

DANIEL AMBRÓZIO DA ROCHA VILELA

Diagnóstico de situação dos animais silvestres recebidos nos CETAS brasileiros e *Chlamydophila psittaci* em papagaios (*Amazona aestiva*) no CETAS de Belo Horizonte, MG.

Tese apresentada à Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária, como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Ciência Animal. Área de Concentração: Medicina Veterinária Preventiva e Epidemiologia.

Orientador: Prof. Nelson Rodrigo da Silva Martins

Co-Orientador: Prof. José Sérgio de Resende

Belo Horizonte  
Escola de Veterinária da UFMG  
2012

V699d Vilela, Daniel Ambrózio da Rocha, 1975-  
Diagnóstico de situação dos animais silvestres recebidos nos CETAS brasileiros e  
Chlamydophila psittaci em papagaios (Amazona aestiva) no CETAS de Belo Horizonte,  
MG / Daniel Ambrózio da Rocha Vilela. – 2012.

108 p. : il.

Orientador: Nelson Rodrigo da Silva Martins

Co-orientador: José Sérgio de Resende

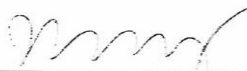
Tese (doutorado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária.

Inclui bibliografia

I. Ave – Doenças – Teses. 2. Busca e apreensão – Teses. 3. Fauna silvestre –  
Conservação – Teses. I. Martins, Nelson Rodrigo da Silva. II. Resende, José Sérgio de.  
III. Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária. IV. Título.

CDD – 636.686 089 6

Tese defendida e aprovada em 23 de março de 2012, pela Comissão Examinadora constituída por:



---

Prof. Nelson Rodrigo da Silva Martins  
Presidente



---

Profª. Tânia de Freitas Raso



---

Prof. Pedro Lúcio Litig Pereira



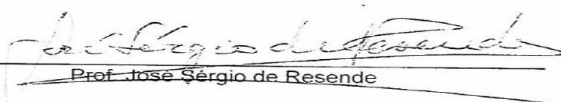
---

Prof. Juliano Vogas Peixoto



---

Prof. Mauricio Resende



---

Prof. Jose Sergio de Resende

Dedico este trabalho aos que buscam construir um ambiente melhor para todas as espécies, inclusive a humana.

À minha família, especialmente a Sra. Darci da Rocha Vilela, que sempre acreditou no crescimento por meio do conhecimento.

## AGRADECIMENTOS

“A vida não dá tempo para tudo”. Assim Helmut Sick, o maior ornitólogo que este país já conheceu, nos lembrou que sempre, e em cada momento de nossa existência, teremos de fazer escolhas. A decisão de cursar o Doutorado, permanecendo em atividade no trabalho, trouxe algumas consequências ruins, mas esta, ao final, mostrou-se uma boa escolha, por não me distanciar do cotidiano com os animais silvestres, mantendo-me ancorado na realidade, e por me fazer compreender melhor a grandiosidade de trabalhar em uma boa equipe.

Assim, na certeza de que me esquecerei de citar alguém, manifesto aqui meus sinceros agradecimentos a todas as pessoas e instituições que colaboraram para a realização do presente trabalho e, mais importante, para meu crescimento pessoal, profissional e formação científica durante estes quatro anos.

Agradeço especialmente ao Prof. Nelson Rodrigo da Silva Martins, inicialmente, por ter me aceito como seu orientado, mesmo sabendo que minha dedicação não seria integral e finalmente, pela brilhante orientação e companheirismo demonstrado durante este período. Além de tudo isto, constituiu para mim um grande exemplo de vida.

O Prof. José Sérgio de Resende também foi muito importante nesta fase. Sempre disposto a discutir ideias e propostas, me apoiando e incentivando a fazer sempre o melhor e com os pés no chão. Muito obrigado por participar ativamente, pela amizade e por suas mensagens sempre positivas.

Quero agradecer também ao Prof. Maurício Resende, grande cientista e belo exemplo de doação e dedicação à conservação ambiental que, além de sempre proporcionar ótimas oportunidades de discutir e praticar ciência, ainda nos brindava com os melhores cafés da Universidade.

Minha presença no Laboratório de Doenças das Aves seria muito diferente sem o Cláudio Públio, grande amigo e Técnico, que propiciou sempre as melhores condições para que as coisas acontecessem e, com sua alegria irradiante, não permitiu que nos abatêssemos nem nos piores acontecimentos.

Ao Prof. German Arturo Bohorquéz, por ter colaborado com idéias e sugestões, além de disponibilizar a infra-estrutura de seu laboratório, meu muito obrigado.

Muitas outras pessoas participaram e colaboraram para a produção deste trabalho, no entanto, duas delas foram fundamentais, e não poderia deixar de expressar minha gratidão especial:

i) Sandra Marín Gomez, que me apresentou ao fascinante e desafiador universo da biologia molecular, me ajudando sempre e em tudo, se tornando uma grande e verdadeira amiga. Agradeço por trazer a Colômbia, este belo e promissor país, para mais perto de nós também.

ii) Diêgo Maximiano, que se tornou um excelente biólogo sob meus olhos, por ter colaborado efetivamente com este estudo desde a primeira coleta de amostra até a tabulação final dos resultados. Tenho certeza que um futuro brilhante o espera.

Ao IBAMA, por permitir minha capacitação mesmo num momento em que a presença constante era necessária e fundamental. À UFMG, principalmente à Escola de Veterinária, que com seu excelente quadro de Professores e Funcionários, possibilitou que tudo acontecesse.

Faz-se necessário também agradecer a todos os Servidores do IBAMA que suportaram e compreenderam minhas ausências, especialmente aos amigos lotados no CETAS/BH, que me substituíram com qualidade e eficiência: Cecília Barreto, Antônio S. dos Santos, Laerciana S. S. Matos e agora na fase final, Marina Mota Batista. Ao Jandir, sempre prestativo e dedicado.

Aos ex-estagiários, voluntários e colaboradores do CETAS/BH. Foram tantos que contribuíram que seus nomes não caberiam em várias destas páginas, no entanto estes não podem deixar de ser lembrados: Alice, Wander, Marina, Magda, Jaqueline, Felipe, Gustavo, Nathália, Juliana, Fabiana, Anamaria, Mozart, Cleuza, Francisco, Manon, Cecília, Gabi, Christiane, Danielle, Alessandra, Augusto, Paula, Vinícius, Mariana, Rodrigo, Marcela, Jack, Salvina, Tatiana, Simone, Janice, Pâmela, Mérieth, Raphael, Marcelo, Estêvão, entre outros. Agradeço especialmente a Ellen Jacques pelo apoio na realização e tabulação das necropsias, a Érika Procópio, que demonstrou grande competência e profissionalismo nas minhas ausências, além de ser uma grande companheira e à Priscila Bressane, que se fez presente no momento crítico de fechamento deste trabalho e deu grandiosas contribuições.

A meus colegas e amigos do Laboratório de Doenças das Aves: Anamaria, Renata, Flávio, Alessandra, André, Rogério, Marcela, Carolina, Priscila, Marcus, Alexys, Mariana e Rodrigo, Isaac, Mariana, pela amizade, ajuda e apoio. Gratidão maior ao Francisco (Chiquinho), por ter se tornado um excelente amigo e companheiro, mesmo nos momentos insólitos, e a Daniele Andery, por contribuir na fase final de redação.

Aos Servidores do IBAMA/Sede em Brasília (COEFA), principalmente ao Jair Tostes e equipe, que gentilmente disponibilizaram os relatórios dos CETAS dos outros Estados e sempre estiveram dispostos a colaborar e sanar as eventuais dúvidas.

Aos excelentes Médicos Veterinários e grandes amigos Marcos Mourão (e família) e Leonardo Maciel, os quais eu considero verdadeiros heróis. Ao atenderem os casos mais críticos, me permitiram concentrar um pouco mais nos estudos. É uma honra conviver com vocês.

A família é a razão de nossa existência. Assim, tenho muitos motivos para agradecer a todos meus familiares pela presença sempre acolhedora, mesmo quando distantes, apoio irrestrito e amor. Ao meu pai, Adeodato Zózimo Vilela (*encantado*), de quem herdei, além do cheiro, um pouco de tranquilidade e certa capacidade de abstração e à minha mãe, Darci da Rocha Vilela, que sempre acreditou e incentivou os estudos, mesmo antes, quando tudo era mais difícil, além de constituir-se numa verdadeira Rocha, onde nossa família se assenta. Aos irmãos e irmãs, pelo sempre belo exemplo e amizade: Carmem, Terezinha, Rui, Wadson, Wilson, Dilene, Deodato e Weder; Aos Sobrinhos, pela alegria de estar junto: Otávio, Victor, Guilherme, Rafael, Paulo, Isabela, Mariana, Artur, Lucas, Gustavo, David, Gabriel, Pedro, Renan, Ana Clara, Samuel, João e Laura. Aos “agregados”, Athayde, Toninho, Letícia, Gislene, Zita e Liz por trazer coisas boas aos nossos familiares.

## RESUMO

As ações de combate e fiscalização do tráfico de vida silvestre geram um quantitativo de animais que, via de regra, são encaminhados para os centros de triagem de animais silvestres (CETAS). Os objetivos do presente estudo foram elaborar um diagnóstico da fauna silvestre, com ênfase na avifauna, encaminhada aos CETAS do Brasil e verificar a ocorrência de clamidiose aviária no CETAS de Belo Horizonte, MG, no período de janeiro de 2008 a dezembro de 2010. Foram contabilizados 234.595 espécimes, a maioria dos animais pertencentes ao grupo das aves e procedentes principalmente de apreensões ocorridas nas regiões Sudeste e Nordeste. As ordens mais recebidas foram os Passeriformes, Psittaciformes e Columbiformes e as famílias Emberezidae, Thraupidae, Psittacidae, Icteridae e Cardinalidae foram as mais frequentes. O canário-da-terra (*Sicalis flaveola*), o trinca-ferro (*Saltator similis*), o coleiro-baiano (*Sporophila nigricolis*), o coleirinho (*Sporophila caerulescens*) e o azulão (*Cyanoloxia brissonii*) foram as espécies predominantes. Aproximadamente 25% dos animais encaminhados para os CETAS foram recolhidos nas cidades ou entregues voluntariamente pelas pessoas às instituições. A principal destinação proporcionada aos animais foi a realização de solturas (52%), seguida pelos óbitos (24%) e destinação para criadouros (7%). Para verificar a ocorrência de clamidiose aviária, foram avaliados 212 óbitos de *Amazona aestiva* por meio de exames necroscópicos, histopatológicos e moleculares. Deste total, 152 foram positivos para *C. psittaci* pela PCR, a maioria em estado de caquexia. As alterações macroscópicas mais frequentes foram aerossaculite, hepatomegalia com focos de necrose e esplenomegalia. As principais lesões microscópicas foram os infiltrados inflamatórios e focos de necrose no fígado e o aumento na diferenciação plasmocitária no baço. Foram identificados corpúsculos de inclusão intracitoplasmática em 52% dos tecidos hepáticos e esplênicos examinados. Por meio do sequenciamento genético verificou-se que o genótipo A foi o responsável pela infecção dos papagaios. Discute-se os impactos do tráfico na conservação da biodiversidade, as implicações das reintroduções e a importância das doenças, principalmente a clamidiose aviária, na fauna silvestre e saúde humana.

Palavras-chave: CETAS, doenças das aves, *C. psittaci*, tráfico de animais, psitacídeos.

## ABSTRACT

Efforts on preventing wildlife trade in Brazil have generated large numbers of rescued animals that are sent to wildlife rehabilitation centers (CETAS). However, stress, superpopulation and lack of biosecurity have been causing a diversity of problems. The objectives of this study were, to elaborate a diagnosis of rescued wildlife, with emphasis on identification of avian species, sent to all Brazilian CETAS, and to determine the occurrence of avian chlamydiosis in CETAS of Belo Horizonte, MG. Were counted 234,595 specimens, being most birds, coming primarily from confiscations in the Southeast and Northeast regions. Orders received included as the most frequent were Passeriformes, Psittaciformes, and Columbiformes and families Emberezidae, Thraupidae, Psittacidae, Icteridae and Cardinalidae. The saffron finch (*Sicalis flaveola*), the green-winged Saltator (*Saltator similis*), the yellow-bellied seedeater (*Sporophila nigricolis*), the double-collared seedeater (*Sporophila caerulescens*) and ultramarine grosbeak (*Cyanoloxia brissonii*) were the predominant species. Approximately 25% of animals received in CETAS were rescued in urban environment or voluntarily delivery to institutions. Rescued animals were principally release into the wild (52%), died (24%) or destined to captivity (7%). For assessment of avian chlamydiosis, 212 psittacines were necropsied, evaluated for gross and histopathological findings and tested for *C. psittaci* DNA in livers (PCR). Of the total, 152 (71%) were positive for *C. psittaci* by PCR, most in a state of cachexia. Poor body condition, air sacculitis and hepato and splenomegaly with necrotic foci were the most common post mortem findings. The major microscopic lesions were inflammatory infiltrates and foci of necrosis in the liver and increased plasma cell differentiation in the spleen. Intracytoplasmic inclusion bodies were identified in 52% of hepatic and splenic tissues examined. The genetic sequence showed that only the genotype A was circulating among the population studied. The wildlife traffic impact on the conservation of biodiversity, the implications of reintroduction and the importance of diseases, especially avian chlamydiosis, in wildlife and human health are discussed.

Key-words: wildlife traffic, *C. psittaci*, chlamydiosis, avian diseases, psittacines.



“Afirmo ao senhor, do que vivi: o mais difícil não é um ser bom e proceder honesto; dificultoso, mesmo, é um saber definido o que quer...”

“O correr da vida embrulha tudo, a vida é assim: esquenta e esfria, aperta e daí afrouxa, sossega e depois desinquieta. O que ela quer da gente é coragem.”

João Guimarães Rosa – Grande Sertão Veredas

---

---

SUMÁRIO

---

---

RESUMO .....	7
ABSTRACT .....	8
LISTA DE TABELAS .....	11
LISTA DE FIGURAS .....	12
LISTA DE SIGLAS .....	13
LISTA DE ANEXOS .....	14
CONSIDERAÇÕES INICIAIS .....	15
CAPÍTULO 1 .....	15
1 – INTRODUÇÃO.....	15
2 – REVISÃO DE LITERATURA .....	16
2.1 - Biodiversidade brasileira .....	16
2.2 - Legislação ambiental brasileira.....	17
2.3 – Sistema Nacional do Meio Ambiente – SISNAMA.....	18
2.4 - Comércio de fauna silvestre.....	19
2.5 - O tráfico de aves .....	20
2.6 - Centros de triagem de animais silvestres – CETAS.....	20
2.7 - Conflito com a fauna urbana.....	22
2.8 - Destinação de animais silvestres.....	23
3 – OBJETIVOS.....	25
3.1 – OBJETIVO GERAL .....	25
3.2 - OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	25
4 - MATERIAL E MÉTODOS .....	25
5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
7 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	42
CAPÍTULO 2 .....	47
1 – INTRODUÇÃO.....	47
2 - REVISÃO DE LITERATURA .....	48
2.1 - Histórico .....	48
2.2 – Etiologia.....	48
2.3 - Ciclo de desenvolvimento.....	50
2.4 - Distribuição e ocorrência .....	52
2.5 – Transmissão .....	53
2.6 - Sinais clínicos .....	54
2.7 - Alterações anatomopatológicos .....	54
2.7.1 - Alterações macroscópicas.....	54
2.7.2 - Alterações histopatológicas .....	55
2.8 - Diagnóstico de <i>C. psittaci</i> .....	55
2.8.1 - Visualização do agente .....	55
2.8.2 – Isolamento.....	56
2.8.3 - Testes sorológicos .....	56
2.8.4 - Detecção de parte do material genético .....	56
2.10 - Saúde pública.....	58
3 – OBJETIVOS.....	58
3.1 – OBJETIVO GERAL .....	58
3.2 – OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	58

4 - MATERIAL E MÉTODOS .....	59
4.1 - Laboratórios .....	59
4.2 – Animais e necropsia .....	59
4.3 – Histopatologia .....	60
4.4 - Extração do DNA total .....	60
4.5 - Determinação espectrofotométrica da concentração de DNA total .....	60
4.6 – Reação em cadeia pela polimerase – PCR .....	60
4.6.1 - Reação de PCR para diagnóstico .....	60
4.6.2 - Reação de PCR para sequenciamento.....	61
4.6.3 - Análise dos produtos de PCR .....	62
4.6.4 - Purificação dos produtos da PCR com polietileno glicol (PEG) .....	62
4.7 - Sequenciamento genético .....	62
4.7.1 - Análise das sequências nucleotídicas .....	62
4.7.2 - Busca das sequências similares em bancos de dados .....	64
4.7.3 – Análises filogenéticas .....	64
5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	64
6 – CONCLUSÕES.....	85
7 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	85

#### LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1	
Tabela 1	Relação dos CETAS estudados por região geográfica, Estado, cidade sede, instituição gestora e número de animais recebidos por ano..... 28
Tabela 2	Número de CETAS e de relatórios analisados, total de animais recebidos e média de animais recebidos por região geográfica durante os anos de 2008 a 2010..... 29
Tabela 3	Número de espécimes recebidos pelos CETAS por ano, de acordo com a procedência, no período de 2008 a 2010..... 30
Tabela 4	Relação das 20 espécies mais recolhidas e entregues voluntariamente nos CETAS do Brasil no período de 2008 a 2010..... 35
Tabela 5	Número de Famílias, Espécies e quantidade de aves apreendidas, recolhidas e entregues voluntariamente nos CETAS do Brasil, por Ordem, durante os anos de 2008 a 2010..... 36
Tabela 6	Quantidade das 20 espécies mais apreendidas e encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 e posição da respectiva espécie em classificação ( <i>ranking</i> ) regional. NA: espécie não apreendida na região..... 37
Tabela 7	Destinação da fauna recebida pelos CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 por região geográfica..... 39
CAPÍTULO 2	
Tabela 1	Taxonomia da ordem Chlamydiales..... 50
Tabela 2	Crítérios de classificação de estado geral usados durante a inspeção das aves (Godoy, 2001)..... 60
Tabela 3	Iniciadores usados neste estudo para detecção do genoma para diagnóstico e sequenciamento da região que codifica o gen ompA de <i>C. psittaci</i> (VD1 e 2: diagnóstico e Cp-F e R: Sequenciamento)..... 62
Tabela 4	Grupos genéticos utilizados para comparação com as amostras obtidas neste estudo..... 64

Tabela 5	Distância genética de nucleotídeos entre as sequências deste estudo e sequências de diferentes espécies de <i>Chlamydophila sp.</i> cadastradas no GenBank.....	77
Tabela 6	Distância genética de nucleotídeos (%) entre a sequências deste estudo (Cp-UFMG) e sequências de diferentes espécies de <i>Chlamydophila psittaci</i> cadastradas no GenBank.....	79

## LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1		
Figura 1	Número médio de animais recebidos por CETAS no período de 2008 a 2010.....	29
Figura 2	Frequência de aves, répteis e mamíferos recebidos pelos CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010.....	30
Figura 3	Frequência de animais encaminhados para os CETAS de acordo com a origem durante os anos de 2008 a 2010.....	31
Figura 4	Frequência de animais recebidos nos CETAS do Brasil por grupo taxonômico e região geográfica no período de 2008 a 2010.....	32
Figura 5	Frequência de aves recebidas por região geográfica e forma de entrega no CETAS do Brasil no período de 2008 a 2010.....	33
Figura 6	Frequência de mamíferos recebidos por região geográfica e forma de entrega nos CETAS do Brasil no período de 2008 a 2010.....	33
Figura 7	Frequência de répteis recebidos por região geográfica e forma de entrega nos CETAS do Brasil no período de 2008 a 2010.....	34
Figura 8	Destinação dos animais silvestres recebidos pelos CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010.....	40
CAPÍTULO 2		
Figura 1	Esquema da proteína principal da membrana externa (MOMP) de Chlamydiaceae.....	51
Figura 2	Ciclo de desenvolvimento de Chlamydiaceae. Os números referem-se às horas após a infecção (Geens et al., 2005).....	53
Figura 3	Frequência de <i>A. aestiva</i> mortos no CETAS/BH por trimestre durante o período de estudo e número de amostras de <i>C. psittaci</i> sequenciadas por período.....	66
Figura 4	Sensibilidade do teste da PCR a diferentes concentrações de DNA da mesma amostra usada como controle.....	67
Figura 5	Condição geral da carcaça dos <i>A. aestiva</i> infectados com <i>C. psittaci</i> (n=152).....	67
Figura 6	Peso médio e desvio-padrão de <i>A. aestiva</i> aferidos durante o recebimento no CETAS/BH e após o óbito (n=100).....	68
Figura 7	Sexo dos <i>A. aestiva</i> em estado de óbito infectados com <i>C. psittaci</i> (n=152).....	68
Figura 8	<i>Amazona aestiva</i> com aspecto saudável (A) ave aparentemente doente (B), com penas arrepiadas, prostrada e apática (sinais inespecíficos).....	70
Figura 9	<i>Amazona aestiva</i> com boa condição corporal (A), apresentando musculatura peitoral bem desenvolvida e ave caquética (B): com quilha do esterno proeminente e musculatura peitoral atrofiada.....	70
Figura 10	Deposição de fibrina nos sacos aéreos (aerossaculite – seta fina) e pontos de necrose hepática com tamanhos variados (seta espessa).....	71
Figura 11	Fígado aumentado de volume e com as bordas arredondadas (hepatomegalia - seta espessa) e pericárdio espessado e com deposição de fibrina (pericardite – seta fina)....	71
Figura 12	Pneumonia. Observar coloração avermelhada e início de hepatização nas bordas laterais.....	71

Figura 13	Aumento de volume do baço (esplenomegalia), que geralmente adquire consistência flácida.....	71
Figura 14	Infiltrado linfoplasmocitário no fígado de <i>A. aestiva</i> (HE - 100x).....	72
Figura 15	Infiltrado linfoplasmocitário no fígado de <i>A. aestiva</i> . Seta fina: plasmócito, seta espessa: linfócitos, seta escura: hepatócito. (HE - 400x).....	72
Figura 16	Necrose hepática no fígado de <i>A. aestiva</i> (HE - 100x).....	72
Figura 17	Figura 17 – Proliferação de ductos hepáticos, indicativos de infecção crônica (HE - 400x).....	72
Figura 18	Infiltrado linfoplasmocitário no fígado de <i>A. aestiva</i> . Observar macrófagos contendo corpúsculos de inclusão de <i>C. psittaci</i> na periferia da lesão (Setas) (HE - 400x).....	73
Figura 19	Figura 19 – Corpúsculos de inclusão de <i>C. psittaci</i> visualizadas no baço de <i>A. aestiva</i> por meio da coloração de Gimenez modificada (seta) (400x).....	73
Figura 20	Figura 20 – Árvore filogenética construída para o gene <i>ompA</i> a partir das sequências obtidas neste estudo e das diferentes espécies de <i>Chlamydophila</i> sp. e <i>Chlamydia</i> sp. conhecidas.....	76
Figura 21	Árvore filogenética construída para o gene <i>ompA</i> a partir da amostra padrão obtida neste estudo e dos diferentes genótipos de <i>Chlamydophila</i> (A-F, E/B, WC e M56).....	78
Figura 22	Árvore filogenética construída para o gene <i>ompA</i> a partir da amostra padrão obtida neste estudo e de diferentes isolados de <i>C. psittaci</i> pertencentes ao genótipo A. ....	78
Figura 23	Comparação entre a sequência de nucleotídeos do gene <i>ompA</i> da amostra deste estudo (Cp-UFMG) com sequências de isolados diferentes do genótipo A (08DC60, MN Zhang, 6BC, 84-55, GV e VS1) de <i>C. psittaci</i> .....	80
Figura 24	Comparação entre a sequência de aminoácidos do gene <i>ompA</i> da amostra (Cp-UFMG) com sequências de isolados diferentes do genótipo A (08DC60, MN Zhang, 6BC, 84-55, GV e VS1) e dos demais genótipos conhecidos de <i>C. psittaci</i> .....	84

---

LISTA DE SIGLAS

---

ATP	Trifosfato de adenosina
<i>C. psittaci</i>	<i>Chlamydophila psittaci</i>
CD	Domínio constante
CE	Corpos elementares
CETAS	Centro de Triagem de Animais Silvestres
CETAS/BH	Centro de Triagem de Animais Silvestres do Ibama em Belo Horizonte/MG
CITES	Convenção sobre o comércio internacional de espécies da flora e fauna selvagens em perigo de extinção
CO	Região Centro-oeste
CBRO	Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos.
CONAMA	Conselho Nacional do Meio Ambiente
Cp-UFMG	Sequência de <i>C. psittaci</i> obtida na por este estudo na EV/UFMG
CR	Corpos reticulados
CRAS	Centro de Reabilitação de Animais Silvestres
DNA	Ácido desoxirribonucleico
EDTA	Ácido etilenodiamino tetra-acético
ELISA	<i>Enzyme-linked immunosorbent assay</i> (ensaio imunoenzimático em fase sólida)
EUA	Estados Unidos da América
EV/UFMG	Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais
FC	Fixação do complemento
HCl	Ácido clorídrico
IBAMA	Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis
ICB/UFMG	Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais
IN	Instrução Normativa

IUCN	International Union for Conservation of Nature – União Internacional para Conservação da Natureza
MMA	Ministério do Meio Ambiente
MOMP	proteína principal da membrana externa
NaI	Iodeto de sódio
NCBI	( <i>National Center for Biotechnology Information</i> ) Centro Nacional para a Informação Biotecnológica.
NE	Região Nordeste
NO	Região Norte
OIE	Organização Mundial de Saúde Animal
ONG	Organização não Governamental
pb	pares de bases
PCR	Reação em Cadeia pela Polimerase
PEG	Polietileno glicol
PMMA	Polícia Militar de Meio Ambiente
RT-PCR	Transcriptase reversa - Reação em Cadeia da Polimerase
RENTAS	Rede Nacional de Combate ao Tráfico de Animais Silvestres
SE	Região Sudeste
SISNAMA	Sistema Nacional do Meio Ambiente
TBE	Tris-borato-EDTA
TDDP	Termo de Depósito Doméstico Provisório
TE	Tris-EDTA
UE	União Europeia
UV	Ultravioleta
VD	Domínio variável

---

#### LISTA DE ANEXOS

---

ANEXO I	Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010.....	93
ANEXO II	Autorização para finalidade científica científica – SISBIO.....	108

---

## CONSIDERAÇÕES INICIAIS

Apenas dezessete, dos cerca de duzentos países atuais, são considerados megadiversos, por conterem 70% da biodiversidade mundial. O Brasil está em primeiro lugar nessa lista, abrangendo a maior biodiversidade continental. Nossa riqueza biológica manifesta-se no alto número de espécies endêmicas, na grande cobertura com florestas tropicais, na diversidade de biomas e na imensa costa litorânea (MMA, 2008).

No entanto, evidências indicam que vivemos atualmente uma grave crise de biodiversidade, caracterizada pela silenciosa perda de espécies e de ecossistemas inteiros. Essa crise agrava-se com a intensificação das ações antópicas nos ecossistemas tropicais, onde se concentra a maior parte da biodiversidade.

Existe consenso de que a maior ameaça à biodiversidade é a perda e a fragmentação de habitats, que provoca a remoção imediata da flora e da fauna nativas e, conseqüentemente, o desaparecimento de populações inteiras ou de parte delas, a redução da distribuição geográfica das espécies e perdas de diversidade genética (MMA, 2008).

A fauna silvestre é um componente essencial para o equilíbrio dos ecossistemas. Além das pressões que estes animais sofrem pela redução dos locais de sobrevivência, depara-se atualmente com a delicada questão do tráfico de animais, que retira anualmente dezenas de milhares de animais dos seus habitats para serem mantidos como animais de estimação em residências (MMA, 2008).

Além dos impactos ecológicos, a movimentação clandestina de animais silvestres constitui-se num evidente risco sanitário. Considerando que as condições de manejo proporcionadas pelo comércio ilegal são precárias, tem sido comum a ocorrência de surtos de doenças diversas na fauna apreendida (Karesh et al., 2007).

Os centros de triagem de animais silvestres (CETAS) surgiram para atender a crescente demanda de manejo, recuperação de animais silvestres apreendidos, recolhidos ou entregues pela população. Apesar da importância

estratégica, quase nada é conhecido sobre a movimentação de fauna e doenças que ocorrem nestas estruturas.

Pretende-se discutir neste trabalho os diversos aspectos relacionados ao tráfico de fauna, o fluxo e as diferentes formas de entrada de animais no CETAS, a destinação proporcionada a estes e os riscos sanitários do manejo de animais silvestres procedentes do comércio ilegal. Propõe-se também realizar abordagem detalhada sobre a ocorrência da *Chlamydophila psittaci* em *Amazona aestiva* no CETAS de Belo Horizonte/MG.

## CAPÍTULO 1

### 1 – INTRODUÇÃO

O comércio ilegal de animais silvestres ocorre em todo o mundo e o Brasil, devido a sua rica biodiversidade, é considerado um dos principais alvos dos traficantes (Renctas, 2002).

A retirada de animais silvestres dos ecossistemas brasileiros para comércio interno ou internacional ocorre desde a colonização, no entanto pouco é conhecido, qualitativa e quantitativamente, sobre os animais traficados em nosso país, existindo apenas um estudo de abrangência nacional e vários outros com abordagens estaduais ou regionais (Renctas, 2002). Verifica-se que, de maneira geral, as principais vítimas do tráfico no país são as aves, seguidas pelos répteis e mamíferos.

Desde a criação da Lei 5197 em 1967 (Brasil, 1967) existe a proibição do comércio clandestino de animais silvestres no Brasil e, conseqüentemente, as ações de fiscalização e combate aos crimes contra a fauna geravam um contingente de animais que precisava de cuidados e destinação adequados. Até meados da década de 1980 os animais eram soltos imediatamente após as apreensões ou destinados aos poucos zoológicos existentes. Contudo, a limitada capacidade de recebimentos dos zoológicos e a ocorrência de apreensões de animais fora de sua área de distribuição natural, que não podiam ser liberados, passaram a constituir entraves para as ações fiscalizatórias destes ilícitos.

Os centros de triagem de animais silvestres (CETAS) se apresentaram como solução para apoiar as ações de fiscalização e combate ao tráfico de animais, permitindo maior eficácia na identificação, manejo, reabilitação e destinação dos espécimes apreendidos. À medida em que foram se estabelecendo, os CETAS também foram se tornando essenciais para atender animais recolhidos em ambientes urbanos ou entregues voluntariamente pela população.

Apesar da importância estratégica dos CETAS para a proteção de uma rica biodiversidade, pouco se sabe sobre a movimentação de animais silvestres que ocorre nestas estruturas. Conhecer a diversidade e quantidade de animais encaminhados para os CETAS pode constituir elemento essencial para balizar tomadas de decisões em relação à gestão, manejo e conservação da fauna nativa brasileira.

## 2 – REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 - Biodiversidade brasileira

Os ecossistemas florestais, embora correspondam a menos de 10% da superfície da terra, são os mais ricos em espécies, podendo abranger 90% de toda a biodiversidade do planeta. Atualmente são conhecidas apenas cerca de 1,8 milhões de espécies, no entanto, estima-se que existam mais de 14 milhões de espécies no mundo (IUCN, 2011).

Esses organismos vivos realizam e contribuem para uma grande diversidade de funções ambientais, como a regulação da composição gasosa da atmosfera, proteção de zonas costeiras, equilíbrio de ciclos hidrológicos e do clima, geração e conservação de solos férteis, dispersão e decomposição de resíduos, polinização de várias plantas e a absorção de poluentes. Muitos desses serviços não foram avaliados adequadamente em termos econômicos, no entanto, estima-se que o valor dos serviços prestados pelos ecossistemas varie entre US\$ 16 e 54 trilhões por ano (Costanza et al., 1997).

Apesar de sua grande relevância para o planeta, a biodiversidade global está decrescendo a uma

velocidade sem precedentes (Balmford et al., 2003). Nas últimas três décadas, a redução e a extinção de espécies tornaram-se questões de extrema importância. A taxa de extinção atual é centenas ou milhares de vezes acima da taxa observada nos processos naturais de extinção dos longos períodos geológicos (Pimm et al., 1995). De 1970 até 2000 foram extintas 58 espécies de peixes, nove de aves e uma de mamífero (Lewinsohn e Prado, 2002). Por outro lado, estimativas baseadas em fósseis sugerem que a taxa de extinção anterior de mamíferos e pássaros era a de uma espécie perdida a cada 500 a 1.000 anos (May et al., 1995). Os maiores responsáveis por essa mudança são a perda de habitat, as mudanças climáticas, a poluição, a exploração não sustentável dos recursos naturais e a introdução de espécies exóticas (Sala et al., 2000).

O Brasil é um dos países com maior biodiversidade no mundo. Estima-se que, das mais de 103 mil espécies animais e 43 mil espécies de plantas descritas no planeta, 15% a 20% ocorram no país. Ainda, verifica-se aqui a maior cobertura de floresta tropical do mundo (Lewinsohn e Prado, 2002; Brandon et al., 2005). São conhecidas atualmente no Brasil cerca de 10% (658) de todas as espécies de mamíferos do planeta, 18% (1.800) das aves, 46% (680) dos répteis, 13% (800) dos anfíbios e 21% (3.000) dos peixes. Soma-se a estes uma riqueza não contabilizada de invertebrados. Em média, 1.500 novas espécies animais são reconhecidas por ano no Brasil e, ainda assim, estima-se que foram descritas menos de 10% de nossa biodiversidade (Lewinsohn e Prado, 2002; MMA, 2010).

Apesar de sua megadiversidade biológica, o número de espécies da fauna silvestre brasileira consideradas ameaçadas de extinção no Brasil aumentou consideravelmente de 218 em 1989 (IBAMA, 1989; IBAMA, 1992; IBAMA, 1997) para 627 em 2003 (MMA, 2003; MMA, 2004; MMA, 2005). Além de uma maior pressão sobre os táxons, este fato deve ser analisado considerando, também, o avanço do conhecimento científico sobre a fauna do país que permitiu ampliar a base de estudo e sua qualidade e incluir grupos taxonômicos que não haviam sido avaliados na lista anterior, como é o caso dos peixes (MMA, 2008).



Dentre as principais causas relacionadas ao processo de extinção de animais silvestres no Brasil, destacam-se a perda e destruição de habitats naturais, a introdução de espécies exóticas invasoras, a caça, captura ou perseguição e a pesca predatória (MMA, 2008).

## 2.2 - Legislação ambiental brasileira

A legislação ambiental brasileira é considerada uma das mais completas do mundo. No entanto, até o início da década de 1980, existiam apenas leis que protegiam isoladamente determinados recursos naturais, como a fauna e a flora. O primeiro grande marco em termos de norma de proteção ambiental no Brasil foi a Lei nº 6.938 de 1981 (Brasil, 1981) que dispõe sobre a política nacional do meio ambiente, que definiu de forma avançada e inovadora os conceitos, princípios, objetivos e instrumentos para a defesa do meio ambiente, e reconheceu ainda a importância deste para a vida e para a qualidade de vida da sociedade. Outro grande marco legal foi a Constituição Federal de 1988, que apresentou um capítulo dedicado exclusivamente ao meio ambiente e vários outros artigos dedicados ao tema.

Atualmente o Brasil dispõe de uma série de instrumentos legais com o objetivo de garantir a conservação da diversidade biológica na totalidade das suas formas, escalas e funções. São conhecidos 547 regulamentos relativos à conservação e uso sustentável da biodiversidade: 53 leis sendo 28 federais; dois decretos-leis; uma medida provisória; 194 decretos federais; 190 resoluções da Comissão Nacional do Meio Ambiente; além de 75 leis e 35 decretos estaduais (MMA, 2011). Esses diversos instrumentos legais complementares se combinam e são implementados por várias instituições ambientais.

Até a criação da Lei de proteção à fauna, Lei 5.197 de 1967 (Brasil, 1967), os delitos contra os animais silvestres eram considerados crimes contra a propriedade e os espécimes eram avaliados com base em valores de mercado, dissociados de sua importância para a manutenção dos ecossistemas. No âmbito do direito civil, os animais eram considerados coisas sem dono (*Res nullius*) e passíveis de

apropriação a partir das modalidades de aquisição descritas no Código Civil de 1916. Após o advento da Lei 5.197, a fauna silvestre passou a ser considerada um bem de uso comum do povo, sob a titularidade imediata da União. Assim, no art. 1º da Lei 5.197 verifica-se que: “Os animais de quaisquer espécies, em qualquer fase do seu desenvolvimento e que vivem naturalmente fora do cativeiro, constituindo fauna silvestre, bem como seus ninhos, abrigos e criadouros naturais são propriedade do Estado, sendo proibida a sua utilização, perseguição, destruição, caça ou apanha”.

Os crimes contra a fauna estão previstos nos art. 29 a 35 da Lei 9.605/98 (Brasil, 1998), também conhecida como lei de crimes ambientais, sendo que estes revogaram parcialmente a Lei 5.197/67, no entanto os dispositivos da Lei de proteção à fauna que não foram tacitamente revogados pela Lei 9.605/98 continuam em vigor. Em seu Art. 29, a Lei 9605/98 tipifica como crime “matar, perseguir, caçar, apanhar, utilizar espécimes da fauna silvestre, nativos ou em rota migratória, sem a devida permissão, licença ou autorização da autoridade competente, ou em desacordo com a obtida” e prevê como penas a detenção, de 6 (seis) meses a 1 (um) ano, e multa. No primeiro parágrafo deste mesmo Artigo verifica-se que incorre nas mesmas penas: “I- quem impede a procriação da fauna, sem licença, autorização ou em desacordo com a obtida; II- quem modifica, danifica ou destrói ninho, abrigo ou criadouro natural; III- quem vende, expõe à venda, exporta ou adquire, guarda, tem em cativeiro ou depósito, utiliza ou transporta ovos, larvas ou espécimes da fauna silvestre, nativa ou em rota migratória, bem como produtos e objetos dela oriundos, provenientes de criadouros não autorizados ou sem a devida permissão, licença ou autorização da autoridade competente”.

O Decreto 6.514/2008 (Brasil, 2008), que regulamenta a Lei 9.605, prevê no art. 101 a apreensão dos animais e aplicação das demais penalidades administrativas e criminais quando observada infração ambiental relacionada à fauna silvestre. No artigo 107 deste mesmo Decreto, que trata da destinação dos animais, consta que “após a apreensão, a autoridade competente, levando-se em conta a natureza dos bens e animais apreendidos e considerando o risco de perecimento, procederá da seguinte

forma: I - os animais da fauna silvestre serão libertados em seu *habitat* ou entregues a jardins zoológicos, fundações, centros de triagem, criadouros regulares ou entidades assemelhadas, desde que fiquem sob a responsabilidade de técnicos habilitados...”.

Tradicionalmente, a legislação brasileira não distinguia o traficante de animais silvestres do cidadão que mantém espécime da fauna nativa sob guarda doméstica. Apenas recentemente, verificou-se a intenção, ainda tímida, em caracterizar legalmente o comércio clandestino de animais e de elevar as penalidades contra os traficantes. Assim, no §1 do art. 24 do Decreto 6514/2008 (Brasil, 2008) observa-se: “as multas serão aplicadas em dobro se a infração for praticada com finalidade de obter vantagem pecuniária”.

A convenção sobre o comércio internacional de espécies da flora e fauna selvagens em perigo de extinção - CITES (CITES, 2011) é um dos acordos ambientais mais importantes para preservação das espécies, tendo a maioria dos países do mundo como signatários. O Brasil aderiu à Convenção em 1975.

A CITES regulamenta a exportação, importação e reexportação de animais e plantas, suas partes e derivados, através de um sistema de emissão de licenças e certificados que são expedidos quando se cumprem determinados requisitos. Um dos requisitos para expedição de licenças é se determinado tipo de comércio prejudicará ou não a sobrevivência da espécie em seu habitat. As disposições sobre a implementação da CITES no país estão estabelecidas no Decreto 3.607, de 21 de setembro de 2000 (Brasil, 2000).

Mais de 30.000 espécies silvestres tem o comércio regulado pela CITES. Por meio de seus três anexos, as espécies são classificadas de acordo com o seu estado de conservação na natureza e com a pressão que o comércio internacional exerce sobre as mesmas.

O anexo I lista as espécies que estão ameaçadas de extinção e que são ou podem ser afetadas pelo comércio internacional; em geral, é proibido todo o comércio internacional destas espécies, embora algum comércio possa ser permitido em circunstâncias excepcionais. O

Anexo II inclui as espécies que não estão necessariamente ameaçadas de extinção, mas que podem vir a estar caso o comércio não seja rigorosamente controlado. O comércio internacional de espécies de plantas e animais listadas no Anexo II é permitido, desde que o transporte seja acompanhado de licenças válidas. O Anexo III inclui espécies sujeitas a regulamentação dentro de um determinado país membro e para o qual a cooperação de outros países membros é necessária de forma a controlar o comércio internacional (CITES, 2011).

### **2.3 – Sistema Nacional do Meio Ambiente – SISNAMA**

O sistema nacional do meio ambiente - SISNAMA, instituído pela Lei 6.938/1981 (Brasil, 1981) é constituído pelos órgãos e entidades da União, dos Estados, do Distrito Federal, dos Municípios e pelas Fundações instituídas pelo Poder Público, responsáveis pela proteção e melhoria da qualidade ambiental.

O SISNAMA tem como órgão central o Ministério do Meio Ambiente (MMA) e como órgão executor o Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis - IBAMA. Os órgãos seccionais são as entidades estaduais responsáveis pela execução de programas, projetos e pelo controle e fiscalização de atividades capazes de provocar a degradação ambiental regional, e os órgãos locais são os órgãos ou entidades municipais responsáveis pelo controle e fiscalização dessas atividades degradadoras, nas suas respectivas jurisdições.

Neste sentido, além dos integrantes do MMA, são instituições com poder de controle e fiscalização de delitos ambientais os componentes do Ministério da Justiça (Polícia Federal, Polícia Rodoviária Federal) e do Ministério Público Brasileiro. Na esfera Estadual destacam-se os Institutos Estaduais de meio ambiente e as Polícias Civil e Militar com suas delegacias especializadas e em âmbito Municipal as ações são coordenadas pelas Secretarias de Meio Ambiente.

## 2.4 - Comércio de fauna silvestre

O comércio de vida silvestre, legalizado ou clandestino, ocorre em todo o planeta e representa a principal forma de subsistência de aproximadamente 200 milhões de pessoas, principalmente nas regiões mais pobres do mundo (Rivalan et al., 2007).

Considerando-se apenas o comércio autorizado de animais vivos, Theile et al. (2004) verificaram que foram vendidos para a União Européia (UE) aproximadamente seis milhões de aves (65 mil *Amazona amazonica*), 1,5 milhões de répteis, 53 mil mamíferos, 40 mil anfíbios e dois milhões de invertebrados entre os anos de 1996 e 2002.

Os Estados Unidos importaram legalmente 1,5 milhões de aves, 215 mil mamíferos, 6,7 milhões de répteis e 24 milhões de anfíbios durante os anos de 2000 a 2004. Somando-se a estes números os espécimes de peixes e invertebrados, verifica-se que mais de um bilhão de animais entrou nos EUA no referido período, procedentes quase exclusivamente de países em desenvolvimento como Cingapura, Tailândia, Indonésia, Taiwan, México, Colômbia e Peru. O Brasil contribuiu com aproximadamente 25 milhões de espécimes para este total, principalmente por meio da venda de peixes ornamentais (DW, 2011).

O comércio ilegal de animais silvestres e seus subprodutos ameaça aproximadamente um terço dos mamíferos e aves em todo o mundo (Baillie et al., 2004). No entanto, apesar da forte pressão que exerce sobre a biodiversidade, existem poucos dados confiáveis sobre o tráfico de animais no planeta, principalmente pelo fato de o comércio clandestino de fauna silvestre ser, por sua própria natureza, obscuro.

Estima-se que o comércio clandestino seja de proporções semelhantes ao comércio autorizado. Neste sentido, Theile et al. (2004) registraram que, apenas entre os anos de 2000 e 2002, foram apreendidos mais de 120 mil animais silvestres em aeroportos de nove países membros da União Europeia.

A Organização Internacional de Polícia Criminal – Interpol - estima que o contrabando de vida selvagem movimentou cerca US\$10 bilhões por ano em todo o mundo, sendo

dominado por redes bem organizadas de caçadores, atacadistas, distribuidores e varejistas (CEC, 2005). Segundo Moyle (1998), os animais e seus subprodutos entram nesta cadeia pelas mãos dos caçadores e seus preços vão se elevando a cada etapa. O fluxo deste comércio é quase sempre das nações em desenvolvimento, ricas em biodiversidade, para a Europa e Estados Unidos.

Herrera e Maillard (2011), por meio de investigações realizadas em feiras de comércio ilegal de animais silvestres na Bolívia, estimaram que aproximadamente 22 mil psitacídeos, principalmente das espécies *Amazona aestiva*, *Myopsitta monachus* e *Forpus xanthopterygius*, são comercializados anualmente naquele país. Esses autores identificaram ainda algumas espécies exclusivamente brasileiras e sugeriram que a Bolívia talvez represente uma escala para o tráfico internacional de animais silvestres procedentes do Brasil.

Fortes evidências sugerem que a maioria absoluta dos animais silvestres comercializados ilegalmente no Brasil são destinados ao mercado interno, para atender a demanda da sociedade em manter animais silvestres em residências, como *pet*, ou para ornamentação. O perfil das espécies mais apreendidas, geralmente de baixo valor comercial, e o pequeno percentual de animais confiscados nas fronteiras, portos e aeroportos corroboram esta informação. Acredita-se que o tráfico internacional priorize espécies raras ou ameaçadas de extinção, que provavelmente alcancem altos valores e justifiquem o maior risco (Renctas, 2002; Godoy, 2006).

Não existem investigações abrangentes recentes sobre o comércio ilegal de animais silvestres no Brasil. O único estudo em caráter nacional foi elaborado pela Renctas (2002) que avaliou os dados de animais apreendidos pelo IBAMA durante os anos de 1992 a 2000. Neste estudo, foram contabilizados cerca de 264 mil animais apreendidos, sendo 41% na região NE, 31% na NO, 13% na CO, 11% na SE e 4% na região Sul. Assim, a Renctas aponta como principal rota de tráfico no Brasil a saída de animais das regiões Norte (NO), Nordeste (NE) e Centro-oeste (CO) para as regiões Sul e Sudeste (SE) e sugere ainda que os animais são capturados por

peças humildes, que vivem nas zonas rurais, visando complementação da baixa renda familiar para a sobrevivência. Ainda segundo a Renctas (2002), o transporte clandestino de fauna é realizado por motoristas de ônibus, ambulantes, barqueiros ou pessoas que transitam entre os ambientes urbanos e rurais e o principal destino destes animais são as residências das pessoas que os mantêm como *pet*, além de alguns criadouros e zoológicos.

Pelos relatos mais recentes de apreensões regionais (Ferreira e Glock, 2004; Vidolin et al., 2004; Borges et al., 2006; Bastos et al., 2008) pode-se estimar que dezenas ou centenas de milhares de animais são retirados ilegalmente do ambiente natural por ano para atender o mercado nacional. Os impactos da retirada desta imensa biomassa da natureza a longo prazo são imprevisíveis, mas as extinções recentes, tanto em escala regional quanto nacional, de várias espécies de aves como a ararinha-azul (*Cyanopsitta spixii*) e a arara-azul-pequena (*Anodorhynchus glaucus*) são fortes indicativos do que poderá ocorrer com outras espécies caso esta pressão não seja controlada.

## 2.5 - O tráfico de aves

Lewinsohn e Prado (2002) estimam que existam no mundo cerca de dez mil espécies de aves, das quais cerca de um terço ocorre na América do Sul, o que faz deste o continente das aves. O Brasil, reconhecido por sua megadiversidade, possui 1.832 espécies de aves com ocorrência confirmada em seu território, sendo que aproximadamente 10% destas espécies são endêmicas no país (Marini e Garcia, 2005; CBRO, 2011).

As ações humanas influenciaram de maneira marcante as espécies de aves que habitam os ecossistemas naturais brasileiros. A resposta das aves às essas alterações varia desde aquelas que se beneficiaram com as alterações do habitat e aumentaram suas populações como o bem-te-vi (*Pitangus sulphuratus*), até aquelas que foram extintas da natureza como o mutum-do-nordeste (*Pauxi mitu*). Na região neotropical, o Brasil é o país com o maior número de espécies de aves ameaçadas de extinção (Marini e Garcia, 2005).

As aves silvestres, pela beleza, canto, valor comercial ou por razões culturais, estão entre os animais mais traficados e mantidos em cativeiro no Brasil (Sick, 1997). Em relação aos principais grupos taxonômicos vítimas do comércio ilegal em nosso país, a Renctas (2002) verificou que 82% dos animais eram aves, 3% répteis e apenas 1% mamíferos. Neste mesmo estudo, observou-se que, dentre as Ordens mais frequentes destacaram-se a dos Passeriformes, Columbiformes e Psittaciformes com 44%, 35% e 10% do total de aves, respectivamente, e as Famílias Emberezidae, Columbidae e Psittacidae foram as mais apreendidas, com 40%, 12% e 4%, respectivamente.

Esta predominância das aves do comércio clandestino de animais silvestres ocorre independentemente da região do país analisada, conforme verificado em estudos realizados nas regiões Sul (Ferreira e Glock, 2004; Vidolin et al., 2004; Araújo et al., 2010), Sudeste (Borges et al., 2006), Nordeste (Rocha et al., 2006; Pagano et al., 2009) e Centro-oeste (Bastos et al., 2008).

Por meio da avaliação das informações sobre apreensões realizadas pelo IBAMA e Polícia Ambiental de Goiás, no período de 1997 a 2005, Bastos et al. (2008) verificaram que 94% dos 13.691 animais apreendidos eram aves, principalmente Passeriformes e Psittaciformes.

Segundo Santos (1985), a intensa captura dos passeriformes no Brasil é direcionada ao mercado interno, principalmente pelo fato de existir forte tradição de se manter pássaros em gaiolas como animais de estimação no país. Neste contexto, devido às operações de fiscalização, são apreendidas dezenas de milhares de aves anualmente, que têm destinos diferenciados, de acordo com as diretrizes locais, infraestrutura de apoio disponível e características biológicas e físicas dos indivíduos (Renctas, 2007).

## 2.6 - Centros de triagem de animais silvestres – CETAS

As ações de fiscalização e combate ao tráfico de animais e os conflitos envolvendo a fauna silvestre urbana e a sociedade geram um contingente de animais que precisa ser tratado

adequadamente. Para este fim, foram instituídos os centros de triagem de animais silvestres.

Apesar de já existirem em algumas unidades do IBAMA desde a década de 1980, apenas em 2008 os CETAS foram institucionalmente criados por meio da Instrução Normativa (IN) 169 (IBAMA, 2008a). Esta IN define como CETAS “todo empreendimento autorizado pelo IBAMA, somente de pessoa jurídica, com finalidade de: receber, identificar, marcar, triar, avaliar, recuperar, reabilitar e destinar animais silvestres provenientes da ação da fiscalização, resgates ou entrega voluntária de particulares”.

Segundo a IN 169, os CETAS são divididos em três categorias, A, B e C de acordo, principalmente, com a quantidade de animais recebidos por ano e infra-estrutura disponível, sendo o CETAS classificado como A o que recebe acima de 800 animais por ano, possui pelo menos 4 tratadores, 1 Biólogo e 1 Médico Veterinário. O CETAS B recebe abaixo de 800 animais e o CETAS C apresenta estrutura menor, com instalações simples, exclusivas do IBAMA. A IN 169 estabelece ainda os procedimentos para implantação e operacionalização dos centros de triagem por outras Instituições privadas ou públicas.

Por meio da IN 169 também foram criados os centros de reabilitação de animais silvestres (CRAS), que são empreendimentos autorizados pelo IBAMA, somente de pessoa jurídica, com finalidade de reabilitar espécimes da fauna silvestre nativa para fins de programas de reintrodução no ambiente natural (IBAMA, 2008a).

Além dos animais apreendidos pela fiscalização do IBAMA, também são encaminhados para os CETAS animais provenientes de ações de outros integrantes do SISNAMA, como das unidades das Polícias Militares de Meio Ambiente (PMMA), Polícia Federal, Polícia Rodoviária Federal, Polícia Civil, entre outros.

Apesar dos significativos investimentos na estruturação e manutenção dos CETAS pelas Instituições brasileiras, pouco se conhece sobre a fauna recebida e destinada nestes locais distribuídos pelo Brasil. Atualmente encontram-se disponíveis na literatura apenas estudos pontuais que descreveram a composição da

fauna recebida por unidades isoladas em determinados anos.

A análise dos animais recebidos pelo CETAS da Paraíba em 2006 indicou que 88% dos animais recebidos pertencem ao grupo das aves, 9% aos mamíferos e 3% aos répteis. Do grupo de aves, 84% foram provenientes de apreensões, 9% de recolhimento e 7% de entrega voluntária, sendo as ordens Passeriformes, Columbiformes e Psittaciformes as mais frequentes com 79%, 7% e 5% do total, respectivamente (Pagano et al., 2009).

Estudo realizado no CETAS do IBAMA em Juiz de fora, MG, que analisou os recebimentos de aves dos anos de 2002 a 2004, demonstrou que as Famílias Emberezidae, Thraupidae, Icteridae e Psittacidae foram as mais frequentes (Gogliath et al., 2010).

O formato atual de gestão e operacionalização dos CETAS brasileiros, com participação predominante, quase exclusiva, do poder público, não é frequentemente observado nos demais países. Nos Estados Unidos, pessoas físicas ou ONG's são cadastradas como reabilitadores voluntários de fauna silvestre. Apenas no Estado de Colorado, durante os anos de 1998 a 2002, 53.000 animais silvestres foram cuidados pelos 177 reabilitadores que encontravam-se licenciados no período. Na grande maioria dos casos se tratava de animais urbanos ou peri-urbanos que necessitavam de cuidados, sendo aproximadamente 70% aves, 28% mamíferos e apenas 2% de répteis. Cerca de 35% destes animais morreram ou foram submetidos à eutanásia e o restante foi liberado no ambiente natural após recuperação. Entre os principais problemas sanitários observados nos animais recebidos nos centros de reabilitação dos Estados Unidos, estão em ordem de importância, as fraturas, a desidratação, traumas na cabeça, ferimentos, distúrbios neurológicos e problemas nutricionais (Casey e Casey, 2005).

No estado australiano de Victoria, onde atualmente existem mais de 700 reabilitadores de animais silvestres voluntários cadastrados, foram cuidados mais de 7000 animais por ano, aproximadamente 100 por unidade. Neste país, o governo fornece suporte financeiro, por meio de fundos específicos, para a melhoria da infra-estrutura e aquisição de equipamentos para os

reabilitadores que apresentarem os melhores resultados (DSE, 2011).

Wimberger et al. (2010) verificaram que na África do Sul o procedimento de reabilitação de animais silvestres é realizado por 63 centros particulares, que recebem, em média, 418 animais por ano cada. As aves constituíram o grupo mais frequente, com 83%, seguido pelos mamíferos com 12% e répteis com 4%.

No Canadá, Dubois e Fraser (2003), por meio de pesquisa realizada na Columbia Britânica com 11 centros de reabilitação, verificaram o recebimento médio de 270 animais por ano por cada unidade, sendo 82% de aves e 17% de mamíferos. Em relação à destinação, observaram que 40% foram reintroduzidos no ambiente, 35% submetidos à eutanásia e 21% morreram durante os cuidados. Os autores ressaltam que a maioria das eutanásias foram realizadas para abreviar o sofrimento dos espécimes ou quando se tratava de espécie exótica.

Existem poucos estudos que abordam os fatores relacionados aos óbitos ocorridos nos CETAS do Brasil. Sanches (2008) identificou como principal causa de morte dos Passeriformes provenientes do tráfico encaminhados para um CETAS de São Paulo a ocorrência de doenças infecciosas, principalmente infecções mistas por bactérias e fungos. Nas aves procedentes de vida livre, a mesma autora identificou como *causa mortis* predominante os processos não infecciosos, principalmente traumatismos. Godoy (2006) também identificou as causas infecciosas como responsáveis pelo maior número de óbitos (79%) de Passeriformes em um CETAS de São Paulo, onde as infecções virais foram mais frequentes (38%), seguidas pelas fúngicas (23%) e parasitárias (18%).

## 2.7 - Conflito com a fauna urbana

Apesar de ocupar uma área menor que 5% do planeta, os ambientes urbanos exercem forte impacto sobre os ecossistemas onde estão inseridos. Atualmente metade da população mundial vive em áreas urbanas e no ano de 2030 este número chegará a 60% (Goudie, 2000).

A destruição e fragmentação do ambiente natural causado pela urbanização resulta, de maneira geral, em prejuízos para a fauna silvestre, incluindo a perda definitiva de habitat, a competição com espécies exóticas invasoras, a exposição mais acentuada a patógenos, além da interferência direta das ações humanas na área de vida das espécies (Brawn et al., 2001). Porém a grande diversidade de espécies e os diferentes ambientes existentes no gradiente urbano, faz com que alguns grupos, quase sempre espécies mais generalistas, consigam se adaptar aos desafios impostos pelas cidades (Lim e Sodhi, 2004).

À medida em que estes táxons se tornam abundantes, passam a estabelecer maior contato com população humana, resultando frequentemente em problemas para ambas as partes. Os conflitos são decorrentes principalmente do fato de que os animais buscam abrigo e alimento em residências e de que as pessoas que vivem nas cidades atualmente tem menor familiaridade e maior dificuldade em lidar com a fauna nativa (Ditchkoff et al., 2006).

Savard et al. (2000) consideram que, apesar dos problemas, o aumento da biodiversidade em ecossistemas urbanos pode ter um impacto significativo e positivo sobre a qualidade de vida e educação da população e assim, indiretamente, facilitar a preservação da biodiversidade em ecossistemas naturais. No entanto, este mesmo autor alerta para a necessidade de a sociedade estar preparada para este convívio.

Como ocorre em outros países, os animais silvestres no Brasil, principalmente em ambientes urbanos, sofrem acidentes, são agredidos ou são abandonados por seus donos e precisam receber os devidos cuidados. Adicionalmente, pelo fato de a lei de crimes ambientais (Brasil, 1998) não penalizar a entrega voluntária de animal silvestre, tem sido frequente a procura das pessoas por instituições para entregar seus animais mantidos até então clandestinamente. Os CETAS, distribuídos pelo país, recebem estes espécimes, proporcionam os cuidados necessários e buscam a melhor destinação.

Ao se avaliar o perfil dos animais recebidos pelos CETAS faz-se necessário distinguir os animais apreendidos, recolhidos ou entregues voluntariamente. Verifica-se frequentemente, em estudos sobre o tráfico de animais silvestres no Brasil, o equívoco de contabilizar a fauna entregue voluntariamente ou recolhida como vítima do tráfico apenas pelo fato de ter sido encaminhada para os centros de triagem. Neste sentido, a Renctas (2007) apontou como espécie de mamífero mais apreendida pela PMMA de Minas Gerais, durante os anos de 2001 a 2005, o gambá (*Didelphis albiventris*). Sabe-se que não existe interesse na manutenção deste táxon como animal de estimação e que esta espécie não é visada para a caça. De fato, este animal se urbanizou na maioria das cidades brasileiras e tem sido vítima frequente de conflitos com a sociedade.

## 2.8 - Destinação de animais silvestres

A destinação adequada dos animais silvestres apreendidos constitui desafio especial para as instituições que administram os centros de triagem e de reabilitação de animais silvestres. Determinações legais, aspectos sócio-culturais e as condições econômicas influenciam nas decisões sobre os destinos da fauna recebida. Considerando-se o contexto de conservação da biodiversidade, os animais podem ser destinados para programas de reintrodução, para criadouros devidamente registrados ou submetidos à eutanásia (IUCN, 2002).

Segundo a IUCN (2002) a destinação para os criadouros é, quase sempre, a melhor opção, mas também pode apresentar problemas: a) encontrar locais apropriados para os diversos animais é demorado e cuidar destes por tempo indeterminado apresenta altos custos e grandes instalações; b) Cuidar de animais silvestres por longos períodos requer manejo e cuidados nutricionais especializados, nem sempre disponíveis; c) A transferência dos animais apreendidos para instituições ou pessoas físicas pode suscitar discussões éticas e legais difíceis de serem resolvidas. Além disto, a presença de animais em cativeiro domiciliar ou criadouros podem estimular o interesse em manter espécies silvestres como animais de estimação (IUCN, 2002).

Atualmente, segundo a IN 169/2008 (IBAMA, 2008a), existem no Brasil cinco modalidades de criadouros de fauna silvestre. Todos são empreendimentos que precisam ser autorizados pelo IBAMA e podem pertencer a pessoa física ou jurídica, exceto o criadouro científico para fins de pesquisa, que somente pode ser mantido por pessoa jurídica.

O criadouro comercial tem como finalidade criar e reproduzir espécimes da fauna silvestre em cativeiro para fins de alienação de espécimes, partes, produtos e subprodutos enquanto que o Jardim Zoológico é constituído de coleção de animais silvestres mantidos vivos em cativeiro ou em semi-liberdade e expostos à visitação pública, para atender a finalidades científicas, conservacionistas, educativas e sócio-culturais. O mantenedor de fauna silvestre possui a finalidade de criar e manter espécimes da fauna silvestre em cativeiro, sendo proibida a reprodução (IBAMA, 2008a).

Existem duas modalidades para o criadouro científico: conservação e pesquisa. O primeiro tem como finalidade subsidiar programas de conservação enquanto o segundo se propõe a subsidiar pesquisas científicas, ensino e extensão em instituições reconhecidas. Em ambos é permitida a reprodução de espécimes (IBAMA, 2008a).

Além dos criadouros, a resolução CONAMA 384 (MMA, 2006) criou o termo de depósito doméstico provisório – TDDP – que possibilita às instituições fiscalizadoras, integrantes do SISNAMA, encaminhar animais silvestres apreendidos, que não puderem ser destinados conforme determinação legal, para cativeiro domiciliar.

A devolução dos animais à natureza consiste numa ação complexa que, apesar de apresentar ampla aceitação pela sociedade, pode proporcionar prejuízos. Dentre os riscos, destacam-se: i) morte dos animais soltos em decorrência do despreparo para a sobrevivência no ambiente natural após período em cativeiro; ii) a soltura de animais fora de sua área de distribuição natural ou com padrão genético desconhecidos pode proporcionar alterações deletérias na constituição gênica da população residente; iii) a introdução de patógenos, juntamente com o indivíduo, que podem

desencadear doenças nos animais liberados e, potencialmente nos animais de vida livre, inclusive o homem, causando um problema irreversível. Uma detalhada revisão sobre o risco de transmissão de doenças de animais silvestres recebidos em CETAS para animais em vida livre foi feita por Godoy (2006) e; iv) ocorrência de disputas e conflitos com outros animais silvestres de vida livre pelos, quase sempre, escassos recursos naturais disponíveis (IUCN, 2002; Hoegh-Guldberg et al., 2008; Mueller e Hellmann, 2008).

Para a IUCN (2002), um programa de reintrodução deve ser motivado por justificativas conservacionistas, ou seja, é necessário que seja comprovado que as populações livres necessitam do incremento populacional. Os animais precisam ser avaliados em relação ao repertório comportamental e condição sanitária e devem ser de origem conhecida ou com constituição gênica adequada ao local da soltura.

De maneira geral, um programa de reintrodução bem conduzido apresenta custos elevados e só se justifica para espécies raras ou ameaçadas de extinção. Já se sabe que as chances de sucesso de uma reintrodução são maiores quando a população usada como fonte é selvagem, quando um grande número de animais é solto ( $n > 100$ ), quando o habitat está preservado e quando a causa do declínio populacional original é suprimida (Griffith et al., 1989; Armstrong e Seddon, 2008; Jule et al., 2008).

Considerando os riscos da reintrodução para as espécies em vida-livre, a destinação para o cativeiro apresenta a vantagem de: i) os animais poderem ser utilizados em programas de educação ambiental, enfocando nos prejuízos do tráfico de animais para a sociedade e biodiversidade; ii) desde que de origem conhecida, a fauna em cativeiro também pode servir de matriz para programas de reintrodução de animais nascidos em cativeiro e iii) permitir o uso dos espécimes para pesquisas científicas direcionadas à conservação (IUCN, 2002).

A eutanásia pode ser considerada como alternativa de destinação de animais, pois elimina o risco genético, ecológico e outros da liberação dos animais no ambiente, afasta o risco de dispersão de doenças e apresenta custo

reduzido. Entretanto a realização de eutanásia de espécies nativas saudáveis não é socialmente aceita (IUCN, 2002).

Atualmente no Brasil, as diretrizes e procedimentos para destinação da fauna silvestre encaminhada para os CETAS do IBAMA estão contidas na Instrução Normativa nº179/2008 (IBAMA, 2008b). Segundo esta IN, os espécimes da fauna silvestre deverão ser destinados para: i) retorno imediato à natureza, quando for recém-capturado na natureza, houver comprovação do local de captura, a espécie ocorrer naturalmente no local de captura e não apresentar problemas que impeçam sua sobrevivência ou adaptação em vida livre; ii) cativeiro, desde que o empreendimento esteja devidamente autorizado pelo IBAMA e iii) programas de soltura, sendo que o espécime da fauna silvestre nativa somente poderá ser destinado para o programa de soltura mediante aprovação de projeto, que deve conter, entre outros aspectos, avaliações pré-soltura da área, com foco no inventariamento da fauna residente e dos riscos da soltura para os animais e ambiente, avaliação dos animais a serem soltos (comportamental, genética e sanitária), metodologia de soltura e programas de monitoramento pós-soltura.

Estudo da Renctas (2002) verificou que a principal forma de destinação dos animais apreendidos, no biênio 1999-2000, foi a soltura, com 78% dos animais confiscados sendo devolvidos à natureza. Apenas 9% dos animais foram encaminhados para os CETAS, 4% foram destinados para pessoas físicas (TDDP), 2% para criadouros científicos, 1% para zoológicos e 1% veio a óbito. O percentual de animais encaminhados para soltura foi diferente entre os grupos taxonomicos, sendo 83% quando se considera apenas répteis, 74% para aves e 49% para mamíferos.

Considerando-se apenas os animais confiscados nos Estados do Rio de Janeiro, São Paulo e Minas Gerais no ano de 2005, verificou-se que dos mais de 50.000 espécimes apreendidos, aproximadamente 40% dos animais foram encaminhados para os centros de triagem e 32% foram encaminhados para solturas (Renctas, 2007).



Segundo o IBAMA, embora grande parte dos animais que chegam aos CETAS sejam soltos, a maioria das solturas ainda são realizadas com poucos critérios e nenhuma informação é fornecida sobre a taxa de sobrevivência e o impacto desses espécimes sobre os demais indivíduos e o meio ambiente (IBAMA, 2005).

Diante deste contexto de escassez de informações sobre a triagem de animais silvestres no Brasil, verifica-se que conhecer a diversidade e a quantidade de animais encaminhados para os CETAS brasileiros é essencial para gerar subsídios para programas de conservação da fauna silvestre. Além disso, esses dados podem permitir planejar novas estruturas e equipamentos para melhor atendimento aos animais, direcionar ações de educação ambiental, fornecer elementos para novas pesquisas e estudos e identificar as espécies mais retiradas da natureza.

### 3 – OBJETIVOS

#### 3.1 – OBJETIVO GERAL

Avaliar quali-quantitativamente a fauna silvestre, com ênfase na avifauna, encaminhada para os centros de triagem de animais silvestres (CETAS) do Brasil durante o período de janeiro de 2008 a dezembro de 2010.

#### 3.2 - OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Em relação aos animais encaminhados aos CETAS do IBAMA durante o período de janeiro de 2008 a dezembro de 2010.

- a) Identificar os principais agentes responsáveis pela entrega dos animais;
- b) Avaliar a importância das diferentes origens (apreensão, recolhimento ou entrega voluntária) para cada região geográfica brasileira;
- c) Quantificar o número de recebimentos por grupo taxonômico (aves, mamíferos e répteis), região geográfica, agente (PMMA, IBAMA, outros) e origem;

- d) Identificar as principais ordens, famílias e espécies de aves apreendidas, recolhidas e entregues voluntariamente por região geográfica;
- e) Verificar a destinação proporcionada aos animais recebidos.

### 4 - MATERIAL E MÉTODOS

Os dados foram obtidos pela análise dos relatórios produzidos pelos CETAS do IBAMA e de instituições parceiras, que foram encaminhados à Coordenação de fauna silvestre do IBAMA em Brasília/DF, no período de 2008 a 2010. Destes relatórios foram extraídas informações sobre a instituição que realizou a apreensão (IBAMA, Polícia Ambiental, outros) e também das quantidades e espécies de animais apreendidos, recolhidos ou entregues voluntariamente aos CETAS.

Em relação à origem dos animais, considera-se apreensão quando o recebimento de espécime foi decorrente de ação fiscalizatória com lavratura de boletim de ocorrência ou auto de infração e aplicação de penalidades ao infrator. O recolhimento resulta da captura ou resgate do animal por instituição pública em atendimento à solicitação da população. A entrega voluntária é caracterizada pela procura espontânea do cidadão para entregar espécime que era ilegalmente mantido sob sua guarda.

Indefinido foi o termo usado para agrupar os animais cujo relatório não continha a informação exata da forma de entrada dos animais no CETAS ou que indicava mais de uma das opções citadas anteriormente.

As apreensões não realizadas por agentes das PMMA ou IBAMA foram incluídas em outros e a nomenclatura utilizada para referir as espécies segue modelo adotado pelo CBRO (2011).

### 5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO

Apesar da importância estratégica que os centros de triagem de animais silvestres

representam para as ações de fiscalização do tráfico e guarda clandestina de animais silvestres em nosso país, e da necessidade de entender melhor o que ocorre nestas estruturas, este é o primeiro estudo a tratar, de forma ampla, da fauna encaminhada para os CETAS do Brasil. Durante o período de 2008 a 2010 foram recebidos 234.595 animais (Tabela 1) com média geral de 2323 animais por unidade por ano.

Em relação ao total animais recebidos nos CETAS por ano, verificou-se aumentos de aproximadamente 16% entre 2009 e 2008 e de 7% de 2010 em relação à 2009. O número médio de animais recebidos por ano também sofreu incremento de 16% e 10%, entre 2009 e 2008 e de 2010 e 2009, respectivamente (Tabela 1).

Na tabela 2 é possível verificar os quantitativos de CETAS estudados, de relatórios obtidos, de animais recebidos e a média de animais recebidos por ano nas unidades da região geográfica. Observa-se que foi possível analisar somente 101 dos 123 relatórios esperados para este período de três anos para as respectivas unidades, o que representa uma perda de informação da ordem de 18%. Os demais relatórios anuais de movimentação de animais dos CETAS, que não fizeram parte desta avaliação, não foram devidamente encaminhados até a data de fechamento deste estudo ou foram perdidos durante o processamento na Sede do IBAMA.

Verifica-se que o volume de animais recebidos pelos CETAS das regiões Sudeste e Nordeste foi superior aos recebidos pelas demais regiões. Adicionalmente, a média de animais recebidos nestas unidades também foi notavelmente superior aos demais registros. A região norte, que apesar de ter recebido número total de animais similares aos da região Sul, apresentou média muito abaixo das demais regiões, constituindo apenas cerca de 20% da média nacional.

Estes dados são divergentes dos verificados pela Renctas (2002), que relatou maior número de apreensões nas regiões Nordeste e Norte. A região Sudeste, que ocupou a terceira posição em relação ao quantitativo de animais apreendidos no estudo da Renctas (2002) foi a

que mais registrou recebimentos nesta análise. O menor número médio de animais apreendidos na Região Norte pode ser reflexo de melhoria da consciência ambiental e conseqüente menor captura de animais na natureza ou de um menor esforço de fiscalização de fauna na região. Nosso estudo não permite concluir sobre este assunto, no entanto é possível especular que, pelo fato de a prioridade atual de fiscalização ambiental na Amazônia ser o combate ao desmatamento ilegal, ocorra menor número de ações de fiscalização e combate aos crimes contra os animais silvestres.

A figura 1 apresenta a média de animais recebidos por cada unidade durante os três anos desta análise. Observa-se tendência à formação de três grupos, sendo o primeiro com os CETAS que receberam até 1000 espécimes, o segundo com recebimentos variando de 1000 a 3000 animais e o terceiro com média superior a três mil animais recebidos por ano. Verifica-se que o CETAS de Belo Horizonte situou-se num patamar de recebimentos diferenciado, equivalente a quase seis vezes a média nacional.

É importante ressaltar que a quantidade de recebimentos não está relacionada diretamente com a pressão do tráfico na determinada região/cidade, nem com a estrutura disponível para cuidar dos animais e menos ainda com a qualidade dos serviços prestados pelos CETAS.

O volume de animais encaminhados para os respectivos CETAS do Brasil relaciona-se principalmente com os esforços de fiscalização dos crimes contra a fauna, principalmente combate ao tráfico de animais silvestres e guarda doméstica ilegal, e com a sensibilidade da população em direcionar os animais recolhidos e as entregas voluntárias para estas estruturas.

De maneira geral, o número médio de animais recebidos pelos CETAS brasileiros observado neste estudo é significativamente superior ao quantitativo médio de apreensões registrado na década de 1990 pela Renctas (2002). Considerando-se que apenas uma pequena parcela dos animais apreendidos pelos agentes de fiscalização naquele período estudado pela Renctas (2002) foram encaminhados aos CETAS, verifica-se que o incremento no número de animais apreendidos anualmente

deve ser ainda mais expressivo.

Tabela 1 – Relação dos CETAS estudados por região geográfica, Estado, cidade sede, instituição gestora e número de animais recebidos por ano.

Região	Estado	Cidade	Gestão	2008	2009	2010
CO	DF	Brasília	IBAMA	SR	SR	2980
CO	GO	Catalão	IBAMA	SR	188	SR
CO	GO	Goiania	IBAMA	4368	4254	3491
CO	MT	Cuiabá	IBAMA	568	356	303
NE	AL	Maceió	IBAMA	3791	4871	4882
NE	BA	Barreiras	IBAMA	307	118	281
NE	BA	Porto Seguro	IBAMA	SR	SR	518
NE	BA	Eunápolis	IBAMA	1481	SR	SR
NE	BA	Salvador	IBAMA	SR	6271	4400
NE	BA	Vitória da Conquista	IBAMA	SR	SR	2560
NE	CE	Fortaleza	IBAMA	5665	4562	4708
NE	PB	Cabedelo	IBAMA	3694	4277	4835
NE	PE	Recife	IBAMA	2337	5794	5843
NE	PI	Teresina	IBAMA	2402	2260	2020
NE	RN	Natal	IBAMA	1443	1886	3837
NE	SE	Aracaju	IBAMA	3233	308	683
NE	MA	Imperatriz	IBAMA	349	340	409
NE	MA	São Luiz	IBAMA	701	SR	985
NO	AC	Rio Branco	IBAMA	240	582	414
NO	AM	Manaus	IBAMA	414	834	485
NO	AP	Macapá	IBAMA	611	631	618
NO	PA	Santarém	IBAMA	102	114	SR
NO	PA	Belém	IBAMA	513	961	1530
NO	PA	Marabá	IBAMA	SR	293	411
NO	RO	Porto Velho	IBAMA	435	425	186
NO	RR	Boa Vista	IBAMA	401	462	386
SE	ES	Aracruz	Parceiro	2680	3490	6421
SE	MG	Belo Horizonte	IBAMA	11923	16307	12900
SE	MG	Juiz de Fora	IBAMA	SR	2274	1939
SE	MG	Montes Claros	IBAMA	1681	2005	SR
SE	MG	Viçosa	Parceiro	707	853	1078
SE	RJ	Seropédica	IBAMA	1116	SR	5353
SE	SP	Avaré	Parceiro	370	460	SR
SE	SP	Botucatu	Parceiro	237	257	SR
SE	SP	Lorena	IBAMA	1496	2770	1192
SE	SP	São Paulo* - DEPAVE	Parceiro	2519	3115	3240
SE	SP	São Paulo* - PET	Parceiro	7221	3555	3738
SE	SP	São Sebastião	Parceiro	883	177	337
SUL	RS	Porto Alegre	IBAMA	2204	2994	SR
SUL	SC	Florianópolis	Parceiro	1777	1888	2700
SUL	PR	Tijucas do Sul	Parceiro	1131	SR	SR
Total				69000	79932	85663
Média				2029	2351	2596

SR: não foi obtido o relatório para o ano em questão. \*Na cidade de São Paulo existem dois CETAS, que foram especificados pelo nome da Unidade.

Tabela 2 – Número de CETAS e de relatórios analisados, total de animais recebidos e média de animais recebidos por região geográfica durante os anos de 2008 a 2010.

Região	CETAS	Relatórios	Animais	Média
CO	4	8	16508	2064
NE	14	34	92051	2707
NO	8	22	11048	502
SE	12	31	102294	3300
SUL	3	6	12694	2116
Total	41	101	234595	

Borges et al. (2006) consideram que o aumento no número de animais apreendidos pode ser decorrente de três fatores: expansão das atividades fiscalizatórias, maior pressão sobre a fauna silvestre (tráfico) ou maior conscientização da sociedade, com aumento do número de denúncias. De fato, o aumento do consumo de vida silvestre ilegal parece ser tendência mundial, mas a melhoria da consciência pública e uma maior preocupação

governamental com as questões ambientais também tem sido observada em diversos países e ocasionado maior número de investigações destes crimes (Brack, 2002).

A maior parte dos animais encaminhados para os CETAS foi procedente de ação fiscalizatória com apreensões (67,7%) realizadas principalmente pelas companhias de polícia militar de meio ambiente (39,4%). A entrega voluntária e o recolhimento foram responsáveis pela entrada de 12,6 e 11,4% dos animais recebidos (Tabela 3). Observa-se que a quantidade de animais apreendidos pela polícia ambiental foi quase duas vezes superior às apreensões feitas pelo IBAMA (Tabela 3). Este fato ressalta a importância dos diferentes integrantes do SISNAMA no combate aos ilícitos ambientais e muito provavelmente está relacionado ao maior número de agentes de fiscalização em atividade em determinadas regiões. Se tomarmos como medida o Estado de Minas Gerais, verifica-se que a superintendência do IBAMA possui aproximadamente 70 agentes de fiscalização ambiental federal enquanto que a polícia ambiental mineira é constituída por mais de

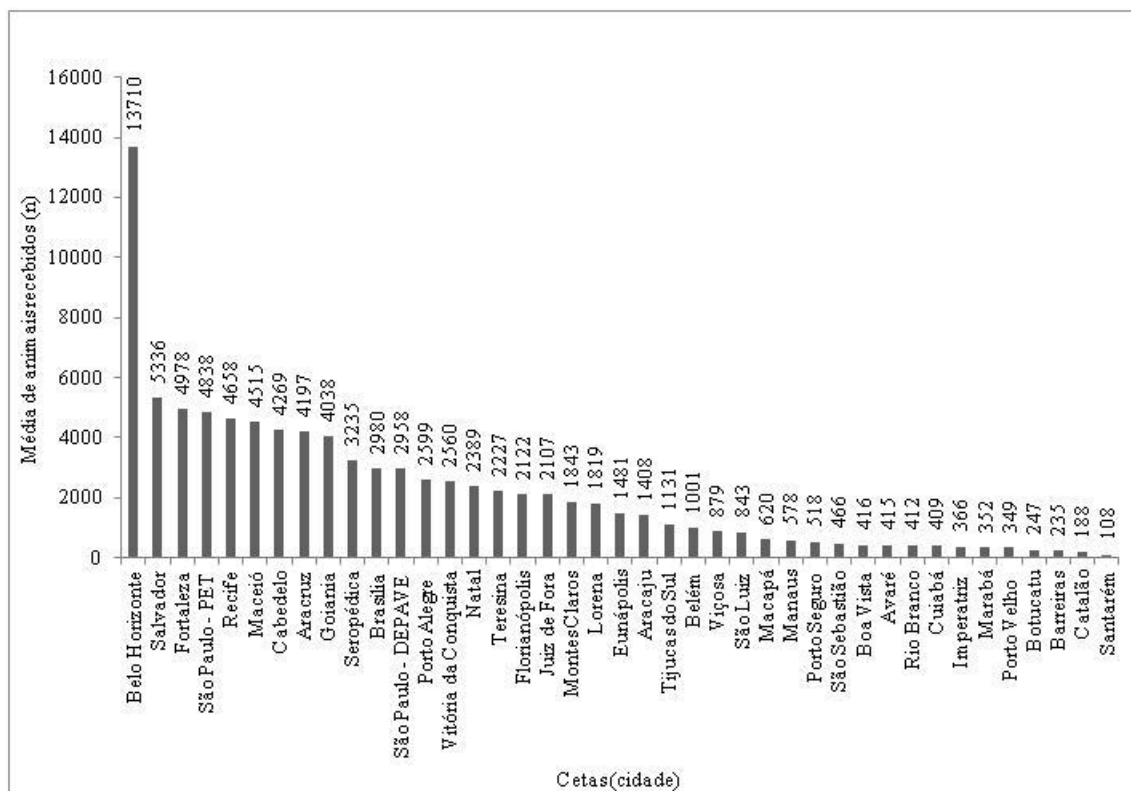


Figura 1 – Número médio de animais recebidos por CETAS no período de 2008 a 2010.

Tabela 3 – Número de espécimes recebidos pelos CETAS por ano de acordo com a procedência, no período de 2008 a 2010.

	Apreensão			Recolhimento	Entrega voluntária		Total
	IBAMA	PMMA	Outros		Indefinido		
2008	17070	27300	4864	7259	8103	4404	69000
2009	14155	34517	9120	10980	10399	761	79932
2010	15775	30889	4355	8437	11016	15192	85663
<b>TOTAL</b>	<b>47000</b>	<b>92706</b>	<b>18338</b>	<b>26676</b>	<b>29519</b>	<b>20357</b>	<b>234595</b>
(%)	20.0	39.5	7.8	11.4	12.6	8.7	

1000 agentes estaduais.

Assim, observa-se que, salvo algumas exceções, os CETAS são mantidos por Instituição Federal (IBAMA) com a finalidade principal de receber e manejar animais apreendidos por Instituição Estadual (PMMA), principalmente na região sudeste.

As aves constituíram o maior grupo dos animais recebidos com 86% do total, seguido pelos répteis com 9% e mamíferos com 5% (Figura 2). Estes resultados estão de acordo com os estudos realizados por Renctas (2002) em âmbito nacional e com estudos regionais conduzidos por Ferreira e Glock (2004), Vidolin et al. (2004), Borges et al. (2006), Rocha et al. (2006), Pagano et al. (2009) e Bastos et al. (2008) que observaram percentual de aves variando de 50% a 93% no total de animais apreendidos. De acordo com Sick (1997), as aves são atraentes devido à beleza, canto e valor comercial, o que faz com que sejam os animais silvestres mais comumente criados em cativeiro no Brasil e consequentemente os mais comercializados ilegalmente.

Marini e Garcia (2005) consideram que as principais ameaças para as aves brasileiras são a perda e degradação do habitat, seguida pela captura excessiva de espécimes no ambiente natural, sendo este último fator o responsável pela presença de 35% das espécies de aves na lista de ameaçados de extinção da IUCN. Diante destas perspectivas, torna-se essencial identificar se existem maiores pressões sobre os táxons devido ao tráfico de animais e os eventuais impactos destas capturas.

Esta avaliação pode ser realizada por meio de estudos ecológicos que abordem, entre outros aspectos, as dinâmicas populacionais e distribuição das espécies comumente apreendidas nas várias regiões do país.

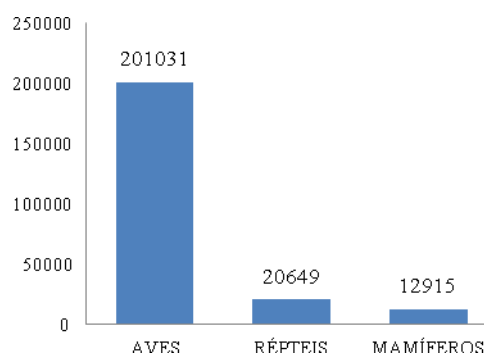


Figura 2 – Frequência de aves, répteis e mamíferos recebidos pelos CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010.

As ações fiscalizatórias com a consequente apreensão dos animais foram responsáveis pela maior parte das aves recebidas, enquanto que no grupo dos répteis a entrega voluntária foi a que mais contribuiu para o volume total de indivíduos. No caso dos mamíferos, o recolhimento foi o mais importante seguido pela entrega voluntária (Figura 3). O fato dos répteis serem principalmente entregues voluntariamente aos CETAS pode ser devido à menor capacidade de interação deste grupo com as pessoas.

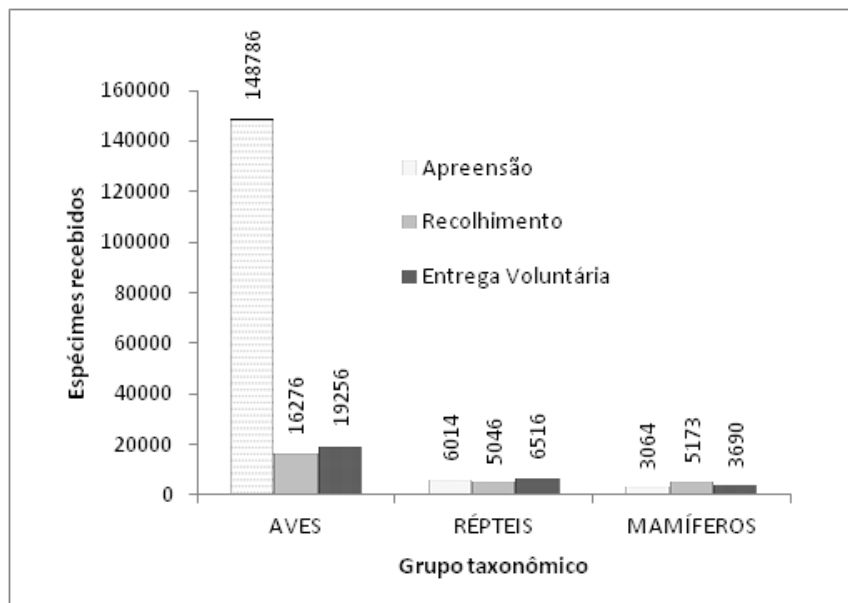


Figura 3 - Frequência de animais encaminhados para os CETAS de acordo com a origem durante os anos de 2008 a 2010.

Mayer et al. (2006) consideram que, pelo fato de na natureza, os répteis raramente serem encontrados em grupos sociais e viverem isolados a maior parte de sua vida, este grupo pode não ser um bom animal de estimação para ambiente doméstico, pois as pessoas que os mantêm em cativeiro provavelmente vão perder o interesse pelo espécime ao longo do tempo e procurar as Instituições para efetuar a entrega.

A análise da figura 4 permite verificar que o grupo das aves foi o mais recebido pelos CETAS em todas as regiões geográficas, constituindo, nas regiões sul e sudeste, mais de 90% do total da fauna recebida. No entanto, na região norte observa-se que apesar das aves serem predominantes, os répteis e mamíferos foram proporcionalmente mais frequentes que nas demais regiões, com 32% e 16%, respectivamente. Apesar de não existirem estudos sobre este tema, estes resultados indicam que, aparentemente existe menor interesse da população amazônica em manter passeriformes em cativeiro quando comparado com as outras regiões.

Pela observação da figura 5 pode-se verificar que as aves tem maior representatividade no volume de animais apreendidos, independente da região.

Observa-se também que as apreensões são realizadas principalmente pelo IBAMA e PMMA nas regiões NE e SE, havendo, no caso específico da região Sudeste, participação expressivamente maior da PMMA no total dos animais.

Em relação aos mamíferos, verificou-se que a maior parte deste animais é procedente de recolhimento e entrega voluntária em todas as regiões (Figura 7). Apesar de não ter sido objeto deste estudo detalhar as espécies de mamíferos, sabe-se que a maioria dos animais deste grupo que são recolhidos, é constituída por táxons de hábitos generalistas, como o sagui (*Callithrix sp.*) e o gambá (*Didelphis albiventris*), que se adaptaram de forma plena aos espaços urbanos (Renctas, 2007). Mesmo considerando os riscos e os conflitos decorrentes da presença da fauna silvestre nas cidades, Savard (2000) considera que esta proximidade pode favorecer a adoção, por parte da sociedade, de ações direcionadas à conservação da biodiversidade em ambientes naturais.

Semelhante ao verificado com mamíferos, os répteis foram originados principalmente de entrega voluntária e recolhimento (Figura 7). Os CETAS da região NE foram os que mais

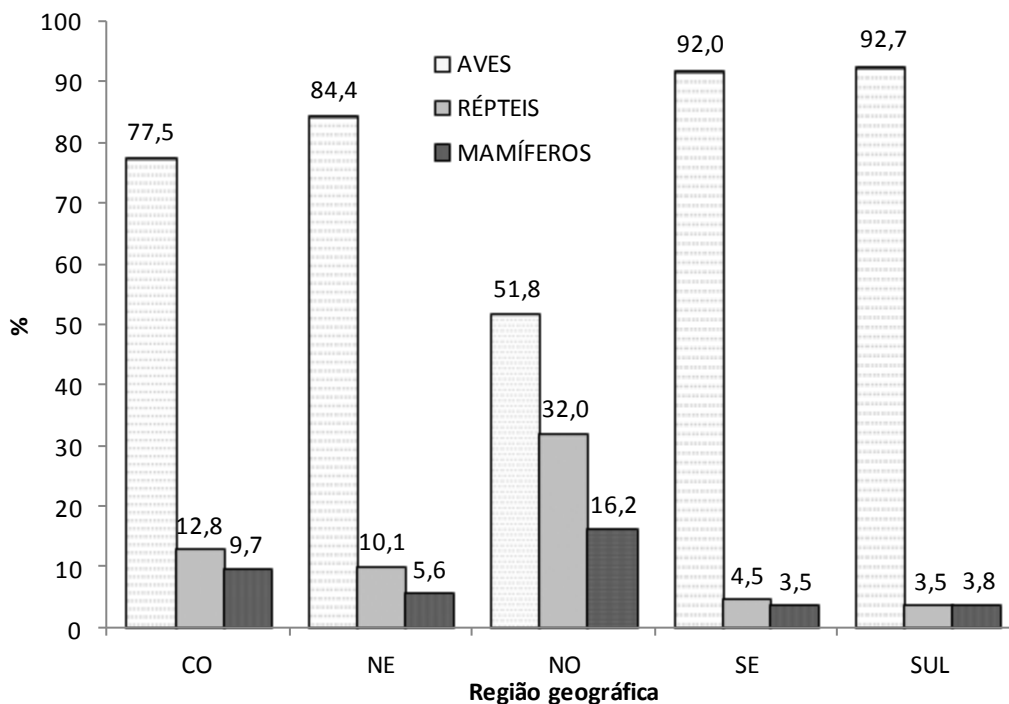


Figura 4 – Frequência de animais recebidos nos CETAS do Brasil por grupo taxonômico e região geográfica no período de 2008 a 2010.

receberam répteis no período, com mais de 8000 animais.

Não existem muitas informações sobre animais recolhidos no Brasil, no entanto espera-se que o perfil dos mesmos seja diferente do perfil dos animais procedentes do tráfico, uma vez que os recolhimentos ocorrem principalmente quando um animal está ferido ou é encontrado em locais inadequados para sua sobrevivência. Geralmente a maior parte dos recolhimentos é originária de conflitos com a fauna silvestre urbana. De fato, verifica-se que dentre as espécies de aves mais recolhidas encontram-se aves urbanas como a rolinha (*Columbina talpacoti*) e o bem-te-vi (*Pitangus sulphuratus*) e alguns rapinantes também adaptados às cidades como a coruja-da-igreja (*Tyto alba*), a corujinha-do-mato (*Megascops choliba*) e a coruja-orelhuda (*Asio clamator*), a coruja-buraqueira (*Athene cunicularia*), o gavião-carijó (*Rupornis magnirostris*), o urubu-da-cabeça-

preta (*Coragyps atratus*) e o carcará (*Polyborus plancus*) (Tabela 4).

Nota-se assim grande adaptação e capacidade de sobrevivência destas aves de rapina ao ambiente antropizado. Provavelmente a oferta abundante de insetos, roedores e outras espécies de aves, que possam servir de alimento nas cidades, esteja facilitando a adaptação destes grupos. Em relação aos rapinantes recolhidos em ambiente urbano, Andery (2011) verificou que as afecções traumáticas, principalmente de membros torácicos, constituem a principal causa de encaminhamento e óbito deste grupo no CETAS do IBAMA em Belo Horizonte. Esta autora ressalta a importância de uma nova percepção da sociedade para a convivência mais harmônica visando a preservação destas aves nas cidades e a necessidade de melhor estruturação das Instituições que manejam fauna silvestre para adequados recebimento, diagnóstico, tratamento, reabilitação e destinação dos animais debilitados.

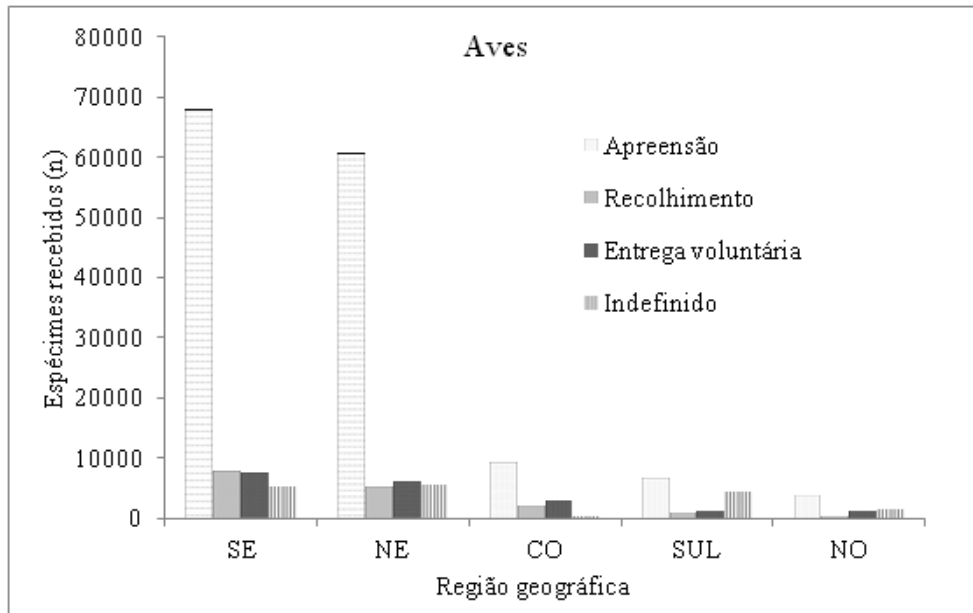


Figura 5 – Frequência de aves recebidas por região geográfica e forma de entrega no CETAS do Brasil no período de 2008 a 2010.

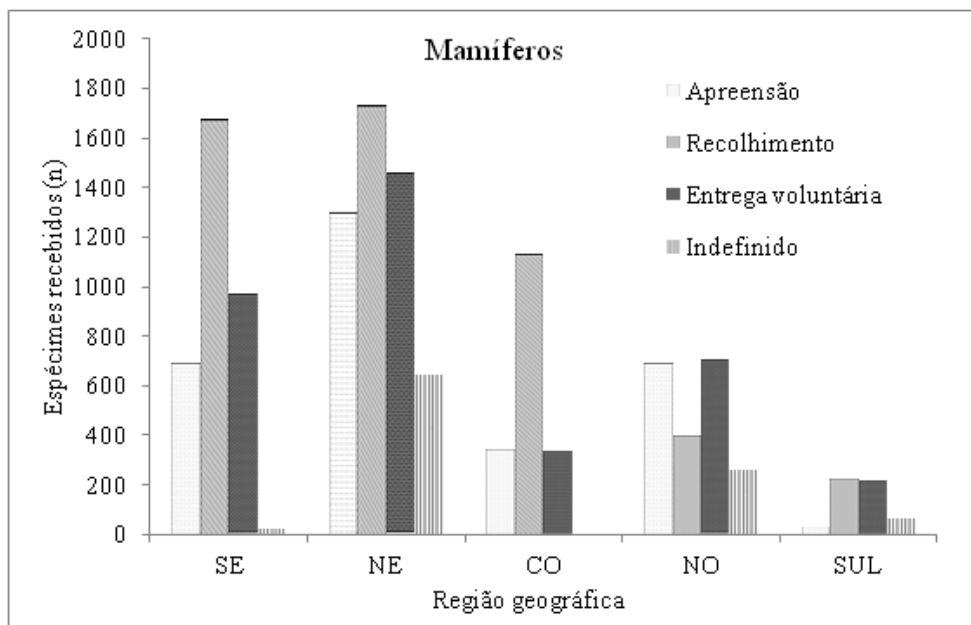


Figura 6 – Frequência de mamíferos recebidos por região geográfica e forma de entrega nos CETAS do Brasil no período de 2008 a 2010.



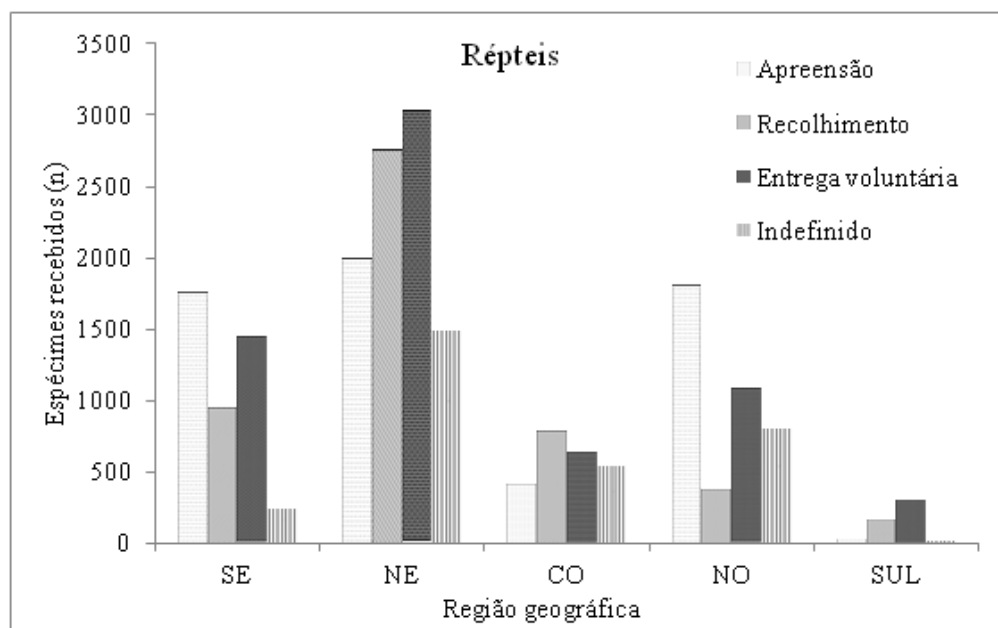


Figura 7 – Frequência de répteis recebidos por região geográfica e forma de entrega nos CETAS do Brasil no período de 2008 a 2010.

A ocorrência de recolhimento de espécies sabidamente vítimas do tráfico como o canário-da-terra, estrelinha e papagaio-verdadeiro alerta para a possibilidade de fugas ou solturas indevidas de espécimes mantidos irregularmente. Apesar da entrega voluntária ser garantida por lei e isenta de punições (Brasil, 1998), aparentemente a sociedade ainda teme a aplicação de penalidades quando pretende entregar um animal silvestre mantido clandestinamente e pode preferir libertar os espécimes em espaço urbano.

Apesar de ser menos expressivo quando comparado ao número de animais traficados, a soma dos animais recolhidos e entregues voluntariamente aos CETAS nos três anos atingiu mais 56 mil animais, ou seja, cerca de 25% do total recebido. Considerando que foram avaliados 101 relatórios, observa-se número médio de mais de 500 animais desta origem por CETAS por ano. Este volume de espécimes é notadamente superior ao encaminhado para os centros de reabilitação dos Estados Unidos (Casey e Casey, 2005), Austrália (DSE, 2011), África do Sul (Wimberger et al. 2010) e Canadá (Dubois e Fraser 2003).

Assim como nos outros países, os animais recolhidos no Brasil, via de regra, são resgatados necessitando de cuidados devido a lesões, ferimentos ou pelo fato de serem filhotes (Andery, 2011). A atenção especial a cada indivíduo recolhido torna-se a cada dia mais difícil à medida em que o número total de animais recebidos ultrapassa a casa dos milhares por ano com tendência de elevação para os próximos anos.

Alternativa para contornar esta situação seria a implantação de um sistema de reabilitadores voluntários no Brasil, como ocorre na maioria dos demais países. Após cadastro simplificado e avaliação técnica dos recursos humanos e infraestrutura disponível, os interessados poderiam ser habilitados para cuidar desde filhotes de pássaros, primatas, rapinantes ou até mesmo grandes carnívoros, dependendo das condições apresentadas. Os reabilitadores permitiriam maior capilaridade no atendimento, com mais unidades distribuídas pelo país, reduzindo os custos com deslocamento, os riscos de transmissão de doenças de uma região para outra e o estresse dos animais.

Do total de aves encaminhadas para os CETAS (201031) (Figura 1), foi possível fazer o estudo

Os Passeriformes constituíram a principal vítima do tráfico de animais em todos os

Tabela 4 – Relação das 20 espécies de aves mais recolhidas e entregues voluntariamente nos CETAS do Brasil no período de 2008 a 2010. Classificadas por ordem decrescente de recolhimentos.

Posição	Espécie	Nome comum	Recolhimento	Entrega voluntária
1	<i>Tyto alba</i>	Suindara	631	365
2	<i>Sporophila lineola</i>	Estrelinha	516	193
3	<i>Sicalis flaveola</i>	Canário-da-terra	512	1010
4	<i>Aratinga leucophthalma</i>	Maritaca	463	548
5	<i>Sporophila nigricollis</i>	Coleiro-baiano	413	457
6	<i>Megascops choliba</i>	Corujinha-do-mato	411	111
7	<i>Rupornis magnirostris</i>	Gavião carijó	385	267
8	<i>Turdus rufiventris</i>	Sabiá laranjeira	374	354
9	<i>Saltator similis</i>	Trinca-ferro	350	518
10	<i>Brotogeris tirica</i>	Periquito-rico	350	69
11	<i>Pitangus sulphuratus</i>	Bem-te-vi	319	218
12	<i>Coragyps atratus</i>	Urubu-de-cabeça-preta	309	56
13	<i>Dendrocygna viduata</i>	Irerê	290	155
14	<i>Amazona aestiva</i>	Papagaio verdadeiro	279	939
15	<i>Spheniscus magellanicus</i>	Pinguim-de-magalhães	274	192
16	<i>Columbina talpacoti</i>	Rolinha-roxa	269	102
17	<i>Asio clamator</i>	Coruja-orelhuda	248	88
18	<i>Athene cunicularia</i>	Coruja-buraqueira	248	142
19	<i>Paroaria dominicana</i>	Cardeal	234	268
20	<i>Caracara plancus</i>	Carcará	227	88

detalhado de 143047 indivíduos. Assim, cerca de 30% dos registros das aves não foram adequadamente encaminhados pelos CETAS e, por consequência, não permitiram identificar a espécie ou a origem.

Foram identificadas 28 ordens, 70 famílias e 574 espécies de aves. As Ordens mais frequentes em números de recebimentos foram a dos Passeriformes, constituindo 80,4%, seguida pelos Psittaciformes com 10,0%, Strigiformes com 2,2%, Columbiformes com 1,4% e Anseriformes com 1% (Tabela 5).

Quase um terço das espécies de aves existentes em nosso país foi encaminhada para os CETAS no período avaliado. Este dado reforça a importância destas estruturas como instrumento para a conservação da fauna e como fonte de material para pesquisas científicas envolvendo os diversos táxons brasileiros.

estudos sobre o assunto no Brasil (Renctas, 2002; Ferreira e Glock, 2004; Vidolin et al., 2004; Borges et al., 2006; Rocha et al., 2006; Bastos et al., 2008; Pagano et al., 2009; Araújo et al., 2010). Infelizmente, por questões culturais, valor econômico, ou outras ainda não explicadas, existe um forte hábito de se manter passeriformes aprisionados em gaiolas em todo o Brasil.

Observou-se um aumento de mais de 80% na participação dos Passeriformes em relação ao total de aves, comparando-se com os 44% anotados pela Renctas (2002) na década de 1990. O alto percentual de apreensões destas aves sugere que, aparentemente, ao comparar os custos e riscos de se adquirir um pássaro silvestre pelas vias legais e clandestinas, a maioria das pessoas tem optado por comprar animais provenientes do tráfico.

Tabela 5 – Número de Famílias, espécies e quantidade de aves encaminhadas aos CETAS do Brasil, por Ordem e procedência, durante os anos de 2008 a 2010.

Ordem	Famílias	Espécies	Apreensão	Recolhimento	Entrega Voluntária	Indefinido	TOTAL
Acciptriformes	2	32	309	480	324	48	1161
Anseriformes	2	15	782	425	218	21	1446
Apodiformes	2	20	36	316	105	3	460
Caprimulgiformes	2	17	46	126	65	6	243
Cariamiformes	1	1	28	37	37	2	104
Cathartiformes	1	4	65	314	58	6	443
Charadriiformes	9	23	56	175	73	6	310
Ciconiiformes	1	1	0	0	1	0	1
Columbiformes	1	20	1179	550	276	22	2027
Coraciiformes	2	6	5	25	27	2	59
Cuculiformes	1	9	22	95	64	6	187
Falconiformes	1	13	181	482	214	9	886
Galbuliformes	2	4	1	4	3	0	8
Galliformes	1	17	97	62	48	4	211
Gruiformes	3	21	69	135	129	22	355
Passeriformes	20	220	102367	5223	6688	717	114995
Pelecaniformes	2	24	128	305	163	10	606
Phaethontiformes	1	1	0	1	0	0	1
Piciformes	2	20	550	410	277	13	1250
Podicipediformes	1	2	3	5	0	1	9
Procellariiformes	2	10	7	54	10	1	72
Psittaciformes	1	59	7836	2102	4071	278	14287
Sphenisciformes	1	1	38	116	192	1	505
Strigiformes	2	15	637	1703	791	59	3190
Struthioniformes	1	1	2	22	14	1	39
Suliformes	4	5	24	64	19	1	108
Tinamiformes	1	11	25	12	45	0	82
Trogoniformes	1	2	1	1	0	0	2
Total	70	574	114652	13244	13912	1239	143047

Para a maioria destas espécies, o preço de uma ave proveniente de um criadouro comercial devidamente registrado é superior ao valor da multa pela manutenção ilegal do mesmo animal. Este fato, associado ao desconhecimento da legislação e a falta de compromisso com as questões éticas e ambientais relacionadas ao tráfico de animais, pode ajudar a esclarecer a grande pressão sobre este grupo taxonômico.

Em relação à forma pela qual estas aves são encaminhadas para os CETAS, verifica-se que apenas para as ordens dos Passeriformes, Psittaciformes e Anseriformes houve predominância de apreensões, sendo, para as demais ordens, o recolhimento e a entrega voluntária os principais fatores que conduziram os animais aos centros de triagem.

As Famílias com maior número de espécimes recebidos foram as Emberezidae com 43,4% (62118), Thraupidae com 18,0% (25714), Psittacidae com 10% (14287), Icteridae com 5,2% (7405) e Cardinalidae com 5% (7145). A lista completa das aves encaminhadas para os CETAS com as respectivas origens pode ser visualizada em tabela anexa a este trabalho.

As Famílias Emberezidae e Thraupidae englobam os principais pássaros canoros do Brasil e tem sido intensamente capturadas em nosso país, conforme já observado pelos estudos da Rencas (2002) e Borges (2006). No entanto, mesmo constituindo apenas cerca de 10% das aves traficadas, os psitacídeos despertam atenção especial, pois constituem um grupo cujas populações sofrem grande pressão pela

retirada de filhotes dos ninhos. Sua coloração vistosa, a capacidade de imitar a voz humana e o fácil manejo em cativeiro fez com que se tornasse alvo especial dos traficantes, levando várias espécies deste grupo a quase extinção (Sick, 1997; Schunck et al., 2011).

Em relação às espécies mais visadas pelo tráfico de animais por região geográfica, observa-se que o canário-da-terra (*Sicalis flaveola brasiliensis*), com 19715 indivíduos, foi a espécie com maior número de apreensões em todo o país, sendo a mais apreendida em 4 das 5 regiões estudadas (Tabela 6). Por outro lado, o trinca-ferro (*Saltator similis*) foi o segundo no ranking geral e nas regiões Sudeste e Sul, mas para as demais regiões NE, CO e NO foi menos importante.

O canário-da-terra (*Sicalis flaveola brasiliensis*) ocupa as primeiras posições entre as principais espécies vítimas do tráfico em quase todos os estudos realizados no Brasil (Renctas, 2002; Ferreira e Glock, 2004; Borges, 2006; Bastos et al., 2008; Pagano et al., 2009). Aparentemente, o fato desta espécie possuir ampla distribuição geográfica e de se estabelecer de forma eficiente em áreas antropizadas (Sick, 1997) faz com que, mesmo sofrendo intensa pressão de captura, continue sendo uma espécie relativamente abundante em todo o país.

De maneira geral, verifica-se que as espécies são mais apreendidas em sua região natural de ocorrência e onde ainda ocorrem com relativa

Tabela 6 – Frequência das 20 espécies de aves mais apreendidas e encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 e posição da respectiva espécie em classificação (*ranking*) regional.

Espécie	Nome comum	Brasil (n)	Posição na classificação por região				
			Sudeste	Nordeste	Centro-oeste	Norte	Sul
<i>Sicalis flaveola brasiliensis</i>	Canário-da-terra	19715	1°	1°	1°	2°	1°
<i>Saltator similis</i>	Trinca-ferro	11628	2°	53°	19°	42°	2°
<i>Sporophila nigricolis</i>	Coleiro-baiano	7906	4°	4°	4°	12°	28°
<i>Sporophila caeruleascens</i>	Coleirinho	7282	3°	25°	6°	20°	3°
<i>Cyanoloxia brissonii</i>	Azulão	6674	6°	3°	12°	31°	5°
<i>Paroaria dominicana</i>	Galo-de-campina	5375	15°	2°	11°	77°	81°
<i>Sporophila angolensis</i>	Curió	4514	8°	15°	2°	1°	9°
<i>Sporophila lineola</i>	Estrelinha, bigode	3543	10°	6°	21°	3°	78°
<i>Gnorimopsar chopi</i>	Pássaro-preto	3241	5°	17°	3°	40°	18°
<i>Amazona aestiva</i>	Papagaio-verdadeiro	2145	13°	12°	9°	80°	14°
<i>Turdus rufiventris</i>	Sabiá-laranjeira	2461	12°	9°	8°	44°	7°
<i>Sporophila albogularis</i>	Brejal	2850	29°	5°	30°	73°	NA*
<i>Zonotrichia capensis</i>	Tico-tico	2794	7°	16°	31°	NA	12°
<i>Aratinga leucophthalma</i>	Maritaca	800	18°	73°	24°	46°	65°
<i>Sporophila bouvreuil</i>	Caboclinho	1428	39°	7°	44°	65°	107°
<i>Sporophila frontalis</i>	Pichochó	1356	11°	95°	NA	NA	20°
<i>Tangara sayaca</i>	Sanhaço	1183	23°	11°	43°	NA	88°
<i>Aratinga cactorum</i>	Periquito-da-caatinga	985	51°	10°	156°	106°	94°
<i>Sporagra magellanica</i>	Pintassilgo	1269	14°	88°	15°	83°	8°
<i>Lanio pileatus</i>	Tico-tico-rei-cinza	1223	19°	13°	71°	NA	NA

\*NA: espécie não apreendida na região.

abundância. Assim o curió (*Sporophila angolensis*), espécie ameaçada de extinção em vários estados do Brasil, constou entre as mais apreendidas apenas nas regiões Norte e Centro-oeste, onde ainda existem grandes populações desta espécie e o galo de campina (*Paroaria dominicana*) somente esteve entre os primeiros na região Nordeste, onde é endêmica.

Vários autores (Renctas, 2002; Renctas, 2007) descreveram como principal rota de tráfico de animais no Brasil a saída dos animais das regiões Norte e Nordeste para as regiões Sul e Sudeste. Esta informação tornou-se quase um mantra e é repetida em todos os estudos e discussões sobre o tráfico de animais no Brasil. Em nosso estudo verificou-se que as espécies de aves são mais frequentemente apreendidas dentro de sua área de distribuição natural.

Se tomarmos como exemplo a posição do trinca-ferro (*Saltator similis*), na Tabela 6, verifica-se que situa-se entre os primeiros apenas nas regiões Sul e Sudeste, nas quais ocorre naturalmente. O galo-de-campina (*Paroaria dominicana*), ave endêmica do Nordeste, ocupou a segunda colocação na região de origem e posições avançadas nas demais (Sigrist, 2009). A mesma associação entre área de distribuição natural da espécie e posição da mesma no ranking pode ser evidenciada para o pássaro-preto (*Gnorimopsar chopi*), azulão (*Cyanoloxia brissonii*) e brejal (*Sporophila albobularis*).

A ampla distribuição geográfica de ocorrência natural da maioria das espécies dificulta análise semelhante para os demais táxons. Entretanto, esta perceptível variação no fluxo de animais, que tinham origem nas regiões norte e nordeste, pode ser reflexo de maior interesse da sociedade pelas espécies de ocorrência regional ou pelo receio dos traficantes de transitar pelas estradas portando animais silvestres ilegais devido a uma fiscalização mais eficiente. Contudo, neste estudo não existem elementos que permitam explicar a mudança de padrão nas espécies comercializadas por região do Brasil.

A lista de espécies ameaçadas constitui importante instrumento para direcionar tomada de decisões. Assim as espécies ameaçadas são alvos de mais financiamentos para pesquisas, participam de planos de manejo e quando

apreendidas, proporcionam multa até 10 vezes maior ao infrator que as espécies não ameaçadas. Verifica-se que entre as 20 espécies mais apreendidas apenas o catatau (*Sporophila frontalis*) consta na lista de espécies da fauna brasileira ameaçadas de extinção (MMA, 2003).

Para uma espécie ser considerada ameaçada de extinção ela precisa ser avaliada à luz de pré-requisitos técnicos como tamanho populacional, qualidade de habitat disponível, distribuição, entre outros. Assim, durante a elaboração da lista oficial a maioria destas espécies comumente apreendidas não preencheu os requisitos pra serem consideradas sob risco de extinção (MMA, 2008). Contudo, o que se observa é que, em alguns casos, quando uma espécie passa a ser considerada ameaçada, as populações já se encontram em tamanhos tão reduzidos que dificultam sua recuperação.

Neste contexto, iniciativa interessante seria a elaboração de diagnósticos regionais de espécies comumente apreendidas que, associados à avaliação dos táxons na natureza, permitissem a criação de listas de espécies sobreexploradas ou que sofrem grande pressão do tráfico, de forma semelhante ao observado no anexo II da lista CITES (CITES, 2011). Esta ação pode reduzir a pressão sobre determinados grupos por meio da aplicação de sanções mais severas. A maior penalidade aos infratores possuidores de espécies, com fortes pressões regionais, como por exemplo o trinca-ferro (*Saltator similis*) e o papagaio-verdadeiro (*Amazona aestiva*) na região Sudeste, poderia, por exemplo, desestimular a captura destes táxons e permitir a recuperação populacional e o pleno desempenho da função ecológica destas aves.

A destinação proporcionada aos animais recebidos pelo CETAS encontra-se na tabela 7. Foram contabilizados 182283 animais nos registros de destinação e a soltura foi o destino predominante dos animais, independente da região, correspondendo a 56% do total de animais encaminhados. As diferentes modalidades de criadouros e o TDDP absorveram 7,3% dos animais destinados pelos CETAS no período.

Tabela 7 – Destinação da fauna recebida pelos CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 por região geográfica.

Região	Soltura	Óbito	CETAS	Fuga	Mante- nedouro	Zoo	Criadouro Comer- cial	Cras	Cria- douro cientí- fico	TDDP	Outro	Total
CO	5659	4386	1228	97	426	220	178	8	84	318	26	12630
NE	44266	18446	4888	2593	685	996	885	608	406	404	2192	76369
NO	4859	1065	437	2422	815	646	546	604	356	46	258	12054
SE	44744	18254	4409	2198	3382	814	659	475	450	73	576	76034
SUL	2011	1914	284	83	200	228	380	3	91	2	0	5196
TOTAL	101539	44065	11246	7393	5508	2904	2648	1698	1387	843	3052	182283
%	55,7	24,2	6,2	4,1	3,0	1,6	1,5	0,9	0,8	0,5	1,7	

Cras: centro de reabilitação de animais silvestres; TDDP: termo de depósito doméstico provisório.

Segundo a IUCN (2002), a destinação adequada da fauna silvestre deve sempre buscar melhorar o estado de conservação do táxon, sem oferecer riscos sanitários, genéticos ou comportamentais tanto para a fauna cativa quanto para as populações em vida livre, independente da espécie. A correta destinação também deve desestimular o comércio ilegal de animais silvestres e minimizar o sofrimento dos espécimes, independente de ser para criadouros, solturas ou eutanásia.

Quase um quarto dos animais morreu durante o procedimento de triagem, sendo que o número de óbitos foi proporcionalmente maior nas regiões CO e Sul, onde atingiram patamares superiores a 30% dos animais e o menor foi observado na região NO, com menos de 10% de óbitos. No entanto, o quantitativo de animais que fugiram também foi proporcionalmente maior na região norte, onde se registrou fuga de cerca de 20% dos exemplares. Não foi verificada relação entre o número de óbitos e a quantidade de animais recebidos pela região.

O percentual de óbitos observado neste estudo foi similar aos índices apresentados pelos centros de triagem e reabilitação de outros países (Casey e Casey, 2005; Dubois e Fraser, 2003) e muito superior ao anotado pela Renctas (2002), que registrou 1% de óbitos nos animais apreendidos. É necessário ressaltar que o estudo da Renctas (2002) avaliou informações produzidas pelos agentes de fiscalização durante as operações e que os óbitos contabilizados

referem-se apenas aos verificados no momento da fiscalização, não sendo computadas mortes que ocorreram nos dias subsequentes.

As informações contidas nos relatórios utilizados neste estudo não permitiram identificar os fatores causadores dos óbitos dos animais. Os poucos estudos existentes sobre a causa das mortes de aves em CETAS (Godoy, 2006; Sanches, 2008) indicam como principal responsável pelo óbito dos Passeriformes a ocorrência de doenças infecciosas. Estes mesmos autores advertem para a necessidade de aplicação de rigorosos protocolos sanitários nos CETAS a fim de evitar a disseminação de doenças entre os espécimes resgatados e, principalmente, dos animais cativos para os que se encontram em vida livre.

Quando se considera apenas o quantitativo de animais que efetivamente e intencionalmente foram destinados, ou seja, excluindo-se os que permaneceram no CETAS, os que foram encaminhados para os CRAS, os óbitos e as fugas, verifica-se que o percentual médio de solturas correspondeu a 80% dos indivíduos, com maior índice para aves, e que o total encaminhado para criação em cativeiro nas diferentes modalidades de criadouros constituiu cerca de 18% dos animais (Figura 8).

Proporcionalmente observou-se maior interesse dos criadouros científicos e zoológicos pelos répteis e mamíferos e maior percentual de fuga nas aves. Os répteis também foram os animais com maior percentual de destinação para criadouros comerciais.

Segundo a IUCN (2002) a destinação para criadouros é a mais recomendada para a maioria dos animais, mas foi verificada apenas em uma pequena parcela dos animais recebidos pelos CETAS avaliados neste estudo. De fato, esta via tem se mostrado pouco viável em função da quantidade e composição da fauna apreendida. Geralmente os poucos criadouros autorizados não possuem capacidade de suporte para o grande volume de animais e, conseqüentemente não apresentam interesse nas espécies mais frequentes. A preferência dos criadouros recai sobre os animais que são mais raros ou ameaçados de extinção, que são apreendidos excepcionalmente.

Os procedimentos para implantação de um criadouro, contidos na IN 169 (IBAMA, 2008a), independente da modalidade, são complexos, exigentes e podem representar um desestímulo aos interessados em manter a fauna silvestre cativa de forma legal. A criação de uma categoria de criadouro com cadastro mais simplificado e trâmite mais rápido, que contemple os grupos mais comumente apreendidos, como passeriformes e psitacídeos, poderia representar uma eficaz alternativa para a destinação dos animais recebidos pelos CETAS e atender a um crescente interesse da sociedade em colaborar com a conservação da fauna nativa.

O perfil da destinação da fauna silvestre encaminhada para os CETAS avaliada neste estudo demonstra que as solturas/translocações constituem a principal forma de disposição dos animais (Figura 8), semelhante ao observado pela Renctas (2002). Atenção especial deve ser dada a este fato, pois segundo Segundo Marini e Garcia (2005), a liberação de um grande número de aves apreendidas pelas autoridades são grandes problemas, pois existem poucos programas de translocação bem planejados no Brasil. Para estes autores, a maioria dos espécimes capturados ilegalmente é libertada em locais impróprios e sem uma avaliação sanitária adequada, sendo os efeitos dessas solturas ainda desconhecidos. Este estudo permitiu verificar que, apesar dos riscos envolvidos, tem sido uma tendência frequente resolver o problema da destinação dos animais recebidos pelos CETAS por meio da soltura dos indivíduos na natureza, sem observação das diretrizes básicas propostas pela comunidade científica (Griffith et al., 1989; Armstrong e Seddon, 2008; Jule et al., 2008). Muitas vezes a liberação de animais na natureza constitui-se na única alternativa de destinação viável para grupos comumente apreendidos, como os passeriformes.

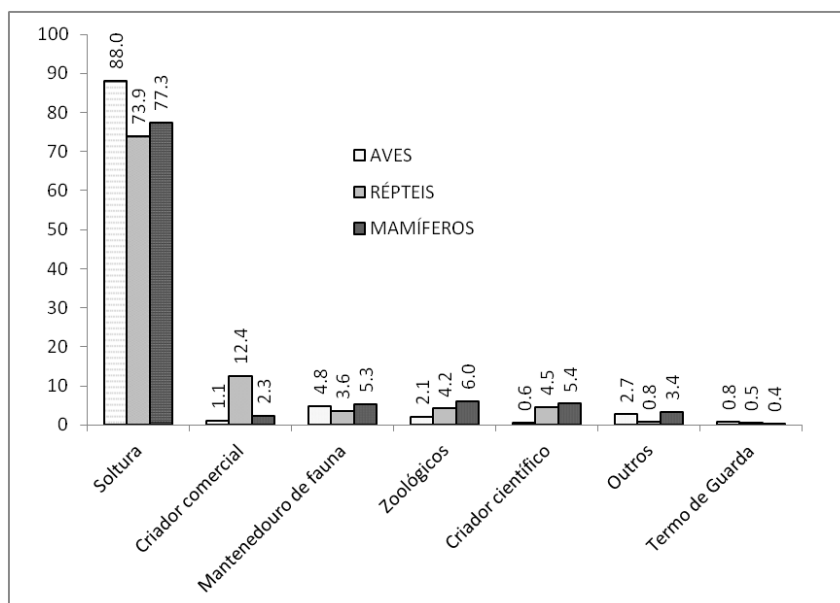


Figura 8 – Destinação dos animais silvestres recebidos pelos CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010.

Considerando que estes procedimentos são, quase sempre, precariamente planejados, os animais recém liberados podem oferecer riscos aos de vida livre pela possibilidade de: a) se tornar espécie invasora, quando liberada fora de sua área de distribuição natural; b) causar distúrbios sociais e ecológicos na fauna já estabelecida pela competição por habitat; c) transmitir comportamentos indesejados para as populações selvagens; d) produzirem exemplares híbridos pelas diferenças de linhagens genéticas ou subespécies e e) transmitir doenças infecciosas adquiridas no cativeiro para as aves de vida livre (IUCN, 2002).

A IN 179 (IBAMA, 2008b) estabelece, em seus anexos, os rigorosos protocolos sanitários exigidos para devolução de animais à natureza. No entanto, o que se verifica, na prática, é que não existe suporte técnico, estrutural e financeiro para a aplicação deste protocolo na rotina dos CETAS do Brasil. Enquanto são exigidos exames complexos e demorados como isolamento e cultura para o diagnóstico de algumas doenças, a maioria dos CETAS ainda não possui condições de fazer procedimentos laboratoriais básicos, como avaliações coproparasitológicas e esfregaços.

Muito pouco ou quase nada é conhecido sobre os métodos de diagnóstico e epidemiologia das principais doenças que acometem os animais silvestres no Brasil. O que se verifica com relativa frequência na literatura são apenas relatos de ocorrência de surtos causados por determinados patógenos em cativeiro doméstico ou comercial. No entanto, a distribuição, ocorrência e importância dos patógenos, os fatores predisponentes dos hospedeiros e os demais mecanismos envolvidos no processo saúde/doença dos animais silvestres, em cativeiro ou vida livre, permanecem por ser elucidados.

Torna-se essencial o investimento na geração de conhecimento acerca dos aspectos realmente importantes e que devem ser considerados durante a elaboração de protocolos de avaliação sanitária para as aves destinadas a programas de soltura. Ainda não existe clareza em relação a interpretação dos resultados dos exames. O resultado negativo de um exame de detecção do agente da clamidiose aviária ou da doença de

Pacheco, para citar apenas duas das doenças mais comuns em psitacídeos, é de pouca validade e precisa ser interpretado com cautela, uma vez que estas doenças são causadas por patógenos que podem ser eliminados de forma intermitente, e dependendo das condições dos hospedeiros, persistir por anos nas aves sem manifestação clínica.

Assim, a exigência, de protocolos extremamente rigorosos, sem a correspondente estruturação física e operacional dos CETAS, aparentemente não resolve o problema dos riscos sanitários e afasta os técnicos da área de fauna de um processo mais equilibrado de tomada de decisão em relação ao destino dos animais.

Vale a pena ressaltar que, em relação à dispersão de patógenos, alguns autores (Hoegh-Guldberg et al., 2008; Mueller e Hellmann, 2008) alegam que os riscos são reduzidos quando a translocação é realizada dentro do mesmo continente e para regiões biogeograficamente similares. Neste contexto, os patógenos seriam potencialmente mais nocivos para a fauna em vida livre principalmente quando são transferidos de um continente ao outro. Esta fato ressalta a importância da criteriosa pesquisa de patógenos em animais que entram em nosso país procedentes de outros continentes, mesmo que vindos de criadouros legalizados.

A inexistência de locais para a adequada destinação dos animais apreendidos é um dos principais entraves para a intensificação das ações fiscalizatórias (Vidolin et al., 2004). A literatura disponível informa que apenas cerca de 40% dos animais são encaminhados para os CETAS (Renctas, 2007). Mesmo nas cidades onde são presentes os CETAS, o excesso populacional observado em algumas unidades decorre, na maioria dos casos, do recebimento de grande contingente de animais e das dificuldades de destinação. Verifica-se assim, a urgência do estabelecimento de novos CETAS, que contemplem de maneira mais homogênea as regiões com maior número de apreensões.

Existem poucos trabalhos que abordam a recepção, triagem e destinação de fauna silvestre em outros países. Ao nosso conhecimento, em nenhum outro país a fauna silvestre apreendida ou recolhida é tratada como



no Brasil, onde os centros de triagem são implantados e geridos quase que exclusivamente por instituição pública federal. Assim, os governos estaduais, municipais, universidades, ONGs e a iniciativa privada precisam contribuir de maneira mais efetiva na difícil missão de gerenciar os recursos faunísticos de maneira responsável.

Estratégia interessante seria envolver a sociedade civil, organizada ou não, e clínicas veterinárias no trabalho de cuidar da fauna silvestre vítima de conflitos urbanos, à semelhança do que ocorre na maioria dos países do mundo. A implantação do sistema de reabilitador voluntário no Brasil permitiria uma imensa capilarização e significativos avanços na qualidade do atendimento emergencial de animais feridos ou filhotes recolhidos. A criação de fundos específicos, com aportes financeiros provenientes dos próprios infratores, poderia representar um estímulo extra às ações relacionadas à recepção, triagem, tratamento, reabilitação, soltura e monitoramento dos animais silvestres brasileiros que seriam desenvolvidos por particulares ou ONG's.

Uma rede mais ampla de CETAS proporcionará diversos benefícios. Quanto menor o deslocamento de um espécime apreendido, menor será o risco de problemas sanitários, genéticos e populacionais caso ele venha a ser solto. Menor será também o tempo entre a apreensão e o destino e, conseqüentemente, mais rápida será a recuperação do espécime e menores serão os gastos das instituições com alimentação, combustível, manutenção, diárias, entre outros.

Uma alternativa interessante seria a implantação de CETAS com finalidade exclusiva de receber apenas determinados grupos taxonômicos, como, por exemplo Psittaciformes, Primatas, Quelônios ou Rapinantes. Os gestores e técnicos destas unidades poderiam se especializar melhor no grupo, desenvolver e implantar recintos mais apropriados e conhecer mais sobre os aspectos taxonômicos, sanitários, nutricionais e comportamentais dos animais. Além disto, os custos seriam menores que os CETAS do modelo atual e, com uma pequena rede de estruturas complementares, a maioria das espécies animais seria contemplada por estes CETAS específicos.

A criação de novos CETAS destinados a acolher e destinar os animais silvestres apreendidos do comércio e guarda doméstica ilegal, é fundamental, mas não é solução no combate ao tráfico (Godoy, 2006). A ação prioritária, mas raramente desenvolvida com eficiência, deve objetivar a não retirada da fauna silvestre de seu *habitat*.

Culpar a situação socioeconômica pela apanha e venda de animais não pode mais ser uma justificativa aceitável, da mesma forma que não se tolera o tráfico de drogas em regiões carentes. Educação e repressão precisam caminhar juntas, bem como a implantação de projetos de incentivo a atividades geradoras de renda para as comunidades que não impliquem em usos indevidos dos recursos naturais. Ecoturismo e safáris fotográficos podem representar alternativas para se obter retorno econômico da presença dos animais com mínima interferência (Renctas, 2007).

Organizar estas informações relativas aos 234.595 animais recebidos pelos CETAS do Brasil exigiu dedicação intensa e meses de trabalho. Mesmo assim, boa parte dos dados foram perdidos devido a preenchimentos inadequados e não envio dos formulários pelos respectivos CETAS. A criação de um sistema informatizado, ligado a rede mundial de computadores, para gestão das informações produzidas por cada unidade seria um importante instrumento para padronização dos dados, produção de relatórios, troca de informações entre os CETAS, destinação de animais e planejamento de ações.

A perda da biodiversidade não ocorre apenas quando uma espécie é extinta. Cada indivíduo é uma entidade biológica, produto de um processo evolutivo de milhares de anos, e quando este deixa de participar dos ciclos ecológicos, toda a sua história genética desaparece. Uma série de relações intra e inter-específicas e com o meio físico-químico também ficam comprometidas e influenciam negativamente o delicado equilíbrio dinâmico dos ecossistemas. O tráfico de animais é responsável pelo desaparecimento de dezenas de populações de animais e faz-se necessário a adoção de medidas efetivas a fim de combater esta prática em nosso país.

É urgente a implantação de políticas públicas voltadas para a conservação da fauna nas esferas municipal, estadual e federal, com os respectivos instrumentos legais e a participação da sociedade civil. A educação ambiental deve ser foco, com maciças campanhas publicitárias e programas permanentes que estimulem a preservação dos animais silvestres em liberdade (Renctas, 2007).

## 6 - CONCLUSÕES

Além dos evidentes impactos da perda e degradação do habitat sobre a conservação das espécies da fauna, verifica-se que o Brasil também perde importante parte de sua biodiversidade com o comércio e guarda doméstica ilegais de animais nativos.

Os centros de triagem de animais silvestres representam importante instrumento de apoio à gestão da fauna apreendida, recolhida ou entregue voluntariamente, permitindo que estes animais sejam avaliados, tratados e recuperados antes da destinação final. O quantitativo de animais entregues nestes CETAS pode servir de indicação da necessidade ou não de construção de estruturas similares na cidade ou região.

As principais vítimas do comércio ilegal, independente da região, foram as aves. Nota-se evidente predileção dos traficantes por este grupo, provavelmente em decorrência do interesse da sociedade em manter estes espécimes em ambiente domiciliar. São necessárias ações permanentes de educação ambiental para a valorização da fauna silvestre em liberdade, e não em cativeiro, a fim de reverter esta delicada situação.

O grande número de aves, mamíferos e répteis recolhidos em ambiente urbano alerta para a necessidade da implantação de políticas públicas específicas para gestão desta nova comunidade urbana e ao esclarecimento da população sobre como estabelecer o melhor convívio possível entre a fauna silvestre e a sociedade.

Apesar dos táxons mais frequentemente recebidos pelos CETAS não constarem atualmente em listas de espécies ameaçadas de extinção, ressalta-se a necessidade de realização

de pesquisas científicas para avaliar o estado populacional destes grupos na natureza a fim de identificar precocemente os efeitos desta grande pressão de captura sobre estas espécies nativas.

Aparentemente, devido a uma série de fatores ainda não esclarecidos, que possivelmente estão associados a uma maior pressão de fiscalização, as estratégias do tráfico mudaram, sendo que os animais são capturados e comercializados principalmente dentro de suas próprias regiões de ocorrência natural.

## 7 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDERY, D.A. *Perfil sanitário de rapinantes de cativeiro e recolhimento em um centro de triagem de animais silvestres, Belo Horizonte/MG*. 2011. 78f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal). Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

ARAÚJO, A. C. B.; BEHR, E. R.; LONGHI, S. J. et al. Diagnóstico sobre a avifauna apreendida e entregue espontaneamente na Região Central do Rio Grande do Sul, Brasil. *Rev. Bras. Bioci.*, v. 8, n. 3, p. 279-284, 2010.

ARMSTRONG, D. P.; SEDDON, P. J. Directions in reintroduction biology. *Trends Ecol. Evol.*, v. 23, n. 1, p. 20-25, 2008.

BAILLIE, J. E. M.; HILTON-TAYLOR, C.; STUART, S. N. IUCN red list of threatened species. Gland: IUCN, 2004.

BALMFORD, A.; GREEN, R. E.; JENKINS, M. Measuring the changing state of nature. *Trends in Ecol. Evol.*, v. 18, p. 326-330, 2003.

BASTOS, L. F.; LUZ, V. L. F.; REIS, I. J. et al. Apreensão de espécimes da fauna silvestre em Goiás – situação e destinação. *Rev. Biol. Neotr.*, v. 5, n. 2, p. 51-63, 2008.

BORGES, R. C.; OLIVEIRA, A.; BERNARDO, N. et al. Diagnóstico da fauna silvestre apreendida e recolhida pela Polícia Militar de Meio Ambiente de Juiz de Fora, MG (1998 e 1999). *Rev. Bras. Zool.*, v. 8, p. 23-33, 2006.

- BRACK, D. Combating international environmental crime. *Global Environmental Change*, v. 12, n. 2, p. 143-147, 2002.
- BRANDON, K.; FONSECA, G. A. B.; RYLANDS, A. B. et al. Conservação Brasileira: desafios e oportunidades. *Megadiversidade*, v. 1, p. 7-13, 2005.
- BRASIL. LEI Nº 5.197, DE 3 DE JANEIRO DE 1967. Dispõe sobre a proteção à fauna e dá outras providências. 1967.
- BRASIL. LEI Nº 6.938, DE 31 DE AGOSTO DE 1981. Dispõe sobre a Política Nacional do Meio Ambiente, seus fins e mecanismos de formulação e aplicação, e dá outras providências. 1981.
- BRASIL. LEI Nº 9.605, DE 12 DE FEVEREIRO DE 1998. Dispõe sobre as sanções penais e administrativas derivadas de condutas e atividades lesivas ao meio ambiente, e dá outras providências. 1998.
- BRASIL, DECRETO No 3.607, DE 21 DE SETEMBRO DE 2000. Dispõe sobre a implementação da convenção sobre comércio internacional das espécies da flora e fauna selvagens em perigo de extinção - CITES, e dá outras providências. 2000.
- BRASIL. DECRETO Nº 6.514, DE 22 DE JULHO DE 2008. Dispõe sobre as infrações e sanções administrativas ao meio ambiente, estabelece o processo administrativo federal para apuração destas infrações, e dá outras providências. 2008.
- BRAWN, J. D.; ROBINSON, S. K.; THOMSON, F. R. The role of disturbance in the ecology and conservation of birds. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, v. 32, p. 251-276, 2001.
- CASEY, A. M.; CASEY, S. J. *Wildlife rehabilitation demographics and caseload analysis: Colorado 1998-2002*. Colorado:Evergreen, 2005. 27p.
- CBRO. Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. Disponível em WWW.cbro.org.br. Acesso em 12/12/2011.
- CEC. Commission for Environmental Cooperation (Ed.) Montreal: Canadá, 2005. 25p. Disponível em: <http://www.cec.org/Page.asp?PageID=30101&ContentID=17247&SiteNodeID=504>. Acesso em 12/12/2011.
- CITES - Convenção sobre o comércio internacional das espécies da fauna e da flora silvestres ameaçadas de extinção. Disponível em: <[www.cites.org](http://www.cites.org)>. Acesso em 10/12/2011.
- COSTANZA, R.; D'ARGE, R.; DE GROOT, R. et al. The value of the world's ecosystem services and natural capital. *Nature*, v. 387, p. 253-260, 1997.
- DITCHKOFF, S. S.; SAALFELD, S. T.; GIBSON, C. J. Animal behavior in urban ecosystems: Modifications due to human-induced stress. *Urban Ecosyst.*, v. 9, p. 5-12, 2006.
- DSE. Department of sustainability and environment. Wildlife Rehabilitation. Disponível em: <<http://www.dse.vic.gov.au/plants-and-animals/native-plants-and-animals/wildlife-rehabilitation>>. Acesso em 09/12/2011.
- DUBOIS, S.; FRASER, D. Defining and measuring success in wildlife rehabilitation. *Wildl. Rehab.*, v. 20, p. 117-126, 2003.
- DW. Defenders of Wildlife. Broken screens: the regulation of live animal imports to the United States (2007). Disponível em: <[http://www.defenders.org/programs\\_and\\_policy/international\\_conservation/u.s.\\_imports\\_of\\_live\\_animals/broken\\_screens.php](http://www.defenders.org/programs_and_policy/international_conservation/u.s._imports_of_live_animals/broken_screens.php)>, 2007>. Acesso em 09/12/2011.
- FERREIRA, C. M.; GLOCK, L. Diagnóstico preliminar sobre a avifauna traficada no Rio Grande do Sul, Brasil. *Biocienc.*, v. 12, n. 1, p. 21-30, 2004.
- GODOY, S.N. Patologia comparada de passeriformes oriundos do tráfico – implicações na soltura. 2006. 110f. Tese (Doutorado em Ecologia de Agroecossistemas) – Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- GOGLIATH, M.; BISAGGIO, E. L.; RIBEIRO, L.B. et al. Avifauna apreendida e entregue

voluntariamente ao Centro de Triagem de Animais Silvestres (CETAS) do Ibama de Juiz de Fora, Minas Gerais. *Atual. Ornitol.*, v. 154, p. 55-59, 2010.

GOUDIE, A. *The Human Impact on the Natural Environment*. Cambridge: MIT Press, 2000. 511p.

GRIFFITH, B.; SCOTT, J. M.; CARPENTER J. W. et al. Translocation as a species conservation tool: status and strategy. *Science*, v. 245, p. 477-480, 1989.

HERRERA, M.; MAILLARD, O. Z. El tráfico de aves silvestres, una de las principales causas de su declinación poblacional en Bolivia. Disponível em: <<http://www.armonia-bo.org/spanish/recursos/boletines/>>. Acesso em: 09 dez 2011.

HOEGH-GULDBERG, O.; HUGHES, L. O.; MCINTYRE, S. et al. Assisted colonization and rapid climate change. *Science*, v. 321, p. 345-346, 2008.

IBAMA. PORTARIA Nº 1.522, DE 19 DE DEZEMBRO 1989. Dispõe sobre a Lista Oficial de Espécies da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção. 1989.

IBAMA. Portaria nº 45-N, de 27 de abril de 1992. Incluir no item 1.0 Mammalia, sub-item 1.2 Primates, da Portaria 1.522, de 19 de dezembro de 1989. 1992.

IBAMA. PORTARIA Nº 062/97, DE 17 DE JUNHO DE 1997 - Inclui morcegos na Lista Oficial de Espécies da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção.

IBAMA. Projeto CETAS-Brasil. Brasília, 2005. Disponível em: [www.ibama.gov.br](http://www.ibama.gov.br). Acesso em 12/08/2011. 2005.

IBAMA. INSTRUÇÃO NORMATIVA IBAMA Nº 169, DE 20 DE FEVEREIRO DE 2008. Institui e normatiza as categorias de uso e manejo da fauna silvestre em cativeiro em território brasileiro. 2008a.

IBAMA. INSTRUÇÃO NORMATIVA IBAMA Nº 179, DE 25 DE JUNHO DE 2008a.

Define as diretrizes e procedimentos para destinação dos animais da fauna silvestre nativa e exótica apreendidos, resgatados ou entregues espontaneamente às autoridades competentes. 2008b.

IUCN. IUCN Guidelines for the placement of confiscated animals. prepared by the IUCN/SSC Re-introduction Specialist Group. IUCN. Disponível em: [http://www.iucnsscrg.org/policy\\_guidelines.html](http://www.iucnsscrg.org/policy_guidelines.html). 2002. Acesso em 12/12/2011.

IUCN.; WWF-BRASIL.; IPÊ. Biodiversidade Brasileira: análise de situação e oportunidades, documento-base. Brasília, DF: UICN, WWF-BRASIL e IPÊ, 2011.

JULE, K. R.; LEAVER, L. A.; LEA, S. E. G. The effects of captive experience on reintroduction survival in carnivores: a review and analysis. *Biol. Conserv.*, v. 141, n. 2, p. 355-63, 2008.

KARESH, W. B.; COOK, R. A.; GILBERT, M. et al. Implications of wildlife trade on the movement of avian influenza and others infectious diseases. *J. Wildl. Dis.* v.43, p. 55-59 (supl.), 2007.

LEWINSOHN, T. M.; PRADO, P. Biodiversidade Brasileira: síntese do estado atual do conhecimento. São Paulo: Editora Contexto, 2002. 176p.

LIM, H. C.; SODHI, N. S. Responses of avian guilds to urbanization in a tropical city. *Land. Urban Plann.*, v. 66, p. 199-215, 2004.

MARINI, M. A.; GARCIA, F. I. Conservação de aves no Brasil. *Megadiversidade*, v. 1, p. 95-102, 2005.

MAY, R. M.; LAWTON, J. H.; STORK, N. E. Assessing extinction rates. In: LAWTON, J. H.; MAY, R. M. May (ed.). *Extinction rates*. Oxford: Oxford University Press, 1995. 233p.

MAYER, J.; BAYS, T. B.; LIGHTFOOT, T. Exotic pet behavior: Birds, Reptiles, and small mammals. St. Louis, Missouri: Saunders Elsevier, 2006. 458p.

MMA. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Instrução Normativa Nº 003, DE 26 DE MAIO

- DE 2003. Espécies da fauna brasileira ameaçadas de extinção. 2003.
- MMA. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Instrução Normativa MMA nº 05/2004 - Espécies de invertebrados aquáticos e peixes ameaçados de extinção. 2004.
- MMA. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Instrução Normativa Nº 52/2005 - Altera as espécies constantes da Instrução Normativa MMA nº 05/2004. 2005.
- MMA. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Resolução CONAMA nº 384 de 27 dezembro de 2006. Disciplina a concessão de depósito doméstico provisório de animais silvestres apreendidos e dá outras providências.
- MMA. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Livro vermelho da fauna brasileira ameaçada de extinção. (Ed) Machado, A. B. M., Drummond, G. M. Paglia, A.P. Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas, 2008. 1420p.
- MMA. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. 4º Relatório Nacional para a Convenção sobre Diversidade Biológica. Série Áreas Protegidas do Brasil n. 7, Secretaria de Biodiversidade e Florestas, Ministério do Meio Ambiente. Brasília, DF. 2010.
- MMA. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Quarto relatório nacional para a convenção sobre diversidade biológica: Brasil/Ministério do Meio Ambiente. Brasília: MMA, 2011. 248p.
- MOYLE, B. The bioeconomics of illegal wildlife harvesting: An outline of the issues. *J. Int. Wildl. Law Pol.*, v. 1, n. 1, p. 95–111, 1998.
- MUELLER, J., M.; HELLMANN, J. J. An assessment of invasion risk from assisted migration. *Conserv. Biol.*, v. 22, p. 562–567, 2008.
- PAGANO, I. S. A.; SOUSA, A. E. B. A.; WAGNER, P. G. C. et al. Aves depositadas no Centro de Triagem de Animais Silvestres do IBAMA na Paraíba: uma amostra do tráfico de aves silvestres no estado. *Ornithol.*, v. 3, n. 2, p. 132-144, 2009.
- PIMM, S. L.; RUSSELL, G. J.; GITTLEMAN, J. L. et al. The future of biodiversity. *Science*, v. 269, p. 347–350, 1995.
- RENTAS (Rede Nacional de Combate ao Tráfico de Animais Silvestres). 1º relatório nacional sobre o tráfico de fauna silvestre. Brasília: Rede Nacional de Combate ao Tráfico de Animais Silvestres (Renctas), 2002. 108p.
- RENTAS. Rede Nacional de Combate ao Tráfico de Animais Silvestres. Vida silvestre, o estreito limiar entre a preservação e a destruição. Diagnóstico do tráfico de animais silvestres na mata atlântica - Corredores central e Serra do Mar. Brasília: Rede Nacional de Combate ao Tráfico de Animais Silvestres (Renctas), 2007. 200p.
- RIVALAN, P.; Delmas, V.; Angulo, E. et al. Can ban stimulate wildlife trade. *Nature*, v. 443, p. 529-530, 2007.
- ROCHA, M. S. P.; SOUTO, J. S.; CAVALCANTI, P. C. M. et al. Aspectos da comercialização ilegal de aves nas feiras livres de Campina Grande, Paraíba, Brasil. *Rev. Biol. Ciênc. Terra*, v. 6, n. 2, p. 204-221, 2006.
- SALA, O. E.; CHAPIN, F. S.; ARMESTO, J. J.; et al. Global biodiversity scenarios for the year 2100. *Science*, v. 287, p. 1770-1774, 2000.
- SANCHES, T. C. Causas de mortes em passeriformes: comparação entre aves de vida livre residentes na região metropolitana de São Paulo e aves oriundas do tráfico. 2008. 185f. Dissertação (Mestrado em Ciências). Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2008.
- SANTOS, E. Pássaros do Brasil: Vida e Costumes. Coleção Zoológica Brasileira (5ed). Belo Horizonte: Itatiaia Limitada, 1985. 312 p.
- SAVARD, J. P. L.; CLERGEAU, P.; MENNECHEZ, G. Biodiversity concepts and urban ecosystems. *Land. Urban Planning*, v. 48, p. 131-142, 2000.
- SCHUNCK, F.; SOMENZARI, M.; LUGARINI, C. et al. Plano nacional para a conservação dos papagaios da mata atlântica. (Ed.) Brasília: Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade. 2011, 128p.

SICK, H. Ornitologia brasileira. Editora Nova Fronteira:Rio de Janeiro, 1997. 823p.

THEILE, S.; STEINER, A.; KECSE-NAGY, K. Expanding borders: New challenges for wildlife trade controls in the European Union. *Brussels, Belgium: TRAFFIC Europe*, 2004. 40p.

VIDOLIN, G. P.; MANGINI, P. R.; MOURA - BRITTO, M.; MUCHAILH, M. C. Programa estadual de manejo de fauna silvestre apreendida, Estado do Paraná, Brasil. *Cad. Biodiv.*, v. 4, n. 2, p 37-49, 2004.

WIMBERGER, K.; DOWNS, C. T.; BOYES, R. S. A survey of wildlife rehabilitation in South Africa: is there a need for improved management? *Ani. Welfare*, v. 19, p. 481-499, 2010.

## CAPÍTULO 2

### Detecção de *Chlamydophila psittaci* em papagaios-verdadeiros (*Amazona aestiva*) em triagem em Belo Horizonte, MG

#### 1 – INTRODUÇÃO

O Brasil é o país maior biodiversidade de Psittaciformes no mundo. Nos primeiros mapas dos colonizadores esta riqueza já era plenamente evidenciada, sendo nosso país designado como “Terra dos Papagaios” (Sigris, 2006). A ordem Psittaciformes é atualmente dividida em duas famílias: Cacatuidae e Psittacidae, que compreendem cerca de 342 espécies no mundo, sendo as araras (*Ara*, *Anodorhynchus*), os papagaios (*Amazona*), os periquitos (*Brotogeris*) e as maritacas (*Pionus*, *Aratinga*) as espécies mais conhecidas. De acordo com Sigris (2006), poucas são as ordens tão características: possuem o bico alto e recurvado, os pés zigodáctilos (o primeiro e quarto dedos voltados caudalmente) e os tarsos curtos. Assim, sua diagnose é imediata, mesmo com a extrema variação de tamanho, que nos representantes brasileiros varia entre 25g (tuim) e 1,5kg (arara). Cerca de 30% dos psitacídeos das Américas estão ameaçados ou apresentam populações em perigo. A perda e degradação do habitat e a captura ilegal para criação em cativeiro constituem sérias ameaças a este grupo (Drummond et al., 2005).

No Brasil, os Psittaciformes representam a segunda Ordem mais visada pelo comércio ilegal de animais silvestres, perdendo em volume de espécimes apreendidos apenas para os Passeriformes. O papagaio-verdadeiro (*Amazona aestiva*) por sua vez é, dentre os psitacídeos, a espécie mais criada em cativeiro e, conseqüentemente a mais traficada em nosso país. Sua ampla distribuição, do Nordeste ao Rio Grande do Sul, Paraguai, norte da Argentina e Bolívia, associada à boa capacidade de reproduzir a voz humana, faz com que milhares de filhotes desta espécie sejam clandestinamente retirados de seus ninhos todos os anos (Sick, 1997).

Em Minas Gerais, a ação de instituições governamentais para conter atividades depredatórias sobre o recurso faunístico tem como resultado a apreensão de milhares de animais silvestres, principalmente na região metropolitana de Belo Horizonte. Estes exemplares são, via de regra, encaminhados para centros de triagem de animais silvestres (CETAS). As aves constituem aproximadamente 90% do total da fauna recebida no CETAS do IBAMA em Belo Horizonte e após o processo de triagem, esses animais geralmente são encaminhados para criadores registrados ou programas de reintrodução à natureza. Apesar da importância quantitativa e qualitativa, pouco é conhecido sobre o estado sanitário e as enfermidades que ocorrem nas aves encaminhadas para os CETAS (Ecco et al., 2009; Gomes et al., 2010).

Há muito se sabe que as enfermidades exercem marcante impacto sobre a manutenção da biodiversidade, podendo interferir nas populações em vida livre e de cativeiro (Spalding e Forrester, 1993). Neste contexto, em relação às aves, merece destaque a clamidiose aviária, também conhecida como ornitose, que é causada pela bactéria gram-negativa *Chlamydophila psittaci* (*C. psittaci*) e atinge centenas de espécies animais e humanos.

A *C. psittaci* pode produzir doença sistêmica e ocasionalmente fatal em aves, sendo que a infecção ocorre principalmente pela via respiratória, e os sinais clínicos, geralmente inespecíficos, dependem de uma série de fatores, relacionados à imunidade do hospedeiro e patogenicidade da bactéria envolvida. Atualmente esta bactéria encontra-se amplamente distribuída pelo mundo, causando prejuízos para a indústria avícola, problemas de saúde pública e, ainda pouco estudados, impactos negativos na conservação das espécies (Raso et al., 2006; Van Loock et al., 2006; Tiong et al., 2007).

Quando se considera a avifauna silvestre, o grupo mais acometido pela clamidiose são os Psittaciformes. Neste sentido, no Brasil a *C. psittaci* foi evidenciada em psitacídeos em triagem, de criadouros e zoológicos de diversas cidades (Raso et al., 2002; Hidasi, 2010). Esta bactéria também foi responsabilizada pela ocorrência de surtos com altas mortalidades em

aves recém apreendidas (Raso et al., 2004; Ecco et al., 2009) e detectada até mesmo em animais em vida livre, sem manifestação clínica da doença (Raso et al., 2006).

Nos últimos anos, o crescente interesse pela criação de aves silvestres, seja com finalidade econômica ou para programas de conservação, bem como o elevado número de animais apreendidos encaminhados para os centros de triagem faz com que seja necessário melhorar o conhecimento sobre todos os riscos destas atividades. A ocorrência e disseminação de doenças, principalmente quando se trata de zoonose, pode causar significativos impactos que podem, sob determinadas circunstâncias, comprometer o sucesso das ações. Neste contexto, a clamidiose aviária, por sua importância na saúde pública e das aves, precisa ser mais bem compreendida.

## 2 - REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 - Histórico

A clamidiose aviária é causada pela bactéria gram-negativa *C. psittaci*, que acomete animais e humanos. Os primeiros relatos de clamidiose em humanos ocorreram no final do século 19 na Suíça e foram descritos por Ritter em 1879. O primeiro grande surto foi observado em Paris no inverno de 1891 e acometeu 50 pessoas com 16 óbitos. A avaliação epidemiológica realizada na época relacionou estes e os numerosos outros casos descritos na Europa a uma importação de psitacídeos sul americanos provenientes da Argentina, no qual, das 500 aves (*Amazona sp.*) embarcadas, 300 morreram durante a viagem, sendo as sobreviventes foram distribuídas pela Europa (Perry, 1920 citado por Gulland, 1924).

No entanto, foi a grande epidemia de psitacose (1929-1930) que afetou vários países na Europa e os Estados Unidos com mais de 800 vítimas humanas e mortalidade acima de 20%, o principal motivador para uma série de estudos mais elaborados sobre a etiopatogenia e epidemiologia desta enfermidade (Burnet, 1934). Neste período, foram descritos

corpúsculos basofílicos esféricos nos tecidos de papagaios e humanos infectados (Bedson et al., 1930). No início, acreditava-se que apenas psitacídeos poderiam transmitir o agente, até que se evidenciou surtos causados por galinhas (Meyer e Eddie, 1932), gaivotas (Haagen e Mauer, 1938), pombos (Pinkerton e Swank, 1940) e patos (Wolins, 1948). O termo ornitose passou então a ser utilizado para estas infecções causadas por aves não pertencentes a ordem dos Psittaciformes.

Após os primeiros estudos, este agente foi caracterizado como vírus, principalmente por sua incapacidade de multiplicação fora da célula. Em seguida, foi definido como intermediário por apresentar características similares às de vírus e bactérias. No entanto, Moulder (1966), utilizando-se de provas bioquímicas e morfológicas, classificou definitivamente este micro-organismo como uma bactéria.

### 2.2 – Etiologia

A família *Chlamydiaceae* é constituída por bactérias gram-negativas, as quais, na medida em que suas características foram sendo desvendadas, receberam diversas denominações ao longo do século 20. Segundo Stewardson e Grayson (2010), a classificação taxonômica mais empregada atualmente é baseada no sequenciamento do gene *ompA*, que codifica a proteína principal da membrana externa (MOMP) (Tabela 1).

As espécies desta família estão distribuídas em dois gêneros: *Chlamydia* (*C. trachomatis*, *C. muridarum* e *C. suis*) e *Chlamydophila* (*C. psittaci*, *C. abortus*, *C. felis*, *C. caviae*, *C. pneumoniae* e *C. pecorum*) (Everett et al., 1999; Pannekoek et al., 2010).

Por meio de anticorpos monoclonais específicos, foram reconhecidos sete sorotipos de *C. psittaci* que infectam aves (A-F, E/B). Esta classificação por sorotipos sugere que determinadas ordens são predominantemente infectadas com sorovariedades distintas. Assim, o sorotipo A é principalmente isolado de Psittaciformes e considerado um dos principais



Tabela 1 – Taxonomia da ordem Chlamydiales.

Ordem	Família	Gênero	Espécie	Hospedeiro	Taxonomia anterior	
Chlamydiales	Chlamydiaceae	Chlamydophila	<i>C.abortus</i>	Mamíferos	<i>Chlamydia psittaci</i>	
			<i>C.psittaci</i>	Aves		
			<i>C.felis</i>	Gato		
			<i>C.caviae</i>	Porquinho-da-índia		
			<i>C.pecorum</i>	Mamíferos		
				<i>C.pneumoniae</i>	Humanos	<i>Chlamydia pneumoniae</i>
			Chlamydia	<i>C.trachomatis</i>	Humanos	<i>Chlamydia trachomatis</i>
				<i>C.suis</i>	Suínos	
				<i>C.muridarum</i>	Camundongos, hamsters	
			Parachlamydiaceae		<i>Parachlamydia acanthomaebae</i>	
	Waddiaceae		<i>Waddlia chondrophila</i>			
	Simkaniaceae		<i>Simkania negevensis</i>			

Stewardson e Grayson, 2010.

responsáveis pelas zoonoses de origem aviária, enquanto que os sorotipos B e E ocorrem, principalmente, em Columbiformes e Struthioniformes. O sorotipo C tem sido diagnosticado em Anseriformes e o sorotipo D é isolado principalmente de Galliformes, sendo estes dois últimos os principais causadores de surtos em granjas avícolas (Everett et al., 1999; Geens et al., 2005). A sorovariedade F foi isolada apenas de um periquito australiano e o E/B foi descrito em Anseriformes e Columbiformes. Outros dois sorotipos de *C. psittaci* foram descritos em mamíferos: WC em bovinos e M56 em rato almiscarado (Kaleta e Taday, 2003; Andersen, 2005; Geens et al., 2005). O advento das técnicas moleculares como PCR, RFLP e sequenciamento do gene *ompA* permitiu demonstrar que cada sorotipo está fortemente associado a genótipos específicos (Vanrompay et al., 1997; Geens et al., 2005).

O genótipo A é o mais frequentemente observado nos estudos em aves, constituindo mais de 50% das detecções nas investigações de maior abrangência. Este sorotipo foi subdividido em várias estirpes, de acordo com as origens, respostas antigênicas e sequência genética. Os isolados 6BC, MN Zhang, GV, VS1, 08DC60 e 84-55 têm sido utilizados como referência para estudos comparativos em várias partes do mundo (Chahota et al., 2006; Laroucau et al., 2008).

### 2.2.1 - Caracterização genética da *C. psittaci*

Por meio do recente sequenciamento completo do genoma de duas estirpes de *C. psittaci* (6BC

e RD1), entre outras, verificou-se que esta bactéria possui cromossomo único com aproximadamente 1,2 milhão de pares de base (Voigt et al., 2011; Seth-Smith et al., 2011). No entanto, até o presente momento, o método de classificação mais utilizado para a caracterização genética da *C. psittaci* é por meio do sequenciamento do gene *ompA*, codificador da proteína principal da membrana externa (MOMP), que constitui-se numa porina, permitindo a entrada de moléculas essenciais para a célula e a saída de fatores de virulência (Sayada et al., 1995; Vanrompay et al., 1997; Sudler et al., 2004; Chahota et al., 2006; Schoff et al., 2011).

A MOMP é a principal proteína estrutural exposta na superfície dos corpos elementares e é constituída de quatro segmentos antigenicamente variáveis, também conhecidos como domínios variáveis (VD-I a VD-IV), intercalados por cinco segmentos altamente conservados, conhecidos como domínios constantes (CDI a CDV) (Figura 1). Os domínios variáveis VDI, VDII e VDIV encontram-se expostos na superfície da membrana da bactéria e contém estruturas antigênicas que são largamente utilizadas na classificação das espécies da Família Chlamydiaceae (Baehr et al., 1988). As regiões VDI e VDII apresentam as maiores variações entre os diferentes grupos genéticos e o domínio VDIV é o maior e localiza-se na região terminal da proteína. A região VDIII é a menor, menos variável e com função ainda pouco conhecida. Segundo Bush & Everett (2001) as variações na sequência de aminoácidos são importantes para esta bactéria por permitirem uma rápida adaptação às condições ambientais diferentes, como a um novo hospedeiro ou tecido. O alinhamento das sequências de aminoácidos da

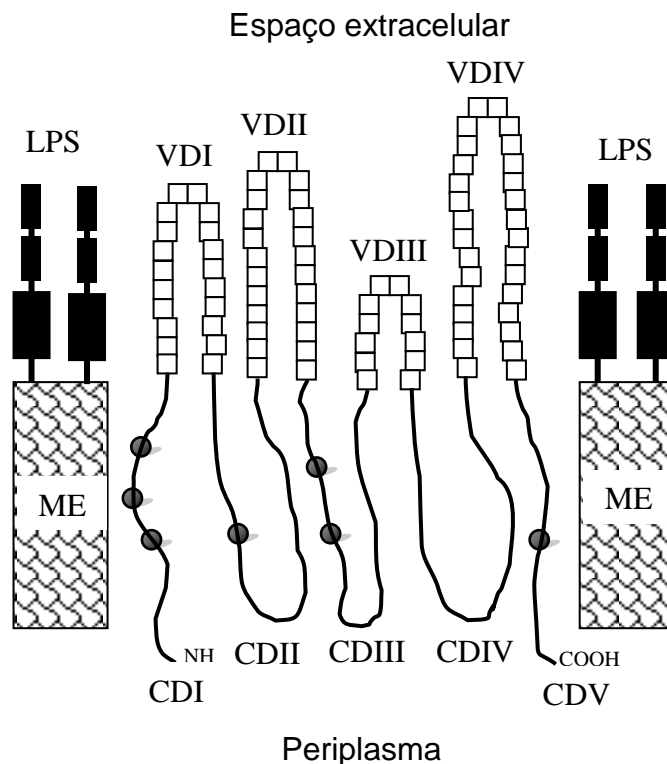


Figura 1 – Esquema da proteína principal da membrana externa (MOMP) de Chlamydiaceae. VDI a VDIV: domínios variáveis, representados pelos quadrados em branco; CDI a CDV: domínios constantes, representados pela linha sólida; ME: membrana externa; LPS: lipopolisacarídeos de membrana, representados pelos retângulos escuros; Círculo escuro: resíduos de cisteína (baseado em Vanrompay et al., 1995).

MOMP de várias espécies e sorotipos mostrou que elas apresentam de 7 a 10 resíduos de cisteína que possuem função de estabilização da membrana e na formação de pontes dissulfeto entre MOMP's ou com outras membranas (Zhang et al., 1989; Yen et al., 2005).

As variações nas sequências de aminoácidos de Chlamydiaceae permitem uma rápida adaptação às alterações ambientais (Bush e Everett, 2001) e as grandes variações nos quatro VD's da MOMP sugerem que esta proteína sofre intensa pressão seletiva imposta pela resposta imune dos diferentes hospedeiros (Stohard et al., 1998). A caracterização da sequência de nucleotídeos do gene *ompA* demonstra que quase toda a diferença nucleotídica resulta em substituição de aminoácidos, e que as mudanças nos aminoácidos geralmente indicam genótipos diferentes (Batteiger, 1996).

Segundo Mitchell et al. (2009), o sequenciamento genético das clamidófilas pode ser útil para: i) detectar a existência de variações genotípicas ou entre estirpes nos diferentes relatos; ii) realização de investigações epidemiológicas ou filogenéticas mais detalhadas; iii) avaliação de patogenicidade e respectivos riscos associados às diferentes estirpes, e iv) propiciar melhor conhecimento deste importante agente infeccioso das aves e humanos.

### 2.3 - Ciclo de desenvolvimento

O ciclo de desenvolvimento deste grupo é único, com duas fases morfológica e metabolicamente distintas (Figura 2). O ciclo de replicação ocorre no citoplasma da célula hospedeira e se inicia pela adesão das formas

infectantes inativas ou corpos elementares (CE), com 0,2 a 0,3  $\mu\text{m}$  de diâmetro, na membrana da célula, seguido pela internalização que dá origem a um vacúolo endossomal ou inclusão (Vanrompay et al., 1995).

Um mecanismo, ainda desconhecido, impede a fusão dos lisossomos primários permitindo a sobrevivência dos CE no interior do endossomo. Os CE se diferenciam, pela redução nas ligações entre as pontes dissulfeto das proteínas de membrana, nas formas vegetativas ou corpos reticulados (CR), com 0,5 a 2  $\mu\text{m}$  de diâmetro (Vanrompay et al., 1995).

Após a replicação ou divisão binária, os CR são reorganizados morfológicamente dando origem a novos CE. Corpos intermediários, medindo entre 0,3 e 0,5  $\mu\text{m}$  também podem ser observados. À microscopia eletrônica, os CE apresentam citoplasma granular, refletindo a presença de ribossomos e um nucléolo excêntrico contendo DNA condensado. Os CR apresentam parede fina e flexível, DNA distribuído de maneira difusa, com alta concentração de ribossomos, não sobrevivendo fora da célula hospedeira (Matsumoto, 1982). A liberação dos CE pode ocorrer por lise da célula hospedeira ou por fusão de inclusões clamidiais com a membrana celular (Vanrompay et al., 1995).

Durante o ciclo de desenvolvimento, por mecanismos ainda pouco esclarecidos, mas associados a condições pouco favoráveis de sobrevivência desta bactéria na célula, CR podem não se diferenciar em CE, originando os corpos persistentes (CP). Após eventos que causem supressão do sistema imunológico, os CP podem rapidamente se transformar em CR normais e na forma infecciosa CE. As formas de persistência têm sido associadas às infecções crônicas comumente observadas em Chlamydiaceae (Hogan et al., 2004).

Chlamydiaceae passam a maior parte do seu ciclo de vida dentro de um vacúolo. Como não possuem citocromos e, conseqüentemente, não sintetizam ATP, necessitam de metabólitos celulares ricos em energia para completar o ciclo de replicação, o que os torna intracelulares obrigatórias. Apesar de sua localização intravacuolar, a bactéria interage com vários fatores da célula do hospedeiro a fim de garantir

que as defesas celulares não a atinjam e ao mesmo tempo permitir a entrada dos nutrientes necessários. Assim, na célula do hospedeiro, a infecção altera os padrões de secreção de esfingolípídeos e colesterol, eleva a concentração de ATP e de mitocôndrias e estimula a transcrição de vários genes (Xia et al., 2003).

Como outras bactérias gram-negativas, *Chlamydomphila sp.* também possui lípídeos, fosfolípídeos e lipopolissacarídeos em sua membrana externa que são importantes antígenos de superfície deste micro-organismo. A proteína principal da membrana externa (MOMP), além de ser o mais importante constituinte da parede celular, também possui grande importância antigênica e metabólica, funcionando como via de entrada do ATP dentro das bactérias (Wyllie et al., 1998).

A apoptose, ou morte celular programada, é um processo essencial para a manutenção do desenvolvimento dos seres vivos, sendo importante para eliminar células normais, supérfluas ou defeituosas. As alterações morfológicas características da apoptose são conseqüência de uma cascata de eventos moleculares e bioquímicos específicos, geneticamente regulados, que representam importantes mecanismos de defesa celular contra patógenos (Hengartner, 2000; Fischer et al., 2004).

Verbeke et al. (2006) demonstraram que a infecção por *Chlamydomphila sp.* pode inibir ou ativar a apoptose da célula do hospedeiro. Esta habilidade pode beneficiar a bactéria na fase inicial de infecção, por inibir a morte da célula e permitir mais ciclos de replicação. A inibição está associada ao bloqueio da liberação de citocromo c das mitocôndrias e, conseqüentemente, ao impedimento da ativação das caspases, evento inicial da apoptose (Fan et al., 1998). A persistência da infecção por *C. psittaci* por longos períodos pode estar relacionada à inibição da apoptose pela bactéria. Entretanto, em estágios mais avançados de infecção, a clamidófila pode promover a apoptose da célula do hospedeiro e liberar os CE para uma nova infecção. Sugere-se ainda que as clamídias liberadas pela apoptose da célula possuem maior capacidade infectante que as liberadas por necrose (Verbeke et al., 2006).

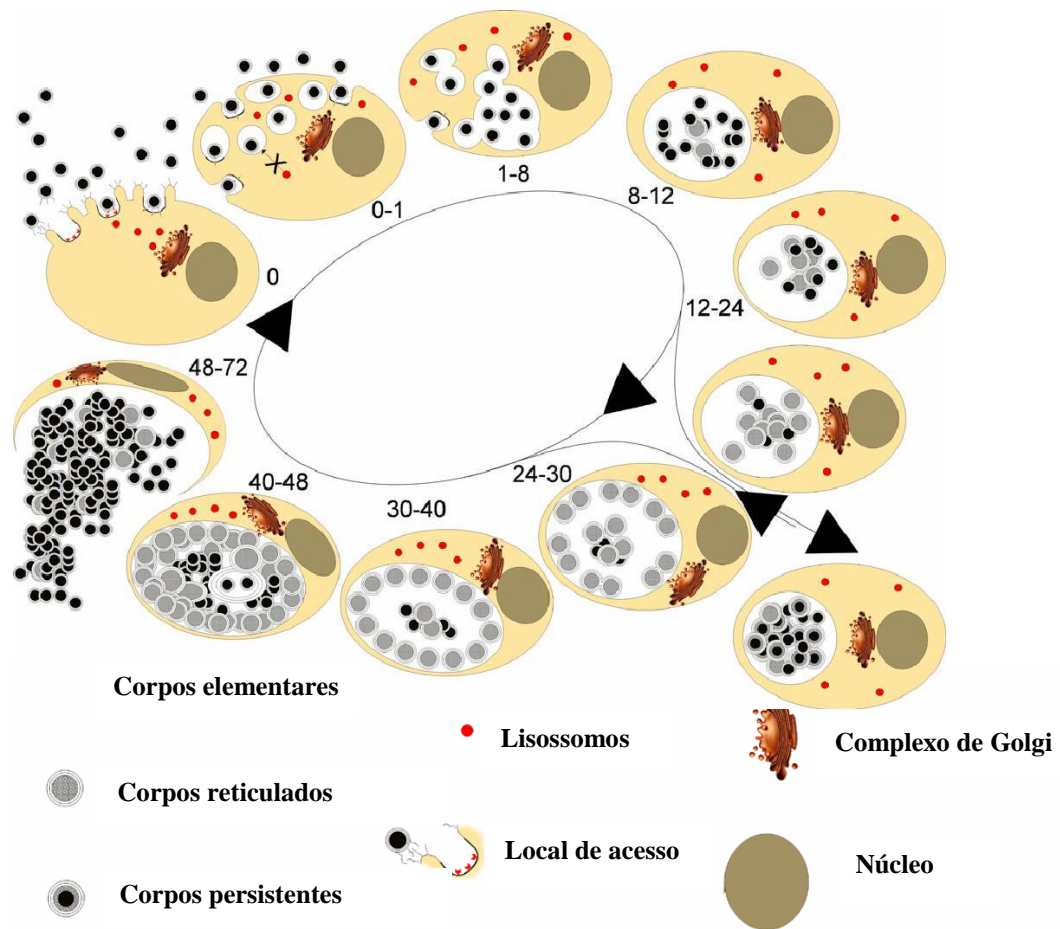


Figura 2 – Ciclo de desenvolvimento de Chlamydiaeae. Os números referem-se às horas após a infecção (Geens et al., 2005).

#### 2.4 - Distribuição e ocorrência

A distribuição geográfica de *C. psittaci* em aves silvestres e domésticas é ampla, sendo considerada endêmica na maioria dos países onde foi estudada. Este micro-organismo já foi identificado em 30 ordens e 467 espécies de aves, sendo as ordens com mais espécies acometidas os Psittaciformes (153), Passeriformes (90), Anseriformes (33), Accipitriformes (30), Columbiformes (17) e Charadriiformes (16) (Kaleta e Taday, 2003). Estes autores sugerem que a alta prevalência (45%) de positivos em 342 espécies dos Psittaciformes testados deve-se, provavelmente, ao maior número de testes realizados neste grupo, que é comumente mantido como animal de estimação.

Andersen e Franson (2007) consideram que todas as espécies de aves silvestres são suscetíveis à infecção natural por *C. psittaci* e que os surtos na natureza ocorrem em vários grupos taxonômicos, mas são identificados apenas em espécies de grande porte, ou que formam bandos, como gansos, patos, pombos ou gaivotas.

Monsalve et al. (2011), realizaram um estudo abrangente na Colômbia, que avaliou sorologicamente 138 aves do gênero *Amazona* mantidos em cativeiro nas diversas regiões daquele país, e identificaram 85% dos animais positivos por meio de testes sorológicos.

Poucos estudos relatando a ocorrência de *C. psittaci* em aves silvestres foram realizados no Brasil. Raso et al. (2002) examinaram 95 psitacédeos silvestres de três criadouros e verificaram prevalência de infecção ativa variando de 17 a 56%. Hidasí (2010), após examinar 300 psitacédeos recebidos pelo centro de triagem de animais silvestres de Goiânia/GO, identificou, por meio de PCR, 4% de animais positivos para *C. psittaci* durante o recebimento e triagem inicial.

Surtos de clamidiose em aves silvestres com altas taxas de mortalidade já foram descritos em vários países e também no Brasil (Moroney et al., 1998; Duizer et al., 2010). Um surto registrado em 58 filhotes de psitacédeos resgatados do tráfico e mantidos em quarentena em São Paulo causou a morte de 96,5% das aves (Raso et al., 2004). Em Belo Horizonte, Ecco et al. (2009) relataram surto com 64% de mortalidade entre psitacédeos adultos nos quais foram demonstradas a infecção ativa e lesões características da clamidiose aviária. Em estudo retrospectivo realizado no Paraná, Carvalho (2004) identificou, por meio de estudos histopatológicos de 108 psitacédeos, a *C. psittaci* como a principal causa infecciosa de óbitos em papagaios.

A ocorrência da clamidiose aviária em animais de vida livre é ainda pouco estudada. Quando a doença causa sinais clínicos acentuados e morte dos indivíduos, a decomposição ou predação das aves e carcaças impede análises detalhadas. No entanto, investigações epidemiológicas têm demonstrado a prevalência deste micro-organismo na natureza (Brand, 1989; Padilla et al., 2004; Travis et al., 2006; Herrmann et al., 2006; Andersen e Franson, 2007; Deem et al., 2012).

Na Itália, a transmissão de *Chlamydophila psittaci*, *Chlamydophila abortus*, *Chlamydia suis* e *Chlamydia muridarum* de ruminantes domésticos para Falconiformes silvestres em vida livre, com manifestação clínica da doença, foi recentemente demonstrada por Lemus et al. (2010). No Brasil, por meio da PCR, Raso et al. (2006) identificaram parte do genoma de *C. psittaci* em 6% dos papagaios-verdadeiros (*A. aestiva*) e 38% das araras-azuis (*Anodorhynchus hyacinthinus*) em vida livre, mas sem manifestação de sinais clínicos.

Magnino et al. (2009) observaram que pombos domésticos (*Columba livia*) de 11 países da Europa foram considerados positivos para *C. psittaci* em diferentes testes utilizados, identificando taxas de infecção que variaram de 2% a 95% da população avaliada. No Brasil, por meio de teste da PCR de suabes cloacais e traqueais, verificou-se taxas de infecção de 42,5% e 35% nos pombos das cidades de São Paulo e Bauru, respectivamente, enquanto que nas cidades de Botucatu e Sorocaba os percentuais de 15% e 7,5% foram detectados (Lima et al., 2011).

Significativos impactos econômicos são causados pela clamidiose aviária na avicultura industrial de perus dos Estados Unidos e Europa, onde a infecção por *C. psittaci* é considerada endêmica. Além de surtos com altas taxas de mortalidade, principalmente em aves jovens, são observados surtos de doenças respiratórias, sem mortalidade, mas que ocasionam perda de peso e condenação de carcaça, causados principalmente pelo sorotipo D (Verminnen et al., 2006; Verminnen et al., 2008).

## 2.5 – Transmissão

A transmissão de *C. psittaci* ocorre geralmente de forma horizontal, pela inalação ou ingestão de material contaminado. Após a entrada no organismo ocorre a infecção do epitélio, sendo que a partir de 48 horas as bactérias podem ser detectadas no baço, rim e sangue e às 72 horas após a infecção podem ser encontradas nas fezes, urina, fluido lacrimal e demais secreções dos trato digestório e respiratório (Gerlach, 1994).

Aves clinicamente doentes eliminam maiores quantidades de CE quando comparadas com infectadas saudáveis. A eliminação pode ocorrer de maneira intermitente e a *C. psittaci* pode sobreviver por longos períodos em fezes e secreções secas. Assim, considera-se que a principal forma de transmissão causadora de surtos em aves confinadas é o contato com aerossóis contendo o agente infectante. A transmissão vertical pelo ovo foi descrita em galinhas, patos, perus e algumas espécies silvestres (Andersen e Vanrompay, 2003).

Espécies como cães, gatos, cavalos, suínos e humanos desenvolvem infecções que não são transmitidas diretamente para outros membros do mesmo grupo taxonômico enquanto que aves, bovinos, caprinos e ovinos transmitem para seus semelhantes e outras espécies (Gerlach, 1994).

Os corpos elementares podem sobreviver fora do hospedeiro, desde que protegidos por material protéico das secreções, mas quando isolados no ambiente são relativamente instáveis. São sensíveis ao calor, à formalina 1%, ao peróxido de hidrogênio, aos compostos a base de amônio quaternário, ao álcool 70% e aos outros desinfetantes que destroem a parede lipídica da bactéria (Gerlach, 1994).

## 2.6 - Sinais clínicos

Os sinais clínicos e a gravidade da doença dependem da patogenicidade do sorotipo de *C. psittaci*, idade, espécie, imunidade da ave afetada, fatores ambientais e presença de outras doenças concomitantes. Aves jovens são mais susceptíveis e psitacídeos neotropicais parecem ser mais sensíveis que os psitacídeos de outras regiões do mundo (Pospischil et al., 2010).

A clamidiose aviária pode se manifestar nas formas aguda, crônica ou inaparente. Na forma aguda da doença, os psitacídeos podem apresentar hipertermia, anorexia, letargia, penas arrepiadas e diarreia verde amarelada. As aves podem também apresentar descarga nasal, espirros e respiração ofegante devido à pneumonia e aerossaculite. Como o fígado geralmente é afetado, a coloração das penas pode alterar em aves cronicamente infectadas (Gerlach, 1994; Billington, 2005). Os sinais são discretos na forma crônica, observando apenas apatia, emagrecimento progressivo, conjuntivite e alterações respiratórias discretas. Na forma inaparente, as aves permanecem como portadoras, sem manifestarem sinais clínicos, podendo eliminar o agente por longos períodos (Mohan, 1984; Gerlach, 1994).

A forma inaparente é bastante comum em pombos, que dispersam *C. psittaci* pelas fezes, secreções respiratórias e conjuntivais. Nos Columbiformes, os sinais clínicos, principalmente dos aparelhos digestório e

respiratório, normalmente são resultantes de infecções simultâneas com outros patógenos, como *Salmonella sp.*, *Trichomonas sp.* ou Herpesvírus (Longbottom e Coulter, 2003).

Fatores estressantes para as aves como o excesso de população, higienização inadequada, desnutrição, mudanças bruscas na dieta, manejo e na temperatura ambiente podem desencadear a manifestação clínica e o aumento da eliminação do microrganismo (Fudge, 1996). As taxas de morbidade e mortalidade variam entre as espécies, condições de manejo e virulência do genótipo. Em psitacídeos infectados com o genótipo A podem ser verificadas taxas de mortalidade superior a 50% (Raso et al., 2004).

## 2.7 - Alterações anatomopatológicas

### 2.7.1 - Alterações macroscópicas

O grau de severidade das lesões causadas pela clamidiose aviária é dependente de fatores como a patogenicidade do sorotipo, a idade e suscetibilidade do hospedeiro, a via de infecção e infecções concomitantes, entre outros. Entretanto, algumas lesões consideradas sugestivas da infecção por *C. psittaci* são comuns às diversas espécies de aves, como hepatomegalia, esplenomegalia, aerossaculite e pericardite e os achados de necropsia podem não ser suficientes para diferenciar a clamidiose de outras doenças sistêmicas (Graham, 1989; Suwa et al., 1990; Ecco et al., 2009).

O fígado pode se apresentar aumentado de volume e com bordas arredondadas (hepatomegalia), friável, de coloração amarelada, com pequenos focos fibrinosos ou necróticos na superfície (Rivers et al., 1931).

Os pulmões apresentam-se congestionados e os sacos aéreos podem se apresentar espessados, opacos ou recobertos por exsudato fibrinopurulento (Vanrompay et al., 1995). Entretanto, Rivers et al. (1931), após bem elaborado estudo de infecção experimental em papagaios do gênero *Amazona*, não observaram lesões pulmonares nos psitacídeos durante a necropsia.

O coração pode estar aumentado e o pericárdio pode apresentar-se espessado, congestionado ou recoberto por exsudato fibrinoso ou seroso

(pericardite). Os intestinos podem se apresentar com espessamento da parede e hiperemia das serosas. Os rins podem estar congestionados ou aumentados de volume (Rivers et al., 1931; Andersen e Vanrompay, 2003; Raso, 2009a).

O baço encontra-se aumentado de tamanho (esplenomegalia), com consistência mole, podendo apresentar ou não focos necróticos e petéquias na superfície. Em casos raros, uma intensa congestão do baço pode causar sua ruptura com hemorragia subcapsular e morte repentina (Andersen e Franson, 2007).

Apesar dos vários órgãos que podem ser afetados, na maioria dos casos, as lesões nos psitacídeos estão confinadas ao fígado, baço e sacos aéreos (Graham, 1989; Suwa et al., 1990; Pospischil et al., 2010).

### 2.7.2 - Alterações histopatológicas

Os achados histopatológicos são também inespecíficos, podendo variar de acordo com a virulência do sorotipo, da rota de infecção e suscetibilidade do hospedeiro. No entanto, a detecção dos corpos de inclusão intracitoplasmáticos nos tecidos é um achado patognomônico da infecção (Vanrompay et al., 1995).

As lesões mais frequentes observadas no fígado de psitacídeos acometidos pela clamidiose são as necroses multifocais com dilatação dos capilares sinusoides e infiltrados de macrófagos, linfócitos e heterófilos (Rivers et al., 1931; Graham, 1989). Infecções agudas são caracterizadas por necroses de coagulação multifocais, enquanto que as crônicas apresentam hiperplasia de ductos, fibrose e infiltrados mononucleares. A infiltração de linfócitos ao redor dos ductos biliares pode causar a compressão e necrose destes, causando a impregnação hepática pela bile (Graham, 1989; Suwa et al., 1990).

No baço são observadas a proliferação das células do sistema mononuclear fagocitário, o aumento da diferenciação plasmocitária, a depleção dos linfócitos e áreas de necrose (Suwa et al., 1990). A deposição de hemossiderina no fígado e baço sugere alta taxa de destruição eritrocitária (Mirande et al., 1992).

As inclusões basofílicas (CE e CR) da *C. psittaci* podem ser observadas principalmente na periferia dos focos de necrose nos macrófagos e hepatócitos. Clamidófilas também podem ser detectadas no intestino e pâncreas sem lesões associadas (Suwa et al., 1990).

## 2.8 - Diagnóstico de *C. psittaci*

A clamidiose aviária, geralmente, é de difícil diagnóstico, principalmente pela ausência de sinais clínicos específicos. As características desta bactéria fazem com que, na maioria dos casos, mais de um método seja utilizado. Apesar do histórico, sinais clínicos, exames complementares e achados de necropsia sugerirem a infecção por *C. psittaci*, o diagnóstico definitivo somente é obtido com o isolamento ou detecção do agente etiológico (Andersen, 1998; Sachse et al., 2009a; Vanrompay et al., 1995).

Os principais métodos diagnósticos para a clamidiose aviária são semelhantes aos usados para outras infecções bacterianas e dentre estes destacam-se: i) visualização direta do agente em amostras submetidas a colorações específicas; ii) isolamento da bactéria; iii) testes sorológicos e iv) detecção de parte do material genético da bactéria.

### 2.8.1 - Visualização do agente

A infecção por *C. psittaci* pode ser detectada por meio de técnicas citológicas como esfregaços de fezes, de material cloacal e da orofaringe e de secreções oculares e nasais coradas com corantes específicos como o Ziehl-Neelsen, Gimenez modificado, Machiavello e Stamp. As bactérias também podem ser identificadas em impressões em lâminas dos tecidos do fígado, baço, rim, pulmão e pericárdio devidamente coradas (Vanrompay et al., 1995).

O estudo histopatológico apresenta vantagens em relação ao citológico por permitir a avaliação geral dos tecidos afetados, podendo indicar graus de severidade da lesão e patogenicidade do agente. Apesar das inclusões citoplasmáticas de *C. psittaci* serem

visualizadas em preparações histológicas de rotina coradas com hematoxilina-eosina, o uso de corantes específicos, como os citados anteriormente, podem aumentar a sensibilidade do teste, por corar os CE e CR com tons avermelhados em contraste com o restante do tecido, que permanece azulado ou esverdeado (OIE, 2008).

Estas técnicas apresentam custo reduzido, são rápidas e fáceis de usar, mas apresentam baixa sensibilidade e especificidade, principalmente, quando utilizadas por pessoas pouco treinadas. Assim, precisam ser associadas a outros métodos de diagnóstico (Rasmussen e Timms, 1991; Elder e Brown, 1999; Trevejo et al., 1999; Vanrompay, 2000; Celebi e Seyyal, 2006).

As técnicas imunohistoquímicas apresentam vantagens em relação às histoquímicas principalmente por serem mais sensíveis e específicas, apesar de apresentarem custo mais elevado e requererem reagentes ainda pouco disponíveis no mercado nacional (Elder e Brown, 1999).

### 2.8.2 – Isolamento

O isolamento é classicamente considerado o diagnóstico definitivo de *C. psittaci* e pode ser realizado por inoculação em ovo embrionado ou cultura de células (OIE, 2008). O cultivo em ovos embrionados de galinha foi o primeiro método utilizado para identificar este patógeno e ainda é utilizado atualmente. A inoculação pode ser realizada em cultura de células de várias linhagens como McCoy, Vero, mas a linhagem Búfalo Green Monkey é considerada mais eficiente para o crescimento desta bactéria. Após o isolamento, as monocamadas de células contendo as inclusões intracitoplasmáticas podem ser visualizadas por colorações específicas como Gimenez, Stamp ou Machiavello, ou identificadas por imunofluorescência direta ou indireta, ELISA ou técnicas moleculares (Andersen e Vanrompay, 2003).

Atualmente, o isolamento se encontra em desuso para diagnóstico devido ao custo elevado, ser demorada, apresentar baixa reprodutibilidade e sensibilidade diferente do cultivo às variadas estirpes da bactéria, que

precisa estar viva. Entretanto, ainda é utilizada em laboratórios onde se deseja aumentar a quantidade de antígenos para outros procedimentos (Sachse et al., 2009a).

### 2.8.3 - Testes sorológicos

Considerando a alta prevalência da infecção por *C. psittaci* e que os anticorpos podem persistir por semanas ou meses, o sorodiagnóstico deve ser utilizado sempre associado a outro método como o isolamento ou a identificação do material genético. O resultado positivo apenas indica que a ave teve contato com o agente e exames pareados são necessários para confirmar infecção recente. Assim, as avaliações dos títulos de anticorpos são mais adequadas para as investigações epidemiológicas do que para o diagnóstico da clamidiose (Vanrompay et al., 1995; Smith et al., 2010).

Diferentes métodos de detecção de anticorpos anti-*C. psittaci* podem ser utilizados. Entre os mais comuns estão o de reação de fixação do complemento (FC), o de aglutinação em látex, aglutinação de corpos elementares, micro-imunofluorescência, imunodifusão em agar gel e ensaios imunoenzimáticos (ELISA). O teste de FC é considerado padrão para diagnóstico sorológico de *C. psittaci* e o aumento de quatro ou mais vezes no título de anticorpos em amostras pareadas de um mesmo indivíduo é indicativo de infecção recente (OIE, 2008).

### 2.8.4 - Detecção de parte do material genético

As técnicas baseadas na reação em cadeia pela polimerase (PCR) e suas variações (*nested*, *semi-nested*, PCR em tempo real, hibridização *in situ*) substituíram o isolamento no diagnóstico da clamidiose em animais (Sachse et al., 2009a). A sensibilidade e especificidade são semelhantes ou superiores àquela e são mais seguras, pois a bactéria pode ser inativada para a realização da prova (OIE, 2008).

As sequências do espaço intergênico (16-23S) do RNA ribossômico e do gene *ompA*, que codifica a principal proteína de membrana das clamídias, foram as primeiras regiões para os



quais os oligonucleotídeos iniciadores foram desenvolvidos (Hewinson et al., 1991).

A sensibilidade e especificidade variam conforme os protocolos utilizados. Como o RNA ribossômico apresenta muitas cópias, este teste apresenta maior sensibilidade, mas também mais reações cruzadas com outros micro-organismos. O gene *ompA*, por sua vez, possibilita maior especificidade e menor sensibilidade por ter menor número de cópias no organismo (Andersen e Franson, 2007).

Uma PCR *nested* aumenta a sensibilidade, contudo exige duas reações o que aumenta o risco de contaminação pela maior manipulação (Takashima et al., 1996). A seleção de sequências alvo menores também pode aumentar a sensibilidade, principalmente em amostras com menor quantidade e pior qualidade de DNA, pois minimiza o risco de perda de reconhecimento pela fragmentação da sequência gênica da bactéria que será amplificada (Hewinson et al., 1991).

Além da alta sensibilidade e especificidade, o PCR apresenta as vantagens de não ser invasivo, pois podem ser utilizadas amostras de fezes ou suabes para exames, permite fácil transporte e armazenamento das amostras, proporciona rápido resultado, possibilita o uso de micro-organismos mortos e apresenta reduzido risco de contaminação dos técnicos envolvidos (Vanrompay, 2000). Entretanto, a possibilidade de eliminação intermitente da *C. psittaci* pelo hospedeiro faz com que seja recomendada a realização de mais de uma coleta de amostra por animal, em dias alternados, para reduzir o risco de falso negativo (Smith et al., 2010).

## 2.9 – Tratamento, prevenção e controle

Por se tratar de uma zoonose, é importante que o tratamento seja precedido de uma série de medidas a fim de evitar a dispersão das formas infectantes e contaminação de outros animais e humanos. O período de tratamento recomendado é de 45 dias e as aves devem ser examinadas clinicamente a cada sete dias a fim de assegurar a eficiência do protocolo usado (Smith et al., 2010).

A família *Chlamydiaceae* é suscetível a vários

antibióticos, sendo as tetraciclina os antibióticos mais eficientes contra esta infecção. A doxiciclina, um derivado sintético da tetraciclina, é considerada a droga de escolha por apresentar melhor absorção, menos efeitos colaterais e maior meia-vida plasmática (Gerlach, 1994). Para os psitacídeos neotropicais, a doxiciclina pode ser administrada na dieta (300mg/Kg de ração), pela via oral (25 a 50mg/Kg a cada 24h), na água de bebida (400mg/litro) e por via intramuscular (75 a 100 mg/kg) a cada 5-7 dias. A oxitetraciclina de longa ação também pode ser utilizada na forma injetável (75mg/kg a cada 3 dias). No entanto, devido à irritação no local da injeção, recomenda-se apenas para animais que se recusam a se alimentar ou no início do tratamento (Smith et al., 2010).

Estudo recente também comprovou a eficiência do tratamento com azitromicina na dose de 40 mg/Kg via oral, a cada 48 horas, por 21 dias, em calopsitas (*Nymphicus hollandicus*) experimentalmente inoculadas. Porém, os autores ressaltaram a importância de testar a eficácia deste protocolo para outras espécies (Guzman et al., 2010). Caso seja utilizada a administração via ração, o consumo de alimento deve ser monitorado diariamente, pois algumas formulações apresentam baixa aceitação pelas aves e indivíduos gravemente debilitados podem parar de se alimentar (Smith et al., 2010).

Em relação ao tratamento, Beeckman e Vanrompay (2009) ressaltam que, apesar de ser uma doença tratável com antibióticos, atenção especial precisa ser dada ao uso inadequado destes produtos a fim de evitar o desenvolvimento de estirpes antibiótico-resistentes que podem oferecer maiores riscos ao homem e aos animais.

As formas infectantes da *C. psittaci* podem sobreviver por mais de 30 dias em materiais contaminados. Assim a higienização adequada dos materiais, instrumentos e recintos é importante medida profilática. As clamídias são altamente sensíveis aos químicos que afetam o conteúdo lipídico de suas paredes celulares e dentre os desinfetantes comumente usados e eficientes encontram-se os compostos a base de amônio quaternário a 0,1%, o álcool isopropílico 70% e o Lisol a 1% (Smith et al., 2010).

As principais medidas preventivas e de controle envolvem o i) esclarecimento das pessoas envolvidas sobre os riscos da clamidiose para as pessoas e animais, ii) a utilização de equipamentos de proteção individual para manejo de aves suspeitas; iii) o adequado manejo, evitando aglomerar aves de diferentes origens antes dos resultados dos exames de quarentena e impedindo o contato de aves saudáveis com fômites de aves suspeitas e iv) o isolamento e tratamento imediato dos animais doentes (Smith et al., 2010).

Mesmo após intensivos esforços, principalmente para prevenção de surtos de clamidiose em granjas avícolas, ainda não foram obtidos sucessos no desenvolvimento de vacina eficiente contra a enfermidade causada pela *C. psittaci*. Contudo, vacinas já se encontram disponíveis para espécies da família Chlamydiaceae, como *C. abortus* e *C. felis* (Zhou et al., 2007; Verminnen et al., 2010).

## 2.10 - Saúde pública

A ornitose é uma das principais zoonoses de origem aviária e constitui alto risco para indivíduos envolvidos no comércio, criadouros, clínica e abate de aves. Como a maioria das infecções em humanos resulta do contato com aves infectadas e inalação do microrganismo, a doença tanto pode se manifestar de forma isolada em um indivíduo ou como um surto com várias pessoas envolvidas (Matsui et al., 2007; Stewardson e Grayson, 2010).

O período de incubação varia de uma a quatro semanas, mas a doença pode permanecer subclínica por várias semanas ou se manifestar como uma severa pneumonia. O início geralmente é insidioso, com sintomas brandos, inespecíficos, semelhante a outras infecções virais ou bacterianas das vias aéreas superiores. Febre, tosse seca, cefaléia, calafrios, mialgia e hepato-esplenomegalia ocorrem em mais da metade dos casos. Pode ocorrer o comprometimento de vários órgãos, dentre eles o pulmão, trato gastrointestinal e sistema nervoso (Harkinezhad et al., 2007). No entanto, a clamidiose raramente é fatal quando diagnosticada rapidamente e tratada adequadamente. As transmissões inter-humanos

são raras e os casos tendem a ser mais graves (Hughes et al., 1997).

Investigações sorológicas têm demonstrado significativas prevalências de anticorpos anti-*C. psittaci* em populações humanas sob risco, em diferentes países, indicando altas taxas de exposição e contato da população com aves contaminadas (Fenga et al., 2007; Harkinezhad et al., 2009; Raso et al., 2009b; Monsalve et al., 2011). Apenas nos Estados Unidos, cerca de 935 casos humanos foram confirmados no período de 1988 a 2003, sendo a maioria relacionada ao contato com excreções de psitacídeos (Smith et al., 2010).

A psitacose é uma doença de notificação obrigatória nos EUA, Austrália e na maioria dos países europeus, como França, Bélgica, Itália, Suíça e Alemanha (Beeckman e Vanrompuy, 2009).

Como zoonose ou doença ocupacional acomete principalmente funcionários de criadouros, zoológicos, granjas e abatedouros de aves. Entretanto, a importância desta doença é seriamente subestimada pelas autoridades, profissionais de saúde humana e animal e pela sociedade. Este fato deve-se provavelmente à dificuldade, ou mesmo ausência, de realização dos diagnósticos adequados nos casos humanos (Newman et al., 1992; Heddemma et al., 2006).

## 3 – OBJETIVOS

### 3.1 – OBJETIVO GERAL

Detectar *Chlamydophila psittaci* em *Amazona aestiva*, em óbito, no CETAS do IBAMA em Belo Horizonte, Minas Gerais (CETAS/BH).

### 3.2 – OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Em relação aos óbitos de *A. aestiva* ocorridos no CETAS/BH:

Detectar, por meio da técnica de PCR, a presença de parte do genoma *C. psittaci* no tecido hepático;

Identificar alterações anatomopatológicas compatíveis com as causadas pela clamidiose aviária descritas na literatura;

Realizar, por meio do sequenciamento direto dos produtos da PCR, a caracterização genotípica de parte das amostras infectadas com *C. psittaci*.

#### 4 - MATERIAL E MÉTODOS

##### 4.1 - Laboratórios

O projeto foi desenvolvido no Laboratório de Doenças das Aves do Departamento de Medicina Veterinária Preventiva da Escola de Veterinária Universidade Federal de Minas Gerais - EV/UFMG.

Os sequenciamentos dos produtos da PCR foram realizados no Laboratório de Genética Animal da Escola de Veterinária da UFMG e o processamento histológico e obtenção das imagens histológicas foram executados no Laboratório de Biologia da Reprodução do Departamento de Morfologia do Instituto de Ciências Biológicas da UFMG – ICB/UFMG.

Previamente à necropsia, todas as aves foram avaliadas para a determinação da condição de estado geral, conforme classificação proposta por Godoy (2001) (Tabela 2). O peso de 100 aves foi aferido durante o recebimento no CETAS e após o óbito, anteriormente a realização das necropsias.

Os papagaios foram molhados em solução contendo detergente neutro e desinfetante à base de iodo (Biocid® em solução aquosa 1:1000) para reduzir o risco de dispersão e inalação de patógenos e facilitar o exame da superfície externa da carcaça. As penas e a pele da cabeça, pescoço, região torácica e abdominal e pernas foram retiradas. As necropsias foram realizadas no menor tempo possível após o óbito e as aves foram mantidas refrigeradas até a realização deste exame, sendo descartados os exemplares com evidências de autólise.

Por meio de uma incisão ao longo do esterno, este osso foi retirado para permitir acesso às estruturas presentes na cavidade celomática da ave (Cabana, 2008). Previamente a qualquer manipulação na cavidade, os órgãos e tecidos foram avaliados em relação ao tamanho, coloração e posição anatômica. Utilizando-se de instrumentos esterilizados, um fragmento de aproximadamente 1cm<sup>3</sup> do fígado de cada animal necropsiado foi retirado, colocado em

Tabela 2 – Critérios de classificação de estado geral usados durante a inspeção das aves.

Classificação	Características observadas
Bom	Boa coloração da plumagem e musculatura peitoral.
Regular	Moderada descoloração da plumagem, enegrecida, ausência de penas e/ou discreta atrofia da musculatura peitoral.
Ruim ou caquético	Severa mudança na coloração da plumagem, penas quebradiças, ausência de penas e/ou moderada a severa atrofia da musculatura peitoral.

Fonte: Godoy, 2001.

##### 4.2 – Animais e necropsia

Foram necropsiados 212 papagaios-verdadeiros (*Amazona aestiva*) no período de julho de 2009 a julho de 2011. Todas as aves avaliadas neste estudo foram recebidas, mantidas e morreram no CETAS/BH. Por fatores diversos, relacionados aos procedimentos de triagem, não foi possível estabelecer o período de tempo entre o recebimento e o óbito de cada exemplar.

microtubo estéril e congelado a temperatura de - 20°C para processamento por técnicas moleculares (PCR).

O proventrículo, o ventrículo, os intestinos e o pâncreas foram removidos, juntamente com o fígado, baço e o coração para avaliação fora da carcaça e facilitar o exame dos pulmões, rins e gônadas. De maneira geral, os órgãos foram avaliados em relação ao tamanho, forma, coloração, consistência e textura. Os órgãos

ocos foram abertos e o conteúdo também avaliado em relação à sua natureza, volume, consistência, cor e odor (Cabana, 2008). O sexo das aves foi determinado pela visualização direta das gônadas.

### 4.3 – Histopatologia

Para a avaliação histopatológica, amostras dos tecidos de fígado, baço e pulmão de 100 exemplares de *Amazona aestiva* foram fixadas em formol 10% tamponado e processadas conforme rotina de inclusão em parafina. Os cortes foram corados pelas técnicas de Hematoxilina de Harris e eosina para avaliação geral dos tecidos e de Gimenez modificado para pesquisa de inclusões intracitoplasmáticas, conforme metodologia estabelecida (Luna, 1968). Os tecidos foram analisados sob microscopia de luz.

### 4.4 - Extração do DNA total

A extração do DNA total dos tecidos foi realizada pelo método de extração por sílica, seguindo o protocolo de Caxito et al. (2006) com modificações. A extração foi realizada por meio da reação do material bruto previamente macerado (200 µL), com aproximadamente 600 µL de iodeto de sódio (NaI) a 6M, sob aquecimento a 55° C e forte homogeneização em vórtex a cada 5 minutos, durante 15min. O material obtido foi submetido à centrifugação por 3 minutos a 3000 g e a parte líquida foi coletada com o auxílio de uma pipeta e colocada em um novo tubo. Junto com 50 µL de suspensão de sílica, a nova mistura foi homogeneizada com o auxílio de um vórtex. A mistura foi incubada em agitador por 10 minutos a temperatura ambiente. Após centrifugação por 30 segundos a 12000 g, o sobrenadante foi descartado por inversão do tubo. O sedimento foi ressuspensionado em 800 µL de NaI e homogeneizado com o auxílio de vórtex. A mistura foi novamente centrifugada por 30 segundos a 12000 g e o sobrenadante foi descartado. O sedimento (DNA total ligado a sílica) foi lavado duas vezes com 1 mL de tampão de lavagem (Etanol 60%, 50mM Tris-HCl pH8,0, 10mM EDTA pH 8,0). Após centrifugação por 30 segundos a 12000 g, todo o

tampão de lavagem foi descartado. Foi adicionado 1 mL de acetona e após homogeneização no vórtex e centrifugação por 30 segundos a 12000 g, o sobrenadante foi descartado e o resíduo de acetona evaporado do sedimento em tubo com tampa aberta, mantido a 55°C por 10 minutos. O DNA aderido à sílica foi eluído por adição de 50 µL de TE (5 mM Tris-HCl pH 8,0, 0,5 mM EDTA pH 8,0), levemente homogeneizado e incubado a 55°C por 10 minutos, sendo que, a seguir, o tubo foi centrifugado por 2 minutos a 12000 g, para solidificar o sedimento. O sobrenadante foi removido com o auxílio de uma pipeta, tendo-se o cuidado de não misturar a sílica novamente, que determinava a necessidade de novas centrifugações a 12000 g, para eliminar totalmente a sílica da amostra. Após centrifugação e coleta do DNA total, as amostras foram estocadas em freezer a -20°C.

### 4.5 - Determinação espectrofotométrica da concentração de DNA total

A quantidade e a pureza do DNA foram determinadas por densidade óptica em espectrofotômetro NanoVue® (GE, Healthcare). Este aparelho permite a análise e quantificação de amostras de ácido nucléicos utilizando 2 µL da amostra de interesse, estimando a quantidade de DNA na amostra em ng/µL ou µg/µL e a qualidade do material pelo valor obtido na razão DO260nm/DO280nm. Os ácidos nucléicos absorvem luz no comprimento de onda de 260nm e as proteínas absorvem luz com comprimento de onda de 280nm.

### 4.6 – Reação em cadeia pela polimerase – PCR

Para este estudo foram utilizadas duas reações de PCR: uma para diagnóstico, com alta especificidade e que amplifica as regiões VD1 e VD2 e outra para sequenciamento, que permite a realização de melhores análises filogenéticas por amplificar todas as quatro regiões variáveis (VD1 a VDIV) do gene *ompA* (Tabela 3).

#### 4.6.1 - Reação de PCR para diagnóstico

Para realização do PCR diagnóstico da *C. psittaci*, o DNA total extraído das amostras de campo foi empregado como molde para a amplificação de parte do genoma de *C. psittaci*. Foram utilizados oligonucleotídeos iniciadores descritos por Sachse et al. (2009b) que amplificam um produto de 418 pares de base (Tabela 3) A localização deste primer na sequência do gene *ompA* *C. psittaci* pode ser visualizada na Figura 23.

Uma alíquota de cada amostra de DNA total foi utilizada como molde na reação de amplificação, com volume final de 20µL contendo: 200ng de DNA, 2µL de tampão 10X (200mM Tris-HCl pH8,4, 500mM KCl – Invitrogen), 1µL de dNTP mix a 10mM (dATP, dTTP, dCTP e dGTP - Invitrogen), 1,0µL de MgCl<sub>2</sub> a 50mM (Invitrogen), 1µL de cada iniciador externo a 10pmol, 0,2µL de Taq Polimerase a 5U/µL (*Platinum* Taq DNA Polymerase – Invitrogen) e água ultra pura q.s.p. A reação de PCR específica foi realizada em termociclador (Axygen - Maxygene).

As condições de amplificação foram de um ciclo inicial de desnaturação a 96°C por 60 segundos, seguida por 40 ciclos de desnaturação

a 94°C por 30 segundos, anelamento a 50°C por 60 segundos e extensão a 72°C por 30 segundos, além de uma extensão final a 72°C por 4 minutos. Para cada ensaio foi utilizado como controle positivo o DNA extraído da amostra de fígado de ave com diagnóstico para *C. psittaci* confirmado em outros laboratórios pela PCR. Foi utilizado também um controle negativo contendo todos os reagentes sem a inclusão de amostra de DNA e com adição 1µL de água.

A sensibilidade deste teste de PCR para amostra de campo foi avaliada por meio da realização de uma reação de PCR com uso de diluições aquosas seriadas em base 10 de uma amostra (775) positiva, sequenciada, com o DNA total quantificado e avaliado em relação à qualidade.

#### 4.6.2 - Reação de PCR para sequenciamento

Para caracterização genética da *C. psittaci* responsável pela infecção das aves foram selecionadas aleatoriamente 13 amostras positivas no teste diagnóstico da PCR, distribuídas ao longo dos dois anos de estudo. O PCR para sequenciamento genético foi realizado seguindo o protocolo descrito por Kaltenboeck et al. (1991) que origina um produto de 1378 pares de base (Tabela 3).

Alíquota de DNA total foi utilizada como molde na reação, com volume final de 50µL contendo: 200ng de DNA, 5µL de tampão 10X (200mM Tris-HCl pH8,4, 500mM KCl – Invitrogen), 1µL de dNTP mix a 10mM (dATP, dTTP, dCTP e dGTP - Invitrogen), 1,5µL de MgCl<sub>2</sub> a 50mM (Invitrogen), 1µL de cada iniciador a 10pmol, 0,5µL de Taq Polimerase a 5U/µL (*Platinum* Taq DNA Polymerase – Invitrogen) e água ultra pura q.s.p. A reação de PCR específica foi realizada em termociclador (Axygen - Maxygene). As condições de amplificação foram de um ciclo inicial de desnaturação a 94°C por 5 minutos, seguida por 40 ciclos de desnaturação a 94°C por 1 minuto, anelamento a 59°C por 1 minuto e extensão a 72°C por 2 minutos, além de uma extensão final a 72°C por 10 minutos.

Tabela 3. Iniciadores usados neste estudo para detecção do genoma para diagnóstico e sequenciamento da região que codifica o gen *ompA* de *C. psittaci* (VD1 e 2: diagnóstico e Cp-F e R: sequenciamento).

Nome do oligo	Sequência (5'>3')	Localização no genoma*	Segmento (pb)	Autores
VD1-f	ACTACGGAGATTATGTTTTTCGATCGTGT	59195-59168	418	Sachse et al. (2009b)
VD2-r	CGTGCACCYACGCTCCAAGA	58797-58778		
Cp-F	TGCAAGACACTCCTCAAAG	59525-59507	1378	Kaltenboeck et al. (1991)
Cp-R	AGGTTCTGATAGCGGGAC	58130-58147		

\*Localização descrita em base na sequência do genoma completo de *C. psittaci* isolado 08DC60 (Schoffl et al., 2011). Acesso GenBank CP002807.

Para cada ensaio foi utilizado controle negativo contendo todos os reagentes sem a inclusão de amostra de DNA e com adição 1µL de água miliQ.

#### 4.6.3 - Análise dos produtos de PCR

A visualização dos produtos das PCR foi realizada por eletroforese em gel de agarose. Em cada 8 µL do produto amplificado foram adicionados 2µL do tampão de amostra 2X (60% de glicerol, 10% de TBE 10X e azul de bromofenol), e essa mistura foi aplicada ao gel de agarose a 1,5%. A eletroforese ocorreu a 100V em tampão TBE 0,5X (100mM Tris-base, pH8,3, 25 mM EDTA e 50 mM ácido bórico) durante 30 minutos, sendo utilizado o padrão molecular de 100 pb DNA Ladder (Promega). Posteriormente à corrida, o gel foi corado com solução de brometo de etídeo na concentração de 10mg/mL por pelo menos 10 minutos e os resultados foram visualizados com o auxílio de um transiluminador UV.

#### 4.6.4 - Purificação dos produtos da PCR com polietileno glicol (PEG)

Os produtos amplificados e purificados foram sequenciados pelo método descrito por Rosenthal et al. (1993) com modificações. Ao produto da PCR (50µL) foi adicionado igual volume de uma solução à 20% de PEG 8000. Após rápida agitação por 15 segundos, a solução foi incubada por 15 minutos a 37°C e centrifugada por 15 minutos 13000g. O sobrenadante foi retirado cuidadosamente com auxílio de pipeta e descartado. Sobre o sedimento foram adicionados lentamente e pelas paredes do tubo 125µL de etanol 80%. Após a lavagem do sedimento e centrifugação por 5 minutos, a lavagem foi repetida. Após descartar o sobrenadante por inversão do tubo, este foi incubado a 37 °C para secagem do etanol. Foram adicionados 10 a 15 µL de água ultra pura e o sedimento foi suspenso por pipetagem. O DNA purificado foi visualizado através de eletroforese em gel de agarose 1,5%, em tampão de corrida TBE 0,5X e conservado a -20°C até sua utilização na reação de sequenciamento.

#### 4.7 - Sequenciamento genético

O DNA purificado foi submetido a um processo de sequenciamento pelo método de dideoxinucleotídeos, descrito por Sanger et al. (1997), em um sequenciador automático capilar ABI 310® (Perkin Elmer, Estados Unidos), utilizando o kit *Big Dye Terminator Mix* (Applied Biosystems, EUA), de acordo com as condições de reação e leitura indicadas pelo fabricante. Aproximadamente 1 µL do produto de PCR purificado foi utilizado em cada reação de sequenciamento, adicionando 1 µL de cada iniciador na concentração de 10 pmol F e R, separadamente, 1 µL de Big Dye, 1,5 µL de tampão *Save Money* (Applied Biosystems, EUA) e água milliQ em quantidade suficiente para 10 µL. Esta reação de sequenciamento foi feita em termociclador (PTC-100, MJ Research, Inc., EUA), utilizando o seguinte ciclo: desnaturação a 96°C por 15 segundos, anelamento do iniciador a 50°C por 15 segundos, extensão a 60°C por 4 minutos, sendo esse ciclo repetido por 30 vezes. Em seguida, o produto da reação de sequenciamento foi purificado por precipitação utilizando isopropanol e etanol e homogeneizado em formamida, sendo então feita a desnaturação rápida a 95°C por 2 minutos e colocado no gelo imediatamente.

Os produtos de extensão foram analisados em um sequenciador automático por eletroforese capilar (ABI Prism 310 Genetic Analyser, Perkin Elmer), no laboratório de Genética do Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG).

##### 4.7.1 - Análise das sequências nucleotídicas

As sequências geradas foram inicialmente avaliadas para qualidade (QV - Quality value), sendo consideradas boas as com QV maior ou igual a 20, pelo software Sequence Scanner (Applied Biosystems), o qual permite visualizar ainda erros nas amostras (falha na reação, sinal baixo, problemas na injeção) e análise geral da qualidade das mesmas.

Tabela 4 – Grupos genéticos utilizados para comparação com as amostras de *C. psittaci* obtidas neste estudo.

Genótipo (amostra)	Nome do isolado	Fonte	Ano*	Origem do isolado	Código no GenBank	Referência
<i>C. psittaci</i> - A (1)	MN Zhang	Humano	1934	Estados Unidos	AF269281	Zhang et al. (1989)
<i>C. psittaci</i> - A (2)	6BC	Periquito	1941	Estados Unidos	X56980	Everett et al. (1991)
<i>C. psittaci</i> - A (3)	08DC60	Humano	2008	Alemanha	CP002807	Schofl et al. (2011)
<i>C. psittaci</i> - A (4)	84-55	Periquito	1993	Alemanha	Y16561	Vanrompay et al. (1993)
<i>C. psittaci</i> - A (5)	GV	Aves	1994	xxx	L25437	NCBI (2012)
<i>C. psittaci</i> - A (6)	VS1	Galinha	2008	China	EF202608	Zhang et al. (2008)
<i>C. psittaci</i> - B (1)	41A12	Peru	2001	Bélgica	AY762609	Geens et al. (2005)
<i>C. psittaci</i> - B (2)	CP3	Pombo	1958	Estados Unidos	AF269265	Bush e Everett (2001)
<i>C. psittaci</i> - C (1)	GD	Pato	1960	Alemanha	AF269261	Bush e Everett (2001)
<i>C. psittaci</i> - C (2)	xxx	x	x	x	L25436	x
<i>C. psittaci</i> - D (1)	NJ-1	Peru	1954	Estados Unidos	AF269266	Bush e Everett (2001)
<i>C. psittaci</i> - D (2)	9N	Peru	1993	Holanda	EF375557	Vanrompay et al. (1998)
<i>C. psittaci</i> - E (1)	3759/2	Humano	1930	Europa	AY762611	Geens et al. (2005)
<i>C. psittaci</i> - E (2)	CPMN	Equino	1988	França	X12647	Pickett et al. (1988)
<i>C. psittaci</i> - E/B (1)	WS/RT/E 30	Patos, perus e pombos	2005	Europa	AY762613	Geens et al. (2005)
<i>C. psittaci</i> - E/B (2)	06-859/1	Patos	2006	França	EU159263	Sachse et al. (2009b)
<i>C. psittaci</i> - F (1)	7778b15	Peru	2001	Bélgica	AY762612	Geens et al. (2005)
<i>C. psittaci</i> - F(2)	VS225	Periquito	1991	Estados Unidos	AF269259	Bush e Everett (2001)
<i>C. psittaci</i> - M56	x	Roedor	1961	Canadá	AF269268	Bush e Everett (2001)
<i>C. psittaci</i> - WC	x	Bovino	1964	Estados Unidos	AF269269	Bush e Everett (2001)
<i>C. abortus</i>	OCLH19 6	Suíno	2000	Alemanha	AJ004873	Hoelzle et al., (2000)
<i>C. abortus</i>	OCLH 196	x	2003	Alemanha	AJ440239	Hoelzle et al., (2003)
<i>C. caviae</i>	GPIC	Porquinho da índia	1989	Estados Unidos	AF269282	Zhang et al. (1989)
<i>C. caviae</i>	06G282	Equino	2010	Alemanha	GQ332575	Gaede et al. (2010)
<i>C. felis</i>	x	Gato	1993	Inglaterra	X61096	Storey et al. (1993)
<i>C. felis</i>	FEIS-M	Gato	2004	Itália	AY184290	Di Francesco et al. (2004)
<i>C. pneumoniae</i>	x	x	1991	Inglaterra	M64064	Carter et al. (1991)
<i>C. pneumoniae</i>	x	Koala	1994	Austrália	X72023	Girjes et al. (1994)
<i>C. pecorum</i>	x	Bovino	1993	x	M73034	Kaltenboeck et al. (1993)
<i>C. pecorum</i>	x	Bovino	1993	x	AF269279	Kaltenboeck et al. (1993)
<i>Chlamydia muridarum</i>	x	Hamster	1993	x	L19221	Zhang et al. (1993)
<i>Chlamydia muridarum</i>	x	Hamster	1993	x	U60196	Zhang et al. (1993)
<i>Chlamydia suis</i>	14VII	Suíno	2005	Alemanha	AY687631	Pollmann et al. (2005)
<i>Chlamydia suis</i>	Rogers 132	Suíno	2001	Estados Unidos	AF269278	Bush e Everett (2001)
<i>Chlamydia trachomatis</i>	K/UW31/ Cx	Humano	1998	Estados Unidos	AF063204	Stothard et al. (1998)
<i>Chlamydia trachomatis</i>	x	Humano	1997	Estados Unidos	U78763	Dean e Millman (1997)

\*Ano em que a amostra foi isolada.

Em seguida, as sequências de boa qualidade foram agrupadas para a formação da sequência consenso através do programa BioEdit (Hall, 1999). Este programa permite editar e excluir as ambiguidades, além de identificar os duplos picos dos eletroferogramas.

As sequências de nucleotídeos e aminoácidos obtidas neste estudo foram alinhadas entre si e com sequências de *C. psittaci* depositadas no GenBank com o auxílio do programa Clustal X (Thompson et al., 1997), presente no BioEdit. Todos os alinhamentos foram revisados e editados manualmente, quando necessário.

#### 4.7.2 - Busca das sequências similares em bancos de dados

Para início das análises, todas as sequências finais geradas foram comparadas com sequências disponíveis no banco de dados do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI – <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Os algoritmos dos programas BLAST 2.0 (*Basic Local Alignment Search Tool*), BLASTn e BLASTx (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>), desenvolvidos pelo NCBI, foram utilizados para a busca de similaridade entre os nucleotídeos e aminoácidos, respectivamente (Altschul et al., 1997).

#### 4.7.3 – Análises filogenéticas

Os alinhamentos das sequências de nucleotídeos das amostras obtidas neste trabalho foram utilizados para a construção de árvores filogenéticas pelo método *neighbor-joining* com o auxílio do programa MEGA<sup>®</sup> 5.0 ([www.megasoftware.net](http://www.megasoftware.net)). Neste programa, os dados foram submetidos ao teste de confiança da topologia (“bootstrap”) com 1000 reamostragens, para testar o grau de confiabilidade dos agrupamentos obtidos nas árvores filogenéticas. A distância genética foi calculada pelo método “Pairwise distance method”, disponível no programa MEGA<sup>®</sup> 5.0.

Para a construção das árvores filogenéticas e demais comparações realizadas neste estudo, foram escolhidas sequências do gene *ompA*, dos

diferentes grupos genéticos da Família Chlamydiaceae conhecidos e que já haviam sido utilizados para avaliações genéticas por outros autores (Tabela 4).

## 5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram necropsiados 212 exemplares de *A. aestiva* que tiveram o óbito registrado no CETAS, distribuídos por trimestre durante o período de estudo, conforme a Figura 3. Destes animais, 13 tiveram amostras coletadas para sequenciamento genético.

Observou-se tendência a redução no número de mortes ao longo do período de estudo, provavelmente decorrente do melhor diagnóstico e do tratamento precoce dos animais doentes. No entanto, foi observada coincidente redução do número de espécimes do gênero *Amazona* recebidos pelo CETAS de Belo Horizonte no período, que caiu de 900 em 2009 para cerca de 500 em 2011. Considerando que o excesso populacional e outros fatores estressantes são determinantes na ocorrência de surtos e óbitos causados pela clamidiose aviária (Gerlach, 1994; Raso et al., 2004), a redução no número de animais recebidos muito provavelmente pode ter relação direta com o menor número de óbitos.

Dos 212 animais necropsiados 152 (72%) foram positivos para *C. psittaci* pelo teste da PCR. A taxa de detecção observada em nosso estudo pode ser considerada elevada, uma vez que estudos realizados nos Estados Unidos indicam taxa de infecção de 20 a 50% nos psitacídeos, mantidos como *pet*, examinados após a morte (Schwartz e Fraser, 1982; Mohan, 1984). De maneira geral, as taxas de mortalidade por clamidiose aviária variam em função da patogenicidade da cepa envolvida e das condições do hospedeiro, sendo as situações estressantes proporcionadas pelo tráfico, como deslocamentos sob condições precárias, excessos populacionais e dieta inadequada, fatores que podem desencadear os surtos e proporcionar significativas taxas de mortalidade (Ecco et al., 2009).



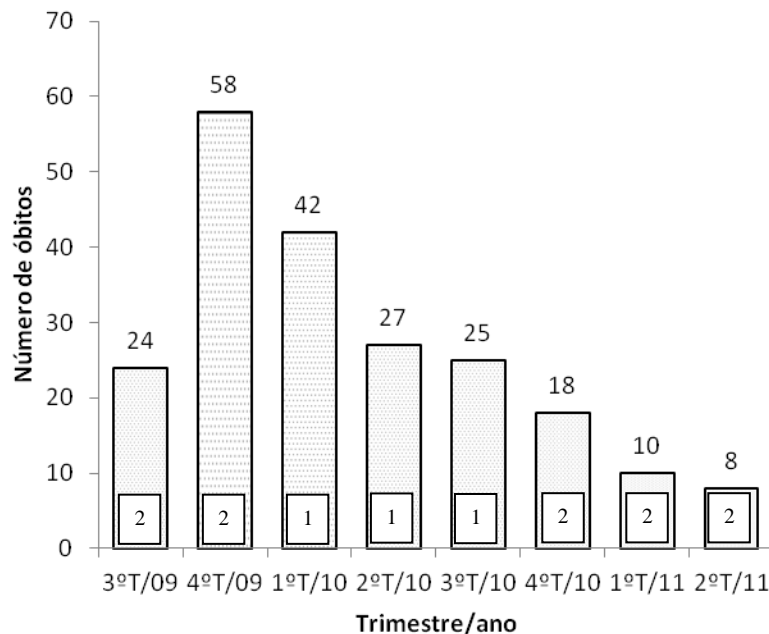


Figura 3 – Frequência de *A. aestiva* mortos no CETAS/BH por trimestre durante o período de estudo e número de amostras de *C. psittaci* sequenciadas por período (quadro dentro das barras).

Assim, o fato dos animais deste estudo serem provenientes do comércio ilegal pode ter sido determinante para o alto índice de infecção. Neste sentido, Raso et al. (2004) diagnosticaram a *C. psittaci* como responsável pela mortalidade de 96,5% dos 58 filhotes de *Amazona aestiva* apreendidos na cidade de São Paulo e associaram esta alta mortalidade às pobres condições de manejo e ao diagnóstico tardio.

A avaliação clínica dos animais não constou entre os objetivos do presente estudo, entretanto, observou-se que, previamente ao óbito os animais apresentaram sinais clínicos inespecíficos como prostração, penas eriçadas, dispnéia e perda de apetite (Figura 8B). Diarreia com uratos esverdeados ou amarelados também foram comuns. Estes achados estão de acordo com Mohan (1984), que identificou sinais clínicos semelhantes em psitacídeos diagnosticados com clamidiose nos Estados Unidos.

Contudo, vários autores ressaltaram que as manifestações da clamidiose aviária são variáveis, o que dificulta o diagnóstico por meio da observação dos sinais clínicos (Rivers et al., 1931, Gerlach, 1994; Billington, 2005).

Para realização do diagnóstico definitivo *post-mortem* são essenciais os estudos anatomopatológicos, com a identificação do agente em tecidos, e testes complementares como o isolamento da bactéria ou testes moleculares (OIE, 2008). Atualmente, em função das diversas vantagens apresentadas, o diagnóstico padrão *C. psittaci* é realizado por meio da técnica da PCR (Sachse et al., 2009a).

Apesar de não ter sido quantificado o número de sequências alvo do genoma da *C. psittaci* presentes na amostra usada como controle, o “teste de sensibilidade” permitiu evidenciar que o excesso de DNA inibe a reação e que diluições acima de 10000 vezes também inviabilizaram os resultados (Figura 4). A PCR tem demonstrado ser uma técnica altamente sensível e específica para a detecção de parte do genoma de *C. psittaci* (Hewinson et al., 1991), no entanto, os resultados deste “teste de sensibilidade” ressaltam a importância de quantificar e padronizar o DNA total das amostras antes de submetê-las ao teste da PCR, sob o risco de ocorrência de resultados falso-negativos.

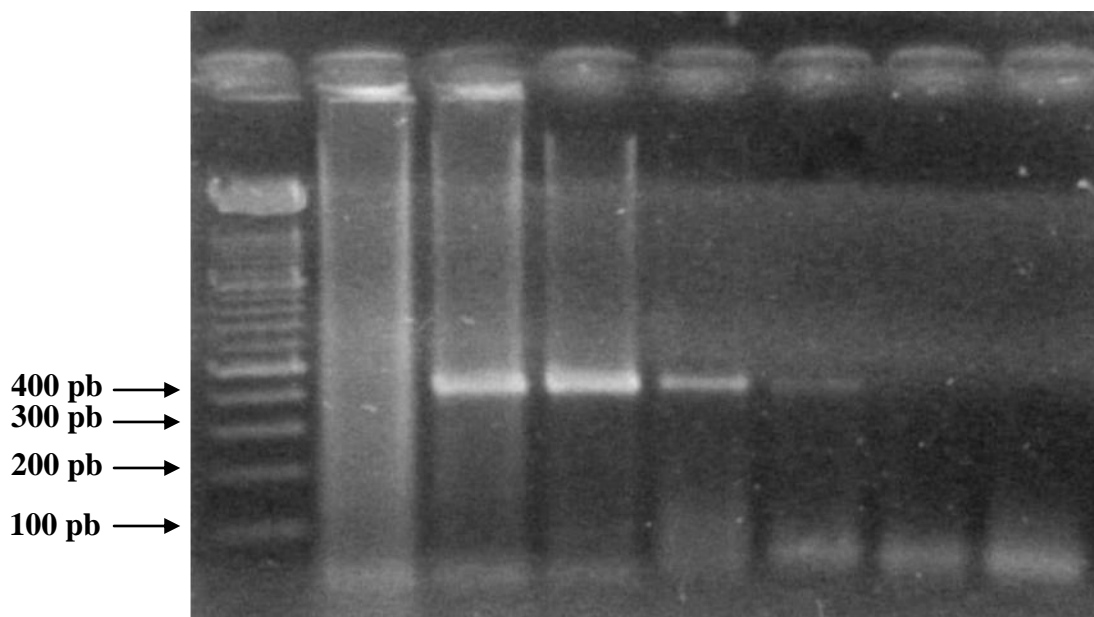


Figura 4 – Sensibilidade do teste da PCR a diferentes concentrações de DNA da mesma amostra usada como controle. TM: marcador (e tamanho) molecular. A: amostra sem diluição, com 6088  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$ , pureza de 1,82; B: 747  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$  ( $10^{-1}$ ); C: 83  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$  ( $10^{-2}$ ); D: 7,5  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$  ( $10^{-3}$ ); E: erro de leitura ( $10^{-4}$ ); F: erro de leitura ( $10^{-5}$ ) e G: controle negativo. Pb: pares de base. Obs.: O equipamento utilizado para quantificar as amostras não permitiu leitura de concentrações inferiores a 1  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$  de DNA total.

Destaque deve ser dado ao fato de que não foi possível quantificar o total de DNA de *C. psittaci* presente na amostra, assim estes resultados somente devem ser considerados como indicativo dos efeitos da quantidade de DNA total nas reações de PCR.

A avaliação da carcaça evidenciou que a maior parte dos animais infectados encontrava-se em condições de caquexia (118/152) (Figura 9B), sendo o estado geral dos animais foi considerado regular (14/152) ou bom (20/152) (Figura 9A) em uma pequena parcela dos animais (Figura 5).

Gerlach (1994) relata que a clamidiose aviária pode se manifestar nas formas aguda, subaguda ou crônica, dependendo da patogenicidade da clamidófila e da condição da ave, e relata ainda que a avaliação da condição das carcaças pode permitir inferências sobre a forma da doença

predominante. Assim, o alto percentual (78%) de animais caquéticos necropsiados positivos para *C. psittaci* sugere que a forma crônica desta doença foi a principal causadora dos óbitos (Figura 9).

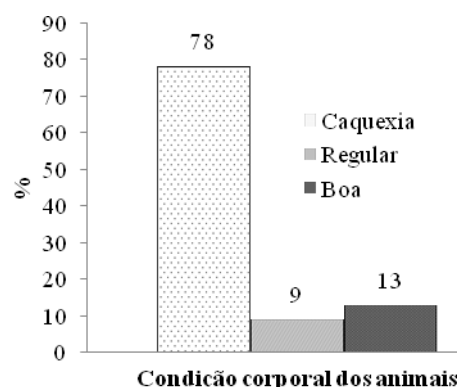


Figura 5 – Condição geral da carcaça dos *A. aestiva* infectados com *C. psittaci* (n=152).

Entretanto, o registro de animais mortos em condições corporais boas ou regulares indica que outras formas da doença também estavam presentes. Os resultados encontrados neste estudo para a condição das aves são semelhantes aos observados por Ecco et al. (2009), que observaram prostração e caquexia em psitacídeos de diversas espécies mortos em um CETAS.

O peso dos exemplares mortos pode ser outro indicativo do curso da doença (Figura 6). A perda de peso média observada de mais de 30% da massa corporal das aves, da entrada no CETAS ao óbito, também aponta para a ocorrência de doença crônica. Resultados similares foram observados por Pospischil et al. (2010), que relatam a redução de 20 a 40% no peso corporal de aves infectadas experimentalmente com amostras patogênicas de *C. psittaci*. Verifica-se assim que o monitoramento frequente do peso dos papagaios em triagem, mesmo que por amostragem, pode se constituir em mais um instrumento para avaliação indireta da saúde dos grupos e permitir o diagnóstico precoce dos problemas de manejo ou sanitários.

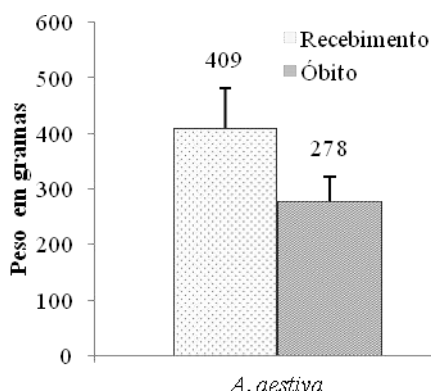


Figura 6 – Peso médio e desvio-padrão de *A. aestiva* aferidos durante o recebimento no CETAS/BH e após o óbito (n=100).

De maneira geral, os animais procedentes do tráfico são transportados e manejados de maneira inadequada, com condições precárias de alimentação e higiene, até serem encaminhados para os CETAS. Como a *C. psittaci* pode permanecer na forma subclínica

por longos períodos, é fundamental a realização de exames periódicos durante a quarentena a fim de evitar a disseminação desta bactéria para outras aves. As aves cronicamente infectadas também podem constituir desafio especial durante o manejo e triagem deste grupo.

A maior parte dos animais positivos para *C. psittaci* eram machos (53%), enquanto 40% foram fêmeas e 7% dos animais não tiveram o sexo devidamente avaliado durante a necropsia (Figura 7). Não existem estudos sobre diferentes susceptibilidades dos sexos a infecções por *C. psittaci*. Esta diferença observada pode ser devido à maior sensibilidade dos exemplares machos ou de uma desigualdade da proporção sexual dos animais presentes no CETAS no período de estudo. De fato, a segunda hipótese é mais provável, pois mesmo quando se considera apenas os animais não infectados (negativos na PCR) verifica-se maior participação do sexo masculino no contingente total, com 52% de machos contra 34% fêmeas e 14% indeterminado.

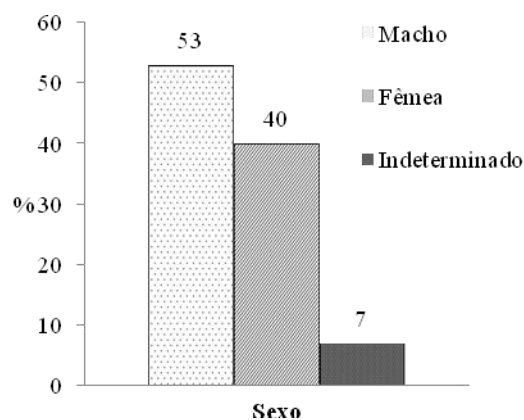


Figura 7 – Sexo dos *A. aestiva* em estado de óbito infectados com *C. psittaci* (n=152).

Dentre as alterações anatomopatológicas observadas durante a avaliação necroscópica, o espessamento dos sacos aéreos com deposição de exsudato fibrinoso (aerossaculite) foi a lesão mais frequente (128/152) (Figura 10), seguida pela hepatomegalia (104/152) (Figura 11) associada a focos de necrose distribuídos pelo parênquima hepático (51/152) (Figura 10). O aumento de volume do baço (esplenomegalia) foi observado (74/152) associado a uma

consistência mais flácida deste órgão (Figura 13). Intestinos com coloração da serosa avermelhada e aumentados de volume foram vistos em 62/152 aves. Pulmões com coloração avermelhada e fluído sangue ao corte (35/152) (Figura 12) e deposição de fibrina no pericárdio (23/152) (Figura 11) também foram registrados.

Estes achados são compatíveis com os descritos para animais que foram naturalmente ou experimentalmente infectados com *C. psittaci* (Mohan, 1984, Graham, 1989; Ecco et al., 2009). No entanto, Rivers et al. (1931) não identificaram lesões pulmonares nos papagaios (*Amazona sp.*) infectados experimentalmente, provavelmente devido as via de infecção, oral ou intramuscular, utilizadas.

A aerossaculite fibrinosa, principal lesão observada nas aves deste estudo, é considerada por Gerlach (1994) a lesão mais indicativa da ocorrência de clamidiose aviária em Psittaciformes e Columbiformes.

A necrose hepática, achado comum em nosso estudo, pode ser efeito direto da proliferação de clamidófilas dentro das células do hospedeiro, com consequente lise das células para a liberação dos corpos elementares, ou pelas lesões vasculares associadas às infecções das células endoteliais. As lesões vasculares também são responsáveis pela natureza serofibrinosa dos exsudatos, comumente observados neste estudo, na superfície de alguns órgãos e nos sacos aéreos (Rivers et al., 1931; Suwa et al., 1990).

A avaliação histopatológica do fígado das aves demonstrou a presença de infiltrados linfoplasmocitários multifocais (72/100), que manifestaram de forma discreta (31/100), moderada (16/100) ou intensa (25/100) (Figuras 14 e 15). Focos de necrose (Figura 16) de coagulação (37/100) e de liquefação (15/100) e o aumento na proliferação dos ductos biliares também foram observados (Figura 17). No baço a alteração mais observada foi o aumento na diferenciação plasmocitária (59/100) e histiocitose (45/100). Vários autores relatam que, geralmente, o grau de esplenomegalia é proporcional ao grau de histiocitose, que, em alguns casos pode alterar a estrutura do baço com a completa depleção linfocitária da polpa branca (Graham, 1989; Suwa et al., 1990; Ecco

et al., 2009). A depressão linfocitária pode ser acompanhada por intensa diferenciação plasmocitária, como observado neste estudo.

Graham (1989) relata que as lesões histopatológicas causadas por *C. psittaci* em aves são semelhantes àquelas observadas em outras infecções bacterianas generalizadas, que são a histiocitose e ocorrência de infiltrados linfoplasmocitários nos órgãos parenquimatosos acometidos. Assim, para o diagnóstico histológico da clamidiose aviária faz-se necessário identificar os corpos de inclusão nas células. Considerando que a visualização dos corpos de inclusão por meio da coloração de rotina HE apresenta menor sensibilidade (Figura 18), em nosso estudo, por meio da coloração de Gimenez modificada, foi possível a visualização de corpos de inclusão intracitoplasmáticos em 52% dos tecidos hepático e esplênico dos animais examinados (Figura 19).

Devido à complexa biologia da *C. psittaci*, estabelecer o diagnóstico confirmatório por meio de um único teste é difícil. Apesar de constar como método de diagnóstico, a visualização do agente em preparados histológicos requer investimento em treinamento especializado, amostras de tecido de boa qualidade e disponibilidade de tempo para realizar as pesquisas nas lâminas (OIE, 2008). Em nosso estudo, além das alterações anatomopatológicas macro e microscópicas, a pesquisa de corpúsculos de inclusão foi utilizada nesta investigação para evidenciar clamidófilas associadas às lesões características.

A menor sensibilidade da identificação do agente por esta técnica (52%) em relação à PCR (72%) verificada no presente trabalho já havia sido demonstrada por vários autores (Rasmussen e Timms, 1991; Trevejo et al., 1999; Celebi e Seyyal, 2006). Estes autores justificam a superioridade dos métodos moleculares, entre outros fatores, pela capacidade de detectar a infecção em animais tratados com antibióticos e em amostras de baixa qualidade, como tecidos autolisados. De fato, parte não contabilizada dos animais utilizados neste estudo foi diagnosticada em fase avançada da doença e morreu durante tratamento com antibióticos, o que pode ter colaborado para a não a visualização do agente

nos tecidos analisados, apesar do resultado da PCR ser positivo.

Sabe-se que a infecção concomitante por outros patógenos pode causar ou exacerbar a manifestação clínica da clamidiose aviária nos psitacídeos (Gerlach, 1994). As aves deste estudo não foram examinadas para detecção de outras doenças concorrentes.

No entanto, foram recentemente descritos, nos papagaios da espécie *Amazona aestiva*, mantidos pelo CETAS/BH, casos de micoplasmose (Gomes et al., 2010), doença de Pacheco (Luppi et al., 2011) e doença do bico e das penas (Araújo, 2011). Assim, não é possível descartar a hipótese de que as manifestações clínicas e anatomopatológicas observadas nesta pesquisa, serem decorrentes também da infecção por outros agentes.

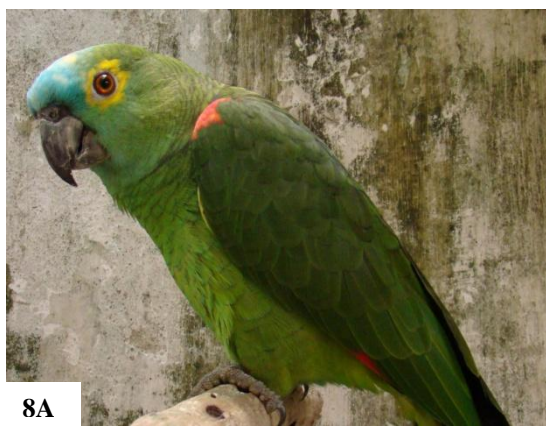


Figura 8 - *Amazona aestiva* com aspecto saudável (A) ave aparentemente doente (B), com penas arrepiadas, prostrada e apática (sinais inespecíficos).

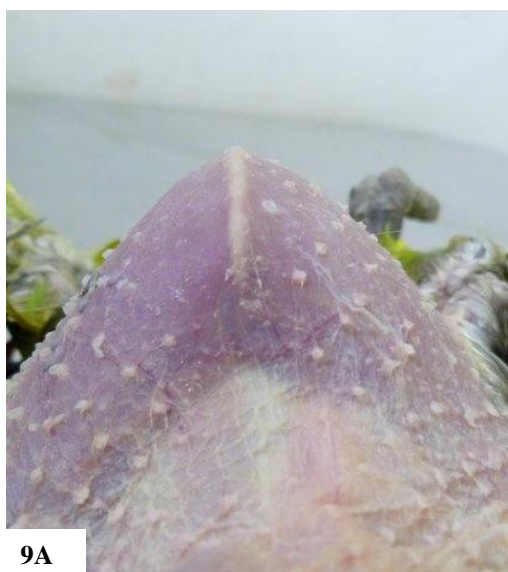


Figura 9 - *Amazona aestiva* com boa condição corporal (A), apresentando musculatura peitoral bem desenvolvida e ave caquética (B): com quilha do esterno proeminente e musculatura peitoral atrofiada.

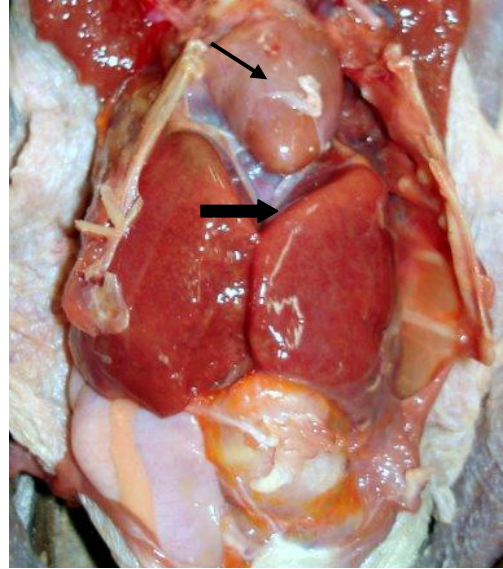
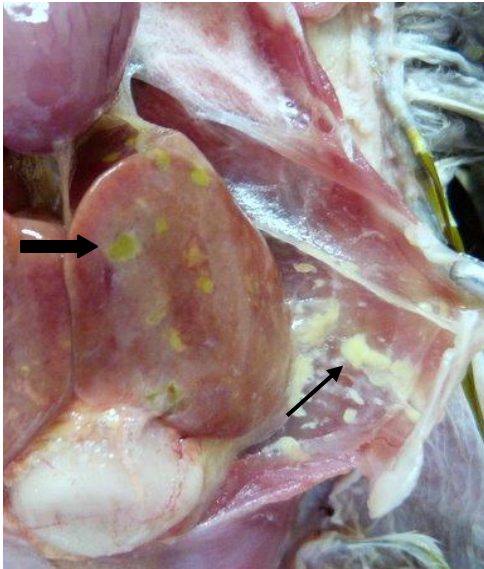


Figura 11 - Fígado aumentado de volume e com as bordas arredondadas (hepatomegalia - seta espessa) e pericárdio espessado e com deposição de fibrina (pericardite – seta fina).



Figura 12 - Pneumonia. Observar coloração avermelhada e início de hepatização nas bordas laterais.



Figura 13 - Aumento de volume do baço (esplenomegalia), que geralmente adquire consistência flácida.

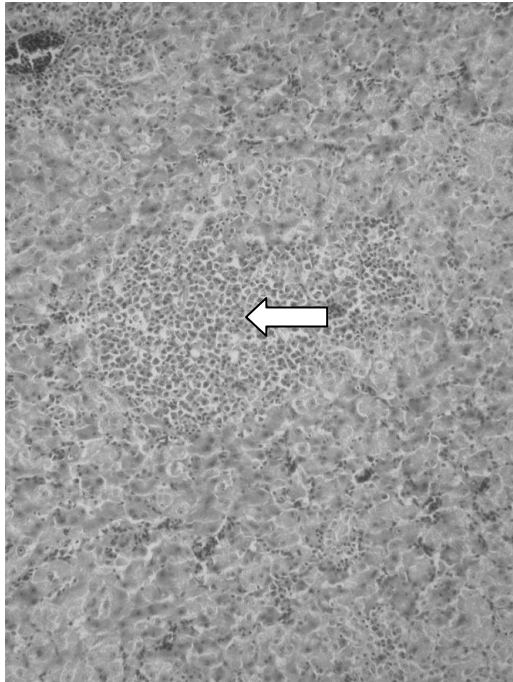


Figura 14 – Infiltrado linfoplasmocitário no fígado de *Amazona aestiva* (seta) (HE - 100x).

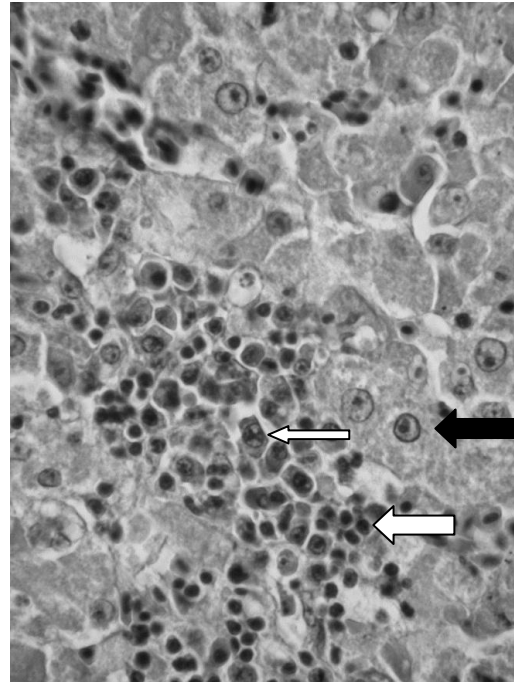


Figura 15 – Infiltrado linfoplasmocitário no fígado de *Amazona aestiva*. Seta fina: plasmócito, seta espessa branca: linfócitos, seta escura: hepatócito. (HE - 400x).

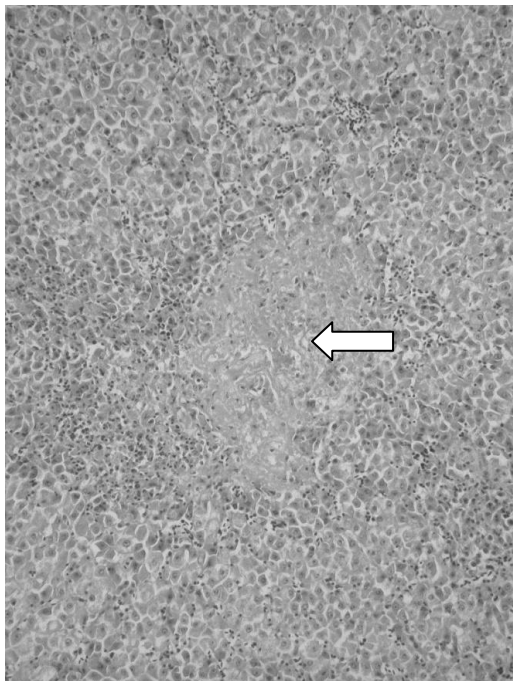


Figura 16 – Necrose hepática no fígado de *Amazona aestiva* (seta). (HE - 100x).

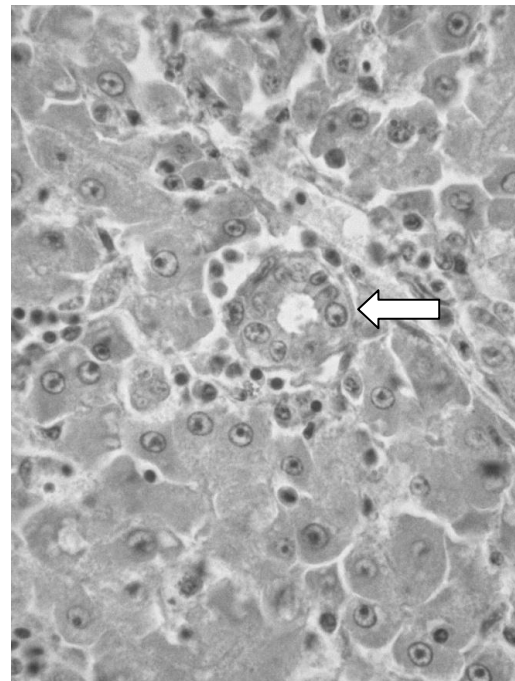


Figura 17 – Proliferação de ductos hepáticos (seta), indicativos de infecção hepática crônica em *Amazona aestiva* (HE - 400x).

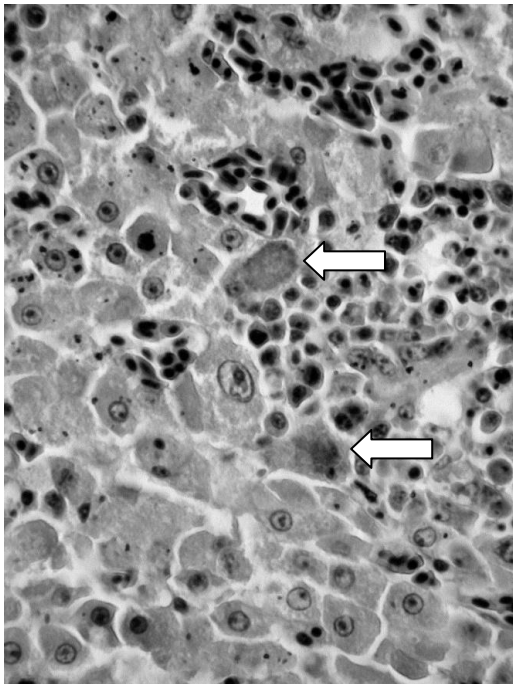


Figura 18 – Infiltrado linfoplasmocitário no fígado de *Amazona aestiva*. Observar macrófagos contendo corpúsculos de inclusão de *C. psittaci* na periferia da lesão (setas) (HE - 400x).

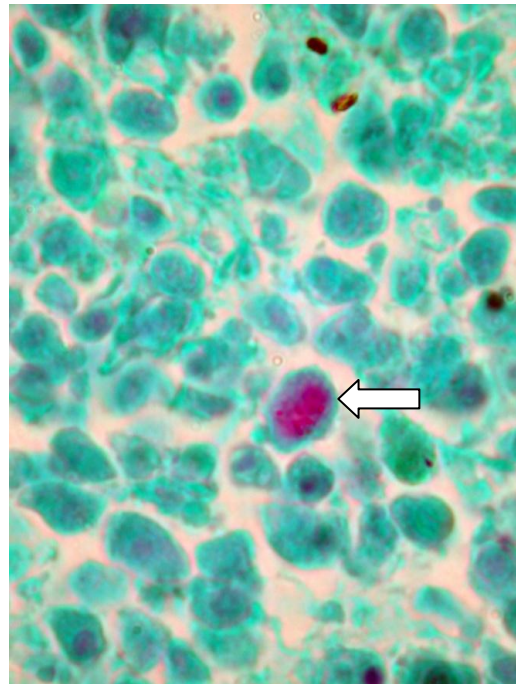


Figura 19 – Corpúsculos de inclusão de *C. psittaci* visualizadas no baço de *Amazona aestiva* por meio da coloração de Gimenez modificada (seta) (400x).

A análise filogenética utilizada neste estudo baseou-se na avaliação da sequência de nucleotídeos do gene *ompA*, que tem sido utilizada para classificação das espécies, genótipos e isolados de clamidófilas por diversos autores (Sudler et al., 2004; Geens et al., 2005; Chahota et al., 2006). Foram sequenciadas 13 amostras e demonstrou-se alta qualidade dos eletroferogramas obtidos.

Na busca de similaridade das sequências, as produzidas neste estudo foram comparadas com sequências tipo para os determinados grupos depositadas no GenBank, utilizadas por outros pesquisadores em análises filogenéticas. Foi verificada identidade dos nucleotídeos de 100%. Os valores de *score* e *e-value* no *blast* mostraram alta confiabilidade das sequências (o *score* foi alto e o *e-value* próximo de zero) não havendo inserções nem deleções nas sequências geradas neste estudo.

A figura 20 demonstra que as sequências deste estudo formaram grupo único altamente

relacionado e próxima geneticamente a duas sequências de *C. psittaci* obtidas pelo GenBank. Este agrupamento permite inferir que as 13 sequências obtidas a partir dos *A. aestiva* constituíram parte do genoma da espécie *C. psittaci*. De maneira semelhante, o estudo da distância genética entre os nucleotídeos das diferentes sequências permitiu verificar que todas as amostras obtidas nesta investigação são idênticas e apresentaram alta similaridade com sequência tipo de *C. psittaci* cadastrada no GenBank (Tabela 5).

Estes resultados estão de acordo com outros autores que relataram maior prevalência de *C. psittaci* no grupo das aves, quando comparado com outras espécies da família Chlamydiaceae (Kaleta e Taday, 2003; Andersen, 2005; Sareyyupoglu et al., 2007). Entretanto, registros de outras espécies de clamídias, com *C. abortus*, *C. pecorum* e até mesmo *Chlamydia trachomatis* em hospedeiros aviários tem sido



realizados (Chahota et al., 2006; Sachse et al., 2012).

Considerando a uniformidade das sequências deste estudo, estas serão tratadas como código único, denominado Cp-UFMG, nas abordagens que seguem.

Ao nosso conhecimento, não existem informações disponíveis na literatura sobre os códigos genéticos de amostras procedentes do Brasil de *C. psittaci*. Mesmo em países que se encontram estágio mais avançado do conhecimento deste patógeno, observa-se que o uso da epidemiologia molecular ainda está em sua fase inicial e são conhecidas apenas 25 sequências de *C. psittaci* e 28 de *Chlamydophila sp.* com a região codificadora do gene *ompA* completamente descrita, com pelo menos 1212 nucleotídeos (Chahota et al., 2006).

O fato das sequências produzidas nesta investigação pertencerem a grupo genético único levanta pelo menos duas hipóteses. Considerando que as amostras sequenciadas foram coletadas de animais que morreram ao longo do período de dois anos, uma explicação plausível para a não variação genética das sequências seria a de que uma única estirpe se manteve dentro do CETAS e infectou as aves recebidas e manejadas durante o estudo. Porém, como não é conhecida a variabilidade genética entre as estirpes de *C. psittaci* em Minas Gerais e no Brasil, existe a possibilidade de os vários animais recebidos já estarem infectados com isolado idêntico, ou até mesmo, de existir uma única estirpe circulante no país. Em relação a este fato, Bush & Everett (2001) relatam que ocorrência de apenas um grupo genético, indicaria a baixa pressão seletiva sobre a variabilidade do gene pelo sistema imune dos papagaios, sugerindo que as bactérias poderiam sobreviver no hospedeiro e e persistirem sem maiores danos.

A classificação genotípica atualmente empregada para *C. psittaci* reconhece sete sorotipos que infectam aves (A-F e E/B) e dois de mamíferos (WC e M56) (Everett et al., 1999; Geens et al., 2005). A análise da Figura 21, produzida a partir da sequência completa do gene *ompA*, confirmou que todas as amostras sequenciadas neste estudo pertencem ao genótipo A de *C. psittaci*.

Estes resultados estão de acordo com outros pesquisadores (Andersen e Vanrompay, 2003; Andersen, 2005; Geens et al., 2005; Laroucau et al., 2008) que identificaram o genótipo A como mais frequente e o principal causador de mortalidade em psitacídeos. O genótipo A também é considerado um dos mais frequentemente associado às zoonoses de origem aviária (Heddemá et al., 2006).

A Figura 22 permite verificar que, quando se analisa apenas isolados pertencentes ao genótipo A, a sequência Cp-UFMG agrupa-se em clado diferente da estirpe 6BC, indicando assim, maior homologia com as estirpes VS1, GV, MN Zhang, 84-55 e 08DC60.

Verifica-se que a amostra Cp-UFMG se originou de um ancestral comum com as variantes VS1, GV, MN Zhang, 84-55 e 08DC60, enquanto que a amostra 6BC representa uma linhagem filogenética distinta, representando uma variante do genótipo A, que aparentemente está se afastando das amostras clássicas do genótipo A.

Várias estirpes de *C. psittaci* foram descritas até o presente momento. Um dos primeiros agentes a ser isolado foi o MN Zhang, identificado em humanos infectados na Europa logo após o grande surto ocorrido no biênio 1929-1930, supostamente causado por psitacídeos sul americanos exportados para a Europa e Estados Unidos.

Após os surtos, Meyer e Eddie (1934) importaram para os EUA, para fins experimentais, cerca de 200 periquitos australianos (*Melopsittacus undulatus*) recém capturados na Austrália. Mesmo mantendo-os isolados e com os cuidados de biossegurança, alguns animais morreram e foram diagnosticados com clamidiose. Paralelamente, interessante estudo conduzido por Burnet (1934) demonstrou que a *C. psittaci* já se encontrava amplamente distribuída pela Austrália, em diversas espécies de psitacídeos, quando aconteceram os principais surtos nos EUA e Europa, sendo considerada pelo autor enzoótica naquele país.

A estirpe 6BC foi isolada em 1941, em um periquito australiano nos Estados Unidos. Possivelmente esta estirpe pode ter sido

originária das aves australianas e não dos psitacídeos sul americanos, este fato explicaria a maior proximidade genética da sequência Cp-UFMG com a MN-Zhang e as outras.

Estas análises filogeográficas ficam prejudicadas para os isolados descritos mais recentemente, como é o caso das estirpes 08DC60, VS1, GV e 84-55, principalmente devido ao grande fluxo de aves ocorrido entre os países, dentre eles o Brasil, durante o século 20. Considerando que protocolos sanitários mais rigorosos para trânsito de aves no mundo somente foram estabelecidos recentemente, após a emergência da influenza aviária (H5N1), muito provavelmente, aves portando *C. psittaci* de diferentes origens foram distribuídas por todo o planeta. Assim, não é possível afirmar se a sequência Cp-UFMG é originária do Brasil ou se foi introduzida com a importação de aves exóticas.

A tabela 6 permite observar que, em relação do gene *ompA*, a sequência gerada neste estudo é idêntica à estirpe 08DC60, que foi obtida de um caso de psitacose com internação do paciente, ocorrido na Alemanha em 2008 (Schofl et al., 2011). Não existem ainda marcadores específicos para patogenicidade das diferentes estirpes de *C. psittaci* estabelecidos na literatura, sabe-se porém que o genótipo A é um dos que oferece os maiores riscos para humanos. Heddem et al. (2006) realizaram o sequenciamento genético de dez amostras obtidas de humanos em internação hospitalar devido à psitacose na Holanda e verificaram a ocorrência do genótipo A em seis casos, do sorotipo B em três outros pacientes e o genótipo C foi identificado em uma pessoa.

A figura 23 apresenta a sequência completa de nucleotídeos da amostra Cp-UFMG, produzida por este estudo. Foram sequenciados 1098 nucleotídeos, que permitiram analisar todos os domínios constantes (CD's) e variáveis (VD's) do gene *ompA*. Verificou-se a identidade plena desta cadeia nucleotídica com o isolado 08DC60 e, quando comparada com a estirpe MN Zhang, a diferença se resumiu a um nucleotídeo na posição 333. Quando se avalia todas as alterações nucleotídicas entre as diferentes estirpes, observa-se que a maioria das substituições (12/15) ocorreu nos domínios constantes. A literatura disponível cita que os

domínios constantes (CD) são altamente conservados entre as espécies e genótipos e que as grandes variações genéticas ocorrem nos domínios variáveis (VD) do gene *ompA* (Baehr et al., 1988; Zhang et al., 1989; Sayada et al., 1995; Yen et al., 2005).

De fato, se analisarmos a figura 24, que apresenta a sequência de aminoácidos da amostra Cp-UFMG, de outros isolados do genótipo A e dos outros genótipos de *C. psittaci*, verifica-se que a grande maioria das substituições de aminoácidos responsáveis pela caracterização dos genótipos ocorrem nos VD's.

Em nosso estudo não existem elementos suficientes que permitem explicar a maior variação nos domínios constantes entre os isolados do genótipo A, mas considerando que os CD's estão menos expostos na superfície dos corpos elementares, é possível especular que estas alterações são devidas a mecanismos de seleção que dependem em menor escala das interações com os sistemas de defesa do hospedeiro.

Apesar do isolado MN Zhang apresentar uma diferença nucleotídica com a sequência Cp-UFMG, observou-se que esta substituição não se traduziu em diferença de aminoácidos (Figura 24), o que demonstra a alta similaridade da amostra descrita em Minas Gerais com a responsável pelo primeiro grande surto mundial.

O fato de a amostra Cp-UFMG pertencer ao genótipo A e de se associar geneticamente a grupos conhecidamente patogênicos para humanos (MN Zhang e 08DC60) indica que nosso isolado pode causar zoonoses e que medidas de biossegurança são fundamentais no manejo destas aves em cativeiro.

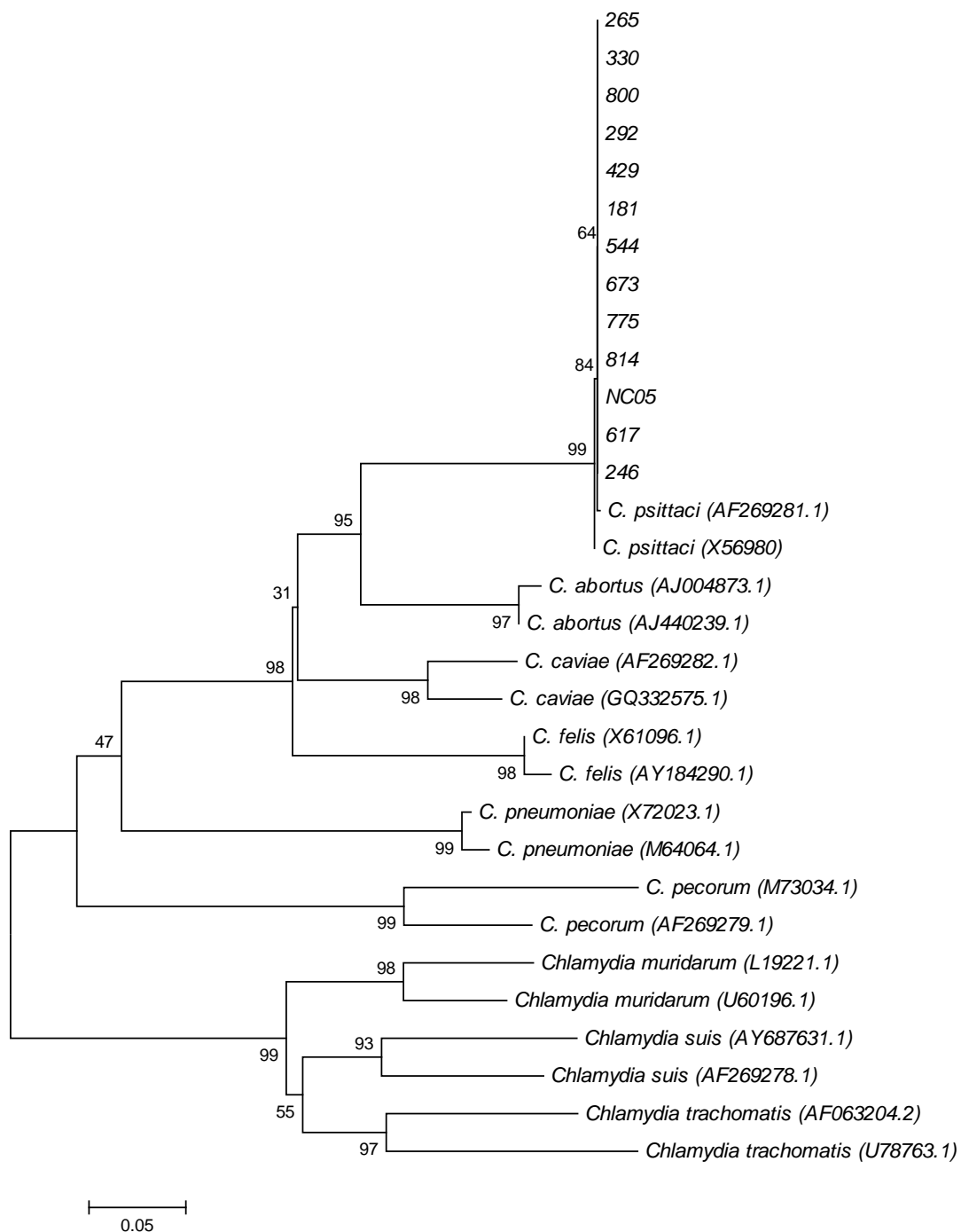


Figura 20 – Árvore filogenética construída para o gene *ompA* a partir das sequências de nucleotídeos obtidas neste estudo e das diferentes espécies de *Chlamydophila sp.* e *Chlamydia spp.* conhecidas. Os valores nos entroncamentos indicam os percentuais de *bootstrap* e o número dentro dos parênteses indica o código de acesso da respectiva sequência no Genbank. A distância genética, em substituições por sítio, é indicada pela barra.

Tabela 5 - Distância genética entre as sequências de nucleotídeos deste estudo e sequências de diferentes espécies de *Chlamydophila sp.* cadastradas no GenBank.

Item	Sequência	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1	265																			
2	330	0,000																		
3	800	0,000	0,000																	
4	292	0,000	0,000	0,000																
5	429	0,000	0,000	0,000	0,000															
6	181	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000														
7	544	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000													
8	673	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000												
9	775	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000											
10	814	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000										
11	NC05	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000									
12	617	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000								
13	246	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000							
14	<i>C. psittaci (AF269281.1)</i>	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002						
15	<i>C. abortus (AJ004873.1)</i>	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196	0,196					
16	<i>C. felis (X61096.1)</i>	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,239	0,238	0,210				
17	<i>C. caviae (AF269282.1)</i>	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,242	0,239	0,207	0,199			
18	<i>C. pneumoniae (X72023.1)</i>	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,349	0,343	0,332	0,342		
19	<i>C. pecorum (M73034.1)</i>	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,454	0,456	0,431	0,382	0,385	0,367	

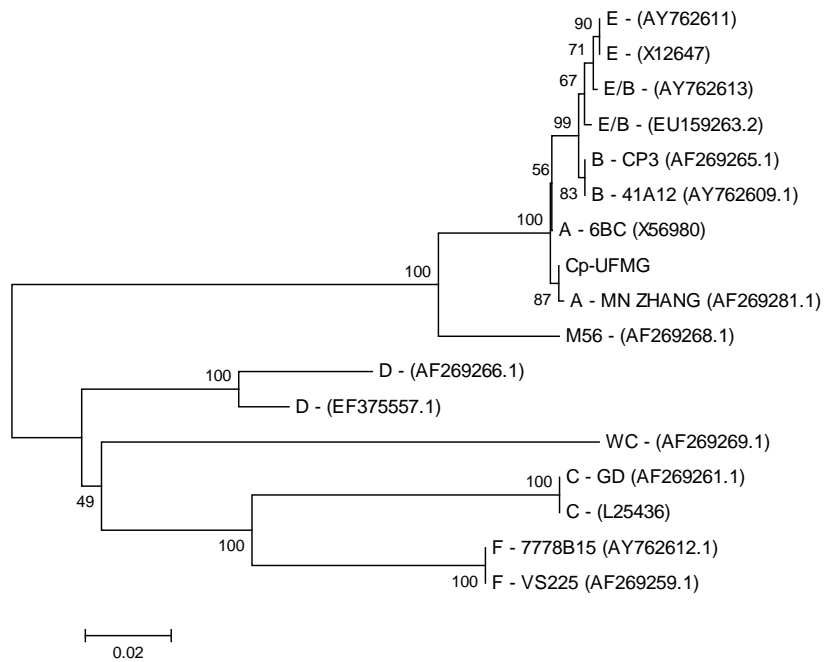


Figura 21 – Árvore filogenética construída para o gene *ompA* a partir da amostra padrão obtida neste estudo e dos diferentes genótipos de *Chlamydomophila* (A-F, E/B, WC e M56). Os valores nos entroncamentos indicam os percentuais de *bootstrap* e o número dentro dos parênteses indica o código de acesso da respectiva amostra no Genbank. A distância genética, em substituições por sítio, é indicada pela barra.

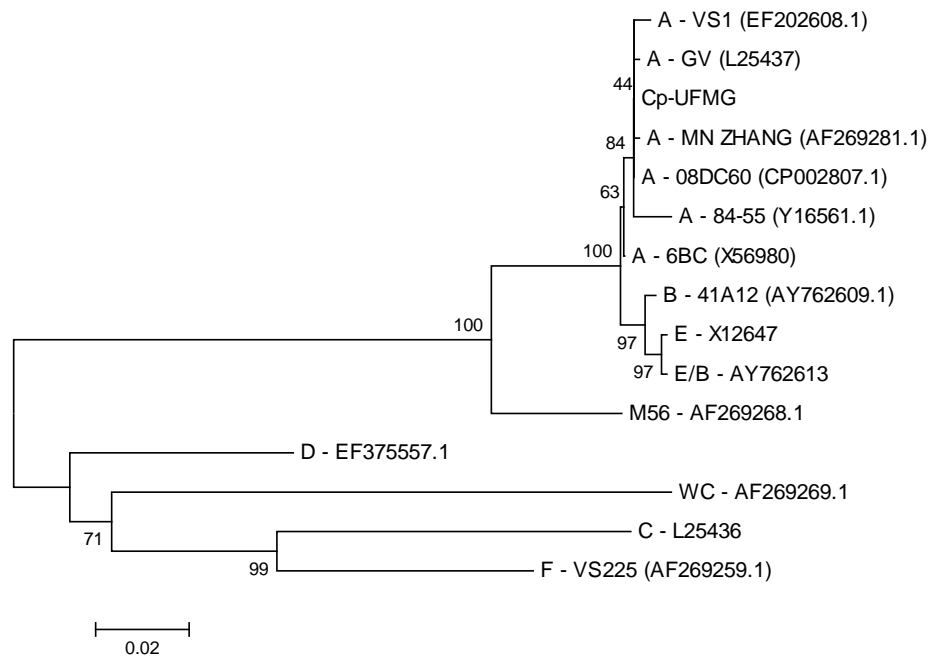


Figura 22 – Árvore filogenética construída para o gene *ompA* a partir da amostra padrão obtida neste estudo e de diferentes isolados de *C. psittaci* pertencentes ao genótipo A. Sequências dos demais genótipos (B-F, E/B, WC e M56) foram inseridas para enraizamento. Os valores nos entroncamentos indicam os percentuais de *bootstrap* e o número dentro dos parênteses indica o código de acesso da respectiva amostra no Genbank. A distância genética, em substituições por sítio, é indicada pela barra.

Tabela 6 - Distância genética entre a sequências de nucleotídeos deste estudo (Cp-UFMG) e sequências de diferentes espécies de *Chlamydophila psittaci* cadastradas no GenBank.

Estirpe	1	2	3	4	5	6
1 Cp-UFMG						
2 A - 08DC60	0,000					
3 A - MN ZHANG	0,001	0,001				
4 A - GV	0,001	0,001	0,002			
5 A - 6BC	0,002	0,002	0,003	0,003		
6 A - VS1	0,003	0,003	0,005	0,005	0,006	
7 A - 84-55	0,008	0,008	0,009	0,009	0,010	0,012

Este é o primeiro relato da classificação genética de amostras de *C. psittaci* no Brasil. Apesar de todas as amostras analisadas pertencerem ao genótipo A, foi observada maior similaridade das nossas amostras com as cepas MN Zhang (Europa) do que com a 6BC (Estados Unidos).

Novos estudos são necessários para determinar se existem outros genótipos ou estirpes de clamidófilas acometendo as diversas espécies de aves do Brasil. Sabe-se que a *C. psittaci* ocorre em psitacídeos brasileiros vivendo em liberdade no ambiente natural (Raso et al., 2006) e em cativeiro, tanto nos criadouros (Raso et al., 2002) quanto em aves recém apreendidas (Raso et al., 2004; Ecco et al., 2009). No entanto pouco se sabe sobre o potencial fluxo gênico e da filogeografia desta bactéria no ambiente de vida livre e em cativeiro. Estas informações são importantes pelo risco de aves silvestres em cativeiro no Brasil estarem sendo infectadas por patógenos importados juntamente com aves exóticas, quando criadas em um mesmo ambiente, ou pelo risco de mortalidade de aves em vida livre pela introdução de bactérias geneticamente distintas no ambiente natural.

Existem fortes evidências de que a clamidiose aviária é uma doença originária da América do Sul e que foi disseminada pelo comércio mundial de psitacídeos no século 19. Novos estudos detalhados da genética e filogenia da *C. psittaci* distribuídas pelos diversos países e no Brasil ajudarão a construir a resposta para esta intrigante questão.

Em síntese, a clamidiose aviária é uma doença importante para psitacídeos em cativeiro. Se considerarmos as condições de manejo a que são submetidos os animais apreendidos e encaminhados para os CETAS verifica-se que o risco de ocorrência de surtos é alto. Faz-se necessário o estabelecimento de quarentena, com realização de exames periódicos

previamente à acomodação dos animais em recintos coletivos ou a destinação para outros locais.

O diagnóstico correto e o adequado tratamento de aves doentes devem ser realizados na maior brevidade possível e rigorosas rotinas de biossegurança devem ser implantadas quando da ocorrência de casos positivos.

As infecções por clamidófilas em humanos causadas pelos psitacídeos são subestimadas em todo o mundo, mesmo nos países onde esta doença é de notificação compulsória (Andersen e Vanrompay, 2003), pois a semelhança dos sinais clínicos da psitacose com os da pneumonia dificultam o correto diagnóstico e tratamento.

O hábito de manter animais silvestres clandestinos em residências, principalmente psitacídeos provenientes do tráfico, além de causar significativos impactos na conservação da biodiversidade brasileira, oferece sérios riscos a saúde humana e de outros animais.

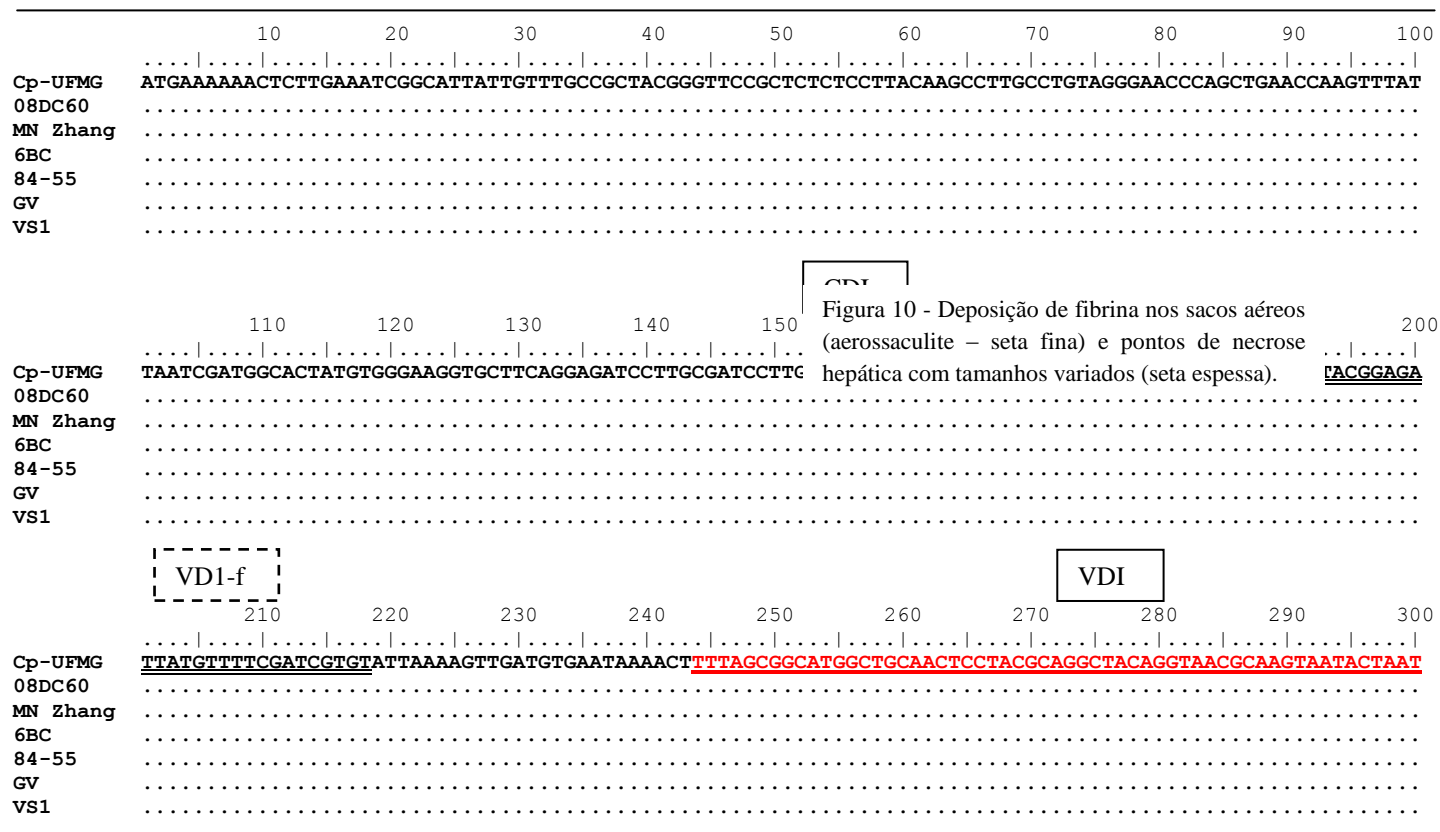


Figura 23 – Comparação entre a sequência de nucleotídeos do gene *ompA* da amostra deste estudo (Cp-UFMG) com sequências de isolados diferentes do genótipo A (08DC60, MN Zhang, 6BC, 84-55, GV e VS1) de *C. psittaci*. CDI-CDV=domínios constantes; VDI-VDIV=domínios variáveis; VD1-f: localização do oligonucleotídeo na sequência. Pontos indicam identidade nucleotídica com Cp-UFMG.

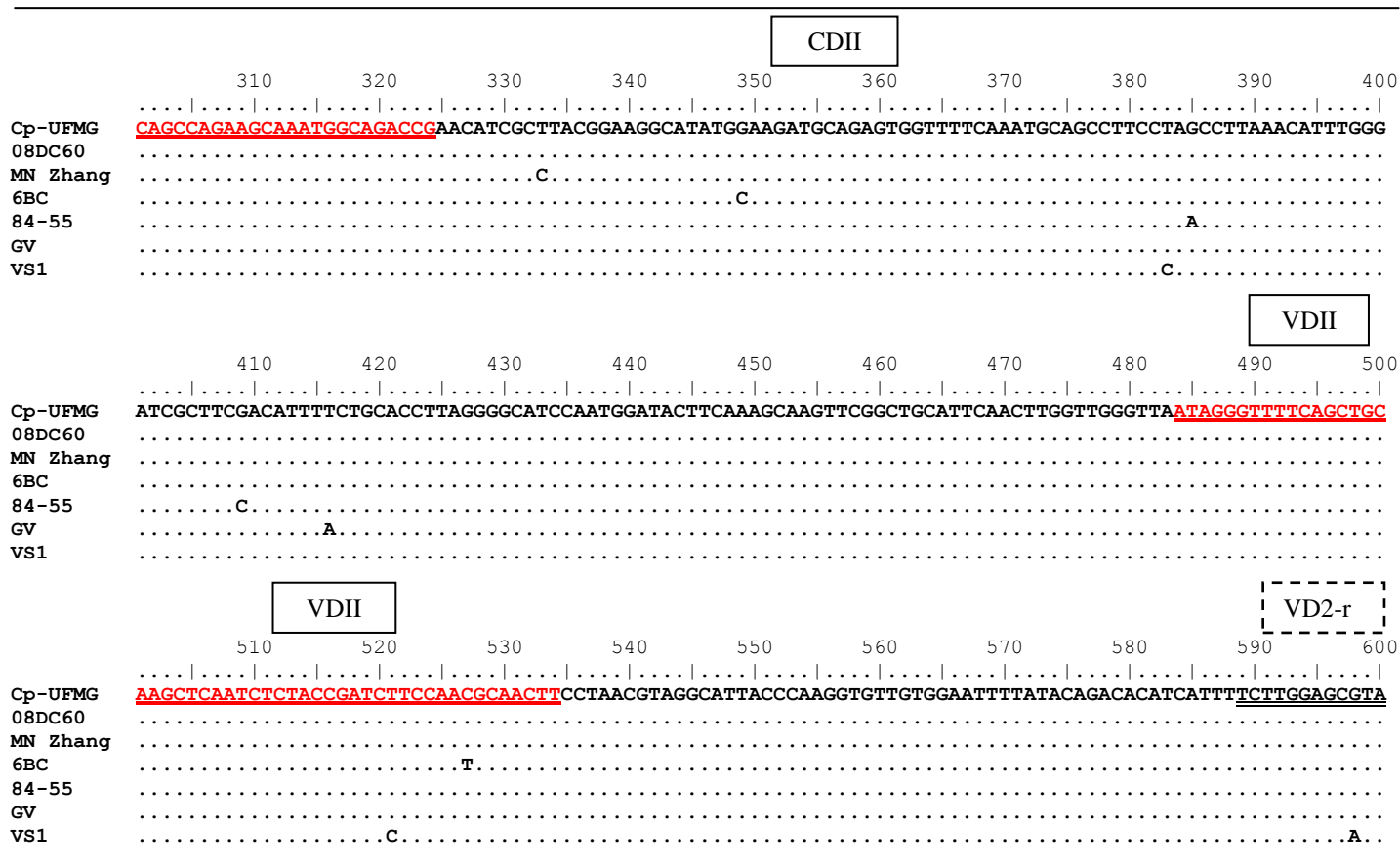


Figura 23 – Comparação entre a sequência de nucleotídeos do gene *ompA* da amostra deste estudo (Cp-UFGM) com sequências de isolados diferentes do genótipo A (08DC60, MN Zhang, 6BC, 84-55, GV e VS1) de *C. psittaci*. CDI-CDV=domínios constantes; VDI-VDIV=domínios variáveis; VD2-r: localização do oligonucleotídeo na sequência. Pontos indicam identidade nucleotídica com Cp-UFGM. Continuação...



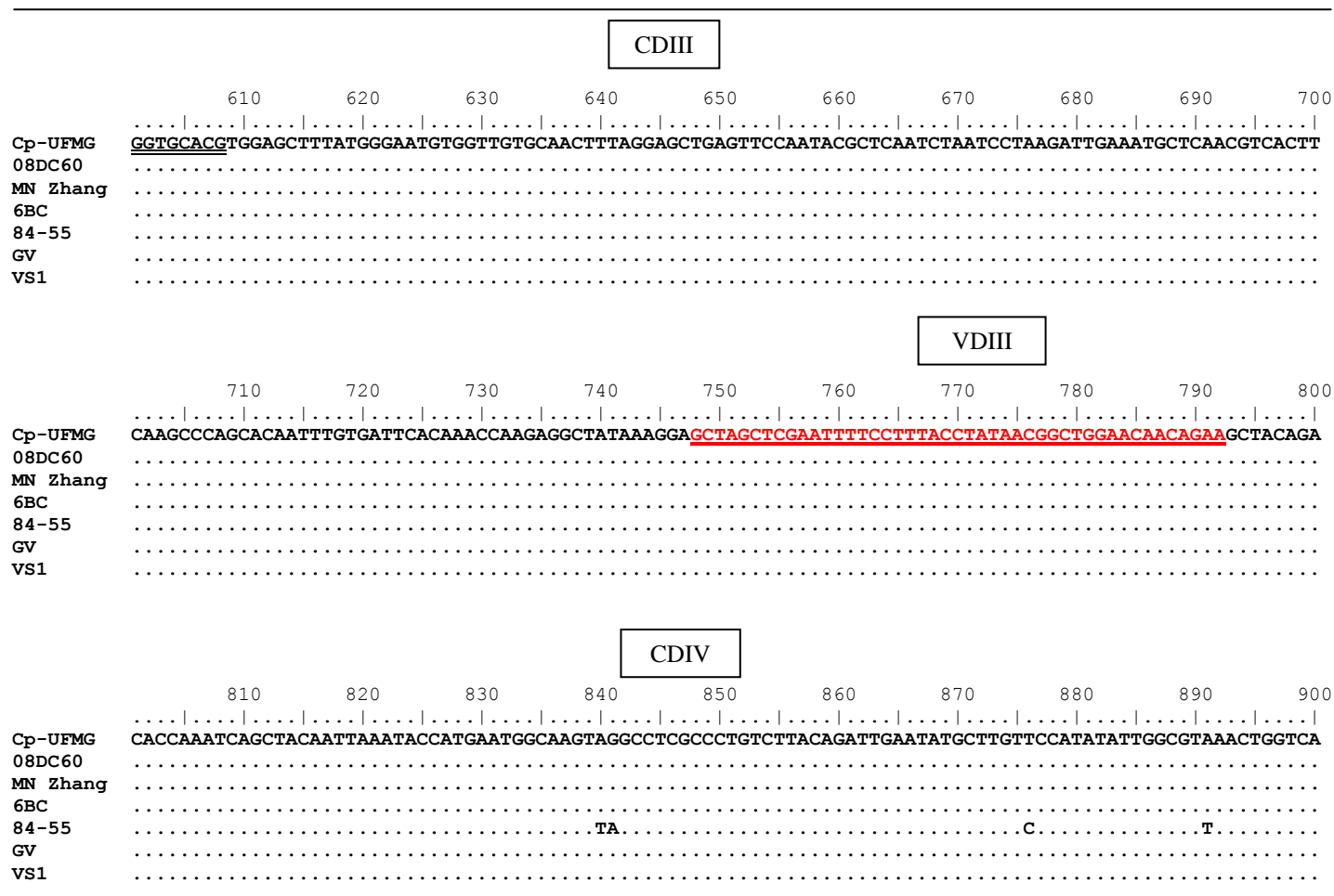


Figura 23 – Comparação entre a sequência de nucleotídeos do gene *ompA* da amostra deste estudo (Cp-UFGM) com sequências de isolados diferentes do genótipo A (08DC60, MN Zhang, 6BC, 84-55, GV e VS1) de *C. psittaci*. CDI-CDV=domínios constantes; VDI-VDIV=domínios variáveis. Pontos indicam identidade nucleotídica com Cp-UFGM. Continuação...

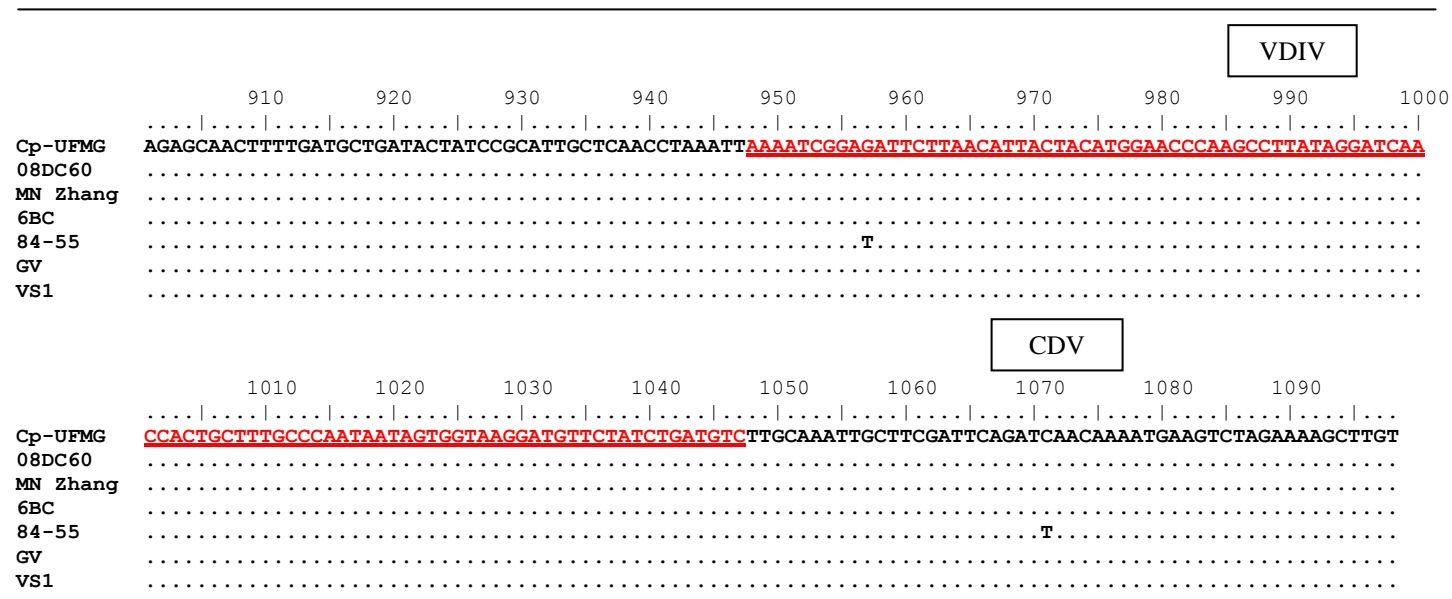


Figura 23 – Comparação entre a sequência de nucleotídeos do gene *ompA* da amostra deste estudo (Cp-UFMG) com sequências de isolados diferentes do genótipo A (08DC60, MN Zhang, 6BC, 84-55, GV e VS1) de *C. psittaci*. CDI-CDV=domínios constantes; VDI-VDIV=domínios variáveis. Pontos indicam identidade nucleotídica com Cp-UFMG. Continuação...

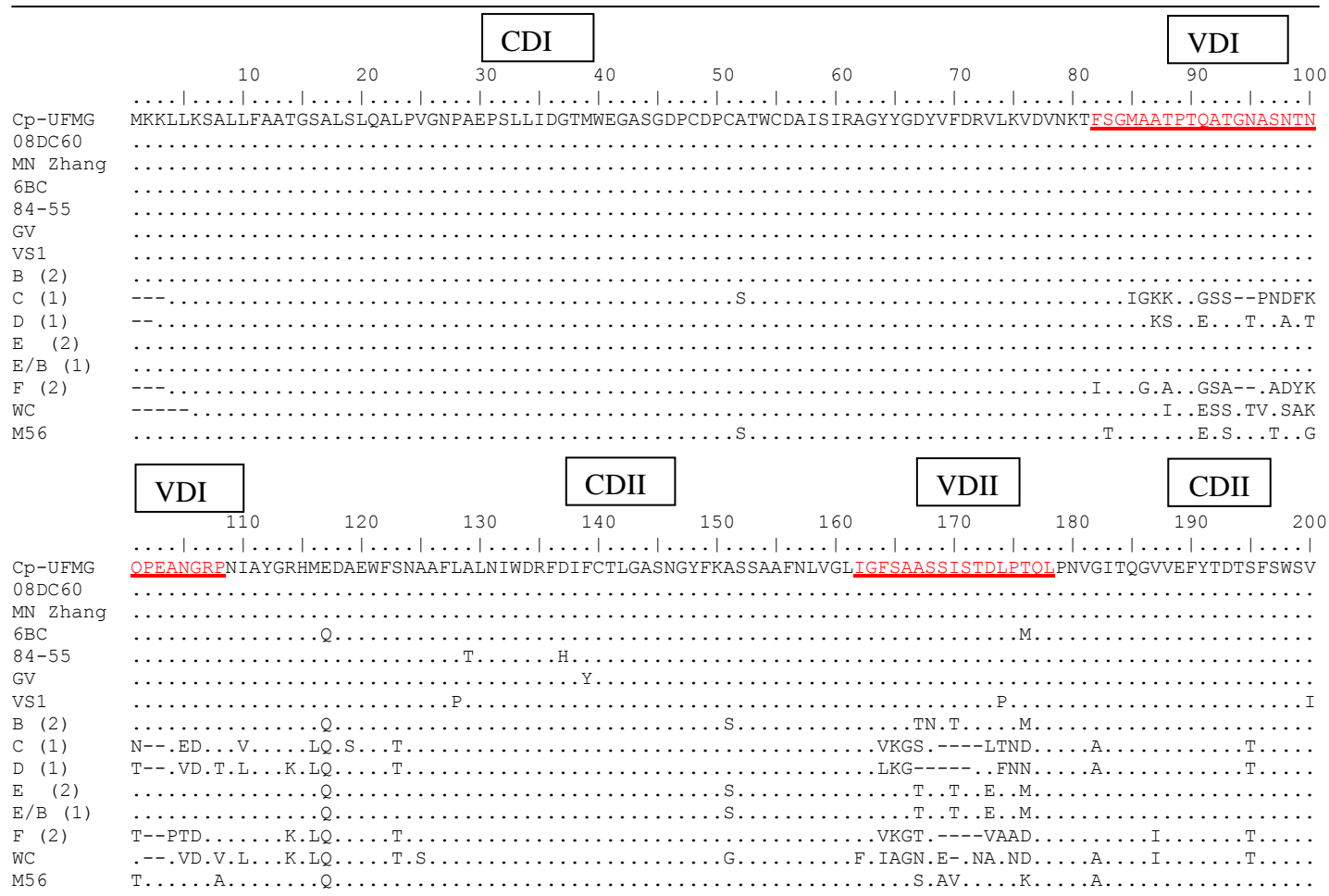


Figura 24 – Comparação entre a sequência de aminoácidos do gene *ompA* da amostra (Cp-UFMG) com sequências de isolados diferentes do genótipo A (08DC60, MN Zhang, 6BC, 84-55, GV e VS1) e dos demais genótipos conhecidos de *C. psittaci*. CDI-CDV=domínios constantes; VDI-VDIV=domínios variáveis. Pontos indicam identidade de aminoácidos com Cp-UFMG.

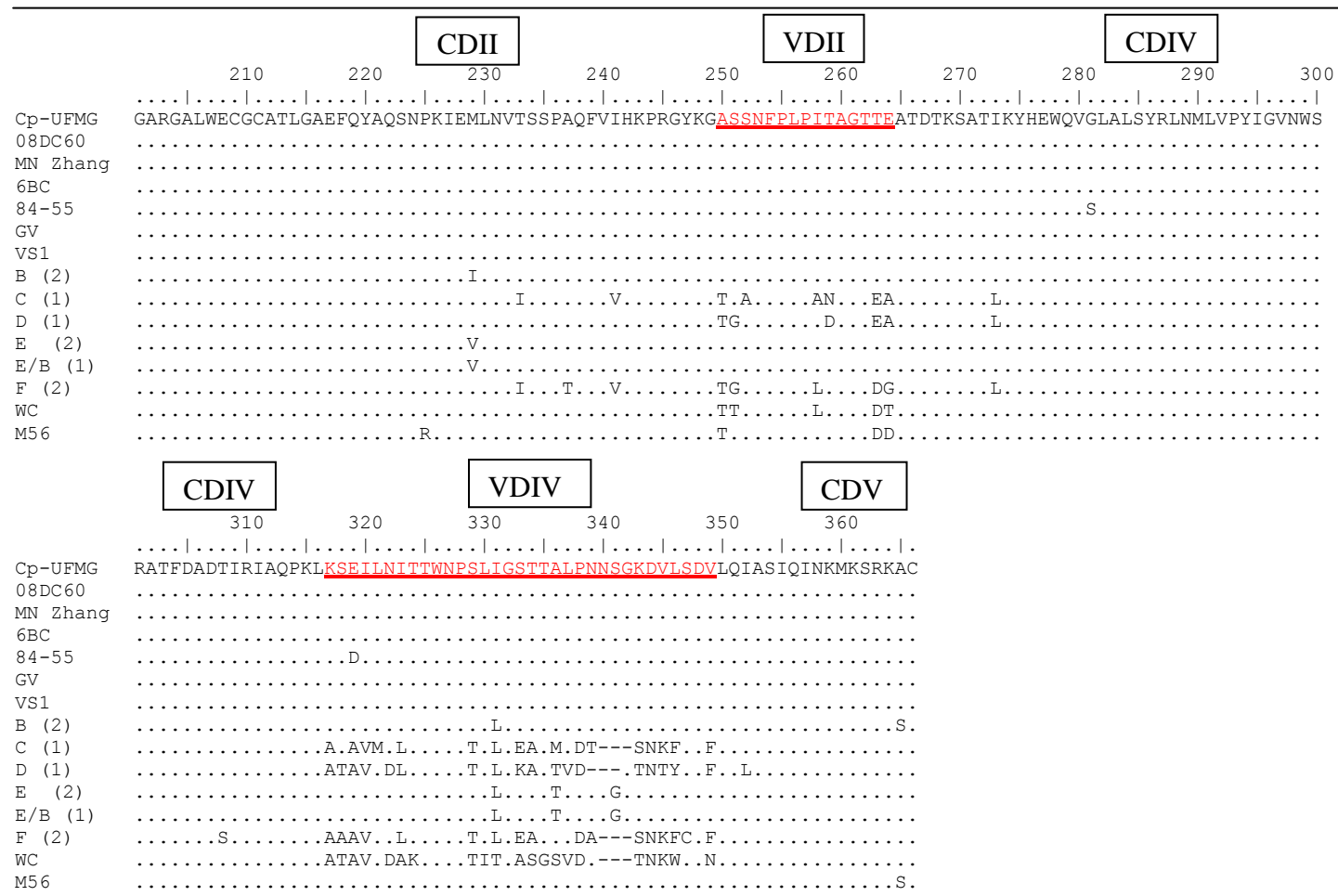


Figura 24 – Comparação entre a sequência de aminoácidos do gene *ompA* da amostra (Cp-UFGM) com sequências de isolados diferentes do genótipo A (08DC60, MN Zhang, 6BC, 84-55 e VS1) e dos demais genótipos conhecidos de *C. psittaci*. CDI-CDV=domínios constantes; VDI-VDIV. Pontos indicam identidade de aminoácidos com Cp-UFGM. Continuação...

## 6 – CONCLUSÕES

A detecção de *C. psittaci* em amostras de tecido hepático, os sinais clínicos e as alterações anatomopatológicas visualizadas permitem sugerir fortemente que a clamidiose aviária contribuiu para os óbitos de *Amazona aestiva* ocorridos no centro de triagem de animais silvestres do IBAMA em Belo Horizonte, durante o período deste estudo.

O genótipo A foi o que infectou parte das aves que morreram no período. Novos estudos em diferentes espécies de aves e em diferentes locais são necessários para verificar se existem outros genótipos ou estirpes desta bactéria no Brasil e quais suas respectivas importâncias na epidemiologia desta doença.

O isolado identificado no CETAS/BH apresenta alta similaridade com clamidófilas comprovadamente patogênicas para aves e humanos, o que reforça a necessidade da adoção de protocolos sanitários e de biossegurança mais rigorosos a fim de preservar a integridade da saúde animal e humana.

São necessários procedimentos de quarentena mais rigorosos, com realização de exames de saúde periódicos, para prevenir a ocorrência de enfermidades e óbitos, como os causados pela *C. psittaci*. Estes resultados evidenciam a presença de pelo menos um agente infeccioso em animais silvestres em triagem. Considerando que a principal destinação dos animais recebidos pelos CETAS do Brasil é a devolução ao ambiente natural, ressalta-se a necessidade de adoção de protocolos de avaliação sanitária pré-soltura a fim de minimizar os riscos de introdução de agentes causadores de doenças juntamente com os animais liberados.

## 7 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALTSCHUL, S. F.; MADDEN, T. L.; HAFFER, A. A. et al. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucl. Acids Res.*, v. 48, p. 984-987, 1997.
- ANDERSEN, A.A. Chlamydiosis. In: SWAYNE, D. E. *A laboratory manual for the isolation and identification of avian pathogens*. 4.ed. Iowa:Kendall/Hunt Publishing, 1998. p. 34-40.
- ANDERSEN, A. A. Serotyping of US isolates of *Chlamydophila psittaci* from domestic and wild birds. *J. Vet. Diagn. Invest.*, v. 17, p. 479-482, 2005.
- ANDERSEN, A. A.; VANROMPAY, D. Avian chlamydiosis (psittacosis, ornithosis). In: SAIF, Y. M. et al. (Ed). *Diseases of poultry*. 11 ed. Ames: Iowa State University Press, 2003. p. 863-879.
- ANDERSEN, A. A.; FRANSON, J. C. Avian Chlamydiosis. In: THOMAS N. J.; HUNTER D. B.; ATKINSON C. T. (Ed.). *Infect. Dis. Wild Birds*. Oxford: Blackwell Publishing, 2007. Cap. 15, p. 303-316.
- ARAÚJO, A. V. *Doença do bico e das penas: avaliação em psitacídeos nativos apreendidos em Minas Gerais*. 2011. 56p. (Mestrado em Ciência Animal). Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, UFMG, Brasil.
- BAEHR, W.; ZHANG, Y.; JOSEPH, T. et al. Mapping antigenic domains expressed by *Chlamydia trachomatis* major outer membrane protein genes. *Proc. Nat. Acad. Sci.*, v. 85, p. 4000-4004, 1988.
- BATTEIGER, B. E. The major outer membrane protein of a single *Chlamydia trachomatis* can possess more than one serovar-specific epitope. *Infect. Immun.*, v. 64, p. 542-547, 1996.
- BEDSON, S. P.; WESTERN, G. T.; SIMPSON, S. L. Further observations on the aetiology of psittacosis. *The Lancet*, v. 215, p. 345-346, 1930.
- BEECKMAN, D. S. A.; VANROMPAY, D. C. G. Zoonotic *Chlamydophila psittaci* infections from a clinical perspective. *Clin. Microbiol. Infect.*, v. 15, p. 11-17, 2009.
- BILLINGTON, S. Clinical and zoonotic aspects of psittacosis. *In Pract.*, v. 27, p. 256-263, 2005.
- BRAND, C. J. Chlamydial infections in free-living birds. *J. Am. Vet. Med. Assoc.*, v. 195, p. 1531-1535, 1989.
- BURNET, F. M. Psittacosis in Australian parrots. *Med. J. Aust.*, v. 2, p. 743-746, 1934.
- BUSH R. M; EVERETT K. D. Molecular evolution of the Chlamydiaceae. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, v. 51, p. 203-220, 2001.
- CABANA, E. M. *Veterinary necropsy procedures*. Science City of Muñoz: CLSU Alumni Association, 2008. 47p.

- CARTER, M. W.; AL-MAHDAWI, S. A.; GILES, I. G. et al. Nucleotide sequence and taxonomic value of the major outer membrane protein gene of *Chlamydia pneumoniae* IOL-207. *J. Gen. Microbiol.*, v. 137, n.3, p.465-475, 1991.
- CARVALHO, P. P. *Alterações patológicas encontradas em psitacídeos mortos em cativeiro de janeiro de 1994 a dezembro de 2002 no estado do Paraná*. 2004. 43f. Dissertação (Mestrado em Ciências Veterinárias) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- CAXITO, F. A.; COELHO, F. M.; OLIVEIRA, M. E.; RESENDE, M. Feline immunodeficiency virus subtype B in domestic cats in Minas Gerais, Brazil. *Vet. Res. Commun.*, v. 30, n. 8, p. 953-956, 2006.
- CELEBI, B. S.; SEYYAL, A. K. A comparative study of detecting *Chlamydophila psittaci* in pet birds using isolation in embryonated egg and polymerase chain reaction. *Avian Dis.*, v. 50, p. 489-493, 2006.
- CHAHOTA, R.; OGAWA, H.; MITSUHASHI, Y. et al. Genetic diversity and epizootiology of *Chlamydophila psittaci* prevalent among the captive and feral avian species based on VD2 region of *ompA* gene. *Microbiol. Immunol.*, v. 50, n. 9, p. 663-678, 2006.
- DEAN, D.; MILLMAN, K. Molecular and mutation trends analyses of *omp1* alleles for serovar E of *Chlamydia trachomatis*. Implications for the immunopathogenesis of disease. *J. Clin. Invest.*, v. 99, n.3, p. 475-483, 1997.
- DEEM, S. L.; RIVERA-PARRA, J. L.; PARKER, P. G. Health evaluation of Galapagos Hawks (*Buteo galapagoensis*) on Santiago Island, Galapagos. *J. Wildl. Dis.* v. 48, n. 1, p. 39-46, 2012.
- DI FRANCESCO, A.; DONATI, M.; CARELLE, M. S. et al. Molecular characterisation of a *Chlamydophila felis* isolate from a cat in Italy. *Vet. Rec.* v. 2004.
- DRUMMOND, G. M.; MARTINS, C. S.; MACHADO, A. B. M. et al. *Biodiversidade em Minas Gerais: um atlas para sua conservação*. 2.ed. Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas, 2005. 222p.
- DUIZER, G.; BOWEN, G.; HUTCHISON, T. W. S. Avian chlamydiophilosis in a Manitoba farmed pigeon flock. *Can. Vet. J.*, v. 51, p. 605, 2010.
- ECCO, R.; PREIS, I. S.; MARTINS, N. R. S. et al. An outbreak of chlamydiosis in captive psittacines. *Braz. J. Vet. Pathol.*, v. 2, n. 2, p. 85-90, 2009.
- ELDER, J.; BROWN, C. Review of techniques for the diagnosis of *Chlamydia psittaci* infection in psittacine birds. *J. Vet. Diagn. Invest.*, v. 11, p. 539-541, 1999.
- EVERETT, K. D.; ANDERSEN, A. A.; PLAUNT, M. et al. Cloning and sequence analysis of the major outer membrane protein gene of *Chlamydia psittaci* 6BC. *Infect. Immun.*, v. 59, n. 8, p. 2853-2855, 1991.
- EVERETT, K. D.; BUSH, R. M.; ANDERSEN, A. A. Emended description of the order Chlamydiales, proposal of Parachlamydiaceae fam. nov. and Simkaniaceae fam. nov., each containing one monotypic genus, revised taxonomy of the family Chlamydiaceae, including a new genus and five new species, and standards for the identification of organisms. *Int. J. System. Bacteriol.*, v. 49, n. 2, p. 415-440, 1999.
- FAN, T.; LU, H.; HU, H. et al. Inhibition of apoptosis in chlamydia-infected cells: blockade of mitochondrial cytochrome c release and caspase activation. *J. Exper. Med.*, v. 187, p. 487-496, 1998.
- FENGA, C.; CACCIOLA, A.; DI NOLA, C. et al. Serologic investigation of the prevalence of *Chlamydophila psittaci* in occupationally-exposed subjects in eastern Sicily. *Ann. Agric. Environ. Med.*, v. 14, n. 1, p. 93-96, 2007.
- FISCHER, S. F.; VIER, J.; KIRSCHNEK, S. et al. Chlamydia inhibit host cell apoptosis by degradation of pro-apoptotic BH3-only proteins. *J. Exper. Med.*, v. 200, p. 905-916, 2004.
- FUDGE, A. M. Avian chlamydioses. In: ROSSKOPF, W. J.; WOERPEL, R. W. (ed.). *Diseases of cage and aviary birds*. 3. ed. Malvern: Willians and Wilkins, 1996. p. 572-585.
- GAEDE, W.; RECKLING, K. F.; SCHLIEPHAKE, A. et al. *Chlamydophila caviae* and *Streptococcus equi* subsp. *zoepidemicus* in horses with signs of rhinitis and conjunctivitis. *Vet. Microbiol.*, v. 142, n. 3-4, p. 440-444, 2010.
- GEENS, T.; DEWITTE, A.; BONN, N.; VANROMPAY, D. Development of a *Chlamydophila psittaci* species-specific and genotype-specific real-time PCR. *Vet. Res.*, v. 36, p. 787-797, 2005.

- GERLACH, H. Chlamydia. In: RITCHIE, B. W.; HARRISON, G. J.; HARRISON, L. R. *Avian medicine: principles and applications*. Florida: Wingers Publishing, 1994. p. 984-996.
- GIRJES, A. A.; CARRICK, F. N.; LAVIN, M. F. Remarkable sequence relatedness in the DNA encoding the major outer membrane protein of *Chlamydia psittaci* (koala type I) and *Chlamydia pneumoniae*. *Gene*, v. 138, n.1-2, p. 139-142, p. 1994.
- GODOY, S. N. *Patologia comparada de psitacídeos mantidos em cativeiro no Estado de São Paulo*. 2001. 214 p. Dissertação (Mestrado Patologia Experimental e Comparada) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo.
- GOMES, A. M.; COSTA, L. L.; VILELA, D. A. R. et al. Detection of *Mycoplasma gallisepticum* in dead captive psittacines in Belo Horizonte, Brazil. *Rev. Bras. Ciênc. Avícola*, v. 12, n. 2, p. 75-78, 2010.
- GRAHAM, D. L. Histopathologic lesions associated with chlamydiosis in psittacines birds. *J. Am. Vet. Med. Assoc.*, v. 195, p. 1571-1579, 1989.
- GULLAND, G. L. A note on psittacosis: with reports of two related cases. *Brit. Med. Assoc. J.*, v. 2, p. 309-309, 1924.
- GUZMAN, D. S.; DIAZ-FIGUEROA, O.; TULLY, T. J. et al. Evaluating 21-day doxycycline and azithromycin treatments for experimental *Chlamydia psittaci* infection in cockatiels (*Nymphicus hollandicus*). *J. Avian Med. Surg.*, v. 24, n. 1, p. 35-45, 2010.
- HAAGEN, E.; MAUER, G. Die Psittakose in Deutschland. *Zentralbl. Bakteriol. (Orig. A)*, v. 143, p. 81-82, 1938.
- HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Ac. Symp. Series*, v. 41, p. 95-98, 1999.
- HARKINEZHAD, T.; VERMINNEM, K.; VAN DROOGENBROECK, C. *Chlamydia psittaci* genotype E/B transmission from african grey parrot to humans. *J. Med. Microbiol.* v. 56, p. 1097-1100, 2007.
- HARKINEZHAD, T.; VERMINNEN, K.; DE BUYZERE, M. et al. Prevalence of *Chlamydia psittaci* infections in a human population in contact with domestic and companion birds. *J. Med. Microbiol.*, v. 58, n. 9, p. 1207-1212, 2009.
- HEDEDEMA, E. R.; VAN HANNEN, E.J.; DUM, B. An outbreak of psittacosis due to *Chlamydia psittaci* genotype A in a veterinary teaching hospital. *J. Med. Microbiol.*, v. 55, p. 1571-1575, 2006.
- HENGARTNER, M. O. The biochemistry of apoptosis. *Nature*, v. 407, p. 770-776, 2000.
- HERRMANN, B.; PERSSON, H.; JENSEN, J. K. et al. *Chlamydia psittaci* in fulmars in the Faroe Islands. *Emerg. Infect. Dis.*, v. 12, n. 2, p. 330-332, 2006.
- HEWINSON, R. G.; RANKIN, S. E. S.; BEVAN, B. J. et al. Detection of *Chlamydia psittaci* from avian field samples using the PCR. *Vet. Rec.*, v. 128, p. 129-130, 1991.
- HIDASI, H. W. *Detecção de enterobacteriaceae e Chlamydia sp. em psitacídeos provenientes do centro de triagem de animais silvestres de Goiás*. 2010. 55f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.
- HOELZLE, L. E.; HOELZLE, K.; WITTENBRINK, M. M. Expression of the major outer membrane protein (MOMP) of *Chlamydia abortus*, *Chlamydia pecorum*, and *Chlamydia suis* in *Escherichia coli* using an arabinose-inducible plasmid vector. *J. Vet. Med. B Infect. Dis. Vet. Public Health*, v. 50, n. 8, p. 383-389, 2003.
- HOELZLE, L. E.; STEINHAUSEN, G.; WITTENBRINK, M. M. PCR-based detection of chlamydial infection in swine and subsequent PCR-coupled genotyping of chlamydial omp1-gene amplicons by DNA-hybridization, RFLP-analysis, and nucleotide sequence analysis. *Epidemiol. Infect.*, v. 125, n.2, p. 427-439, 2000.
- HOGAN, R. J.; MATHEWS, S. A.; MUKHOPADHYAY, S. et al. Chlamydial persistence: beyond the biphasic paradigm. *Infect. Immun.*, v. 72, n. 4, p. 1843-1855, 2004.
- HUGHES, C.; MAHARG, P.; ROSARIO, P. et al. Possible nosocomial transmission of psittacosis. *Infect. Control. Hosp. Epidemiol.*, v. 18, p. 165-168, 1997.
- KALETA, E. F.; TADAY, E. M. Avian host range of *Chlamydia spp.* based on isolation, antigen detection and serology. *Avian Pathol.*, v. 32, n. 5, p. 435-461, 2003.
- KALTENBOECK, B.; KOUSOULAS, K.G.; STORZ, J. Detection and strain differentiation of *Chlamydia psittaci* mediated by a two-step

- polymerase chain reaction. *J. Clin. Microbiol.*, v. 29, n. 9, p. 1969-1975, 1991.
- KALTENBOECK, B.; KOUSOULAS, K.G.; STORZ, J. Structures of and allelic diversity and relationships among the major outer membrane protein (*ompA*) genes of the four chlamydial species. *J. Bacteriol.*, v.175, n. 2, p. 487-502, 1993.
- LAROUCAU, K.; THIERRY, S.; VORIMORE, F. et al. High resolution typing of *Chlamydomphila psittaci* by multilocus VNTR analysis (MLVA). *Infect. Genet. Evol.*, v. 8, p. 171-181, 2008.
- LEMUS, J. A.; FARGALLO, J. A.; VERGARA, P. et al. Natural cross chlamydial infection between livestock and free-living bird species. *PLOS One*, v. 5, n. 10, p. 13512, 2010.
- LIMA, V. Y.; LANGONI, H.; SILVA, A. V. et al. *Chlamydomphila psittaci* and *Toxoplasma gondii* infection in pigeons (*Columba livia*) from São Paulo State, Brazil. *Vet. Parasitol.*, v. 175, n. 1-2, p. 9-14, 2011.
- LONGBOTTOM, D.; COULTER, L. J. Animal chlamydioses and zoonotic implications. *J. Comp. Pathol.*, v. 128, p. 217-244, 2003.
- LUNA, L. G. *Manual of histologic staining methods of the armed forces Institute of pathology*. 3 ed. New York:McGraw-Hill, 1968. 260p.
- LUPPI, M. M.; LUIZ, A. P. M. F. ; COELHO, F. M. et al. Identification and isolation of psittacid herpesvirus from psittacids in Brazil. *Vet. Microbiol.* v. 154, p. 69-77, 2011.
- MAGNINO, S.; HAAG-WACKERNAGEL, D.; GEIGENFEIND, I. et al. Chlamydial infections in feral pigeons in Europe: Review of data and focus on public health implications. *Vet. Microbiol.*, v. 135, p. 54-67, 2009.
- MATSUI, T.; NAKASHIMA, K.; OHYAMA, T. et al. An outbreak os psittacosis in a bird park in japan. *Epidemiol. Infect.*, v. 135, p. 1-4, 2007.
- MATSUMOTO, A. Electron microscopic observations of surface projections on *Chlamydia psittaci* reticulate bodies. *J. Bacteriol.*, v. 150, p. 358-364,1982.
- MEYER, K. F.; EDDIE, B. Latent psittacosis infections in shell parakeets. *Proc. Soc. Exper. Biol. Med.*, v. 83, p. 99-101, 1932.
- MEYER, K. F.; EDDIE, B. Psittacosis in native Australian budgerigars. *Proc. Soc. Exp. Biol.*, v. 3, p. 917-920, 1934.
- MIRANDE, L. A.; HOWERTH, E. W.; POSTON, R. P. Chlamydiosis in a red-tailed hawk (*Buteo jamaicensis*). *J. Wildl. Dis.*, v. 28, p. 284-287, 1992.
- MITCHELL, S. L.; WOLFF, B. J.; THACKER, W. L. et al. Genotyping of *Chlamydomphila psittaci* by real-time PCR and high-resolution melt analysis. *J. Clin. Microbiol.*, v. 47, n. 1, p. 175-181, 2009.
- MOHAN, R. Epidemiologic and laboratory observations of *Chlamydia psittaci* in pet birds. *J. Am. Vet. Med. Assoc.*, v. 184, n. 11, p. 1372-1374, 1984.
- MONSALVE, S.; MIRANDA, J.; MATTAR, S. Primera evidencia de circulación de *Chlamydomphila psittaci* en Colombia: posible riesgo de salud pública. *Rev. salud pública*. v. 13, n. 2, p. 314-326, 2011.
- MORONEY, J. F.; GUEVARA, R.; IVERSON, C. et al. Detection of chlamydiosis in a shipment of pet birds, leading to recognition of na outbreak of clinically mild psittacosis in humans. *Clin. Infect. Dis.*, v. 26, p. 1425-1429, 1998.
- MOULDER, J. W. The relation of the psittacosis group (Chlamydiae) to bacteria and virus. *Annual Review of Microbiology*, v. 20, p. 107-130, 1966.
- NEWMAN, C. P.; PALMER, S. R.; KIRBY, F. D. et al. A prolonged outbreak of ornithosis in duck processors. *Epidemiol. Infect.*, v. 108, p. 203-210, 1992.
- NCBI - National Center for Biotechnology Information. Disponível em: <[http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/457205?report=genbank&log\\$=nucltop&blast\\_rank=1&RID=EM9D3PX301R](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/457205?report=genbank&log$=nucltop&blast_rank=1&RID=EM9D3PX301R)> Acesso em janeiro de 2012.
- OIE-Office International des Epizooties. Manual of diagnostic tests and vaccines for terrestrial animals. 6 ed. Paris. 2008. Disponível em <http://www.oie.int/manual-of-diagnostic-tests-and-vaccines-for-terrestrial-animals/> Acesso em março 2012.
- PADILLA, L. R.; SANTIAGO-ALARCON, D.; MERKEL, J. et al. Survey for *Haemoproteus spp.*, *Trichomonas gallinae*, *Chlamydomphila psittaci*, and *Salmonella spp.* in Galapagos



- Islands Columbiformes. *J. Zoo Wildl. Med.*, v. 35, n. 1, p. 60-64, 2004.
- PANNEKOEK, Y.; DICKX, V.; BEECKMAN, D. S. et al. Multi locus sequence typing of *Chlamydia* reveals an association between *Chlamydia psittaci* genotypes and host species. *PLOS One*, v. 5, n.12, p. e14179, 2010.
- PICKETT, M. A.; EVERSON, J. S.; CLARKE, I. N. *Chlamydia psittaci* ewe abortion agent: complete nucleotide sequence of the major outer membrane protein gene. *FEMS Microbiol. Letters*, v. 55, n. 2, p. 229-234, 1988.
- PINKERTON, H.; SWANK, R. L. Recovery of virus morphologically identical with psittacosis from thiamin-deficient pigeons. *Proc. Soc. Exp. Biol. Med.*, v. 45, p. 704-706, 1940.
- POLLMANN, M.; NORDHOFF, M.; POSPISCHIL, A. Effects of a probiotic strain of *Enterococcus faecium* on the rate of natural chlamydia infection in swine. *Infect. Immun.*, v. 73, n. 7, p. 4346-4353, 2005.
- POSPISCHIL, A; BOREL, N; ANDERSEN, A.A. (Ed). Chlamydia. In: Gyles, C. L.; Prescott, J. F.; Songer, J.G. et al. *Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals*, 4. ed. Ames: Blackwell Publishing, 2010. p. 575-588.
- RASMUSSEN, S.; TIMMS, P. Detection of *Chlamydia psittaci* using DNA probes and the polymerase chain reaction. *FEMS Microbiol. Letters*, v. 77, p. 169-173, 1991.
- RASO, T. F.; BERCHIERI JUNIOR, A.; PINTO, A. A. Evidence of *Chlamydophila psittaci* infection in captive amazon parrot in Brazil. *J. Zoo Wildl. Med.*, v. 33, p. 118-121, 2002.
- RASO, T. F.; GODOY, S. N.; MILANELO, L. et al. An outbreak of Chlamydiosis in captive blue-fronted Amazon parrots (*Amazona aestiva*) in Brazil. *J. Zoo and Wildl. Med.*, v. 35, n. 1, p. 94-96, 2004.
- RASO, T. F.; SEIXAS, G. H. F.; GUEDES, N. M. R. et al. *Chlamydophila psittaci* in free-living Blue-fronted Amazon parrots (*Amazona aestiva*) and Hyacinth macaws (*Anodorhynchus hyacinthinus*) in the Pantanal of Mato Grosso de Sul, Brazil. *Vet. Microbiol.*, v. 117, p. 235-241, 2006.
- RASO, T. F. (Ed). Clamidiose. In: JUNIOR A. B. et al. *Doenças das aves* 2. ed. Campinas: Fundação Apinco de Ciência e Tecnologia – Facta, 2009a. 1104p.
- RASO, T. F.; CARRASCO, A. O. T.; SILVA, J. C. R. et al. Seroprevalence of antibodies to *Chlamydophila psittaci* in zoo workers in Brazil. *Zoon. Pub. Health*, v. 15, p. 1-6, 2009b.
- RIVERS, T. M.; BERRY, G. P.; SPRUNT, D.H. Psittacosis: I. Experimentally induced infection in parrots. *J. Exper. Med.*, v. 54, n. 1, p. 91-103, 1931.
- ROSENTHAL, A.; COUTELLE, O.; CRAXTON, M. Large-scale production of DNA sequencing templates by microtitre format PCR. *Nucl. Ac. Res.*, v. 21, p. 173-174, 1993.
- SACHSE, K.; LAROCAU, K.; VORIMORE, F. et al. DNA microarray genotyping of *Chlamydophila psittaci* strains from culture and clinical samples. *Vet. Microbiol.*, v. 135, p. 22-30, 2009b.
- SACHSE, K.; KUEHLEWIND, S. B.; RUETTGER, A. A. et al. More than classical *Chlamydia psittaci* in urban pigeons. *Vet. Microbiol.*, 2012. Disponível em: <doi:10.1016/j.vetmic.2012.01.002> acesso em 28/02/2012.
- SACHSE, K.; VRETOU, E.; LIVINGSTONE, M. et al. Recent developments in the laboratory diagnosis of chlamydial infections. *Vet. Microbiol.*, v. 135, n. 1-2, p. 2-21, 2009a.
- SANGER, F.; NICKLEN, S.; COULSON, A. R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc. Nat. Acad.Sci. USA*, v. 74, p. 5463-5467, 1997.
- SAREYYUPOGLU, B.; CANTEKIN, Z.; BAS, B. *Chlamydophila psittaci* DNA detection in the faeces of cage birds. *Zoon. Pub. Health*, v. 54, p. 237-42, 2007.
- SAYADA, C.; ANDERSEN, A. A.; STOREY, C. et al. Usefulness of omp1 restriction mapping for avian *Chlamydophila psittaci* isolate differentiation. *Res. Microbiol.*, v. 146, p. 155-165, 1995.
- SCHOFL, G.; VOIGT, A.; LITSCHKE, K. et al. Complete genome sequences of four mammalian isolates of *Chlamydophila psittaci*. *J. Bacteriol.*, v. 193, n. 16, p. 4258-4258, 2011.
- SCHWARTZ, J. C.; FRASER, W. *Chlamydia psittaci* infection in companion birds examined in Florida. *Avian dis.*, v. 26, p. 211-213, 1982.
- SETH-SMITH, H. M.; HARRIS, S. R.; RANCE, R. et al. Genome sequence of the zoonotic pathogen *Chlamydophila psittaci*. *J. Bacteriol.*, v. 193, n. 5, p. 1282-1283, 2011.

- SICK H. *Ornitologia brasileira*. Editora Nova Fronteira: Rio de Janeiro, 1997. 823p.
- SIGRIST, T. *Aves do Brasil: uma visão artística*. São Paulo: Avis brasiliis, 2006. 672p.
- SMITH, K. A.; CAMPBELL, K. K.; MURPHY, C. T. et al. Compendium of measures to control *Chlamydophila psittaci* (formerly *Chlamydia psittaci*) infection among humans (psittacosis) and pet birds. *Journal of the American Veterinary Medical*, 2010. Disponível em: <<http://www.nasphv.org/documentsCompendiaPsittacosis.htm>>. Acesso em: 24/11/2011.
- SPALDING, M. G.; FORRESTER, D. J. Disease monitoring of free-ranging and released wildlife. *J. Zoo Wildlife Med.*, v. 24, n. 3, p. 271-280, 1993.
- STEWARTSON, A. J.; GRAYSON, L. Psittacosis. *Infect. Dis. Clin. North Am.*, v. 24, p. 7-25, 2010.
- STOREY, C.; LUSHER, M.; YATES, P. et al. Evidence for *Chlamydia pneumoniae* of non-human origin. *J. Gen. Microbiol.*, p. 139, n.11, p. 2621-2626, 1993.
- STOTHARD, D. R.; BOGUSLAWSKI, G.; JONES, R. B. Phylogenetic analysis of the *Chlamydia trachomatis* major outermembraneprotein and examination of potential pathogenic determinants. *Infect. Immun.* v. 66, p. 3618-3625, p. 1998.
- SUDLER, C.; HOELZLE, L. E.; CHILLER, I. et al. Molecular characterisation of chlamydial isolates from birds. *Vet. Microbiol.*, v. 98, p. 235-241, 2004.
- SUWA, T.; TOUCHI, A.; HIRAI, K.; ITAKURA, C. Pathological studies on chlamydiosis in parakeets (*Psittacula krameri manillensis*). *Avian Pathol.*, v. 19, p. 355-370, 1990.
- TAKASHIMA, I.; IMAI, Y.; KARIWA, H. et al. Polymerase chain-reaction for the detection of *Chlamydia psittaci* in the feces of budgerigars. *Microbiol. Immunol.*, v. 40, p. 21-26, 1996.
- THOMPSON J. D.; GIBSON T.J.; PLEWNIAK F.; JEANMOUGIN F.; HIGGINS D.G. The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, n. 24, p. 4876-4882, 1997.
- TIONG, A.; COUNAHAN, T. V.; LEYDON, J. et al. Multiple sites of exposure in a outbreak of ornithosis in workers at a poultry abattoir and farm. *Epidemiol. Infect.*, v. 135, p. 1184-1191, 2007.
- TRAVIS, E. K.; VARGAS, F. H.; MERKEL, J. et al. Hematology, plasma chemistry, and serology of the flightless cormorant (*Phalacrocorax harrisi*) in the Galapagos Islands, Ecuador. *J. Wildl. Dis.*, v. 42, n. 1, p. 133-141, 2006.
- TREVEJO, R. T.; CHOMEL, B. B.; KASS, P. H. Evaluation of the polymerase chain reaction in comparison with other diagnostic methods for the detection of *Chlamydia psittaci*. *J. Vet. Diag. Invest.*, v. 11, p. 491-496, 1999.
- VAN LOOCK, M.; LOOTS, K.; VAN DE ZANDE, S. et al. Pathogenic interactions between *Chlamydophila psittaci* and avian pneumovirus infections in turkeys. *Vet. Microbiol.*, v. 112, p. 53-63, 2006.
- VANROMPAY, D.; ANDERSEN, A. A.; DUCATELLE, R. et al. The serotyping of European isolates of *Chlamydia psittaci* from poultry and birds. *J. Clin. Microbiol.*, v. 31, p. 134-137, 1993.
- VANROMPAY, D.; DUCATELLE R.; HAESEBROUCK, F. *Chlamydia psittaci* infections: a review with emphasis on avian chlamydiosis. *Vet. Microbiol.*, v. 45, p. 93-119, 1995.
- VANROMPAY, D.; BUTAYE, P.; SAYADA, C. et al. Characterization of avian *Chlamydia psittaci* strains using omp1 restriction mapping and serovar-specific monoclonal antibodies. *Res. Microbiol.*, v. 148, n. 4, p. 327-333, 1997.
- VANROMPAY, D.; E. COX, J. MAST, B. et al. High-level expression of *Chlamydia psittaci* major outer membrane protein in COS cells and in skeletal muscles of turkeys. *Infect. Immun.* v. 66, p. 5494-5500, 1998.
- VANROMPAY, D. Avian chlamydial diagnostics. In: FUDGE, A. M. *Laboratory Medicine: Avian and exotic pets*. Philadelphia, PA: WB Saunders, 2000. p. 99-110.
- VERBEKE, P.; WELTER-STAHN, L.; JUNGAS, T. et al. A pathogen with two personalities: death and survival during infection with Chlamydia. In: BAVOIL, P.; WYRICK, P. (eds). *Chlamydia: Genomics and Pathogenesis*. Norfolk: Horizon Bioscience, 2006. p. 297-318.
- VERMINNEN, K.; DUQUENNE B.; DE KEUKELEIRE, D. et al. Evaluation of a

- Chlamydophila psittaci* infection diagnostic platform for zoonotic risk. *J. Clin. Microbiol.*, v. 46, p. 281-285, 2008.
- VERMINNEN, K.; BEECKMAN, D. S. A.; SANDERS, N. K. et al. Vaccination of turkeys against *Chlamydophila psittaci* through optimised DNA formulation and administration. *Vaccine*, v. 28, p. 3095-3105, 2010.
- VERMINNEN, K.; VAN LOOCK, M.; HAFEZ, H. M. et al. Evaluation of a recombinant enzyme-linked immunosorbent assay for detecting *Chlamydophila psittaci* antibodies in turkey sera. *Vet. Res.*, v. 37, p. 623-632, 2006.
- VOIGT, A.; SCHOFL, G.; HEIDRICH, A. et al. Full-length de novo sequence of the *Chlamydophila psittaci* type strain, 6BC. *J. Bacteriol.*, v. 193, n. 10, p. 2662-2663, 2011.
- WOLINS, W. Ornithosis (psittacosis), a review with a report of eight cases resulting from contact with the domestic pekin duck. *Am. J. Med. Sci.*, v. 216, p. 551-564, 1948.
- WYLLIE, S.; ASHLEY, R. H.; LONGBOTTOM, D. et al. The major outer membrane protein of *Chlamydia psittaci* functions as a porin-like ion channel. *Infect. Immun.*, v. 66, p. 5202-5207, 1998.
- XIA, M.; BUMGARNER, R. E.; LAMPE, M. F. et al. *Chlamydia trachomatis* infection alters host cell transcription in diverse cellular pathways. *J. Infect. Dis.*, v. 187, p. 424-434, 2003.
- YEN T. Y.; PAL S.; MAZA L. M. Characterization of the disulfide bonds and free cysteine residues of the *Chlamydia trachomatis* mouse pneumonitis major outer membrane protein. *Biochemistry*, v. 26, n. 44(16), p. 6250-6256, 2005.
- ZHANG, F.; LI, S.; YANG, J. et al. Isolation and characterization of *Chlamydophila psittaci* isolated from laying hens with cystic oviducts. *Avian Dis.* v. 52 (1), p. 74-78, 2008.
- ZHANG, Y. X.; MORRISON, S. G.; CALDWELL, H. D.; et al. Cloning and sequence analysis of the major outer membrane protein genes of two *Chlamydia psittaci* strains. *Infect. Immun.*, v. 57, p. 1621-1625, 1989.
- ZHANG, Y. X.; FOX, J. G.; HO, Y.; et al. Comparison of the major outer-membrane protein (MOMP) gene of mouse pneumonitis (MoPn) and hamster SFPD strains of *Chlamydia trachomatis* with other *Chlamydia* strains. *Mol. Biol. Evol.*, v. 10, n. 6, p. 1327-1342, 1993.
- ZHOU, J.; QIU, C.; CAO, X. A. et al. Construction and immunogenicity of recombinant adenovirus expressing the major outer membrane protein (MOMP) of *Chlamydophila psittaci* in chicks. *Vaccine*, v. 25, n. 34, p. 6367-72, 2007.

ANEXO I: Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010.

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
Accipitriformes								
	Acciptridae	<i>Accipiter bicolor</i>	Gavião-bombachinha-grande	3	0	0	0	3
		<i>Accipiter poliogaster</i>	Tauatô-pintado	0	2	0	0	2
		<i>Accipiter striatus</i>	Gavião-miúdo	0	4	2	0	6
		<i>Accipiter superciliosus</i>	Gavião miudinho	2	0	2	0	4
		<i>Acciptridae</i>	Acciptridae	8	4	4	0	16
		<i>Amadonastur lacernulatus</i>	Gavião-pombo	1	6	3	0	10
		<i>Buteo albonotatus</i>	Gavião-de-rabo-barrado	2	2	2	0	6
		<i>Buteo brachyurus</i>	Gavião-de-cauda-curta	6	4	1	1	12
		<i>Buteo nitidus</i>	Gavião-pedrés	3	7	1	0	11
		<i>Buteo platypterus</i>	Gavião-de-asa-larga	0	1	0	0	1
		<i>Buteogallus aequinoctialis</i>	Gavião-caranguejeiro	0	2	0	0	2
		<i>Buteogallus anthracinus</i>	Gavião-caranguejeiro-negro	0	1	0	0	1
		<i>Chondrohierax uncinatus</i>	Caracoleiro	1	0	0	1	2
		<i>Elanoides forficatus</i>	Gavião-tesoura	1	1	1	0	3
		<i>Elanus leucurus</i>	Gavião-peneira	16	12	4	0	32
		<i>Gampsonyx swainsonii</i>	Gaviãozinho	1	8	4	1	14
		<i>Geranoaetus albicaudatus</i>	Gavião-da-cauda-branca	5	9	5	0	19
		<i>Geranoaetus melanoleucus</i>	Águia-chilena	1	2	0	0	3
		<i>Geranospiza caerulescens</i>	Gavião-pernilongo	3	5	1	0	9
		<i>Harpagus diodon</i>	Gavião-bombachinha	1	1	0	0	2
		<i>Harpia harpyja</i>	Gavião-real	0	1	5	0	6
		<i>Heterospizias meridionalis</i>	Gavião-caboclo	13	6	10	3	32
		<i>Ictinia plumbea</i>	Sovi	0	7	5	0	12
		<i>Leptodon cayanensis</i>	Gavião-de-cabeça-cinza	3	2	2	0	7
		<i>Parabuteo unicinctus</i>	Gavião-asa-de-telha	5	0	1	1	7
		<i>Pseudastur polionotus</i>	Gavião-pombo-grande	0	1	0	0	1
		<i>Rostrhamus sociabilis</i>	Gavião-caramujeiro	6	4	2	1	13
		<i>Rupornis magnirostris</i>	Gavião carijó	223	385	267	39	914
		<i>Spizaetus melanoleucus</i>	Gavião-pato	1	0	0	0	1
		<i>Spizaetus tyrannus</i>	Gavião-pega-macaco	3	2	0	0	5
		<i>Urubitinga coronata</i>	Águia-Cinzenta	0	0	1	0	1
		<i>Urubitinga urubitinga</i>	Gavião-preto	1	0	1	1	3
	Pandionidae	<i>Pandion haliaetus</i>	Águia-pescadora	0	1	0	0	1
Anseriformes								
	Anatidae	<i>Amazonetta brasiliensis</i>	Pé-vermelho	83	17	6	0	106
		<i>Anas bahamensis</i>	marreca-toicinho	5	1	8	0	14
		<i>Anas discors</i>	Pato	1	0	0	0	1
		<i>Anas flavirostris</i>	Marreca-pardinha	5	0	1	0	6
		<i>Anas sp.</i>	marreco	0	27	0	3	30
		<i>Cairina moschata</i>	Pato-do-mato	22	64	2	0	88

## ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
		<i>Coscoroba coscoroba</i>	Capororoca	0	0	2	0	2
		<i>Cygnus melancoryphus</i>	Cisne-do-pescoço-preto	0	0	1	0	1
		<i>Dendrocygna autumnalis</i>	Asa-branca	223	15	33	3	274
		<i>Dendrocygna bicolor</i>	Marreca caneleira	29	3	2	0	34
		<i>Dendrocygna viduata</i>	Irerê	404	290	155	15	864
		<i>Netta erythrophthalma</i>	Paturi-preta	2	0	0	0	2
		<i>Nomonyx dominica</i>	Marreca-de-bico-roxo	0	1	0	0	1
		<i>Sarkidiornis sylvicola</i>	Pato-de-crista	8	0	8	0	16
	Anhimidae	<i>Anhima cornuta</i>	Anhuma	0	6	0	0	6
		<i>Chauna torquata</i>	Tachã	0	1	0	0	1
Apodiformes								
	Apodidae	<i>Tachornis squamata</i>	Tesourinha	0	0	1	0	1
		<i>Chaetura meridionalis</i>	Andorinhão-do-temporal	0	85	25	0	110
		<i>Streptoprocne zonaris</i>	Andorinhão	5	14	1	0	20
	Trochilidae	<i>Amazilia fimbriata</i>	Beija-flor-de-garganta-verde	0	0	0	1	1
		<i>Amazilia lactea</i>	Beija-flor-de-peito-azul	0	2	0	0	2
		<i>Amazilia leucogaster</i>	Beija-flor-de-barriga-branca	1	0	3	0	4
		<i>Amazilia sp.</i>	Beija-flor	0	7	3	0	10
		<i>Amazilia versicolor</i>	Beija-flôr-furta-cor	2	9	1	0	12
		<i>Anthracothorax nigricollis</i>	Beija-flor-de-veste-preta	1	0	1	0	2
		<i>Aphantochroa cirrochloris</i>	Beija-flor-cinza	0	0	1	0	1
		<i>Apodiformes</i>	Apodiformes	0	10	3	0	13
		<i>Calliphlox amethystina</i>	Estrelinha-ametista	0	1	0	0	1
		<i>Chrysolampis mosquitus</i>	Beija-flor-vermelho	0	0	1	0	1
		<i>Eupetomena macroura</i>	Beija-flor	21	157	53	2	233
		<i>Heliomaster furcifer</i>	Bico-reto-azul	0	1	0	0	1
		<i>Phaethornis ruber</i>	Besourinho-da-mata	0	0	1	0	1
		<i>Phaethornis eurynome</i>	Beija-flor-de-garganta-rajada	0	2	0	0	2
		<i>Ramphodon naevius</i>	Beija flor rajado	1	0	0	0	1
		<i>Thalurania furcata</i>	Beija-flor-tesoura-verde	0	0	1	0	1
		<i>Thalurania glaucopis</i>	Beija-flor-de-fronte-violeta	1	2	2	0	5
		<i>Trochilidae</i>	Beija flor	4	25	8	0	37
		<i>Hylocharis cyanus</i>	Beija-flor-roxo	0	1	0	0	1
Caprimulgiformes								
	Caprimulgidae	<i>Caprimulgiformes</i>	Caprimulgidae	0	1	2	0	3
		<i>Hydropsalis longirostris</i>	Bacurau-da-telha	0	1	1	0	2
		<i>Hydropsalis nigrescens</i>	Bacurau negro	0	0	2	1	3
		<i>Hydropsalis parvula</i>	Bacurau, curiango	7	4	3	0	14
		<i>Antrostomus rufus</i>	João-corta-pau	1	5	3	0	9
		<i>Antrostomus sericocaudatus</i>	Bacurau	0	0	1	0	1
		<i>Chordeiles acutipennis</i>	Bacurau-da-asa-fina	1	3	4	0	8
		<i>Chordeiles nacunda</i>	Coruçã	0	2	0	0	2

## ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
		<i>Chordeiles pusillus</i>	Curiango	6	1	1	0	8
		<i>Hydropsalis torquata</i>	Bacurau-tesoura	0	0	4	0	4
		<i>Hydropsalis climacocerca</i>	Acurana	0	2	0	1	3
		<i>Hydropsalis nigrescens</i>	Bacurao-do-lajeado	0	2	0	0	2
		<i>Lurocalis semitorquatus</i>	Tuju	2	5	1	0	8
		<i>Hydropsalis albicollis</i>	Curiango	8	35	20	1	64
		<i>Hydropsalis sp.</i>	Curiango	7	17	3	1	28
		<i>Nyctiphrynus ocellatus</i>	Bacurau-ocelado	3	3	3	0	9
	Nyctibiidae	<i>Nyctibius aethereus</i>	Mãe-da-lua-parda	1	0	3	0	4
		<i>Nyctibius grandis</i>	Mãe-da-lua-gigante	1	1	1	0	3
		<i>Nyctibius griseus</i>	Mãe-de-lua	9	44	13	2	68
Cariamiformes								
	Cariamidae	<i>Cariama cristata</i>	Seriema	28	37	37	2	104
Cathartiformes								
	Cathartidae	<i>Cathartes aurea</i>	Urubu-da-cabeça-vermelha	2	3	1	0	6
		<i>Cathartes burrovianus</i>	Urubu-de-cabeça-amarela	1	1	1	1	4
		<i>Coragyps atratus</i>	Urubu-de-cabeça-preta	62	309	56	5	432
		<i>Sarcoramphus papa</i>	Urubu-rei	0	1	0	0	1
Charadriiformes								
	Burhinidae	<i>Burhinus bistriatus</i>	Téu-téu-da-savana	0	0	0	1	1
	Charadriidae	<i>Charadrius semipalmatus</i>	Batuíra-de-bando	0	0	1	1	2
		<i>Vanellus chilensis</i>	Quero-quero	28	98	33	1	160
	Haematopodidae	<i>Haematopus palliatus</i>	Piru piru	0	0	1	0	1
	Jacanidae	<i>Jacana jacana</i>	Jaçana	1	1	2	0	4
	Laridae	<i>Chroicocephalus cirrocephalus</i>	Gaivota-de-cabeça-cinza	1	0	5	0	6
		<i>Larus dominicanus</i>	Gaivota-verdadeira	4	47	20	0	71
	Rynchopidae	<i>Rynchops niger</i>	Talha-mar	1	2	2	0	5
	Scolopacidae	<i>Calidris alba</i>	Maçarico-branco	2	2	1	0	5
		<i>Calidris canutus</i>	Maçarico-de-papo-vermelho	0	0	1	0	1
		<i>Calidris fuscicollis</i>	Maçarico-de-sobre-branco	0	1	0	0	1
		<i>Calidris himantopus</i>	Maçarico-pernilongo	5	0	0	0	5
		<i>Gallinago paraguaiæ</i>	Narceja	0	2	0	0	2
		<i>Tringa flavipes</i>	Maçarico-de-perna-amarela	0	1	0	0	1
	Stercorariidae	<i>Stercorarius skua</i>	Mandrião-grande	1	0	0	0	1
		<i>Stercorarius chilensis</i>	Mandrião-chileno	3	0	0	0	3
		<i>Stercorarius maccormicki</i>	Mandrião-do-sul	0	3	0	0	3
	Sternidae	<i>Anous stolidus</i>	Trinta-réis-escuro	0	3	1	1	5
		<i>Onychoprion fuscatus</i>	Trinta-réis-das-rocas	0	3	0	0	3
		<i>Phaetusa simplex</i>	Trinta-réis-grande	0	1	3	0	4
		<i>Sterna hirundinacea</i>	Trinta réis	8	5	0	1	14
		<i>Sterna hirundo</i>	Trinta-réis-anão	1	6	1	1	9
		<i>Sterna sp.</i>	Trinta-réis	0	0	2	0	2
		<i>Sternula superciliaris</i>	Trinta-réis-boreal	1	0	0	0	1

## ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
Ciconiiformes								
	Ciconiidae	<i>Jabiru mycteria</i>	Tuiuiú	0	0	1	0	1
Columbiformes								
	Columbidae	<i>Claravis pretiosa</i>	Parara-azul	165	2	0	0	167
		<i>Patagioenas fasciata</i>	Pomba-de-coleira-branca	9	0	0	0	9
		<i>Patagioenas maculosa</i>	Pomba do orvalho	1	1	1	0	3
		<i>Patagioenas sp</i>	Pomba	55	10	10	0	75
		<i>Columbiformes</i>	Columbiformes	1	38	1	0	40
		<i>Columbina cyanopis</i>	Rolinha-do-planalto	1	0	1	0	2
		<i>Columbina minuta</i>	Rolinha-asa-de-canela	35	5	6	0	46
		<i>Columbina passerina</i>	Rolinha-cinzenta	7	0	2	2	11
		<i>Columbina picui</i>	Rolinha picui	75	4	11	2	92
		<i>Columbina sp.</i>	Rolinha	22	1	14	1	38
		<i>Columbina squammata</i>	Fogo-apagou	205	16	22	7	250
		<i>Columbina talpacoti</i>	Rolinha	244	269	102	2	617
		<i>Geotrygon montana</i>	Juriti-piranga	2	8	6	5	21
		<i>Geotrygon violacea</i>	Juriti-vermelha	1	0	1	0	2
		<i>Leptotila rufaxila</i>	Juriti	6	8	1	1	16
		<i>Leptotila sp</i>	Juriti	1	0	0	0	1
		<i>Leptotila verreauxi</i>	Juriti-pupu	56	7	4	1	68
		<i>Patagioenas cayennensis</i>	Pomba-legítima	10	0	6	0	16
		<i>Patagioenas picazuro</i>	Asa-branca	177	128	63	1	369
		<i>Patagioenas plumbea</i>	Pomba-Amargosa	2	10	3	0	15
		<i>Patagioenas speciosa</i>	Pomba-trocal	3	2	1	0	6
		<i>Patagioenas subvinacea</i>	Pomba-botafogo	1	0	0	0	1
		<i>Zenaida auriculata</i>	Avoante	100	41	21	0	162
Coraciiformes								
	Alcedinidae	<i>Chloroceryle amazona</i>	Martim-pescador-verde	0	4	3	0	7
		<i>Chloroceryle americana</i>	Martim-pescador-pequeno	0	1	1	0	2
		<i>Chloroceryle inda</i>	Martim-pescador-da-mata	0	0	2	0	2
		<i>Chloroceryle sp.</i>	Martim-pescador	0	0	7	0	7
		<i>Megaceryle torquata</i>	Martim-pescador-grande	5	14	6	2	27
Coraciiformes								
	Momotidae	<i>Baryphthengus ruficapillus</i>	Juruvá	0	0	1	0	1
		<i>Momotus momota</i>	Udu-de-coroa-azul	0	6	7	0	13
Cuculiformes								
	Cuculidae	<i>Coccyzus americanus</i>	Papa-Lagarta-de-Asa-Vermelha	0	1	1	0	2
		<i>Coccyzus euleri</i>	Papa-lagarta-de-euleri	0	1	0	0	1
		<i>Coccyzus melacoryphus</i>	Papa-lagarta-acanelado	1	2	1	0	4
		<i>Crotophaga ani</i>	Anu-preto	10	23	17	3	53
		<i>Crotophaga major</i>	Anu-coroca	0	2	3	0	5
		<i>Cuculiformes</i>	Cuculiformes	0	4	0	0	4

ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
		<i>Guira guira</i>	Anu-branco	10	34	26	2	72
		<i>Piaya cayana</i>	Alma-de-gato	1	28	15	1	45
		<i>Dromococcyx pavoninus</i>	Peixe-frito-pavonino	0	0	1	0	1
	Falconidae	<i>Micrastur mintoni</i>	Falcão-crítico	0	0	1	0	1
		<i>Micrastur ruficollis</i>	Falcão-caburé	0	0	2	0	2
		<i>Caracara cheriway</i>	Carcará-do-norte	4	0	1	1	6
		<i>Caracara plancus</i>	Carcará	76	227	88	4	395
		<i>Falco deiroleucus</i>	Falcão-de-peito-laranja	1	0	1	0	2
		<i>Falco femoralis</i>	Falcão-de-coleira	21	30	2	0	53
		<i>Falco peregrinus</i>	Falcão-de-coleira	4	9	2	0	15
		<i>Falco rufigularis</i>	Cauré	1	0	2	1	4
		<i>Falco sparverius</i>	Quiriquiri	62	160	91	3	316
		<i>Falconiformes</i>	Falconiforme	3	30	3	0	36
		<i>Herpetotheres cachinnans</i>	Acauã	1	5	0	0	6
		<i>Micrastur semitorquatus</i>	Falcão-relógio	2	1	0	0	3
		<i>Milvago chimachima</i>	Gavião-carrapateiro	6	17	19	0	42
		<i>Mivalgo chimango</i>	Gavião-chimango	0	3	2	0	5
Galbuliformes								
	Buconidae	<i>Monasa nigrifrons</i>	Chora-chuva-preto	0	0	1	0	1
		<i>Nystalus chacuru</i>	João-bobo	0	3	2	0	5
		<i>Nystalus maculatus</i>	Rapazinho-de-colar	1	0	0	0	1
	Galbulidae	<i>Galbula ruficauda</i>	Aribamba-de-cauda-ruiva	0	1	0	0	1
Galliformes								
	Cracidae	<i>Aburria cumanensis</i>	Jacutinga de garganta azul	0	0	3	0	3
		<i>Crax alector</i>	Mutum-poranga	0	0	1	0	1
		<i>Crax blumenbachii</i>	Mutum	0	3	0	0	3
		<i>Crax fasciolata</i>	Mutum-de-penacho	3	0	2	0	5
		<i>Galliformes</i>	Galliformes	0	18	0	0	18
		<i>Ortalis canicollis</i>	Aracuã-do-pantanal	2	1	0	0	3
		<i>Ortalis guttata</i>	Aracuã	14	11	10	1	36
		<i>Ortalis motmot</i>	Aracuã-pequeno	4	0	0	0	4
		<i>Ortalis sp.</i>	Aracuã	0	3	5	0	8
		<i>Ortalis superciliaris</i>	Aracuã-de-sobrancelhas	0	0	7	0	7
		<i>Pauxi tuberosa</i>	Mutum	3	0	2	1	6
		<i>Penelope jacquacu</i>	jacu-de-spix	0	0	0	1	1
		<i>Penelope jacucaca</i>	Jacucaca	3	0	0	0	3
		<i>Penelope marail</i>	Jacumirim	1	0	0	0	1
		<i>Penelope obscura</i>	Jacu	45	25	7	0	77
		<i>Penelope orchrogaster</i>	Jacu-de-barriga-castanha	1	0	0	0	1
		<i>Penelope sp</i>	Jacu	1	0	2	0	3
		<i>Penelope superciliaris</i>	jacu	20	1	9	1	31
Gruiformes								



ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total	
Gruiformes	Aramidae	<i>Aramus guarauna</i>	Carão	2	5	4	0	11	
	Heliornithidae	<i>Heliornis fulica</i>	Picaparra	0	0	3	0	3	
	Rallidae	<i>Aramides cajanea</i>	Saracura-três-potes	9	5	9	3	26	
		<i>Aramides mangle</i>	Saracura-do-mangue	0	1	0	0	1	
		<i>Aramides saracura</i>	Saracura-do-mato	1	4	5	0	10	
		<i>Aramides sp</i>	Saracura	0	0	2	0	2	
		<i>Fulica armillata</i>	Carqueja-do-bico-manchado	1	0	0	0	1	
		<i>Gallinula galeata</i>	Frango d'água	16	38	23	5	82	
		<i>Gallinula sp</i>	Frango-d'água	0	3	0	0	3	
		<i>Laterallus exilis</i>	Sanã-do-capim	0	0	1	0	1	
		<i>Laterallus melanophaius</i>	Sanã-Parda	4	0	4	0	8	
		<i>Laterallus viridis</i>	Sanã-castanha	0	0	2	4	6	
		<i>Neocrex erythrops</i>	Sanã-de-bico-vermelho	0	2	3	1	6	
		<i>Pardirallus maculatus</i>	Saracura-carijó	1	1	3	0	5	
		<i>Pardirallus nigricans</i>	Saracura-anã	1	8	2	0	11	
		<i>Pardirallus sanguinolentus</i>	Saracura-do-banhado	0	0	1	0	1	
		<i>Porphyrio flavirostris</i>	Frango-d'água-Pequeno	0	1	6	1	8	
		<i>Porphyrio martinica</i>	Frango d'água azul	32	54	55	8	149	
		<i>Porzana albicollis</i>	Sanã-carijó	1	0	5	0	6	
		<i>Rallus longirostris</i>	Saracura-matraca	1	0	1	0	2	
		Passeriformes	Gruiformes	<i>Gruiformes</i>	Gruiformes	0	13	0	0
	Cardinalidae		<i>Cyanoloxia brissonii</i>	Azulão	6674	132	248	33	7087
			<i>Cyanoloxia cyanoides</i>	Azulão-da-amazônia	7	0	1	1	9
<i>Cyanoloxia glaucocaeerulea</i>			Azulinho	18	0	0	0	18	
<i>Habia rubica</i>			Tiê-do-mato-grosso	1	0	0	0	1	
<i>Piranga flava</i>			Sanhaço-de-fogo	24	1	1	0	26	
<i>Cyanoloxia moesta</i>			Cigarrinha	2	1	1	0	4	
Coerebidae	<i>Coereba flaveola</i>		Cambacica	603	66	31	0	700	
Corvidae	<i>Cyanocorax caeruleus</i>		Gralha-azul	4	1	1	0	6	
	<i>Cyanocorax chrysops</i>		Gralha-picaça	8	2	5	0	15	
	<i>Cyanocorax cristatellus</i>		Gralha-de-topete	21	4	2	2	29	
	<i>Cyanocorax cyanopogon</i>		Gralha-cancan	242	11	31	4	288	
Cotingidae	<i>Procnias averano</i>		Araponga-do-nordeste	2	3	1	0	6	
	<i>Procnias nudicollis</i>		Araponga	35	4	8	0	47	
	<i>Pyroderus scutatus</i>		Pavó	13	12	0	0	25	
Dendrocolapidae	<i>Lepidocolaptes angustirostris</i>		Arapaçu-de-cerrado	0	1	0	0	1	
Emberezidae	<i>Ammodramus humeralis</i>		Tico-tico-do-campo	5	0	0	0	5	
	<i>Arremon flavirostris</i>		Tico-tico-da-mata-virgem	16	2	1	0	19	
	<i>Arremon semitorquatus</i>		Tico-tico-do-mato	14	1	2	0	17	
	<i>Arremon taciturnus</i>		Tico-tico-de-bico-preto	11	0	0	0	11	
	<i>Catamenia homochroa</i>		Patativa-da-amazônia	3	0	0	0	3	
	<i>Charitospiza eucosma</i>		Mineirinho	2	1	0	0	3	
	<i>Embernagra platensis</i>		Sabiá-do-banhado	1	1	0	0	2	

ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total		
Passeformes	Emberizidae	<i>Gubernatrix cristata</i>	Cardeal-amarelo	19	0	1	0	20		
		<i>Haplospiza unicolor</i>	Cigarrinha	57	1	3	0	61		
		<i>Poospiza cinerea</i>	Capacinho-do-oco-co-pau	1	0	0	0	1		
		<i>Poospiza lateralis</i>	Quete	1	0	1	0	2		
		<i>Poospiza nigrorufa</i>	Quem-te-vestiu	3	0	0	0	3		
		<i>Porphyrospiza caerulescens</i>	Campaigna-azul	9	0	0	0	9		
		<i>Sicalis citrina</i>	Canário-rasteiro	71	1	0	0	72		
		<i>Sicalis columbiana</i>	Canário-do-amazonas	7	0	0	0	7		
		<i>Sicalis flaveola</i>	Canário-da-terra	19715	512	1010	77	21314		
		<i>Sicalis luteola</i>	Canário-típico	498	3	11	0	512		
		<i>Sicalis sp</i>	Canário-da-terra	5	0	0	0	5		
		<i>Sporophila albogularis</i>	Brejal	2850	63	117	7	3037		
		<i>Sporophila americana</i>	Coleira-do-norte	90	0	0	0	90		
		<i>Sporophila angolensis</i>	Curio	4514	136	424	65	5139		
		<i>Sporophila ardesiaca</i>	Papa-capim-cinza	143	0	49	0	192		
		<i>Sporophila bouvreuil</i>	Caboclinho	1428	33	79	6	1546		
		<i>Sporophila caerulescens</i>	Coleirinho	7282	209	688	36	8215		
		<i>Sporophila castaneiventris</i>	Caboclinho-de-peito-castanho	19	2	3	0	24		
		<i>Sporophila collaris</i>	Coleirinha-do-brejo	144	1	11	0	156		
		<i>Sporophila crassirostris</i>	Bicudinho	25	2	1	0	28		
		<i>Sporophila falcirostris</i>	Cigarrinha-verdadeira	266	13	10	9	298		
		<i>Sporophila frontalis</i>	Pichocho	1356	30	130	6	1522		
		<i>Sporophila hypoxantha</i>	Caboclinho-rosa	7	2	1	1	11		
		<i>Sporophila intermedia</i>	Papa-capim-cinza	5	0	0	0	5		
		<i>Sporophila leucoptera</i>	Boiadeiro, patativa-chorona	503	14	37	5	559		
		<i>Sporophila lineola</i>	Estrelinha, bigode	3543	516	193	23	4275		
		<i>Sporophila maximiliani</i>	Bicudo	533	81	71	1	686		
		<i>Sporophila minuta</i>	Caboclinho-lindo	46	2	0	0	48		
		<i>Sporophila nigricollis</i>	Coleiro-baiano, papa-capim	7906	413	457	173	8949		
		<i>Sporophila nigrorufa</i>	Caboclinho	36	0	0	0	36		
		<i>Sporophila palustris</i>	Caboclinho-de-papo-branco	2	0	0	0	2		
		<i>Sporophila plumbea</i>	Patativa-verdadeira	319	18	19	1	357		
		<i>Sporophila ruficollis</i>	Caboclinho-de-papo-escuro	5	0	0	0	5		
		<i>Sporophila schistacea</i>	Cigarrinha	118	0	12	0	130		
		<i>Sporophila sp.</i>	Coleirinho	916	70	30	0	1016		
		<i>Tiaris fuliginosus</i>	Cigarra-do-coqueiro	13	1	2	0	16		
		<i>Volatinia jacarina</i>	Tiziu	626	28	38	2	694		
		<i>Zonotrichia capensis</i>	Tico-tico	2794	95	112	15	3016		
		Fringilidae		<i>Chlorophonia cyanea</i>	Gaturamo-bandeira	130	1	2	0	133
				<i>Euphonia chalybea</i>	Cais-cais	4	0	0	0	4
				<i>Euphonia chlorotica</i>	Fim-fim	227	4	16	0	247
<i>Euphonia cyanocephala</i>	Gaturamo-rei			5	0	0	0	5		

ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
Passeriformes	Fringilidae	<i>Euphonia laniirostris</i>	Gaturano-bicudo	2	0	0	0	2
		<i>Euphonia minuta</i>	Gaturamo-de-barriga-branca	4	0	0	0	4
		<i>Euphonia pectoralis</i>	Ferro-velho	11	1	0	0	12
		<i>Euphonia rufiventris</i>	Gaturano serrador	2	0	0	0	2
		<i>Euphonia sp.</i>	Gaturamo	19	9	2	3	33
		<i>Euphonia violacea</i>	Gaturamo-verdadeiro	274	15	27	0	316
		<i>Euphonia xanthogaster</i>	Fim-fim-grande	2	0	0	0	2
		<i>Sporagra magellanica</i>	Pintassilgo	1269	48	38	7	1362
		<i>Sporagra yarrellii</i>	Pintassilgo-do-nordeste	214	2	18	1	235
	Furnariidae	<i>Cranioleuca pallida</i>	Arredio-pálido	0	1	0	0	1
		<i>Furnarius leucopus</i>	Casaca-de-couro-amarelo	0	1	0	0	1
		<i>Furnarius rufus</i>	João-de-barro	2	18	26	0	46
		<i>Hylocryptus rectirostris</i>	Fura-barreira	0	0	1	0	1
		<i>Pseudoseisura cristata</i>	Casaca-de-couto	5	0	0	0	5
	Hirundinidae	<i>Pygochelidon cyanoleuca</i>	Andorinha-pequena-de-casa	7	48	23	0	78
		<i>Progne chalybea</i>	Andorinha-doméstica-grande	1	4	4	0	9
		<i>Progne sp.</i>	Andorinha	0	3	0	0	3
		<i>Progne subis</i>	Andorinha-azul	0	0	1	0	1
		<i>Progne tapera</i>	Andorinha-do-campo	1	1	1	0	3
		<i>Riparia riparia</i>	Andorinha	0	1	1	0	2
		<i>Stelgidopteryx ruficollis</i>	Andorinha-serrador	0	2	0	0	2
		<i>Tachycineta albiventer</i>	Andorinha-do-rio	0	0	4	0	4
		<i>Tachycineta leucorrhoa</i>	Andorinha	2	1	0	0	3
		Icteridae	<i>Agelaioides badius</i>	Asa-de-telha	9	3	0	0
	<i>Agelasticus cyanopus</i>		Carretão	1	0	1	0	2
	<i>Agelasticus thilius</i>		Sargento	21	0	2	2	25
	<i>Ageloides fringillarius</i>		Asa-de-telha-pálido	11	0	0	2	13
	<i>Cacicus cela</i>		xexéu	291	32	28	0	351
	<i>Cacicus chrysopterus</i>		Japim soldado	26	0	0	0	26
	<i>Cacicus haemorrhous</i>		guaxe	4	3	3	0	10
	<i>Procacicus solitarius</i>		Iraúna-de-bico-branco	14	1	0	0	15
	<i>Cacicus sp.</i>			0	0	0	1	1
	<i>Chrysomus ruficapillus</i>		Garibaldi, chapéu de couro	1144	89	34	2	1269
	<i>Curaeus forbesi</i>		Anumará	48	0	0	0	48
	<i>Dolichonyx oryzivorus</i>		Triste-pia	3	0	0	0	3
	<i>Gnorimopsar chopi</i>		Pássaro-preto	3241	145	327	30	3743
<i>Gymnomystax mexicanus</i>	Irataúá-grande		0	0	1	0	1	
<i>Icterus cayanensis</i>	Encontro		227	9	12	2	250	
<i>Icterus chryscephalus</i>	Rouxinol-do-rio-negro		17	0	1	0	18	
<i>Icterus croconotus</i>	Corrupião, sofrê		13	1	0	0	14	
<i>Icterus galbula</i>	Corrupião de baltimore	1	0	0	0	1		
<i>Icterus jamacaii</i>	Corrupião	870	44	91	6	1011		

ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010  
continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
Passeriformes	Icteridae	<i>Icterus nigrogularis</i>	João-pinto-amarelo	2	0	0	0	2
		<i>Icterus sp</i>	Sofrê	19	0	2	0	21
		<i>Lamprosar tanagrinus</i>	Iraúna-velada	1	0	0	0	1
		<i>Molothrus bonariensis</i>	Chopim	393	49	29	4	475
		<i>Molothrus oryzivorus</i>	Iraúna-grande	8	0	5	0	13
		<i>Molothrus rufoaxillaris</i>	chopim-picumã	3	0	1	0	4
		<i>Psarocolius decumanus</i>	Japu	22	1	4	0	27
		<i>Sturnella militaris</i>	Polícia-inglesa-do-norte	3	0	3	0	6
		<i>Sturnella superciliaris</i>	Polícia-inglesa-do-sul	21	0	0	0	21
		<i>Pseudoleistes guirahuro</i>	Chopim-do-brejo	15	1	2	0	18
		<i>Pseudoleistes virescens</i>	Dragão-do-brejo	4	0	0	0	4
Passeriformes	Mimidae	<i>Mimus gilvus</i>	Sabiá-da-praia	44	8	0	1	53
		<i>Mimus saturninus</i>	Sabiá-do-campo	118	19	8	0	145
		<i>Mimus triurus</i>	Tejo-de-rabo-branco	1	0	0	0	1
Passeriformes	Passeriformes	Passeriforme	1677	127	11	0	1815	
Pipridae		<i>Manacus manacus</i>	Rendeira	1	3	1	0	5
		<i>Pipra fasciicauda</i>	Dançador-laranja	1	0	0	0	1
		<i>Antilophia galeata</i>	Soldadinho	4	0	0	0	4
		<i>Chiroxiphia caudata</i>	Tangara-dançador	64	11	13	5	93
		<i>Chiroxiphia pareola</i>	Tangará-falso	1	0	0	0	1
		<i>Illicura militaris</i>	Tangarazinho	1	1	0	0	2
Rhynchocyclidae		<i>Mionectes rufiventris</i>	Abre-asa-de-cabeça-cinza	0	1	0	0	1
		<i>Todirostrum cinereum</i>	Ferreirinho-relógio	2	5	1	0	8
		<i>Tolmomyias flaviventris</i>	Bico-chato-amarelo	0	1	0	0	1
Thamnophilidae		<i>Thamnophilus doliatus</i>	Choca-barrada	1	5	0	0	6
		<i>Thamnophilus sp</i>	Choca-barrada	0	0	1	0	1
Thraupidae		<i>Paroaria capitata</i>	Cavalaria	8	0	1	0	9
		<i>Paroaria coronata</i>	Cardeal	680	12	39	4	735
		<i>Paroaria dominicana</i>	Cardeal	5375	234	268	21	5898
		<i>Paroaria gularis</i>	Cardeal-da-amazônia	1	0	0	0	1
		<i>Lanio cucullatus</i>	Tico-tico-rei	299	11	18	2	330
		<i>Lanio pileatus</i>	Tico-tico-rei-cinza	1223	67	46	2	1338
		<i>Chlorophanes spiza</i>	Saí-verde	1	3	0	0	4
		<i>Cissopis leverianus</i>	Tietinga	6	0	0	0	6
		<i>Compothraupis loricata</i>	tiê-de-peito-vermelho	1	0	0	0	1
		<i>Conirostrum speciosum</i>	figuinha-de-rabo-castanho	0	1	0	0	1
		<i>Cyanerpes caeruleus</i>	Saí-de-perna-amarela	1	3	4	0	8
		<i>Cyanerpes cyaneus</i>	Saíra-beija-flor	186	0	2	0	188
		<i>Cyanerpes nitidus</i>	Saí-de-bico-curto	2	0	0	0	2
		<i>Cyanicterus cyanicterus</i>	Pipira-Azul	0	0	3	0	3
		<i>Cypsnagra hirundinacea</i>	Bandoleta	1	0	2	0	3
		<i>Dacnis cayana</i>	Saí-azul	80	4	6	0	90
<i>Dacnis lineata</i>	Saí-de-máscara-preta	2	0	0	0	2		

## ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
Passeriformes	Thraupidae	<i>Lanio melanops</i>	Tiê-de-topete	2	0	0	0	2
		<i>Lanio penicillatus</i>	Pipira-da-taoca	1	0	0	0	1
		<i>Neothraupis fasciata</i>	Tie-do-cerrado	7	0	1	0	8
		<i>Orchesticus abeillei</i>	Sanhaço-pardo	1	0	0	0	1
		<i>Pipraeidea bonariensis</i>	Sanhaço-papa-laranja	12	2	0	0	14
		<i>Ramphocelus bresilius</i>	Tiê-sangue	115	1	12	0	128
		<i>Ramphocelus carbo</i>	Pipira-vermelha	5	1	0	2	8
		<i>Ramphocelus nigrogularis</i>	Pipira-de-máscara	0	1	0	0	1
		<i>Saltatricula atricollis</i>	Bico-de-pimenta	240	14	18	13	285
		<i>Saltator aurantirostris</i>	Trinca ferro patetão	32	0	0	0	32
		<i>Saltator coerulescens</i>	Trinca-ferro	32	4	4	0	40
		<i>Saltator fuliginosus</i>	Bico-de-pimenta	53	2	2	1	58
		<i>Saltator maximus</i>	Tempera-viola	104	2	10	0	116
		<i>Saltator similis</i>	Trinca-ferro	7173	230	336	11	7750
		<i>Saltator sp.</i>	Trinca-ferro	5	0	0	0	5
		<i>Schistochlamys melanopsis</i>	Sanhaço-da-cara-preta	4483	120	184	50	4837
		<i>Schistochlamys ruficapillus</i>	Bico-de-veludo	327	21	14	1	363
		<i>Stephanophorus diadematus</i>	Sanhaço-frade	211	2	3	0	216
		<i>Tachyphonus coronatus</i>	Tiê-preto	134	11	2	0	147
		<i>Tachyphonus rufus</i>	Pipira-preta	64	9	4	0	77
		<i>Pipraeidea bonariensis</i>	Sanhaço amarelo	9	3	0	0	12
		<i>Tangara callophrys</i>	Saíra-opala	1	0	0	0	1
		<i>Tangara cayana</i>	Saíra-cabocla	201	4	11	0	216
		<i>Tangara chilensis</i>	Saíra-do-paraíso	1	0	0	0	1
		<i>Tangara cyanicollis</i>	Saíra-de-cabeça-azul	18	0	0	0	18
		<i>Tangara cyanocephala</i>	Saíra-militar	13	2	1	0	16
		<i>Tangara cyanoptera</i>	sanhaço-de-encontro-azul	115	3	8	2	128
		<i>Tangara desmaresti</i>	saíra-lagarta	0	4	2	0	6
		<i>Tangara episcopus</i>	Sanhaço-da-amazônia	28	0	5	0	33
		<i>Tangara fastuosa</i>	Pintor-verdadeiro	47	0	3	0	50
		<i>Tangara mexicana</i>	Saíra-de-bando	1	0	0	0	1
		<i>Tangara nigrocincta</i>	Saíra-mascarada	3	0	0	0	3
		<i>Tangara ornata</i>	Sanhaço	54	0	4	0	58
		<i>Tangara palmarum</i>	Sanhaço-do-coqueiro	416	33	33	2	484
		<i>Tangara peruviana</i>	Saíra-dorso-preto	1	0	0	0	1
		<i>Tangara preciosa</i>	saíra-de-cara-suja	214	66	33	2	315
		<i>Tangara sayaca</i>	Sanhaço	1183	99	121	2	1405
		<i>Tangara schrankii</i>	Saíra-ouro	2	0	0	0	2
		<i>Tangara seledon</i>	Saíra-sete-cores	49	19	5	7	80
		<i>Tangara sp</i>	Sanhaço	62	10	22	0	94
		<i>Tangara velia</i>	Saíra-diamante	2	1	0	0	3
		<i>Tersina viridis</i>	Saí-andorinha	39	34	3	0	76
		<i>Thlypopsis sordida</i>	Saíra-canário	1	2	0	0	3

## ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
	Tityridae	<i>Oxyruncus cristatus</i>	Araponga-do-horto	1	0	0	0	1
		<i>Pachyramphus polychopterus</i>	Caneleiro-preto	0	1	0	0	1
		<i>Pachyramphus validus</i>	Caneleiro-de-chapéu-preto	0	1	0	0	1
		<i>Tityra cayana</i>	Ananbé-branco-de-rabo-preto	1	1	1	0	3
		<i>Schiffornis virescens</i>	Flautim	0	0	1	0	1
	Troglodytidae	<i>Troglodytes musculus</i>	Corruira	2	17	4	0	23
	Turdidae	<i>Turdus albicollis</i>	Sabiá-de-coleira	175	10	29	1	215
		<i>Turdus amaurochalinus</i>	Sabiá-poca	570	26	44	6	646
		<i>Turdus flavipes</i>	Sabiá-una	66	11	7	2	86
		<i>Turdus fumigatus</i>	Sabiá-da-mata	156	7	20	0	183
		<i>Turdus hauxwelli</i>	Sabiá-bicolor	1	0	0	0	1
		<i>Turdus ignobilis</i>	Caraxué-de-bico-preto	0	1	0	1	2
		<i>Turdus leucomelas</i>	Sabiá	994	99	104	8	1205
		<i>Turdus nudigenis</i>	Sabiá-caraxué	6	0	0	0	6
		<i>Turdus rufiventris</i>	Sabiá laranjeira	2461	374	354	23	3212
		<i>Turdus sp.</i>	Sabiá	333	47	59	4	443
		<i>Turdus subalaris</i>	Sabiá-ferreiro	23	2	2	1	28
	Tyrannidae	<i>Attila rufus</i>	Capitão-de-saфра	0	1	0	0	1
		<i>Colonia colonus</i>	Viuvinha	0	1	0	0	1
		<i>Elaenia flavogaster</i>	Guaracava-de-barriga-amarela	1	0	2	0	3
		<i>Elaenia mesoleuca</i>	Tuque	0	1	0	0	1
		<i>Elaenia parvirostris</i>	Guaracava-verde	0	0	1	0	1
		<i>Fluvicola nengeta</i>	Lavadeira-mascarada	0	2	2	0	4
		<i>Knipolegus lophotes</i>	Maria-preta-de-penacho	0	1	1	0	2
		<i>Machetornis rixosa</i>	Bem-te-vi-do-gado	0	5	0	0	5
		<i>Megarynchus pitangua</i>	Neinei	2	2	3	0	7
		<i>Myiarchus tyrannulus</i>	Maria-cavaleira-de-rabo-enferrujado	0	1	0	0	1
		<i>Myiodynastes maculatus</i>	Bem-te-vi-rajado	0	1	2	0	3
		<i>Myiozetetes cayanensis</i>	Bentevizinho-de-asa-ferrugínea	1	0	1	0	2
		<i>Myiozetetes similis</i>	Bentevizinho-penacho-vermelho	0	3	1	0	4
		<i>Phyllomyias fasciatus</i>	Piolhinho	3	0	0	0	3
		<i>Pitangus sulphuratus</i>	Bem-te-vi	120	319	218	14	671
		<i>Tyrannus melancholicus</i>	Suiriri	5	19	10	1	35
		<i>Tyrannus savana</i>	Tesourinha	2	2	2	1	7
		<i>Xolmis cinereus</i>	Maria-branca	0	4	1	0	5
		<i>Pyrocephalus rubinus</i>	Verão	0	1	0	0	1
	Vireonidae	<i>Cyclarhis gujanensis</i>	Gente-de-fora-vem	8	19	1	0	28
		<i>Vireo olivaceus</i>	Juruviara	0	1	0	0	1
Pelecaniformes								
	Ardeidae	<i>Agamia agami</i>	Garça-beija-flor	0	0	0	1	1
		<i>Ardea alba</i>	Garça-branca-grande	33	66	28	3	130
		<i>Ardea cocoi</i>	Garça-moura	3	21	1	0	25
		<i>Botaurus pinnatus</i>	Socó-baio	2	3	2	0	7

## ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
		<i>Bubulcus ibis</i>	Garça-vaqueira	9	16	12	1	38
		<i>Butorides striatus (B. striata)</i>	Socó	17	38	56	0	111
		<i>Cochlearius cochlearius</i>	Arapapá	2	4	4	0	10
		<i>Egretta caerulea</i>	Garça-azul	0	1	0	0	1
		<i>Egretta thula</i>	Garça-branca-pequena	9	42	8	0	59
		<i>Egretta tricolor</i>	Garça-tricolor	0	1	0	0	1
		<i>Ixobrychus exilis</i>	Socoí-vermelho	8	3	7	0	18
		<i>Ixobrychus involucris</i>	Socoí-amarelo	0	10	3	0	13
		<i>Nyctanassa violacea</i>	Savacu de coroa	3	3	0	0	6
		<i>Nycticorax nycticorax</i>	Socó-dorminhoco, savacu	25	44	11	1	81
		<i>Pelecaniformes</i>	Pelecaniformes	0	1	0	0	1
		<i>Pilherodius pileatus</i>	Garça-real	0	5	1	0	6
		<i>Syrigma sibilatrix</i>	Maria-faceira	2	10	1	0	13
		<i>Tigrisoma fasciatum</i>	Socó-boi-escuro	1	3	1	1	6
		<i>Tigrisoma lineatum</i>	Socó-boi	8	20	15	0	43
		<i>Zebrilus undulatus</i>	Socó-pulador	0	1	7	1	9
	Threskiornithidae	<i>Phimosus infuscatus</i>	Maçarico preto	0	3	0	0	3
		<i>Eudocimus ruber</i>	Guará	3	0	0	0	3
		<i>Mesembrinibis cayennensis</i>	Coró-coró	0	2	0	0	2
		<i>Platalea ajaja</i>	Colhereiro	0	0	4	0	4
		<i>Theristicus caudatus</i>	Curicaca	3	8	2	2	15
	Phaethontidae	<i>Phaethon aethereus</i>	Rabo-de-palha-de-bico-vermelho	0	1	0	0	1
Piciformes	Picidae	<i>Campephilus melanoleucos</i>	Pica-pau-de-topete-vermelho	0	1	0	1	2
		<i>Celeus flavescens</i>	Pica-pau, João-velho	7	28	2	0	37
		<i>Colaptes campestris</i>	Pica-pau-do-campo	7	32	24	0	63
		<i>Colaptes melanochloros</i>	Pica-pau-verde-barrado	0	48	17	0	65
		<i>Dryocopus lineatus</i>	Pica-pau-de-banda-barnca	3	18	2	0	23
		<i>Melanerpes candidus</i>	Birro	2	2	5	0	9
		<i>Picidae</i>	Pica-pau	54	15	5	0	74
		<i>Picumnus temminckii</i>	Pica-Pau-Anão-de-Coleira	0	0	1	0	1
		<i>Veniliornis passerinus</i>	Picapauzinho-anão	0	2	2	0	4
		<i>Veniliornis spilogaster</i>	Picapauzinho-verde-carijó	0	0	1	0	1
	Ramphastidae	<i>Pteroglossus baillonii</i>	Araçari-banana	1	2	3	0	6
		<i>Piciformes</i>	Araçari	1	1	0	0	2
		<i>Pteroglossus aracari</i>	Araçari-de-bico-branco	7	4	14	0	25
		<i>Pteroglossus beauharnaesii</i>	Araçari-mulato	1	0	0	0	1
		<i>Pteroglossus castanotis</i>	Araçari-castanho	0	5	2	3	10
		<i>Pteroglossus inscriptus</i>	Araçari-miudinho-de-bico-riscado	19	5	5	1	30
		<i>Pteroglossus viridis</i>	Araçari-limão	0	0	1	2	3
		<i>Pteroglossus sp</i>	Araçari	0	0	1	1	2

ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total
		<i>Ramphastos dicolorus</i>	Tucano-de-bico-verde	89	78	38	0	205
		<i>Ramphastos sp.</i>	Tucano	0	0	3	0	3
		<i>Ramphastos toco</i>	Tucano-açu	134	146	111	0	391
		<i>Ramphastos tucanus</i>	tucano-grande-de-papo-branco	15	5	11	2	33
		<i>Ramphastos vitellinus</i>	Tucano do bico preto	23	14	21	1	59
		<i>Selenidera maculirostris</i>	Araçari-poca	187	4	8	2	201
Podicipediformes								
	Podicipedidae	<i>Podilymbus podiceps</i>	Mergulhão-caçador	2	3	0	0	5
	Podicipedidae	<i>Tachybaptus dominicus</i>	Mergulhão-pequeno	1	2	0	1	4
Procellariiformes								
	Diomedidae	<i>Diomedea exulans</i>	Albatroz	1	0	0	0	1
		<i>Diomedea melanophrys</i>	Albatroz-de-sobrancelha	1	0	0	0	1
		<i>Thalassarche chlororhynchos</i>	Albatroz-de-nariz-amarelo	0	1	2	0	3
	Procellariidae	<i>Procellaria cinerea</i>	Pardela-cinza	4	0	0	0	4
		<i>Procellaria aequinoctialis</i>	Pardela	0	1	0	0	1
		<i>Puffinus assimillis</i>	Pardela-pequena	0	1	0	0	1
		<i>Puffinus griseus</i>	Bobo-escuro	1	12	2	0	15
		<i>Puffinus puffinus</i>	Bobo-pequeno	0	9	4	1	14
		<i>Macronectes halli</i>	Petrel-gigante	0	5	0	0	5
		<i>Calonectris borealis</i>	Calidris alba	0	25	2	0	27
Psittaciformes								
	Psittacidae	<i>Alipiopsitta xanthops</i>	Papagaio-galego	37	17	21	1	76
	Psittacidae	<i>Amazona aestiva</i>	Papagaio verdadeiro	2145	279	939	32	3395
		<i>Amazona amazonica</i>	Papagaio-do-mangue	474	84	429	85	1072
		<i>Amazona autumnalis</i>	Papagaio-diadema	6	0	1	0	7
		<i>Amazona dufresniana</i>	Papagaio-de-bochecha-azul	0	0	1	0	1
		<i>Amazona farinosa</i>	Papagaio-moleiro	54	14	31	9	108
		<i>Amazona festiva</i>	Papagaio-papa-cacau	44	1	11	13	69
		<i>Amazona kawalli</i>	Papagaio-dos-garbes	1	0	0	1	2
		<i>Amazona ochrocephala</i>	Papagaio-campeiro	28	1	39	7	75
		<i>Amazona pretrei</i>	Papagaio charão	11	4	5	0	20
		<i>Amazona rhodocorytha</i>	Papagaio-chauá	207	4	160	0	371
		<i>Amazona sp</i>	Papagaio	44	11	19	0	74
		<i>Amazona vinacea</i>	Papagaio-de-peito-roxo	90	23	69	3	185
		<i>Anodorhynchus hyacinthinus</i>	Arara-azul-grande	10	9	8	3	30
		<i>Ara ararauna</i>	Arara canidé	297	126	203	21	647
		<i>Ara chloropterus</i>	Arara-vermelha-grande	49	21	42	6	118
		<i>Ara macao</i>	Araracanga	59	15	25	9	108
		<i>Ara severus</i>	Maracanã-guaçu	2	3	7	0	12
		<i>Aratinga acuticaudata</i>	Aratinga-de-testa-azul	6	1	4	0	11
		<i>Aratinga aurea</i>	Periquito rei	515	110	250	7	882



ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreensão	Recolhimento	Entrega voluntária	Indefinido	Total	
Psittaciformes		<i>Aratinga auricapillus</i>	Jandaia-de-testa-vermelha	14	13	34	0	61	
		<i>Aratinga cactorum</i>	Periquito-da-caatinga	985	51	347	18	1401	
		<i>Aratinga jandaya</i>	Jandaia-verdadeira	83	27	17	4	131	
		<i>Aratinga leucophthalma</i>	Maritaca	800	463	548	23	1834	
		<i>Aratinga nenday</i>	Periquito-de-cabeça-negra	0	1	3	0	4	
		<i>Aratinga pertinax</i>	Periquito-de-bochecha-parda	0	0	2	2	4	
		<i>Aratinga solstitialis auricapilla</i>	Jandaia	11	1	2	0	14	
		<i>Aratinga sp</i>	Maritaca	17	6	1	0	24	
		<i>Aratinga weddellii</i>	Curica-cabeça-preta	1	0	0	0	1	
		<i>Bolborhynchus lineola</i>	Catarina	18	0	0	0	18	
		<i>Brotogeris chiriri</i>	Periquito-de-encontro-amarelo	316	167	349	1	833	
		<i>Brotogeris chrysoptera</i>	Periquito-de-asa-dourada	0	0	2	0	2	
		<i>Brotogeris sanctithomae</i>	Periquito-estrela	49	0	19	7	75	
		<i>Brotogeris tirica</i>	Periquito-rico	169	350	69	1	589	
		Psittacidae	<i>Brotogeris versicolurus</i>	Periquito-de-asa-branca	80	0	31	5	116
			<i>Derophtus accipitrinus</i>	Anacã	2	2	2	1	7
			<i>Diopsittaca nobilis</i>	Maracanã-nobre	61	33	44	6	144
			<i>Forpus passerinus</i>	Tuim-santo	14	0	0	0	14
			<i>Forpus xanthopterygius</i>	Tuim	526	33	68	5	632
	<i>Graydidascalus brachyurus</i>		Curica-verde	2	0	2	0	4	
	<i>Guaruba guarouba</i>		Ararajuba	9	6	8	0	23	
	<i>Myopsitta monachus</i>		Caturrita	32	2	10	0	44	
	<i>Neophema bourkii</i>		Neophema	3	0	0	0	3	
	<i>Orthopisttaca manilata</i>		Maracanã-do-buriti	11	2	6	0	19	
	<i>Pionites leucogaster</i>		Marianinha	7	1	1	0	9	
	<i>Pionites melanocephalus</i>		Marianinha-de-cabeça-preta	0	0	2	0	2	
	<i>Pionopsitta pileata</i>		Cuiu-cuiu	10	1	4	1	16	
	<i>Pionus fuscus</i>		Maitaca-roxa	4	0	1	3	8	
	<i>Pionus maximiliani</i>		Maitaca	211	47	81	1	340	
	<i>Pionus menstruus</i>		Maitaca-da-cabeça-azul	25	6	48	3	82	
	<i>Psittaciformes</i>		Psittaciformes	143	112	35	0	290	
	<i>Primolius maracana</i>		Maracana-guaçu	61	21	32	0	114	
	<i>Primolius auricollis</i>		Maracanã-de-colar	1	0	0	0	1	
	<i>Pyrrhura cruentata</i>		Tiriba-grande	3	0	0	0	3	
	<i>Pyrrhura frontalis</i>	Tiriba	49	31	30	0	110		
	<i>Pyrrhura griseipectus</i>	Tiriba-de-peito-cinza	0	0	1	0	1		
	<i>Pyrrhura lepida</i>	Tiriba-Pérola	3	1	2	0	6		
	<i>Pyrrhura leucotis</i>	Tiriba-de-orelha-branca	19	0	0	0	19		
	<i>Pyrrhura perlata</i>	Tiriba-de-barriga-vermelha	10	1	2	0	13		
<i>Pyrrhura picta</i>	Tiriba-de-testa-azul	2	0	0	0	2			
<i>Pyrrhura roseifrons</i>	Tiriba-de-Cabeça-Vermelha	4	0	0	0	4			
<i>Tricharia malachitacea</i>	Sabiá-cica	2	1	1	0	4			
<i>Brotogeris sp</i>	Periquito	0	0	3	0	3			

ANEXO 1 – Espécies de aves encaminhadas para os CETAS do Brasil durante os anos de 2008 a 2010 continuação...

Ordem	Família	Espécie	Nome Popular	Apreen- são	Recolhi- mento	Entrega voluntária	Indefi- nido	Total
Sphenisciformes								
	Spheniscidae	<i>Spheniscus magellanicus</i>	Pinguim-de-magalhães	196	116	192	1	505
Strigiformes								
	Strigidae	<i>Asio clamator</i>	Coruja-orelhuda	142	248	88	3	481
		<i>Asio stygius</i>	Mocho-diabo	2	24	13	0	39
		<i>Athene cunicularia</i>	Coruja-buraqueira	62	248	142	6	458
		<i>Bubo virginianus</i>	Jacurutu	1	6	5	0	12
		<i>Glaucidium brasilianum</i>	Caburé	20	151	66	15	252
		<i>Glaucidium hardyi</i>	Caburé-da-amazônia	0	0	2	2	4
		<i>Glaucidium minutissimum</i>	Caburé	0	4	0	0	4
		<i>Megascops choliba</i>	Corujinha-do-mato	86	411	111	8	616
		<i>Megascops watsoni</i>	Corujinha-orelhuda	3	0	0	0	3
		<i>Pulsatrix koeniswaldiana</i>	Murucutu-de-barriga-amarela	22	6	3	0	31
		<i>Pulsatrix perspicillata</i>	Murucutu	14	9	9	0	32
		<i>Strigiformes</i>	strigiformes	2	41	8	0	51
		<i>Strix huhula</i>	Coruja-preta	1	1	0	0	2
		<i>Strix hylophila</i>	Coruja-listrada	1	4	2	1	8
		<i>Strix virgata</i>	Coruja-do-mato	4	14	7	0	25
	Tytonidae	<i>Tyto alba</i>	Suindara	152	631	365	24	1172
Struthioniformes								
	Rheidae	<i>Rhea americana</i>	Ema	2	22	14	1	39
Suliformes								
	Anhingidae	<i>Anhinga anhinga</i>	Biguatinga	2	3	0	0	5
	Fregatidae	<i>Fregata magnificens</i>	Fragata	2	13	3	0	18
	Phalacrocoracidae	<i>Phalacrocorax brasilianus</i>	Biguá	8	22	4	0	34
	Sulidae	<i>Sula dactylatra</i>	Atobá-grande	0	1	0	0	1
		<i>Sula leucogaster</i>	Atobá	12	25	12	1	50
Tinamiformes								
	Tinamidae	<i>Crypturellus noctivagus</i>	Jaó-do-sul	0	0	3	0	3
		<i>Crypturellus obsoletus</i>	Inhambu-guaçu	0	1	0	0	1
		<i>Crypturellus parvirostris</i>	Inhambu-chororó	8	0	0	0	8
		<i>Crypturellus sp.</i>	Inhambu	2	1	2	0	5
		<i>Crypturellus tataupa</i>	Inhambu-chintã	5	0	1	0	6
		<i>Crypturellus undulatus</i>	Jaó	0	0	6	0	6
		<i>Nothura boraquira</i>	Codorna-do-nordeste	5	1	1	0	7
		<i>Nothura maculosa</i>	codorna	0	1	9	0	10
		<i>Rhynchotus rufescens</i>	Perdiz	4	5	21	0	30
		<i>Taoniscus nanus</i>	Inhambu-carapé	1	0	0	0	1
		<i>Tinamiformes</i>	Tinamiformes	0	3	0	0	3
		<i>Tinamus guttatus</i>	Inhambu-galinha	0	0	2	0	2
Trogoniformes								
	Trogonidae	<i>Trogon curucui</i>	Surucuá	1	1	0	0	2
		<i>Trogon surrucura</i>	Surucuá	0	0	0	0	0
	Total			114653	13244	13912	1239	143047

## ANEXO II – AUTORIZAÇÃO SISBIO



Ministério do Meio Ambiente - MMA  
 Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio  
 Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO

### Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 28683-1	Data da Emissão: 12/05/2011 08:39
Dados do titular	
Nome: DANIEL AMBROZIO DA ROCHA VILELA	CPF: 972.409.586-04
Título do Projeto: Diversidade genética de Chlamydomonas psittaci em psitacídeos cativos no Brasil	
Nome da Instituição : UFMG - UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS	CNPJ: 17.217.985/0001-04

#### Cronograma de atividades

#	Descrição da atividade	Início (mês/ano)	Fim (mês/ano)
1	Coleta e análise das amostras	05/2011	05/2012

De acordo com o art. 33 da IN 154/2009, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto.

#### Observações e ressalvas

1	As atividades de campo exercidas por pessoa natural ou jurídica estrangeira, em todo o território nacional, que impliquem o deslocamento de recursos humanos e materiais, tendo por objeto coletar dados, materiais, espécimes biológicos e minerais, peças integrantes da cultura nativa e cultura popular, presente e passa da, obtidos por meio de recursos e técnicas que se destinem ao estudo, à difusão ou à pesquisa, estão sujeitas a autorização do Ministério de Ciência e Tecnologia.
2	Esta autorização NÃO exime o pesquisador titular e os membros de sua equipe da necessidade de obter as anuências previstas em outros instrumentos legais, bem como do consentimento do responsável pela área, pública ou privada, onde será realizada a atividade, inclusive do órgão gestor da unidade de conservação estadual, distrital ou municipal, ou do proprietário, arrendatário, posseiro ou morador de área dentro dos limites de unidade de conservação federal cujo processo de regularização fundiária encontra-se em curso.
3	Este documento somente poderá ser utilizado para os fins previstos na Instrução Normativa IBAMA nº 154/2007 ou na Instrução Normativa ICMBio nº 10/2010, no que especifica esta Autorização, não podendo ser utilizado para fins comerciais, industriais ou esportivos. O material biológico coletado deverá ser utilizado para atividades científicas ou didáticas no âmbito do ensino superior.
4	A autorização para envio ao exterior de material biológico não consignado deverá ser requerida por meio do endereço eletrônico <a href="http://www.ibama.gov.br">www.ibama.gov.br</a> (Serviços on-line - Licença para importação ou exportação de flora e fauna - CITES e não CITES). Em caso de material consignado, consulte <a href="http://www.icmbio.gov.br/sisbio">www.icmbio.gov.br/sisbio</a> - menu Exportação.
5	O titular de licença ou autorização e os membros da sua equipe deverão optar por métodos de coleta e instrumentos de captura direcionados, sempre que possível, ao grupo taxonômico de interesse, evitando a morte ou dano significativo a outros grupos; e empregar esforço de coleta ou captura que não comprometa a viabilidade de populações do grupo taxonômico de interesse em condição in situ.
6	Este documento não dispensa o cumprimento da legislação que dispõe sobre acesso a componente do patrimônio genético existente no território nacional, na plataforma continental e na zona econômica exclusiva, ou ao conhecimento tradicional associado ao patrimônio genético, para fins de pesquisa científica, bioprospecção e desenvolvimento tecnológico. Veja maiores informações em <a href="http://www.mma.gov.br/cgen">www.mma.gov.br/cgen</a> .
7	Em caso de pesquisa em UNIDADE DE CONSERVAÇÃO, o pesquisador titular desta autorização deverá contactar a administração da unidade a fim de CONFIRMAR AS DATAS das expedições, as condições para realização das coletas e de uso da infra-estrutura da unidade.

#### Equipe

#	Nome	Função	CPF	Doc. Identidade	Nacionalidade
1	Nelson Rodrigo da Silva Martins	Orientador e Coordenador do projeto	199.767.470-04	7000498902 SSP-RS	Brasileira

#### Locais onde as atividades de campo serão executadas

#	Município	UF	Descrição do local	Tipo
1	MANAUS	AM	Cetas do IBAMA em Manaus	Fora de UC
2	RIO BRANCO	AC	Cetas do IBAMA	Fora de UC
3	SALVADOR	BA	Cetas do IBAMA	Fora de UC
4	BRASILIA	DF	Cetas do IBAMA	Fora de UC
5	VILA VELHA	ES	Cetas do IBAMA	Fora de UC
6	GOIANIA	GO	Cetas do IBAMA	Fora de UC
7	IMPERATRIZ	MA	Cetas do IBAMA	Fora de UC
8	CAMPO GRANDE	MS	Cetas do Estado	Fora de UC
9	BELO HORIZONTE	MG	Cetas do IBAMA	Fora de UC
10	CABEDELO	PB	Cetas do IBAMA	Fora de UC
11	CURITIBA	PR	Cetas da PUC/PR	Fora de UC
12	RECIFE	PE	Cetas do IBAMA	Fora de UC
13	TERESINA	PI	Cetas do IBAMA	Fora de UC
14	SEROPEDICA	RJ	Cetas do IBAMA	Fora de UC

Este documento (Autorização para atividades com finalidade científica) foi expedido com base na Instrução Normativa nº154/2007. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet ([www.icmbio.gov.br/sisbio](http://www.icmbio.gov.br/sisbio)).

**Código de autenticação: 36932675**



Página 1/3