compreende a produção (fases de criação, captura ou remoção, processamento e comercialização), os produtos da pesca estão sujeitos à contaminação por microrganismos patogênicos naturalmente presentes no meio aquático e outros oportunistas introduzidos através de dejetos animais e humanos durante o processamento e/ou preparo da cadeia produtiva (AMAGLIANI et al., 2012).

5 CONCLUSÕES

A análise descritiva dos dados extraídos de artigos científicos possibilitou gerar informações do ponto de vista qualitativo e quantitativo sobre os diagnósticos microbiológicos de *Salmonella* spp. na aquicultura durante os anos selecionados.

Foi possível verificar uma grande variedade de periódicos nos quais os artigos foram publicados, sendo a área de ciência de alimentos o tema com maior concentração de artigos.

A análise textual dos resumos organizou e classificou cinco temas principais que se correlacionam com *Salmonella* spp. na aquicultura ligada a temas como segurança alimentar e saúde pública; entretanto, observou-se a ausência de palavras ou conjunto de termos obtidos na nuvem de palavras e na análise de similitude e classificação hierárquica descendente (CHD) que se referem a medidas de prevenção ou controle da contaminação de peixes. Aparentemente, os estudos incluídos estavam mais voltados para a caracterização do problema (investigação da ocorrência, amostragem de espécies aquícolas, identificação e caracterização do perfil dos isolados) do que na busca de estratégias para mitigar os riscos de contaminação na aquicultura.

De maneira geral, foi possível observar pelo número de publicações anuais que não houve tendência de aumento ou diminuição na vigilância de *Salmonella* spp. na aquicultura ao longo dos anos; no entanto, há um número constante de publicações sobre o assunto. Nesse sentido, o interesse em monitorar *Salmonella* spp. pelo diagnóstico microbiológico clássico foi mostrado mundialmente, com artigos publicados em vários países em quase todos os continentes (não houve artigos selecionados de países da Oceania). Os países asiáticos são considerados os maiores produtores de aquicultura do mundo e foram as nações que tiveram mais artigos científicos selecionados por esta revisão.

Por ser um produto pesqueiro menos processado e mais sujeito à contaminação microbiológica, observou-se que a maior parte da amostragem foi proveniente da atividade aquícola. Vários tipos de categorias de peixes e amostras ambientais foram analisados pelos artigos, mas o peixe foi a espécie mais amostrada nos estudos. *Salmonella* spp. foi detectado em diferentes unidades de análise e em diferentes partes anatômicas dos peixes em amostras de água de aquicultura e sedimentos, sugerindo que o patógeno se adapta a vários ambientes favoráveis à multiplicação e, conseqüentemente, à contaminação.

As técnicas convencionais de diagnóstico microbiológico utilizadas nos artigos, por vezes apoiadas por PCR, foram unânimes e têm demonstrado eficácia em termos de vigilância.

A maioria dos isolados detectados foi identificada até o nível de gênero; no entanto, foi possível verificar muitos sorotipos relatados, o que ajudou a entender melhor o processo epidemiológico na aquicultura.

Nossa pesquisa não incluiu a caracterização genotípica de *Salmonella* nos critérios de elegibilidade. Encorajamos a realização de novas revisões com foco nas características moleculares da *Salmonella*.

Por fim, os resultados aqui obtidos podem contribuir para a promoção de novos estudos que investiguem estratégias de controle e prevenção de *Salmonella* spp. na produção de peixes, visto que foi observada a necessidade de aumentar os estudos com esse foco.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABBASSI-GHOZZI, I.; JAOUANI, A.; HAMMAMI, S.; MARTINEZ-URTAZA, J.; BOUDABOUS, A.; GTARI, M. Molecular analysis and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolates recovered from raw meat marketed in the area of “Grand Tunis”, Tunisia. *Pathol. Biol.* **2012**, *60*, e49–e54. <https://doi.org/10.1016/j.patbio.2011.07.005>.

ABOU-ELELA, G.M.; EL-SERSY, N.A.; ABD-ELNABY, H.; WEFKY, S.H. Distribution and biodiversity of fecal indicators and potentially harmful pathogens in North Delta (Egypt). *Aust.J. Basic Appl. Sci.* **2009**, *3*, 3374–3385.

AKINJOGUNLA, O.J.; INYANG, C.U.; AKINJOGUNLA, V.F. Bacterial species associated with anatomical parts of fresh and smoked Bonga fish (*Ethmalosa fimbriata*): Prevalence and susceptibility to cephalosporins. *Res. J. Microbiol.* **2011**, *6*, 87–97. <https://doi.org/10.3923/jm.2011.87.97>.

AKIYAMA, T.; KHAN, A.A.; CHENG, C.-M.; STEFANOVA, R. Molecular characterization of *Salmonella enterica* serovar Saintpaul isolated from imported seafood, pepper, environmental and clinical samples. *Food Microbiol.* **2011**, *28*, 1124–1128. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2011.03.003>.

AL-HARBI, A.H.; UDDIN, M.N. Seasonal changes in bacterial flora of fish pond sediments in Saudi Arabia. *J. Appl. Aquac.* **2006**, *18*, 35–45. https://doi.org/10.1300/J028v18n02_03.

ALAMEER, A.H.A.; ATSHAN, O.F.; MAHMOOD, M.M.; AL-JEWARI, W.M.; MOHAMMED, A.A. Detection of *Salmonella* species in viscera of Carp fish. *Plant Arch.* **2020**, *20*, 2683–2686.

ALEXOPOULOS, A.; PLESSAS, S.; VOIDAROU, C.; NOUSSIAS, H.; STAVROPOULOU, E.; MANTZOURANI, I.; TZORA, A.; SKOUFOS, I.; BEZIRTZOGLU, E. Microbial ecology of fish species on-growing in Greek sea farms and their watery environment. *Anaerobe* **2011**, *17*, 264–266. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2011.03.003>.

ALI, A.; PARISI, A.; CONVERSANO, M.C.; IANNACCI, A.; D’EMILIO, M.C.; MERCURIO, V.; NORMANNO, G. Food-borne bacteria associated with seafoods: A brief review. *J. Food Qual. Hazards Control.* **2020**, *7*, 4–10. <https://doi.org/10.18502/jfqhc.7.1.2446>.

ÁLVAREZ, A.; GARCÍA GARCÍA, B.; GARRIDO, M.D.; HERNÁNDEZ, M.D. The influence of starvation time prior to slaughter on the quality of commercial-sized gilthead seabream (*Sparus aurata*) during ice storage. *Aquaculture* **2008**, *284*, 106–114. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2008.07.025>.

AMAGLIANI, G.; BRANDI, G.; SCHIAVANO, G.F. Incidence and role of *Salmonella* in seafood safety. *Food Res. Int.* **2012**, *45*, 780–788. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.06.022>.

AMPOFO, J.A.; CLERK, G.C. Diversity of bacteria in sewage treatment plant used as fish culture pond in southern Ghana. *Aquac. Res.* **2003**, *34*, 667–675.

ANTUNES, P.; CAMPOS, J.; MOURÃO, J.; PEREIRA, J.; NOVAIS, C.; PEIXE, L. Inflow water is a major source of trout farming contamination with *Salmonella* and multidrug resistant bacteria. *Sci. Total Environ.* **2018**, *642*, 1163–1171. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.06.143>.

AO, T.T.; FEASEY, N.A.; GORDON, M.A.; KEDDY, K.H.; ANGULO, F.J.; CRUMP, J.A. Global burden of invasive nontyphoidal *Salmonella* disease, 2010. *Emerg. Infect. Dis.* **2015**, *21*, 941–949. <https://doi.org/10.3201/eid2106.140999>.

ARAÚJO, W.S.C.; DE LIMA, C.L.S.; PEIXOTO JOELE, M.R.S.; LOURENÇO, L.D.F.H. Development and Application of the Quality Index Method (QIM) for Farmed Tambaqui (*Colossoma macropomum*) Stored Under Refrigeration. *J. Food Saf.* **2017**, *37*, e12288. <https://doi.org/10.1111/jfs.12288>.

ATANASSOVA, V.; REICH, F.; KLEIN, G. Microbiological quality of Sushi from Sushi bars and retailers. *J. Food Prot.* **2008**, *71*, 860–864.

AUBOURG, S.P.; QUITRAL, V.; LARRAÍN, M.A.; RODRÍGUEZ, A.; GÓMEZ, J.; MAIER, L.; VINAGRE, J. Autolytic degradation and microbiological activity in farmed Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) during chilled storage. *Food Chem.* **2007**, *104*, 369–375. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2006.11.066>.

AYAZO-GENES, J.; PERTUZ-BUELVAS, V.; JIMENEZ-VELASQUEZ, C.; ESPINOSA-ARAUJO, J.; ATENCIO-GARCIA, V.; PRIETO-GUEVARA, M. Describing the planktonic and bacterial communities associated with bocachico *Prochilodus magdalenae* fish culture with biofloc technology. *Rev. Mvz Cordoba* **2019**, *24*, 7209–7217. <https://doi.org/10.21897/rmvz.1648>.

BANERJEE, S.; OOI, M.C.; SHARIFF, M.; KHATOON, H. Antibiotic resistant *Salmonella* and *Vibrio* associated with farmed *Litopenaeus vannamei*. *Sci. World J.* **2012**, *2012*, 130136. <https://doi.org/10.1100/2012/130136>.

BASTI, A.A.; MISAGHI, A.; SALEHI, T.Z.; KAMKAR, A. Bacterial pathogens in fresh, smoked and salted Iranian fish. *Food Control* **2006**, *17*, 183–188. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2004.10.001>.

BINGOL, E.B.; COLAK, H.; HAMPIKYAN, H.; MURATOGLU, K. The microbiological quality of stuffed mussels (*Midye Dolma*) sold in Istanbul. *Br. Food J.* **2008**, *110*, 1079–1087. <https://doi.org/10.1108/00070700810917992>.

BOOTH, A.; NOYES, J.; FLEMMING, K.; GERHARDUS, A.; WAHLSTER, P.; VAN DER WILT, G.J.; MOZYGEMBA, K.; REFOLO, P.; SACCHINI, D.; TUMMERS, M.; et al. *Guidance on Choosing Qualitative Evidence Synthesis Methods for Use in Health Technology Assessments of Complex Interventions*; Integrate-HTA: Bremen (DE), Germany, 2016.

BOUCHET-VALAT, M. SnowballC: Snowball Stemmers Based on the C ‘libstemmer’ UTF-8 Library. R Package Version 0.7.0. 2020. Available online: <https://CRAN.R-project.org/package=SnowballC> (accessed on 18 October 2020).

BOULARES, M.; MEJRI, L.; HASSOUNA, M. Study of the Microbial Ecology of Wild and Aquacultured Tunisian Fresh Fish. *J. Food Prot.* **2011**, *74*, 762–1768. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-11-057>.

BRENNER, M.; RAMDOHR, S.; EFFKEMANN, S.; STEDE, M. Key parameters for the consumption suitability of offshore cultivated blue mussels (*Mytilus edulis* L.) in the German Bight. *Eur. Food Res. Technol.* **2009**, *230*, 255–267. <https://doi.org/10.1007/s00217-009-1159-0>.

BROUGHTON, E.I.; WALKER, D.G. Prevalence of Antibiotic-Resistant *Salmonella* in Fish in Guangdong, China. *Foodborne Pathog. Dis.* **2009**, *6*, 519–521. <https://doi.org/10.1089/fpd.2008.0196>.

BUDIATI, T.; RUSUL, G.; WAN-ABDULLAH, W.N.; ARIP, Y.M.; AHMAD, R.; THONG, K.L. Prevalence, antibiotic resistance and plasmid profiling of *Salmonella* in catfish (*Clarias gariepinus*) and tilapia (*Tilapia mossambica*) obtained from wet markets and ponds in Malaysia. *Aquaculture* **2013**, *372–375*, 127–132. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.11.003>.

CALIXTO, F.A.A.; MACHADO, E.D.S.; FRANCO, R.M.; DE MESQUITA, E.D.F. Bacteriological evaluation of fresh, salted and smoked Cobia meat from fish culture of Ilha Grande bay, Rio de Janeiro state, Brazil. *Bol. Inst. Pesca* **2016**, *42*, 209–215. <https://doi.org/10.5007/1678-2305.2016v42n1p209>.

CARUSO, G.; MAIMONE, G.; MANCUSO, M.; MODICA, A.; Genovese, L. Microbiological controls across the productive cycle of *Dicentrarchus labrax* L. and *Sparus aurata* L.: A study from the environment to the final product. *Aquac. Res.* **2004**, *35*, 184–193.

CASANOVA, L.M.; SOBSEY, M.D. Antibiotic-Resistant Enteric Bacteria in Environmental Waters. *Water* **2016**, *8*, 561. <https://doi.org/10.3390/w8120561>.

Centers for Disease Control and Prevention; National Center for Infectious Diseases; Division of Bacterial and Mycotic Diseases; Foodborne and Diarrheal Diseases Branch. *Human Isolates Surveillance Report*; Enteric Diseases Epidemiology Branch, Division of Foodborne, Bacterial, and Mycotic Diseases, National Center for Zoonotic, Vector-Borne, and Enteric Diseases, Centers for Disease Control and Prevention: Atlanta, GA, USA, 2015.

COSTA, J.C.C.P.; FLORIANO, B.; VILLEGAS, I.M.B.; RODRÍGUEZ-RUIZ, J.P.; POSADA-IZQUIERDO, G.D.; ZURERA, G.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, F. Study of the microbiological quality, prevalence of foodborne pathogens and product shelf-life of Gilthead sea bream (*Sparus aurata*) and Sea bass (*Dicentrarchus labrax*) from aquaculture in estuarine ecosystems of Andalusia (Spain). *Food Microbiol.* **2020**, *90*, 103498. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2020.103498>.

DHOWLAGHAR, N.; ABEYSUNDARA, P.D.A.; NANNAPANENI, R.; SCHILLING, M.W.; CHANG, S.; CHENG, W.H.; SHARMA, C.S. Biofilm formation by *Salmonella* spp. in catfish mucus extract under industrial conditions. *Food Microbiol.* **2018**, *70*, 172–180. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2017.09.016>.

DIB, A.L.; AGABOU, A.; CHAHED, A.; KUREKCI, C.; MORENO, E.; ESPIGARES, M.; ESPIGARES, E. Isolation, molecular characterization and antimicrobial resistance of enterobacteriaceae isolated from fish and seafood. *Food Control* **2018**, *88*, 54–60.

<https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2018.01.005>.

DOMÉNECH, E.; JIMENEZ-BELENGUER, A.; AMOROS, J.A.; FERRUS, M.A.; ESCRICHE, I. Prevalence and antimicrobial resistance of *Listeria monocytogenes* and *Salmonella* strains isolated in ready-to-eat foods in Eastern Spain. *Food Control* **2015**, *47*, 120–125. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2014.06.043>.

DONDERO, M.; CISTERNAS, F.; CARVAJAL, L.; SIMPSON, R. Changes in quality of vacuum-packed cold-smoked salmon (*Salmo salar*) as a function of storage temperature. *Food Chem.* **2004**, *87*, 543–550. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2004.01.005>.

DOS SANTOS, R.R.; XAVIER, R.G.C.; DE OLIVEIRA, T.F.; LEITE, R.C.; FIGUEIREDO, H.C.P.; LEAL, C.A.G. Occurrence, genetic diversity, and control of *Salmonella enterica* in native Brazilian farmed fish. *Aquaculture* **2019**, *501*, 304–312. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.11.034>.

DRÓZDŹ, M.; MAŁASZCZUK, M.; PALUCH, E.; PAWLAK, A. Zoonotic potential and prevalence of *Salmonella* serovars isolated from pets. *Infect. Ecol. Epidemiol.* **2021**, *11*, 1975530. <https://doi.org/10.1080/20008686.2021>.

EFUNTOYE, M.O.; OLURIN, K.B.; JEGEDE, G.C. Bacterial flora from healthy *clarias gariepinus* and their antimicrobial resistance pattern. *Adv. J. Food Sci. Technol.* **2012**, *4*, 121–128.

ELSAIDY, N.; ABOUELENIEN, F.; KIRRELLA, G.A.K. Impact of using raw or fermented manure as fish feed on microbial quality of water and fish. *Egypt. J. Aquat. Res.* **2015**, *41*, 93–100. <https://doi.org/10.1016/j.ejar.2015.01.002>.

ESPOSTO, E.M.; SILVA, W.C.P.; REIS, C.M.F.; REIS, E.M.F.; RIBEIRO, R.V.; RODRIGUES, D.P.; LÁZARO, N.S. Enteropatógenos bacterianos em peixes criados em uma estação de reciclagem de nutrientes e no ecossistema relacionado. *Pesqui. Veterinária Bras.* **2007**, *27*, 144–148.

European Food Safety Authority (EFSA); European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2013. *EFSA J.* **2015**, *13*, 3991.

FARIKOSKI, I.; MEDEIROS, L.; CARVALHO, Y. K.; ASHFORD, D.; FIGUEIREDO, E. E. S.; FERNANDES, D. V. G. S.; SILVA, P. J.; RIBEIRO, V. The urban and rural capybaras (*Hydrochoerus hydrochaeris*) as reservoir of *Salmonella* in the western Amazon, Brazil. PESQUISA VETERINÁRIA BRASILEIRA (ONLINE), v. 39, p. 66-69, 2019. <https://www.scielo.br/j/pvb/a/dJqLpTdYwXrPKpm9jxhHzBG/?lang=en>

FEINERER, I.; HORNIK, K. tm: Text Mining Package. R Package Version 0.7-8. 2020.

Available online: <https://CRAN.R-project.org/package=tm> (accessed on 18 October 2020).

FELLOWS, I. Wordcloud: Word Clouds. R Package Version 2.6. 2018. Available online: <https://CRAN.R-project.org/package=wordcloud> (accessed on 18 October 2020).

FERNANDES, D.V.G.S.; CASTRO, V.S.; CUNHA NETO, A.; FIGUEIREDO, E.E.S. *Salmonella* spp. in the fish production chain: A review. *Ciência Rural* **2018**, *48*, e20180141. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20180141>.

FERRARI, R.G.; ROSARIO, D.K.A.; CUNHA-NETO, A.; HAND, S.B.; FIGUEIREDO, E.E.S.; CONTE-JUNIOR, C.A. Worldwide Epidemiology of *Salmonella* Serovars in Animal-Based Foods: A Meta-analysis. *Appl. Environ. Microbiol.* **2019**, *85*, e00591-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.00591-19>.

FURUSHITA, M.; SHIBA, T.; MAEDA, T.; YAHATA, M.; KANEOKA, A.; TAKAHASHI, Y.; TORII, K.; HASEGAWA, T.; OHTA, M. Similarity of tetracycline resistance genes isolated from fish farm bacteria to those from clinical isolates. *Appl. Environ. Microbiol.* **2003**, *69*, 5336–5342. <https://doi.org/10.1128/AEM.69.9.5336-5342.2003>.

GAZAL, L.E.S.; BRITO, K.C.T.; CAVALLI, L.S.; KOBAYASHI, R.K.T.; NAKAZATO, G.; OTUTUMI, L.K.; CUNHA, A.C.; NETO, J.A.S.P.; BRITO, B.G. *Salmonella* sp. in fish—What is the importance for health in fish farm? *Pesqui. Agropecuária Gaúcha* **2018**, *24*, 55–64. ISSN online: 2595- 7686.

HARAKEH, S.; YASSINE, H.; EL-FADEL, M. Antimicrobial-resistant patterns of *Escherichia coli* and *Salmonella* strains in the aquatic Lebanese environments. *Environ. Pollut.* **2006**, *143*, 269–277. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2005.11.027>.

HERNÁNDEZ, M.D.; LÓPEZ, M.B.; ÁLVAREZ, A.; FERRANDINI, E.; GARCÍA GARCÍA, B.; GARRIDO, M.D. Sensory, physical, chemical and microbiological changes in aquacultured meagre (*Argyrosomus regius*) fillets during ice storage. *Food Chem.* **2009**, *114*, 237–245. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2008.09.045>.

HOLLMANN, I.; LINGENS, J.B.; WILKE, V.; HOMANN, C.; TEICH, K.; BUCH, J.; CHUPPAVA, B.; VISSCHER, C. Epidemiological Study on *Salmonella* Prevalence in Sow Herds Using Direct and Indirect Detection Methods. *Microorganisms* **2022**, *10*, 1532. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10081532>.

HUDECOVA, K.; BUCHTOVA, H.; STEINHAUSEROVA, I. The Effects of Modified Atmosphere Packaging on the Microbiological Properties of Fresh Common Carp (*Cyprinus carpio* L.). *Acta Vet. Brno* **2010**, *79*, S93–S100. <https://doi.org/10.2754/avb201079S9S093>.

HUYS, G.; BARTIE, K.; CNOCKAERT, M.; HOANG OANH, D.T.; PHUONG, N.T.; SOMSIRI, T.; CHINABUT, S.; YUSOFF, F.M.; SHARIFF, M.; GIACOMINI, M.; et al. Biodiversity of chloramphenicol-resistant mesophilic heterotrophs from Southeast Asian aquaculture environments. *Res. Microbiol.* **2007**, *158*, 228–235. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2006.12.011>.

JACKSON, B.R.; GRIFFIN, P.M.; COLE, D.; WALSH, K.A.; CHAI, S.J. Outbreak-associated *Salmonella enterica* serotypes and food Commodities, United States, 1998–2008. *Emerg. Infect. Dis.* **2013**, *8*, 1239–1244. <https://doi.org/10.3201/eid1908.121511>.

KAKATKAR, A.S.; PANSARE, L.S.; GAUTAM, R.K.; SHASHIDHAR, R.; KARANI, M.; BANDEKAR, J.R. Molecular characterization of antibiotic resistant *Salmonella* isolates from Indian foods. *Food Res. Int.* **2011**, *44*, 3272–3275. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.09.014>.

KAKTCHAM, P.M.; TEMGOUA, J.-B.; NGOUFACK ZAMBOU, F.; DIAZ-RUIZ, G.; WACHER, C.; PÉREZ-CHABELA, M.L. Quantitative analyses of the bacterial microbiota of rearing environment, tilapia and common carp cultured in earthen ponds and inhibitory activity of its lactic acid bacteria on fish spoilage and pathogenic bacteria. *World J. Microbiol. Biotechnol.* **2017**, *33*, 32. <https://doi.org/10.1007/s11274-016-2197-y>.

KLASE, G.; LEE, S.; LIANG, S.; KIM, J.; ZO, Y.-G.; LEE, J. The microbiome and antibiotic resistance in integrated fishfarm water: Implications of environmental public health. *Sci. Total Environ.* **2019**, *649*, 1491–1501. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.08.288>.

KODAMA, H.; NAKANISHI, Y.; YAMAMOTO, F.; MIKAMI, T.; IZAWA, H.; IMAGAWA, T.; HASHIMOTO, Y.; KUDO, N. *Salmonella arizonae* isolated from a pirarucu, *Arapaima gigas* Cuvier, with septicaemia. *J. Fish Dis.* **1987**, *10*, 509–512. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2761.1987.tb01103.x>.

KROG, J.S.; LARSEN, L.E.; SCHULTZ, A.C. Enteric porcine viruses in farmed shellfish in Denmark. *Int. J. Food Microbiol.* **2014**, *186*, 105–109. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2014.06.012>.

KUMAR, R.; SURENDRAN, P.K.; THAMPURAN, N. Detection and characterization of virulence factors in lactose positive and lactose negative *Salmonella* serovars isolated from seafood. *Food Control* **2009**, *20*, 376–380. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2008.06.005>.

LI, K.; PETERSEN, G.; BARCO, L.; HVIDTFELDT, K.; LIU, L.; DALSGAARD, A. *Salmonella* Weltevreden in integrated and non-integrated tilapia aquaculture systems in Guangdong, China. *Food Microbiol.* **2017**, *65*, 19–24. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2017.01.014>.

LI, Y.; PEI, X.; YAN, J.; LIU, D.; ZHANG, H.; YU, B.; LI, N.; YANG, D. Prevalence of foodborne pathogens isolated from retail freshwater fish and shellfish in China. *Food Control* **2019**, *99*, 131–136. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2018.12.024>.

MAHMOUD, M.A.; ABDELSALAM, M.; MAHDY, O.A.; EL MINI AWY, H.M.F.; AHMED, Z.A.M.; OSMAN, A.H.; MOHAMED, H.M.H.; KHATTAB, A.M.; ZAKI EWISS, M.A. Infectious bacterial pathogens, parasites and pathological correlations of sewage pollution as an important threat to farmed fishes in Egypt. *Environ. Pollut.* **2016**, *219*, 939–948. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2016.09.044>.

MARTINEZ, O.; RODRIGUEZ-CALLEJA, J.M.; SANTOS, J.A.; OTERO, A.; GARCIA-LOPEZ, M.L. Foodborne and Indicator Bacteria in Farmed Molluscan Shellfish before and after Depuration. *J. Food Prot.* **2009**, *72*, 1443–1449.

MARTINEZ-URTAZA, J.; LIEBANA, E. Use of pulsed-field gel electrophoresis to characterize the genetic diversity and clonal persistence of *Salmonella senftenberg* in mussel processing facilities. *Int. J. Food Microbiol.* **2005**, *105*, 153–163. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2005.04.006>.

MANNAN, M.; ISLAM, S.R.; OSMAN, M.H.; RAHMAN, M.K.; UDDIN, M.N.; KAMAL, M.; REZA, M.S. Antibacterial activity of oxytetracycline on microbial ecology of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) gastrointestinal tract under laboratory condition. *Aquac. Res.* **2020**, *51*, 2125–2133. <https://doi.org/10.1111/are.14563>.

- MCCOY, E.; MORRISON, J.; COOK, V.; JOHNSTON, J.; EBLEN, D.; GUO, C. Foodborne agents associated with the consumption of aquaculture catfish. *J. Food Prot.* **2011**, *74*, 500–516. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-10-341>.
- MELETIADIS, A.; BIOLATTI, C.; MUGETTI, D.; ZACCARIA, T.; CIPRIANI, R.; PITTI, M.; DECASTELLI, L.; CIMINO, F.; DONDO, A.; MAURELLA, C.; et al. Research on exposure to reptile-associated salmonellosis (RAS) in the Piedmont region of Italy. *Animals* **2022**, *12*, 906. <https://doi.org/10.3390/ani12070906>.
- MIRUKA, D.O.; OCHIENG, J.O.; WERE, J.W.; WAINDI, E.N. Microbial assessment of selected earthen fish ponds in western Kenya. *Ecohydrol. Hydrobiol.* **2013**, *13*, 261–266. <https://doi.org/10.1016/j.ecohyd.2013.10.005>.
- MISHRA, P.; PANDEY, C.; SINGH, U.; GUPTA, A.; SAHU, C.; KESHRI, A. Descriptive statistics and normality tests for statistical data *Annals of Cardiac Anesthesia*. *Ann. Card. Anaesth.* **2019**, *22*, 67–72. https://doi.org/10.4103/aca.ACA_157_18.
- NAHM, U.Y.; MOONEY, R.J. A Mutually Beneficial Integration of Data Mining and Information Extraction. In Proceedings of the AAAI/IAAI, Austin, TX, USA, 1–3 August 2000; pp. 627–632.
- NESSE, L.L.; LØVOLD, T.; BERGSJØ, B.; NORDBY, K.; WALLACE, C.; HOLSTAD, G. Persistence of orally administered *Salmonella enterica* Serovars Agona and Montevideo in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *J. Food Prot.* **2005**, *68*, 1336–1339.
- NGUYEN, D.T.A.; KANKI, M.; NGUYEN, P.D.; LE, H.T.; NGO, P.T.; TRAN, D.N.M.; LE, N.H.; DANG, C.V.; KAWAI, T.; KAWAHARA, R.; et al. Prevalence, antibiotic resistance, and extended-spectrum and AmpC beta-lactamase productivity of *Salmonella* isolates from raw meat and seafood samples in Ho Chi Minh City, Vietnam. *Int. J. Food Microbiol.* **2016**, *236*, 115–122. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.07.017>.
- NOOR UDDIN, G.M.; LARSEN, M.H.; BARCO, L.; MINH PHU, T.; DALSGAARD, A. Clonal Occurrence of *Salmonella* Weltevreden in Cultured Shrimp in the Mekong Delta, Vietnam. *PLoS ONE* **2015**, *10*, e0134252. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134252>.
- NTENGWE, F.W.; EDEMA, M.O. Physico-chemical and microbiological characteristics of water for fish production using small ponds. *Phys. Chem. Earth Parts A/B/C* **2008**, *33*, 701–707. <https://doi.org/10.1016/j.pce.2008.06.032>.
- NOVOTNY, L.; DVORSKA, L.; LORENCOVA, A.; BERAN, V.; PAVLIK, I. Fish: A potential source of bacterial pathogens for human beings. *Veterinárni Med.* **2004**, *49*, 343–358.
- PAGE, M.J.; MCKENZIE, J.E.; BOSSUYT, P.M.; BOUTRON, I.; HOFFMANN, T.C.; MULROW, C.D.; SHAMSEER, L.; TETZLAFF, J.M.; AKL, E.A.; BRENNAN, S.E.; et al. The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ* **2021**, *372*, n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>.
- PAL, A.; MARSHALL, D.L. Comparison of culture media for enrichment and isolation of *Salmonella* spp. from frozen Channel catfish and Vietnamese basa fillets. *Food Microbiol.* **2009**, *26*, 317–319. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2008.12.003>.

PALHARES, J.C.P.; KICH, J.D.; BESSA, M.C.; BIESUS, L.L.; BERNO, L.G.; TRIQUES, N.J. *Salmonella* and antimicrobial resistance in an animal-based agriculture river system. *Sci. Total Environ.* **2014**, *472*, 654–661. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2013.11.052>.

PASTRO, D.C.; MARIOTTO, S.; SANTOS, E.C.; FERREIRA, D.C.; CHITARRA, G.S. Use of molecular techniques for the analysis of the microbiological quality of fish marketed in the municipality of Cuiaba, Mato Grosso, Brazil. *Food Sci. Technol.* **2019**, *39* (Suppl. S1), 146–151. <https://doi.org/10.1590/fst.40217>.

PATEL, A.; JEYASEKARAN, G.; JEYASHAKILA, R.; ANAND, T.; WILWET, L.; PATHAK, N.; MALINI, A.H.; NEETHISELVAN, N. Prevalence of antibiotic resistant *Salmonella* spp. strains in shrimp farm source waters of Nagapattinam region in South India. *Mar. Pollut. Bull.* **2020**, *155*, 111171. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2020.111171>.

PAWAR, P.P.; PAGARKAR, A.U.; RATHOD, N.B. Effect of chilled storage on quality characteristics of battered and breaded snack product from large sized Catla (*Catla catla*). *J. Food Sci. Technol.* **2020**, *57*, 52–59. <https://doi.org/10.1007/s13197-019-04028-6>.

PILARSKI, F.; JÚNIOR, O.T.; CASACA, J.D.M.; GARCIA, F.R.M.; TOMAZELLI, I.B.; DOS SANTOS, I.R. Integrated fish/pig systems: Environmental feature and fish quality [Consórcio suíno- peixe: Aspectos ambientais e qualidade do pescado]. *Rev. Bras. De Zootec.* **2004**, *33*, 267-276.

PINEDO, L.C.; MUGHINI-GRAS, L.; FRANZ, E.; HALD, T.; PIRES, S.M. Sources and trends of human salmonellosis in Europe, 2015–2019: An analysis of outbreak data. *Int. J. Food Microbiol.* **2022**, *379*, 109850. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109850>.

PONCE, E.; KHAN, A.A.; CHENG, C.-M.; SUMMAGE-WEST, C.; CERNIGLIA, C.E. Prevalence and characterization of *Salmonella enterica* serovar Weltevreden from imported seafood. *Food Microbiol.* **2008**, *25*, 29–35. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2007.09.001>.

PORTO, Y.D.; FOGAÇA, F.H.D.S.; ANDRADE, A.O.; DA SILVA, L.K.S.; LIMA, J.P.; DA SILVA, J.L.; VIEIRA, B.S.; CUNHA NETO, A.; FIGUEIREDO, E.E.D.S.; TASSINARI, W.D.S. *Salmonella* spp. in Aquaculture: An Exploratory Analysis (Integrative Review) of Microbiological Diagnoses between 2000 and 2020. *Animals* **2023**, *13*, 27. <https://doi.org/10.3390/ani13010027>

PYZ-LUKASIK, R.; PASZKIEWICZ, W. Microbiological quality of farmed grass carp, bighead carp, Siberian sturgeon, and wels catfish from Eastern Poland. *J. Vet. Res.* **2018**, *62*, 145–149. <https://doi.org/10.2478/jvetres-2018-0023>.

R CORE TEAM. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*; R Foundation for Statistical Computing: Vienna, Austria, 2020. Available online: <https://www.R-project.org/> (accessed on 19 April 2020).

REINERT, M. Alceste, une méthodologie d'analyse des données textuelles et une application: Aurelia de Gerard de Nerval. *Bull. De Methodol. Sociol.* **1990**, *26*, 24–54. <https://doi.org/10.1177/075910639002600103>

RIBEIRO, R.V.; REIS, E.M.F.; REIS, C.M.F.; FREITAS-ALMEIDA, A.C.; RODRIGUES, D.P. Incidence and antimicrobial resistance of enteropathogens isolated from an integrated aquaculture system. *Lett. Appl. Microbiol.* **2010**, *51*, 611–618. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2010.02946.x>.

RUBINI, S.; GALLETI, G.; D'INCAU, M.; GOVONI, G.; BOSCHETTI, L.; BERARDELLI, C.; BARBIERI, S.; MERIALDI, G.; FORMAGLIO, A.; GUIDI, E.; et al. Occurrence of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* in bivalve mollusks and associations with *Escherichia coli* in mollusks and fecal coliforms in seawater. *Food Control* **2018**, *84*, 429–435. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2017.08.035>.

SAGOO, S.K.; LITTLE, C.L.; GREENWOOD, M. Microbiological study of cooked crustaceans and molluscan shellfish from UK production and retail establishments. *Int. J. Environ. Health Res.* **2007**, *17*, 219–230. <https://doi.org/10.1080/09603120701254946>.

SAHARAN, V.V.; VERMA, P.; SINGH, A.P. High prevalence of antimicrobial resistance in *Escherichia coli*, *Salmonella* spp. and *Staphylococcus aureus* isolated from fish samples in India. *Aquac. Res.* **2020**, *51*, 1200–1210. <https://doi.org/10.1111/are.14471>.

SÁNCHEZ-VARGAS, F.M.; ABU-EL-HAJJA, M.A.; GÓMEZ-DUARTE, O.G. *Salmonella* infections: An update on epidemiology, management, and prevention. *Travel Med. Infect. Dis.* **2011**, *9*, 263–277. <https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2011.11.001>.

SAINGAM, P.; LI, B.; YAN, T. Fecal Indicator Bacteria, Direct Pathogen Detection, and Microbial Community Analysis Provide Different Microbiological Water Quality Assessment of a Tropical Urban Marine Estuary. *Water Res.* **2020**, *185*, 116280. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2020.116280>.

SHABARINATH, S.; SANATH KUMAR, H.; KHUSHIRAMANI, R.; KARUNASAGAR, I.; KARUNASAGAR, I. Detection and characterization of *Salmonella* associated with tropical seafood. *Int. J. Food Microbiol.* **2007**, *114*, 227–233. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2006.09.012>.

SHAKILA, R.J.; RAJ, B.E.; FELIX, N. Quality and safety of fish curry processed by sous vide cook chilled and hot filled technology process during refrigerated storage. *Food Sci. Technol. Int.* **2012**, *18*, 261–269. <https://doi.org/10.1177/1082013211415177>.

SING, C.K.; KHAN, M.Z.I.; DAUD, H.H.M.; AZIZ, A.R. Prevalence of *Salmonella* sp. in African Catfish (*Clarias gariepinus*) Obtained from Farms and Wet Markets in Kelantan, Malaysia and Their Antibiotic Resistance. *Sains Malays.* **2016**, *45*, 1597–1602.

SMALDONE, G.; MARRONE, R.; ZOTTOLA, T.; VOLLANO, L.; GROSSI, G.; CORTESI, M.L. Formulation and shelf-life of fish burgers served to preschool children. *Ital. J. Food Saf.* **2017**, *6*, 6373. <https://doi.org/10.4081/ijfs.2017.6373>.

SOUSA, Y.S.O. The Use of the Iramuteq Software: Fundamentals of Lexicometry for Qualitative Research. *Estud. E Pesqui. Em Psicol.* **2021**, *21*, 1541–1560. <https://doi.org/10.12957/epp.2021.64034>.

SURENDRARAJ, A.; SABEENA FARVIN, K.H.; YATHAVAMOORTHY, R.; THAMPURAN, N. Enteric bacteria associated with farmed freshwater fish and its culture environment in Kerala, India. *Res. J. Microbiol.* **2009**, *4*, 334–344.

SUTTON, A.; CLOWES, M.; PRESTON, L.; BOOTH, A. Meeting the review family: Exploring review types and associated information retrieval requirements. *Health Inf. Libr. J.* **2019**, *3*, 202–222. <https://doi.org/10.1111/hir.12276>.

TENNEKES, M. tmap: Thematic Maps in R. *J. Stat. Softw.* **2018**, *84*, 1–39. <https://doi.org/10.18637/jss.v084.i06>.

TERENTJEVA, M.; EIZENBERGA, I.; VALCIŅA, O.; NOVOSLAVSKIJ, A.; STRAZDIŅA, V.; BERZIŅŠ, A. Prevalence of foodborne pathogens in freshwater fish in Latvia. *J. Food Prot.* **2015**, *78*, 2093–2098. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-15-121>.

UPADHYAY, B.P.; UTRARACHKIJ, F.; THONGSHOOB, J.; MAHAKUNKIJCHAROEN, Y.; WONGCHINDA, N.; SUTHIENKUL, O.; KHUSMITH, S. Detection of *Salmonella* inva gene in shrimp enrichment culture by polymerase chain reaction. *Southeast Asian J. Trop. Med. Public Health* **2010**, *41*, 426–445.

WALLIS, T.S.; BARROW, P.A. *Salmonella* epidemiology and pathogenesis in food-producing animals. *Am. Soc. Microbiol.* **2005**, *1*, 2324–6200. <https://doi.org/10.1128/ecosalplus.8.6.2.1>.

WANG, F.; JIANG, L.; YANG, Q.; HAN, F.; CHEN, S.; PU, S.; VANCE, A.; GE, B. Prevalence and Antimicrobial Susceptibility of Major Foodborne Pathogens in Imported Seafood. *J. Food Prot.* **2011**, *74*, 1451–1461. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-11-146>.

WANG, Y.; LIU, Y.; LYU, N.; LI, Z.; MA, S.; CAO, D.; PAN, Y.; HU, Y.; HUANG, H.; GAO, G.F.; et al. The temporal dynamics of antimicrobial-resistant-*Salmonella enterica* and predominant serovars in China. *Natl. Sci. Rev.* **2022**, nwac269. <https://doi.org/10.1093/nsr/nwac269>.

WANJA, D.W.; MBUTHIA, P.G.; WARUIRU, R.M.; BEBORA, L.C.; NGOWI, H.A.; NYAGA, P.N. Antibiotic and Disinfectant Susceptibility Patterns of Bacteria Isolated from Farmed Fish in Kirinyaga County, Kenya. *Int. J. Microbiol.* **2020**, *2020*, 8897338. <https://doi.org/10.1155/2020/8897338>.

World Health Organization. Initiative to estimate the global burden of foodborne diseases. In Proceedings of the Fourth Formal Meeting of the Foodborne Disease Burden Epidemiology Reference Group (FERG): Sharing New Results, Making Future Plans and Preparing Ground for the Countries, Geneva, Switzerland, 8–12 November 2010; World Health Organization: Geneva, Switzerland, 2014; p. 108.

VALENZUELA-ARMENTA, J.A.; DÍAZ-CAMACHO, S.P.; CABANILLAS-RAMOS, J.A.; DE JESUS URIBE-BELTRÁN, M.; DE LA CRUZ MD, C.; OSUNA-RAMÍREZ, I.; BÁEZ-FLORES, M.E. Microbiological analysis of tilapia and water in aquaculture farms from Sinaloa. *Biotecnia* **2018**, *20*, 20–26.

YANG, X.; WU, Q.; ZHANG, J.; HUANG, J.; CHEN, L.; LIU, S.; YU, S.; CAI, S. Prevalence, enumeration, and characterization of *Salmonella* isolated from aquatic food products from retail markets in China. *Food Control* **2015**, *57*, 308–313. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2015.03.046>.

YEN, N.T.P.; NHUNG, N.T.; VAN, N.T.B.; CUONG, N.V.; TIEN CHAU, L.T.; TRINH, H.N.; TUAT, C.V.; TU, N.D.; PHU HUONG LAN, N.; CAMPBELL, J.; et al. Antimicrobial residues, nontyphoidal *Salmonella*, *Vibrio* spp. and associated microbiological hazards in retail shrimps purchased in Ho Chi Minh city (Vietnam). *Food Control* **2020**, *107*, 106756. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2019.106756>.

YILDIRIM, Z.; SAKIN, T.; ÇOBAN, F. Isolation of lytic bacteriophages infecting *Salmonellatyphimurium* and *Salmonella enteritidis*. *Acta Biol. Hung.* **2018**, *69*, 350–369. <https://doi.org/10.1556/018.68.2018.3.10>.

ZHANG, J.; YANG, X.; KUANG, D.; SHI, X.; XIAO, W.; ZHANG, J.; GU, Z.; XU, X.; MENG, J. Prevalence of antimicrobial resistance of nontyphoidal *Salmonella* serovars in retail aquaculture products. *Int. J. Food Microbiol.* **2015**, *210*, 47–52. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2015.04.019>.

ZHAO, S.; DATTA, A.R.; AYERS, S.; FRIEDMAN, S.; WALKER, R.D.; WHITE, D.G. Antimicrobial-resistant *Salmonella* serovars isolated from imported foods. *Int. J. Food Microbiol.* **2003**, *84*, 87–92. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(02\)00402-6](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(02)00402-6).

Anexo A – Artigo de revisão intitulado “*Salmonella* spp. in Aquaculture: An Exploratory Analysis (Integrative Review) of Microbiological Diagnoses between 2000 and 2020”, publicado na Revista Animals (<https://doi.org/10.3390/ani13010027>).



animals

IMPACT
FACTOR
3.231

Indexed in:
PubMed

Review

***Salmonella* spp. in Aquaculture: An Exploratory Analysis (Integrative Review) of Microbiological Diagnoses between 2000 and 2020**






Yuri Duarte Porto, Fabiola Helena dos Santos Fogaça, Adriana Oliveira Andrade, Luciana Kimie Savay da Silva, Janine Passos Lima, Jorge Luiz da Silva, Bruno Serpa Vieira, Adelino Cunha Neto, Eduardo Eustáquio de Souza Figueiredo and Wagner de Souza Tassinari



<https://doi.org/10.3390/ani13010027>

Review

Salmonella spp. in Aquaculture: An Exploratory Analysis (Integrative Review) of Microbiological Diagnoses between 2000 and 2020

Yuri Duarte Porto ¹, Fabiola Helena dos Santos Fogaça ², Adriana Oliveira Andrade ³,
Luciana Kimie Savay da Silva ⁴, Janine Passos Lima ², Jorge Luiz da Silva ⁵, Bruno Serpa Vieira ⁶,
Adelino Cunha Neto ⁴, Eduardo Eustáquio de Souza Figueiredo ^{4,*} and Wagner de Souza Tassinari ³

¹ Department of Animal Parasitology, Institute of Veterinary, Federal Rural University of Rio de Janeiro (UFRRJ), Seropédica 23897-000, Brazil

² Brazilian Agricultural Research Corporation, Embrapa Agroindústria de Alimentos, Rio de Janeiro 23020-470, Brazil

³ Department of Mathematics, Institute of Exact Sciences, Federal Rural University of Rio de Janeiro (UFRRJ), Seropédica 23897-000, Brazil

⁴ Department of Food and Nutrition, Federal University of Mato Grosso (UFMT), Cuiabá 78060-900, Brazil

⁵ Federal Institute of Education, Science and Technology of Mato Grosso (IFMT), São Vicente da Serra 78106-000, Brazil

⁶ Department of Veterinary Medicine, Federal University of Uberlândia (UFU), Uberlândia 38410-337, Brazil

* Correspondence: eduardo.figueiredo@ufmt.br

Simple Summary: Salmonellosis is characterized by a gastrointestinal infection resulting from the ingestion of water and food contaminated by bacteria of the genus *Salmonella*, of which causes enterocolitis. Although infections are acute and self-limiting, efforts to prevent this problem of interest to global public health are important. *Salmonella* spp. is distributed in different environments and animal species; therefore, meat derived from animal production is one of the main routes of human infection, increasing the importance of research focusing on microbiological quality and food safety. Aquaculture is a constantly growing sector in the world, and the monitoring of *Salmonella* spp. in fish products is important for public health due to the risks of contamination during all stages of production. In this context, the present study carried out a systematic integrative review of the microbiological diagnoses of *Salmonella* spp. in aquaculture between 2000 and 2020 with the objective of characterizing and contributing to the promotion of measures to control and prevent this pathogen in aquaculture production. A database generated was composed of information that was mined from articles such as the most sampled aquaculture species, the microbiological diagnostic method(s) conducted in the investigation of *Salmonella* spp., and the main reported serotypes.

Abstract: The present study aimed to characterize, through descriptive statistics, data from scientific articles selected in a systematic integrative review that performed a microbiological diagnosis of *Salmonella* spp. in aquaculture. Data were obtained from research articles published in the BVS, Scielo, Science Direct, Scopus and Web of Science databases. The selected studies were published between 2000 and 2020 on samples of aquaculture animal production (fish, shrimp, bivalve mollusks, and other crustaceans) and environmental samples of aquaculture activity (farming water, soil, and sediments). After applying the exclusion criteria, 80 articles were selected. Data such as country of origin, categories of fish investigated, methods of microbiological diagnosis of *Salmonella* spp., sample units analyzed and most reported serovars were mined. A textual analysis of the word cloud and by similarity and descending hierarchical classification with the application of Reinert's algorithm was performed using R[®] and Iramuteq[®] software. The results showed that a higher percentage of the selected articles came from Asian countries (38.75%). Fish was the most sampled category, and the units of analysis of the culture water, muscle and intestine were more positive. The culture isolation method is the most widespread, supported by more accurate techniques such as PCR. The most prevalent *Salmonella* serovars reported were *S. Typhimurium*, *S. Weltevreden* and *S. Newport*. The textual analysis showed a strong association of the terms "*Salmonella*", "fish" and "water", and



Citation: Porto, Y.D.; Fogaça, F.H.d.S.; Andrade, A.O.; da Silva, L.K.S.; Lima, J.P.; da Silva, J.L.; Vieira, B.S.; Cunha Neto, A.; Figueiredo, E.E.d.S.; Tassinari, W.d.S. *Salmonella* spp. in Aquaculture: An Exploratory Analysis (Integrative Review) of Microbiological Diagnoses between 2000 and 2020. *Animals* **2023**, *13*, 27. <https://doi.org/10.3390/ani13010027>

Academic Editor: Øivind Bergh

Received: 23 November 2022

Revised: 11 December 2022

Accepted: 12 December 2022

Published: 21 December 2022



Copyright: © 2022 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).