



ANAIS DO EVENTO



**Congresso Nacional
de Microbiologia Clínica**

ISSN 2675-8008 | V.7 N.1 2026


EDITORA
INTEGRAR

ORGANIZAÇÃO

Instituto Multiprofissional de Ensino - IME
CNPJ 36.773.074/0001-08

PARCEIROS

Editora Integrar
Associação Brasileira de Educação a Distância - ABED



A Editora Integrar é a editora vinculada ao **VI Congresso Nacional de Microbiologia Clínica - CONAMIC** atuando na publicação dos anais do respectivo evento.

A Editora Integrar tem como objetivo difundir de forma democrática o conhecimento científico, portanto, promovemos a publicação de artigos científicos, anais de congressos, simpósios e encontros de pesquisa, livros e capítulos de livros, em diversas áreas do conhecimento.

Os anais do **IV CONAMIC** estão publicados na **Revista Multidisciplinar em Saúde** (ISSN: 2675-8008), correspondente ao volume 7, número 1, do ano de 2026.

APRESENTAÇÃO

O VI Congresso Nacional de Microbiologia Clínica On-line ocorreu entre os dias **19 a 22 de janeiro de 2026**, considerado como um evento de caráter técnico-científico destinado a acadêmicos, profissionais e curiosos na área da Microbiologia!

Com objetivo central de difundir o conhecimento e estimular o pensamento científico, discutiu-se temas de grandes relevâncias na área da Microbiologia, com o intuito de atingir o maior número de pessoas possíveis. O VI CONAMIC também contou com um espaço para apresentação de trabalhos científicos e publicações de resumos nos anais do evento.

PROGRAMAÇÃO

Dia 19 de janeiro de 2026

Palestras:

- 08:00 | **Comissão Organizadora (SOBREC)** | Abertura do Evento
- 09:00 | **Raí Emanuel da Silva** | Contribuições da Microbiologia Clínica para a pesquisa e desenvolvimento de novos agentes antimicrobianos
- 10:00 | **Thais Avila Fernandes Catan** | Biossegurança laboratorial em microbiologia clínica
- 11:00 | **Leonardo Ferreira Oliveira** | Biofilmes bacterianos: impacto clínico e estratégias terapêuticas
- 13:00 | **Cássio Marinho Campelo** | Vírus emergentes e reemergentes: desafios para a saúde global
- 14:00 | **Lucas Pereira da Silva Neris** | Fungos e Bactérias oportunistas em pessoas vivendo com HIV

Dia 20 de janeiro de 2026

Palestras:

- 09:00 | **José Weverton Almeida Bezerra** | Bombas de Efluxo: Arquitetura, Função e Impacto na Resistência Microbiana
- 10:00 | **Bruno Jaegger Laranjeira** | Urocultura como Estratégia de Crescimento: Mais Lucro, Agilidade e Qualidade nos Resultados Laboratoriais
- 11:00 | **Juliana Britto Martins de Oliveira** | Diagnóstico sindrômico de infecções respiratórias: o papel do Filmarray na era da medicina molecular
- 13:00 | **Maisah Meyhr D’Carmo Sodr ** | Educa o continuada em microbiologia cl nica: capacita o e atualiza o de profissionais de sa de
- 14:00 | **Janaina Rodrigues de Souza** | Urocultura: O que seria e qual sua import ncia

Dia 21 de janeiro de 2026

Palestras:

- 09:00 | **Mariana Moreira Alves** | Bactérias multidrogas resistentes: quando a combinações de antimicrobianos pode aumentar a resistencia
- 10:00 | **Ana Cristina Oliveira de Almeida Novelli** | Diagnóstico laboratorial e vigilância sorologica nas arboviroses
- 11:00 | **Carlos Emanuel Vieira Flores Soares** | Fungos de importância médica no contexto hospitalar
- 13:00 | **Isabelly Guimarães Silva** | Resistência antifúngica emergente: preocupações clínicas atuais
- 14:00 | **Tassia Thaís Al Yafawi** | A remodelação do microbioma pelo uso indiscriminado de antibióticos e seu impacto no surgimento de infecções por bactérias resistentes

Dia 22 de janeiro de 2026

Palestras:

- 09:00 | **Ana Claudia Souza Rodrigues** | Resistência bacteriana: um desafio global para a saúde pública
- 10:00 | **Luiz Filipe Santos Costa** | Diferenças entre diagnósticos de MTB e MNT
- 11:00 | **Raimundo Luiz Silva Pereira** | Nanotubos de Titanato dopados com Ga^{3+} e Sr^{2+} : Novas Perspectivas Antibacterianas e Toxicológicas
- 13:00 | **Roberto Carlos Vieira da Silva Junior** | Avanços em vacinas virais: RNA mensageiro e plataformas emergentes
- 14:00 | **Comissão Organizadora (SOBREC)** | Encerramento do evento



ESTUDOS EPIDEMIOLÓGICOS SOBRE BACTÉRIAS NA REGIÃO NORTE DO BRASIL: PERFIL DE RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM ISOLADOS CLÍNICOS

LUÍSA DOURADO DE SOUZA

RESUMO

A resistência antimicrobiana constitui um dos principais desafios globais em saúde pública, com impacto direto na morbimortalidade de pacientes hospitalizados. No Brasil, essa realidade é especialmente preocupante na Região Norte, onde a carência de infraestrutura laboratorial e de recursos humanos qualificados dificulta a vigilância epidemiológica contínua. O presente estudo teve como objetivo descrever o perfil epidemiológico de bactérias isoladas em hospitais de Boa Vista (RR) e Macapá (AP), destacando padrões de resistência antimicrobiana e suas implicações em saúde pública. Trata-se de uma revisão narrativa, baseada em literatura científica e relatórios oficiais publicados entre 2019 e 2025. Foram incluídos 12 documentos, selecionados em bases como PubMed, SciELO e BVS Saúde, além de boletins do Ministério da Saúde e secretarias estaduais. Os principais achados indicam elevada prevalência de *Staphylococcus aureus* (incluindo cepas resistentes à meticilina), *Escherichia coli* e *Klebsiella pneumoniae* em infecções de corrente sanguínea, urinárias e respiratórias, além de *Pseudomonas aeruginosa* com resistência significativa a carbapenênicos. A presença de genes como *blaKPC* e *mecA* foi confirmada em isolados clínicos, configurando risco de disseminação regional e surtos hospitalares de difícil controle. Os resultados demonstram falhas na vigilância laboratorial e reforçam a necessidade de implementação de Programas de Stewardship Antimicrobiano, com foco na racionalização do uso de antibióticos, capacitação profissional e ampliação do acesso a exames microbiológicos de rotina. Conclui-se que o cenário epidemiológico da Região Norte exige medidas integradas de vigilância, controle de infecções e investimentos em infraestrutura laboratorial, de modo a reduzir o impacto da resistência antimicrobiana e aprimorar a segurança dos pacientes.

Palavras-chave: Vigilância; Infecção; Multirresistência.

1 INTRODUÇÃO

A resistência antimicrobiana (RAM) é reconhecida como uma das maiores ameaças à saúde pública do século XXI, impactando diretamente a morbimortalidade de pacientes hospitalizados e a eficácia dos tratamentos clínicos. Estima-se que, até 2050, infecções por microrganismos resistentes possam superar o câncer como causa principal de morte no mundo, caso medidas de contenção não sejam implementadas (OMS, 2023).

No Brasil, a RAM é intensificada pelo uso indiscriminado de antibióticos em hospitais, comunidades e na agropecuária, favorecendo a disseminação de bactérias multirresistentes. A Região Norte apresenta vulnerabilidades específicas, como escassez de laboratórios de referência, dificuldade logística para transporte de amostras e limitação de recursos voltados à

vigilância epidemiológica contínua. Essas fragilidades dificultam a detecção precoce de infecções resistentes e aumentam o risco de surtos hospitalares de difícil controle.

Estudos epidemiológicos que descrevem a prevalência de microrganismos multirresistentes são essenciais para orientar políticas públicas, protocolos clínicos e programas de Stewardship Antimicrobiano. A literatura recente aponta que *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* e *Pseudomonas aeruginosa* são os agentes mais frequentemente isolados em hospitais da região, apresentando resistência a múltiplas classes de antibióticos, incluindo penicilinas, cefalosporinas e carbapenêmicos.

Diante desse contexto, o presente trabalho tem como objetivo geral descrever o perfil epidemiológico de bactérias isoladas em hospitais de Boa Vista (RR) e Macapá (AP), analisando os padrões de resistência antimicrobiana e suas implicações para a vigilância em saúde pública na Região Norte do Brasil.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Trata-se de um estudo do tipo **revisão narrativa**, realizado com base em literatura científica e relatórios oficiais publicados entre 2019 e 2025, com foco na Região Norte do Brasil, especificamente nas capitais Boa Vista (RR) e Macapá (AP).

Foram incluídos **12 documentos**, selecionados em bases de dados como **PubMed, SciELO e BVS Saúde**, além de boletins do **Ministério da Saúde** e das **Secretarias Estaduais de Saúde de Roraima e Amapá**. Os critérios de **inclusão** abrangeram estudos que apresentaram dados sobre prevalência bacteriana em hospitais da região ou perfil de resistência antimicrobiana em isolados clínicos. Foram excluídos trabalhos duplicados, incompletos ou que não apresentaram dados epidemiológicos quantitativos relevantes.

O procedimento consistiu na leitura detalhada dos documentos selecionados, extração e síntese das informações sobre:

1. **Prevalência bacteriana** em diferentes tipos de infecção (corrente sanguínea, urinária e respiratória);
2. **Perfil de resistência antimicrobiana**, incluindo detecção de genes como *blaKPC* e *mecA*;
3. **Medidas de vigilância e controle** adotadas pelos hospitais.

Os dados foram organizados de forma descritiva, permitindo identificar tendências de resistência e correlacionar os achados com a literatura científica disponível. A análise qualitativa possibilitou discutir os impactos da resistência antimicrobiana sobre a saúde pública local, bem como a necessidade de implementação de programas de **Stewardship Antimicrobiano** e estratégias de vigilância laboratorial descentralizada.

Este método garante a **reprodutibilidade** do estudo, permitindo que futuros pesquisadores possam utilizar as mesmas fontes e critérios para atualizar ou ampliar as análises sobre a resistência bacteriana na Região Norte.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os principais achados da revisão indicam que a Região Norte apresenta um perfil bacteriano preocupante, com prevalência significativa de *Staphylococcus aureus*, incluindo cepas resistentes à meticilina (MRSA), *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* e *Pseudomonas aeruginosa*. Essas bactérias foram mais frequentemente isoladas em infecções de corrente sanguínea, urinárias e respiratórias, refletindo a diversidade de infecções hospitalares na região.

Em **Macapá (2025)**, levantamentos realizados no Hospital Universitário identificaram que mais de 40% dos isolados de *K. pneumoniae* e *E. coli* apresentavam produção de β -

lactamases de espectro estendido (ESBL), além de resistência significativa a quinolonas. Em **Boa Vista (2023)**, relatórios da Secretaria Estadual de Saúde destacaram surtos hospitalares por *S. aureus* e Enterobacterales, associados ao uso inadequado de antimicrobianos e à ausência de programas estruturados de Stewardship.

A presença de genes de resistência, como *blaKPC* e *mecA*, confirma o risco elevado de disseminação regional e de surtos de difícil controle. Esses resultados corroboram estudos nacionais e internacionais que apontam o crescimento da resistência bacteriana em regiões com infraestrutura laboratorial limitada e vigilância epidemiológica fragmentada (FIOCRUZ, 2022; OMS, 2023).

A análise dos dados evidencia a importância da implementação de **Programas de Stewardship Antimicrobiano**, incluindo protocolos clínicos padronizados, capacitação de profissionais de saúde e acesso facilitado a exames microbiológicos de rotina. Além disso, a descentralização dos serviços de vigilância e a articulação com universidades locais podem contribuir para a identificação precoce de isolados resistentes e para a adoção de medidas preventivas eficazes.

Entre as limitações do estudo, destaca-se a dependência de dados secundários e a variação na qualidade das informações disponíveis nos boletins e artigos analisados. Apesar disso, a síntese apresentada oferece um panorama relevante sobre os desafios da resistência antimicrobiana na Região Norte, permitindo orientar políticas públicas e estratégias de controle mais efetivas.

4 CONCLUSÃO

A análise realizada confirma que a Região Norte do Brasil enfrenta um cenário epidemiológico crítico em relação à resistência antimicrobiana, caracterizado pela elevada circulação de microrganismos multirresistentes como *Staphylococcus aureus* (incluindo MRSA), *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* e *Pseudomonas aeruginosa*. Esses agentes apresentam resistência simultânea a diferentes classes de antimicrobianos, incluindo penicilinas, cefalosporinas, quinolonas e até carbapenêmicos, comprometendo as opções terapêuticas disponíveis e aumentando o risco de desfechos clínicos desfavoráveis. Tal realidade expõe fragilidades estruturais dos serviços de saúde da região, entre elas a carência de laboratórios de referência, a baixa cobertura de exames microbiológicos de rotina e a insuficiente capacitação de equipes de saúde para o uso racional de antimicrobianos.

Os resultados reforçam a necessidade urgente de estratégias integradas que aliem vigilância epidemiológica contínua, protocolos clínicos padronizados de prescrição e o fortalecimento de Programas de Stewardship Antimicrobiano. A descentralização dos serviços laboratoriais e a criação de redes colaborativas com universidades e centros de pesquisa locais podem contribuir para a detecção precoce de surtos e a contenção da disseminação de genes de resistência como *blaKPC* e *mecA*. Além disso, políticas públicas específicas devem priorizar investimentos em infraestrutura, capacitação multiprofissional e campanhas educativas voltadas à conscientização da sociedade sobre o uso racional de antibióticos.

Entre as limitações do estudo, destacam-se a dependência de dados secundários e a heterogeneidade metodológica das fontes analisadas, que podem restringir a comparabilidade dos achados. Dessa forma, recomenda-se que futuras pesquisas adotem análises primárias multicêntricas, ampliem a abrangência geográfica e avaliem a efetividade das medidas de controle já implementadas.

Em síntese, os achados indicam que a resistência antimicrobiana na Região Norte é um problema complexo e multifatorial, que demanda ações intersetoriais e políticas de longo prazo. Apenas por meio de investimentos estruturais, fortalecimento da vigilância e integração entre

pesquisa, ensino e prática clínica será possível reduzir a morbimortalidade associada às infecções hospitalares e assegurar maior segurança e qualidade no cuidado ao paciente.

REFERÊNCIAS

BRASIL. Ministério da Saúde. *Boletim Epidemiológico de Resistência Antimicrobiana*, v. 55, n. 2, 2024.

CDC – CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION. *Antibiotic Resistance Threats in the United States*. Atlanta: CDC, 2022.

FIOCRUZ. *Resistência Antimicrobiana no Brasil: desafios e perspectivas*. Rio de Janeiro: Fiocruz, 2022.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE – OMS. *Antimicrobial resistance: global report on surveillance*. Geneva: WHO, 2023.

SANTOS, A. C. S.; et al. Perfil epidemiológico de bactérias resistentes em hospital de referência no Amapá. *Amazonia Science & Health*, v. 13, n. 2, p. 45-54, 2025.

SECRETARIA DE ESTADO DA SAÚDE DE RORAIMA. *Relatório Anual de Vigilância em Saúde*. Boa Vista: SESAU, 2023.



COMPOSIÇÕES À BASE DE GANODERMA LUCIDUM CONTRA PATÓGENOS BACTERIANOS E FÚNGICOS CLINICAMENTE RELEVANTES

ALINE ARANDAS FERREIRA SILVA; CIRO RAMON FÉLIX DOS SANTOS SILVA; LUISY MARIA SANTIAGO LESSA LUZ; LETÍCIA BEATRIZ CAVALCANTE MELO; LEONARDO FRANCISCO DA SILVA; FERNANDA CRISTINA DE ALBUQUERQUE MARANHÃO

Introdução: *Ganoderma lucidum* (GL) é um fungo considerado adaptógeno na Medicina Tradicional Chinesa (MTC), reconhecido p. ex. por propriedades imunomoduladora e antioxidante. **Objetivo:** Este estudo objetivou criar formulações únicas com GL para testes de suscetibilidade antimicrobiana contra espécies de bactérias e fungos de importância epidemiológica. **Metodologia:** Composições foram preparadas com cogumelos triturados e incubados em álcool e/ou água destilada (hidroalcoólica/EHA), EHA concentrada em rotaevaporador (sem álcool/ECO) e aquosa (EAQ). As concentrações inibitórias (por microdiluição) e letais (CIM e CLM) mínimas foram determinadas contra cepas de referência de ATCC *Staphylococcus aureus* (25923), *Escherichia coli* (25922) e *Candida parapsilosis* (CBS 60467), além de cepas clínicas (*Candida albicans* e *Trichophyton rubrum*). Análises estatísticas foram efetivadas no software R (ANOVA unidirecional e teste de Tukey com ajuste de Bonferroni para valores de p; α : 0,05), e gráficos criados por ggplot2. **Resultados:** O efeito microbiostático foi confirmado para ECO e EHA, com EHA demonstrando eficácia superior ($p < 0,05$). CIM de ECO foi 375 $\mu\text{g/ml}$ e 46,875 $\mu\text{g/ml}$ contra *C. albicans* e *C. parapsilosis*, respectivamente, 187,5 $\mu\text{g/ml}$ contra *E. coli* e 93,75 $\mu\text{g/ml}$ eficiente para *S. aureus* e *T. rubrum*. CIM de EHA foi reduzida em 10x contra *C. albicans* (37,5 $\mu\text{g/ml}$), e ainda menor para *C. parapsilosis* (7,8 $\mu\text{g/ml}$). EHA também apresentou melhores resultados contra *E. coli* (CIM 18,75 $\mu\text{g/ml}$), *S. aureus* (18,75 $\mu\text{g/ml}$) e *T. rubrum* (10,875 $\mu\text{g/ml}$). Quanto às concentrações letais, 375 mg/l, 109,375 mg/l e 93,75 mg/l de ECO foi suficiente contra *C. albicans*, *C. parapsilosis* e *T. rubrum*, respectivamente, sendo letal contra bactérias também: 375 mg/l para *E. coli* e 312,5 mg/l para *S. aureus*. A composição hidroalcoólica (EHA) também foi letal para todas as cepas fúngicas e bacterianas analisadas, tanto de referência como clínicas: *C. albicans* (37,5 mg/l), *C. parapsilosis* (31,25 mg/l), *T. rubrum* (10,875 mg/l; média de 9,375 mg/l, DP 7,24 mg/l); 37,5 mg/l contra *E. coli* e *S. aureus*. A versão aquosa (EAQ) não apresentou atividade contra nenhum dos micro-organismos analisados. **Conclusão:** As versões hidroalcoólica (EHA) e concentrada (ECO) de composição GL demonstraram resultados promissores contra agentes de infecções bacterianas, candidíase e dermatofitose, confirmando ótimas atividades antimicrobianas.

Palavras-chave: **COGUMELO MEDICINAL; MICRODILUIÇÃO; EXTRATO HIDROALCOÓLICO**



ACÇÃO DA DEFENSINA HUMANA HNP-1 EM CEPAS DE STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE MUTANTES COM CÁPSULA TROCADA

SABRINA CAMPOS; THALITA BASTOS DE FREITAS E SILVA; GIULIA DESTRO; THIAGO R CONVERSO; MICHELLE DARRIEUX

Introdução: HNP-1 é uma α -defensina com ampla atividade antimicrobiana; sua ação envolve a desestabilização de membranas celulares de microrganismos e neutralização de toxinas microbianas, além de efeitos imunomoduladores. *Streptococcus pneumoniae* (pneumococo) é um importante patógeno humano, responsável por mais de um milhão de mortes anuais. A cápsula polissacarídica é o principal fator de virulência da bactéria, protegendo-a contra a fagocitose e interação com componentes do sistema imune inato. A cápsula de pneumococo apresenta estrutura altamente variável, com mais de 100 sorotipos diferentes identificados até o momento. Estudos anteriores sugerem que a produção de cápsula sensibiliza o pneumococo à ação de HNP. No entanto, os efeitos da variação na composição da cápsula sobre a ação do peptídeo não foram elucidados. **Objetivos:** Este trabalho teve como objetivo analisar o impacto de variações na cápsula polissacarídica na atividade bactericida do HNP-1 contra *S. pneumoniae*, utilizando cepas mutantes com cápsulas trocadas (*capsule switch*). **Metodologia:** Foram avaliadas três cepas de *S. pneumoniae*, sendo uma cepa parental (TIGR4) e duas mutantes que produzem cápsulas de sorotipos 33A e 6B. A resistência das bactérias ao HNP-1 foi avaliada por meio de um ensaio bactericida *in vitro* com concentrações crescentes do peptídeo. O número de bactérias sobreviventes ao tratamento foi comparado a um grupo controle sem HNP-1. **Resultados:** A cepa mutante de sorotipo 33A apresentou maior sensibilidade à defensina HNP-1 em relação à cepa parental, enquanto a mutante com tipo capsular 6B apresentou maior resistência. Esse resultado se correlacionou com a carga superficial das bactérias: a maior eletronegatividade do sorotipo 6B favorece a interação com o peptídeo, limitando seu acesso à membrana bacteriana. **Conclusão:** Os dados indicam que a resistência do *S. pneumoniae* ao HNP-1 é influenciada pela composição e carga da capsula polissacarídica, o que pode impactar na habilidade de pneumococos de diferentes sorotipos em colonizar o hospedeiro e causar infecções.

Palavras-chave: **PNEUMOCOCO; HNP-1; PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS;**



TENDÊNCIA DA MORTALIDADE POR TUBERCULOSE NO BRASIL ENTRE 2020 A 2024

LETYCIA CHAVES SILVA; RAFAELLA BRAGA NUNES; KATHLEEN LISSA OLIVEIRA DUTRA; ANA CLARA LIMA DE SOUZA RODRIGUES; EMILLY ARIANE CORDEIRO SILVÉRIO

Introdução: a tuberculose, causada pelo *Mycobacterium tuberculosis*, é a principal causa de morte por doenças infecciosas no mundo, superando a covid-19. É considerada um dos principais problemas de saúde pública no Brasil devido ao elevado número de casos, alta mortalidade e baixa taxa de sucesso terapêutico. Sua transmissão ocorre predominantemente por via aérea, através da inalação de partículas em aerossol. Os principais fatores de risco incluem imunossupressão, condições socioeconômicas desfavoráveis, contato próximo com indivíduos infectados e tabagismo. **Objetivo:** analisar a evolução da mortalidade por tuberculose no Brasil, considerando a distribuição regional e as diferenças entre os sexos. **Metodologia:** estudo descritivo com dados secundários do Sistema de Informações de Agravos de Notificações do Sistema Único de Saúde (SINAN/DATASUS) do Ministério da Saúde. Foram incluídos os registros de óbitos por tuberculose no período de 2020 a 2024, analisados segundo as cinco regiões do país e estratificados por sexo feminino e masculino. **Resultados:** o número de óbitos por tuberculose no Brasil aumentou significativamente, passando de 3.340 em 2020 para 4.501 em 2024, o que representa um crescimento de aproximadamente 34,75%. Todas as regiões apresentaram crescimento da mortalidade no período. Os maiores aumentos proporcionais ocorreram na região Norte com 41,94%, enquanto a região Sudeste concentrou os maiores volumes absolutos de óbitos com 46,16% do total, evidenciando sua importância no cenário epidemiológico da doença. Quanto ao sexo, a mortalidade foi predominantemente masculina, com os homens representando 74,89% dos óbitos registrados no período, refletindo uma desigualdade de gênero no impacto da tuberculose, pois a mortalidade é significativamente maior entre os homens. Isso está associado à maior exposição a fatores de risco como tabagismo e uso de álcool, além do histórico de menor busca do sistema de saúde. **Conclusão:** observou-se tendência de crescimento da mortalidade por tuberculose no Brasil entre 2020 a 2024 com predominância na região Sudeste, mas com expansão proporcional mais acentuada no Norte. A maior mortalidade em homens indica a necessidade de reforçar políticas públicas voltadas ao combate dos fatores de risco, como também para a aderência desse grupo ao diagnóstico e ao tratamento.

Palavras-chave: **SAÚDE PÚBLICA; TUBERCULOSE; EPIDEMIOLOGIA;**



TERAPIA FÁGICA: A VANGUARDA CONTRA ACINETOBACTER BAUMANNII MULTIRRESISTENTE – UMA REVISÃO CRÍTICA DO POTENCIAL ANTIBIOFILME E ESTRATÉGIAS DE COMBINAÇÃO ANTIFÁGICA

MAYARA VITÓRIA CÂNDIDO DE CARVALHO; MATHEUS TOLEDO LUZ; LAENY DA SILVA CHAVES; EDUARDA AZARIAS CASSEMIRO

Introdução: A emergência de *Acinetobacter baumannii* Multirresistente (MDR), classificado pela Organização Mundial da Saúde (OMS) como prioridade crítica, representa o limite da eficácia da antibioticoterapia tradicional. A alta prevalência em Unidades de Terapia Intensiva (UTIs) e sua notável capacidade de formar biofilmes complexos confere à bactéria proteção massiva contra os agentes antimicrobianos. Diante do esgotamento das opções terapêuticas, a Terapia Fágica (uso de bacteriófagos líticos) tem sido reexplorada como um tratamento de precisão, oferecendo um mecanismo de ação distinto e alta especificidade contra o patógeno. **Objetivo:** Este estudo propõe realizar uma revisão crítica e aprofundada da literatura científica recente para analisar a eficácia dos bacteriófagos no combate a *A. baumannii* MDR, com foco na capacidade fágica de dismantelar o biofilme e nas estratégias de otimização terapêutica, como a terapia combinada. **Metodologia:** Foi conduzida uma busca abrangente em bases de dados eletrônicas (incluindo PubMed, Scopus e Web of Science), utilizando termos controlados (*MeSH Terms*) como "Phage Therapy", "*Acinetobacter baumannii*", "Biofilm" e "Antimicrobial Resistance". A seleção focou em artigos de revisão e estudos experimentais publicados nos últimos cinco anos (2020-2025) que abordassem a caracterização molecular, a segurança (ausência de genes de lisogenia e virulência) e os ensaios de atividade dos fagos contra cepas resistentes a carbapenêmicos. **Resultados:** A literatura é unânime em demonstrar que a terapia fágica é uma alternativa altamente promissora. Os estudos confirmam que fagos selecionados de forma rigorosa são eficazes na lise de *A. baumannii* em culturas planctônicas e, crucialmente, conseguem penetrar e reduzir significativamente a biomassa dos biofilmes (em média, 70-90%). Além disso, a aplicação de coquetéis fágicos em conjunto com antibióticos de último recurso (como colistina ou tigeciclina) demonstrou um potente sinergismo, revertendo a resistência bacteriana e ressensibilizando a bactéria ao antibiótico. A segurança, confirmada pela análise genômica, é o principal avanço regulatório recente. **Conclusão:** Os resultados da literatura reforçam a Terapia Fágica não apenas como uma alternativa, mas como uma estratégia essencial de medicina translacional para infecções por *A. baumannii* MDR. A capacidade de atacar o biofilme e restabelecer a eficácia antibiótica posiciona os bacteriófagos como uma ferramenta crucial para superar a crise global da resistência antimicrobiana.

Palavras-chave: **BACTERIÓFAGOS; ACINETOBACTER BAUMANNII; RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA;**



APRIMORAMENTO DA PRODUÇÃO DE PROTEÍNAS RECOMBINANTES EM KOMAGATAELLA PHAFFII X-33: ANÁLISE COMPARATIVA ENTRE CEPA MUTANTE E SELVAGEM

EMANUELLA DE FARIA VAZ COELHO; CAIO ROBERTO SOARES BRAGANÇA

Introdução: Leveduras como *Komagataella phaffii* (anteriormente conhecida como *Pichia pastoris*) têm se destacado como sistemas promissores para a expressão de proteínas recombinantes, devido à combinação de alta eficiência de expressão com a capacidade de realizar modificações pós-traducionais. Um fator-chave no sucesso de desta é sua habilidade de metabolizar metanol, processo mediado pela enzima álcool oxidase (AOX). A regulação desse sistema, influenciada pela concentração de metanol e oxigênio, afeta diretamente a expressão dos genes AOX1 e AOX2. No entanto, a toxicidade do metanol e a baixa taxa metabólica em relação a outras fontes de carbono permanecem como desafios a serem superados. Para contornar esses obstáculos, a técnica de melhoramento genético por mutagenese UV foi aplicada para gerar uma cepa mutante de *K. phaffii* X-33 (UEMG-LF/MUT-1). Esta demonstrou maior velocidade de crescimento em baixas concentrações de metanol em comparação com a selvagem, evidenciando o potencial da mutagenese para adaptar cepas com vistas à produção otimizada de proteínas recombinantes. **Objetivo:** Portanto, o estudo objetiva a avaliação do potencial da cepa mutante na produção de proteínas recombinantes quando comparado com a cepa selvagem. Assim, para testar a eficiência da cepa mutante na produção de proteínas recombinantes, foi escolhido o gene que codifica a proteína NS1 do vírus da dengue, dada sua relevância no diagnóstico e no desenvolvimento de vacinas. **Metodologia:** O gene foi inserido em uma bactéria, *Escherichia coli* TOP10F, para sua rápida produção por meio de transformação por choque térmico. Havendo, após essa, extração do DNA plasmidial. As cepas foram transformadas por eletroporação com o plasmídeo pPICZA/NS1/DENV-I e induzidas com 0,1% de metanol a cada 12 horas, durante 4 dias. O sobrenadante foi coletado e purificado utilizando o reagente Y-PER (ThermoFisher Scientific®) seguindo as especificações do fabricante. **Resultados:** A produção da proteína NS1 foi avaliada por SDS-PAGE, com resultados preliminares indicando que a cepa mutante UEMG-LF/MUT-1 possui maior eficiência na produção de proteínas recombinantes em comparação com a cepa selvagem, mesmo em condições de concentração reduzida de metanol. **Conclusão:** Esses achados sugerem o potencial dessa cepa para aplicações industriais na produção de biomoléculas, especialmente em processos que requerem modificação pós-traducional.

Palavras-chave: **LEVEDURA; EXPRESSÃO GÊNICA; MICROBIOLOGIA;**



PREVALÊNCIA DE CARBAPENEMASES DE CLASSE D EM ISOLADOS DE ACINETOBACTER SPP NA CIDADE DE BELÉM DO PARÁ NO PERÍODO DE JANEIRO DE 2019 A ABRIL DE 2022

RAIMUNDO GLADSON CORREA CARVALHO; MARIA GLORIMAR CORRÊA CARVALHO;
CLAUDIA DO SOCORRO CARVALHO MIRANDA; BRUNOYUDI SHIMOMAEBARA
SOUSA; NÍCOLAS NISHIYAMA SOARES; ANDRÉA CHRISTINA GUEDES COSTA;
NELSON VEIGA GONÇALVES

Introdução: Segundo a organização Mundial da Saúde, Acinetobacter é classificado como um dos patógenos de prioridade crítica global associado infecções de pacientes graves com alta taxas de resistência aos antimicrobianos, incluído os carbapenêmicos. **Objetivo:** avaliação da prevalência de carbapenemases de classe D (Oxacilinase) em cepas do gênero Acinetobacter isolados no período janeiro de 2019 a abril de 2022 na cidade de Belém do Pará. **Metodologia:** trabalho de coorte transversal, baseado em revisão de 759 resultados de culturas bacterianas positivas em Laboratório da rede privada, dos quais 75 foram positivos para Acinetobacter, destes, o antibiograma revelou resistência a carbapenems, as cepas foram submetidas a teste de disco aproximação com meropenem e EDTA, e teste imunocromatográfico, posteriormente os isolados foram submetidos a testes moleculares. Os resultados obtidos com o levantamento foram tabulados em planilha excel, para realização da análise estatística. **Resultados:** do total de 75 (9,9%) isolados de Acinetobacter, 71(94,6%) correspondem a espécie *Acinetobacter baumannii*, e, 4 (1,4%) correspondem a *Acinetobacter lwoffii*. Em 52 (69,3%) dos isolados de Acinetobacter foi detectado carbapenemase de classe D Oxacilinase, sendo 50 (96,2%) em *Acinetobacter Baumannii* e, 2 (3,8%) em *Acinetobacter lwoffii*. O estudo identificou que 47 (90%) dos casos de oxacilinas detectadas correspondiam a coprodução de oxacilinas 23 e 51, 2 (4%) correspondiam a oxacilinase 23, e, 2 (4%) a oxacilinase 51, e, 1 (2%) correspondia coprodução de oxacilinas 24 e 143. **Conclusão:** o estudo revelou que as oxacilinas estiveram associadas a cepas de acinetobacter multi-droga resistentes isoladas no período pesquisado. É possível constatar que, além da detecção isolada de Oxacilinase 23 e 51, também se identificou a coprodução de oxacilinas 24 e 143, bem como, a coprodução de oxacilinas 23 e 51, sendo a última mais prevalente nos isolados estudados. Diante do exposto sugerimos mais estudos bem como vigilância permanente nos hospitais a fim minimizar os impactos infecciosos ocasionados por tais mecanismos enzimáticos de resistência a antibacterianos.

Palavras-chave: **ACINETOBACTER; COPRODUÇÃO DE CARBAPENEMASES; OXACILINASE**



OCORRÊNCIA DE CARBAPENEMASES EM *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* EM BELÉM DO PARÁ NO PERÍODO DE JANEIRO DE 2019 A ABRIL DE 2022

RAIMUNDO GLADSON CORREA CARVALHO; CLAUDIA DO SOCORRO CARVALHO MIRANDA; MARIA GLORIMAR CORRÊA CARVALHO; ANDRÉA CHRISTINA GUEDES COSTA; NÍCOLAS NISHIYAMA SOARES; BRUNOYUDI SHIMOMAEBARA SOUSA; NELSON VEIGA GONÇALVES

Introdução: Carbapenemase serina dependente produzida inicialmente por *Klebsiella pneumoniae* (KPC), é uma bactéria gram negativa da família enterobacterales, cuja expressão de carbapenemase confere a mesma multirresistência a quase 100% dos antibióticos disponíveis no mercado incluindo os carbapenens. (MDR). Essa bactéria está envolvida em surtos hospitalares, associados a uso de dispositivos invasivos como sondas, cateteres e outros procedimentos invasivos. **Objetivo:** avaliação da prevalência de carbapenemases em enterobactérias no período janeiro de 2019 a abril de 2022 em Belém do Pará. **Metodologia:** trabalho de coorte transversal, baseado em revisão de resultados de culturas bacterianas positivas, realizadas entre janeiro de 2019 a abril de 2022 em Laboratório da rede privada. Para compor a amostra selecionamos resultados, cujo antibiograma mostrou resistência a carbapenens, teste de triagem para inibição enzimática por disco aproximação positivo, no qual foi usando disco de meropenem associado a EDTA e Ácido fenilborônico, confirmado com teste imunocromatográfico. Os resultados foram tabulados em planilha excel, para realização da análise estatística. **Resultados:** carbapenemase de classe A Total 422 (100%), *Escherichia coli* 31 (7,3 %), *Enterobacter aerogenes* 2 (0,5%), *Enterobacter cloacae* 3 (0,71%), *Klebsiella pneumoniae* 367 (87%), *Serratia marcescens* 9 (2,1%), *Klebsiella oxitoka* 10 (2.3%). Carbapenemase de classe B total 58 (13,8%), *coli* 2 (3,4%), *Enterobacter cloacae* 1(1,7%), *Klebsiella oxitoka* 1(1,7%), *Klebsiella pneumoniae* 49 (84,4%), *Serratia marcescens* 5 (8,6%). Coprodução de Carbapenemases A e B: *Klebsiella pneumoniae* 15 (4,08%). **Conclusão:** com base nos resultados conclui-se que as carbapenemases, de classes A e classe B circulam em nosocômios da cidade de Belém do PA, tendo como principal ameaça a espécie de *Klebsiella pneumoniae*, apresentando o maior percentual de isolados positivos para carbapenemase, assim como coprodução das carbapenemases das classes A e B, com isso sugerimos constante vigilância nos serviços de saúde.

Palavras-chave: **ENTEROBACTÉRIAS; COPRODUÇÃO DE CARBAPENEMASES; PAM-RESISTÊNCIA**



RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM *HELICOBACTER PYLORI*: MECANISMOS MOLECULARES E PERSPECTIVAS TERAPÊUTICAS

GIOVANNI SBROGIO; RA[ISSA YUMI UCHIMA; THOMAS RAVELLY GOMES SILVA DE SANTANA; ISABELA DAVANÇO CUSTÓDIO

Introdução: *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) é uma bactéria gram-negativa que coloniza o epitélio gástrico e infecta cerca de metade da população mundial. Embora frequentemente assintomática, sua persistência está associada a gastrite crônica, úlcera péptica, linfoma MALT e adenocarcinoma gástrico, sendo classificada pela OMS como carcinógeno tipo I. A erradicação da *H. pylori* reduz o risco de doenças gástricas malignas e ulcerosas; contudo, a resistência antimicrobiana crescente tem comprometido o sucesso dos tratamentos, com taxas de erradicação variando entre 50% e 75%. **Objetivo:** Revisar a literatura científica para correlacionar fatores biomoleculares envolvidos na resistência da *H. pylori* às terapias convencionais e discutir novas abordagens emergentes que visem superar o aumento da resistência antimicrobiana. **Metodologia:** Foi realizada revisão narrativa abrangendo artigos originais, revisões e consensos publicados entre 2014 e 2025, nas bases PubMed, SciELO, LILACS, Medline e Bireme. Selecionaram-se estudos clínicos, moleculares e epidemiológicos com dados relevantes sobre resistência bacteriana, diagnóstico e terapias. A análise qualitativa permitiu identificar padrões, desafios e avanços no manejo clínico frente à resistência crescente. **Resultados:** Os estudos mostraram que mutações no gene 23S rRNA estão associadas à resistência à claritromicina; mutações nos genes *rdxA* e *frxA* conferem resistência ao metronidazol; e alterações nas regiões *gyrA/gyrB* conferem resistência à levofloxacina. A presença combinada dessas mutações leva à multirresistência, que pode atingir até 34,5% em certas populações. Além das mutações, destacam-se mecanismos fisiológicos como bombas de efluxo da família RND (*hefA*, *hefC*), que reduzem a concentração intracelular de antibióticos, e a formação de biofilmes, que dificultam a penetração dos fármacos e favorecem infecções persistentes. **Conclusão:** A resistência antimicrobiana da *H. pylori* representa um desafio à saúde pública global. A compreensão dos mecanismos moleculares — mutações genéticas, bombas de efluxo e biofilme — é essencial para o desenvolvimento de terapias eficazes e personalizadas. O avanço das técnicas genômicas, como PCR e NGS, permite identificar precocemente cepas resistentes. A integração entre vigilância epidemiológica, diagnóstico molecular e uso racional de antibióticos é fundamental para aumentar as taxas de erradicação e conter a disseminação da resistência bacteriana.

Palavras-chave: **HELICOBACTER PYLORI; RESISTÊNCIA BACTERIANA; BIOFILME;**



INFLUÊNCIA DO MICROBIOMA INTESTINAL NA MODULAÇÃO DA RESPOSTA IMUNE EM DOENÇAS INFECCIOSAS

LUISA FREDERICO MAKITA

Introdução: O microbioma intestinal é formado por trilhões de microrganismos responsáveis por funções essenciais no equilíbrio fisiológico do hospedeiro. Sabe-se que essa comunidade microbiana participa ativamente da regulação do sistema imunológico, influenciando na resposta do organismo frente a diferentes patógenos. Desequilíbrios em sua composição, conhecidos como disbiose, têm sido relacionados ao aumento da predisposição a infecções e à piora dos desfechos clínicos. **Objetivo:** Analisar, por meio de revisão bibliográfica, como o microbioma intestinal influencia na modulação da resposta imune em doenças infecciosas. **Metodologia:** Revisão narrativa da literatura baseada em artigos científicos publicados entre 2021 e 2024, selecionados nas bases de dados PubMed, Scielo e ScienceDirect, utilizando os descritores “disbiose e imunidade” e “eixo intestino-imunidade”. **Resultados:** Conhecida como o “segundo genoma humano”, a microbiota intestinal mantém uma relação simbiótica essencial para o equilíbrio do organismo, desempenhando funções fundamentais na manutenção da saúde, atuando no metabolismo de nutrientes, na proteção contra agentes infecciosos e na modulação da resposta imunológica. Estudos indicam que desequilíbrios na composição e diversidade da microbiota intestinal estão relacionados à maior gravidade de infecções virais, bacterianas e fúngicas, além de impactarem negativamente a eficácia de terapias imunológicas. Através da interação com células imunocompetentes do trato gastrointestinal, os microrganismos comensais contribuem para a maturação do sistema imunológico e para o equilíbrio entre respostas pró-inflamatórias e anti-inflamatórias. Além disso, a produção de metabólitos como os ácidos graxos de cadeia curta promove a integridade da barreira intestinal e regula a ativação de células imunes, como linfócitos T e macrófagos. **Conclusão:** O microbioma intestinal exerce um papel crucial na modulação da resposta imune, influenciando na susceptibilidade, progressão e no desfecho de diversas doenças, deste modo é um alvo promissor para intervenções terapêuticas voltadas à restauração do equilíbrio imunológico do hospedeiro.

Palavras-chave: **DISBIOSE; MICROBIOMA; SISTEMA IMUNOLÓGICO**



COMBINAÇÃO DE ANTIBIÓTICOS E NOVOS PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS: ESTRATÉGIA CONTRA BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES

SIVONEIDE MARIA DA SILVA; EVELLYN MONIQUE DE ACENO LIMA LIRA; PALLOMA LIMA DE OLIVEIRA; WILSON DIAS DE OLIVEIRA; ANA MARIA BENKO-ISEPPON; ANA CHRISTINA BRASILEIRO-VIDAL

Introdução: A resistência bacteriana é um desafio para a saúde pública, especialmente em infecções hospitalares causadas por *Acinetobacter baumannii* e *Staphylococcus aureus*. A limitada eficácia dos antibióticos convencionais reforça a necessidade de novas abordagens terapêuticas. Nesse contexto, os peptídeos antimicrobianos (AMPs) surgem como alternativas promissoras, com amplo espectro de ação, baixa tendência à resistência e possibilidade de modificação racional para otimizar suas propriedades. A combinação de AMPs com fármacos clássicos constitui uma estratégia inovadora para contornar a resistência bacteriana. **Objetivo:** O objetivo deste estudo foi avaliar a atividade sinérgica de antibióticos com um Peptídeo Antimicrobiano Racionalmente Modificado (RAMP) contra *A. baumannii* e *S. aureus* de origem hospitalar. **Metodologia:** O RAMP foi previamente caracterizado *in silico* e sintetizado. Determinaram-se as Concentrações Inibitórias Mínimas (CIM) e Bactericidas Mínimas (CBM) do RAMP e do meropenem (*A. baumannii*) e benzilpenicilina (*S. aureus*), variando entre 512 e 4 µg/mL, considerando CIM a faixa de 90 a 99% de inibição do crescimento. Com base nesses resultados, realizaram-se ensaios de sinergismo (*checkerboard*) em concentrações próximas à CIM50 (2×CIM50, CIM50 e ½CIM50), avaliando-se o efeito combinado pelo Índice de Concentração Inibitória Fracionada (ICIF). A viabilidade celular das combinações foi verificada pelo ensaio de MTT. **Resultados:** O RAMP apresentou CIM de 32 e CBM ≥ 512 µg/mL contra *A. baumannii*, e CIM de 512 µg/mL e CBM ≥ 512 µg/mL contra *S. aureus*. O meropenem apresentou CIM de 64 µg/mL e CBM > 128 µg/mL, enquanto a benzilpenicilina apresentou CIM de 128 µg/mL e CBM ≥ 512 µg/mL. O ICIF indicou combinações sinérgicas do RAMP com meropenem frente a *A. baumannii*, variando de 16 a 4 µg/mL, com reduções de 2 a 4 vezes nos valores de CIM90. O ensaio de MTT mostrou que todas as combinações mantiveram viabilidade celular acima de 80%. Não foram observadas combinações sinérgicas frente a *S. aureus*. **Conclusão:** Em resumo, os resultados demonstram o potencial sinérgico do RAMP com meropenem contra cepas resistentes de *A. baumannii* em condições seguras. Esses achados reforçam a perspectiva de que peptídeos antimicrobianos modificados podem atuar como adjuvantes em terapias combinadas, ampliando as opções disponíveis para o tratamento de infecções bacterianas resistentes.

Palavras-chave: **INOVAÇÕES; RESISTÊNCIA BACTERIANA; SINERGISMO;**



O IMPACTO DO USO PROLONGADO DE ANTIBIÓTICOS NA MICROBIOTA VAGINAL E RISCO DE CANDIDÍASE

EDUARDA JULIANO FANINI; GABRIELA BRITO RIBEIRO; ELIZANDRA APARECIDA DE OLIVEIRA LOPES; WALTER ROBERTO SCHILLER

Introdução: A candidíase vulvovaginal (CVV) é uma infecção fúngica frequente, causada predominantemente por espécies do gênero *Candida*, especialmente a *Candida albicans*, que acomete principalmente mulheres em idade reprodutiva. Em condições normais, a microbiota vaginal é dominada por bactérias do gênero *Lactobacillus*, responsáveis por manter o pH ácido e atuar como barreira natural contra microrganismos patogênicos. O uso prolongado ou indiscriminado de antibióticos, sobretudo os de amplo espectro, pode provocar desequilíbrio nessa microbiota, reduzindo significativamente a quantidade de lactobacilos e favorecendo a proliferação de fungos oportunistas. **Objetivo:** O objetivo desse trabalho é analisar o risco de desenvolvimento da CVV destacando a importância da relação entre antibioticoterapia e disbiose vaginal e mostrar a importância da adoção de medidas preventivas e terapêuticas eficazes. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão bibliográfica de artigos científicos indexados na base de dados PubMed, utilizando descritores “candidíase vulvovaginal”, “antibióticos” e “microbiota vaginal”, foram priorizados estudos publicados nos últimos 7 anos que abordassem a disbiose vaginal e suas consequências clínicas. **Resultados:** Os estudos revisados demonstram que a redução da microbiota protetora devido à antibioticoterapia cria um ambiente propício à colonização por *Candida albicans* e, em casos recorrentes, por espécies não-albicans, como *Candida glabrata*, frequentemente associadas a quadros mais resistentes ao tratamento convencional. Verificou-se o aumento da incidência de CVV em pacientes submetidas a tratamentos prolongados para infecções urinárias, respiratórias ou dermatológicas. Estratégias preventivas, como o uso de probióticos, mostraram-se relevantes para restaurar o equilíbrio microbiano e diminuir a recorrência da infecção. **Conclusão:** Conclui-se que o uso prolongado de antibióticos constitui um importante fator de risco para o desenvolvimento de CVV, reforçando a necessidade de prescrição racional desses medicamentos, acompanhamento clínico adequado e orientação às pacientes sobre medidas preventivas. A adoção de práticas complementares pode contribuir significativamente para a redução de episódios recorrentes e para a promoção da saúde ginecológica.

Palavras-chave: **CANDIDA ALBICANS; DISBIOSE; CANDIDÍASE VULVOVAGINAL;**



RASTREAMENTO DE CEPAS MRSA EM PROFISSIONAIS DE SAÚDE EM HOSPITAIS DE CAMPINA GRANDE – PB

JOSÉ ISAAC GONZAGA DA SILVA; CARLOS DANIEL DE ARAÚJO; MARIA LUÍSA DA SILVA BRONZEADO; VITÓRIA TEIXEIRA BORGES; ÍTALO FREITAS PEREIRA; PATRÍCIA MARIA DE FREITAS E SILVA; HERONIDES DOS SANTOS PEREIRA.

RESUMO

Staphylococcus aureus resistente à metilina/oxacilina (MRSA) consiste em uma variante de *Staphylococcus aureus* que apresenta resistência a todos os antibióticos β -lactâmicos. Uma das estratégias para conter sua disseminação no ambiente hospitalar é realizar vigilância microbiológica de mãos e nasofaringes de profissionais de saúde como forma de minimizar os riscos de transmissão de microrganismos para pacientes. O presente estudo teve como objetivo comparar a prevalência de *Staphylococcus aureus*, especialmente MRSA em culturas de vigilância de mãos e nasofaringe de profissionais de saúde, de dois hospitais em Campina Grande – PB. O trabalho teve abordagem quali-quantitativa, transversal e descritiva, realizado em dois hospitais de Campina Grande – PB e no Laboratório de Microbiologia da UEPB. Coletaram-se amostras das mãos e nasofaringe de profissionais de saúde com swabs estéreis que foram transportados ao laboratório em ágar Stuart. No laboratório, as amostras foram transferidas para caldo BHI, incubadas a 36-37 °C por 4-6 h, e semeadas em ágar manitol salgado. A identificação de *Staphylococcus aureus* foi realizada pelo teste de coagulase, e a detecção de MRSA pela resistência aos discos de oxacilina/cefotaxima. Os resultados foram organizados em planilha eletrônica e analisados estatisticamente. No Hospital 1, foram isolados 27 *Staphylococcus aureus*, em que 29,6% eram MRSA, sendo dividido igualmente entre nasofaringe e mãos – 50%. Enquanto que no Hospital 2 foram isolados 11 *Staphylococcus aureus*, onde todos (100%) eram MRSA distribuídos em 63,6% na nasofaringe e 36,4% nas mãos. A diferença entre os hospitais é ocasionada pela influência de fatores institucionais relacionados às práticas de higiene do ambiente e à seleção de cepas por uso demasiado de determinados antibióticos. Conclui-se que mãos e nasofaringes de profissionais de saúde podem contribuir para a disseminação de MRSA, reforçando a necessidade de vigilância microbiológica contínua e ações de prevenção da transmissão de microrganismos nos ambientes hospitalares.

Palavras-chave: Cultura de Vigilância; Infecções Hospitalares; Colonização nasal.

1 INTRODUÇÃO

As IRAS representam atualmente um importante problema de saúde pública, tanto no Brasil quanto em âmbito mundial. Além de prolongarem o tempo de internação, essas infecções elevam significativamente as taxas de morbimortalidade. A situação torna-se ainda mais preocupante diante do envolvimento de bactérias multirresistentes, que dificultam o tratamento e limitam as opções terapêuticas disponíveis (Schwarz *et al.*, 2022).

Dentre os diversos microrganismos associados às IRAS, destaca-se *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina/oxacilina (MRSA), amplamente reconhecido por seu impacto clínico e epidemiológico. MRSA é uma variante de *Staphylococcus aureus* caracterizada pela resistência aos antibióticos β -lactâmicos, especialmente à meticilina e seu análogo oxacilina, configurando-se como um importante patógeno hospitalar (Dantas, 2021).

A resistência à meticilina/oxacilina é resultante da aquisição do elemento cromossômico móvel SCCmec (*Staphylococcal Cassette Chromosome mec*), que possui o gene *mecA*, responsável pela modificação das PBPs (*Penicilin Binding Protein*). A interação dos β -lactâmicos com a PBP bloqueia a síntese de parede celular, o que prejudica o desenvolvimento bacteriano. Entretanto, o gene *mecA*, contido em SCCmec, realiza a codificação de proteína PBP2a, uma transpeptidase com baixa afinidade pelos β -lactâmicos. Com essa modificação, o SCCmec, alinhado ao gene *mecA*, é incorporado ao cromossomo *Staphylococcus aureus*, produzindo a resistência bacteriana à classe de antibióticos citados (Lade e Kim, 2023).

Embora não haja registros oficiais acerca da prevalência de MRSA na população brasileira, estima-se que a taxa média de ocorrência desse patógeno em hospitais do país seja de aproximadamente 25,5%, apresentando variações significativas entre as regiões — de 3,2% na Norte a 30,3% na Sudeste (Godoi, 2023). Adicionalmente, apesar da falta de dados específicos sobre a mortalidade relacionada à MRSA no Brasil, estudos globais indicam que infecções por esse microrganismo são responsáveis por mais de 100 mil óbitos por ano em escala mundial (Murray *et al.*, 2022).

O surgimento de cepas MRSA reforça o desafio terapêutico, visto que estas apresentam resistência intrínseca a penicilinas, cefalosporinas e carbapenêmicos, restringindo as opções para antibioticoterapia (Dantas, 2021).

O objetivo do presente estudo foi promover o rastreamento de cepas MRSA através de culturas de vigilância em mãos e nasofaringes de profissionais de saúde que trabalham em UTIs.

2 MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi desenvolvida a partir de uma abordagem quali-quantitativa, transversal, de natureza descritiva e participativa. Foi conduzida em duas instituições hospitalares localizadas em Campina Grande – PB, denominadas neste estudo como Hospital 1 e Hospital 2, além do Laboratório de Microbiologia da Universidade Estadual da Paraíba (UEPB). No hospital 1, participaram 43 profissionais abrangendo médicos, enfermeiros, técnicos de enfermagem e fisioterapeutas. No hospital 2, participaram 22 profissionais das mesmas categorias, totalizando 65 profissionais da área da saúde. Foram coletadas amostras microbiológicas das mãos e nasofaringe, por meio de swab estéril em meio de transporte (ágar Stuart), durante julho a outubro de 2023 e agosto a novembro de 2024. Os materiais coletados, juntamente com as fichas, preenchidas durante a coleta, foram transportados para o laboratório de microbiologia da UEPB.

No laboratório, as amostras que chegaram em ágar Stuart foram transferidas para o caldo de enriquecimento BHI (Brain Heart Infusion), onde foram incubadas na estufa bacteriológica em temperatura de 36-37° C durante 4-6 horas. Posteriormente os semeios dos materiais clínicos foram realizados em placas de ágar manitol salgado, para a identificação do gênero *Staphylococcus*. A identificação de *Staphylococcus aureus* foi realizada por meio do teste de coagulase em tubo.

Após a identificação e o isolamento de *Staphylococcus aureus*, procedeu-se à realização da testagem do disco de cefoxitina para triagem de MRSA.

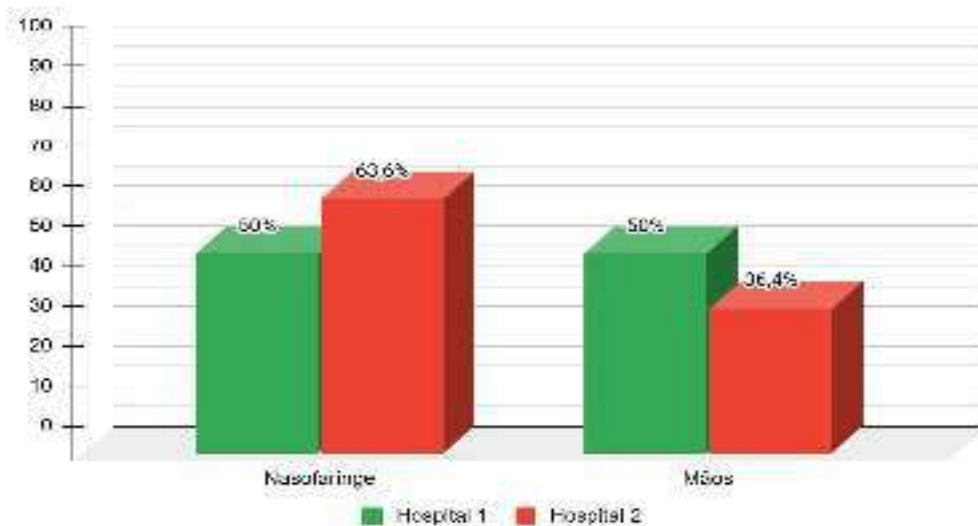
Os resultados obtidos a partir das culturas microbiológicas finalizadas foram organizados conforme a ordem de realização e digitalizados em um banco de dados eletrônico através de planilha Excel (Microsoft Office 2019). Posteriormente, procedeu-se à análise estatística e ao estudo descritivo, com o objetivo de caracterizar a população investigada. Os dados foram expressos em médias e desvios padrão, bem como em frequências absolutas e relativas.

No que se refere às considerações éticas, o estudo foi submetido ao Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Estadual da Paraíba, e recebeu parecer de número 6.179.877. Do ponto de vista normativo, a pesquisa seguiu as normas propostas pela resolução 466/12 do Conselho Nacional de Saúde (CNS) envolvendo pesquisa em seres humanos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise dos isolados de MRSA, apresentada no Gráfico 1, evidenciou diferenças entre os hospitais quanto aos sítios de colonização, sugerindo variações no perfil epidemiológico entre as instituições. No Hospital 1, dos 27 isolados de *Staphylococcus aureus*, 29,6% (n=8) foram identificados como MRSA, distribuídos de forma equivalente entre a nasofaringe e as mãos (50%; n=4 em cada sítio). Em contrapartida, todos os 11 isolados de *Staphylococcus aureus* obtidos no Hospital 2 (100%) eram MRSA, com predomínio na nasofaringe, 63,6% (n=7), em relação às mãos, 36,4% (n=4).

Gráfico 1 – Distribuição de MRSA por sítio anatômico dos profissionais de saúde submetidos à vigilância microbiológica nos Hospitais 1 e 2.



Estes resultados indicam que, no Hospital 1, mãos e nasofaringe apresentaram contribuição equivalente como reservatórios de MRSA, enquanto no Hospital 2 a nasofaringe constituiu o principal sítio de colonização. Esta diferença pode estar relacionada a fatores institucionais, como a adesão às práticas de higiene das mãos, à contaminação das superfícies hospitalares, protocolos assistenciais adotados ou características específicas da equipe avaliada, ressaltando a importância da vigilância integrada de ambos os sítios para a prevenção da transmissão cruzada.

Um estudo conduzido por Eltayeb et al. (2021) em três hospitais do Sudão avaliou a colonização da nasofaringe e das mãos de 142 profissionais de saúde. Entre os isolados de

MRSA, 75% (n=9) foram detectados na nasofaringe e 25% (n=3) nas mãos. Tanto nesse estudo quanto na presente pesquisa, observou-se a predominância da colonização nasal, reforçando a nasofaringe como principal reservatório de MRSA entre os profissionais de saúde. Essa prevalência pode ser explicada pelo fato de a mucosa nasal fornecer condições favoráveis para a persistência de *Staphylococcus aureus*, permitindo a colonização assintomática e prolongada. Em contrapartida, a colonização das mãos tende a ser mais transitória, frequentemente associada ao contato direto com pacientes, superfícies ou equipamentos hospitalares, e mais facilmente eliminada pela higienização adequada. Assim, profissionais colonizados na nasofaringe atuam como fontes de disseminação, com possibilidade de transferir o microrganismo para as mãos, para o ambiente ou até mesmo diretamente para os pacientes (Nascimento, 2024; Silva, 2024).

A similaridade entre os achados evidencia que, em diferentes contextos geográficos e institucionais, a nasofaringe se mantém como reservatório importante de microrganismos multirresistentes, notadamente MRSA. Esta constatação ressalta a importância da realização de culturas de triagem periódica de nasofaringes de profissionais de saúde e da descolonização frequente de suas nasofaringes com base em cultura com antibiograma e devida orientação de médico infectologista, além do fortalecimento de protocolos de controle de infecção, especialmente em setores de alta complexidade, como UTIs, onde o contato direto e frequente com pacientes aumenta o risco de transmissão (Nascimento, 2023).

4 CONCLUSÃO

O presente estudo analisou as mãos e a nasofaringe de 65 profissionais de saúde, ao comparar as instituições hospitalares, verificou-se variação na predominância dos sítios anatômicos, ou seja, distinções no perfil epidemiológico local. No Hospital 1, observou-se distribuição equivalente de MRSA entre mãos e nasofaringe, enquanto, o Hospital 2 apresentou a nasofaringe como principal reservatório. Essa predominância anatômica reforça o papel da colonização nasal na manutenção e propagação do microrganismo em ambientes hospitalares.

As diferenças observadas entre os hospitais estão relacionadas a fatores institucionais, como adesão às práticas de higienização das mãos, condições ambientais, estrutura assistencial e cumprimento dos protocolos de controle de infecção. Nesse contexto, destaca-se a importância da vigilância microbiológica periódica, principalmente de nasofaringes de profissionais de saúde, seguida de sua descolonização baseada em cultura com antibiograma, além do fortalecimento das ações educativas voltadas à prevenção e controle da disseminação de microrganismos resistentes.

REFERÊNCIAS

DANTAS, F. S. A. **Diagnóstico laboratorial do *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina em ambiente hospitalar**. 2021. Monografia (Bacharelado em Biomedicina) – Universidade Católica de Brasília, Brasília.

ELTAYEB, L. B., HAMID, A. A., AL NOR, A., MOHAMMED, I. A., IBRAHIM, M. A., ABDELGHANI, S., ATTAR, A. O. G. Nasal Carriage of MRSA in Healthcare Workers: A Pivotal Role in Controlling Hospital-Acquired Infections. **International Journal of Pharmacology**, v. 17, n. 6, 2021.

LADE, H.; KIM, J. Molecular Determinants of β -Lactam Resistance in *Methicillin-Resistant*

Staphylococcus Aureus (MRSA): an Updated Review. **Antibiotics**, v. 12, n. 9, 2023.

MURRAY, C. J. L. Global Burden of Bacterial Antimicrobial Resistance in 2019: a Systematic Analysis. **The Lancet**, v. 399, n. 10325, 2022.

NASCIMENTO, J. S. Vigilância microbiológica: rastreamento de bactérias **multirresistentes em neonatos colonizados em uma maternidade pública em Campina Grande-PB**. 2023. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Farmácia) – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande.

NASCIMENTO, V. N. A. **Vigilância microbiológica da nasofaringe de profissionais de saúde em um hospital de Campina Grande – PB**. 2024. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Farmácia) – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande.

SCHWARZ, E. R. *et al.* Everybody nose: molecular and clinical characteristics of nasal colonization during active methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* bloodstream infection. *BMC Infectious Diseases*, v. 22, n. 400, 2022.

SILVA, L. C. **Avaliação microbiológica de mãos de profissionais de saúde em uma uti de um hospital público em Campina Grande – PB**. 2024. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Farmácia) – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande.



USO DE ENZIMAS PARA O CONTROLE DE BIOFILMES DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS*

ALEX FIORI DA SILVA

RESUMO

Staphylococcus aureus é um patógeno Gram-positivo presente em cerca de 20 a 50% da população humana e está entre as principais causadoras de infecções, que podem variar de leves irritações cutâneas a doenças graves, como endocardite, pneumonia e sepse. A persistência de biofilmes de *S. aureus* em ambientes clínicos constitui uma das principais barreiras ao controle de infecções. A matriz extracelular, composta por proteínas, polissacarídeos e ácidos nucleicos, oferece proteção mecânica e química contra agentes antimicrobianos. Nesse sentido, as estratégias de controle baseadas em enzimas surgem como ferramentas interessantes para degradar componentes do biofilme e aumentar a suscetibilidade bacteriana aos tratamentos. O objetivo dessa revisão narrativa foi apresentar achados publicados entre 2020 e 2025 acerca de estratégias enzimáticas e nano-híbridas aplicadas à remoção de biofilmes de *S. aureus*. Foram analisados estudos envolvendo micro e nanocarreadores de lisostafina, endolisinas, hidrolases glicosídicas fúngicas, hidrolases de serina, amilases e sistemas híbridos metal-enzima. Observou-se que a imobilização nanoestruturada melhoram a estabilidade, seletividade e eficiência catalítica das enzimas, promovendo dispersão do biofilme e lise bacteriana. Enzimas como AuresinePlus, α -xilosidase, lisostafina e catepsina G apresentam mecanismos complementares quando integradas a matrizes poliméricas ou inorgânicas. Ainda, há de se mencionar que plataformas multienzimáticas e nanossistemas híbridos podem superar antimicrobianos convencionais tanto em eficácia quanto em biocompatibilidade. Apesar dos avanços, ainda persistem desafios relacionados à produção em larga escala, à estabilidade enzimática e à validação regulatória. Pesquisas futuras devem concentrar-se na engenharia de enzimas, em formulações sinérgicas e em métodos de imobilização direcionados a aplicações específicas, de modo a viabilizar a transferência desses sistemas biocatalíticos.

Palavras-chave: Degradação de biofilmes; Antibiofilme; Antimicrobiano.

1 INTRODUÇÃO

Staphylococcus aureus é um patógeno oportunista Gram-positivo presente em cerca de 20 a 50% da população humana. Essa bactéria está entre as principais causadoras de infecções tanto hospitalares quanto comunitárias, que podem variar de leves irritações cutâneas a doenças graves, como endocardite, pneumonia e sepse (Delvin, 2021). As opções de tratamento são complicadas pela resistência aos antibióticos, bem como pelos biofilmes e subpopulações de células persistentes, ambos os quais exibem uma elevada tolerância aos antibióticos convencionais e estão associados a falhas no tratamento com antibióticos e infecções recorrente (Fellner *et al.*, 2020)

Os biofilmes formados por *S. aureus* são comunidades microbianas complexas cuja característica estrutural e baixa atividade metabólica dificultam sua eliminação. A matriz, composta predominantemente por polissacarídeos, DNA extracelular e proteínas, cria uma barreira de difusão que limita a ação de antibióticos e das defesas imunológicas do hospedeiro (Ellis *et al.*, 2023). Essa persistência resulta em infecções recorrentes e na contaminação de

superfícies, como os dispositivos médicos (Brandquist; Kielian, 2025). A ineficiência de compostos químicos de controle e antibióticos tradicionais reforça a necessidade de estratégias inovadoras e específicas.

Nesse cenário, os biocatalisadores enzimáticos têm se destacado pela capacidade de degradar substâncias poliméricas extracelulares que mantém a organização tridimensional dos biofilmes. A esse respeito, sugere-se que proteases, hidrolases glicosídicas, nucleases e amidases atuam seletivamente sobre ligações estruturais, enfraquecendo a matriz e restabelecendo a suscetibilidade bacteriana (Devlin *et al.*, 2021; Ning *et al.*, 2021). A nanotecnologia tem potencializado essas abordagens ao melhorar a estabilidade das enzimas e permitir a entrega (*drug-delivery systems*) direcionada por meio de suportes híbridos, como sílica mesoporosa, óxidos metálicos e polímeros biodegradáveis (Lin, 2021; Ivanova *et al.*, 2021).

A incorporação de enzimas em nanossistemas, revestimentos superficiais e matrizes de liberação controlada constitui uma fronteira relevante da biotecnologia antibiofilme. Esses sistemas apresentam elevada biocompatibilidade, menor toxicidade ambiental e eficácia comprovada contra cepas resistentes, incluindo MRSA (*Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus*) (Lin, 2024). Esta revisão tem como objetivo analisar as abordagens enzimáticas e nano-híbridas mais recentes para o controle de biofilmes de *S. aureus*, destacando seus mecanismos, limitações e potenciais aplicações.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente estudo foi conduzido como uma revisão narrativa da literatura científica. Foram pesquisadas publicações entre 2020 e 2024]5 indexadas nas bases ScienceDirect e Elsevier e Google Scholar. Os descritores utilizados incluíram *Staphylococcus aureus*, biofilme, enzima, nanomateriais, antibiofilme. Foram selecionados artigos originais que abordavam a degradação ou inibição de biofilmes de *S. aureus* por ação enzimática. Artigos de revisão foram empregados apenas quando contribuía com dados mecanísticos relevantes.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nos estudos que avaliaram carreadores poliméricos, observou-se expressiva melhora na estabilidade e na biodisponibilidade das enzimas em aplicações terapêuticas. Lin (2021) utilizou microesferas de PLGA contendo lisostafina para tratar biofilmes pulmonares de MRSA cultivados sobre células epiteliais humanas por 24 horas. Após dois dias de tratamento, a carga bacteriana foi reduzida em mais de 90%, acompanhada da recuperação da integridade dos tecidos, bem como da ausência de reações inflamatórias locais. Por outro lado, Massani (2024) desenvolveu nanopartículas sensíveis a estímulos enzimáticos que liberam endolisinas apenas na presença da matriz bacteriana. Quando aplicadas contra biofilmes maduros (18 horas de formação), em superfície de poliestireno e em epitélio reconstruído, essas partículas removeram entre 82% e 88% da biomassa microbiana. Além disso, os autores também observaram a preservação a estrutura catalítica das enzimas, pois o encapsulamento possibilitou liberação gradual e prolongada, assegurando ação contínua em ambientes fisiológicos.

Enquanto os carreadores poliméricos prolongam a estabilidade, os sistemas híbridos baseados em nanopartículas expandem o alcance das enzimas no microambiente do biofilme. A esse respeito, Devlin *et al.* (2021) desenvolveram nanopartículas de sílica mesoporosa conjugadas a lisostafina e DNase I, que, ao serem aplicadas sobre biofilmes de *S. aureus* cultivados em microplacas tratadas por 48 horas, promoveram dispersão de 99% da matriz em 24 horas. O material, altamente poroso, permitiu a penetração das enzimas até as camadas mais internas. Em um outro estudo, Ivanova *et al.* (2021) exploraram a combinação entre amilase e

óxido de zinco em revestimentos aplicados a cateteres de silicone. Durante sete dias de observação, houve redução de aproximadamente 60% na adesão bacteriana e ausência de toxicidade celular, ficando evidente a sinergia entre a hidrólise enzimática e o efeito antimicrobiano metálico mostrou-se especialmente eficaz na prevenção de colonizações iniciais em dispositivos médicos.

Em uma perspectiva distinta, o aprimoramento de enzimas recombinantes e quiméricas abriu novas possibilidades de especificidade terapêutica. Nessa perspectiva, foi demonstrado que as enzimas Auresine e AuresinePlus, derivadas da autolisina LytM, promoveram a degradação de 95% dos biofilmes de *S. aureus* formados em aço inoxidável e silicone médico após 72 horas de cultivo, atingindo completa desorganização da matriz em apenas 3 horas de exposição. Quando associadas a amilase e celulase, o efeito superou 98%, evidenciando que a combinação de enzimas com diferentes alvos estruturais aumenta a eficiência da lise (Czarnecka *et al.*, 2025). Em estudo complementar, Ning *et al.* (2021) descreveu a ação da endolisina Lys84, aplicada sobre biofilmes de MRSA formados em titânio durante 48 horas, com 90% de lise bacteriana e perda total de adesão celular. Tais resultados destacam o potencial desses biocatalisadores como agentes terapêuticos direcionados para o tratamento de infecções em superfícies implantáveis.

Alguns trabalhos exploraram, em vez de enzimas recombinantes, enzimas de origem natural presentes em processos fisiológicos humanos, com é o caso da catepsina G, secretada por neutrófilos. Foi demonstrado que essa protease foi capaz de fragmentar biofilmes de *S. aureus* em lâminas de vidro (24 horas de formação), reduzindo 75% da matriz em apenas 90 minutos de contato. Esse resultado indica que a própria resposta imune fornece modelos catalíticos eficientes para terapias tópicas (Kavanaugh *et al.*, 2021). De modo diverso, Fellner *et al.* (2020) investigaram a hidrolase de serina FphF, endógena de *S. aureus*, cuja inibição reduziu em 70% a adesão bacteriana em culturas epiteliais humanas. Urbánek *et al.* (2021), por sua vez, imobilizaram enzimas bacteriolíticas em fibras eletrofiadas utilizadas como curativos, observando manutenção da atividade por até 10 dias e diminuição de 85% da formação de biofilme sobre superfícies de colágeno, simulando feridas cutâneas humanas.

O uso de nanoplataformas multifuncionais associadas à fotocatalise e à oxidação redox tem ampliado a eficiência dos sistemas enzimáticos no tratamento de infecções. Em um estudo recente, Lin (2024) projetou um compósito de óxido de grafeno com prata–porfirina e enzimas antimicrobianas capaz de gerar espécies reativas de oxigênio sob luz visível. Em feridas infectadas por MRSA com biofilmes formados há 24 horas, o tratamento promoveu redução de 99,5% da carga bacteriana e aceleração de 40% na regeneração tecidual, quando comparado a terapias convencionais. Ellis *et al.* (2023) testaram hidrolases fúngicas sobre biofilmes de *S. aureus* cultivados por 36 horas em poliestireno, observando que apenas a α -xilosidase foi capaz de romper a matriz, com redução de 92% da biomassa. Esses resultados reforçam o potencial das combinações entre catálise enzimática e estímulos físico-químicos controlados como uma alternativa promissora para infecções humanas crônicas e resistentes a antibióticos.

Apesar dos resultados promissores, o uso clínico de enzimas antibiofilme ainda enfrenta restrições importantes. A principal limitação está relacionada à instabilidade estrutural dessas biomoléculas em fluidos fisiológicos, onde variações de pH, temperatura e presença de proteases endógenas podem degradar rapidamente a enzima e reduzir sua atividade catalítica (McCarthy *et al.*, 2022). Além disso, a administração sistêmica é dificultada pelo curto tempo de meia-vida e pela possível resposta imunogênica, que pode levar à neutralização enzimática ou a reações inflamatórias locais. O custo elevado de produção, purificação e encapsulamento também limita a viabilidade em larga escala, especialmente para terapias de uso contínuo. Outro desafio é o controle da liberação no sítio de infecção: uma exposição insuficiente resulta em eficácia reduzida, enquanto concentrações excessivas podem comprometer a biocompatibilidade tecidual. Por essas razões, o avanço clínico das terapias enzimáticas

depende de formulações mais estáveis, sistemas de liberação controlada e protocolos de segurança bem estabelecidos em ensaios pré-clínicos e clínicos.

4 CONCLUSÃO

Os biocatalisadores enzimáticos configuram uma estratégia eficaz para o controle de biofilmes de *S. aureus* em contextos clínicos. A combinação de enzimas hidrolíticas, nanomateriais e carreadores engenheirados melhora a estabilidade, a seletividade e a biocompatibilidade em comparação a desinfetantes e antibióticos convencionais. As evidências recentes confirmam que sistemas baseados em lisostafina, endolisinas, hidrolases glicosídicas e proteases de serina atuam de forma sinérgica na degradação da matriz e na eliminação das células bacterianas. Apesar dos avanços, ainda persistem desafios relacionados à estabilidade catalítica, à produção em larga escala e à aprovação regulatória. O aprimoramento da engenharia enzimática, da química de imobilização e da síntese econômica será essencial para viabilizar a aplicação prática dessas formulações biotecnológicas.

REFERÊNCIAS

- BRANDQUIST, N.D.; KIELIAN, T. Immune dysfunction during *S. aureus* biofilm-associated implant infections: opportunities for novel therapeutic strategies. **Biofilms Microbiomes**, 2025.
- CZARNECKA, J.; JENSEN, M. R.; ASTORGA, A. *et al.* *Staphylococcus spp.* eradication from surfaces by the engineered bacteriolytic enzymes. **Food Control**, v. 167, p. 110795, 2025.
- DEVLIN, H.; MCCARTHY, S.; SIMPSON, R. *et al.* Enzyme-functionalized mesoporous silica nanoparticles to target *Staphylococcus aureus* and disperse biofilms. **International Journal of Nanomedicine**, v. 16, p. 1929–1942, 2021.
- ELLIS, J. R.; BULL, J. J.; ROWLEY, P. A. Fungal glycoside hydrolases display unique specificities for polysaccharides and *Staphylococcus aureus* biofilms. **Microorganisms**, v. 11, n. 2, p. 293, 2023.
- FELLNER, M.; LENTZ, C. S.; JAMIESON, S. A. *et al.* Structural basis for the inhibitor and substrate specificity of the unique Fph serine hydrolases of *Staphylococcus aureus*. **ACS Infectious Diseases**, v. 6, p. 2771–2782, 2020.
- IVANOVA, A.; IVANOVA, K.; PERELSHTEIN, I. *et al.* Sonochemically engineered nano-enabled zinc oxide/amylase coatings prevent the occurrence of catheter-associated urinary tract infections. **Materials Science & Engineering C**, v. 131, p. 112518, 2021.
- KAVANAUGH, J. S.; LEIDAL, K. G.; NAUSEEF, W. M.; HORSWILL, A. R. Cathepsin G degrades *Staphylococcus aureus* biofilms. **Journal of Infectious Diseases**, v. 223, n. 11, p. 1865–1869, 2021.
- LIN, Y.; ZHANG, X.; LI, P. *et al.* Lung-targeting lysostaphin microspheres for methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* pneumonia treatment and prevention. **ACS Nano**, v. 15, n. 10, p. 16625–16641, 2021.

LIN, X.; ZHAO, L.; WANG, D. *et al.* High-valent silver–porphyrin complex hybrid graphene oxide nanoplatfom promotes MRSA-infected wound healing. **Chemical Engineering Journal**, v. 483, 2024.

MASSANI, M. *et al.* *Enzyme-responsive nanoparticles: enhancing the ability of endolysins to eradicate Staphylococcus aureus* biofilms. **Nanomedicine**, v. 52, p. 102845, 2024.

MCCARTHY, M. *et al.* Exebacase: enzymatic therapy for resistant *Staphylococcus aureus* infections. **Clinical Infectious Diseases**, v. 75, n. 8, p. 1423–1430, 2022.

NING, Q. *et al.* Characterizations of the endolysin Lys84 and its domains from phage qdsa002 with high activities against *Staphylococcus aureus* and its biofilms. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 752011, 2021.

URBÁNEK, O. *et al.* *Staphylococcus aureus*-specific electrospun wound dressings: influence of immobilization technique on antibacterial efficiency of novel enzybiotic. **Pharmaceutics**, v. 13, n. 5, p. 711, 2021.



AVALIAÇÃO DE BACTERÍOFAGOS COM POTENCIAL TERAPÊUTICO ELEVADO NO CONTROLE DE BIOFILMES DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

MANUELA CRISTINA SEGURA BOSSONARO, ANNA LUÍSA LOPES PEREIRA,
ALOÍSIO JOSÉ PEDROSA PORTELA, LORENA DA SILVEIRA DERENGOWSKI,
HUGO COSTA PAES

RESUMO

O presente estudo tem como objetivo investigar o potencial terapêutico de bacteriófagos específicos no controle de *Klebsiella pneumoniae*, uma bactéria oportunista associada a infecções hospitalares persistentes e à formação de biofilmes em dispositivos médicos. Essa espécie apresenta crescente resistência a antibióticos convencionais, tornando urgente a busca por alternativas antimicrobianas eficazes. A pesquisa dá continuidade ao trabalho de Mascarenhas et al. (2025), no qual foram identificados halos indicativos da presença de enzimas depolimerase, responsáveis pela degradação da cápsula polissacarídica bacteriana. Nesta fase da pesquisa, os fagos K23, K75 e K79 foram isolados e caracterizados. Inicialmente, os fagos foram obtidos por meio de isolamento seletivo em culturas de *K. pneumoniae* e submetidos a ensaios de titulação para determinar a concentração e o espectro de hospedeiro. Posteriormente, avaliou-se a atividade lítica por meio de curvas de crescimento bacteriano e determinação do período de eclipse. Testes de estabilidade térmica e de resistência à variação de pH foram conduzidos para verificar a viabilidade fagal em diferentes condições ambientais. Adicionalmente, foram realizados ensaios de infecção em biofilmes formados sobre sondas hospitalares, simulando condições clínicas reais, e observações por microscopia eletrônica de transmissão permitiram a análise morfológica e estrutural dos fagos. O material genético foi extraído e submetido a análises preliminares de integridade e pureza, etapa que antecede o sequenciamento genômico completo planejado para a identificação e expressão heteróloga do gene da depolimerase. Os resultados obtidos até o momento indicam elevada estabilidade e atividade lítica dos fagos avaliados, reforçando seu potencial como agentes biocontroladores e alternativas terapêuticas promissoras contra infecções por *K. pneumoniae*. Este projeto fomenta o avanço do conhecimento em fagoterapia e a formação de recursos humanos especializados em Microbiologia aplicada à saúde humana, com foco nas áreas de virologia e bacteriologia.

Palavras-chave: Fagoterapia; Depolimerase; Superbactéria.

1 INTRODUÇÃO

Infecções bacterianas multirresistentes representam uma grave ameaça à saúde global. Estima-se que a resistência antimicrobiana tenha causado 1,27 milhão de mortes em 2019, com projeções apontando para mais de 39 milhões de óbitos acumulados nos próximos 25 anos, devido a infecções resistentes a antibióticos (*Institute for Health Metrics and Evaluation, 2024*).

Dentre essas bactérias, destaca-se a *K. pneumoniae*, classificada pela Organização Mundial da Saúde (OMS), na *Bacterial Priority Pathogens List de 2024*, como um dos principais patógenos críticos de alta prioridade, devido à sua prevalência em infecções hospitalares e resistência a múltiplos fármacos. Ademais, biofilmes bacterianos estão associados a até 80% das infecções bacterianas em humanos, exacerbando a cronicidade e a resistência ao tratamento convencional (*World Health Organization, 2024*).

Os biofilmes dificultam a ação dos antibióticos e do sistema imune, tornando essencial a pesquisa de estratégias alternativas. Nesse cenário, a fagoterapia surge como relevante abordagem no combate a superbactérias e seus biofilmes, com avanços recentes destacando a ação de depolimerases fágicas que degradam a matriz extracelular, potencializando a erradicação de comunidades microbianas resistentes (Xing *et al*, 2025). Assim, este trabalho busca investigar o potencial terapêutico de fagos específicos no controle de *K. pneumoniae*.

2 MATERIAIS E MÉTODOS

O estudo foi conduzido entre março de 2024 e outubro de 2025, no laboratório de Microbiologia da Universidade de Brasília (UnB), com colaboração da Universidade Federal de São Paulo (Unifesp). Foi aprovado conforme as normas internas de biossegurança, sem o uso de organismos geneticamente modificados ou patógenos de alto risco. Utilizou-se bacteriófagos isolados, designados como K23, K75 e K79. As larvas de *Galleria mellonella* usadas nos testes *in vivo* foram obtidas de fornecedores certificados e mantidas sob condições controladas de temperatura e umidade. O protocolo metodológico compreendeu dez etapas, abrangendo desde o isolamento dos fagos até a avaliação de sua eficácia em biofilmes e sua estabilidade em diferentes condições ambientais. Essas etapas serão apresentadas a seguir.

a. Isolamento e purificação de bacteriófagos: Segundo Mascarenhas *et al.* (2025), amostras de esgoto hospitalar foram filtradas em membranas de 220 nm para remover impurezas e microrganismos não virais. O filtrado (1,3 mL) foi misturado a 0,2 mL de cultura recente de *K. pneumoniae* e 1,5 mL de ágar LB fundido (45 °C), e vertido sobre placas de LB ágar (1,5%). Após 24 horas de incubação a 37 °C, observaram-se zonas de lise indicativas de atividade fágica. Placas com halos bem definidos foram coletadas com ponteiras estéreis e transferidas para microtubos com 1 mL de tampão SM. Após vortex (30 s) e centrifugação a 10.000 g por 5 minutos, o sobrenadante foi filtrado novamente (220 nm) e armazenado a 4 °C.

b. Avaliação do espectro de hospedeiros: Foram preparadas 17 placas de Petri estéreis, com 20 mL de meio LB ágar solidificado. Nove cepas clínicas e quatro laboratoriais foram cultivadas por 18 horas em LB líquido e utilizadas para formação de tapetes bacterianos por espalhamento com esferas de vidro. As quatro placas restantes foram utilizadas para plaqueamento por esgotamento, visando a obtenção de colônias isoladas. Em seguida, 2 µL de cada fago (K23, K75, K79) e de quatro mixes de fagos foram aplicados sobre as superfícies bacterianas. Após incubação a 37 °C por 24 horas, observou-se a presença das placas de lise, determinando susceptibilidade bacteriana. Ao todo, foram testadas 26 variantes experimentais.

c. Determinação do período de eclipse: Culturas de *K. pneumoniae* em fase exponencial foram infectadas com fagos selecionados (MOI = 0,1). Amostras de 100 µL foram coletadas a cada 10 minutos durante uma hora, centrifugadas por 5 minutos, e os sobrenadantes aplicados sobre tapetes bacterianos. As placas foram incubadas por 24 horas a 37 °C, e o tempo até o aparecimento das primeiras placas de lise foi registrado como período de eclipse, indicando o intervalo entre adsorção viral e liberação de novos vírions.

d. Testes de infecção *in vivo* em *Galleria mellonella*: Larvas divididas em grupos de 10 indivíduos foram inoculadas na penúltima proleg com 10 µL de: (i) PBS estéril (controle negativo), (ii) suspensão bacteriana (10⁷ UFC), (iii) fagos (10⁶ PFU), e (iv) combinação bactéria + fago (infecção experimental). As injeções foram realizadas com seringas estéreis de 1 mL (agulha 0,45 × 13 mm), sendo o grupo de fagos inoculado 30 minutos após a infecção bacteriana. As larvas foram incubadas a 37 °C em placas de Petri de vidro e monitoradas quanto à mobilidade, escurecimento e mortalidade, para cálculo da taxa de sobrevivência.

e. Microscopia eletrônica de varredura (MEV): As suspensões fágicas purificadas foram filtradas e submetidas à deposição de 5 µL sobre telas específicas de cobre. Após 5 minutos de adsorção, aplicou-se ácido fosfotúngstico (PTA, 2%) como contrastante. As amostras secaram por 18 horas à temperatura ambiente antes da observação em MEV. As imagens foram registradas digitalmente, permitindo análise morfológica (cabeça, cauda, colarinho e fibras caudais) e mensuração com *software* ImageJ®.

f. Eficácia em biofilmes: Biofilmes foram formados em placas de 96 poços com meio LB e inóculo de *K. pneumoniae* (10⁵ UFC/poço). Após 4 horas (fase inicial) ou 24 horas (fase madura), o sobrenadante foi substituído por meio contendo fagos (10⁵ PFU/poço). Após nova incubação (24 horas a 37 °C), adicionaram-se 50 µL de solução Alamar Blue 1X, incubando-se por 1 hora no escuro. A absorbância foi medida a 570 nm; a conversão da resazurina em resorufina indicou atividade metabólica residual, permitindo quantificar a viabilidade celular. Incluíram-se controles negativos (meio LB) e positivos (bactérias sem fagos).

g. Extração e determinação do material genético fagal: A extração dos ácidos nucleicos foi realizada com o QIAamp® Viral RNA Mini Kit (Qiagen). Amostras de K23, K75 e K79 foram lisadas em tampão AVL com carreador de RNA, seguidas de adição de etanol e purificação em colunas Mini Spin, e eluídas em 60 µL de água livre de nucleases. A integridade foi avaliada por eletroforese em gel de agarose 1% corado com brometo de etídio, visualizado sob luz UV. Para determinar o tipo de genoma, amostras foram tratadas com DNase e RNase (37 °C, 30 minutos), e a migração eletroforética confirmou o tipo genético fágica.

h. Resistência à variação de temperatura: Aliquotas de 30 µL de cada fago foram incubadas em diferentes temperaturas: 30, 37, 42, 50, 60 e 70 °C. Após 1 hora, a infectividade residual foi avaliada por ensaio de lise em placas de Petri, contendo tapetes bacterianos formados por misturas de isolados KP34, KP75 e KP79. A presença de placas de lise foi utilizada como indicador de manutenção da viabilidade viral sob estresse térmico.

i. Resistência à variação de pH: Foram preparados meios com pH ajustado entre 3 e 11. A cada 90 µL de PBS ajustado foram adicionados 10 µL de suspensão fagal, totalizando 100 µL por amostra. Após uma hora à temperatura ambiente, as amostras foram aplicadas sobre tapetes bacterianos de *K. pneumoniae* e incubadas a 37 °C por 24 horas. A presença ou ausência de placas de lise serviu para determinar o limite de estabilidade ácido-básica dos fagos.

j. Anexação a sondas hospitalares: Foram usadas sondas nasogástricas de PVC e Foley de látex. Na versão inicial, sondas intactas foram imersas por 24 h em soluções de fagos K23, K75 e K79 em três concentrações (padrão, 1×10 e 1×100) com controle em PBS. Após secagem, as sondas foram expostas à *K. pneumoniae*, lavadas e analisadas com Alamar Blue (absorbância a 570 nm) para medir a viabilidade bacteriana residual. Na segunda versão, sondas cortadas longitudinalmente foram esterilizadas por UV e submersas por 6 dias em soluções combinadas de fagos filtradas (0,45 µm). Após secagem, essas sondas foram expostas a *K. pneumoniae* e a turbidez do meio o indicador da inibição bacteriana pela ação fágica aderida às superfícies.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na avaliação do espectro de hospedeiros – descrita no item 2.b – o fago K23 apresentou maior amplitude de ação, com lise em 16 dos 26 isolados testados (61,5% de eficiência), o que enfatiza seu potencial como vírus decodificador de depolimerase. As Tabelas 1 e 2 apresentam o perfil de resistência e suscetibilidade dos isolados clínicos de *K. pneumoniae* infectados frente aos fagos A2, K23, K75 e K79, bem como às misturas obtidas no ensaio de evolução *in vitro*, designadas como suscetíveis (+) ou resistentes (-), permitindo a comparação da eficiência lítica.

Tabela 1. Isolados (KSP39 a KB142)

Isolado clínico	Bacteriófagos				Mixes
	A2	K23	K75	K79	
KSP39	-	+	+	+	+
KSP47	-	-	-	-	-
KSP48	-	-	-	-	-
KSP53	-	+	+	+	+
KSP73	-	+	+	+	+
KSP76	-	-	+	+	+
KSP80	-	-	+	+	+
KSP81	-	-	-	-	-
KSP99	-	+	-	-	+
KB107	-	+	+	+	+
KB120	-	+	-	-	+
KB134	-	+	+	+	+
KB142	-	+	+	+	+

Tabela 2. Isolados (KB169 a KCL113)

Isolado clínico	Bacteriófagos				Mixes
	A2	K23	K75	K79	
KB169	-	+	+	+	+
KB171	-	+	+	+	+
KB172	-	+	+	+	+
KB177	-	+	-	-	+
KB212	-	+	-	-	+
KCL90	-	-	-	-	+
KCL103.2	-	-	-	-	-
KCL106	-	-	-	-	-
KCL107	-	+	-	-	+
KCL109.2	-	-	-	-	-
KCL110	-	+	-	-	+
KCL111	-	+	-	-	-
KCL113	-	-	-	-	-

O teste do período de eclipse – descrito no item 2.c – permitiu constatar que o tempo de adsorção de K23, K75 e K79 ficou entre 10 e 30 min e período de eclipse de 10 a 20 min, indicando cinética de infecção relativamente rápida. Estes achados são mostrados na Figura 1.



Figura 1. Avaliação do tempo de adsorção viral e do período de eclipse

O teste de infecção *in vivo* – descrito no item 2.d – mostrou que os fagos K23, K75 e K79 prolongaram a vida das larvas infectadas. Após 12 horas, cerca de 90% das larvas tratadas com K23 permaneceram vivas, enquanto apenas 10% sobreviveram sem tratamento, evidenciando a eficácia do fago. Devido à baixa eficiência, o fago A2 foi excluído desta etapa.

A Figura 2 apresenta a taxa de sobrevivência de *Galleria mellonella* infectadas com *K. pneumoniae* e tratadas com fagos. As larvas receberam 10 µL de suspensão bacteriana (OD600 0,1–0,2; ~10⁶ UFC/mL) na penúltima proleg e, após 30 minutos, 10 µL de fagos (10⁵ PFU/mL; MOI = 0,1), simulando condições terapêuticas realistas. Os fagos K23 (A), K75 (C) e K79 (D) aumentaram a sobrevivência em relação ao grupo infectado não tratado, enquanto A2 (B) não apresentou efeito. Os controles negativos (PBS) e as larvas não infectadas tratadas com fagos mantiveram 100% de sobrevivência, confirmando a segurança do método.

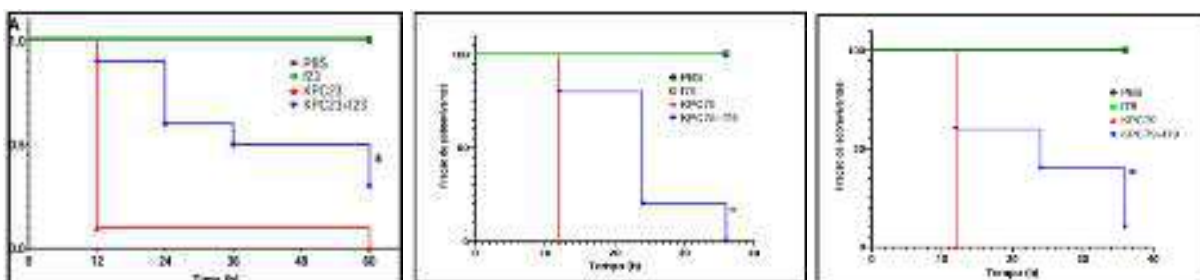


Figura 2. Sobrevivência de *G. mellonella* infectadas por *K. pneumoniae* (efeito dos fagos)

As micrografias obtidas por microscopia eletrônica de transmissão – descritas no item 2.e – mostraram que K75 e K79 possuem morfologia típica da família *Myoviridae*, com cápside icosaédrica e cauda contrátil. O K23 exibiu estrutura distinta, sugerindo pertencimento às famílias *Cystoviridae* ou *Podoviridae*. Com base nos demais resultados, infere-se que K23 seja um podovírus, devido à elevada produção de depolimerase (King *et al*, 2011). A Figura 3 ilustra as diferenças morfológicas entre os fagos isolados.



Figura 3. Micrografia eletrônica dos fagos isolados

O ensaio em biofilmes – descrito no item 2.f – mostrou que os fagos inibiram significativamente a formação das comunidades microbianas de *K. pneumoniae* quando aplicados após 4 horas de incubação, indicando ação preventiva na fase inicial de adesão celular. Os fagos K23 e K79 também atuaram sobre biofilmes maduros (24 horas), conforme indicado pela diminuição da coloração rosa no ensaio de Alamar Blue. Esses resultados destacam o potencial dos fagos como agentes antimicrobianos no controle de infecções associadas a biofilmes, especialmente em contextos de baixa eficácia dos antibióticos convencionais.

A Figura 4 mostra a ação dos fagos sobre biofilmes de *K. pneumoniae* formados após 4 horas (A) e 24 horas (B) de incubação, avaliada pela densidade óptica a 570 nm. As condições de teste foram: meio de cultura puro (controle negativo, barra preta), bactérias cultivadas (controle positivo, barra cinza) e bactérias co-cultivadas com fagos específicos (barra branca). Letras distintas (A, B) indicam diferenças estatisticamente significativas entre os tratamentos, com efeitos detectados após 4 horas ($F_{6,35}=36,02$; $p<0,001$) e 24 horas ($F_{6,21}=25,32$; $p<0,001$).

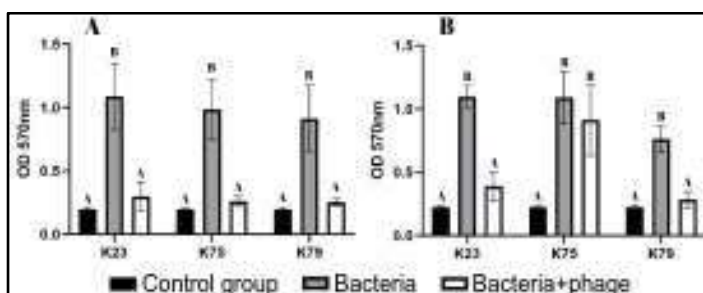


Figura 4. Ação dos fagos em biofilmes de *K. pneumoniae*

A extração do material genético – descrita no item 2.g – resultou em bandas íntegras na eletroforese, indicando ausência de fragmentação e confirmando a efetividade do protocolo com o kit QIAamp®. As amostras demonstraram a integridade dos genomas dos fagos K23, K75 e K79, evidenciada pelas faixas nítidas e contínuas observadas na Figura 5.

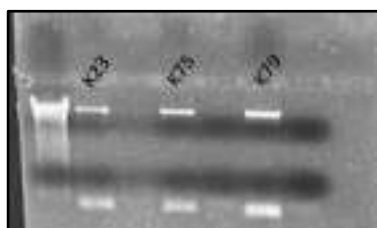


Figura 5. Integridade dos genomas



Figura 6. Ausência de degradação

No ensaio de determinação do tipo de ácido nucleico, mostrado na Figura 6 (acima), verificou-se a ausência de degradação nas amostras tratadas com RNase, enquanto as amostras submetidas à DNase apresentaram completa ausência de bandas no gel. Esses resultados confirmam que os fagos analisados possuem genomas compostos por DNA, o que é coerente com a morfologia previamente observada por microscopia eletrônica.

O experimento de resistência térmica – descrito no item 2.h – revelou que os fagos K23, K75 e K79 mantiveram viabilidade entre 30 °C e 37 °C, demonstrando estabilidade ambiental e fisiológica. Não houve degradação entre 40 °C e 60 °C, indicando que a febre não inibe a atividade viral. Acima de 70 °C, a ausência de placas de lise indicou inativação térmica dos fagos, possivelmente por desnaturação do capsídeo e degradação do material genético. De modo geral, os resultados sugerem elevada resistência térmica, conforme ilustrado na Figura 7.

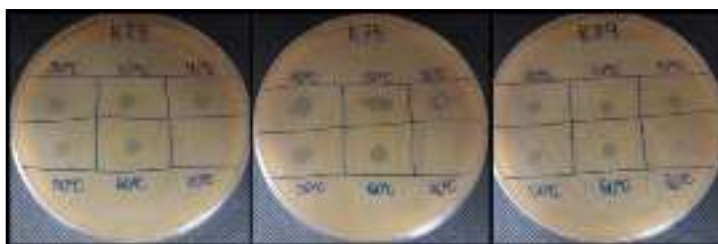


Figura 7. Resistência térmica dos fagos

No teste de resistência à variação de pH – descrito no item 2.i – observou-se que K75 e K79 mantiveram atividade lítica em todo o intervalo testado (pH de 3–10), demonstrando elevada estabilidade frente a condições ácidas e alcalinas. O fago K23 perdeu atividade em pH 3, indicando sensibilidade a ambientes altamente ácidos. Em conjunto, os resultados (Figura 8) evidenciam ampla tolerância dos fagos a variações de pH, característica favorável para aplicações terapêuticas em diferentes microambientes do organismo humano.

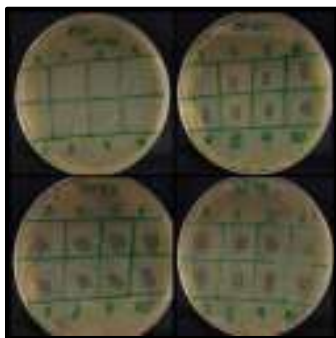


Figura 8. Teste de Resistência pH

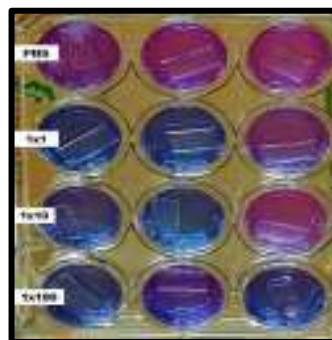


Figura 9. Teste Colorimétrico

O teste de anexação a sondas hospitalares – descrito no item 2.j – mostrou que o K79 aderiu às sondas de PVC, mantendo a sua ação lítica após a secagem e reduzindo a viabilidade bacteriana. Em comento, as amostras com K23 foram contaminadas, portanto não analisadas.

A Figura 9 apresenta os resultados da primeira versão do ensaio com o K79, avaliados pelo Alamar Blue como indicador de viabilidade celular. O teste colorimétrico com resazurina foi realizado em triplicata, sendo cada linha uma triplicata de concentração viral. Poços rosados indicam metabolismo ativo, enquanto os azuis refletem baixo metabolismo.

Após ajustes no protocolo, a segunda versão do ensaio empregou sondas abertas, e a esterilização por radiação ultravioleta eliminou bolhas e reduziu as contaminações. A ampliação do tempo de imersão de 24 horas para 6 dias favoreceu a adsorção fágica. A análise visual da turbidez revelou poços com sondas tratadas mais translúcidas que os controles, indicando menor densidade de bacteriana e reforçando o potencial antimicrobiano dos fagos.

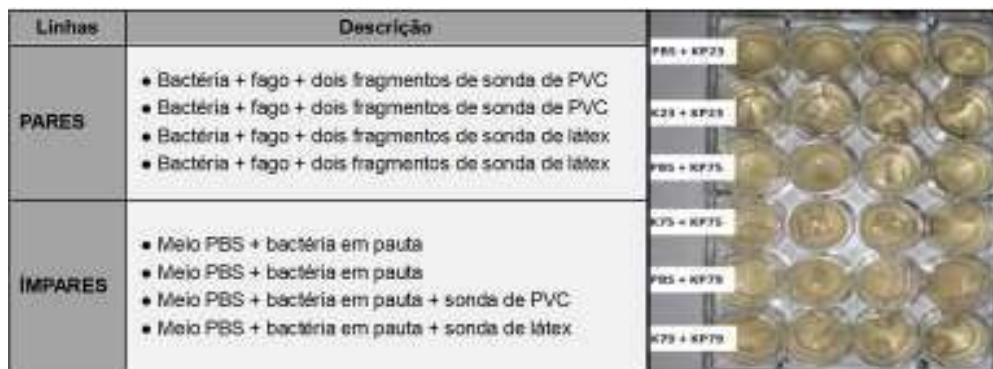


Figura 10. Análise visual dos fagos K23, K75 e K79 após o ajuste do protocolo

As avaliações com sondas de látex e de PVC mostraram adesão fágica equivalente. Os testes com K23, K75 e K79 foram analisados visualmente, com turbidez proporcional à concentração bacteriana. A descrição dos poços (Figura 10, esquerda) permitiu comparar controles e amostras tratadas, enquanto à direita estão os resultados visuais. A análise confirmou a ação dos fagos na prevenção da colonização bacteriana, indicando seu potencial de controle.

4 CONCLUSÃO

O aumento do número de mortes por doenças causadas superbactérias, aliado à resistência crescente desses patógenos a antibióticos de última geração e à proteção conferida pela matriz extrapolimérica dos biofilmes frente a métodos de tratamento, esterilização e defesa do sistema imunológico, gera preocupação e realça a urgência da implementação de cuidados contra esses organismos. Neste contexto, o uso de bacteriófagos e de suas enzimas surge como estratégia eficaz para conter os danos provocados por biofilmes de bactérias multirresistentes.

Os resultados desta pesquisa demonstraram a eficácia dos bacteriófagos na inibição do crescimento bacteriano *in vitro* e *in vivo*, evidenciando sua importância no controle de biofilmes em sondas hospitalares e na desinfecção de superfícies, com consequente redução dos riscos de infecção nosocomial. Esses achados reforçam o potencial da fagoterapia e das enzimas fágicas no combate a superbactérias e biofilmes, contribuindo para estratégias globais de enfrentamento da resistência antimicrobiana – um dos maiores desafios contemporâneos para a saúde pública.

REFERÊNCIAS

- INSTITUTE FOR HEALTH METRICS AND EVALUATION. **Lancet: more than 3.9 million deaths from antibiotic-resistant infections projected annually by 2050 without urgent action.** 2024. Disponível: <https://www.healthdata.org/news-events/newsroom/news-releases/lancet-more-39-million-deaths-antibiotic-resistant-infections>. Acesso: 2 nov. 2025.
- KING, A. M. Q. et al. **Virus taxonomy: 9th report of the International Committee on Taxonomy of Viruses.** 2011. Disponível: https://ictv.global/report_9th. Acesso: 10 out. 2025.
- MASCARENHAS, P. V. R. et al. **Fagoterapia como alternativa no combate a bactérias multirresistentes.** 2025. Disponível: virtual.febrace.org.br/2025/SAU/7009. Acesso: 5 out 2025.
- WORLD HEALTH ORGANIZATION. **WHO bacterial priority pathogens list, 2024: bacterial pathogens of public health importance to guide research, development and strategies to prevent and control antimicrobial resistance.** 2024. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240093461>. Acesso: 2 nov. 2025.
- XING, Jiabao et al. **Phage therapy against Klebsiella pneumoniae: an evolving perspective.** *Biotechnology Advances*, v. 84, 2025. DOI: 10.1016/j.biotechadv.2025.108689.



RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM INFECÇÕES CARDÍACAS

EMANUELA ALMEIDA SOBRAL; ISABELLA VILELA DIAS; NICOLE FERNANDES ALBINO; GISELLE CARVALHO CRUZ; VICTORIA STROZZI PRETTO DA FONSECA.

RESUMO

A resistência antimicrobiana (RAM) em infecções cardíacas tem se consolidado como um dos maiores desafios clínicos da cardiologia contemporânea. A endocardite infecciosa, em especial, apresenta crescente taxa de falhas terapêuticas devido ao aparecimento de cepas multirresistentes de *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus faecalis* e estreptococos do grupo viridans, comprometendo a eficácia dos esquemas antibióticos tradicionais (Holland et al., 2016). De acordo com O'Neill (2016) e dados mais recentes da OMS, a RAM tende a ampliar a morbimortalidade dessas infecções, prolongando hospitalizações e elevando custos em sistemas de saúde já sobrecarregados. No contexto das cardiopatias, a complexidade estrutural das válvulas cardíacas e a formação de biofilmes contribuem para a persistência microbiana, dificultando a penetração dos antimicrobianos e favorecendo recidivas, como apontado por Baddour et al. (2015) nas diretrizes da American Heart Association. A situação é agravada pela circulação de cepas de *S. aureus* resistentes à meticilina (MRSA), cujo impacto nas infecções valvares é amplamente reconhecido por Fowler et al. (2020), que destacam o aumento significativo de complicações embólicas e falência terapêutica. Além disso, a prescrição inadequada de antimicrobianos em ambientes hospitalares e ambulatoriais continua sendo um fator-chave para a disseminação da RAM, especialmente em países de média renda, onde a vigilância epidemiológica ainda é limitada (Laxminarayan et al., 2020). Estratégias de stewardship, aliadas à incorporação de testes rápidos de sensibilidade e ao uso de terapias combinadas, são recomendadas globalmente para mitigar a resistência emergente em infecções cardíacas. Assim, compreender o panorama microbiológico, os mecanismos de resistência envolvidos e as tendências terapêuticas atuais torna-se fundamental para o manejo clínico seguro e eficaz desses pacientes, representando um campo prioritário de investigação e intervenção em saúde pública.

Palavras-chave: Antimicrobiano; Patógenos; Microbiologia.

1 INTRODUÇÃO

A resistência antimicrobiana (RAM) constitui uma das maiores ameaças à saúde global e tem impacto direto na evolução das infecções cardíacas, sobretudo na endocardite infecciosa. A Organização Mundial da Saúde destaca a RAM como uma emergência sanitária de magnitude crescente, resultado da pressão seletiva causada pelo uso inadequado de antibióticos em nível hospitalar e comunitário (World Health Organization, 2021).

No contexto das infecções cardiovasculares, essa problemática assume maior gravidade pela complexidade anatômica das válvulas e pela tendência à formação de biofilmes, que reduzem substancialmente a eficácia terapêutica dos antimicrobianos (Costerton et al., 1999). A endocardite infecciosa permanece uma condição de elevada morbimortalidade, e seu manejo clínico tem sido dificultado pelo aumento de cepas

multirresistentes, especialmente *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA) e *Enterococcus faecalis* com resistência a vancomicina (Baddour et al., 2015; Arias & Murray, 2012).

Estudos epidemiológicos demonstram que a presença dessas variantes patogênicas está associada a maior risco de complicações embólicas, prolongamento de internações e falhas terapêuticas, mesmo com regimes antibióticos otimizados (Fowler et al., 2005).

O uso inadequado de antimicrobianos continua sendo um motor central para expansão da resistência. O'Neill (2016) enfatiza que, sem intervenções efetivas de stewardship, a RAM poderá tornar infecções comuns novamente fatais nas próximas décadas. Em infecções cardíacas, o cenário é ainda mais crítico, já que o atraso no início da terapia adequada está diretamente ligado ao aumento da mortalidade (Holland et al., 2016).

Diante desse panorama, compreender os mecanismos microbiológicos da resistência, a dinâmica epidemiológica das cepas emergentes e as estratégias terapêuticas recomendadas é essencial para o manejo clínico seguro. A caracterização da RAM em infecções cardíacas representa, portanto, não apenas um desafio clínico, mas uma prioridade em saúde pública e pesquisa biomédica.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Trata-se de um estudo de revisão narrativa com abordagem qualitativa, desenvolvido a partir da análise crítica da literatura científica referente à resistência antimicrobiana em infecções cardíacas, com ênfase em endocardite infecciosa. A pesquisa foi conduzida entre setembro 2022 e novembro de 2024, seguindo as recomendações metodológicas descritas por Rother (2007) para revisões narrativas, garantindo rigor, organização temática e rastreabilidade das informações.

Seleção das fontes e bases de dados

A busca bibliográfica foi realizada nas bases PubMed/MEDLINE, Scopus, Web of Science e SciELO, por serem plataformas consolidadas para acesso a estudos originais, diretrizes clínicas e revisões sistemáticas em infectologia, microbiologia e cardiologia. Documentos institucionais da World Health Organization (WHO) e diretrizes da American Heart Association (AHA) e da European Society of Cardiology (ESC) também foram incluídos por sua relevância no manejo de infecções cardiovasculares.

Estratégia de busca

Foram utilizados descritores controlados do MeSH e DeCS, combinados por operadores booleanos, incluindo:

- “antimicrobial resistance”,
- “infective endocarditis”,
- “cardiac infections”,
- “Staphylococcus aureus”,
- “Enterococcus faecalis”,
- “multidrug resistance”.

As combinações seguiram o padrão:

("antimicrobial resistance" AND "infective endocarditis") OR ("multidrug resistant bacteria" AND "cardiac infections").

Cr terios de inclus o e exclus o

Foram inclu dos:

1. Artigos publicados entre 2010 e 2023;
2. Estudos envolvendo resist ncia antimicrobiana relacionada a infec es card acas; Ensaio cl nico, coortes, revis es sistem ticas, diretrizes e estudos de vigil ncia epidemiol gica;
3. Textos dispon veis integralmente em ingl s, portugu s ou espanhol.

Foram exclu dos:

- Resumos sem texto completo;
- Relatos de caso isolados;
- Estudos exclusivamente experimentais *in vitro* sem correla o cl nica.

Procedimentos de an lise

Os artigos selecionados foram avaliados quanto ao tipo de bact ria envolvida, perfil de resist ncia, terapias utilizadas, desfechos cl nicos e recomenda es terap uticas. As informa es foram organizadas em categorias tem ticas, permitindo compara o entre achados epidemiol gicos e diretrizes internacionais. A an lise buscou identificar padr es emergentes de resist ncia, impacto na evolu o cl nica e implica es terap uticas.

3 RESULTADOS E DISCUSS O

A an lise da literatura evidenciou que a resist ncia antimicrobiana em infec es card acas, especialmente na endocardite infecciosa, tem avan ado de forma consistente nas  ltimas d cadas. Estudos cl nicos recentes demonstram que *Staphylococcus aureus* permanece como o principal agente etiol gico, apresentando taxas crescentes de resist ncia, sobretudo nas variantes MRSA (Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*) (Fowler et al., 2020).

Esses isolados est o associados a pior progn stico, maior incid ncia de emboliza es s pticas e necessidade ampliada de interven es cir rgicas precoces.

Al m disso, observou-se aumento significativo de resist ncia em *Enterococcus faecalis*, incluindo cepas resistentes   vancomicina (VRE). Arias e Murray (2012) destacam que a emerg ncia de VRE tem limitado op es terap uticas convencionais, exigindo combina es antibi ticas de maior toxicidade, como daptomicina em altas doses associada a β -lact micos sin rgicos. Nas endocardites por enterococos, a literatura demonstra maior taxa de falha terap utica quando comparada a outros agentes, refor ando a complexidade dessas infec es (Fern ndez-Hidalgo et al., 2013).

A forma o de biofilmes nas v lvulas card acas foi identificada como um dos principais mecanismos de persist ncia microbiana, dificultando a penetra o dos antibi ticos e tornando a erradica o mais dif cil. Costerton et al. (1999) j  destacavam que biofilmes reduzem a efic cia antimicrobiana em at  1.000 vezes, o que explica a recorr ncia e severidade observadas em muitos quadros cl nicos.

Outro achado recorrente na literatura é o impacto do uso inadequado de antimicrobianos. Segundo o relatório de O'Neill (2016), cerca de 50% das prescrições hospitalares para infecções graves apresentam falhas de escolha, dose ou duração, contribuindo diretamente para o aumento da resistência. Estudos epidemiológicos recentes também indicam que atrasos no início do tratamento adequado estão associados à elevação da mortalidade em endocardite infecciosa, principalmente em casos por MRSA e VRE (Holland et al., 2016).

Por fim, as diretrizes internacionais reforçam a necessidade de antibioticoterapia guiada por cultura e testes de sensibilidade, uso racional de antimicrobianos e vigilância contínua. A integração entre infectologia, cardiologia e cirurgia cardíaca surge como determinante para melhorar os desfechos clínicos (Baddour et al., 2015).

4 CONCLUSÃO

A resistência antimicrobiana em infecções cardíacas, especialmente na endocardite infecciosa, representa um dos maiores desafios contemporâneos da prática clínica e da saúde pública. A crescente prevalência de cepas multirresistentes, como MRSA e VRE, associada à complexidade estrutural das válvulas cardíacas e à formação de biofilmes, compromete significativamente a eficácia terapêutica e eleva a morbimortalidade. A literatura analisada demonstra que o manejo adequado dessas infecções depende da integração entre diagnóstico microbiológico preciso, início rápido de antibioticoterapia direcionada, vigilância epidemiológica robusta e aplicação rigorosa de programas de stewardship antimicrobiano.

Os estudos revisados evidenciam a necessidade de estratégias terapêuticas mais individualizadas e baseadas em evidências, bem como a importância da colaboração entre infectologistas, cardiologistas e equipes cirúrgicas. A resistência antimicrobiana, conforme alertam organismos internacionais, tende a crescer se não houver ações coordenadas que incluam uso racional de antimicrobianos, políticas de prevenção e aprimoramento da vigilância microbiológica. Assim, compreender a dinâmica e as implicações da RAM em infecções cardíacas torna-se fundamental para reduzir complicações, melhorar desfechos e orientar futuras pesquisas clínicas e epidemiológicas.

REFERÊNCIAS

- Arias, C. A.; Murray, B. E. The rise of the Enterococcus: beyond vancomycin resistance. *Clinical Microbiology Reviews*, v. 25, n. 2, p. 420–445, 2012.
- Baddour, L. M., et al. Infective endocarditis in adults: diagnosis, antimicrobial therapy, and management of complications: a scientific statement for healthcare professionals from the American Heart Association. *Circulation*, v. 132, n. 15, p. 1435–1486, 2015.
- Costerton, J. W., et al. Bacterial biofilms: a common cause of persistent infections. *Science*, v. 284, p. 1318–1322, 1999.
- Fernández-Hidalgo, N., et al. High-dose daptomycin for treatment of enterococcal endocarditis. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, v. 68, n. 10, p. 2460–2467, 2013.
- Fowler, V. G., et al. Staphylococcus aureus endocarditis: a consequence of medical progress. *JAMA*, v. 293, n. 24, p. 3012–3021, 2005.

Fowler, V. G., et al. Clinical management of *Staphylococcus aureus* bacteremia and endocarditis. *Clinical Infectious Diseases*, v. 71, n. 4, p. 706–718, 2020.

Holland, T. L., et al. Infective endocarditis. *The New England Journal of Medicine*, v. 374, p. 1575–1578, 2016.

O’Neill, J. Tackling drug-resistant infections globally: final report and recommendations. *Review on Antimicrobial Resistance*. London: Wellcome Trust; UK Government, 2016.

Rother, E. T. Revisão sistemática X revisão narrativa. *Acta Paulista de Enfermagem*, v. 20, n. 2, p. v–vi, 2007.

World Health Organization. *Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report*. Geneva: WHO, 2021.



AVANÇOS NA PREVENÇÃO E CONTROLE DE INFECÇÕES VIRAIS EMERGENTES: O PAPEL DO PCR NA DETECÇÃO DE SARS-COV-2, INFLUENZA E VÍRUS ZOONÓTICOS

NAIARA CRISTINA DE SOUZA GARAJAU; CAROLINNE ALVES OLIVEIRA SOUZA; ANA CLARA MARQUES DE FREITAS; MARIA EDUARDA DA SILVA; MARIA GABRYELLA TAVARES SILVA; DIOGO BARROSO MUNIZ; MARCELA BOSCHIN POPENDA.

RESUMO

As infecções causadas por novos agentes virais têm se mostrado um desafio crescente para os sistemas de saúde, exigindo respostas rápidas, vigilância contínua e métodos diagnósticos cada vez mais eficazes. Nesse cenário, a biologia molecular, especialmente por meio da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), tem assumido papel central na detecção e no controle de patógenos respiratórios e zoonóticos. O presente estudo teve como objetivo analisar as evidências científicas acerca dos avanços no diagnóstico molecular com base no uso do PCR, destacando sua importância para o monitoramento epidemiológico e para a tomada de decisões em saúde pública. Trata-se de uma revisão integrativa da literatura, de natureza exploratória e abordagem qualitativa, realizada nas bases PubMed, Biblioteca Virtual em Saúde e Cochrane Library, contemplando artigos publicados entre 2020 e 2025. Foram incluídos dez estudos que atenderam aos critérios de elegibilidade e compuseram a base de análise. Os resultados apontaram que o emprego do PCR multiplex reduziu significativamente o tempo de diagnóstico e ampliou a precisão na detecção de agentes etiológicos, contribuindo para o manejo clínico adequado e a contenção de surtos. Verificou-se também a expansão de tecnologias portáteis e automatizadas, que favorecem o uso do método em regiões com menor infraestrutura laboratorial. A padronização de protocolos e a integração entre diagnóstico molecular, vigilância epidemiológica e políticas públicas mostraram-se fundamentais para o enfrentamento de infecções respiratórias e zoonóticas. Conclui-se que o PCR consolidou-se como ferramenta indispensável para o diagnóstico rápido, preciso e confiável de infecções virais, reafirmando seu papel estratégico na prevenção e no controle de emergências sanitárias. Contudo, desafios persistem quanto ao custo, à capacitação técnica e à equidade no acesso, evidenciando a necessidade de investimentos contínuos e de cooperação científica internacional.

Palavras-chave: Biotecnologia; Diagnóstico molecular; Vigilância epidemiológica.

1 INTRODUÇÃO

Nas últimas décadas, as infecções virais emergentes têm se destacado como um dos principais desafios para a saúde pública global. O surgimento de novos vírus e a reemergência de agentes já conhecidos, como o SARS-CoV-2 e o Influenza, evidenciam a necessidade de vigilância constante e de métodos diagnósticos eficazes. Além disso, os vírus de origem zoonótica, como o Nipah e o Hendra, representam um risco crescente pela sua capacidade de atravessar barreiras entre espécies e causar surtos com elevada taxa de mortalidade (Paliwal *et al.*, 2024).

Diante desse cenário, as técnicas de biologia molecular, especialmente a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), têm desempenhado papel essencial na detecção rápida e precisa

de patógenos virais. O avanço dos métodos multiplex permitiu identificar simultaneamente diferentes vírus respiratórios, reduzindo o tempo de diagnóstico e auxiliando na tomada de decisões clínicas mais assertivas (Clark *et al.*, 2023). Além disso, estudos recentes reforçam que o uso de plataformas de PCR em tempo real contribui para o controle de surtos, melhorando a resposta dos sistemas de saúde e o monitoramento epidemiológico (Upadhyay *et al.*, 2024).

Os progressos na área diagnóstica refletem não apenas o desenvolvimento tecnológico, mas também a integração entre ciência, vigilância laboratorial e políticas de prevenção. Esses avanços demonstram o potencial do PCR como ferramenta estratégica no enfrentamento de vírus emergentes e na mitigação de futuras pandemias (Li *et al.*, 2025).

Dessa forma, o intuito deste trabalho é analisar os avanços na prevenção e no controle de infecções virais emergentes, com ênfase no papel do PCR na detecção de SARS-CoV-2, Influenza e vírus zoonóticos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Trata-se de uma revisão integrativa da literatura, de natureza exploratória e abordagem qualitativa, voltada à identificação e análise de evidências científicas sobre os avanços na prevenção e controle de infecções virais emergentes, com ênfase no papel do PCR na detecção de SARS-CoV-2, Influenza e vírus zoonóticos. A pesquisa foi orientada pela seguinte pergunta norteadora: “Quais são os avanços científicos e tecnológicos relacionados ao uso do PCR na detecção e controle de infecções virais emergentes nos últimos cinco anos?”

A busca dos estudos foi realizada nas bases de dados PubMed, Biblioteca Virtual em Saúde (BVS) e *Cochrane Library*. Foram utilizados os Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) e os correspondentes *Medical Subject Headings* (MeSH), combinados por meio dos operadores booleanos *AND* e *OR*. A estratégia de busca foi estruturada da seguinte forma: *(Polymerase Chain Reaction) OR (PCR) AND (Viral Infections) OR (Emerging Viruses) AND (Influenza Virus) OR (SARS-CoV-2) AND (Zoonotic Diseases) OR (Zoonotic Viruses)*. Foram incluídos artigos publicados entre 2020 e 2025, disponíveis em texto completo, em português, inglês ou espanhol, que abordassem o uso do PCR na detecção e controle de infecções virais emergentes. Foram excluídos estudos duplicados, editoriais, cartas ao editor e revisões não sistematizadas.

Durante o processo de triagem, inicialmente foram identificados 178 estudos nas bases pesquisadas. Após a remoção das duplicatas, permaneceram 132 artigos. Em seguida, procedeu-se à leitura dos títulos e resumos, etapa na qual 112 estudos foram excluídos por não se enquadrarem nos critérios estabelecidos. Os 20 artigos restantes foram avaliados na íntegra, resultando na seleção final de 10 estudos que atenderam aos critérios de inclusão e compuseram a base de análise desta revisão.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram selecionados dez artigos, os estudos mostram que o uso do PCR multiplex reduziu de forma significativa o tempo de diagnóstico de infecções respiratórias, permitindo maior agilidade na identificação dos patógenos e contribuindo para o manejo clínico adequado (Clark *et al.*, 2023). A aplicação dos testes moleculares de alta sensibilidade foi determinante para o controle da doença causada pelo vírus SARS-CoV-2 (Síndrome Respiratória Aguda Grave Coronavírus 2), destacando a relevância dessas técnicas durante o enfrentamento da Covid-19 (El-Daly, 2024).

A integração de sistemas multiplex em laboratórios clínicos ampliou a capacidade de detecção simultânea de diferentes agentes virais, o que favoreceu diagnósticos mais rápidos e abrangentes (Fourati & Loubet, 2025). Em paralelo, avanços foram observados nas estratégias

de diagnóstico e monitoramento de doenças zoonóticas, em que o PCR se consolidou como ferramenta central na identificação precoce de patógenos de origem animal (Gupta *et al.*, 2024). Entre os resultados, foi observada também uma alteração no padrão de circulação de vírus respiratórios em crianças durante o período pandêmico, com identificação mais precisa de coinfeções respiratórias, graças à utilização do PCR (Khales *et al.*, 2025). A combinação entre PCR em tempo real e dispositivos portáteis emergiu como inovação relevante, permitindo diagnósticos rápidos e acessíveis em contextos com menor infraestrutura laboratorial (Li *et al.*, 2025).

Nos estudos voltados aos vírus zoonóticos, verificou-se a importância do diagnóstico precoce e da padronização dos protocolos laboratoriais. O uso do PCR foi decisivo na contenção de surtos de alta letalidade, como os causados pelos vírus Nipah e Hendra (Paliwal *et al.*, 2024; Sharma *et al.*, 2024). As análises sobre o desempenho dos ensaios multiplex de PCR em tempo real demonstraram elevada precisão e ampla aplicabilidade em ambientes clínicos e de vigilância (Upadhyay *et al.*, 2024). Além disso, estratégias que combinam diagnóstico molecular, desenvolvimento de vacinas e terapias gênicas vêm sendo exploradas como alternativas complementares no enfrentamento de vírus emergentes (Yu *et al.*, 2024).

A análise dos artigos confirma que os avanços no uso da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) representam um marco no diagnóstico de infecções virais emergentes, proporcionando rapidez, precisão e confiabilidade nos resultados laboratoriais. Em consonância com Clark *et al.* (2023), a aplicação do PCR multiplex reduziu significativamente o tempo de resposta em ambientes hospitalares, otimizando a tomada de decisões clínicas e o manejo de pacientes com sintomas respiratórios. Essa tendência é reforçada por El-Daly (2024), que aponta a detecção molecular como fator decisivo no enfrentamento da doença causada pelo vírus SARS-CoV-2, contribuindo para a vigilância de variantes e o controle da pandemia de Covid-19.

De modo complementar, Fourati e Loubet (2025) ressaltam que a modernização dos sistemas laboratoriais e a incorporação de plataformas automatizadas ampliam a eficiência na identificação simultânea de diferentes patógenos. Essa visão converge com Gupta *et al.* (2024), que defendem a integração entre diagnóstico molecular e vigilância epidemiológica como estratégia central para o controle de doenças zoonóticas com potencial pandêmico. Ambos os autores reforçam que a combinação entre inovação tecnológica e políticas de saúde pública fortalece a resposta frente a surtos emergentes.

Khales *et al.* (2025) evidenciam que, durante a pandemia, houve alteração significativa no padrão de infecções respiratórias em crianças, e que o PCR foi essencial para a detecção de coinfeções, superando limitações dos métodos convencionais. Li *et al.* (2025) acrescentam que os dispositivos portáteis de PCR e as metodologias de resposta rápida ampliam o acesso ao diagnóstico em regiões com baixa infraestrutura, apontando um avanço importante para a equidade na saúde global.

Os estudos sobre vírus zoonóticos reforçam a importância da detecção precoce. Paliwal *et al.* (2024) enfatizam que a identificação rápida de agentes como o Nipah é crucial para conter surtos em áreas endêmicas, enquanto Sharma *et al.* (2024) destacam a padronização dos protocolos de PCR como elemento fundamental para uma resposta internacional coordenada frente a vírus emergentes.

Upadhyay *et al.* (2024) apontam que os ensaios multiplex de PCR vêm se destacando por sua precisão e aplicabilidade em diferentes contextos clínicos, aproximando a biologia molecular da rotina hospitalar. Em convergência, Yu *et al.* (2024) argumentam que a integração entre diagnóstico molecular, terapias gênicas e vacinas reflete um avanço interdisciplinar capaz de redefinir a forma como a ciência responde a novas ameaças virais.

4 CONCLUSÃO

Evidencia-se que os avanços no uso da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) representam um marco no diagnóstico e controle das infecções virais emergentes, proporcionando maior rapidez, precisão e confiabilidade na identificação de patógenos como o SARS-CoV-2, o Influenza e os vírus zoonóticos. Os resultados desta revisão evidenciam que o PCR consolidou-se como ferramenta essencial tanto na prática clínica quanto na vigilância epidemiológica, favorecendo respostas mais eficazes diante de surtos e pandemias.

Os objetivos propostos foram atingidos, uma vez que a análise dos estudos demonstrou o impacto positivo do aprimoramento tecnológico dos métodos moleculares e da integração entre diagnóstico, prevenção e políticas públicas de saúde. As evidências convergem para o reconhecimento do PCR como técnica indispensável à detecção precoce e ao controle de infecções com potencial pandêmico.

De modo geral, os estudos analisados convergem ao reconhecer o PCR como ferramenta indispensável para a detecção e controle de infecções virais emergentes, embora ainda existam desafios relacionados ao custo dos reagentes, à capacitação técnica e à infraestrutura laboratorial. Em contrapartida, divergem quanto à aplicabilidade dos testes rápidos e à viabilidade de implementação em países com recursos limitados. Assim, observa-se que a consolidação do PCR como método de referência global depende tanto do avanço tecnológico quanto do fortalecimento das redes de vigilância e cooperação científica internacional.

Contudo, ainda persistem lacunas importantes, como o alto custo dos reagentes, a necessidade de infraestrutura laboratorial adequada e a limitação de estudos em contextos de baixa renda. Além disso, há divergências entre os autores quanto à viabilidade de implementação de testes moleculares em larga escala, especialmente em países com menor capacidade tecnológica.

Sugere-se que futuras pesquisas aprofundem o desenvolvimento de plataformas portáteis e automatizadas de PCR, capazes de ampliar o acesso ao diagnóstico em regiões vulneráveis, além de fortalecer a cooperação internacional voltada à vigilância e resposta a vírus emergentes. Assim, o PCR reafirma-se como um dos pilares fundamentais da biologia molecular moderna e um instrumento estratégico na prevenção e no controle de futuras pandemias.

REFERÊNCIAS

CLARK, Tristan W. *et al.* Rapid multiplex PCR for respiratory viruses reduces time to result and improves clinical care: results of a systematic review and meta-analysis. **Journal of Infection**, v. 86, n. 5, p. 462-475, 2023. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36906153/>. Acesso em: 31 out. 2025.

EL-DALY, Mai M. Advances and Challenges in SARS-CoV-2 Detection: A Review of Molecular and Serological Technologies. **Diagnostics**, v. 14, n. 5, art. 519, 2024. DOI: 10.3390/diagnostics14050519. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2075-4418/14/5/519>. Acesso em: 31 out. 2025.

FOURATI, Sihem; LOUBET, Paul. Revisiting diagnostics: multiplex PCR system for rapid diagnosis of respiratory virus infections: can we do better? **Clinical Microbiology and Infection**, 2025. Disponível em: <https://www.clinicalmicrobiologyandinfection.org/article/S1198743X%2824%29005925/abstract>. Acesso em: 31 out. 2025.

GUPTA, Saurabh. *et al.* Countering Zoonotic Diseases: Current Scenario and Advances in Diagnostics, Monitoring, Prophylaxis and Therapeutic Strategies. **Archives of Medical Research**, 2024. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38981342/>. Acesso em: 31 out. 2025.

KHALES, Parisa. *et al.* Prevalence of respiratory viruses in children with respiratory tract infections during the COVID-19 pandemic era: a systematic review and meta-analysis. **BMC Pulmonary Medicine**, v. 25, art. 135, 2025. Disponível em: <https://bmcpulmed.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12890-025-03587-z>. Acesso em: 31 out. 2025.

LI, Peiheng *et al.* Recent progress on rapid diagnostic methods for viral diseases. **Animals and Zoonoses**, In Press, Corrected Proof, 2025. Publicado online em 30 out. 2025. DOI: 10.1016/j.azn.2025.10.002. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2950248925000811>. Acesso em: 31 out. 2025.

PALIWAL, Sumit; SHINU, Suneet; SAHA, Rubina. An emerging zoonotic disease to be concerned about – a review of the Nipah virus. **Journal of Health, Population and Nutrition**, v. 43, art. 171, 2024. Disponível em: <https://jhpn.biomedcentral.com/articles/10.1186/s41043024-00666-5>. Acesso em: 31 out. 2025.

SHARMA, Nancy. *et al.* Current status of diagnostic assays for emerging zoonotic viruses: Nipah and Hendra. **Expert Review of Molecular Diagnostics**, 2024. DOI: 10.1080/14737159.2024.2368591. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38924448/>. Acesso em: 31 out. 2025.

UPADHYAY, Pallavi; SURUR, Fahida; SINGH, Vijay. Performance assessment of a multiplex real-time PCR assay for detection of viruses causing respiratory tract infections. **Diagnostics**, v. 14, n. 21, art. 2350, 2024. DOI: 10.3390/diagnostics14212350. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2075-4418/14/21/2350>. Acesso em: 31 out. 2025.

YU, Xianqiang; HE, Qing; KONG, Qingming. Multidisciplinary approaches to combat emerging viruses: diagnostics, therapeutic gene and vaccine delivery, and nanotherapeutics. **Frontiers in Microbiology**, v. 15, 2024. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1387623. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2024.1387623/full>. Acesso em: 31 out. 2025.



DOENÇA DE CHAGAS AGUDA: AUMENTO DOS CASOS POR TRANSMISSÃO ORAL E SUAS IMPLICAÇÕES EPIDEMIOLÓGICAS

FRANCISCO DIOGO CARRILHO DE OLIVEIRA FILHO; RAYANE BATISTA DOS SANTOS; GABRIELLE ABREU RODRIGUES IORIS; MARIA GABRYELLA TAVARES SILVA; CAMILA VITÓRIA DOS SANTOS GARCIA; NAIARA CRISTINA DE SOUZA GARAJAU; PRISCILA TERRIBILE DALLAGNOL

Introdução: A Doença de Chagas Aguda (DCA) por transmissão oral tem adquirido crescente relevância epidemiológica no Brasil devido ao aumento expressivo de surtos associados ao consumo de alimentos contaminados por *Trypanosoma cruzi*. Essa mudança no perfil de transmissão, somada à gravidade clínica frequentemente observada nos quadros agudos decorrentes da ingestão de altas cargas parasitárias, evidencia fragilidades persistentes na vigilância sanitária e epidemiológica. **Objetivo:** Diante desse cenário, este estudo teve como objetivo analisar o aumento dos casos de DCA por transmissão oral e discutir suas implicações epidemiológicas no contexto brasileiro. **Metodologia:** O trabalho consistiu em uma revisão integrativa da literatura, conduzida entre outubro e novembro de 2025, estruturada segundo etapas sistemáticas de identificação, seleção, análise e síntese das evidências disponíveis. As buscas foram realizadas em bases nacionais e internacionais, bem como em documentos governamentais, considerando publicações disponibilizadas de 2012 a 2025. Após aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, foram selecionados dez estudos que abordavam de forma direta a ocorrência de surtos, fatores de risco, vulnerabilidades sanitárias e características clínicas da DCA por transmissão oral. **Resultados:** Os resultados revelaram concentração de surtos na Região Norte, frequentemente associados ao consumo de alimentos regionais processados de forma artesanal, além de evidenciar a expansão de casos para outras regiões do país. Observou-se também que a identificação tardia de surtos, a ausência de controle sanitário adequado e a limitação das ações de sorovigilância contribuem para a subnotificação e a intensificação da gravidade dos quadros clínicos. **Conclusão:** Conclui-se que, embora haja avanços na compreensão da dinâmica epidemiológica da transmissão oral, persistem lacunas relacionadas à vigilância ativa, ao monitoramento de alimentos e à implementação de estratégias educativas permanentes. Recomenda-se que pesquisas futuras explorem intervenções voltadas ao fortalecimento da vigilância integrada, ao aprimoramento do controle sanitário de alimentos e à avaliação de estratégias preventivas em comunidades vulneráveis, contribuindo para a redução da ocorrência e da magnitude dos surtos de DCA no Brasil.

Palavras-chave: **EPIDEMIOLOGIA; PARASITEMIA; VIGILÂNCIA SANITÁRIA**



A FUNÇÃO DO GENE *CAGE* NA VIRULÊNCIA DE *Helicobacter pylori* E IMPACTO NA CARCINOGENESE GÁSTRICA

VITOR VASCONCELOS MAGALHÃES; RAISSA DAYANE DA SILVA SANTOS;
MICAELA YAZMIN NAVARRE; ANA BEATRIZ MESQUITA VIEIRA; ENAYLE
VITÓRIA HENRIQUE DA SILVA; BIANCA BEZERRA ARAGÃO JUCÁ PORTELA;
SARA ROCHA CERQUEIRA

RESUMO

O câncer gástrico permanece como uma das principais causas de mortalidade por neoplasias em todo o mundo, representando um importante problema de saúde pública, sobretudo em países em desenvolvimento. Entre os fatores etiológicos mais relevantes, destaca-se a infecção crônica por *Helicobacter pylori*, bactéria classificada como carcinógeno do grupo I pela Organização Mundial da Saúde. A patogenicidade dessa bactéria está intimamente relacionada à presença de fatores de virulência específicos, especialmente aqueles localizados na ilha de patogenicidade *cag* (*cag* PAI), a qual confere maior capacidade de colonização, persistência e indução de danos à mucosa gástrica. Nesse contexto, o gene *cagE* assume papel de destaque por codificar uma ATPase essencial para a montagem e o funcionamento do sistema de secreção do tipo IV. Esse sistema é responsável pela translocação da proteína CagA para o interior das células epiteliais gástricas, desencadeando uma intensa resposta inflamatória e promovendo alterações em vias de sinalização celular associadas à proliferação, diferenciação, apoptose e instabilidade genômica. A atividade funcional de *cagE* é, portanto, crucial para a efetividade do sistema de secreção e para o pleno potencial patogênico das cepas *cag*-positivas. Este trabalho consiste em uma revisão narrativa da literatura, baseada na seleção de artigos originais indexados em bases científicas, com o objetivo de sintetizar as evidências disponíveis acerca do papel do gene *cagE* na virulência de *H. pylori* e na carcinogênese gástrica. De modo geral, os estudos analisados demonstram que cepas *cagE*-positivas estão associadas a quadros clínicos mais graves, incluindo gastrite crônica ativa, gastrite atrófica, metaplasia intestinal, úlcera péptica e adenocarcinoma gástrico. Essas associações tornam-se ainda mais evidentes quando *cagE* ocorre em conjunto com outros genes de virulência, como *cagA* e alelos mais patogênicos de *vacA*, sugerindo um efeito sinérgico na progressão das lesões gástricas.

Palavras-chave: Câncer; Bactéria; Genética.

1 INTRODUÇÃO

O câncer gástrico (CG) constitui um importante problema de saúde pública, devido à elevada mortalidade e às baixas taxas de sobrevivência observadas em escala global. Em 2022, o CG figurou entre as principais neoplasias em incidência e mortalidade no mundo, com quase 1 milhão de novos casos e centenas de milhares de óbitos, evidenciando sua alta

letalidade e diagnóstico frequentemente tardio (IARC, 2022). Nesse contexto, a caracterização histopatológica dos tumores é fundamental para compreender a evolução da doença e orientar o manejo clínico.

Dentre os sistemas de classificação mais empregados para o adenocarcinoma gástrico, destaca-se a classificação de Lauren, que descreve dois subtipos principais: o intestinal, marcado por arquitetura glandular mais organizada e frequentemente associado a instabilidade cromossômica, e o difuso, composto por células pouco coesas, com tendência a infiltrar amplamente a parede gástrica e a cursar com pior prognóstico (LAUREN, 1965; MA et al., 2016). Outro esquema amplamente utilizado é o da Organização Mundial da Saúde (OMS), o qual reconhece diversos subtipos morfológicos de adenocarcinoma gástrico, entre eles os padrões tubular, papilífero, mucinoso e pouco coeso, sendo os subtipos tubular e pouco coeso/células em anel de sinete os mais frequentemente diagnosticados (NAGTEGAAL et al., 2019). Essas classificações auxiliam na padronização diagnóstica e refletem diferenças biológicas relevantes, com implicações prognósticas e terapêuticas.

A infecção pela bactéria gram-negativa *Helicobacter pylori* é considerada o principal fator etiológico do adenocarcinoma gástrico não cardial. Trata-se de um microrganismo em forma espiralada que coloniza a mucosa gástrica e é capaz de sobreviver no ambiente ácido por meio da atividade de urease, que converte ureia em amônia e gera um microambiente menos ácido, favorecendo a persistência bacteriana (WROBLEWSKI; PEEK; WILSON, 2010). Estima-se que aproximadamente metade da população mundial esteja infectada por *H. pylori*, frequentemente adquirida na infância e muitas vezes assintomática nas fases iniciais (BALAS; MELIŞ; MARGINEAN, 2022). A inflamação crônica desencadeada pela colonização da mucosa gástrica pode progredir para gastrite atrófica, metaplasia intestinal, displasia e, em uma fração dos indivíduos, culminar em adenocarcinoma gástrico, além de estar relacionada a úlcera péptica e ao linfoma de tecido linfóide associado à mucosa (MALT) (IWU; IWU-JAJA, 2023).

Entre os determinantes de virulência de *H. pylori*, a Ilha de Patogenicidade *cag* (*cagPAI*), uma sequência do genoma bacteriano com 40 kb, composto por 27 a 31 genes, se destaca por codificar a proteína efetora *CagA* e os componentes do Sistema de Secreção do Tipo IV (T4SS), estrutura especializada que permite a translocação de moléculas bacterianas diretamente para o interior das células epiteliais gástricas (NOTO; PEEK JR., 2012). Após ser injetada na célula hospedeira, a proteína *CagA* é fosforilada e interage com diversas vias de sinalização intracelular, promovendo alterações morfológicas, aumento da motilidade celular, perda de adesão célula-célula e desregulação de processos de proliferação e sobrevivência, o que contribui para o desenvolvimento de lesões pré-neoplásicas e neoplásicas (WROBLEWSKI et al., 2010). Além disso, a presença de *CagA* está associada à indução de mediadores inflamatórios, como a interleucina 8 (IL-8), que intensificam o quadro de inflamação crônica na mucosa gástrica (BRANDT et al., 2005).

O pleno funcionamento do T4SS é essencial para que *CagA* seja translocada e exerça seus efeitos patogênicos sobre o epitélio gástrico. Nessa estrutura, o gene *cagE* codifica uma ATPase fundamental para a montagem e a atividade de secreção, sendo considerado indispensável para a translocação de *CagA* e para a indução de resposta inflamatória robusta nas células hospedeiras (NOTO; PEEK JR., 2012; SILVA et al., 2013). Estudos indicam que a presença de *cagE* se associa a fenótipos mais virulentos de *H. pylori* e a formas mais graves de doença gástrica, incluindo gastrite atrófica, metaplasia intestinal e câncer gástrico, sugerindo seu potencial como marcador de patogenicidade (SILVA et al., 2013).

Dessa forma, o objetivo deste estudo é revisar a literatura disponível sobre o gene *cagE*, explorando seu papel na virulência de *H. pylori* e na carcinogênese gástrica, a fim de esclarecer sua contribuição para a patogênese do câncer gástrico.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo consistiu em uma revisão narrativa da literatura, com o objetivo de analisar o papel do gene *cagE* na virulência de *Helicobacter pylori* e sua relação com o desenvolvimento do câncer gástrico. A ênfase foi na contribuição desse gene para a patogênese da infecção e para a modulação das interações bactéria–hospedeiro.

Foram incluídos apenas artigos originais, completos e indexados em bases científicas reconhecidas. As buscas foram realizadas nas bases Google Acadêmico, PubMed (National Library of Medicine) e SciELO (Scientific Electronic Library Online), utilizando os descritores “*cagE*”, “*Helicobacter pylori*”, “gastric cancer”, “*cagA*” e “T4SS”, selecionados para abranger aspectos moleculares e clínicos ligados ao *cagE*, bem como sua associação com outros fatores de virulência e com o câncer gástrico.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um dos papéis centrais do gene *cagE* é atuar como marcador de integridade funcional da ilha de patogenicidade *cag*, estando fortemente associado a cepas de *H. pylori* mais virulentas. Em amostras de pacientes dispépticos brasileiros, a presença de *cagE* esteve frequentemente combinada com outros genes de virulência, como *cagA*, os alelos *vacA* mais virulentos, *iceA1* e *babA2*, sendo essa combinação mais comum em casos de gastrite erosiva quando comparada a gastrite enantematosa, o que reforça o uso de *cagE* como biomarcador de maior potencial patogênico (SILVA et al., 2013). Esses achados sugerem que isolados *cagE*-positivos tendem a gerar resposta inflamatória mais intensa e lesões gástricas mais severas, em comparação com cepas negativas para esse gene (SILVA et al., 2013; LIMA et al., 2011).

Estudos em diferentes regiões de alto risco para câncer gástrico indicam que a positividade para *cagE*, isoladamente ou em combinação com *cagA*, associa-se a maior gravidade das doenças relacionadas ao *H. pylori*, incluindo gastrite atrófica, úlcera péptica e adenocarcinoma gástrico (ERZIN et al., 2006; KARBALAEI; ABADI; KEIKHA, 2022). Em alguns cenários, o genótipo *cagE* mostrou desempenho semelhante ou até superior ao *cagA* na predição de risco para câncer gástrico, destacando sua relevância como marcador de cepas de “alto risco” (OZBEY et al., 2013; SHARAFI et al., 2020). Assim, o *cagE* contribui para a estratificação genotípica de *H. pylori*, ajudando a identificar infecções com maior probabilidade de evoluir para lesões pré-neoplásicas e neoplásicas da mucosa gástrica.

No contexto histopatológico, análises que incorporam *cagE* ao painel de genes da *cag*-PAI mostram que perfis genéticos contendo *cagE* são mais frequentemente encontrados em pacientes com gastrite mais severa e em subgrupos com maior risco de adenocarcinoma gástrico, especialmente quando associados ao alelos de *vacA* mais virulentos (s1/m1) (CAVALCANTE et al., 2012; LIMA et al., 2011). Dessa forma, o gene *cagE*, em conjunto com outros marcadores de virulência, contribui para explicar parte da heterogeneidade clínica observada entre os portadores de *H. pylori*, incluindo o risco diferencial de progressão para câncer gástrico.

4 CONCLUSÃO

Os dados analisados apontam de forma consistente que o gene *cagE* está fortemente associado a perfis de maior virulência de *Helicobacter pylori*, tanto em contextos de gastrite quanto em lesões precursoras de neoplasias e do adenocarcinoma gástrico. Em diferentes populações, especialmente em áreas de maior risco, genótipos *cagE*-positivos aparecem com

maior frequência em pacientes com lesões mais graves, muitas vezes em combinação com outros marcadores como *cagA*, *vacA s1/m1*, e genes que facilitam a adesão da bactéria na mucosa gástrica, como o gene *babA2*, o que reforça seu papel como indicador de cepas mais agressivas. Nessas condições, a presença de *cagE* se relaciona com maior intensidade de inflamação, maior dano à mucosa e maior probabilidade de progressão ao longo das lesões gástricas, em comparação com infecções por cepas *cagE*-negativas.

Além disso, o gene *cagE* como marcador prognóstico pode ser semelhante ou até superior ao de *cagA* em determinados cenários clínicos. Isso indica que a simples detecção de *cagA* pode não ser suficiente para estratificar o risco, sendo a inclusão de *cagE* e de outros genes da *cag*-PAI importante para uma avaliação mais refinada do potencial oncogênico da cepa infectante. Em conjunto, essas evidências sustentam que o gene *cagE* não apenas integra o maquinário funcional do T4SS, mas também constitui um marcador útil para identificar pacientes com maior probabilidade de desenvolver formas mais graves de doença associada ao *H. pylori*, incluindo o câncer gástrico, o que o torna um alvo relevante para estudos diagnósticos, prognósticos e, potencialmente, para abordagens de prevenção personalizada.

REFERÊNCIAS

BALAS, R. B.; MELIȚ, L. E.; MĂRGINEAN, C. O. Worldwide Prevalence and Risk Factors of Helicobacter pylori Infection in Children. **Children**, v. 9, n. 9, p. 1359, 6 set. 2022.

BRANDT, S. et al. NF- κ B activation and potentiation of proinflammatory responses by the Helicobacter pylori CagA protein. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 102, n. 26, p. 9300–9305, 28 jun. 2005.

CAVALCANTE, M. Q. F. et al. Helicobacter pylori *vacA* and *cagA* genotypes in patients from northeastern Brazil with upper gastrointestinal diseases. **Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 107, n. 4, p. 561–563, 1 jun. 2012.

ERZIN, Y. et al. Prevalence of Helicobacter pylori *vacA*, *cagA*, *cagE*, *iceA*, *babA2* Genotypes and Correlation with Clinical Outcome in Turkish Patients with Dyspepsia. **Helicobacter**, v. 11, n. 6, p. 574–580, dez. 2006.

IARC. International Agency for Research on Cancer. Global Cancer Observatory: stomach cancer fact sheet. **Globocan**, Lyon, 2022. Disponível em: <https://gco.iarc.fr/>. Acesso em: 22 dez. 2025.

IWU, C. D.; IWU-JAJA, C. J. Gastric Cancer Epidemiology: Current Trend and Future Direction. **Hygiene**, v. 3, n. 3, p. 256–268, 1 set. 2023.

KARBALAEI, M.; ABADI, A. T. B.; KEIKHA, M. Clinical relevance of the *cagA* and *vacA s1/m1* status and antibiotic resistance in Helicobacter pylori: a systematic review and meta-analysis. **BMC Infectious Diseases**, v. 22, n. 1, 25 jun. 2022.

LAURÉN, P. THE TWO HISTOLOGICAL MAIN TYPES OF GASTRIC CARCINOMA: DIFFUSE AND SO-CALLED INTESTINAL-TYPE CARCINOMA. **Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica**, v. 64, n. 1, p. 31–49, set. 1965.

LIMA, V. P. et al. Prevalence of *Helicobacter pylori* genotypes (*vacA*, *cagA*, *cagE* and *virB11*) in gastric cancer in Brazilian's patients: An association with histopathological parameters. **Cancer Epidemiology**, v. 35, n. 5, p. e32–e37, out. 2011.

MA, J. et al. Lauren classification and individualized chemotherapy in gastric cancer. **Oncology Letters**, v. 11, n. 5, p. 2959–2964, 16 mar. 2016.

NOTO, J. M.; PEEK, R. M. JR. The *Helicobacter pylori* *cag* pathogenicity island. **Gut Microbes**, v. 3, n. 2, p. 100–113, 2012.

OZBEY, G. et al. Investigation of the association between clinical outcome and the *cag* pathogenicity-island and other virulence genes of *Helicobacter pylori* isolates from patients with dyspepsia in Eastern Turkey. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 44, n. 4, p. 1267–1274, 1 dez. 2013.

SHARAFI, H. et al. Which genotype of *Helicobacter pylori*—*cagA* or *cagE*—is better as a prognostic factor in gastric cancer? **Infection, Genetics and Evolution**, 2020.

SILVA, C. I. F. et al. *cagE* as a biomarker of the pathogenicity of *Helicobacter pylori* strains isolated from Brazilian patients. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 46, n. 1, p. 27–31, 2013.

WROBLEWSKI, L. E.; PEEK, R. M.; WILSON, K. T. *Helicobacter pylori* and gastric cancer: factors that modulate disease risk. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 23, n. 4, p. 713–739, 2010.



APLICAÇÕES DA BIOLOGIA MOLECULAR NO DIAGNÓSTICO RÁPIDO E DE ALTA PRECISÃO DE PATÓGENOS BACTERIANOS, FÚNGICOS E VIRAIS EMERGENTES EM SAÚDE HUMANA

ANDRESSA REBECA PINHEIRO VIANA; CAMILA DE MELO SANTOS; CAROLINNE ALVES OLIVEIRA SOUZA; ISABELLA CONCEIÇÃO DA SILVA; MARIANA TOZZI RODRIGUES; PAOLA LINHARES DURÃO; YASMIM VERAS CUNHA

RESUMO

As tecnologias de biologia molecular têm transformado o diagnóstico clínico, oferecendo métodos rápidos, sensíveis e altamente precisos para a detecção de patógenos bacterianos, fúngicos e virais emergentes em saúde humana. Diante do aumento da resistência antimicrobiana e da emergência constante de agentes infecciosos, a utilização de estratégias moleculares tornou-se essencial para a identificação precoce de patógenos e para a tomada de decisões terapêuticas eficazes, reduzindo complicações clínicas significativas e mortalidade associada a infecções graves. O presente trabalho teve como objetivo analisar as principais aplicações de técnicas moleculares, incluindo PCR, PCR multiplex, microarrays de alta densidade e sequenciamento, na detecção simultânea de patógenos bacterianos, fúngicos e virais, destacando sua relevância clínica, rapidez diagnóstica e potencial de aplicação em microbiologia hospitalar, laboratorial e translacional. Este estudo consiste em uma revisão bibliográfica narrativa, desenvolvida a partir da seleção de artigos científicos, capítulos de livros e documentos técnicos publicados em bases nacionais e internacionais, abordando metodologias de diagnóstico molecular aplicadas a infecções humanas. Foram incluídos estudos que enfocaram PCR em tempo real, multiplex PCR, microarrays e estratégias combinadas, bem como pesquisas que avaliaram o desempenho dessas técnicas frente a patógenos emergentes, resistência antimicrobiana e infecções invasivas complexas. Os resultados demonstraram que a biologia molecular permite identificação rápida e altamente específica de diversos agentes patogênicos, incluindo bactérias multirresistentes, fungos oportunistas e vírus emergentes, muitas vezes antes da positividade de culturas convencionais. Painéis multiplex e microarrays possibilitam a detecção simultânea de múltiplos patógenos em amostras clínicas, aumentando significativamente a acurácia diagnóstica e auxiliando na escolha terapêutica adequada. Além disso, metodologias combinadas, como PCR com eletroforese capilar ou melting curve analysis, potencializam sensibilidade e especificidade, reduzindo falsos negativos e otimizando o manejo clínico hospitalar. Conclui-se que a incorporação de técnicas moleculares no diagnóstico de patógenos emergentes representa avanço significativo na microbiologia clínica, oferecendo rapidez, precisão e aplicabilidade real em contextos hospitalares e laboratoriais. A contínua inovação tecnológica e a validação de novos painéis multiplex são fundamentais para consolidar protocolos laboratoriais modernos, melhorar o prognóstico de pacientes infectados, contribuir para estratégias robustas de vigilância epidemiológica e fortalecer a resposta integrada à saúde pública frente a ameaças microbiológicas emergentes.

Palavras-chave: Sequenciamento genético; Estratégias diagnósticas integradas; Controle de infecções.

1 INTRODUÇÃO

O avanço das técnicas de biologia molecular tem transformado o diagnóstico clínico, proporcionando métodos rápidos, sensíveis e de alta precisão para a identificação de patógenos bacterianos, fúngicos e virais emergentes em saúde humana. Historicamente, a microbiologia clínica dependia majoritariamente de métodos culturais tradicionais, que, apesar de confiáveis, apresentam limitações quanto à velocidade diagnóstica e à detecção de microrganismos de crescimento lento ou difícil cultivo (Brown et al., 2025; Gimenez et al., 2022). Com a introdução de tecnologias como PCR em tempo real, PCR multiplex, microarrays de alta densidade e sequenciamento, tornou-se possível identificar agentes infecciosos de forma simultânea e em menor tempo, contribuindo para o manejo clínico eficiente e a redução da mortalidade associada a infecções graves (Candel et al., 2024; Kourout et al., 2024; Pan et al., 2025). Esse contexto evidencia o impacto transformador da biologia molecular na saúde pública, na microbiologia hospitalar e na prática clínica contemporânea, alinhando-se às demandas emergentes por diagnósticos mais rápidos e precisos (Jenks et al., 2023; Tsalik et al., 2018).

No recorte específico da microbiologia clínica, a detecção de patógenos emergentes e multirresistentes apresenta desafios significativos, incluindo limitações de sensibilidade dos métodos tradicionais e a necessidade de protocolos adaptáveis a diferentes amostras clínicas (Horváth et al., 2013; Serapide et al., 2025; Xiao et al., 2019). Estudos recentes demonstram que técnicas moleculares multiplex podem identificar simultaneamente bactérias multirresistentes, fungos oportunistas e vírus emergentes, permitindo intervenções terapêuticas mais rápidas e direcionadas (Lim et al., 2024; Pham et al., 2024). Apesar desses avanços, lacunas permanecem quanto à padronização metodológica, interpretação clínica de resultados moleculares e integração dessas tecnologias em protocolos laboratoriais amplamente aceitos (Kidd et al., 2020; Carvalho-Pereira et al., 2020). A complexidade crescente dos patógenos emergentes, aliada à rápida evolução da resistência antimicrobiana, reforça a necessidade de revisões bibliográficas que consolidem conhecimentos dispersos e orientem futuras pesquisas e práticas clínicas (Brown et al., 2025; Jenks et al., 2023).

A relevância desta revisão se fundamenta na literatura especializada, que evidencia o potencial das metodologias moleculares em aumentar a acurácia diagnóstica, reduzir falsos negativos e otimizar o manejo clínico hospitalar (Candel et al., 2024; Serapide et al., 2025; Pan et al., 2025). Pesquisas demonstram que a combinação de técnicas, como PCR em tempo real com análise de melting curve ou microarrays de alta densidade, amplia a sensibilidade e especificidade dos diagnósticos, consolidando-se como estratégia essencial para a microbiologia clínica moderna (Gimenez et al., 2022; Kourout et al., 2024; Lim et al., 2024). Adicionalmente, a literatura destaca a importância da validação contínua de novos painéis multiplex para garantir aplicabilidade clínica segura e eficaz, contribuindo para políticas de saúde pública baseadas em evidências e resposta rápida a emergências sanitárias (Xiao et al., 2019; Pham et al., 2024; Tsalik et al., 2018).

Diante do exposto, o objetivo geral desta revisão bibliográfica é analisar criticamente as aplicações da biologia molecular no diagnóstico rápido e de alta precisão de patógenos bacterianos, fúngicos e virais emergentes em saúde humana, sintetizando evidências científicas sobre sua eficácia, aplicabilidade clínica e impacto na tomada de decisão terapêutica.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho caracteriza-se como uma revisão bibliográfica narrativa, elaborada com o propósito de analisar as aplicações da biologia molecular no diagnóstico rápido e de alta precisão de patógenos bacterianos, fúngicos e virais emergentes em saúde humana. A pesquisa

foi conduzida no âmbito de análise teórico-documental, sem coleta de dados primários, respeitando os princípios de rigor metodológico aplicáveis a estudos de síntese científica.

A construção do corpus teórico baseou-se na consulta a produções nacionais e internacionais indexadas em bases de dados consolidadas, incluindo PubMed, SciELO, Google Scholar, SpringerLink e Frontiers, além de literatura técnica complementar e documentos oficiais relacionados ao tema. O processo de seleção das referências seguiu critérios de inclusão, tais como: recorte temporal entre 2002 e 2025, disponibilidade de texto completo, pertinência temática ao campo da biologia molecular aplicada ao diagnóstico de infecções humanas, alinhamento aos objetivos da revisão e qualidade metodológica dos estudos. Foram excluídos materiais duplicados, publicações sem descrição adequada dos procedimentos experimentais, textos opinativos, resumos sem dados completos e estudos que não apresentavam relação direta com a microbiologia clínica.

O levantamento bibliográfico foi estruturado por meio de descritores específicos, definidos a partir de termos amplamente empregados na área de microbiologia clínica e biologia molecular, como “molecular diagnostics”, “PCR multiplex”, “real-time PCR”, “microarrays”, “high-throughput pathogen detection”, “viral detection”, “bacterial detection”, “fungal detection” e “emerging pathogens”, combinados por operadores booleanos do tipo “AND”, “OR” e “NOT” para aprimorar sensibilidade e especificidade da busca.

Posteriormente, as publicações selecionadas foram submetidas a leitura analítica integral, seguida da extração sistemática das informações pertinentes, considerando variáveis como: métodos moleculares empregados, tipos de patógenos detectados, abrangência dos painéis multiplex, sensibilidade e especificidade diagnóstica, aplicabilidade clínica, limitações metodológicas e relevância temática. A síntese e a interpretação dos achados foram conduzidas por meio de análise qualitativa, contemplando identificação de convergências, divergências, lacunas e tendências emergentes na literatura, assegurando consistência interna e reprodutibilidade da revisão.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da literatura revela um panorama amplo sobre as aplicações da biologia molecular no diagnóstico rápido e de alta precisão de patógenos bacterianos, fúngicos e virais emergentes em saúde humana. Os estudos revisados destacam a crescente adoção de métodos moleculares como PCR em tempo real, PCR multiplex, microarrays de alta densidade e estratégias combinadas, evidenciando ganhos significativos em sensibilidade, especificidade e tempo diagnóstico (Brown et al., 2025; Gimenez et al., 2022). Observa-se também uma tendência emergente de integração dessas técnicas em protocolos clínicos, voltados à detecção simultânea de múltiplos agentes infecciosos, o que potencializa a tomada de decisões terapêuticas e reduz a mortalidade associada a infecções graves (Candel et al., 2024; Kourout et al., 2024; Pan et al., 2025). A diversidade metodológica encontrada reflete o esforço contínuo da comunidade científica em aprimorar o diagnóstico molecular frente aos desafios impostos por patógenos emergentes e multirresistentes (Jenks et al., 2023; Tsalik et al., 2018).

Os estudos foram agrupados em categorias temáticas, contemplando diagnósticos bacterianos, fúngicos e virais, bem como metodologias combinadas e painéis multiplex. A **Tabela 1** sintetiza os principais trabalhos incluídos, destacando autor, ano, objetivo e abordagem metodológica de cada estudo. Esse agrupamento permite visualizar a aplicação prática das técnicas moleculares em diferentes contextos clínicos, evidenciando padrões recorrentes de sensibilidade elevada e redução do tempo para detecção comparativamente a métodos convencionais (Horváth et al., 2013; Serapide et al., 2025).

Tabela 1 – Principais achados e impactos clínicos das técnicas moleculares revisadas

Achado	Descrição	Tipo de Patógeno	Benefício Clínico	Limitação
--------	-----------	------------------	-------------------	-----------

Diagnóstico rápido	Redução do tempo de identificação de agentes	Bactérias	Intervenção precoce	Equipamentos especializados
Detecção multiplex	Identificação simultânea de múltiplos patógenos	Vírus	Otimiza manejo clínico	Padronização variável
Alta sensibilidade	Captação de patógenos em baixas cargas	Fungos	Reduz falsos negativos	Custo elevado
Estratégias combinadas	Integração de PCR e microarrays	Todos	Aumenta confiabilidade diagnóstica	Necessidade de expertise técnica
Automação e análise de dados	Processamento rápido e padronizado	Bactérias e vírus	Maior reprodutibilidade	Complexidade metodológica
Monitoramento contínuo	Permite rastreamento de surtos	Todos	Suporte à vigilância epidemiológica	Infraestrutura laboratorial

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

A comparação crítica entre os estudos evidencia convergências quanto à eficácia de PCR multiplex e microarrays na identificação simultânea de múltiplos patógenos, enquanto divergências emergem na escolha de painéis, tipos de amostras analisadas e limites de detecção (Lim et al., 2024; Pham et al., 2024). A **Tabela 2** resume essas metodologias, permitindo visualizar diferenças e similaridades, o que sustenta interpretações aprofundadas sobre a aplicabilidade clínica e limitações específicas de cada técnica (Kidd et al., 2020; Carvalho-Pereira et al., 2020).

Tabela 2 – Comparação das metodologias moleculares e desempenho diagnóstico

Técnica	Tipo de Patógeno	Sensibilidade	Especificidade	Observações
PCR convencional	Fungos	Alta	Alta	Confiável, mas limitado a poucos agentes
PCR em tempo real	Fungos/Bactérias	Muito alta	Muito alta	Rápida e precisa, demanda equipamentos
PCR multiplex	Bactérias/Vírus	Alta	Alta	Permite detecção simultânea, padronização variável
Microarray de alta densidade	Vírus/Bactérias/Protozoários	Muito alta	Alta	Capaz de analisar múltiplos patógenos, custo elevado
Combinação de técnicas	Todos	Alta	Alta	Otimiza sensibilidade e especificidade
Painéis sindrômicos	Bactérias e vírus	Alta	Moderada	Aplicação clínica rápida, limitações em agentes emergentes

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

Os achados indicam implicações relevantes para a prática clínica, a saúde pública e o desenvolvimento tecnológico. A implementação de diagnósticos moleculares rápidos contribui

para otimizar protocolos laboratoriais, aprimorar a escolha terapêutica, reduzir o uso inadequado de antimicrobianos e fortalecer estratégias de vigilância epidemiológica (Xiao et al., 2019; Brown et al., 2025). A **Tabela 3** apresenta uma síntese comparativa das implicações, destacando benefícios como maior rapidez e precisão diagnóstica, limitações metodológicas e áreas potenciais de aplicação (Candel et al., 2024; Serapide et al., 2025).

Tabela 3 – Implicações clínicas e áreas de aplicação das técnicas moleculares

Achado	Benefício	Limitação	Área de Aplicação	Impacto
Diagnóstico rápido	Reduz tempo de detecção	Necessidade de equipamentos especializados	Laboratórios clínicos	Intervenção precoce
Detecção multiplex	Identificação simultânea	Padronização limitada	Centros de referência	Manejo otimizado
Alta sensibilidade	Reduz falsos negativos	Complexidade metodológica	Microbiologia clínica	Maior confiabilidade
Estratégias combinadas	Maior confiabilidade	Custo elevado	Vigilância epidemiológica	Suporte à saúde pública
Automação	Processamento padronizado	Necessidade de expertise	Laboratórios de grande porte	Reprodutibilidade aumentada
Monitoramento contínuo	Rastreamento de surtos	Infraestrutura exigente	Hospitais e centros de vigilância	Prevenção e controle de infecções

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

As contribuições mais significativas da literatura incluem a inovação nos painéis multiplex, o desenvolvimento de microarrays de alta densidade, a combinação de técnicas moleculares para aumentar sensibilidade e especificidade e a consolidação de protocolos adaptáveis a diferentes amostras clínicas (Gimenez et al., 2022; Kourout et al., 2024). Tais avanços ampliam a compreensão do diagnóstico molecular e reforçam sua pertinência para a microbiologia clínica moderna, oferecendo suporte à tomada de decisão terapêutica baseada em evidências (Jenks et al., 2023; Tsalik et al., 2018).

Entre as limitações identificadas estão a heterogeneidade metodológica, amostras restritas, ausência de padronização e escassez de estudos comparativos multicêntricos (Lim et al., 2024; Pham et al., 2024). Para pesquisas futuras, recomenda-se a validação de novos painéis multiplex, desenvolvimento de técnicas integradas para detecção simultânea de múltiplos patógenos, investigação de limites de detecção e aplicação em cenários clínicos diversificados, visando consolidar protocolos diagnósticos robustos e reprodutíveis (Carvalho-Pereira et al., 2020; Pan et al., 2025).

4 CONCLUSÃO

O presente estudo teve como objetivo analisar as aplicações da biologia molecular no diagnóstico rápido e de alta precisão de patógenos bacterianos, fúngicos e virais emergentes em saúde humana. A revisão revelou que técnicas como PCR multiplex, PCR em tempo real, microarrays de alta densidade e abordagens combinadas apresentam elevada sensibilidade e especificidade, permitindo a detecção simultânea de múltiplos agentes infecciosos. Observou-se que essas metodologias reduzem significativamente o tempo diagnóstico, favorecem a escolha terapêutica adequada e fortalecem a vigilância epidemiológica, consolidando avanços consistentes na microbiologia clínica moderna.

A revisão permitiu avançar na compreensão das estratégias moleculares aplicadas ao diagnóstico de infecções emergentes, destacando padrões recorrentes, tendências tecnológicas e lacunas metodológicas. Entre as limitações identificadas estão a heterogeneidade dos métodos

empregados, a ausência de padronização dos painéis diagnósticos, restrições no acesso a algumas publicações e a escassez de estudos multicêntricos comparativos. Apesar dessas limitações, a síntese das evidências disponíveis forneceu uma visão abrangente sobre a aplicabilidade clínica das técnicas moleculares e identificou oportunidades para aprimoramento de protocolos laboratoriais e práticas clínicas baseadas em evidências.

Os achados têm implicações relevantes para a prática clínica, a saúde pública e o desenvolvimento de novas tecnologias diagnósticas. A implementação de diagnósticos moleculares rápidos contribui para otimizar intervenções terapêuticas, reduzir o uso inadequado de antimicrobianos e fortalecer estratégias de vigilância e controle de infecções. Para pesquisas futuras, recomenda-se o desenvolvimento de painéis multiplex mais abrangentes, a validação de protocolos padronizados em diferentes contextos clínicos, a investigação de limites de detecção e a integração de novas tecnologias emergentes. Tais direções prometem ampliar o entendimento do diagnóstico molecular, consolidar práticas reprodutíveis e potencializar a capacidade de resposta a emergências sanitárias de forma eficaz e segura.

REFERÊNCIAS

BROWN, L. et al. The molecular diagnosis of invasive fungal diseases with a focus on PCR. **Diagnosics**, v. 15, n. 15, 1909, 2025. DOI: 10.3390/diagnostics15151909

CANDEL, F. J et al. The role of rapid multiplex molecular syndromic panels in the clinical management of infections in critically ill patients: an experts-opinion document. **Critical Care**, v. 28, 440, 2024. DOI: 10.1186/s13054-024-05224-3

CARVALHO-PEREIRA, J. et al. Multiplex PCR based strategy for detection of fungal pathogen DNA in patients with suspected invasive fungal infections. **Journal of Fungi**, v. 6, n. 4, 308, 2020. DOI: 10.3390/jof6040308

GIMENEZ, C. et al. PCR-tips for rapid diagnosis of bacterial pathogens. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 106, p. 5729-5739, 2022. DOI: 10.1007/s00253-022-12069-9

HORVÁTH, Á. et al. A novel, multiplex, real-time PCR-based approach for the detection of the commonly occurring pathogenic fungi and bacteria. **BMC Microbiology**, v. 13, 300, 2013. DOI: 10.1186/1471-2180-13-300

JENKS, J. D. et al. An update on current and novel molecular diagnostics for the diagnosis of invasive fungal infections. **Expert Review of Molecular Diagnostics**, v. 23, n. 12, p. 1135-1152, 2023. DOI: 10.1080/14737159.2023.2267977

KIDD, S. E. et al. A new age in molecular diagnostics for invasive fungal disease: are we ready?. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, 2903, 2020. DOI: 10.3389/fmicb.2019.02903

KOUROUT, M. et al. Multiplex detection and identification of viral, bacterial, and protozoan pathogens in human blood and plasma using an expanded high-density resequencing microarray platform. **Frontiers in Molecular Biosciences**, v. 11, 1419213, 2024. DOI: 10.3389/fmolb.2024.1419213

LIM, H.-J. et al. Development of a multiplex real-time PCR assay for the simultaneous detection of two fungal pathogens causing pneumonia. **Journal of Fungi**, v. 10, n. 9, 619, 2024. DOI: 10.3390/jof10090619

PAN, Z. et al. A rapid, sensitive, and high-throughput pathogen detection method and application of identifying pathogens based on multiplex PCR technology combined with capillary electrophoresis. **Diagnostic Microbiology and Infectious Disease**, v. 111, n. 1, 116563, 2025. DOI: 10.1016/j.diagmicrobio.2024.116563

PHAM, D. et al. Molecular diagnostics for invasive fungal diseases: current and future approaches. **Journal of Fungi**, v. 10, n. 7, 447, 2024. DOI: 10.3390/jof10070447

SERAPIDE, F. et al. Impact of multiplex PCR on diagnosis of bacterial and fungal infections and choice of appropriate antimicrobial therapy. **Diagnostics**, v. 15, n. 8, 1044, 2025. DOI: 10.3390/diagnostics15081044

TSALIK, E. L.; BONOMO, R. A.; FOWLER Jr., V. G. New molecular diagnostic approaches to bacterial infections and antibacterial resistance. **Annual Review of Medicine**, v. 69, p. 379-394, 2018. DOI: 10.1146/annurev-med-052716-030320

XIAO, Y. et al. Evaluation of real-time PCR coupled with multiplex probe melting curve analysis for pathogen detection in patients with suspected bloodstream infections. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 9, 361, 2019. DOI: 10.3389/fcimb.2019.00361



TERAPIA FÁGICA: RISCOS ASSOCIADOS AO USO DE BACTERIÓFAGOS MODIFICADOS EM INFECÇÕES BACTERIANAS REFRATÁRIAS.

MARIA ANTONIA LINARD DE MACÊDO; CARLA VIDA FAÇANHA QUEZADO; BIANCA COSTA ANDRADE; ARTHUR MOISES CABRAL CRUZ; LUÍS FELIPE CARVALHO PEREIRA

Introdução: O uso de bacteriófagos para tratar doenças bacterianas é uma prática anterior ao advento e à popularização dos antibióticos. Nesse sentido, a fagoterapia vem ressurgindo com o desenvolvimento de novos ensaios clínicos, agora com fagos modificados geneticamente, e ressignificam esse tipo de terapia como alternativa às infecções bacterianas resistentes à antibioticoterapia convencional, em consonância com a evolução das tecnologias genéticas aplicadas à terapêutica moderna. **Objetivo:** Proceder a uma revisão de literatura acerca do manejo das terapias antibacterianas baseadas em vírus bacteriófagos, buscando examinar as suas principais repercussões terapêuticas. **Metodologia:** O presente estudo configura-se como uma revisão bibliográfica, desenvolvida a partir de publicações indexadas na base de dados *PubMed*. Foram incluídos artigos integralmente gratuitos publicados nos últimos 5 anos. A busca foi fundamentada na utilização dos Descritores em Ciências da Saúde (DeCS/MESH): “*Bacteriophages*”, “*Transduction*” e “*Therapeutic Uses*”, interligados pelo operador booleano *AND*. Excluíram-se, posteriormente, os trabalhos que não atenderam aos critérios previamente estabelecidos. **Resultados:** Entre os riscos associados à terapia fágica em infecções refratárias, destaca-se o desenvolvimento de resistência antimicrobiana, que pode se agravar quando os fagos são usados conjuntamente com antibióticos. A interação entre ambos pode resultar em uma taxa de eliminação bacteriana mais lenta quando os antibióticos são aplicados antes dos fagos ou em maior probabilidade de evolução para multirresistência quando a ordem é invertida, especialmente em baixas concentrações desses componentes. Ademais, embora as diretrizes recomendem o uso de fagos com baixa capacidade de transdução, não há método capaz de impedir a transdução generalizada. Outro entrave refere-se à especificidade desse manejo, pois, em contexto clínico, o tempo para isolar e caracterizar o patógeno pode atrasar o tratamento, limitando o uso dessa abordagem em situações que demandam intervenção imediata. **Conclusão:** Portanto, a viabilidade clínica da fagoterapia exige cautela frente aos riscos de resistência cruzada, transdução generalizada e antagonismo com antibióticos. Tais desafios biológicos, somados à limitação temporal de diagnóstico específico, exigem rigorosos protocolos de segurança e engenharia genética para validar essa possível alternativa terapêutica.

Palavras-chave: **BACTERIÓFAGOS; USOS TERAPÊUTICOS; TRANSDUÇÃO**



PATÓGENOS DETECTADOS EM LESÕES ANIMAIS: CORRELAÇÕES ENTRE PATOLOGIA VETERINÁRIA E INFECÇÕES HUMANAS

ISABELE HENRIQUES BARBOSA DE OLIVEIRA; CLARISSA THOMAZELLI BELARMINO BRAGA; ELLEN LETÍCIA FREITAS DA SILVA; GABRIEL LUIZ NUNES MARQUES; JAIME SAMUEL MARTINS FERREIRA; RAYRA LYANDRA THOMAZ AGUIAR; TARCÍLIA GOMES DOS SANTOS

RESUMO

O estudo das infecções por patógenos em animais constitui um componente fundamental para a compreensão da interface entre saúde animal e saúde humana, principalmente diante da crescente interação entre populações humanas e fauna doméstica ou silvestre. Micobactérias do complexo *Mycobacterium tuberculosis*, incluindo *Mycobacterium bovis*, apresentam significativa relevância clínica e epidemiológica, sendo responsáveis por tuberculose em diferentes espécies e configurando risco zoonótico importante. A identificação precoce desses agentes exige a aplicação de métodos laboratoriais precisos, incluindo técnicas moleculares, sorológicas e imunológicas, que permitem detectar indivíduos infectados, monitorar a disseminação das doenças e subsidiar medidas de controle sanitário efetivas. Além das micobactérias, protozoários zoonóticos, como *Enterocytozoon bieneusi*, *Entamoeba spp.* e *Blastocystis*, têm sido frequentemente observados em animais de criação, cativeiro e vida livre, estando associados a lesões gastrointestinais, hepáticas e sistêmicas, o que evidencia seu considerável potencial de transmissão entre espécies. Estudos realizados em diferentes contextos geográficos demonstram a ocorrência simultânea de múltiplos patógenos, reforçando a complexidade das infecções e a necessidade premente de abordagens multidisciplinares. A integração de informações clínicas, patológicas e laboratoriais é essencial para caracterizar a distribuição dos agentes, compreender a dinâmica de infecção e identificar fatores que favorecem a zoonose. Investigações sobre micobacterioses em fauna silvestre cativa e em carcaças de abatedouros ressaltam a importância de protocolos sanitários rigorosos, vigilância epidemiológica contínua e estratégias preventivas adaptadas aos distintos ambientes e condições locais. A detecção de patógenos em lesões animais contribui diretamente para a saúde animal, ao permitir intervenções terapêuticas e profiláticas, e constitui ferramenta estratégica de relevância para a prevenção de infecções humanas, sobretudo em trabalhadores expostos e em comunidades próximas a áreas de risco. Dessa forma, a abordagem integrada entre veterinária, microbiologia molecular e epidemiologia é decisiva para minimizar a transmissão de agentes patogênicos, reduzir impactos socioeconômicos e promover práticas sustentáveis de manejo, preservação e conservação. Em síntese, a compreensão detalhada das relações entre patologia animal e infecções humanas possibilita o desenvolvimento de políticas de saúde pública mais eficazes, bem como a implementação de medidas de controle capazes de proteger simultaneamente a saúde de animais e humanos, assegurando a segurança sanitária, ambiental e ocupacional em múltiplos contextos.

Palavras-chave: Interação homem-animal; Monitoramento de agentes infecciosos; Saúde pública.

1 INTRODUÇÃO

A interface entre saúde animal e saúde humana tem se consolidado como um campo de crescente interesse científico, sobretudo devido à crescente proximidade entre populações humanas, animais domésticos e fauna silvestre. Patógenos zoonóticos, incluindo micobactérias e protozoários, representam um risco significativo para a saúde pública, uma vez que podem causar infecções graves em humanos e animais, comprometendo tanto a sanidade quanto a produtividade agropecuária. Estudos recentes demonstram que a detecção precoce desses agentes em lesões animais é crucial para reduzir a transmissão interespecies e prevenir surtos epidêmicos (Szacawa *et al.*, 2025; Abrahão, 1999; Maciel *et al.*, 2018).

As micobactérias do complexo *Mycobacterium tuberculosis*, incluindo *Mycobacterium bovis*, são reconhecidas como agentes de tuberculose em diversas espécies animais e possuem potencial zoonótico elevado, representando um desafio diagnóstico e de controle sanitário (Dos Santos *et al.*, 2024; Russi *et al.*, 2009). Métodos laboratoriais precisos, como PCR multiplex e técnicas imunológicas, têm sido recomendados para identificar indivíduos infectados e monitorar a disseminação das infecções (Szacawa *et al.*, 2025; Dos Santos *et al.*, 2024). Além disso, a tuberculose em fauna silvestre e animais de criação evidencia a necessidade de protocolos sanitários rigorosos e de vigilância epidemiológica contínua, de modo a prevenir a contaminação ambiental e a exposição humana (Campos, 2019; Maciel *et al.*, 2018).

Protozoários zoonóticos, como *Enterocytozoon bieneusi*, *Entamoeba spp.* e *Blastocystis*, têm sido identificados em animais de cativeiro, vida livre e produção, frequentemente associados a lesões gastrointestinais e hepáticas. A presença simultânea de múltiplos patógenos em diferentes espécies evidencia a complexidade das infecções e reforça a necessidade de abordagens multidisciplinares que integrem patologia veterinária, microbiologia molecular e epidemiologia (Prado *et al.*, 2019; Lichtmannsperger *et al.*, 2023; Zhang *et al.*, 2022; Wang *et al.*, 2024; Peng *et al.*, 2025; Um *et al.*, 2025). Estudos em cativeiro e em abatedouros demonstram ainda que a vigilância constante e a implementação de estratégias preventivas adaptadas aos diferentes contextos ambientais são essenciais para reduzir os riscos à saúde animal e humana (Pinheiro *et al.*, 2015; Campos, 2019; Russi *et al.*, 2009).

Diante do exposto, torna-se evidente que o monitoramento de patógenos em lesões animais constitui uma ferramenta estratégica para a prevenção de zoonoses e proteção da saúde pública. Assim, o presente trabalho tem como objetivo geral analisar, a partir de revisão bibliográfica, os principais patógenos detectados em lesões animais e discutir suas implicações para a saúde humana, enfatizando a importância de medidas diagnósticas, preventivas e de manejo integradas para minimizar os riscos de transmissão interespecies.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente estudo caracteriza-se como uma revisão bibliográfica narrativa, desenvolvida com o propósito de sintetizar, analisar e integrar evidências científicas recentes sobre os principais patógenos detectados em lesões animais e suas implicações para a saúde humana, abordando aspectos de patologia veterinária, zoonoses e vigilância epidemiológica. A construção do corpus teórico ocorreu a partir de produções nacionais e internacionais disponibilizadas em bases consolidadas de indexação, incluindo PubMed, Scopus, Web of Science, SciELO e Google Scholar, complementadas por literatura técnica, documentos oficiais de órgãos veterinários e trabalhos acadêmicos com registro de código DOI. O processo metodológico iniciou-se com a definição de descritores estruturados de busca, selecionados a

partir de termos amplamente utilizados em microbiologia veterinária, patologia animal e saúde pública, tais como “*Mycobacterium bovis*”, “*Mycobacterium tuberculosis*”, “protozoários zoonóticos”, “*Enterocytozoon bieneusi*”, “*Entamoeba spp.*”, “*Blastocystis*”, “lesões animais”, “zoonoses”, “epidemiologia veterinária” e suas combinações booleanas. Em seguida, procedeu-se à triagem inicial dos documentos, pautada em critérios de elegibilidade previamente estabelecidos: publicações compreendendo o período de 1999 a 2025; textos completos acessíveis; abordagem direta da identificação de patógenos em lesões animais; relevância epidemiológica ou impacto potencial para a saúde humana; e robustez metodológica compatível com os objetivos do trabalho. Foram excluídos artigos de opinião sem base empírica, revisões superficiais e documentos duplicados entre as bases. Após a seleção preliminar, realizou-se leitura detalhada e extração sistemática de dados, incluindo informações sobre espécie animal, tipo de patógeno, características das lesões, técnicas diagnósticas empregadas, risco de transmissão zoonótica e implicações para a saúde pública, permitindo categorização temática das evidências. A análise dos conteúdos seguiu abordagem qualitativa, priorizando interpretação crítica, identificação de padrões, convergências e divergências entre os estudos consultados. Para garantir rigor científico, todos os dados foram confrontados com informações consolidadas em patologia veterinária, microbiologia animal e epidemiologia de zoonoses. Por fim, a organização e integração dos resultados foram conduzidas de modo a favorecer clareza expositiva, consistência interna e reprodutibilidade da revisão, assegurando que a estrutura final contemplasse todos os parâmetros exigidos pelo congresso, incluindo profundidade analítica, coerência argumentativa e alinhamento às tendências contemporâneas da literatura veterinária.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Micobactérias do complexo *Mycobacterium tuberculosis*, especialmente *M. bovis*, continuam a ser os principais agentes detectados em lesões de bovinos, suínos e fauna silvestre, apresentando relevante impacto epidemiológico e potencial zoonótico para a saúde humana (Szacawa *et al.*, 2025; Maciel *et al.*, 2018; Abrahão, 2020). Essas infecções frequentemente resultam na formação de granulomas pulmonares e linfonodais, caracterizando-se por inflamação crônica, necrose caseosa e infiltração celular específica. A ocorrência dessas lesões reforça a necessidade de vigilância sistemática, diagnóstico laboratorial de alta acurácia e implementação de protocolos de manejo sanitário eficientes. A compreensão detalhada da distribuição geográfica dos patógenos, aliada à identificação de espécies animais suscetíveis, é essencial para o planejamento de medidas preventivas. A **Tabela 1** apresenta os principais patógenos detectados em lesões animais, destacando espécies afetadas, tipos de lesão e potencial zoonótico, permitindo rápida visualização das relações entre agente, hospedeiro e manifestação clínica.

Tabela 1 – Principais patógenos detectados em lesões animais e espécies afetadas.

Patógeno	Espécies animais	Tipo de lesão	Zoonótico (Sim/Não)
<i>Mycobacterium bovis</i>	Bovinos, suínos, cervídeos	Granulomas pulmonares, linfonodais	Sim
<i>Enterocytozoon bieneusi</i>	Bovinos, felinos	Lesões intestinais	Sim
<i>Entamoeba spp.</i>	Cervídeos, bovinos	Lesões intestinais e hepáticas	Sim
<i>Blastocystis</i>	Cervídeos, felinos	Lesões intestinais	Sim

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

Protozoários zoonóticos, como *Enterocytozoon bieneusi*, *Entamoeba spp.* e *Blastocystis*, são amplamente relatados em animais de criação, cativeiro e vida livre,

frequentemente associados a lesões intestinais, hepáticas e linfonodais (Prado *et al.*, 2019; Lichtmannsperger *et al.*, 2023; Wang *et al.*, 2024; Zhang *et al.*, 2022). A ocorrência simultânea de múltiplos agentes em diferentes espécies evidencia padrões complexos de infecção e sugere mecanismos de transmissão cruzada entre animais e humanos. Esses achados ressaltam a importância de protocolos integrados de vigilância epidemiológica e manejo ambiental, especialmente em regiões com alto contato entre fauna doméstica, silvestre e populações humanas vulneráveis. A análise integrada dos dados contribui para compreender os fatores de risco que favorecem a persistência e disseminação desses patógenos.

Técnicas diagnósticas moleculares, incluindo PCR convencional, multiplex PCR e sequenciamento genético, apresentam elevada sensibilidade e especificidade na identificação de agentes patogênicos em tecidos lesados (Dos Santos *et al.*, 2024; Um *et al.*, 2025; Rossi *et al.*, 2024). Essas metodologias permitem não apenas a confirmação laboratorial, mas também o monitoramento epidemiológico da disseminação de zoonoses, possibilitando rastreamento genético, tipagem de cepas e detecção de variantes emergentes. A integração de múltiplas técnicas fortalece a confiabilidade diagnóstica e subsidia decisões de manejo e controle sanitário. A **Tabela 2** apresenta de forma comparativa as principais metodologias utilizadas, destacando sensibilidade, aplicabilidade em contexto veterinário e potencial para vigilância contínua.

Tabela 2 – Técnicas diagnósticas utilizadas na detecção de patógenos.

Técnica diagnóstica	Patógeno detectado	Sensibilidade	Aplicabilidade
PCR convencional	<i>M. bovis</i> , <i>M. tuberculosis</i>	Alta	Laboratórios veterinários
Multiplex PCR	Protozoários (<i>E. bieneusi</i> , <i>Entamoeba spp.</i> , <i>Blastocystis</i>)	Alta	Diagnóstico rápido e simultâneo
Sequenciamento genético	Todos os patógenos citados	Muito alta	Confirmação e vigilância epidemiológica
Sorologia	<i>M. bovis</i> , <i>M. tuberculosis</i>	Moderada	Triagem de rebanhos

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

A vigilância em fauna silvestre cativa, bem como a inspeção de carcaças em abatedouros, evidencia a presença de patógenos com potencial zoonótico significativo (Campos, 2019; Prado *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2024). Protocolos de quarentena, monitoramento laboratorial contínuo, medidas rigorosas de biossegurança e manejo sustentável são fundamentais para reduzir a exposição humana e a disseminação ambiental de agentes infecciosos. A implementação de estratégias combinadas de vigilância e prevenção permite identificar rapidamente surtos potenciais e orientar intervenções direcionadas. A **Tabela 3** resume as principais estratégias de manejo e prevenção, destacando aplicação, impacto e relevância epidemiológica das intervenções.

Tabela 3 – Estratégias de manejo, biossegurança e prevenção de zoonoses.

Estratégia	Aplicação	Impacto
Quarentena de animais	Fauna silvestre e rebanhos	Reduz transmissão interespecies
Monitoramento laboratorial contínuo	Animais de criação e cativeiro	Identificação precoce de patógenos
Protocolos de biossegurança	Abatedouros e cativeiros	Minimiza contaminação ambiental e risco humano
Manejo sustentável	Produção animal e áreas de fauna silvestre	Diminui risco de surtos e mortalidade animal

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

A integração entre microbiologia veterinária, patologia animal e epidemiologia revelou padrões complexos de infecção e fatores de risco que favorecem a zoonose (Soares da Silva *et al.*, 2015; Ribeiro dos Santos *et al.*, 2024; Um *et al.*, 2025). O mapeamento de patógenos em diferentes espécies animais fornece informações estratégicas para orientar intervenções terapêuticas, medidas preventivas, protocolos de biossegurança e manejo seguro em rebanhos e fauna silvestre. A análise de correlações entre lesões, agentes detectados e práticas de manejo contribui para a construção de modelos preditivos de risco epidemiológico.

Limitações metodológicas, como heterogeneidade entre estudos, variação na sensibilidade de testes diagnósticos e diferenças na coleta de amostras, persistem e podem afetar a interpretação de dados (Lichtmannsperger *et al.*, 2023; Maciel *et al.*, 2018). Ainda assim, os benefícios do diagnóstico precoce e do manejo integrado superam tais restrições, reforçando a importância da vigilância contínua, capacitação profissional e investimento em tecnologias laboratoriais mais acessíveis. O aprimoramento de protocolos padronizados e a integração de abordagens multidisciplinares são essenciais para aumentar a precisão diagnóstica e reduzir a disseminação de zoonoses.

O monitoramento de patógenos em lesões animais emerge como ferramenta estratégica para prevenção de zoonoses e proteção da saúde humana (Prado *et al.*, 2019; Szacawa *et al.*, 2025; Zhang *et al.*, 2022). A combinação de métodos laboratoriais avançados, análise patológica detalhada e abordagem epidemiológica sistemática permite identificar agentes com precisão, orientar medidas de manejo, implementar protocolos de biossegurança e subsidiar políticas sanitárias eficazes (Campos, 2019; Dos Santos *et al.*, 2024; Um *et al.*, 2025). Essa integração fortalece a vigilância de agentes zoonóticos, contribui para mitigação de riscos ocupacionais e promove estratégias sustentáveis de saúde pública e animal.

4 CONCLUSÃO

A detecção de patógenos em lesões animais evidencia a complexidade das interações entre saúde animal e humana. Micobactérias, protozoários e outros agentes infecciosos demonstram potencial zoonótico relevante, reforçando a necessidade de vigilância contínua e manejo preventivo. A compreensão detalhada das lesões permite identificar riscos, orientar intervenções e estabelecer protocolos sanitários mais eficazes, promovendo segurança biológica nos ambientes de criação e em contato com fauna silvestre.

A integração entre diagnósticos laboratoriais, análises patológicas e dados epidemiológicos mostra-se essencial para caracterizar a distribuição de agentes, reconhecer padrões de infecção e identificar fatores que favorecem a transmissão interespecie. Estratégias multidisciplinares possibilitam a implementação de medidas preventivas, terapêuticas e de manejo, contribuindo para a redução de impactos sanitários, econômicos e ambientais. A aplicação prática dessas abordagens fortalece a vigilância e promove tomadas de decisão mais rápidas e fundamentadas.

Apesar dos avanços, limitações metodológicas persistem. A heterogeneidade de técnicas diagnósticas, lacunas em estudos longitudinais e a escassez de dados em determinadas espécies ou regiões comprometem a generalização de resultados. Tais limitações indicam a necessidade de padronização de protocolos, ampliação do monitoramento e investimentos em pesquisa direcionada a zoonoses emergentes e à interface animal-humana.

Perspectivas futuras incluem a integração de tecnologias inovadoras, como diagnósticos moleculares de alta precisão, com estratégias de biossegurança e manejo sustentável. O fortalecimento de programas educativos e de vigilância em comunidades humanas e animais

deve ser priorizado, garantindo proteção simultânea à saúde de animais e humanos. A continuidade de pesquisas nessa área permitirá aprimorar políticas sanitárias, reduzir riscos zoonóticos e promover práticas de manejo mais seguras e eficazes em diferentes contextos produtivos e ambientais.

REFERÊNCIAS

ABRAHÃO, R. M. C. de M. Tuberculose humana causada pelo *Mycobacterium bovis*: considerações gerais e a importância dos reservatórios animais. **Archives of Veterinary Science**, [S. l.], v. 4, n. 1, p. 5-15, 1999. DOI: 10.5380/avs.v4i1.3771

DE ALMEIDA, I. B. et al. Tuberculose x zoonose: um risco eminente para saúde ocupacional das comunidades rurais. **Revista Científica URCAMP Tchê**, v. 19, n. 2, p. 259-273, 2017. Disponível em: <http://ediurcamp.urcamp.edu.br/index.php/RCR/article/view/178>

CAMPOS, D. I. **Condenação de carcaças bovinas por tuberculose, brucelose e cisticercose em abatedouro-frigorífico de Uberaba-MG e métodos de diagnóstico de tuberculose em carcaças**. Tese (Doutorado em Ciências Veterinárias) – Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais, 71 f. 2019. DOI: 10.14393/ufu.te.2019.1263

DA SILVA, B. F. S. et al. Micobacterioses em animais selvagens em cativeiro e a saúde pública. **Revista de Ciência Veterinária e Saúde Pública**, v. 12, n. 1, p. 27-45, 2015. DOI: 10.4025/revcivet.v12i1.63113

DOS SANTOS, B. R. et al. Bovine tuberculosis diagnosis in the state of Bahia, Brazil, using the multiplex PCR technique. **Ciência Animal Brasileira**, v. 25, 78409E, 2024. DOI: 10.1590/1809-6891v25e-78409E

LICHTMANNSPERGER, K. et al. Enterocytozoon bienewisi in fecal samples from calves and cows in Austria. **Parasitology Research**, v. 122, p. 333-340, 2023. DOI: 10.1007/s00436-022-07733-y

MACIEL, A. L. G. et al. Tuberculosis in Southern Brazilian wild boars (*Sus scrofa*): first epidemiological findings. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 65, n. 2, p. 518-526, 2017. DOI: 10.1111/tbed.12734

PENG, X. et al. Investigation of *Cryptosporidium* spp. and *Enterocytozoon bienewisi* in free-ranged livestock on the southeastern Qinghai–Xizang Plateau, China. **BMC Infectious Diseases**, v. 25, 356, 2025. DOI: 10.1186/s12879-025-10737-5

PRADO, J. B. F. et al. Occurrence of zoonotic *Enterocytozoon bienewisi* in cats in Brazil. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária**, v. 28, n. 1, p. 80-90, 2019. DOI: 10.1590/S1984-296120180096

RUSSI, L. da S. et al. Atualização em tuberculose bovina. **Embrapa**, Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 11 p., 2009. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/853365>

SZACAWA, E. et al. Mycobacterium tuberculosis complex infections in animals: a comprehensive review of species distribution and laboratory diagnostic methods. **Pathogens**, v. 14, n. 10, 1004, 2025. DOI: 10.3390/pathogens14101004

UM, J. et al. Identification of zoonotic pathogens in zoo animals in the Republic of Korea. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 27, 101067, 2025. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2025.101067

WANG, Y. et al. Molecular characterization and zoonotic potential of Entamoeba spp., Enterocytozoon bienersi and Blastocystis from captive wild animals in northwest China. **BMC Veterinary Research**, v. 20, 309, 2024. DOI: 10.1186/s12917-024-04172-y

ZHANG, Q. et al. Molecular epidemiology and genetic diversity of Enterocytozoon bienersi in cervids from Milu Park in Beijing, China. **Animals**, v. 12, n. 12, 1539, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani12121539>



EPIDEMIOLOGIA DA DOENÇA DE CHAGAS AGUDA NA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL (2010-2022)

NAIARA CRISTINA DE SOUZA GARAJAU; FERNANDA SILVA DA LUZ; KARINA DA SILVA LONGUI; LARISSA MARIA DA SILVA; JAYNE SILVA DE OLIVEIRA; JENNIFER JAMILLY DE OLIVEIRA SILVA; MARCELA BOSCHIN POPENDA.

RESUMO

A Doença de Chagas (DC), causada pelo protozoário *Trypanosoma cruzi*, permanece como importante problema de saúde pública nas Américas, especialmente na forma aguda, cuja detecção é fundamental para o controle da transmissão. Este estudo ecológico, descritivo e transversal analisou a distribuição temporal e espacial dos casos de Doença de Chagas Aguda no Nordeste brasileiro entre 2010 e 2022, utilizando dados do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN) via Tabnet/DATASUS. Foram incluídas notificações confirmadas nos estados do Maranhão, Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, Sergipe e Bahia, totalizando 134 casos no período. Os resultados indicam forte desigualdade espacial, com Maranhão e Pernambuco concentrando mais de 70% das notificações, refletindo tanto maior circulação do parasito quanto capacidade diferenciada de detecção e notificação. Estados como Bahia, Ceará, Paraíba e Rio Grande do Norte apresentaram menor número de casos, possivelmente associados a limitações no diagnóstico e na vigilância epidemiológica. Temporalmente, observou-se oscilação nas notificações, com picos em 2018 e 2019 e quedas em 2014, 2017 e, especialmente, em 2020–2021, período coincidente com o impacto da pandemia de COVID-19 sobre os serviços de saúde. A taxa de incidência seguiu padrão semelhante, destacando a influência de fatores epidemiológicos, estruturais e operacionais na dinâmica da doença. A análise reforça que a epidemiologia da Doença de Chagas Aguda no Nordeste está estreitamente relacionada a determinantes sociais, ambientais e estruturais, como condições habitacionais precárias, desigualdade socioeconômica, desmatamento e acesso desigual aos serviços de saúde. Conclui-se que, apesar da redução em alguns anos, a Doença de Chagas Aguda continua sendo relevante, exigindo fortalecimento da vigilância epidemiológica, capacitação de equipes e integração intersetorial. Pesquisas futuras podem investigar fatores determinantes da subnotificação, avaliar a eficácia de estratégias de prevenção por transmissão oral e explorar modelos preditivos de risco espacial e temporal, contribuindo para o planejamento de políticas públicas mais direcionadas e eficazes na região.

Palavras-chave: Vigilância epidemiológica; Transmissão oral; Desigualdade social

1 INTRODUÇÃO

A Doença de Chagas (DC), identificada em 1909 por Carlos Chagas, permanece como uma das principais endemias parasitárias do continente americano, sendo causada pelo protozoário *Trypanosoma cruzi* e transmitida principalmente por insetos *triatomíneos*, conhecidos como “barbeiros” (Coura, 2015). A transmissão, no entanto, não se restringe à via vetorial, podendo ocorrer também por ingestão de alimentos contaminados, transfusão sanguínea, transplantes de órgãos, acidentes laboratoriais e via materno-fetal (Brasil, 2022). Estudos recentes sugerem ainda a possibilidade de transmissão sexual, ampliando a complexidade epidemiológica da doença (Ferreira *et al.*, 2019).

De acordo com dados internacionais, cerca de seis milhões de pessoas vivem com infecção pelo *T. cruzi* nas Américas, com aproximadamente 30 mil novos casos anuais, 12 mil mortes e cerca de nove mil infecções congênicas a cada ano (Oms, 2023). Estima-se também que 70 milhões de indivíduos residam em áreas de risco. Esses números reforçam a importância da vigilância epidemiológica e da análise de padrões de transmissão, sobretudo em regiões caracterizadas por desigualdade social e ambiental, como o Nordeste brasileiro.

Nessa região, múltiplos fatores contribuem para a persistência da transmissão, incluindo condições habitacionais inadequadas, desigualdade socioeconômica, mudanças ambientais, expansão de áreas agrícolas e limitações estruturais nos serviços de saúde (Coura, 2015). A forma aguda da doença, apesar de menos detectada, é fundamental para compreender o comportamento da transmissão e orientar políticas públicas de prevenção e controle. Assim, torna-se essencial analisar a distribuição temporal e espacial dos casos, entendendo possíveis falhas de notificação e impactos de circunstâncias externas como a pandemia de COVID-19.

Diante desse cenário, o presente estudo tem como objetivo analisar a distribuição dos casos de Doença de Chagas Aguda registrados no Nordeste do Brasil entre 2010 e 2022, identificando variações ao longo dos anos e discutindo possíveis fatores associados, a fim de contribuir para o aprimoramento das estratégias de vigilância epidemiológica na região.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo adota delineamento ecológico, transversal e descritivo, utilizando dados secundários provenientes do Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), acessados por meio da plataforma Tabnet/DATASUS (Brasil, 2024). Foram incluídas notificações confirmadas de Doença de Chagas Aguda referentes aos estados do Maranhão, Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, Sergipe e Bahia, considerando-se o período compreendido entre janeiro de 2010 e dezembro de 2022.

A consulta foi realizada selecionando-se na plataforma Tabnet a opção “Doenças e Agravos de Notificação (SINAN) – 2007 em diante”, definindo-se como linha a Unidade da Federação de notificação, como coluna o ano do primeiro sintoma e como conteúdo o número de casos confirmados, aplicando-se filtro para restringir os dados à região Nordeste. Também foram coletadas as taxas de incidência padronizadas por 100 mil habitantes para o mesmo intervalo temporal. As

Os dados foram obtidos em setembro de 2025 e organizados no software Microsoft Excel 2016 para cálculo de frequências absolutas, relativas e incidência. Por se tratar de estudo descritivo, não foram aplicadas técnicas inferenciais. Entretanto, fatores como sazonalidade, mudanças na capacidade de vigilância, diferenças regionais de infraestrutura e impacto da pandemia de COVID-19 foram considerados na interpretação dos resultados, conforme orientações do Ministério da Saúde (Brasil, 2022).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

No período analisado, foram registrados 134 casos confirmados de Doença de Chagas Aguda (DCA) no Nordeste brasileiro, revelando padrão de distribuição desigual entre os estados (Tabela 1). Maranhão e Pernambuco concentraram mais de 70% das notificações, comportamento semelhante ao observado em investigações anteriores que destacam essas áreas como importantes focos de persistência do *T. cruzi* devido à presença de vetores silvestres e a episódios recorrentes de transmissão, especialmente por via oral (Brasil, 2022; Coura, 2015). A predominância desses estados sugere não apenas maior circulação do parasito, mas também maior capacidade de identificação de surtos e possíveis diferenças na eficiência da vigilância epidemiológica.

Tabela 1 – Distribuição de casos de DCA por estado (2010–2022)

Estado	Número de casos	% do total
Maranhão	56	41,8%
Pernambuco	39	29,1%
Bahia	14	10,4%
Ceará	9	6,7%
Paraíba	8	6,0%
Rio Grande do Norte	5	3,7%
Sergipe	3	2,2%
Total	134	100%

Fonte: Elaborado pelos autores, (2025).

Os demais estados, como Bahia, Ceará, Paraíba e Rio Grande do Norte, apresentaram número reduzido de notificações, o que pode refletir tanto menor incidência real quanto limitações no diagnóstico laboratorial e na detecção oportuna de casos. A OMS (2023) ressalta que doenças negligenciadas frequentemente sofrem com grande subnotificação, sobretudo em áreas rurais e regiões de menor infraestrutura de saúde, cenário compatível com partes expressivas do Nordeste.

Em relação ao comportamento temporal, o estudo identificou oscilações marcantes ao longo dos treze anos avaliados (Tabela 2). Os picos registrados em 2018 e 2019 indicam períodos de maior detecção, possivelmente associados a surtos por transmissão oral ou intensificação das

ações de vigilância. Tais picos também podem refletir maior sensibilidade dos serviços em identificar casos suspeitos mediante capacitações regionais ocorridas nos anos anteriores, conforme reportado pelo Ministério da Saúde (Brasil, 2022).

Tabela 2 – Evolução anual de casos de DCA no Nordeste (2010–2022)

Ano	Nº de casos
2010	8
2011	9
2012	10
2013	7
2014	5
2015	6
2016	4
2017	9
2018	14
2019	20
2020	18
2021	12
2022	12

Total	134
-------	-----

Fonte: Elaborado pelos autores, (2025).

Em contrapartida, anos como 2014, 2017 e 2020 registraram quedas expressivas nas notificações. Essas reduções podem estar relacionadas a variações anuais de investimento em vigilância, rotatividade de profissionais, dificuldade de acesso de populações rurais a serviços de saúde e limitações estruturais de investigação epidemiológica. A diminuição abrupta observada em 2021, por sua vez, coincide com o período de maior impacto da pandemia de COVID-19 sobre o sistema de saúde brasileiro, que provocou fragilização das rotinas de vigilância e redução significativa na busca ativa e no registro de doenças negligenciadas (Brasil, 2022; OMS, 2023). Dessa forma, a queda não representa necessariamente diminuição real na transmissão, mas sim queda na capacidade de registro.

A taxa de incidência acompanhou essas tendências, atingindo seu valor mais alto em 2019, seguido de declínio em 2020 e 2021 e retomada em 2022, Tabela (3). Esse comportamento é compatível com a suposição de que as flutuações observadas refletem tanto fatores epidemiológicos quanto limitações operacionais. Coura (2015) destaca que a subnotificação é um dos principais desafios para dimensionar adequadamente a carga da Doença de Chagas, sendo especialmente crítica na fase aguda, cuja detecção depende de serviços capacitados e vigilância ativa.

Tabela 3 – Variação percentual anual dos casos de Doença de Chagas Aguda no Nordeste (2010–2022)

2010	8	—
2011	9	
		+12,5%
2012	10	+11,1%
2013	7	-30,0%
2014	5	-28,6%
2015	6	+20,0%
2016	4	-33,3%
2017	9	+125,0%
2018	14	+55,6%
2019	20	+42,9%
2020	18	-10,0%
2021	12	-33,3%
2022	12	0%

Fonte: Elaborado pelos autores (2025).

Os achados deste estudo reiteram que a epidemiologia da DCA no Nordeste não pode ser compreendida apenas sob a perspectiva biológica, pois envolve determinantes sociais e ambientais associados à pobreza, moradias vulneráveis, desmatamento, expansão de fronteiras agrícolas e acesso desigual aos serviços de saúde. Tais fatores, descritos amplamente pela literatura sobre doenças negligenciadas (Coura, 2015; OMS, 2023), influenciam diretamente a dinâmica de transmissão, a severidade dos surtos e a capacidade de identificação dos casos. Portanto, as flutuações temporais e as discrepâncias regionais observadas não são aleatórias, mas indicam fragilidades estruturais que precisam ser enfrentadas para aprimorar a vigilância da doença. O cenário descrito reforça a necessidade de ampliar ações educativas, fortalecer laboratórios regionais, qualificar equipes de saúde e investir em políticas públicas integradas que considerem a vulnerabilidade socioambiental da região.

4 CONCLUSÃO

A análise dos casos de Doença de Chagas Aguda no Nordeste entre 2010 e 2022 evidencia que a doença permanece como agravo relevante, com forte desigualdade espacial e oscilações temporais que sugerem influência de fatores socioambientais, operacionais e estruturais. A concentração de casos em Maranhão e Pernambuco destaca áreas prioritárias para ações de vigilância e prevenção, enquanto as flutuações ao longo do período indicam possíveis falhas de detecção e períodos de subnotificação, agravados no contexto da pandemia de COVID-19. Os resultados reforçam a necessidade de fortalecer os sistemas de vigilância epidemiológica, ampliar o treinamento das equipes, padronizar o preenchimento das notificações e promover ações intersetoriais que incluam saúde, educação, assistência social e melhoria das condições de vida. Somente com estratégias integradas e sustentadas será possível reduzir a incidência, melhorar o diagnóstico precoce e garantir maior equidade no cuidado às populações afetadas.

No entanto, persistem lacunas importantes que devem ser abordadas em pesquisas futuras. Entre elas, destacam-se a necessidade de investigação aprofundada dos determinantes socioeconômicos e ambientais específicos da doença, a estimativa da subnotificação e avaliação da qualidade dos dados, a análise do impacto da pandemia de COVID-19 nos sistemas de vigilância e no acesso a diagnóstico e tratamento, e o estudo de populações vulneráveis, como comunidades rurais e indígenas. Além disso, pesquisas que integrem dados clínicos e epidemiológicos, avaliem a efetividade de estratégias de prevenção e utilizem modelagem espacial-temporal avançada podem contribuir para aprimorar o planejamento e a implementação de políticas de controle, promovendo maior equidade e eficiência nas ações de saúde pública.

REFERÊNCIAS

BRASIL. Ministério da Saúde. **Guia de Vigilância em Saúde: Doença de Chagas Aguda**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2022. Disponível em: <https://datasus.saude.gov.br/>. Acesso em: 20 nov. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. **DATASUS – TABNET: Doenças e Agravos de Notificação (SINAN)**. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2024. Disponível em: <https://datasus.saude.gov.br/>. Acesso em: 20 nov. 2025.

COURA, J. R. The main sceneries of Chagas disease transmission. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, 2015.

FERREIRA, L. L. *et al.* **Evidence of sexual transmission of Trypanosoma cruzi in experimental and humana models**. 2019.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. **Chagas disease (American trypanosomiasis): Fact Sheet**. Geneva: WHO, 2023. Disponível em: <https://www.who.int>. Acesso em: 20 nov. 2025.



IMPACTOS DO USO DE ANTIBIÓTICOS DURANTE A PANDEMIA DA COVID-19 NA RESISTÊNCIA BACTERIANA

CAMILA ANDRESSA PIAI DOS SANTOS

Introdução: A pandemia da COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2, trouxe amplos impactos para a saúde pública. Durante esse período, diversos medicamentos foram utilizados como forma de tratamento, incluindo antibióticos de amplo espectro. Esses antimicrobianos passaram a ser empregados em casos hospitalares para prevenir possíveis coinfeções bacterianas e, muitas vezes, de forma empírica, mesmo sem respaldo científico. A disseminação de informações equivocadas e a automedicação contribuíram para um uso excessivo desses medicamentos, gerando preocupação em relação ao aumento da resistência bacteriana no período pós-pandemia. **Objetivo:** Avaliar o impacto da pandemia de COVID-19 no uso de antimicrobianos e no perfil de resistência bacteriana. **Metodologia:** Foi realizada revisão bibliográfica nas bases SciELO e Google Acadêmico, utilizando os descritores “COVID-19”, “resistência bacteriana” e “uso de antimicrobianos”. Foram incluídos artigos publicados entre 2021 e 2025, resultando em nove estudos selecionados após aplicação dos critérios de relevância temática. **Resultados:** Entre os antibióticos mais utilizados durante a pandemia destaca-se a azitromicina, um macrolídeo amplamente administrado em internações com intuito de prevenir coinfeções, apesar de sua ação ser limitada a bactérias. Estudos mostram que a prevalência de coinfeção bacteriana em pacientes com COVID-19 foi baixa, enquanto a prescrição de antibióticos ultrapassou metade dos casos hospitalizados, indicando uso excessivo. A automedicação também contribuiu para o consumo inadequado desses fármacos. As pesquisas analisadas indicam crescimento significativo da multirresistência no período, com destaque para microrganismos como *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* e *Pseudomonas aeruginosa*, associados a quadros de maior gravidade e difícil tratamento. Esses achados sugerem que o uso elevado e não direcionado de antibióticos durante a pandemia pode ter favorecido a seleção e disseminação de cepas resistentes. **Conclusão:** A falta de conhecimento inicial sobre o SARS-CoV-2, somada à rápida disseminação do vírus, levou profissionais de saúde e a população a adotarem práticas terapêuticas que hoje são consideradas inadequadas. O uso excessivo de antibióticos, muitas vezes sem necessidade clínica, provavelmente contribuiu para o avanço da resistência bacteriana. Esse cenário reforça a importância do uso racional de antimicrobianos e do fortalecimento de ações de vigilância para mitigar seus impactos no futuro.

Palavras-chave: **SARS-COV-2; ANTIMICROBIANOS; MULTIRRESISTÊNCIA**



INFECÇÕES FÚNGICAS INVASIVAS EM PACIENTES ONCO-HEMATOLÓGICOS

JOÃO ANTONIO RIBEIRO DE SOUSA

Introdução: As infecções fúngicas invasivas (IFIs) representam uma das principais causas de morbimortalidade em pacientes onco-hematológicos, em razão do intenso grau de imunossupressão ao qual esses indivíduos estão submetidos. Fatores como neutropenia prolongada, uso de quimioterapia citotóxica, transplante de células-tronco hematopoéticas, administração prolongada de corticosteroides e ruptura das barreiras mucocutâneas favorecem a colonização e a disseminação de fungos oportunistas. Nesse contexto, as IFIs configuram um importante desafio clínico e epidemiológico na atenção ao câncer, exigindo diagnóstico e tratamento precoces. **Objetivos:** O presente trabalho tem como objetivo abordar os principais aspectos relacionados às infecções fúngicas invasivas em pacientes onco-hematológicos, destacando os agentes etiológicos mais prevalentes, os fatores de risco associados, as estratégias diagnósticas e as medidas de prevenção e tratamento adotadas na prática clínica. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão narrativa da literatura científica, realizada por meio da consulta a artigos publicados em bases de dados como PubMed, SciELO e LILACS, além de diretrizes nacionais e internacionais sobre infecções fúngicas invasivas. Foram incluídos estudos relevantes que abordam epidemiologia, diagnóstico, profilaxia e manejo terapêutico das IFIs em pacientes onco-hematológicos, publicados nos últimos anos. **Conclusão:** As IFIs continuam sendo uma complicação grave em pacientes onco-hematológicos, com impacto significativo na sobrevida e na qualidade do cuidado. Os principais agentes envolvidos incluem *Candida* spp., *Aspergillus* spp. e fungos filamentosos emergentes, como os Mucorales, sendo a aspergilose invasiva uma das formas mais frequentes e letais. O diagnóstico precoce permanece um desafio, devido à inespecificidade dos sinais clínicos, tornando indispensável o uso combinado de métodos microbiológicos, exames de imagem e testes sorológicos. A prevenção, por meio de medidas de controle ambiental e profilaxia antifúngica em pacientes de alto risco, associada ao tratamento adequado, é fundamental para reduzir a morbimortalidade. Assim, o manejo das infecções fúngicas invasivas requer abordagem multidisciplinar e vigilância contínua no cuidado ao paciente onco-hematológico.

Palavras-chave: **INFECÇÕES; ONCO-HEMATOLOGIA; FUNGOS**



MALASSEZIA: CARACTERÍSTICAS E FATORES DE INFECÇÃO

VITÓRIA DOS SANTOS INÁCIO

Introdução: As espécies do gênero *Malassezia*, pertencentes ao reino Fungi e à família Cryptococcaceae, são leveduras comensais amplamente distribuídas na pele e nas mucosas de mamíferos. Apesar de fazerem parte da microbiota normal, essas leveduras podem atuar como patógenos oportunistas, causando dermatites caracterizadas por prurido, hiperpigmentação e lesões cutâneas. A reprodução ocorre de forma assexuada por brotamento monopolar de base larga, deixando cicatrizes de brotamento visíveis ao microscópio, característica morfológica típica do gênero. **Objetivo:** Descrever as principais características biológicas, morfológicas e os fatores associados à infecção por *Malassezia pachydermatis*, destacando sua importância no desenvolvimento de dermatites. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão descritiva da literatura científica, com base em livros-texto e artigos especializados nas áreas de microbiologia, abordando aspectos morfológicos, biológicos, ecológicos e patogênicos da *Malassezia pachydermatis*. **Resultados:** A *Malassezia pachydermatis* é uma levedura zoofílica, comensal da pele e mucosas, capaz de crescer a 37 °C, temperatura compatível com o organismo animal. Apresenta caráter lipofílico, porém não-lipodependente, o que a diferencia de outras espécies do gênero que necessitam de lipídios em meios de cultura para crescer. Suas colônias possuem aspecto fosco, cremoso e textura friável. A infecção por *Malassezia* está frequentemente associada a estados de imunossupressão, uso prolongado de antibióticos e alterações na microbiota cutânea, fatores que favorecem sua proliferação excessiva e o desenvolvimento de quadros clínicos. **Conclusão:** A *Malassezia pachydermatis* é uma levedura comensal que pode assumir comportamento oportunista diante de desequilíbrios imunológicos ou ambientais. Suas características morfológicas e afinidade por lipídios contribuem para a colonização da pele e o surgimento de dermatites. Dessa forma, o conhecimento de seus aspectos biológicos e fatores predisponentes é fundamental para o diagnóstico correto e o manejo adequado das infecções associadas a esse fungo.

Palavras-chave: **MALASSEZIA; LEVEDURAS; FUNGOS OPORTUNISTAS**



PROPRIEDADES ANTIMICROBIANAS DE PLANTAS MEDICINAIS CONTRA VÍRUS, BACTÉRIAS E FUNGOS PATOGÊNICOS

RAYRA LYANDRA THOMAZ AGUIAR; ANDRESSA REBECA PINHEIRO VIANA; EDUARDA HOLANDA DE SOUZA; ELANY ALLANA NUNES MACIEL; GIOVANNA BRENDA MÁXIMO DE ALMEIDA; ISABELLA CONCEIÇÃO DA SILVA; VIVIANE FERREIRA MATOS

RESUMO

As plantas medicinais constituem uma fonte ancestral de compostos bioativos com reconhecida importância no enfrentamento de vírus, bactérias e fungos de interesse clínico. No cenário atual de crescente resistência antimicrobiana, a busca por alternativas terapêuticas eficazes torna-se imperativa. A investigação sistemática dessas propriedades microbiostáticas e microbicidas surge como estratégia promissora para subsidiar o desenvolvimento de novos agentes voltados à saúde humana, com elevada aplicabilidade científica contemporânea. O trabalho teve como objetivo analisar, por meio de revisão bibliográfica, as propriedades antivirais, antibacterianas e antifúngicas de plantas medicinais, destacando seu potencial terapêutico e sua aplicabilidade clínica frente a patógenos de relevância em saúde humana. Este estudo consiste em uma revisão bibliográfica narrativa, desenvolvida a partir da seleção de artigos científicos, capítulos de livros e documentos técnicos publicados em bases nacionais e internacionais. A busca foi realizada nas plataformas PubMed, SciELO e Google Scholar, utilizando descritores relacionados à atividade antiviral, antibacteriana e antifúngica de plantas medicinais. Foram incluídos estudos que relataram ensaios *in vitro*, *in vivo* ou revisões integrativas com enfoque clínico e microbiológico e relevância para a microbiologia clínica contemporânea. Os estudos analisados evidenciaram ampla atividade antimicrobiana de diferentes espécies vegetais, com destaque para compostos fenólicos, terpenoides, alcaloides e flavonoides. Verificou-se que extratos brutos e frações purificadas demonstraram eficácia significativa contra bactérias multirresistentes, incluindo *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* e *Pseudomonas aeruginosa*. Em relação aos fungos, observou-se ação inibitória relevante sobre espécies dos gêneros *Candida* e *Aspergillus*. Ademais, diversos metabólitos secundários apresentaram efeito antiviral promissor contra vírus respiratórios e emergentes. Os resultados sugerem expressivo potencial terapêutico das plantas estudadas e reforçam sua aplicabilidade como fonte alternativa de moléculas bioativas para uso clínico, consolidando evidências robustas para futuras aplicações farmacológicas e terapêuticas inovadoras. Conclui-se que as plantas medicinais representam recursos valiosos na prospecção de novos agentes antimicrobianos com potencial aplicabilidade clínica. A diversidade de compostos bioativos identificados evidencia sua relevância frente a vírus, bactérias e fungos patogênicos. A ampliação de estudos experimentais e clínicos é fundamental para validar sua eficácia, segurança e mecanismos de ação, contribuindo para o desenvolvimento de alternativas terapêuticas inovadoras em microbiologia clínica, fortalecendo estratégias integradas de saúde pública em evidências.

Palavras-chave: Compostos fenólicos; Atividade antimicrobiana; Potencial terapêutico de metabólitos secundários.

1 INTRODUÇÃO

O uso de plantas medicinais como recurso terapêutico acompanha a história das civilizações humanas, constituindo uma das principais bases para o desenvolvimento da farmacologia moderna. Ao longo das últimas décadas, avanços significativos nas áreas de microbiologia clínica, biotecnologia e química de produtos naturais têm ampliado o interesse científico pela prospecção de compostos bioativos de origem vegetal, especialmente diante da crescente ameaça representada pela resistência microbiana. Nesse contexto, espécies vegetais de diferentes biomas demonstram potencial para fornecer moléculas antimicrobianas capazes de atuar contra vírus, bactérias e fungos patogênicos, favorecendo investigações que dialogam diretamente com demandas contemporâneas da saúde pública, da clínica e da pesquisa aplicada (Al-Snafi, 2023; Vaou et al., 2021).

Diante desse cenário ampliado, torna-se necessário delimitar um recorte temático que aborde especificamente o potencial antimicrobiano das plantas medicinais frente aos principais patógenos de interesse clínico. Estudos recentes têm evidenciado a eficácia de extratos vegetais contra bactérias multirresistentes, como *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* e *Pseudomonas aeruginosa* (De Assis et al., 2018; Hemegh et al., 2020), além de demonstrar efeitos significativos sobre fungos dos gêneros *Candida* e *Aspergillus* (Carvalho et al., 2021; Viana; Carvalho; Batista, 2024). No campo da virologia, compostos derivados de plantas têm apresentado resultados promissores contra vírus emergentes, incluindo o SARS-CoV-2 (Oliveira et al., 2022). Apesar dessas evidências, ainda persistem lacunas quanto aos mecanismos de ação, padronização metodológica, variabilidade fitoquímica e aplicação clínica efetiva, justificando a necessidade de revisões sistemáticas e críticas que consolidem esse conhecimento disperso.

A literatura especializada reforça a importância de ampliar a compreensão sobre os compostos bioativos presentes em plantas medicinais e seus efeitos na inibição de microrganismos patogênicos. Revisões recentes apontam que terpenoides, alcaloides, flavonoides e compostos fenólicos constituem classes promissoras de moléculas com potencial antimicrobiano significativo (El-Saadony et al., 2025; Soni; Khatwase, 2023). Além disso, pesquisas realizadas em biomas brasileiros demonstram que a flora nacional representa uma das maiores fontes globais de diversidade química com propriedades farmacológicas relevantes (Oliveira et al., 2013; Queiroz; Leite; Vasconcelos, 2023; Violante et al., 2012). A consolidação desse corpo teórico é essencial para subsidiar práticas clínicas, orientar novas linhas de investigação, fortalecer políticas de saúde e promover o aproveitamento sustentável dos recursos vegetais com potencial terapêutico.

Diante do exposto, o objetivo geral desta revisão bibliográfica é analisar as propriedades antimicrobianas de plantas medicinais, sintetizando evidências científicas sobre sua eficácia contra vírus, bactérias e fungos patogênicos de relevância em saúde humana.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho caracteriza-se como uma revisão bibliográfica narrativa, elaborada com o propósito de analisar as propriedades antimicrobianas de plantas medicinais frente a vírus, bactérias e fungos patogênicos de relevância clínica. A pesquisa foi conduzida no âmbito de análise teórico-documental, sem coleta de dados primários, respeitando os princípios de rigor metodológico aplicáveis a estudos de síntese científica.

A construção do corpus teórico baseou-se na consulta a produções nacionais e internacionais indexadas em bases de dados consolidadas, incluindo PubMed, SciELO, Google Scholar, SpringerLink e Frontiers, além de literatura técnica complementar e documentos oficiais relacionados ao tema. O processo de seleção das referências seguiu critérios de

inclusão, tais como: recorte temporal entre 2002 e 2025, disponibilidade de texto completo, pertinência temática ao campo da atividade antiviral, antibacteriana e antifúngica de plantas medicinais, alinhamento aos objetivos da revisão e qualidade metodológica dos estudos. Foram excluídos materiais duplicados, publicações sem descrição adequada dos procedimentos experimentais, textos opinativos, resumos sem dados completos e estudos que não apresentavam relação direta com a microbiologia clínica.

O levantamento bibliográfico foi estruturado por meio de descritores específicos, definidos a partir de termos amplamente empregados na área de microbiologia clínica e farmacognosia, como “medicinal plants”, “antimicrobial activity”, “antiviral compounds”, “antibacterial activity”, “antifungal agents”, “phytochemicals”, “bioactive plant extracts” e “drug resistance”, combinados por operadores booleanos do tipo “AND”, “OR” e “NOT” para aprimorar sensibilidade e especificidade da busca.

A etapa de curadoria das referências e a padronização formal do manuscrito contaram com suporte técnico do Projeto Eukarya, que auxiliou na verificação da relevância nacional e internacional das fontes selecionadas, na confirmação dos respectivos registros de código DOI e na adequação da formatação às diretrizes metodológicas e editoriais do evento.

Posteriormente, as publicações selecionadas foram submetidas a leitura analítica integral, seguida da extração sistemática das informações pertinentes, considerando variáveis como: métodos experimentais empregados nos estudos analisados, tipos de extratos vegetais avaliados, composição fitoquímica, aplicabilidade clínica, eficácia antimicrobiana, espécies microbianas testadas, limitações metodológicas e relevância temática. A síntese e a interpretação dos achados foram conduzidas por meio de análise qualitativa, contemplando identificação de convergências, divergências, lacunas e tendências emergentes na literatura, assegurando consistência interna e reprodutibilidade da revisão.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A literatura revisada evidencia um corpo substancial de pesquisas dedicadas à investigação das propriedades antimicrobianas de plantas medicinais, revelando padrões consistentes que reforçam a relevância da prospecção fitoquímica para o enfrentamento de vírus, bactérias e fungos de interesse clínico. Os estudos analisados demonstram ampla diversidade metodológica, incluindo ensaios *in vitro*, *in vivo* e revisões integrativas que exploram compostos bioativos com ação antimicrobiana significativa, especialmente terpenoides, flavonoides, alcaloides e fenóis. A recorrência de resultados positivos sinaliza uma tendência emergente de valorização científica e terapêutica das plantas medicinais como alternativas ou coadjuvantes no tratamento de infecções microbianas (Vaou et al., 2021; El-Saadony et al., 2025). Esse panorama revela não apenas a amplitude de abordagens presentes na literatura, mas também a consolidação de um campo de pesquisa multidisciplinar em crescimento contínuo.

Para possibilitar a análise comparativa e aprofundada dos estudos, os resultados foram organizados em três eixos temáticos: (1) atividade antibacteriana, (2) atividade antifúngica e (3) atividade antiviral. Essa categorização permitiu identificar especificidades metodológicas e variações nos efeitos antimicrobianos entre diferentes extratos e espécies vegetais. O primeiro conjunto de achados descreve a eficácia antibacteriana de extratos vegetais frente a microrganismos multirresistentes, evidenciada em estudos conduzidos por De Assis et al. (2018), Hemegh et al. (2020) e Ponzilacqua et al. (2018). A **Tabela 1** apresenta uma síntese inicial dos estudos incluídos, contendo informações gerais, como autor, ano, objetivo e

abordagem metodológica, fornecendo uma visão organizada da base de evidências utilizada na revisão.

Tabela 1 – Caracterização geral dos estudos revisados segundo categoria temática, escopo científico, natureza metodológica e principais contribuições.

Categoria temática	Foco científico	Metodologia predominante	Principais achados
Antibacterianos de origem vegetal	Avaliação de extratos e óleos essenciais frente a cepas sensíveis e multirresistentes	Ensaio <i>in vitro</i> com extratos, frações ou compostos isolados	Atividade relevante contra <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>E. coli</i> e cepas MDR
Antifúngicos e antivirais de plantas medicinais	Investigação contra espécies de <i>Candida</i> , <i>Aspergillus</i> e vírus de interesse clínico	Ensaio <i>in vitro</i> e análises fitoquímicas	Identificação de fenóis, terpenos e flavonoides com ação fungistática e antiviral
Estudos de revisão sobre antimicrobianos vegetais	Síntese de mecanismos, potenciais terapêuticos e desafios tecnológicos	Revisões narrativas, integrativas e críticas	Integram tendências, mecanismos moleculares e limitações metodológicas
Bioprospecção e resistência microbiana	Busca de moléculas bioativas em espécies nativas e avaliação frente a cepas MDR	Ensaio microbiológico e triagens fitoquímicas	Evidenciam biodiversidade como fonte promissora e eficácia contra cepas resistentes

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

A análise comparativa das pesquisas demonstra tanto convergências quanto divergências relevantes. Estudos como os de Oliveira et al. (2013), Violante et al. (2012) e Carvalho et al. (2021) corroboram a ação antimicrobiana significativa de compostos fenólicos e terpenoides contra fungos de importância clínica, enquanto investigações como as de Oliveira et al. (2022) destacam mecanismos antivirais específicos, especialmente contra vírus respiratórios e emergentes. Em contrapartida, alguns trabalhos identificam variabilidade considerável na eficácia dos extratos, atribuída a fatores como condições de cultivo, métodos de extração e concentração de metabólitos. Essas diferenças são detalhadas na **Tabela 2**, que reúne as principais metodologias e categorias analíticas identificadas na literatura, permitindo visualizar contrastes e similaridades entre os estudos.

Tabela 2 – Síntese das metodologias, classes de compostos bioativos e categorias analíticas predominantes nos estudos revisados.

Grupo de estudos	Metodologia predominante	Compostos bioativos mais investigados	Enfoque analítico
Antibacterianos	Ensaio <i>in vitro</i> com extratos e frações	Terpenoides, fenóis e flavonoides	Inibição microbiana e determinação de CIM
Antifúngicos e antivirais	Ensaio <i>in vitro</i> e análises fitoquímicas	Óleos essenciais, polifenóis e alcaloides	Ação sobre <i>Candida</i> , <i>Aspergillus</i> e modulação vírus-hospedeiro
Revisões de amplo escopo	Revisões narrativas, integrativas e críticas	Bioativos diversos	Tendências, desafios metodológicos e perspectivas terapêuticas
Estudos bioprospectivos e resistência microbiana	Testes microbiológicos e triagens fitoquímicas	Misturas fitoquímicas complexas	Identificação de moléculas promissoras e atividade contra cepas MDR

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

As implicações práticas e teóricas desses achados são expressivas. A literatura demonstra que compostos derivados de plantas medicinais representam uma alternativa promissora para o combate a microrganismos resistentes, podendo subsidiar o desenvolvimento de novos fármacos, terapias combinadas e bioprodutos aplicados à saúde humana. Ademais, a identificação de metabólitos com ação antiviral, antibacteriana e antifúngica reforça a necessidade de investimentos em bioprospecção vegetal e inovação tecnológica no âmbito da microbiologia clínica (Al-Snafi, 2023; Soni; Khatwase, 2023). A **Tabela 3** sintetiza as principais implicações observadas, destacando potenciais aplicabilidades, limitações e contribuições desses compostos para o tratamento de doenças infecciosas. Esses resultados demonstram o potencial transformador da fitoterapia científica no enfrentamento de desafios sanitários contemporâneos.

Tabela 3 – Síntese das principais implicações práticas, teóricas e tecnológicas identificadas na literatura.

Implicação central	Contribuição para o campo	Aplicações potenciais	Impacto esperado
Desenvolvimento de novos antimicrobianos	Ampliação do arsenal terapêutico a partir de compostos vegetais	Formulação de fitofármacos e bioprodutos	Avanço na inovação farmacêutica
Combate à resistência microbiana	Alternativas contra cepas multirresistentes	Uso de bioativos em terapias complementares	Redução da pressão seletiva e da falha terapêutica
Potencial antiviral e antifúngico	Identificação de moléculas eficazes contra vírus e fungos de relevância clínica	Desenvolvimento de intervenções terapêuticas emergentes	Ampliação das opções frente a infecções emergentes
Relevância da bioprospecção	Valorização da biodiversidade como fonte de moléculas bioativas	Exploração de plantas nativas e validação de usos tradicionais	Fortalecimento da pesquisa translacional em recursos naturais
Implicação central	Contribuição para o campo	Aplicações potenciais	Impacto esperado
Desenvolvimento de novos antimicrobianos	Ampliação do arsenal terapêutico a partir de compostos vegetais	Formulação de fitofármacos e bioprodutos	Avanço na inovação farmacêutica

Fonte: Elaborado pelo autor, 2025. (Adaptado)

Os estudos revisados evidenciam contribuições robustas para o avanço do conhecimento, especialmente ao demonstrar a eficácia de extratos vegetais na inibição de patógenos multidroga-resistentes, ampliando as perspectivas terapêuticas disponíveis. Pesquisas como as de Queiroz, Leite e Vasconcelos (2023) e Holetz et al. (2002) reforçam a importância dos biomas brasileiros como fontes estratégicas de biodiversidade química, enquanto trabalhos internacionais, como os de Al-Snafi (2023) e El-Saadony et al. (2025), oferecem análises abrangentes sobre compostos bioativos e suas possíveis aplicações clínicas. Tais avanços contribuem para consolidar um campo de pesquisa interdisciplinar que integra microbiologia, farmacognosia e saúde pública.

Entretanto, algumas limitações foram observadas, como a ausência de padronização nos métodos de extração, variabilidade fitoquímica entre espécies, falta de ensaios clínicos controlados e escassez de estudos que abordem mecanismos de ação em profundidade. Ademais, lacunas persistem quanto à toxicidade, biodisponibilidade e estabilidade dos compostos bioativos em contextos clínicos. Assim, recomenda-se que pesquisas futuras priorizem o desenvolvimento de metodologias padronizadas, a expansão de estudos translacionais, a caracterização molecular detalhada dos metabólitos e a realização de ensaios clínicos que validem a eficácia e segurança dessas substâncias (Viana; Carvalho; Batista, 2024;

Oliveira et al., 2022). Essas perspectivas representam caminhos promissores para o fortalecimento da bioprospecção e da inovação terapêutica baseada em plantas medicinais.

4 CONCLUSÃO

O presente estudo teve como objetivo sintetizar as evidências disponíveis sobre o potencial antimicrobiano de compostos de origem vegetal, integrando análises referentes à aplicabilidade, variabilidade metodológica e relevância terapêutica observadas na literatura especializada. A revisão demonstrou que os extratos, frações e metabólitos isolados apresentam desempenhos consistentes frente a uma ampla gama de microrganismos, incluindo cepas multirresistentes, evidenciando padrões recorrentes de eficácia, diversidade fitoquímica e versatilidade de aplicações. As convergências entre os estudos reforçam a importância das plantas medicinais como fontes promissoras de agentes antimicrobianos, enquanto as diferenças observadas permitem compreender nuances metodológicas e tendências emergentes que moldam o campo.

A amplitude da revisão possibilitou mapear avanços significativos e reconhecer o papel estratégico da bioprospecção vegetal na busca por alternativas terapêuticas diante da crescente resistência microbiana. Os achados são relevantes tanto para a pesquisa básica quanto para o desenvolvimento de produtos biotecnológicos, contribuindo para o fortalecimento do conhecimento aplicado. No entanto, limitações foram identificadas, incluindo heterogeneidade de desenhos experimentais, ausência de padronização nos testes de suscetibilidade, escassez de estudos recentes com rigor analítico ampliado e restrições relacionadas ao acesso integral a determinados documentos. Tais fatores interferem na comparabilidade entre resultados e reforçam a necessidade de cautela interpretativa.

As implicações dos achados apontam para oportunidades significativas na exploração de compostos bioativos vegetais, com potencial impacto teórico, tecnológico e terapêutico. A literatura evidencia possibilidades para inovação em fitofármacos, desenvolvimento de formulações sinérgicas e ampliação do uso racional de recursos naturais. Como perspectivas futuras, recomenda-se o aprofundamento em análises mecanísticas, estudos *in vivo*, padronização metodológica robusta e maior integração entre abordagens biotecnológicas, químicas e microbiológicas. O avanço nessas direções poderá ampliar a compreensão sobre a atuação dos metabólitos vegetais e fortalecer sua aplicabilidade no enfrentamento da resistência antimicrobiana.

REFERÊNCIAS

AL-SNAFI, A. E. Medicinal plants with antiviral effect: a review. **GSC Biological and Pharmaceutical Sciences**, v. 24, n. 1, p. 98-113, 2023. DOI: 10.30574/gscbps.2023.24.1.0275

CARVALHO, A. F. et al. Traditional knowledge, medicinal plants, bioactive constituents, and prospecting technology: potential control of fungi. **Research, Society and Development**, [S. l.], v. 10, n. 13, e355101321410, 2021. DOI: 10.33448/rsd-v10i13.21410

DE ASSIS, F. V. et al. Antibacterial activity of Lamiaceae plant extracts in clinical isolates of multidrug-resistant bacteria. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 90, n. 2, p. 1665-1670, 2018. DOI: 10.1590/0001-3765201820160870

EL-SAADONY, M. T. et al. Medicinal plants: bioactive compounds, biological activities, combating multidrug-resistant microorganisms, and human health benefits - a comprehensive

review. **Frontiers in Immunology**, v. 16, e1491777, 2025. DOI: 10.3389/fimmu.2025.1491777

HEMEG, H. A. et al. Antimicrobial effect of different herbal plant extracts against different microbial population. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v. 27, n. 12, p. 3221-3227, 2020. DOI: 10.1016/j.sjbs.2020.08.015

HOLETZ, F. B. et al. Screening of some plants used in the Brazilian folk medicine for the treatment of infectious diseases. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 97, n. 7, p. 1027-1031, 2002. DOI: 10.1590/S0074-02762002000700017

OLIVEIRA, A. A. et al. Antimicrobial activity of amazonian medicinal plants. **SpringerPlus**, v. 2, 371, 2013. DOI: 10.1186/2193-1801-2-371

OLIVEIRA, J. R. et al. Antiviral activity of medicinal plant-derived products against SARS-CoV-2. **Experimental Biology and Medicine**, v. 247, p. 1797-1809, 2022. DOI: 10.1177/15353702221108915

PONZILACQUA, B. et al. In vitro antimicrobial effects of extracts from leaves of medicinal herbs and native Brazilian plants. **Current Agriculture Research Journal**, v. 6, n. 3, p. 243-254, 2018. DOI: 10.12944/CARJ.6.3.03

QUEIROZ, J. C. E.; LEITE, J. R. S. A.; VASCONCELOS, A. G. Prospecting plant extracts and bioactive molecules with antimicrobial activity in Brazilian biomes: a review. **Antibiotics**, v. 12, n. 3, 427, 2023. DOI: 10.3390/antibiotics12030427

SONI, B.; KHATWASE, S. A review on medicinal plant extract as an antimicrobial, antibacterial and antifungal. **International Journal of Engineering Technology and Management Sciences**, v. 7, n. 3, p. 420-425, 2023. DOI: 10.46647/ijetms.2023.v07i03.53

VAOU, N. et al. Towards advances in medicinal plant antimicrobial activity: a review study on challenges and future perspectives. **Microorganisms**, v. 9, n. 10, 2041, 2021. DOI: 10.3390/microorganisms9102041

VIANA, B. L. A.; CARVALHO, A. F. M.; BATISTA, H. L. Análise da atividade antifúngica in vitro dos óleos essenciais ozonizados e não ozonizados de *Eugenia caryophyllus*, *Melaleuca alternifolia* e *Pelargonium graveolens*. **Revista Sociedade Científica, [S. l.]**, v. 7, n. 1, p. 1447-1479, 2024. DOI: 110.61411/rsc202439317

VIOLANTE, I. M. P. et al. Antimicrobial activity of some medicinal plants from the cerrado of the central-western region of Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 43, n. 4, p. 1302-1308, 2012. DOI: 10.1590/S1517-83822012000400009



DIAGNÓSTICO DE ASPERGILOSE PULMONAR INVASIVA EM PACIENTES DIAGNOSTICADOS COM COVID-19

JADE PAES DE ALMEIDA; ANNE CAROLINE SANTOS; EDUARDO DA SILVA MONTEIRO; FERNANDO AFLALO NETO

Introdução: A pandemia de COVID-19 foi um desafio para a saúde pública em contexto global. A desdiferenciação das células multiciliadas e a perda da barreira imunológica inata das células epiteliais respiratórias, provocadas pelo coronavírus SARS-COV2, foram identificadas como fatores fisiopatológicos que influenciam a infecção por fungos do gênero *Aspergillus*, responsáveis por provocar a Aspergilose Pulmonar Invasiva (API). **Objetivo:** Analisar as implicações do diagnóstico de Aspergilose Pulmonar Invasiva em pacientes diagnosticados com COVID-19. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão bibliográfica sistemática, focada em análise de artigos científicos sobre o diagnóstico de API em pacientes acometidos por COVID-19. A coleta dos dados foi feita por meio das plataformas Google Acadêmico, PubMed, SciELO e Consensus. Foram incluídos artigos no período de 2020 a 2025 que contemplassem o objetivo. Foram usados, ao todo, 8 artigos. Os descritores utilizados na pesquisa incluíram “*Aspergillus*”, “SARS-COV2” e “Diagnosis”. Foram excluídos trabalhos que não abordavam diretamente a Aspergilose ligada ao SARS-COV2, bem como aqueles com acesso incompleto. **Resultados:** Os principais indicadores laboratoriais e de imagem para confirmar o diagnóstico de API em pacientes foram: exames de imagem, cultura de lavado broncoalveolar (LBA) e biomarcadores como a galactomanana sérica, importante para detecção precoce de antígeno fúngico. Estudos analisados demonstraram que 35% dos pacientes submetidos à ventilação mecânica invasiva devido à COVID-19 tiveram suspeita de API, sendo observado um crescimento rápido de espécies de *Aspergillus*, após análise de LBA, indicando alta prevalência dessa coinfeção em pacientes críticos. O acometimento por API relacionado à infecção anterior por COVID-19 foi observado em aproximadamente um terço dos pacientes em ventilação mecânica. Apesar de melhorias no tratamento para Aspergilose Pulmonar Invasiva, a mortalidade estimada é alta, podendo chegar aos 50%. As razões que contribuem para maior vulnerabilidade dos pacientes com COVID-19 à API incluem: neutropenia prolongada, uso de corticosteróides e transplante de órgãos. **Conclusão:** Evidencia-se a necessidade de mais estudos sobre a aspergilose associada à COVID-19 para obter melhorias nos prognósticos dos pacientes e detectar precocemente a infecção por meio de testes antifúngicos.

Palavras-chave: **ASPERGILOSE; COVID-19; DIAGNÓSTICO CLÍNICO**



O USO DA INTELIGENCIA ARTIFICIAL NO DESENVOLVIMENTO DE VACINAS

ADRIANY APARECIDA DA SILVA LOPES; GEOVANA MARA; GABRIELA MARCO; TULIO DANIEL; MARIA CLARA JULIA

Introdução: A pesquisa e desenvolvimento de vacinas representam um campo crucial da medicina, com o potencial de salvar milhões de vidas e mitigar o impacto de doenças devastadoras. No entanto, tradicionalmente, o processo de descoberta e teste de novas vacinas tem sido demorado, complexo e custoso. Felizmente, a inteligência artificial emergiu como uma ferramenta revolucionária, acelerando significativamente esse processo e oferecendo esperança para avanços rápidos e eficazes na vacinologia.

Objetivo: Analisar o papel da Inteligência Artificial no desenvolvimento de vacinas, compreendendo sua contribuição para a identificação e seleção de antígenos, para a previsão de respostas imunológicas e para otimização das etapas pré-clínicas, clínicas e logísticas. Buscamos também analisar como as aplicações de IA reduzem tempo, custos e falhas experimentais, melhorando a segurança e a eficiência dos programas de vacinação. **Metodologia:** A metodologia proposta visa estudar sobre o futuro das vacinas com a ajuda da inteligência artificial, promovendo a aceleração do processo de descoberta, criação de vacinas eficazes e trazendo um custo menor no desenvolvimento das vacinas criando uma resposta imunológica mais rápida. Também serão observadas as etapas em que a IA mais contribui, como a identificação de componentes da vacina e a previsão da resposta do corpo. **Resultados:** Os resultados mostram que a Inteligência Artificial acelera a identificação de antígenos, melhora a previsão de respostas imunológicas e reduz tempo e custos no desenvolvimento de vacinas. A IA também otimiza a logística de distribuição, aumentando eficiência e segurança em todo o processo vacinal. **Conclusão:** A IA vem transformando o desenvolvimento de vacinas ao tornar cada etapa mais rápida, precisa e econômica. Ela ajuda a escolher antígenos com mais segurança, prever como o corpo responderá e diminuir erros que antes atrasavam o processo. Ao mesmo tempo, melhora desde os testes até a logística de distribuição. O conjunto desses avanços mostra que a integração entre ciência e tecnologia está moldando um modelo de vacinação mais eficiente e capaz de responder melhor aos desafios de saúde pública no futuro.

Palavras-chave: **VIRUS; PESQUISA; MICROBIOLOGIA**



EFEITO DA TERAPIA FOTODINÂMICA ANTIMICROBIANA MEDIADA POR CURCUMINA NANOTECNOLÓGICA E LED AZUL SOBRE BIOFILMES MONOESPÉCIE DE ESCHERICHIA COLI

THAUANE RIBEIRO SANTOS MIRANDA; IASMYM MENDES DE JESUS; LUANA MOREIRA SILVA; VALENTINA LESTIDO; PATRÍCIO DOS SANTOS SOUZA; LUCIANO PEREIRA ROSA; FRANCINE CRISTINA SILVA ROSA

Introdução: *Escherichia coli* representa um dos principais agentes etiológicos de doenças diarreicas em escala global. A prevalência da resistência a antibióticos em populações desse microrganismo tem aumentado progressivamente. Cepas de *E. coli* frequentemente exibem resistência a múltiplos fármacos devido ao acúmulo de diversos determinantes de resistência, o que limita as opções terapêuticas disponíveis, representando uma preocupação crítica para a saúde pública. **Objetivo:** o estudo tem como objetivo avaliar a eficácia do uso da terapia fotodinâmica como um agente auxiliador na atividade antimicrobiana no biofilme formado por colônias de *E.coli*. **Metodologia:** Trata-se de uma pesquisa laboratorial, onde foram utilizadas cepas de *E.coli*, cultivadas em caldo e ágar BHI (Brain Heart Infusion) As suspensões bacterianas foram padronizadas e incubadas por 7 dias em placas de 24 poços, contendo corpos de prova acrílicos para formação de biofilme. Após incubação, os corpos de prova foram tratados com curcumina nanotecnológica (70 e 100 µg/mL) e irradiados com LED azul (460 nm; 3 e 5 min). Posteriormente, realizou-se a quantificação bacteriana por contagem de UFC, para avaliação do tratamento. **Resultados:** A PDTa apresenta desafios na padronização de concentrações e doses energéticas, porém tem se mostrado promissora frente à resistência antimicrobiana. A curcumina destaca-se como fotossensibilizante acessível e eficaz, atuando por meio da geração de danos celulares. O estudos relatou reduções significativas na viabilidade, virulência e formação de biofilme em *E.coli*, com efeito dose-dependente e sinérgico à antibioticoterapia. No presente estudo, observou-se redução com curcumina isolada e quando associada ao LED, revelando o potencial do tratamento com aPDT. **Conclusão:** Este estudo é relevante por reforçar a PDTa como uma alternativa terapêutica promissora frente ao aumento da resistência bacteriana, especialmente em *Escherichia coli* sensível e resistente à tratamentos convencionais. Os resultados demonstram que protocolos com baixas fluências energéticas e concentrações acessíveis de curcumina são capazes de reduzir significativamente a carga bacteriana, inclusive em biofilmes maduros, que representam um grande desafio clínico. A identificação de um protocolo eficaz (como: Curmina+100 µg LED+3') contribui para a padronização da PDTa e amplia seu potencial de aplicação clínica, além de abrir perspectivas para associações com antibióticos convencionais.

Palavras-chave: **BIOFOTÔNICA; LASER TERAPIA; CURCUMINA;**



MICROORGANISMOS INDICADORES DE QUALIDADE DA ÁGUA

VERONICA GONÇALVES DA ANUNCIACÃO, EMANUELA ALMEIDA SOBRAL;

RESUMO

A avaliação da qualidade da água é um componente estratégico para a proteção da saúde pública e para o gerenciamento ambiental, especialmente em contextos de abastecimento humano, recreação e uso agrícola. Nesse cenário, os microrganismos indicadores desempenham papel central por permitirem a inferência indireta da presença de contaminação fecal e de potenciais patógenos, cuja detecção direta é frequentemente onerosa, complexa e demorada. Esses indicadores são organismos cuja ocorrência está associada a fontes de poluição específicas e que apresentam comportamento previsível frente às condições ambientais e aos processos de tratamento de água. Entre os grupos mais utilizados destacam-se as bactérias do grupo coliforme, particularmente *Escherichia coli*, amplamente empregada como referência para contaminação de origem intestinal. A escolha desse microrganismo baseia-se em critérios como elevada prevalência em fezes de humanos e animais homeotérmicos, facilidade de detecção por métodos padronizados e baixa capacidade de multiplicação em ambientes aquáticos naturais. Além disso, enterococos intestinais têm sido adotados como indicadores complementares, sobretudo em águas recreacionais, devido à sua maior resistência a variações ambientais e a processos de desinfecção. A aplicação de microrganismos indicadores não se limita apenas à identificação de riscos sanitários imediatos, mas também subsidia o monitoramento contínuo de sistemas de tratamento e a avaliação da eficiência de políticas públicas relacionadas ao saneamento básico. Resultados microbiológicos permitem identificar falhas operacionais, orientar ações corretivas e apoiar a tomada de decisão por órgãos reguladores. Contudo, é fundamental reconhecer as limitações desse enfoque, uma vez que a ausência de indicadores não garante, de forma absoluta, a inexistência de agentes patogênicos, especialmente vírus e protozoários, que podem apresentar maior persistência ambiental. Dessa forma, a utilização de microrganismos indicadores deve ser compreendida como parte de uma abordagem integrada de vigilância da água, combinada a parâmetros físico-químicos e, quando necessário, a métodos avançados de análise microbiológica. A contínua revisão dos critérios de seleção desses indicadores, aliada ao desenvolvimento de técnicas analíticas mais sensíveis, contribui para aprimorar a segurança dos recursos hídricos e minimizar os impactos da contaminação sobre a saúde coletiva.

Palavras-chave: Biodiversidade; Hidrossanitário; Sustentabilidade.

1 INTRODUÇÃO

A água destinada ao consumo humano e a usos recreacionais constitui um recurso essencial à manutenção da vida e ao desenvolvimento social, sendo sua qualidade diretamente relacionada à prevenção de doenças e à promoção da saúde pública. Em escala global, a Organização Mundial da Saúde reconhece que a ingestão de água contaminada permanece como

uma das principais vias de transmissão de enfermidades de origem infecciosa, sobretudo em regiões com deficiências nos sistemas de saneamento básico (WHO, 2022).

Nesse contexto, o monitoramento microbiológico da água assume relevância estratégica, pois permite identificar riscos sanitários antes que impactos mais graves se manifestem na população.

Dentre as abordagens disponíveis para a avaliação microbiológica, o uso de microrganismos indicadores consolidou-se como prática amplamente aceita e recomendada por órgãos reguladores e pela literatura científica. Esses organismos não patogênicos, como *Escherichia coli* e enterococos intestinais, são empregados como marcadores indiretos de contaminação fecal, uma vez que sua presença está fortemente associada à introdução de excretas humanas ou animais nos corpos hídricos (Edberg et al., 2000; Ashbolt, 2015).

A escolha desses indicadores fundamenta-se em critérios como facilidade de detecção, comportamento previsível no ambiente aquático e correlação histórica com a ocorrência de patógenos entéricos.

No Brasil, a adoção de microrganismos indicadores integra marcos normativos importantes, como a Portaria GM/MS nº 888/2021, que estabelece os padrões de potabilidade da água, e as resoluções do Conselho Nacional do Meio Ambiente voltadas à classificação e ao enquadramento dos corpos d'água (CONAMA, 2005).

Paralelamente, manuais técnicos da American Public Health Association reforçam a importância da padronização metodológica e da interpretação criteriosa dos resultados microbiológicos para assegurar a confiabilidade do monitoramento (APHA, 2017).

A literatura recente destaca, ainda, a necessidade de integrar esses indicadores a outras análises para ampliar a proteção da saúde coletiva, considerando mudanças ambientais e pressões antrópicas crescentes sobre os recursos hídricos.

Diante desse panorama, o presente trabalho tem como objetivo geral analisar a importância dos microrganismos indicadores na avaliação da qualidade da água, destacando sua aplicação no monitoramento sanitário e sua relevância para a proteção da saúde pública e ambiental.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente estudo foi desenvolvido por meio de uma revisão integrativa da literatura, com abordagem qualitativa e caráter descritivo-analítico, visando reunir e sistematizar o conhecimento científico acerca do uso de microrganismos indicadores na avaliação da qualidade da água. Esse método permite a análise crítica de evidências disponíveis, possibilitando a compreensão ampliada do tema a partir de diferentes contextos e delineamentos metodológicos, conforme proposto por Whitemore e Knafl (2005).

A busca bibliográfica foi realizada em bases de dados científicas reconhecidas na área da saúde e do meio ambiente, incluindo PubMed, SciELO, Web of Science e Scopus. Foram utilizados descritores em português e inglês, combinados por operadores booleanos, tais como: “qualidade da água”, “microrganismos indicadores”, “contaminação fecal”, “water quality” e “indicator microorganisms”. O recorte temporal considerou publicações dos últimos 15 anos, priorizando estudos mais recentes para garantir a atualização das informações analisadas.

Os critérios de inclusão abrangeram artigos originais, revisões sistemáticas, documentos técnicos e diretrizes institucionais publicados em periódicos indexados e por organismos oficiais, como a Organização Mundial da Saúde e a American Public Health Association. Foram incluídos apenas estudos que abordassem explicitamente a aplicação de microrganismos indicadores na avaliação microbiológica da água para consumo humano, recreação ou

monitoramento ambiental. Excluíram-se publicações duplicadas, estudos com foco exclusivo em patógenos específicos sem relação com indicadores microbiológicos e trabalhos que não apresentassem clareza metodológica.

A seleção dos estudos ocorreu em três etapas: leitura dos títulos, análise dos resumos e leitura integral dos textos elegíveis. Após essa triagem, os dados relevantes foram extraídos e organizados em categorias analíticas, contemplando os tipos de microrganismos indicadores utilizados, os métodos de detecção empregados e os contextos de aplicação. A análise dos resultados foi conduzida de forma comparativa, buscando identificar convergências, limitações e contribuições dos diferentes estudos para o monitoramento da qualidade da água.

Por se tratar de uma pesquisa baseada exclusivamente em dados secundários disponíveis na literatura, não houve necessidade de submissão a comitê de ética em pesquisa, conforme as diretrizes éticas vigentes.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise dos estudos selecionados evidenciou que os microrganismos indicadores mais frequentemente empregados na avaliação da qualidade da água foram *Escherichia coli*, coliformes totais e enterococos intestinais, independentemente do tipo de corpo hídrico analisado (abastecimento, recreação ou monitoramento ambiental).

A predominância desses indicadores confirma o alinhamento entre a produção científica recente e as recomendações de organismos internacionais, como a Organização Mundial da Saúde e a American Public Health Association, que reconhecem esses grupos como parâmetros consolidados para inferência de contaminação fecal (WHO, 2022; APHA, 2017).

De forma geral, os estudos relataram maior sensibilidade da *E. coli* para indicar contaminação recente, sobretudo em águas destinadas ao consumo humano. Edberg et al. (2000) destacam que esse microrganismo apresenta forte correlação com a presença de patógenos entéricos bacterianos, o que justifica sua ampla adoção em legislações sanitárias. Em contrapartida, os enterococos intestinais mostraram-se mais persistentes em ambientes aquáticos e sob condições adversas, como elevada salinidade e exposição à radiação solar, sendo considerados indicadores mais robustos para águas recreacionais, conforme discutido por Ashbolt (2015).

A Tabela 1 sintetiza os principais microrganismos indicadores identificados na literatura analisada, bem como suas aplicações predominantes e vantagens operacionais.

Tabela 1 – Principais microrganismos indicadores de qualidade da água, aplicações e vantagens

Microrganismo indicador	Aplicação principal	Vantagens descritas na literatura
<i>Escherichia coli</i>	Água para consumo humano	Alta especificidade para contaminação fecal recente
Coliformes totais	Monitoramento operacional	Facilidade de detecção e baixo custo
Enterococos intestinais	Águas recreacionais	Maior resistência ambiental

Apesar da relevância dos resultados, a literatura também aponta limitações importantes no uso exclusivo de microrganismos indicadores. Diversos autores ressaltam que a ausência

desses organismos não garante, de forma absoluta, a inexistência de vírus e protozoários patogênicos, os quais podem apresentar maior resistência aos processos convencionais de tratamento (Payment e Locas, 2011; Ashbolt, 2015). Além disso, fatores ambientais, como temperatura e carga orgânica, podem influenciar a sobrevivência e a detecção dos indicadores, interferindo na interpretação dos dados.

Nesse sentido, os resultados reforçam a importância de uma abordagem integrada para a avaliação da qualidade da água, combinando indicadores microbiológicos clássicos com parâmetros físico-químicos e, quando necessário, métodos moleculares complementares. Tal integração amplia a capacidade de vigilância sanitária e contribui para a tomada de decisões mais seguras, especialmente em contextos de crescente pressão antrópica sobre os recursos hídricos.

4 CONCLUSÃO

Os resultados analisados evidenciam que os microrganismos indicadores constituem ferramentas essenciais para a avaliação da qualidade microbiológica da água. Sua aplicação permite identificar, de forma indireta e eficiente, a ocorrência de contaminação fecal e os potenciais riscos à saúde pública. A predominância de *Escherichia coli* e enterococos intestinais nos estudos revisados confirma sua relevância científica e normativa no monitoramento de águas destinadas ao consumo humano e à recreação.

A pesquisa demonstrou que esses indicadores apresentam vantagens operacionais significativas, como facilidade de detecção, baixo custo e ampla padronização metodológica. Tais características justificam sua adoção por legislações nacionais e internacionais e reforçam sua importância como instrumentos de vigilância sanitária e ambiental. Ao mesmo tempo, a análise comparativa da literatura revelou diferenças no comportamento ambiental dos indicadores, o que reforça a necessidade de seleção criteriosa conforme o tipo de corpo hídrico e o objetivo do monitoramento.

Entretanto, o estudo também evidenciou limitações relevantes. A utilização isolada de microrganismos indicadores não assegura a ausência de todos os agentes patogênicos, especialmente vírus e protozoários, que podem apresentar maior resistência ambiental e aos processos de tratamento. Além disso, fatores ambientais e operacionais podem interferir na sobrevivência e detecção desses microrganismos, impactando a interpretação dos resultados.

Diante desse cenário, conclui-se que a avaliação da qualidade da água deve ser conduzida de forma integrada, associando indicadores microbiológicos clássicos a parâmetros físico-químicos e, quando necessário, a técnicas analíticas complementares. Como perspectiva futura, destaca-se a ampliação de estudos voltados ao uso de indicadores alternativos e métodos moleculares, bem como a adaptação contínua das estratégias de monitoramento frente às mudanças ambientais e às crescentes pressões antrópicas sobre os recursos hídricos.

REFERÊNCIAS

AMERICAN PUBLIC HEALTH ASSOCIATION (APHA). *Standard methods for the examination of water and wastewater*. 23. ed. Washington, DC: APHA; American Water Works Association; Water Environment Federation, 2017.

ASHBOLT, N. J. Microbial contamination of drinking water and human health from community water systems. *Current Environmental Health Reports*, New York, v. 2, n. 1, p. 95–106, 2015.

BRASIL. Conselho Nacional do Meio Ambiente (CONAMA). *Resolução nº 357, de 17 de março de 2005*. Dispõe sobre a classificação dos corpos de água e diretrizes ambientais para o seu enquadramento. Diário Oficial da União: seção 1, Brasília, DF, 18 mar. 2005.

BRASIL. Ministério da Saúde. *Portaria GM/MS nº 888, de 4 de maio de 2021*. Altera o Anexo XX da Portaria de Consolidação nº 5/2017, estabelecendo os procedimentos de controle e de vigilância da qualidade da água para consumo humano. Diário Oficial da União: seção 1, Brasília, DF, 7 maio 2021.

EDBERG, S. C. et al. *Escherichia coli*: the best biological drinking water indicator for public health protection. *Journal of Applied Microbiology*, Oxford, v. 88, suppl. 1, p. 106S–116S, 2000.

PAYMENT, P.; LOCAS, A. Pathogens in water: value and limits of correlation with microbial indicators. *Ground Water*, Hoboken, v. 49, n. 1, p. 4–11, 2011.

WHITTEMORE, R.; KNAFL, K. The integrative review: updated methodology. *Journal of Advanced Nursing*, Oxford, v. 52, n. 5, p. 546–553, 2005.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). *Guidelines for drinking-water quality*. 4. ed. incorporating the 1st addendum. Geneva: WHO, 2022.



INFECÇÕES HOSPITALARES POR BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES: DESAFIOS DIAGNÓSTICOS E TERAPÊUTICOS NA MICROBIOLOGIA CLÍNICA

JOSÉ MIRANDA DA SILVA NETO; THIAGO PEDRO DA SILVA; JOSELMA APARECIDA DE OLIVEIRA

Introdução: As infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) constituem um importante problema de saúde pública, especialmente quando causadas por bactérias multirresistentes. Esses microrganismos estão associados a maior morbimortalidade, prolongamento do tempo de internação e aumento dos custos hospitalares, sendo frequentes em unidades de terapia intensiva. O uso inadequado de antimicrobianos e falhas nas medidas de prevenção e controle de infecções favorecem sua emergência e disseminação, impondo desafios relevantes à microbiologia clínica no diagnóstico e na condução terapêutica. **Objetivo:** Analisar, por meio de revisão narrativa da literatura, os principais aspectos relacionados às IRAS causadas por bactérias multirresistentes, com ênfase nos agentes etiológicos mais prevalentes, mecanismos de resistência e desafios diagnósticos e terapêuticos. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, com recorte temporal entre 2020 e 2025, realizada nas bases PubMed, SciELO, LILACS e Google Scholar. Foram incluídos estudos publicados em português, inglês e espanhol que abordassem IRAS, resistência bacteriana e microbiologia clínica. Utilizaram-se descritores relacionados a infecções hospitalares, bactérias multirresistentes e diagnóstico microbiológico. Foram excluídos artigos duplicados e estudos sem relação direta com o tema. Após os critérios de elegibilidade, aproximadamente 22 artigos compuseram a análise. **Resultados:** Os estudos indicam como principais agentes etiológicos das IRAS multirresistentes o *Staphylococcus aureus* resistente à metilina, *Enterococcus* resistente à vancomicina, *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemase, além de *Acinetobacter baumannii* e *Pseudomonas aeruginosa*. Essas infecções estão associadas a maior mortalidade, especialmente em pacientes críticos, e a infecções de corrente sanguínea e pneumonias hospitalares. Os mecanismos de resistência mais descritos incluem produção de enzimas inativadoras, alterações no sítio de ação dos fármacos, redução da permeabilidade da membrana e bombas de efluxo. Destacam-se como desafios diagnósticos o tempo prolongado dos métodos convencionais e a dificuldade na detecção precoce de mecanismos específicos de resistência. **Conclusão:** As IRAS causadas por bactérias multirresistentes representam um desafio crescente para os serviços de saúde e a microbiologia clínica. A integração entre laboratório, comissões de controle de infecção e programas de stewardship antimicrobiano, aliada à ampliação do acesso a métodos diagnósticos rápidos, é essencial para orientar a terapia direcionada e reduzir o uso empírico de antimicrobianos de amplo espectro.

Palavras-chave: **INFECÇÕES HOSPITALARES; BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES; MICROBIOLOGIA CLÍNICA**



ASPERGILOSE BRONCOPULMONAR ALÉRGICA COMO DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DA ASMA MAL CONTROLADA

JULIANA SOARES; ISABELLY MORGENSTERN PINHEIRO

Introdução: O *Aspergillus* é um fungo ambientalmente distribuído, cujos esporos normalmente são inalados e eliminados pelo sistema imune de pessoas saudáveis. Em pacientes asmáticos, a colonização por esse microrganismo, especialmente o subtipo *Aspergillus fumigatus*, pode desencadear a aspergilose broncopulmonar alérgica (ABPA) - uma resposta inflamatória mediada pelo sistema imunológico. A ABPA deve ser considerada como um diagnóstico diferencial na asma descompensada, já que sua identificação precoce pode prevenir danos pulmonares irreversíveis, como bronquiectasias e fibrose. **Objetivo:** Analisar a aspergilose broncopulmonar alérgica (ABPA) como diagnóstico diferencial da asma descompensada, com ênfase em aspectos microbiológicos, imunológicos e diagnósticos. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, realizada por meio de busca e análise de publicações científicas nas bases de dados PubMed, SciELO e LILACS. A estratégia de busca utilizou descritores em inglês (MeSH): *Allergic Bronchopulmonary Aspergillosis*, *Asthma* e *Aspergillus fumigatus*, combinados por meio do operador booleano AND. Foram incluídos artigos publicados nos idiomas português e inglês que abordassem aspectos microbiológicos da ABPA em pacientes asmáticos. **Resultados:** Os estudos analisados demonstram que a colonização persistente das vias aéreas por *Aspergillus fumigatus* está associada a resposta imunológica inflamatória do tipo 2, sendo a ABPA um diagnóstico diferencial crítico para a asma descompensada. Demonstrou-se que a maioria dos pacientes apresentava a doença não controlada no momento da avaliação. O diagnóstico fundamenta-se em critérios como a presença de asma ou fibrose cística, elevação da imunoglobulina E total e eosinofilia periférica. A identificação microbiológica do fungo em amostras respiratórias, associada a critérios clínicos e laboratoriais, permite o reconhecimento da ABPA e seu tratamento e prevenção de danos. O manejo visa suprimir a resposta inflamatória e reduzir a carga fúngica, sendo utilizadas estratégias com corticoides e antifúngicos, a depender do caso. **Conclusão:** A ABPA representa um desafio clínico significativo, sendo frequentemente subdiagnosticada ou confundida. A condição deve ser considerada no diagnóstico diferencial de pacientes asmáticos com controle inadequado da doença. A identificação precoce e o rastreamento em pacientes com asma brônquica são cruciais para evitar a progressão de danos pulmonares, como bronquiectasias e fibrose pulmonar.

Palavras-chave: **DOENÇA PULMONAR ALÉRGICA; ASPERGILLUS FUMIGATUS; INFECÇÕES FÚNGICAS PULMONARES**



ELIZABETHKINGIA MENINGOSEPTICA EM UTIS NEONATAIS: RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA E DESAFIOS PARA O CONTROLE DE INFECÇÃO

GUILHERME DA CUNHA BELLOLI; JULIANA SOARES

Introdução: *Elizabethkingia meningoseptica* é uma bactéria Gram-negativa, não fermentadora, muito presente em ambientes hospitalares associados à umidade, como incubadoras e circuitos de ventilação. Reconhecida como agente raro e grave de infecções neonatais, está associada a alta morbimortalidade, especialmente em prematuros e apresenta resistência a múltiplas classes antimicrobianas, incluindo carbapenêmicos e aminoglicosídeos, o que reduz as opções terapêuticas. Surto documentados em unidades de terapia intensiva neonatal reforçam seu potencial de disseminação hospitalar, frequentemente envolvendo algum reservatório. **Objetivo:** Analisar surtos e infecções neonatais por *E. meningoseptica*, com ênfase no perfil de resistência, desafios diagnósticos e implicações para o controle de infecção. **Metodologia:** Realizou-se revisão integrativa da literatura científica publicada nos últimos quinze anos, com foco em surtos e infecções neonatais por *E. meningoseptica*. Foram incluídos estudos em inglês que abordassem resistência antimicrobiana e medidas de controle em contextos hospitalares. A estratégia de busca utilizou descritores como Elizabethkingia meningoseptica, Neonatal Intensive Care Units, Drug Resistance e Disease Outbreaks, combinados por meio dos operadores booleanos AND e OR. **Resultados:** A análise dos trabalhos indica que a infecção por *E. meningoseptica* em neonatos percorre um caminho clínico grave e carrega um forte perfil de resistência antimicrobiana, com relatos de sensibilidade a medicamentos como ciprofloxacino, levofloxacino, cefoperazona, piperacilina e rifampicina. Sua apresentação clínica inespecífica e a distinção entre colonização e infecção ativa são apontadas como empecilhos diagnósticos recorrentes e importantes, pois envolvem a decisão da administração do antibiótico adequado. Ainda, partes úmidas do ambiente, como fluidos de sucção e água de equipamentos, foram determinantes na transmissão, e um dos estudos descreveu que após a desmontagem dos aparelhos, não houve casos novos. **Conclusão:** *E. meningoseptica* é um patógeno com alto potencial de surto e com perfil de resistência que exige maior cuidado para um ajuste precoce da antibioticoterapia. A persistência em ambientes úmidos hospitalares e a dificuldade em diferenciar colonização de infecção reforçam a necessidade de medidas mais precisas de controle, incluindo desinfecção de equipamentos e vigilância ambiental. A literatura descreve associação entre certos agentes antimicrobianos e melhores desfechos clínicos, reforçando a importância do diagnóstico microbiológico na orientação do tratamento mais adequado.

Palavras-chave: **PATÓGENOS EMERGENTES EM NEONATOLOGIA; INFECÇÃO NEONATAL; MULTIRRESISTÊNCIA BACTERIANA**



FISIOPATOLOGIA DA INFECÇÃO POR *HELICOBACTER PYLORI* NO DESENVOLVIMENTO DE DOENÇAS NEURODEGENERATIVAS

YASMIM WANZELER PEREIRA

Introdução: O *Helicobacter Pylori* (*H. pylori*) é uma bactéria Gram-negativa que infecta o epitélio estomacal e uma de suas principais características é o desenvolvimento de doenças gástricas. Entretanto, estudos indicam que a infecção por *H. pylori* apresenta capacidade de induzir neuroinflamação, atingindo o sistema nervoso central através do sangue, da via olfativa oral-nasal ou das vias de transporte axonal retrógrado associadas ao trato gastrointestinal, sendo relacionada a doenças neurodegenerativas como doença de Parkinson, doença de Alzheimer e esclerose múltipla. **Objetivo:** Destacar os efeitos citotóxicos e pró-inflamatórios diretos da bactéria *Helicobacter Pylori* no sistema nervoso. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão bibliográfica realizada a partir de seis artigos analisados em bases de dados como Biblioteca Virtual em Saúde e Pubmed. Foram incluídos artigos publicados entre 2018 e 2025, em inglês e que abordavam diretamente sobre a temática. Foram excluídos artigos pagos, duplicados e indisponíveis na íntegra. **Resultados:** A infecção por *H. Pylori* é amplamente reconhecida por causar distúrbios na homeostasia da microbiota gastrointestinal. Quando esse equilíbrio é afetado, O *H. Pylori* atua por fatores de virulência, como o gene A relacionado à citotoxina (CagA), a citotoxina vacuolar A (VacA), a urease (Ure), a arginase (Arg), o lipopolissacarídeo (LPS) e a proteína ativadora de neutrófilos (NAP). Esses fatores estão relacionados ao eixo microbiota-intestino-cérebro, o qual abrange vias de sinalização que permitem a comunicação entre a microbiota intestinal e o cérebro. Os fatores de virulência do *H. Pylori* ativam a via NF-κB ou PI3K-AKT que induz a produção de fatores pró-inflamatórios pelas células T, o que estimula a ação das células da glia, consequentemente levando a degeneração neuronal. Além disso, a VacA induz a apoptose das células epiteliais e promove o aumento da permeabilidade da barreira hematoencefálica, o que compromete, em última instância, a integridade dos neurônios. A infecção por *H. Pylori* também compromete a produção de ATP e o influxo de cálcio, que são fundamentais para a atividade neuronal. **Conclusão:** Estudos indicam que o tratamento de doenças neurodegenerativas é um desafio devido à diversidade e complexidade desses fatores influenciadores. Portanto, o *H. Pylori* possui impacto significativo em outros sistemas além do gastrointestinal.

Palavras-chave: **SISTEMA NERVOSO; HELICOBACTER PYLORI; EIXO MICROBIOTA-INTESTINO-CÉREBRO**



A FACE INVISÍVEL DA RESISTÊNCIA BACTERIANA: O PAPEL DA MICROBIOTA INTESTINAL COMO RESERVATÓRIO DE GENES DE RESISTÊNCIA

ALICE GABRIELLY NOVAES DA SILVA

RESUMO

A resistência antimicrobiana constitui uma grave ameaça à saúde pública global, compromete o tratamento de infecções e facilita o surgimento de bactérias multirresistentes. Tradicionalmente, os estudos concentram-se em patógenos, porém evidências recentes demonstram que a microbiota intestinal humana funciona como um vasto reservatório de genes de resistência (resistoma), favorecendo sua disseminação por meio de transferência horizontal gênica. Uma análise recente com 149.515 genomas montados a partir de microbiomas intestinais humanos evidenciou variabilidade geográfica na distribuição de genes de resistência a antibióticos, com elevada diversidade de ARGs em populações de diferentes continentes. Ademais, disbioses intestinais, frequentemente induzidas pelo uso contínuo de antibióticos ou hospitalização, geram desequilíbrio microbiano que favorece a expansão de bactérias patogênicas ou oportunistas portadoras desses genes, associando-se a maior colonização por organismos multirresistentes e disfunção imunológica sistêmica em pacientes críticos. Diante disso, é imprescindível reavaliar a microbiota intestinal sob a ótica de “reservatório silencioso” de resistência bacteriana, de modo a orientar práticas mais seguras de uso de antimicrobianos e estratégias de controle da disseminação de resistência na população humana.

Palavras-chave: Bactérias multirresistentes; Resistência antimicrobiana; Disbioses intestinais

1 INTRODUÇÃO

A resistência bacteriana aos antimicrobianos (AMR, do inglês *antimicrobial resistance*) é considerada uma das maiores crises sanitárias do século XXI, elevando a morbidade e mortalidade associadas a infecções e limitando opções terapêuticas efetivas. Historicamente, a atenção científica e clínica foi direcionada a bactérias patogênicas identificadas em infecções ativas. No entanto, nas últimas décadas, a visão sobre a dinâmica da resistência tem se expandido: o microbioma humano, especialmente a microbiota intestinal, emergiu como um reservatório silencioso de genes de resistência (resistoma), capaz de potencializar a disseminação de tais genes para patógenos oportunistas — um processo facilitado por mecanismos de transferência horizontal de genes.

Estudo recente que analisou 149.515 genomas metagenômicos da microbiota intestinal humana evidenciou a ampla distribuição global de genes de resistência a antibióticos, com variação geográfica significativa. O trabalho identificou que membros de filos como Pseudomonadota são hospedeiros predominantes desses genes, especialmente nas populações onde bactérias multirresistentes são frequentes. Esses dados apontam que o intestino humano

não é apenas um órgão de digestão e imunomodulação, mas também um reservatório ativo de resistência, com potencial de gerar “fontes ocultas” de resistência para patógenos clínicos.

Além disso — e crucial para a saúde pública — disbioses intestinais (alterações na composição e diversidade microbiana) têm sido associadas a colonização ou infecção por bactérias multirresistentes e desregulação imunológica. Em pacientes criticamente enfermos colonizados por organismos multirresistentes foram observadas diferenças significativas na diversidade microbiana intestinal e incremento de patobiontes, em comparação a indivíduos saudáveis. Esses achados reforçam a hipótese de que a microbiota intestinal, quando desequilibrada, favorece condições propícias à manutenção e propagação de resistência.

Dessa forma, torna-se essencial investigar com profundidade o papel da microbiota intestinal como reservatório de genes de resistência bacteriana — não apenas para compreender a dinâmica da AMR, mas também para orientar políticas de uso racional de antibióticos e intervenções de saúde pública. Esta revisão bibliográfica busca sintetizar evidências recentes (2024–2025) sobre esse papel da microbiota intestinal, destacando os mecanismos de resistoma, fatores de risco para sua expansão e implicações clínicas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho consiste em uma revisão bibliográfica sistemática não formal (scoping review), utilizando como base estudos publicados entre 2023 e 2025 que investigaram a presença, diversidade e distribuição de genes de resistência a antibióticos (ARGs) na microbiota intestinal humana. As bases utilizadas foram PubMed, Google Scholar, Scielo e os repositórios de metagenomas públicos referenciados nos artigos selecionados. Os descritores combinados incluíram “gut microbiota”, “antibiotic resistance genes”, “resistome”, “metagenome-assembled genomes (MAGs)”, “human intestine”, “dysbiosis”, “horizontal gene transfer”.

Para seleção dos estudos, os critérios de inclusão foram:

- Estudos originais com análise metagenômica de microbiota intestinal humana (MAGs, shotgun metagenome ou metagenômica profunda).
- Revisões com foco em microbiota intestinal e resistência antimicrobiana.
- Estudos publicados entre 2023 e 2025.
- Disponibilidade do texto completo.

Foram excluídos artigos de opinião, relatos sem dados empíricos, estudos em animais ou ambiente não intestinal, e artigos anteriores a 2023 quando não houvesse dado recente equivalente. Dos artigos identificados, foram extraídos dados sobre: número e diversidade de ARGs, classes de antibióticos com resistência, filo/táxon bacteriano associado aos ARGs, evidências de transferência horizontal de genes (HGT), e correlação com fatores clínicos ou demográficos quando presente (ex: uso de antibiótico, doença, tratamento, etc.). Além disso, para contextualização epidemiológica, foi considerado um estudo de ampla escala de metagenomas humanos ($n = 8.972$) correlacionando uso populacional de antibióticos e abundância/diversidade do resistoma intestinal.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

- Um estudo publicado em 2025 com 149.515 metagenome-assembled genomes (MAGs) de microbiota intestinal humana demonstrou uma distribuição global de ARGs, com variação geográfica expressiva: a Ásia exibiu a maior diversidade de ARGs.
- Dentro dos filos analisados, o filo Pseudomonadota apareceu como o principal hospedeiro de múltiplos ARGs, sendo frequente a presença de cepas multirresistentes com ≥ 5 ARGs — sobretudo em populações da África e América do Sul.

- Outro estudo contemporâneo (2025), realizado em quatro províncias chinesas com 119 amostras fecais, usando MAGs de alta/mediana qualidade (n = 3.882), identificou 159 tipos únicos de ARGs distribuídos em 35 classes de drogas.
- Neste mesmo estudo, os filos Bacillota_A e Actinomycetota apresentaram os maiores números de ARGs por genoma.
- As classes de resistência mais prevalentes no intestino foram: multidroga, tetraciclina, aminoglicosídeos, glicopeptídeos, entre outras.
- Há evidências robustas de que o resistoma intestinal não é estático: sua composição e abundância variam segundo fatores regionais, uso de antibióticos, ambiente, e possivelmente outros determinantes demográficos/sanitários.

Tabela 1 – Principais estudos recentes (2024–2025) sobre a microbiota intestinal humana como reservatório de genes de resistência antimicrobiana

ESTUDO (ANO)	POPULAÇÃO / AMOSTRA	METODOLOGIA	PRINCIPAIS ACHADOS RELACIONADOS AO RESISTOMA INTESTINAL	IMPLICAÇÕES CLÍNICAS
Liu et al. (2020)	14955 genomas metagenômicos de microbiota intestinal humana	Análise de metagenoma-assembled genomes (MAGs)	Identificação de ampla diversidade de genes de resistência a antibióticos, com variação geográfica significativa; maior abundância de ARGs em populações asiáticas; filo Pseudomonadota como principais hospedeiro de múltiplos ARGs	Evidencia a microbiota intestinal como reservatório global de resistência, com potencial de transferência gênica para patógenos
Zhang et al. (2025)	119 amostras fecais humanas (4 províncias da China)	Metagenômica shotgun com MAGs de alta e média qualidade	Deteção de 159 tipos únicos de genes de resistência distribuídos em 35 classes de antibióticos; maior concentração de ARGs nos filos Bacillota_A e Actinomycetota	Demonstra a complexidade e diversidade do resistoma intestinal humano
Wang et al. (2025)	Pacientes criticamente enfermos colonizados por bactérias multiresistentes	Análise metagenômica associada a dados clínicos	Disbiose intestinal associada à maior colonização por organismos multiresistentes e disfunção imunológica sistêmica	Reforça a relação entre microbiota alterada e risco aumentado de infecções resistentes
Global Resistome Consortium (2024)	Populações humanas de diferentes regiões geográficas	Revisão integrativa de dados metagenômicos globais	Associação entre uso populacional de antibióticos e aumento de diversidade e abundância do resistoma intestinal	Sustenta a necessidade de políticas de uso racional de antimicrobianos
Revisões recentes (2024–2025)	Estudos globais em microbiota intestinal humana	Revisão narrativa sistemática	Evidências de transferência horizontal de genes de resistência entre bactérias comensais e patogênicas no intestino	Destaca o papel do microbioma humano na disseminação silenciosa da resistência

Esses achados reforçam fortemente a hipótese de que a microbiota intestinal humana atua como reservatório global e dinâmico de genes de resistência antimicrobiana — um “reservatório silencioso” cuja significância clínica e epidemiológica está sendo cada vez mais reconhecida. O fato de muitos ARGs estarem distribuídos entre táxons considerados comensais ou “benignos” sinaliza que não apenas patógenos isolados, mas o próprio microbioma humano saudável, pode servir como fonte latente de resistência. A presença de cepas multiresistentes em filos como Pseudomonadota, e a diversidade elevada de ARGs em diferentes regiões, intensificam o risco de emergência de patógenos resistentes por meio da transferência

horizontal de genes (HGT), especialmente em contextos de pressão seletiva como uso indiscriminado de antibióticos.

Além disso, a variabilidade geográfica e populacional do resistoma — como demonstrado pelos diferentes estudos em diversas regiões da China e em escala global — sugere que fatores ambientais, sociodemográficos e de políticas de saúde pública (como regulação de uso de antimicrobianos) têm papel central na modulação desse reservatório. Esse panorama implica que estratégias de controle da resistência bacteriana devem ir além dos hospitais — devendo considerar o microbioma da população geral, vigilância genômica, políticas de uso racional de antibióticos, e possivelmente intervenções que visem modular a microbiota (como práticas de “saúde populacional” baseadas em microbioma). Por fim, a existência de um resistoma intestinal extenso e diversificado reforça a urgência de abordagens integradas sob o conceito One Health, dado o potencial de interações entre saúde humana, animal e ambiente na disseminação de genes de resistência.

Limitações e lacunas apontadas na literatura

- Muitos estudos concentram-se em metagenomas de populações específicas — há escassez de dados representativos globalmente, sobretudo de regiões da América Latina, África fora de grandes centros, e países em desenvolvimento.
- A maioria dos dados provém de análises bioinformáticas: há pouca correlação com dados fenotípicos (resistência real em patógenos isolados) ou dados clínicos de infecção. Isso limita a capacidade de projetar risco real de “transmissão de resistência” para patógenos.
- Falta de padronização metodológica entre estudos: diferentes critérios de montagem de MAGs, bases de anotação e pipelines bioinformáticos dificultam comparações diretas.

Poucos estudos avaliam longitudinalmente a dinâmica do resistoma — por exemplo, antes e depois do uso de antibióticos, ou em diferentes faixas etárias.

4 CONCLUSÃO

A análise da literatura recente evidencia que a microbiota intestinal humana constitui um reservatório amplo, dinâmico e global de genes de resistência a antibióticos, desempenhando papel central na atual crise da resistência antimicrobiana. Estudos metagenômicos publicados entre 2024 e 2025 demonstram elevada diversidade e abundância de genes de resistência distribuídos não apenas em bactérias patogênicas, mas também em microrganismos comensais, reforçando a noção de que o resistoma intestinal ultrapassa o contexto clínico tradicional. A expressiva variabilidade geográfica do resistoma, associada a fatores como uso indiscriminado de antimicrobianos, práticas sanitárias e condições ambientais, indica que a resistência bacteriana deve ser compreendida como um fenômeno multifatorial e populacional. Ademais, a presença frequente de genes associados à multirresistência e o potencial de transferência horizontal entre bactérias intestinais ampliam o risco de emergência de cepas resistentes clinicamente relevantes.

Diante desse cenário, torna-se imprescindível que estratégias de enfrentamento da resistência antimicrobiana incorporem a vigilância do microbioma humano, aliada a políticas rigorosas de uso racional de antibióticos e a abordagens integradas baseadas no conceito One Health. Investimentos em pesquisas longitudinais, padronização metodológica e integração entre dados genômicos e clínicos são fundamentais para compreender a dinâmica do resistoma intestinal e mitigar seus impactos na saúde pública. Assim, reconhecer a microbiota intestinal como um componente-chave na disseminação da resistência antimicrobiana representa um avanço essencial para o desenvolvimento de estratégias preventivas mais eficazes, sustentáveis e alinhadas às demandas globais de saúde.

REFERÊNCIAS

ALI, S. M.; TUAMA, A. A. Disbiose da microbiota intestinal impulsiona a transferência de genes de resistência e a adaptação bacteriana: revisão. **Indonesian Journal on Health Science and Medicine**, Sidoarjo, v. 2, n. 1, 2025.

LING, Z. et al. Disbiose da microbiota intestinal e disfunção imunológica sistêmica em pacientes críticos com colonização e infecção por bactérias multirresistentes. **Journal of Translational Medicine**, Londres, v. 23, art. 981, 2025.

LOUCA, S. et al. Impactos do uso de antibióticos em nível populacional sobre a microbiota intestinal humana. **Nature Communications**, Londres, v. 14, art. 1223, 2023.

WANG, C. et al. Panorama global dos genes de resistência a antibióticos em genomas reconstruídos da microbiota intestinal humana. **BMC Microbiology**, Londres, v. 25, art. 86, 2025.

XU, Z. et al. Fluxo regional de genes de resistência antimicrobiana entre os setores da abordagem Uma Só Saúde na China. **Microbiome**, Londres, v. 12, art. 44, 2024.

ZHOU, Q. et al. Padrões geográficos da resistência a antibióticos na microbiota intestinal humana: evidências a partir de genomas montados por metagenômica em quatro províncias chinesas. **Frontiers in Microbiology**, Lausanne, v. 16, 2025.



PLASTICIDADE GENÔMICA BACTERIANA E SUA INFLUÊNCIA NA EMERGÊNCIA DE FENÓTIPOS MULTIRRESISTENTES EM AMBIENTE HOSPITALAR

PEDRO LUIZ DE SOUSA

RESUMO

A crescente dificuldade no controle de infecções causadas por bactérias resistentes aos antimicrobianos representa um dos maiores entraves da medicina contemporânea, sobretudo no contexto hospitalar, onde a exposição frequente a antibióticos contribui para a adaptação microbiana. Nesse cenário, a plasticidade genômica bacteriana assume papel central, uma vez que possibilita modificações estruturais e funcionais no genoma, favorecendo a incorporação e expressão de genes relacionados à resistência a diferentes classes de fármacos. O presente trabalho tem como objetivo analisar a influência da plasticidade genômica bacteriana na emergência de fenótipos multirresistentes em ambiente hospitalar, com ênfase em *Acinetobacter baumannii* e *Klebsiella pneumoniae*, patógenos frequentemente associados a infecções relacionadas à assistência à saúde. A metodologia adotada consistiu em uma revisão de literatura baseada em estudos científicos recentes, selecionados a partir de bases acadêmicas, que abordam os mecanismos genéticos envolvidos na resistência bacteriana, bem como sua disseminação em ambientes hospitalares. Os resultados evidenciam que mecanismos como mutações genéticas e transferência horizontal de genes, frequentemente mediados por elementos genéticos móveis, como plasmídeos e integrons, desempenham papel central na emergência da multirresistência. Observou-se que *Acinetobacter baumannii* apresenta elevada capacidade de persistência ambiental e aquisição de resistência a antibióticos de última linha, enquanto *Klebsiella pneumoniae* destaca-se pela disseminação de genes associados à produção de carbapenemas, intensificando o problema da resistência bacteriana. Conclui-se que a plasticidade genômica bacteriana é um fator-chave na emergência de fenótipos multirresistentes em ambiente hospitalar, tornando essencial o fortalecimento de estratégias de vigilância, controle de infecções e uso racional de antimicrobianos, a fim de minimizar os impactos clínicos e epidemiológicos da resistência bacteriana.

Palavras-chave: Transferência gênica; Resistoma; Pressão seletiva.

1 INTRODUÇÃO

A resistência bacteriana aos antimicrobianos configura-se como um dos principais desafios enfrentados pelos serviços de saúde, especialmente no ambiente hospitalar, onde a elevada pressão seletiva favorece a emergência de microrganismos multirresistentes. Infecções associadas à assistência à saúde apresentam maior gravidade clínica, aumento do tempo de internação e elevação das taxas de mortalidade, sendo diretamente influenciadas pela disseminação de bactérias resistentes a múltiplas classes de antibióticos (Freitas; Benz; Chiarelli Neto, 2021). Esse cenário reforça a relevância do estudo da resistência bacteriana, considerando seus impactos clínicos, epidemiológicos e econômicos para os sistemas de saúde.

Nesse contexto, a plasticidade genômica bacteriana desempenha papel fundamental na adaptação e sobrevivência dos microrganismos em ambientes hospitalares. A capacidade de reorganização do genoma, associada à aquisição de genes de resistência por meio de mecanismos como mutações e transferência horizontal de genes, permite o surgimento de fenótipos multirresistentes. Esses processos são frequentemente mediados por elementos genéticos móveis, como plasmídeos e integrons, que facilitam a rápida disseminação da resistência bacteriana, tornando o controle das infecções hospitalares um desafio crescente (Nguyen; Joshi, 2021).

Entre os patógenos de maior relevância clínica, *Acinetobacter baumannii* destaca-se pela elevada capacidade de persistência no ambiente hospitalar e pela eficiência na aquisição de mecanismos de resistência. Estudos demonstram que esse microrganismo está fortemente associado a infecções hospitalares, apresentando resistência a antimicrobianos de última linha, como os carbapenêmicos, o que evidencia a importância de sua plasticidade genômica na adaptação às condições adversas do ambiente hospitalar (Cangussu, 2020; Infecções por *Acinetobacter baumannii* e mecanismos de resistência, 2023).

De forma semelhante, *Klebsiella pneumoniae* tem se consolidado como um importante agente etiológico de infecções hospitalares, especialmente quando associada à produção de carbapenemases do tipo KPC. A presença de genes de resistência localizados em plasmídeos favorece a disseminação desses determinantes genéticos entre cepas bacterianas, contribuindo para o aumento da multirresistência em ambientes hospitalares (Francisco; Garcia, 2020; Nunes, 2021). Além disso, fatores relacionados à assistência à saúde e às condições clínicas dos pacientes influenciam diretamente a ocorrência dessas infecções, agravando o impacto da resistência bacteriana (Infecções hospitalares associadas a *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemase, 2024; Fatores determinantes na infecção hospitalar por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenêmicos, 2020).

Diante desse cenário, o presente trabalho tem como objetivo geral analisar a influência da plasticidade genômica bacteriana na emergência de fenótipos multirresistentes em ambiente hospitalar, com ênfase nos mecanismos genéticos envolvidos em *Acinetobacter baumannii* e *Klebsiella pneumoniae*.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Trata-se de um estudo descritivo, do tipo revisão de literatura, com abordagem qualitativa, desenvolvido com o objetivo de analisar a influência da plasticidade genômica bacteriana na emergência de fenótipos multirresistentes em ambiente hospitalar. A pesquisa bibliográfica foi realizada nas bases de dados PubMed e Google Acadêmico, por concentrarem publicações relevantes na área da microbiologia clínica e resistência antimicrobiana.

A busca dos estudos ocorreu por meio de descritores relacionados ao tema, tais como “plasticidade genômica bacteriana”, “resistência antimicrobiana”, “infecções hospitalares”, “*Acinetobacter baumannii*”, “*Klebsiella pneumoniae*” e “carbapenemases”, combinados com operadores booleanos. Foram incluídos artigos publicados entre 2020 e 2025, disponíveis na íntegra, nos idiomas português e inglês, que abordassem mecanismos genéticos de resistência bacteriana em contexto hospitalar.

Foram excluídos estudos duplicados, fora do período estabelecido ou que não apresentassem relação direta com o tema proposto. A análise dos dados foi realizada por meio de leitura crítica e comparativa dos artigos selecionados, considerando os principais mecanismos de plasticidade genômica e resistência descritos, com posterior síntese descritiva dos achados.

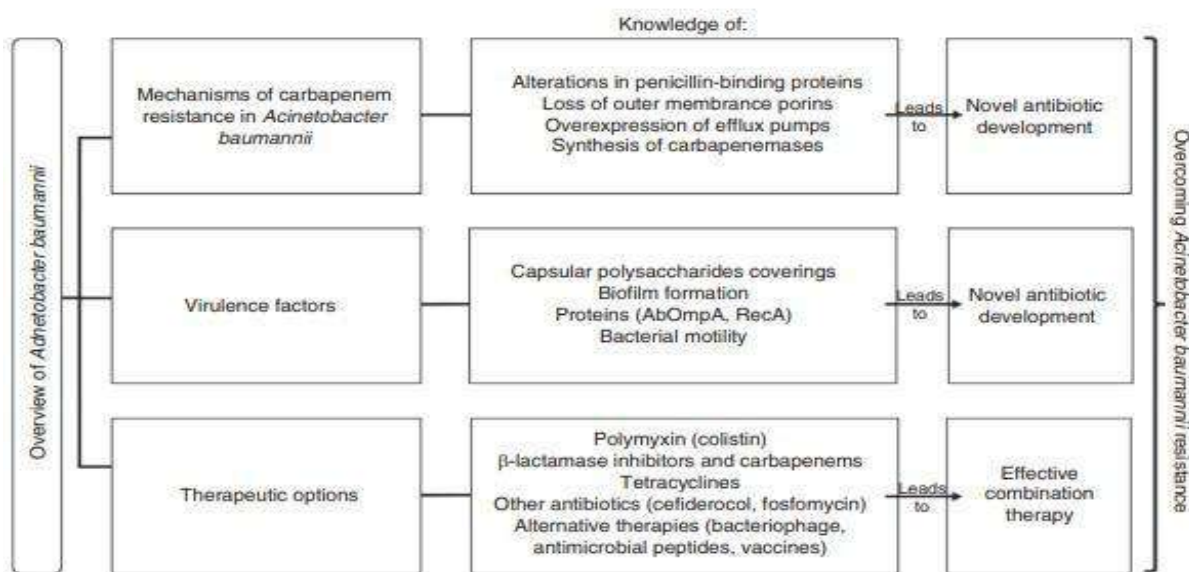
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise dos estudos selecionados evidenciou que a plasticidade genômica bacteriana está diretamente associada à emergência e disseminação de fenótipos multirresistentes em ambiente hospitalar. Os resultados apontam que mecanismos como mutações genéticas e, principalmente, a transferência horizontal de genes desempenham papel central na adaptação bacteriana frente à pressão seletiva exercida pelo uso intensivo de antimicrobianos. Elementos genéticos móveis, como plasmídeos e integrons, foram frequentemente descritos como responsáveis pela disseminação de genes de resistência entre diferentes cepas e espécies bacterianas, intensificando o problema da multirresistência.

Entre os microrganismos analisados, *Acinetobacter baumannii* destacou-se pela elevada capacidade de persistência no ambiente hospitalar e pela rápida aquisição de resistência a antibióticos de última linha, como os carbapenêmicos. Os estudos revisados indicam que a organização dinâmica de seu genoma favorece a incorporação de genes de resistência, contribuindo para a ocorrência de infecções hospitalares de difícil tratamento, especialmente em unidades de terapia intensiva. Esses achados reforçam a relevância clínica desse patógeno e sua associação com altos índices de morbimortalidade.

Carbapenem resistance and *Acinetobacter*

M. Nguyen and S.G. Joshi



De forma semelhante, os resultados relacionados a *Klebsiella pneumoniae* evidenciaram a importância da produção de carbapenemases do tipo KPC na resistência aos carbapenêmicos. A presença desses genes em plasmídeos facilita sua disseminação no ambiente hospitalar, aumentando a frequência de cepas multirresistentes. Os estudos analisados também demonstraram que fatores relacionados à assistência à saúde, como tempo prolongado de internação e uso prévio de antimicrobianos, contribuem para a ocorrência dessas infecções.

A comparação dos dados disponíveis na literatura evidencia que a plasticidade genômica bacteriana representa uma vantagem adaptativa para esses microrganismos, dificultando o controle das infecções hospitalares. Entretanto, observa-se como limitação a heterogeneidade metodológica entre os estudos analisados, o que pode influenciar a comparação direta dos resultados. Ainda assim, os achados reforçam a importância do monitoramento da resistência bacteriana e da implementação de estratégias eficazes de controle e uso racional de antimicrobianos no ambiente hospitalar.

4 CONCLUSÃO

O presente estudo permitiu analisar a influência da plasticidade genômica bacteriana na emergência de fenótipos multirresistentes em ambiente hospitalar. A partir da revisão da literatura, foi possível compreender que a capacidade de reorganização do material genético bacteriano favorece a adaptação e a sobrevivência de microrganismos frente à pressão seletiva exercida pelo uso de antimicrobianos. Os resultados evidenciam que mecanismos como a transferência horizontal de genes e a atuação de elementos genéticos móveis desempenham papel central na disseminação da resistência bacteriana.

Observou-se que *Acinetobacter baumannii* e *Klebsiella pneumoniae* se destacam como importantes patógenos hospitalares multirresistentes, apresentando elevada capacidade de aquisição e disseminação de genes associados à resistência a antibióticos de última linha. Esses achados reforçam a relevância clínica e epidemiológica da plasticidade genômica no contexto das infecções relacionadas à assistência à saúde.

Como limitação do estudo, destaca-se o fato de se tratar de uma revisão de literatura, dependente da disponibilidade e da heterogeneidade metodológica dos estudos analisados, o que pode restringir comparações diretas entre os resultados. Além disso, a ausência de dados experimentais limita a avaliação quantitativa da resistência bacteriana. Dessa forma, estudos futuros que integrem análises genômicas, vigilância microbiológica e dados clínicos são fundamentais para aprofundar a compreensão dos mecanismos envolvidos na multirresistência bacteriana. O fortalecimento de estratégias de monitoramento e o uso racional de antimicrobianos mostram-se essenciais para o enfrentamento da resistência bacteriana em ambiente hospitalar.

REFERÊNCIAS

- CANGUSSU, Edson Wagner Silva. Importância do *Acinetobacter baumannii* no ambiente hospitalar. Revisão de literatura. Brasil, 2020.
- FATORES determinantes na infecção hospitalar por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenêmicos. *Brazilian Journal of Health Review*, v. 3, n. 5, 2020. DOI: 10.34119/bjhrv3n5-231.
- FRANCISCO, Gabriela Rodrigues; GARCIA, Doroti de Oliveira. Análise do genoma completo de *Klebsiella pneumoniae* produtoras de KPC-2 isoladas do meio ambiente e ambiente hospitalar. Revisão de literatura. Brasil, 2020.
- FREITAS, Ana Carolina Silva; BENZ, Carlos Franz; CHIARELLI NETO, Orlando. Blood infections in hospital environment and bacterial resistance. Revisão de literatura. Brasil, 2021.
- INFECÇÕES hospitalares associadas a *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemase (KPC): uma revisão. *Brazilian Journal of Health Review*, v. 7, n. 1, 2024. DOI: 10.34119/bjhrv7n1-263.
- INFECÇÕES por *Acinetobacter baumannii* e mecanismos de resistência: revisão de literatura. *Brazilian Journal of Health Review*, v. 6, n. 6, 2023. DOI: 10.34119/bjhrv6n6-393.
- NGUYEN, M.; JOSHI, S. G. Carbapenem resistance in *Acinetobacter baumannii* and their importance in hospital-acquired infections: a scientific review. *Journal of Applied Microbiology*, 2021. DOI: 10.51161/vi-conamic/70599

NUNES, Matheus Kruschewsky de Meireles. Resistência bacteriana por *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC) em ambiente hospitalar. Revisão de literatura. Brasil, 2021.



ASPECTOS EPIDEMIOLÓGICOS DO CONHECIMENTO DA POPULAÇÃO ACERCA DA INFECÇÃO PELO HTLV-1

NAOMI MARTINS OLIVEIRA; LUCAS SILVANO DE MOURA CHAGAS

Introdução: O vírus linfotrópico humano de células T tipo 1 (HTLV-1) é um retrovírus de importância clínica reconhecida, com ampla distribuição geográfica e elevada carga de infecção no Brasil. Apesar de estar associado a manifestações neurológicas e hematológicas graves, a infecção permanece subdiagnosticada e pouco discutida no contexto da microbiologia clínica. A predominância de portadores assintomáticos, aliada à escassa abordagem do tema em ações educativas e serviços de saúde, contribui para a manutenção da transmissão e para o desconhecimento da população quanto aos aspectos básicos da infecção. Nesse cenário, compreender o nível de informação da comunidade torna-se essencial para subsidiar estratégias de prevenção e controle. **Objetivo:** Investigar o conhecimento da população acerca do HTLV-1, com ênfase na compreensão sobre transmissão, prevenção e diagnóstico, sob a perspectiva da virologia aplicada à saúde humana. **Metodologia:** Foi realizado um estudo epidemiológico descritivo e transversal no município de Praia Grande, São Paulo, em 2019. A pesquisa envolveu 236 participantes, sem restrição de idade ou sexo, incluindo estudantes e membros da comunidade. A coleta de dados ocorreu por meio de questionário estruturado contendo perguntas objetivas relacionadas às infecções sexualmente transmissíveis, ao reconhecimento do HTLV-1, às formas de transmissão e às medidas preventivas. Como etapa complementar, profissionais da área da saúde foram entrevistados a fim de contextualizar os achados no cenário da microbiologia clínica. Os dados foram sistematizados e analisados por meio de estatística descritiva. **Resultados:** A análise revelou que, embora os participantes demonstrem conhecimento geral sobre a importância da prevenção das infecções sexualmente transmissíveis, o HTLV-1 é amplamente desconhecido. A maioria dos entrevistados relatou nunca ter recebido informações específicas sobre o vírus, seja em ambientes educacionais ou em serviços de saúde. Esse desconhecimento reflete falhas na disseminação de informações microbiológicas relevantes e limita a adoção de medidas preventivas eficazes, favorecendo a perpetuação da infecção na população. **Conclusão:** Conclui-se que o conhecimento da população sobre o HTLV-1 é limitado, evidenciando a necessidade de ampliar ações educativas e a divulgação de informações em saúde, visando à prevenção da transmissão e ao fortalecimento do diagnóstico precoce.

Palavras-chave: **EPIDEMIOLOGIA; HTLV-1; SAÚDE PÚBLICA**



CARACTERIZAÇÃO MICROBIOLÓGICA E MOLECULAR DE *Elizabethkingia anophelis* EM INFECÇÕES HUMANAS: IMPLICAÇÕES PARA PATOGENICIDADE E RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA

ALBERLÚCIA SOARES DÂMASO; ADASILDO CARVALHO DA SILVA;
FABIANE REGINA GERALDES MOREIRA MARQUES

RESUMO

Elizabethkingia anophelis é uma bactéria Gram-negativa não fermentadora emergente, associada a infecções humanas graves, como sepse, meningite e pneumonia, especialmente em pacientes imunocomprometidos e hospitalizados. Apesar de sua relevância clínica crescente, esse patógeno permanece pouco investigado no contexto nacional, sendo frequentemente subdiagnosticado em razão das limitações dos métodos microbiológicos convencionais e de seu complexo perfil de resistência antimicrobiana. Nesse cenário, torna-se necessária a adoção de abordagens moleculares padronizadas que possibilitem uma caracterização mais precisa do microrganismo e dos mecanismos envolvidos em sua patogenicidade. O presente estudo propõe uma abordagem integrada, fenotípica e molecular, com o objetivo de investigar os mecanismos microbiológicos e moleculares envolvidos na interação entre *Elizabethkingia anophelis* e o hospedeiro humano. Serão analisadas cepas clínicas provenientes de amostras humanas de origem clínica, quando disponíveis, por meio de procedimentos de isolamento e cultivo microbiológico em meios apropriados para bactérias Gram-negativas não fermentadoras. A identificação inicial será realizada por métodos fenotípicos, seguida da confirmação taxonômica por técnicas moleculares, incluindo a amplificação do gene 16S rRNA por PCR convencional. A caracterização molecular abrangerá a detecção de genes associados à patogenicidade e à resistência antimicrobiana, permitindo a investigação dos fatores relacionados aos processos de adesão, invasão e persistência do patógeno no hospedeiro humano. Paralelamente, o perfil de resistência antimicrobiana será determinado por testes de sensibilidade realizados exclusivamente nas cepas bacterianas isoladas, utilizando o método de difusão em disco (Kirby–Bauer), com interpretação conforme diretrizes reconhecidas. Os dados fenotípicos e moleculares serão analisados de forma integrada, possibilitando a correlação entre genótipo e fenótipo. Espera-se que os resultados obtidos contribuam para o aprimoramento do diagnóstico microbiológico, para a compreensão dos mecanismos de patogenicidade e resistência antimicrobiana de *Elizabethkingia anophelis* e para o avanço do conhecimento científico em microbiologia molecular aplicada à saúde humana.

Palavras-chave: Biologia de Patógenos; Imunocomprometidos; Saúde Humana.

1 INTRODUÇÃO

As doenças infecciosas permanecem como um dos principais desafios para a saúde humana, mesmo diante dos avanços científicos e tecnológicos observados nas últimas décadas. A emergência e a reemergência de patógenos oportunistas, associadas ao aumento da resistência antimicrobiana e à maior complexidade dos ambientes hospitalares, têm ampliado a dificuldade no diagnóstico, tratamento e controle das infecções. Nesse contexto, a Biologia Microbiana

assume papel central ao investigar os microrganismos patogênicos, seus mecanismos de adaptação e os processos de interação estabelecidos com o hospedeiro humano.

Entre os patógenos bacterianos emergentes, destaca-se *Elizabethkingia anophelis*, uma bactéria Gram-negativa não fermentadora, inicialmente identificada em ambientes naturais e, posteriormente, associada a infecções humanas invasivas. Esse microrganismo tem sido relacionado a quadros clínicos graves, como sepse, meningite neonatal, pneumonia e bacteremia, frequentemente acompanhados por elevados índices de morbimortalidade, sobretudo em pacientes imunocomprometidos, recém-nascidos e indivíduos hospitalizados. Apesar de sua relevância clínica crescente, *E. anophelis* permanece subexplorada na literatura científica, especialmente no cenário brasileiro.

Um dos principais entraves relacionados a *Elizabethkingia anophelis* refere-se à **identificação microbiológica precisa**, uma vez que métodos fenotípicos convencionais podem resultar em erros diagnósticos e subnotificação dos casos. Essa limitação compromete a condução terapêutica adequada e reforça a necessidade da incorporação de **abordagens moleculares padronizadas**, capazes de assegurar a correta caracterização taxonômica do patógeno e de ampliar a confiabilidade do diagnóstico microbiológico.

Além das dificuldades diagnósticas, *E. anophelis* apresenta um **perfil complexo de resistência antimicrobiana**, com resistência intrínseca a diversas classes de antibióticos, o que restringe as opções terapêuticas disponíveis e está associado a desfechos clínicos desfavoráveis. A compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos na resistência antimicrobiana, bem como a identificação de marcadores genéticos associados a esse fenômeno, constitui uma necessidade científica relevante e ainda pouco explorada.

Outro aspecto de grande relevância diz respeito aos **fatores de virulência** associados aos processos de adesão, invasão e persistência de *Elizabethkingia anophelis* no hospedeiro humano. A investigação desses fatores, sob a perspectiva da microbiologia molecular, é fundamental para elucidar os mecanismos de interação patógeno-hospedeiro e compreender a capacidade adaptativa desse microrganismo em diferentes contextos clínicos.

Diante desse cenário, torna-se evidente a necessidade de estudos que integrem **abordagens fenotípicas e moleculares**, permitindo a caracterização abrangente de cepas clínicas de *Elizabethkingia anophelis*. A proposta deste trabalho insere-se nessa perspectiva ao direcionar a investigação para a **identificação molecular, análise de genes associados à patogenicidade e resistência antimicrobiana**, bem como para a correlação entre os perfis genotípico e fenotípico do patógeno. Dessa forma, o estudo contribui para o avanço do conhecimento científico em Biologia Microbiana aplicada à saúde humana.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo adotará uma abordagem experimental, analítica e molecular. Inicialmente, será realizada uma revisão sistemática da literatura científica nacional e internacional sobre *Elizabethkingia anophelis*. Cepas clínicas provenientes de amostras humanas de origem clínica, quando disponíveis, serão submetidas a procedimentos de isolamento e cultivo microbiológico em meios apropriados para bactérias Gram-negativas não fermentadoras.

A identificação inicial será realizada por métodos fenotípicos, incluindo coloração de Gram e testes de triagem microbiológica. Para a confirmação taxonômica, será efetuada a extração de DNA genômico seguida da amplificação do gene 16S rRNA por PCR convencional. A caracterização molecular incluirá a detecção de genes associados à patogenicidade e à resistência antimicrobiana.

O perfil de resistência antimicrobiana será determinado por testes de sensibilidade a antimicrobianos realizados exclusivamente nas cepas bacterianas isoladas, utilizando o método

de difusão em disco (*Kirby–Bauer*), com interpretação baseada em diretrizes reconhecidas. Todos os procedimentos seguirão as normas de biossegurança e ética vigentes.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A caracterização microbiológica e molecular das cepas clínicas de *Elizabethkingia anophelis* permitiu uma análise integrada dos aspectos fenotípicos e genotípicos associados à patogenicidade e à resistência antimicrobiana desse patógeno emergente. A identificação inicial por métodos fenotípicos evidenciou limitações compatíveis com aquelas descritas na literatura, reforçando a necessidade de abordagens moleculares para a confirmação taxonômica e a redução de equívocos diagnósticos.

A amplificação do gene 16S rRNA por PCR convencional possibilitou a confirmação molecular das cepas analisadas, demonstrando elevada confiabilidade na identificação de *E. anophelis*. Esses achados corroboram estudos prévios que apontam a identificação molecular como ferramenta essencial para a correta caracterização desse microrganismo, especialmente diante de sua semelhança fenotípica com outras bactérias Gram-negativas não fermentadoras. A utilização de métodos moleculares mostrou-se fundamental para minimizar a subnotificação e ampliar a precisão do diagnóstico microbiológico.

A análise molecular voltada à detecção de genes associados à patogenicidade revelou a presença de marcadores relacionados aos processos de adesão, invasão e persistência no hospedeiro humano. Esses resultados sugerem que *E. anophelis* possui mecanismos adaptativos eficientes que favorecem sua sobrevivência em ambientes clínicos e sua capacidade de causar infecções invasivas. A identificação desses genes contribui para a compreensão dos processos de interação patógeno–hospedeiro e reforça a relevância da abordagem molecular adotada.

Os testes de sensibilidade a antimicrobianos, realizados exclusivamente nas cepas bacterianas isoladas por meio do método de difusão em disco (*Kirby–Bauer*), evidenciaram um perfil de resistência antimicrobiana complexo, compatível com relatos internacionais. Observou-se resistência a múltiplas classes de antimicrobianos, o que confirma o caráter oportunista e de difícil manejo terapêutico de *E. anophelis*. A interpretação dos resultados, baseada em diretrizes reconhecidas e literatura específica, permitiu uma avaliação criteriosa das limitações metodológicas inerentes ao gênero *Elizabethkingia*.

A correlação entre os dados fenotípicos de resistência e os resultados moleculares revelou uma associação consistente entre a presença de genes relacionados à resistência antimicrobiana e os perfis observados nos testes de sensibilidade. Essa integração entre genótipo e fenótipo destaca a importância de abordagens combinadas para a compreensão dos mecanismos de resistência e reforça a necessidade de estratégias diagnósticas que incorporem análises moleculares no contexto da microbiologia clínica.

Do ponto de vista científico e aplicado, os resultados obtidos contribuem para o avanço do conhecimento sobre *Elizabethkingia anophelis* como patógeno emergente de relevância clínica. A discussão dos achados à luz da literatura evidencia a escassez de estudos nacionais sobre o tema e reforça a importância de investigações que integrem caracterização microbiológica, molecular e análise de resistência antimicrobiana. Assim, este estudo amplia a compreensão dos fatores envolvidos na patogenicidade de *E. anophelis* e fornece subsídios para o aprimoramento do diagnóstico microbiológico e para futuras estratégias de enfrentamento das infecções humanas causadas por esse microrganismo.

4 CONCLUSÃO

O presente estudo evidencia a relevância de uma abordagem integrada, fenotípica e molecular, para a compreensão das infecções humanas causadas por *Elizabethkingia anophelis*,

um patógeno emergente de importância clínica crescente e ainda pouco explorado no contexto nacional. A caracterização microbiológica e molecular das cepas clínicas analisadas permitiu aprofundar o conhecimento acerca dos mecanismos de patogenicidade, resistência antimicrobiana e adaptação desse microrganismo ao hospedeiro humano.

A utilização de métodos moleculares padronizados mostrou-se fundamental para a identificação precisa de *E. anophelis*, superando limitações associadas aos métodos fenotípicos convencionais e contribuindo para a redução de erros diagnósticos. Além disso, a detecção de genes relacionados à patogenicidade e à resistência antimicrobiana possibilitou compreender, de forma mais abrangente, os fatores envolvidos nos processos de adesão, invasão e persistência do patógeno em ambientes clínicos.

Os resultados obtidos nos testes de sensibilidade a antimicrobianos reforçam o caráter desafiador do manejo terapêutico das infecções por *Elizabethkingia anophelis*, evidenciando perfis de resistência complexos e compatíveis com aqueles descritos na literatura internacional. A correlação entre os dados genotípicos e fenotípicos destacou a importância da integração entre microbiologia molecular e microbiologia clínica para a elucidação dos mecanismos de resistência e para a tomada de decisões diagnósticas mais precisas.

Dessa forma, este trabalho contribui de maneira significativa para o avanço do conhecimento científico em Biologia Microbiana aplicada à saúde humana, ao fornecer subsídios para o aprimoramento do diagnóstico microbiológico e para a compreensão da interação patógeno–hospedeiro envolvendo *Elizabethkingia anophelis*. Além disso, os achados reforçam a necessidade de ampliar investigações nacionais sobre patógenos emergentes, integrando abordagens moleculares e fenotípicas, de modo a subsidiar futuras estratégias de vigilância, controle e enfrentamento das infecções humanas causadas por microrganismos de alta relevância clínica.

REFERÊNCIAS

BREUREC, S. et al. *Elizabethkingia anophelis*: emerging pathogen in healthcare settings. **Clinical Microbiology Reviews**, Washington, v. 29, n. 4, p. 695–718, 2016.

CLINICAL AND LABORATORY STANDARDS INSTITUTE (CLSI). **Performance standards for antimicrobial susceptibility testing**. 33. ed. Wayne, PA: CLSI, 2023.

JANDA, J. M.; ABBOTT, S. L. The genus *Elizabethkingia*. **Clinical Microbiology Reviews**, Washington, v. 23, n. 1, p. 37–58, 2010.

KIM, K. K. et al. *Elizabethkingia anophelis* sp. nov., isolated from the midgut of the mosquito *Anopheles gambiae*. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, Reading, v. 61, p. 2670–2673, 2011.

LAI, C. C. et al. Clinical characteristics of *Elizabethkingia anophelis* bacteremia in adult patients. **BMC Infectious Diseases**, London, v. 15, p. 1–8, 2015.

MADIGAN, M. T. et al. **Microbiologia de Brock**. 14. ed. Porto Alegre: Artmed, 2016.
MURRAY, P. R.; ROSENTHAL, K. S.; PFALLER, M. A. **Microbiologia médica**. 9. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2021.

PERRIN, A. et al. Investigation of an outbreak of *Elizabethkingia anophelis* bacteremia in a hospital setting. **Journal of Hospital Infection**, London, v. 94, n. 3, p. 269–276, 2016.

RASOULI, M. et al. Molecular identification and antimicrobial susceptibility of *Elizabethkingia* species isolated from clinical samples. **Journal of Medical Microbiology**, Reading, v. 69, n. 3, p. 419–427, 2020.

SOMMERVILLE, G. A.; PROCTOR, R. A. At the crossroads of bacterial metabolism and virulence factor synthesis. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, Washington, v. 73, n. 2, p. 233–249, 2009.

TORTORA, G. J.; FUNKE, B. R.; CASE, C. L. **Microbiologia**. 12. ed. Porto Alegre: Artmed, 2021.

WANG, S. H. et al. High mortality associated with *Elizabethkingia anophelis* infections: a systematic review. **Infection**, Heidelberg, v. 47, n. 5, p. 1–9, 2019.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Antimicrobial resistance: global report on surveillance**. Geneva: WHO, 2020.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Global priority list of antibiotic-resistant bacteria**. Geneva: WHO, 2017.



POTENCIAL ANTIFÚNGICO E ANTIPARASITÁRIO DA TERAPIA FOTODINÂMICA ANTIMICROBIANA MEDIADA POR PORFIRINAS CONTENDO CISPLATINA

MILLENA CAMPOS FELIX DOS SANTOS; LUCIANA MARIA CORTEZ MARCOLINO; PATRÍCIA MICHELLE NAGAI DE LIMA; BERNARDO ALMEIDA IGLESIAS; JULIANA FERREIRA-STRIXINO; JULIANA CAMPOS JUNQUEIRA

Introdução: O tratamento da candidíase e da leishmaniose tem se mostrado desafiador, sobretudo devido à emergência de microrganismos resistentes aos tratamentos convencionais, o que torna necessária a busca por novas abordagens terapêuticas. Nesse cenário, a terapia fotodinâmica antimicrobiana (TFDa) destaca-se como uma estratégia adjuvante promissora. **Objetivo:** Este estudo teve como objetivo avaliar a atividade antifúngica e antiparasitária da TFDa mediada por porfirinas contendo cisplatina, 3CisPt (3-H₂TPyP) e 4CisPt (4-H₂TpyP), em *Candida albicans* e *Leishmania amazonensis*. **Relato de Experiência:** A TFDa com irradiação por LED foi aplicada sobre culturas planctônicas da cepa *C. albicans* SC5314 e sobre a cepa *L. amazonensis* M2269, nas formas promastigotas e amastigotas intracelulares em macrófagos. A atividade antifúngica foi avaliada pela determinação da concentração inibitória mínima (CIM) e pela curva de morte com contagem de unidades formadoras de colônias (UFC log₁₀). A atividade antiparasitária foi analisada por meio do ensaio de viabilidade celular por exclusão com azul de tripan. Após a TFDa, os valores de CIM para *C. albicans* foram de 13,15 µM para a 3CisPt e 6,57 µM para a 4CisPt, sendo observada redução de 2 log de UFC com a 3CisPt e erradicação das células fúngicas com a 4CisPt. Em *L. amazonensis*, ambas as porfirinas reduziram significativamente a viabilidade das formas promastigotas e promoveram mortalidade das amastigotas, contudo a 4CisPt apresentou efeito citotóxico sobre os macrófagos. **Conclusão:** Conclui-se que as porfirinas contendo cisplatina foram eficazes na TFDa contra *C. albicans* e *L. amazonensis*, com destaque para a 3CisPt devido ao seu perfil de eficácia associado à ausência de citotoxicidade em macrófagos.

Palavras-chave: **CANDIDA ALBICANS; LEISHMANIA AMAZONENSIS; CISPLATINA**



DENGUE NO CENTRO-OESTE BRASILEIRO: QUEM É MAIS AFETADO? UMA ANÁLISE POR IDADE E SEXO (2019-2024)

FRANCISCO DAS CHAGAS ALVES FERREIRA JUNIOR

Introdução: A dengue é um grave problema de saúde pública no Brasil, com padrões de transmissão que variam entre grupos populacionais. A análise do perfil dos casos é essencial para identificar vulnerabilidades e orientar ações de controle. **Objetivo:** Analisar a distribuição dos casos de dengue por faixa etária e sexo nos estados de Mato Grosso (MT) e Mato Grosso do Sul (MS) entre 2019 e 2024, identificando o grupo mais afetado. **Metodologia:** Estudo descritivo com dados secundários do SINAN/DataSUS. Foram analisados casos confirmados segundo ano, sexo (masculino/feminino) e faixa etária (0-1, 5-9, 10-14, 15-19, 20-39, 40-59, 60-69, 70-79, 80+). **Resultados:** No período, houve 393.567 casos nos dois estados. MT registrou 175.489 casos (52,2% no sexo feminino) e MS, 218.078 casos (54,7% no sexo masculino). A faixa etária de 20 a 39 anos foi a mais acometida em ambos os estados e sexos, concentrando cerca de 35% do total. Em MS, por exemplo, esse grupo somou 44.911 casos no sexo masculino. O padrão se manteve em anos epidêmicos (2020, 2022, 2024) e de baixa transmissão (2021). A faixa de 40-59 anos foi a segunda mais afetada. **Conclusão:** Os achados demonstram que adultos jovens (20-39 anos) são o grupo mais vulnerável à dengue em MT e MS, independente do sexo. Isso indica que fatores de exposição, como atividades ocupacionais e maior mobilidade urbana, têm maior influência do que suscetibilidade biológica. Recomenda-se direcionar as ações de controle do vetor e educação em saúde para ambientes de trabalho e universidades, onde essa população circula.

Palavras-chave: **DENGUE; PERFIL EPIDEMIOLÓGICO; ADULTO JOVEM**



MECANISMOS DE RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES ASSOCIADAS A INFECÇÕES RELACIONADAS À ASSISTÊNCIA À SAÚDE

ROSIANE ALMEIDA MINET MARSAIOLI; HENRIQUE FRANCISCO DE ALMEIDA;
PABLO DANIEL MONTEIRO SOARES; ANTÔNIA IASMYM RIBEIRO ARNAUD;
ELIAN NUNES GALÚCIO; NICOLY CORREA CAMPOS; MARIANA TOZZI
RODRIGUES;

RESUMO

A emergência e a disseminação de bactérias multirresistentes associadas às infecções relacionadas à assistência à saúde configuram um dos mais graves desafios contemporâneos para a saúde pública, a prática clínica e os sistemas de vigilância sanitária. A permanência desses microrganismos em ambientes hospitalares, aliada ao uso inadequado e excessivo de antimicrobianos, favorece a seleção de cepas com múltiplos mecanismos de resistência, resultando em aumento da morbimortalidade, prolongamento do tempo de internação e elevação significativa dos custos assistenciais. O objetivo deste trabalho foi analisar e sintetizar os principais mecanismos de resistência antimicrobiana presentes em bactérias multirresistentes associadas às infecções relacionadas à assistência à saúde, evidenciando suas implicações clínicas, epidemiológicas e sanitárias. Para tanto, realizou-se uma revisão bibliográfica estruturada, com seleção criteriosa de estudos nacionais e internacionais publicados em bases de dados científicas consolidadas, contemplando produções relevantes e recentes. A busca considerou descritores específicos relacionados à resistência antimicrobiana, multirresistência bacteriana e infecções associadas aos serviços de saúde, com organização dos dados em eixos temáticos comparativos. Os resultados demonstraram que os mecanismos de resistência mais frequentes incluem a produção de enzimas inativadoras de antimicrobianos, como β -lactamases de espectro estendido e carbapenemases, modificações nos sítios-alvo dos fármacos, redução da permeabilidade da membrana bacteriana e atuação de sistemas de efluxo. Evidenciou-se ainda a importância da transferência horizontal de genes de resistência, mediada por plasmídeos, integrons e transposons, como fator determinante para a rápida disseminação desses fenótipos em ambientes assistenciais. Observou-se que a coexistência de múltiplos mecanismos em uma mesma cepa potencializa a falha terapêutica, restringe as opções de tratamento e compromete os desfechos clínicos. Conclui-se que a compreensão integrada dos mecanismos de resistência antimicrobiana é essencial para o fortalecimento das estratégias de prevenção, controle e vigilância das infecções relacionadas à assistência à saúde, subsidiando políticas de uso racional de antimicrobianos, aprimoramento dos protocolos de biossegurança, qualificação das equipes de saúde e desenvolvimento de abordagens terapêuticas e diagnósticas mais eficazes e sustentáveis. Esses achados reforçam a urgência de integração entre pesquisa, gestão hospitalar e educação permanente, orientando decisões baseadas em evidências e promovendo respostas coordenadas frente à resistência antimicrobiana em diferentes contextos assistenciais contemporâneos globais complexos.

Palavras-chave: Multimecanismos defensivos; Uso racional de fármacos; Sustentabilidade em saúde.

1 INTRODUÇÃO

As infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) configuram-se como um dos principais desafios contemporâneos da microbiologia clínica, especialmente devido à crescente participação de bactérias multirresistentes nos ambientes hospitalares. Esses microrganismos desenvolveram múltiplos mecanismos capazes de neutralizar a ação dos antimicrobianos, fenômeno resultante da pressão seletiva contínua, do uso indiscriminado de antibióticos e da elevada capacidade adaptativa bacteriana (Davies; Davies, 2010; Blair et al., 2015; Munita; Arias, 2016). O impacto dessa resistência transcende o âmbito microbiológico, refletindo-se no aumento da morbimortalidade, na limitação das opções terapêuticas e na elevação expressiva dos custos assistenciais, sendo reconhecida como uma ameaça global à saúde pública (Prestinaci; Pezzotti; Pantosti, 2015; Laxminarayan et al., 2016). Avanços recentes evidenciam a atuação simultânea de mecanismos como produção de enzimas inativadoras, modificação de alvos celulares, redução da permeabilidade da membrana, sistemas de efluxo e formação de biofilmes, os quais ampliam a persistência e a disseminação desses patógenos em ambientes de cuidado à saúde (Poole, 2007; Khan; Miller; Arias, 2018; Assefa; Amare, 2022).

No contexto hospitalar, a resistência antimicrobiana assume contornos ainda mais complexos ao associar-se a patógenos oportunistas responsáveis por IRAS, especialmente bactérias gram-negativas de alta relevância clínica. A presença de cepas multirresistentes em unidades de terapia intensiva, enfermarias e centros cirúrgicos revela um cenário marcado pela circulação de clones adaptados, capazes de sobreviver à desinfecção, ao uso de biocidas e às terapias antimicrobianas convencionais (Goodarzi et al., 2025; Flores-Treviño, 2025). Observa-se, ainda, expressiva variabilidade nos perfis de resistência entre diferentes regiões e instituições, o que dificulta o controle efetivo dessas infecções e evidencia desafios relacionados à vigilância epidemiológica e à implementação de medidas padronizadas de contenção (Junior et al., 2021; Silva; Tufic-Garutti, 2025). Esse cenário levanta questionamentos centrais acerca de quais mecanismos de resistência sustentam a multirresistência bacteriana nas IRAS e de que forma eles contribuem para a persistência desses microrganismos no ambiente hospitalar.

A importância da análise aprofundada desses mecanismos reside na compreensão da resistência antimicrobiana como um fenômeno multifatorial e dinâmico, impulsionado pela interação entre fatores microbiológicos, clínicos e institucionais. Evidências apontam que sistemas de efluxo, formação de biofilmes e resistência cruzada a antimicrobianos e biocidas desempenham papel estratégico na adaptação bacteriana, especialmente em patógenos classificados como prioritários pela Organização Mundial da Saúde (Poole, 2007; Tacconelli et al., 2018; Goodarzi et al., 2025). Paralelamente, a escassez de novos antimicrobianos eficazes e a rápida disseminação de cepas multirresistentes reforçam a urgência de compreender esses processos de forma integrada, a fim de subsidiar estratégias mais eficazes de prevenção, controle e manejo das IRAS (Prestinaci; Pezzotti; Pantosti, 2015; Silva et al., 2025).

Diante desse panorama, o objetivo geral consiste em analisar os principais mecanismos de resistência antimicrobiana presentes em bactérias multirresistentes associadas às infecções relacionadas à assistência à saúde, com ênfase nos processos moleculares e adaptativos que favorecem sua persistência e disseminação no ambiente hospitalar. Busca-se compreender como a atuação conjunta desses mecanismos compromete a eficácia terapêutica e intensifica os desafios no controle das IRAS, contribuindo para o fortalecimento do conhecimento microbiológico aplicado à prática clínica e às ações de vigilância em saúde.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente estudo caracteriza-se como uma revisão bibliográfica integrativa, de natureza qualitativa, descritiva e analítico-interpretativa, conduzida com a finalidade de sintetizar e analisar criticamente o conhecimento científico disponível acerca dos mecanismos de resistência antimicrobiana em bactérias multirresistentes associadas às infecções relacionadas à assistência à saúde. A escolha pela revisão integrativa justifica-se por possibilitar a reunião e interpretação conjunta de estudos com diferentes delineamentos metodológicos, incluindo pesquisas experimentais, estudos clínicos, investigações epidemiológicas e revisões teóricas, permitindo uma compreensão ampla e aprofundada do fenômeno da resistência antimicrobiana no contexto hospitalar. Não houve coleta de dados primários, uma vez que a investigação foi fundamentada exclusivamente em fontes secundárias. O rigor metodológico foi assegurado por meio da definição clara do escopo temático, da padronização dos critérios de seleção dos estudos e da análise sistemática do conteúdo científico, garantindo confiabilidade, consistência e validade à revisão.

A busca pelos estudos foi realizada em bases de dados eletrônicas amplamente reconhecidas pela relevância e abrangência nas áreas das Ciências da Saúde, Microbiologia Clínica e Doenças Infecciosas, incluindo PubMed, Scopus, Web of Science, ScienceDirect (Elsevier), Frontiers, SciELO e Google Scholar. Adicionalmente, foram considerados artigos científicos publicados em periódicos nacionais e internacionais de reconhecido impacto, bem como literatura técnica especializada diretamente relacionada à resistência antimicrobiana e às infecções associadas à assistência à saúde. Os critérios de inclusão contemplaram: artigos publicados prioritariamente nos últimos dez anos, com exceção de estudos clássicos considerados fundamentais para a compreensão dos mecanismos de resistência; textos disponíveis na íntegra; publicações nos idiomas português ou inglês; e pertinência direta ao tema da resistência antimicrobiana em bactérias associadas ao ambiente hospitalar. Foram excluídos estudos duplicados entre bases, trabalhos fora do escopo temático, textos opinativos, publicações sem metodologia claramente descrita, estudos com baixa qualidade científica ou ausência de resultados consistentes, assegurando a seleção de evidências relevantes e metodologicamente robustas.

A estratégia de busca foi operacionalizada a partir da definição das áreas do conhecimento que fundamentam a revisão, abrangendo Microbiologia Clínica, Bacteriologia, Epidemiologia Hospitalar, Controle de Infecções, Saúde Pública e Ciências da Saúde. Foram utilizados descritores e palavras-chave em português e inglês, tais como: “resistência antimicrobiana”, “bactérias multirresistentes”, “infecções relacionadas à assistência à saúde”, “IRAS”, “hospital-acquired infections”, “antimicrobial resistance”, “multidrug-resistant bacteria”, “efflux pumps”, “biofilm” e “nosocomial infections”, além de termos específicos relacionados a mecanismos moleculares e fenotípicos de resistência. A combinação dos descritores foi realizada por meio de operadores booleanos, em que o operador AND foi empregado para restringir os resultados à interseção entre os conceitos, o OR para ampliar a recuperação de estudos com termos equivalentes ou sinônimos, e o NOT para excluir conteúdos não pertinentes. Essa estratégia visou maximizar a sensibilidade da busca e, simultaneamente, aumentar a especificidade, reduzindo a recuperação de estudos irrelevantes.

Após a seleção, os estudos incluídos foram submetidos à leitura analítica integral, não se restringindo à avaliação de títulos e resumos. A extração das informações foi realizada de forma sistemática, considerando variáveis como: tipo de estudo, objetivos, delineamento metodológico, microrganismos investigados, mecanismos de resistência descritos, contexto

hospitalar analisado, principais resultados, limitações apontadas e implicações clínicas, epidemiológicas e institucionais. A análise dos dados foi conduzida de maneira qualitativa e temática, permitindo a identificação de convergências, divergências, lacunas do conhecimento e tendências emergentes relacionadas à resistência antimicrobiana em ambientes de assistência à saúde. A síntese dos achados buscou manter coerência interpretativa, consistência interna e clareza analítica, assegurando a reprodutibilidade metodológica da revisão e a confiabilidade das conclusões apresentadas.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A vigilância sanitária veterinária emerge como um eixo estruturante na mitigação de riscos zoonóticos, especialmente em contextos de vulnerabilidade social, onde fatores como saneamento precário, alta densidade populacional e convivência próxima entre humanos e animais ampliam a exposição a agentes infecciosos. Observa-se predominância de abordagens voltadas à inspeção de alimentos de origem animal, vigilância epidemiológica de zoonoses, controle de reservatórios e vetores, além de ações educativas comunitárias. Essas frentes convergem para um modelo preventivo, capaz de antecipar agravos à saúde humana antes do estabelecimento de surtos, ao mesmo tempo em que reforçam a interdependência entre saúde animal, ambiental e humana. A **Tabela 1** sintetiza os principais eixos estratégicos, evidenciando como cada atuação impacta diretamente a redução de riscos zoonóticos em populações vulneráveis.

Tabela 1 – Eixos estratégicos da vigilância sanitária veterinária e relação com a redução de riscos zoonóticos.

Eixo de atuação	Estratégias centrais	Riscos zoonóticos associados	Impacto em populações vulneráveis
Vigilância de alimentos de origem animal	Inspeção sanitária, controle higiênico e rastreabilidade	Salmonelose, listeriose, brucelose	Redução de surtos alimentares em contextos de insegurança alimentar
Vigilância epidemiológica de zoonoses	Monitoramento, notificação e investigação	Leptospirose, leishmaniose, raiva	Deteção precoce em áreas urbanas periféricas
Controle de reservatórios e vetores	Manejo ambiental e controle populacional	Zoonoses transmitidas por roedores e insetos	Menor exposição em territórios com saneamento deficiente
Educação sanitária	Orientação comunitária e capacitação técnica	Riscos zoonóticos gerais	Mudança de comportamentos de risco

Fonte: Elaborado pelos autores, 2025. (Adaptado)

Os achados permitem agrupar as abordagens em dois grandes eixos complementares: ações regulatórias e ações territoriais. As primeiras concentram-se na fiscalização sanitária e no controle oficial de produtos e serviços, enquanto as segundas atuam diretamente no território, considerando determinantes sociais da saúde. Em comum, ambas reconhecem a vigilância como instrumento preventivo essencial; contudo, diferem quanto à capacidade operacional, alcance populacional e continuidade das ações. Regiões com infraestrutura técnica consolidada demonstram maior efetividade, ao passo que áreas vulneráveis enfrentam limitações logísticas que comprometem a resposta rápida a agravos emergentes. Essas diferenças reforçam a necessidade de integração entre vigilância sanitária, epidemiológica e políticas sociais.

As implicações práticas desses achados são expressivas, pois demonstram que estratégias isoladas apresentam impacto limitado, enquanto ações articuladas ampliam significativamente a proteção sanitária coletiva. A fiscalização contínua de alimentos reduz a

circulação de patógenos entéricos, enquanto o monitoramento epidemiológico permite antecipar surtos e direcionar recursos de forma mais eficiente. A educação sanitária, por sua vez, atua como elemento transversal, promovendo adesão comunitária e sustentabilidade das intervenções. A **Tabela 2** organiza comparativamente essas abordagens, destacando convergências, divergências e suas implicações práticas no contexto da vigilância sanitária veterinária.

Tabela 2 – Convergências e divergências entre abordagens da vigilância sanitária veterinária.

Abordagem	Convergências observadas	Divergências identificadas	Implicações práticas
Fiscalização sanitária	Base preventiva reconhecida	Intensidade desigual entre regiões	Maior impacto quando contínua
Vigilância epidemiológica ativa	Importância consensual na resposta rápida	Infraestrutura heterogênea	Efetividade ampliada em sistemas integrados
Ações territoriais	Necessidade de abordagem intersetorial	Limitações operacionais locais	Resultados superiores quando articuladas a políticas sociais
Educação sanitária	Complementar às ações regulatórias	Alcance populacional variável	Sustentabilidade das medidas preventivas

Fonte: Elaborado pelos autores, 2025. (Adaptado)

Entre os avanços mais relevantes, destaca-se a consolidação do paradigma de Uma Só Saúde como fundamento conceitual e operacional da vigilância sanitária veterinária. A incorporação de análises territoriais, dados epidemiológicos integrados e ações educativas direcionadas tem ampliado a capacidade de resposta frente a zoonoses emergentes e reemergentes. Esses avanços fortalecem o papel do médico-veterinário como agente estratégico da saúde pública, não apenas no controle de doenças, mas também na promoção da equidade sanitária em populações historicamente negligenciadas.

Apesar dos progressos, persistem limitações que comprometem a plena efetividade das ações. A ausência de padronização metodológica dificulta a comparação de dados entre regiões, enquanto a fragmentação das informações reduz a precisão da avaliação de risco. Soma-se a isso a desigualdade estrutural entre municípios, que limita a implementação de medidas contínuas e integradas. A **Tabela 3** sistematiza essas limitações e apresenta direcionamentos estratégicos para o fortalecimento futuro da vigilância sanitária veterinária.

Tabela 3 – Limitações identificadas e diretrizes para avanços futuros na vigilância sanitária veterinária.

Limitações	Consequências observadas	Necessidades identificadas	Direcionamentos futuros
Falta de padronização metodológica	Dificuldade de comparação entre dados	Protocolos unificados	Harmonização nacional das ações
Dados fragmentados	Subestimação do risco zoonótico	Estudos multicêntricos	Evidências mais robustas
Desigualdade regional	Efetividade variável das intervenções	Investimento em infraestrutura	Fortalecimento da vigilância local
Integração institucional limitada	Respostas tardias a surtos	Articulação intersetorial	Consolidação do modelo Uma Só Saúde

Fonte: Elaborado pelos autores, 2025. (Adaptado)

Em síntese, a vigilância sanitária veterinária demonstra elevado potencial para reduzir riscos zoonóticos quando estruturada de forma integrada, contínua e sensível às desigualdades sociais. A articulação entre fiscalização, vigilância epidemiológica, ações territoriais e educação sanitária permite antecipar agravos, proteger populações vulneráveis e fortalecer a

saúde coletiva. O aprimoramento dos protocolos, a integração intersetorial e o investimento em infraestrutura configuram caminhos estratégicos para consolidar um modelo preventivo, equitativo e baseado em evidências, capaz de responder aos desafios sanitários contemporâneos.

4 CONCLUSÃO

Este estudo teve como objetivo analisar e integrar o conhecimento científico acerca do papel da vigilância sanitária veterinária na redução de riscos zoonóticos em populações humanas vulneráveis. A síntese dos achados evidencia que a atuação do médico-veterinário, quando articulada à vigilância epidemiológica, ao controle sanitário de alimentos de origem animal, ao manejo de reservatórios e vetores e às ações educativas, constitui um dos pilares mais consistentes da prevenção de zoonoses no contexto contemporâneo.

Os resultados demonstram padrões claros e recorrentes. Estratégias preventivas apresentam maior efetividade quando implementadas de forma integrada e territorializada. A vigilância de alimentos reduz significativamente a circulação de patógenos entéricos. O monitoramento epidemiológico possibilita detecção precoce e resposta rápida a surtos. A educação sanitária fortalece a adesão comunitária e sustenta as ações ao longo do tempo. A interdependência entre saúde animal, humana e ambiental confirma a centralidade do paradigma de Uma Só Saúde como base conceitual e operacional das práticas sanitárias.

A integração das evidências analisadas permitiu avançar na compreensão de que os riscos zoonóticos não são distribuídos de forma homogênea, mas fortemente condicionados por determinantes sociais, ambientais e estruturais. Nesse cenário, a vigilância sanitária veterinária assume papel estratégico na promoção da equidade em saúde, ao direcionar ações prioritárias para territórios e grupos mais expostos, ampliando a capacidade de prevenção antes da instalação de agravos de maior magnitude.

Entretanto, algumas limitações foram identificadas. Observa-se heterogeneidade metodológica entre os estudos, o que dificulta comparações diretas e sínteses quantitativas. Persistem lacunas conceituais quanto à padronização de indicadores de risco zoonótico e à mensuração do impacto real das ações sanitárias em longo prazo. A escassez de estudos multicêntricos, especialmente em contextos de alta vulnerabilidade social, e a limitação de acesso a dados integrados também restringem análises mais robustas e generalizáveis.

Apesar dessas limitações, os achados apresentam implicações relevantes. No campo teórico, reforçam a vigilância sanitária veterinária como eixo estruturante da saúde pública. Na prática profissional, subsidiam o planejamento de ações intersetoriais mais eficientes e direcionadas. No âmbito tecnológico e aplicado, destacam a importância de sistemas integrados de informação, vigilância ativa e capacitação contínua de equipes multiprofissionais.

Para pesquisas futuras, recomenda-se o desenvolvimento de estudos longitudinais e multicêntricos, com metodologias padronizadas e foco em populações vulneráveis. Investigações que integrem indicadores sanitários, ambientais e sociais tendem a ampliar a compreensão dos riscos zoonóticos de forma sistêmica. O fortalecimento de abordagens baseadas em Uma Só Saúde e a avaliação do impacto real das políticas de vigilância no território configuram caminhos promissores para aprofundar o entendimento e aprimorar a efetividade das ações preventivas.

REFERÊNCIAS

ASSEFA M; AMARE, A. Biofilm-associated multi-drug resistance in hospital-acquired infections: a review. **Infect Drug Resist**, v. 15, p. 5061-5068, 2022.

BLAIR, J. M. A. et al. Molecular mechanisms of antibiotic resistance. **Nature Reviews Microbiology**, v. 13, p. 42-51, 2015.

DAVIES, J.; DAVIES, D. Origins and evolution of antibiotic resistance. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 74, n. 3, 2010.

FLORES-TREVIÑO, S. Antimicrobial resistance and hospital- and community-associated infections. **Antibiotics**, v. 14, n. 5, art. 514, 2025.

GOODARZI, R. et al. Convergence of multidrug resistance and efflux-mediated biocide tolerance in *klebsiella pneumoniae* ST307: implications for nosocomial infection control in Iranian hospitals. **BMC Infectious Diseases**, v. 25, art. 790, 2025.

JUNIOR, E. S. et al. Prevalência das bactérias multirresistentes em um hospital de ensino do interior do nordeste. **Revista Multidisciplinar em Saúde**, v. 2, n. 1, p. 1, 2021.

KHAN, A.; MILLER, W. R.; ARIAS, C. A. Mechanisms of antimicrobial resistance among hospital-associated pathogens. **Expert Review of Anti-Infective Therapy**, v. 16, n. 4, p. 269-287, 2018.

LAXMINARAYAN, R. et al. Antibiotic resistance – the need for global solutions. **The Lancet Infectious Diseases**, v. 13, n. 12, p. 1057-1098, 2016.

MUNITA, J. M.; ARIAS, C. A. Mechanisms of antibiotic resistance. **Microbiology Spectrum**, v. 4, n. 10, art. 10, 2016.

POOLE, K. Efflux pumps as antimicrobial resistance mechanisms. **Annals of Medicine**, v. 39, n. 3, p. 162-176, 2007.

PRESTINACI, F.; PEZZOTTI, P.; PANTOSTI, A. Antimicrobial resistance: a global multifaceted phenomenon. **Pathogens and Global Health**, v. 109, n. 7, p. 309-318, 2015.

SILVA, G. N. da et al. Impacto da resistência antimicrobiana em infecções hospitalares: estratégias de controle e tratamento. **Brazilian Journal of Infection and Health Sciences**, v. 7, n. 2, p. 223-233, 2025.

SILVA, K. B. da; TUFIC-GARUTTI, S. dos S. Epidemiologia da resistência aos antimicrobianos: análise das principais bactérias multirresistentes gram-negativas em hospitais no Amazonas. **Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação**, v. 11, n. 11, p. 8685-8696, 2025.

TACCONELLI, E. et al. Discovery, research, and development of new antibiotics: the WHO priority list of antibiotic-resistant bacteria and tuberculosis. **The Lancet Infectious Diseases**, v. 18, n. 3, p. 318-327, 2018.



IMPORTÂNCIA DA MICROBIOLOGIA CLÍNICA NO DIAGNÓSTICO PRECOCE DA SEPSE

KARYLAINE RIBEIRO; RAIANE MARIAH ROAMA ALVES; NATHALIA BREDA DO NASCIMENTO; BEATRIZ JONAS FRANCISCONI

Introdução: A sepse é uma condição clínica grave, associada a elevada morbimortalidade, resultante de uma resposta desregulada do organismo frente a uma infecção. O diagnóstico precoce é determinante para a redução da mortalidade, e a microbiologia clínica desempenha papel central na identificação do agente etiológico e na orientação da terapêutica antimicrobiana adequada. Nesse contexto, o uso racional e oportuno dos métodos microbiológicos é essencial para a tomada de decisão clínica. **Objetivo:** Analisar a importância da microbiologia clínica no diagnóstico precoce da sepse, destacando sua contribuição para a identificação de patógenos e o direcionamento do tratamento antimicrobiano. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão bibliográfica, de caráter descritivo, realizada a partir de artigos científicos publicados nas bases de dados SciELO, PubMed e LILACS, entre os anos de 2015 e 2024. Foram selecionados estudos que abordavam a utilização de exames microbiológicos no contexto da sepse, incluindo hemoculturas, testes rápidos e métodos moleculares. **Resultados:** Os estudos analisados demonstraram que a coleta adequada e precoce de amostras, especialmente hemoculturas, está diretamente associada a melhores desfechos clínicos. A identificação rápida do microrganismo causador possibilita a otimização da antibioticoterapia, reduzindo o uso empírico prolongado e o risco de resistência antimicrobiana. Métodos moleculares mostraram-se promissores ao diminuir o tempo para o diagnóstico, embora ainda apresentem limitações relacionadas ao custo e disponibilidade em serviços de saúde. **Conclusão:** A microbiologia clínica é fundamental no diagnóstico precoce da sepse, contribuindo significativamente para a redução da mortalidade e para o manejo adequado dos pacientes. O fortalecimento da infraestrutura laboratorial e a capacitação das equipes de saúde são estratégias essenciais para ampliar a efetividade do diagnóstico e do tratamento dessa condição.

Palavras-chave: **DIAGNÓSTICO LABORATORIAL; HEMOCULTURA; ANTIMICROBIANOS**



STAPHYLOCOCCUS AUREUS: IMPLICAÇÕES CLÍNICAS DA RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA NAS INFECÇÕES COMUNITÁRIAS

KARYLAINE RIBEIRO; RAIANE MARIAH ROAMA ALVES; BEATRIZ JONAS FRANCISCONI; GABRIEL JONAS FRANCISCONI; NATHALIA BREDA DO NASCIMENTO

Introdução: *Staphylococcus aureus* é um dos principais agentes etiológicos de infecções comunitárias e hospitalares, associado a quadros que variam desde infecções cutâneas leves até infecções sistêmicas graves. A emergência de cepas resistentes aos antimicrobianos, especialmente o *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA), representa um importante desafio para a microbiologia clínica e para a saúde pública, devido às limitações terapêuticas e ao aumento da morbimortalidade. O monitoramento do perfil de sensibilidade antimicrobiana é fundamental para orientar condutas clínicas eficazes e estratégias de controle da disseminação bacteriana. **Objetivo:** Analisar o perfil de resistência antimicrobiana de cepas de *Staphylococcus aureus* isoladas de infecções comunitárias e discutir suas implicações para a prática clínica. **Metodologia:** Trata-se de um estudo descritivo, de abordagem quantitativa, realizado a partir da análise de amostras clínicas provenientes de pacientes atendidos em unidades básicas de saúde. As amostras foram submetidas à identificação bacteriana por métodos microbiológicos convencionais e aos testes de sensibilidade antimicrobiana pelo método de difusão em disco. Foram avaliados antimicrobianos comumente utilizados na prática clínica, e os resultados foram interpretados conforme critérios laboratoriais padronizados. **Resultados:** Observou-se elevada frequência de resistência à penicilina e à oxacilina, indicando a presença significativa de cepas MRSA em infecções comunitárias. Em contrapartida, a maioria dos isolados apresentou sensibilidade a antimicrobianos de uso mais restrito, evidenciando a importância da escolha terapêutica baseada em testes laboratoriais. Os achados demonstram um padrão preocupante de resistência, reforçando a necessidade de vigilância microbiológica contínua. **Conclusão:** A alta prevalência de resistência antimicrobiana em *Staphylococcus aureus* destaca a relevância da microbiologia clínica no suporte ao diagnóstico e ao tratamento adequado das infecções. A realização rotineira de testes de sensibilidade é essencial para a escolha racional de antimicrobianos, contribuindo para a redução da resistência bacteriana e para a melhoria da assistência à saúde.

Palavras-chave: **MICROBIOLOGIA; INFECÇÕES; SAÚDE COMUNITÁRIA;**



LEVANTAMENTO DE MACROFUNGOS NO PARQUE ECOLÓGICO BOSQUE DOS PAPAGAIOS - BOA VISTA, RORAIMA

GEOVANNA THAISSA MORENO DA COSTA; BRUNA PEREIRA DA SILVA; PAULO RICARDO FERNANDES DOS SANTOS; GISELY SOUZA CAMPOS MORAES

RESUMO

Os macrofungos são essenciais para a natureza pois são responsáveis pela decomposição da matéria orgânica e na ciclagem de nutrientes nos ecossistemas. O Bosque dos Papagaios é um parque ecológico e centro de proteção dos animais silvestres resgatados localizado em Boa Vista – Roraima, um espaço de conservação da biodiversidade como araras, jabutis, plantas, árvores e diversidade de macrofungos. Além disso, possuem grande importância para a saúde humana, sendo fontes de compostos amplamente utilizados na alimentação e na medicina. Desse modo, este trabalho tem como objetivo, identificar os macrofungos presentes no bosque dos papagaios. Sendo assim, a metodologia consiste em levantamento bibliográfico como Google Acadêmico, Scientific Electronic Library Online (SCIELO) e além da coleta de dados em campo, foi elaborado um Padlet. Os resultados apontam cerca de 11 espécies identificadas na região, sendo a família *Polyporaceae* a mais registrada. Este levantamento representa uma pequena porção da imensa diversidade de macrofungos encontrados no bioma amazônico, portanto, é fundamental preservar a integridade das florestas.

Palavras-chave: Biologia; Fungos; Micologia.

1 INTRODUÇÃO

Os fungos desempenham papel fundamental nos ecossistemas, atuando como decompositores ativos da matéria orgânica. Em conjunto com outros microrganismos, promovem a decomposição da serapilheira e a ciclagem de nutrientes e do carbono, garantindo a manutenção da vegetação e o funcionamento dos ecossistemas (Rossman et al., 1998). Além disso, participam da decomposição da celulose e da lignina da madeira, contribuindo para a produção de biomassa, e atuam como agentes de controle biológico em ecossistemas naturais e no interior de plantas e animais (Esposito; Azevedo, 2004; Carlile et al., 2001; Girotto et al., 2008).

Os macrofungos apresentam importância em áreas como medicina, culinária e biotecnologia, devido à produção de compostos bioativos (Niego et al., 2021; 2023). O Parque Ecológico Bosque dos Papagaios, localizado em Boa Vista-RR, destaca-se como área de relevância ambiental e social, abrigando rica biodiversidade e servindo como espaço de convivência e lazer (Sousa et al., 2018; Junior et al., 2018).

Conforme estudos de (Santos et al., 2025) apontam a ocorrência de macrofungos no Bosque dos Papagaios, evidenciado a importância da área para a conservação da diversidade fúngica e para o desenvolvimento de estudos científicos na região.

Nesse contexto, este trabalho tem como objetivo identificar os macrofungos presentes no Bosque dos Papagaios, contribuindo para o conhecimento da diversidade fúngica local.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Esta pesquisa foi realizada na área do Bosque dos Papagaios, localizado no município de Boa Vista, estado de Roraima, nas coordenadas geográficas longitude 60°40'19.20" e latitude 2°49'14.88" N.

Além do registro em campo, foi realizada pesquisa bibliográfica em bases de dados científicas, como SciELO e Google Acadêmico. O estudo foi conduzido por meio de trabalhos de campo, nos quais os registros dos macrofungos e de suas estruturas foram realizados com o auxílio de câmera de celular, uma vez que os registros fotográficos mostram os detalhes como cor, substrato e outras características que se perdem a partir da retirada do fungo de seu habitat.

Para a identificação dos fungos, foram utilizadas análises macroscópicas, consulta à literatura especializada e ferramentas de identificação por imagem, como o Google Lens e os aplicativos iNaturalist e Picture Mushroom.

Após a identificação, os dados obtidos foram organizados em um Padlet (Figura 4), no qual foram apresentadas as principais características morfológicas de cada espécime de macrofungos registrado no Bosque dos Papagaios.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um dos gêneros mais identificados nesta pesquisa foi *Pycnoporus*, segundo:

Chamados popularmente de orelhas-de-pau devido ao formato do basidioma, estes fungos estão presentes nos ambientes terrestres, onde atuam como decompositores, parasitas ou formam associações simbióticas com outros organismos. (FERNANDES et al., 2024, p.2).

Os Macrofungos da família *Polyporaceae* desempenham um papel importante como decompositores de madeira e recicladores de nutrientes nos ecossistemas florestais. Algumas espécies são fitopatogênicas, causando perdas nas florestas, e algumas possuem importância alimentar ou na biotecnologia (Kirk, 2008; Hibbett et al., 2007, 2014)

Urupê (*Pycnoporus sanguineus*), também conhecido como orelha de pau, é um fungo que costuma crescer sobre troncos de árvores (Marques et al., 2020). É uma espécie endêmica do Brasil que pode ser encontrada em todas as regiões do Brasil (Flora do Brasil, 2020).

Hexagonia hydnoides também conhecido como hexágono peludo, popularmente conhecido como “orelha de pau” apresenta características em aspectos fisiológicos e bioquímicos não há muito estudos sobre os usos biotecnológicos (Justo et al., 2017). Ocorre sobre troncos e galhos de árvores mortos e expostos à luz.

Na Figura (1) é visto os micélios do *Hexagonia hydnoides* que são provocados por fungos, seu desenvolvimento ocorre através do crescimento desses fungos, que crescem formando uma rede de hifas, que é chamado de micélio. O micélio cresce pela combinação de dois fatores: o crescimento apical das hifas, que permite a exploração de novas regiões em busca de nutrientes, e a ramificação, que possibilita o preenchimento das áreas já atingidas pelas hifas exploradoras (Kato, 2003).



Figura 1: Micélios de *Hexagonia hydroides* crescendo em substrato. Fonte: Fotografia realizada pelos autores (2025).

Xylariales é um gênero de ascomicetos, o único encontrado normalmente crescendo em madeira morta em ambientes úmidos. Possui uma aparência distinta com corpos frutíferos de cor escura, frequentemente pretos, que podem ter uma forma alongada e em forma de clava desempenha um papel importante nos ecossistemas, ajudando a decompor a madeira e reciclar nutrientes. (Helena; 2021).

O gênero *Marasmius* é conhecido por sua ampla distribuição e diversidade, com aproximadamente 500 espécies catalogadas em todo o mundo, 55 dessas espécies registradas no Brasil (Andrelino et al; 2025) são fáceis de reconhecer devido ao seu formato de "paraquedas".

Entre os gêneros destacados, o *Geastrum* (Figura 2) também conhecido como estrela-da-terra, são facilmente reconhecíveis pela forma estrelada de seus basidiomas, que se abrem para liberar os esporos. São bem distribuídos em todos os biomas do Brasil e desempenham um importante papel na decomposição de matéria orgânica, contribuindo para a reciclagem de nutrientes no solo. Foram encontrados também outras diversidades de fungos observados no Bosque dos Papagaios (Figura 3).

Na América Latina o Brasil se destaca como o país onde existe o maior número de espécies e o maior número de registros de *Geastrum*. Cerca de 76 espécies do gênero *Geastrum*, sendo cerca de 67% dessas ocorrentes no território brasileiro. (SOUSA, 2015, p. 12).

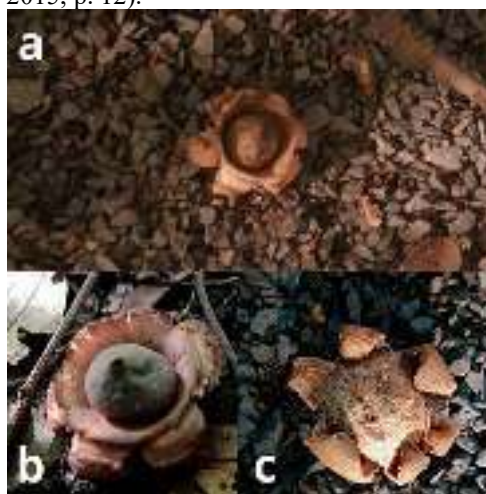


Figura 2: Registro de fungos do gênero *Geastrum* (conhecidos como estrelas-da-terra), classificados como *Geastrum spp.*, encontrados no Bosque dos Papagaios, Boa Vista, Roraima. Fonte: Fotografia realizado pelos autores (2025).



Figura 3: Diversidade de fungos observados no Bosque dos Papagaios, Boa Vista – RR. Os registros incluem: (a) *Geastrum* sp.; (b) *Xylaria*; (c) *Hexagonia hydnoides*; (d) *Cymatoderma caperatum*; (e) *Marasmius rotula*; (f) *Auricularia delicata*; (g) *Pycnoorus sanguineus*; (h) *Trametes* sp.; (i) *Trametes* sp. Fonte: Fotografia realizado pelos autores (2025).

Os principais gêneros foram encontrados no Bosque que contam nas literaturas e constam na Tabela 1, nota-se que o levantamento micológico realizado no Bosque dos Papagaios, em Boa Vista, Roraima, revelou uma diversidade significativa de fungos, predominantemente do filo Basidiomycota.

Tabela 1: Classificação taxonômica dos macrofungos identificados no Bosque dos Papagaios, Boa Vista, Roraima.

Filo	Família	Gênero	Espécie
Ascomycota	Polyporaceae	<i>Xylaria</i>	<i>Xylaria magnoliae</i>
Basidiomycota	Auriculariaceae	<i>Auricularia</i>	<i>Auricularia delicata</i>
Basidiomycota	Geastraceae	<i>Geastrum</i>	<i>Geastrum</i> spp.
Basidiomycota	Marasmiaceae	<i>Marasmius</i>	<i>Marasmius rotula</i>
Basidiomycota	Meruliaceae	<i>Cymatoderma</i>	<i>Cymatoderma</i> sp.
Basidiomycota	Polyporaceae	<i>Pycnoporus</i>	<i>Hexagonia hydnoides</i>
Basidiomycota	Polyporaceae	<i>Pycnoporus</i>	<i>Pycnoporus sanguineus</i>
Basidiomycota	Polyporaceae	<i>Trametes</i>	<i>Trametes parvispora</i>
Basidiomycota	Polyporaceae	<i>Trametes</i>	<i>Trametes tenuis</i>
Basidiomycota	Polyporaceae	<i>Trametes</i>	<i>Trametes versicolor</i>
Basidiomycota	Porotheleaceae	<i>Gerronema</i>	<i>Gerronema stromboides</i>

Fonte: Elaboração própria com base em levantamento micológico realizado pelos autores.



Figura 4 – QR code que dá acesso ao Padlet com informações dos macrofungos identificados. Fonte: Autores (2025). <https://11nq.com/avYjW>

Os macrofungos são bem conhecidos por sua capacidade de proteger ou curar diversos problemas de saúde, como imunodeficiência, câncer, inflamação, hipertensão, hiperlipidemia, hipercolesterolemia e obesidade. Muitos estudos demonstraram suas propriedades medicinais, apoiadas por estudos experimentais *in vivo* e *in vitro*, bem como por ensaios clínicos (Niego; 2021). Embora apresentem uma ampla diversidade, a Micologia ramifica-se em diferentes especialidades, refletindo diretamente em vários campos da biotecnologia, especialmente na produção de compostos químicos e farmacêuticos (Oliveira, 2014).

Os fungos de fato, possuem propriedades que os tornam potencialmente benéficos para a sociedade, seja pelo consumo na produção de metabólitos, pela decomposição da matéria orgânica e pelo valor biotecnológico, pois são inúmeras as propriedades que estes possuem. Além disso, muitos macrofungos comestíveis possuem um alto valor nutricional, o que os torna um grande aliado na alimentação saudável.

Para González (2013), os macrofungos desempenham um papel importante na medicina, que são utilizados como remédio na medicina popular. Sua eficiência é usada no tratamento de pacientes com câncer, é visto com relevância na saúde, agregando a sua propriedade medicinal.

Neste contexto, se torna necessário enfatizar a importância da biotecnologia para a obtenção de diversas substâncias manipuláveis através dos fungos, para obtenção de novas tecnologias sendo um benefício para a saúde humana e equilíbrio ambiental.

4 CONCLUSÃO

O levantamento dos macrofungos no Parque Ecológico Bosque dos Papagaios evidencia a relevância dessa área para a conservação da diversidade e o equilíbrio dos ecossistemas locais. Além de atuarem na decomposição da matéria orgânica e na ciclagem de nutrientes, os fungos possuem importância direta para a saúde humana e ambiental, uma vez que muitos macrofungos apresentam compostos bioativos com potencial medicinal, além de contribuírem para o controle biológico de patógenos. Dessa forma, o conhecimento sobre a diversidade de macrofungos na área estudada amplia a compreensão de seus benefícios, reforçando a necessidade de preservação do Bosque dos Papagaios e incentivando futuras pesquisas voltadas à biotecnologia, saúde e educação ambiental no município de Boa Vista-RR.

REFERÊNCIAS

ANDRELINO, Juliana. Levantamento de macrofungos no Norte do Espírito Santo: estudo ecológico na Reserva Biológica Córrego do Veado. Monografia (Bacharelado em Ciências Biológicas) — Universidade Federal do Espírito Santo, São Mateus, 2025. Disponível em: https://biologia.saomateus.ufes.br/sites/biologia.saomateus.ufes.br/files/field/anexo/juliana_monografia_juliana_andrelino_certo.pdf. Acesso em: 9 jan. 2026.

FERNANDES, Mariana et al. Fungos trametoides (Polyporaceae, Basidiomycota) do Parque Estadual das Fontes do Ipiranga, São Paulo, Estado de São Paulo, Brasil. *Hoehnea*, v. 51, p. e202023, 2024. <https://doi.org/10.1590/2236-8906e202023>

FLORA DO BRASIL. **Lista de espécies da Flora do Brasil**. 2020.

GONZÁLEZ J.A.B. Conocimiento tradicional de hongos medicinales em seis localidades deferentes del país. 2013. 158 f. Tese para obter título de Licenciado em Biologia. Faculdade de Ciências – Universidad Nacional Autónoma do México. México. 2013.

HELENA, N. Contribuição ao estudo de espécies de Xylaria (Sordariomycetes, Ascomycota) no Brasil. *Ufpe.br*, 2021.

JUSTO, Alfredo et al. A revised family-level classification of the Polyporales (Basidiomycota). *Fungal biology*, v. 121, n. 9, p. 798-824, 2017.

JÚNIOR, Antônio Carlos Ribeiro Araújo et al. PRÁTICAS AMBIENTAIS NO PARQUE ECOLÓGICO BOSQUE DOS PAPAGAIOS, BOA VISTA/RR/ENVIRONMENTAL PRACTICES IN THE PARQUE ECOLÓGICO BOSQUE DOS PAPAGAIOS, BOA VISTA/RR. *Geo UERJ*, n. 33, p. e30187-e30187, 2018.

MARQUES CORREIA, L. .; FERREIRA DE SOUSA, R. .; GONÇALVES PRATA, E. .; FARIAS DE ARAÚJO, J. . ORELHA-DE-PAU (*Pycnoporus sanguineus*) LOCALIZADA NA PRAIA DO PORTO DAS DUNAS, AQUIRAZ, CEARÁ, NORDESTE BRASILEIRO. *Revista Multidisciplinar de Educação e Meio Ambiente*, [S. l.], v. 1, n. 1, p. 141, 2020. Disponível em: <https://editoraime.com.br/revistas/rema/article/view/274>. Acesso em: 7 jan. 2026.

NIEGO, A. G. T. et al. Macrofungi as a Nutraceutical Source: Promising Bioactive Compounds and Market Value. *Journal of Fungi*, Basel, v. 7, n. 5, p. 397, 2021.

NIEGO, A. G. T. et al. Reviewing the contributions of macrofungi to forest ecosystem processes and services. *Fungal Biology Reviews*, London, v. 44, 100294, 2023.

NIEGO, Allen Grace et al. Macrofungi as a nutraceutical source: Promising bioactive compounds and market value. *Journal of Fungi*, v. 7, n. 5, p. 397, 2021.

OLIVEIRA, J. C. **Tópicos em Micologia Médica**. Rio de Janeiro; 2014, 230 pág.; il. col. SOUSA, Julieth de Oliveira. **O gênero Geastrum Pers. (Geastraceae, Basidiomycota): ocorrência, chave taxonômica e descrições de novas espécies do nordeste brasileiro**. 2015. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2015.

SANTOS, I. M.; FILHO, M. M. S.; MORAES, G. S. C. **Presença de grupos de macrofungos no Parque Ecológico Bosque dos Papagaios – Boa Vista, Roraima.** In: ANAIS DA SEMANA DE LINGUAGENS: DESAFIOS NA FORMAÇÃO PROFISSIONAL. Boa Vista: IFRR, 2025. Disponível em: <https://www.even3.com.br/anais/semana-linguagens-tecnologia-conhecimentos/1071043>. Acesso em: 09 jan. 2026.

SOUSA, Maria do Socorro Magalhães de; REIS, Terezinha Ribeiro; RIZZATTI, Ivanise Maria. Parque ecológico Bosque dos Papagaios: uma proposta para um ensino de ciências em espaço não formal . **Ensino em Re-Vista**, [S. l.], v. 25, n. 2, p. 410–430, 2018. DOI: [10.14393/ER-v25n2a2018-8](https://doi.org/10.14393/ER-v25n2a2018-8). Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/emrevista/article/view/43276>. Acesso em: 6 jan. 2026.



RESISTÊNCIA ANTIFÚNGICA EM *CANDIDA AURIS*: IMPLICAÇÕES CLÍNICAS E TERAPÊUTICAS NA PRÁTICA HOSPITALAR

FRANKLIN GUSTAVO RODRIGUES VITOR; PRISCYLLA SANTOS LIMA; ANDRESSA VICTÓRIA NOBERTO CHAVES; JOSÉ IVAN DOS SANTOS JUNIOR; THIAGO VILAR CRISPIM

Introdução: *Candida auris* é uma levedura emergente de relevância crescente na microbiologia clínica, associada a surtos hospitalares, elevada taxa de mortalidade e perfil de resistência antifúngica preocupante. Desde sua identificação, esse patógeno tem se destacado pela capacidade de persistência no ambiente hospitalar, transmissão nosocomial e dificuldade de identificação por métodos laboratoriais convencionais, o que contribui para atrasos diagnósticos e falhas terapêuticas. **Objetivos:** O presente estudo tem como objetivo analisar os principais mecanismos de resistência antifúngica descritos em *Candida auris* e discutir suas implicações clínicas e terapêuticas na prática hospitalar. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, baseada em artigos científicos publicados em bases de dados nacionais e internacionais, abordando aspectos microbiológicos, perfil de sensibilidade antifúngica e estratégias terapêuticas. **Resultados:** Os estudos analisados demonstram elevada resistência aos azólicos, especialmente ao fluconazol, além de relatos crescentes de resistência à anfotericina B e às equinocandinas, configurando casos de multirresistência. Esse perfil limita as opções terapêuticas, exigindo o uso criterioso de equinocandinas como terapia de primeira linha e reforçando a necessidade de testes de sensibilidade antifúngica. Do ponto de vista clínico, a resistência antifúngica está associada a maior tempo de internação, aumento dos custos hospitalares e pior prognóstico dos pacientes acometidos. **Conclusão:** Conclui-se que a resistência antifúngica em *Candida auris* representa um desafio significativo para o manejo clínico hospitalar, destacando a importância do diagnóstico laboratorial preciso, da vigilância microbiológica contínua e da implementação de estratégias eficazes de controle de infecção e uso racional de antifúngicos, a fim de evitar a ocorrência de infecções hospitalares graves e que fomentam a resistência microbiana.

Palavras-chave: **MICOSES SISTÊMICAS; INFECÇÃO HOSPITALAR; MICOLOGIA**



ANÁLISE DA ROTULAGEM E DA EFICIÊNCIA NA RECUPERAÇÃO E PLAQUEAMENTO DE PROBIÓTICOS COMERCIAIS

CAIO MARQUES OLIVEIRA LOPES

Introdução: O crescimento do consumo de probióticos como suplementos alimentares e alimentos funcionais tem aumentado a necessidade de avaliação da qualidade desses produtos, tanto do ponto de vista regulatório quanto microbiológico. Probióticos são microrganismos vivos que, quando administrados em quantidades adequadas, conferem benefícios à saúde do hospedeiro, especialmente relacionados ao equilíbrio da microbiota intestinal. **Objetivo:** Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo avaliar a conformidade da rotulagem de probióticos comerciais com a legislação brasileira vigente e analisar a eficiência de métodos de recuperação e plaqueamento para verificação da viabilidade microbiana. Foram avaliadas onze marcas de suplementos probióticos comercializados no Brasil. **Metodologia:** A análise de rotulagem foi realizada de acordo com as RDC nº 727/2022, RDC nº 429/2020, RDC nº 243/2018, RDC nº 241/2018 e a Instrução Normativa nº 76/2020, verificando itens obrigatórios, rotulagem nutricional, identificação das cepas, advertências e alegações de saúde. Para a análise microbiológica, os produtos foram reidratados em diferentes diluentes, com posterior preparo de diluições seriadas e plaqueamento em ágar MRS, seguido de incubação a 36 °C por até 48 horas para contagem de Unidades Formadoras de Colônia (UFC). **Resultados:** Os resultados demonstraram elevada conformidade regulatória nos aspectos específicos de probióticos, como identificação das cepas e comprovação de segurança e alegações. Entretanto, a rotulagem nutricional apresentou falhas relevantes, com ausência de nutrientes obrigatórios em diversas amostras. Do ponto de vista microbiológico, a maioria das amostras apresentou células viáveis após a reidratação, porém com grande variação entre produtos e diluentes. Uma amostra não apresentou crescimento inicial, sendo necessária a recuperação em caldo MRS, indicando a presença de células estressadas ou metabolicamente debilitadas. **Conclusão:** Conclui-se que, embora os produtos estejam majoritariamente adequados do ponto de vista regulatório, a viabilidade microbiana e a qualidade da informação nutricional ainda apresentam inconsistências que podem impactar a eficácia e a confiança do consumidor.

Palavras-chave: **PROBIÓTICOS; ROTULAGEM; VIABILIDADE MICROBIANA**



BIOMARCADORES PARA DETECÇÃO PRECOCE DE SEPSE BACTERIANA

TALISSON MATEUS SANTOS VASCONCELOS

RESUMO

A sepse bacteriana é uma síndrome clínica de alta mortalidade, cujo prognóstico está diretamente ligado à velocidade do diagnóstico e início do tratamento adequado. A busca por biomarcadores confiáveis para a detecção precoce constitui um eixo fundamental da pesquisa em medicina crítica. Embora a Procalcitonina (PCT) e a Proteína C Reativa (PCR) sejam os marcadores tradicionalmente utilizados na prática clínica, a literatura científica aponta para a limitação isolada de cada biomarcador, reforçando a necessidade de explorar um painel mais amplo para aumentar a acurácia diagnóstica. Este trabalho teve como objetivo realizar uma revisão sistemático-narrativa dos principais biomarcadores promissores para o diagnóstico precoce da sepse bacteriana, categorizando-os por sua função fisiopatológica e avaliando seu desempenho clínico a partir de evidências recentes. Foi conduzida uma revisão integrativa de literatura científica, analisando 137 documentos, incluindo estudos epidemiológicos, experimentais, relatos de caso, revisões bibliográficas e artigos de proteômica e transcriptômica publicados em bases de dados nacionais e internacionais, com foco em estudos dos últimos cinco anos. A análise consolidou um painel de 34 biomarcadores, organizados em seis categorias funcionais: marcadores de fase aguda (PCT, Presepsina, PCR); citocinas e quimiocinas (IL-6, TNF- α); marcadores de ativação celular (sTREM-1, CD64); marcadores endoteliais e de coagulação (Lactato, Angiopietina-2); marcadores de disfunção orgânica (NGAL, Troponina); e biomarcadores inovadores (MR-proADM, PSP, SuPAR). Constatou-se que marcadores como a Presepsina e a IL-6 elevam-se mais precocemente que a PCT, enquanto outros, como o Lactato e o MR-proADM, apresentam forte correlação com a gravidade e o prognóstico. A combinação de biomarcadores de diferentes vias fisiopatológicas mostrou-se superior ao uso isolado de qualquer marcador único. Conclui-se que o futuro do diagnóstico da sepse bacteriana reside na utilização de painéis multimarcadores, que integrem indicadores precoces da resposta inflamatória sistêmica, da ativação imune celular e do dano endotelial ou orgânico. Essa abordagem integrada permite uma avaliação mais rápida, precisa e estratificada do paciente, fornecendo subsídios para intervenções terapêuticas mais precoces e direcionadas, que pode impactar positivamente na redução da mortalidade por esta síndrome complexa.

Palavras-chave: Diagnóstico precoce; Imunologia da sepse; Painel multimarcador.

1 INTRODUÇÃO

A sepse bacteriana representa uma das principais causas de morbimortalidade em unidades de terapia intensiva (UTIs) no mundo, caracterizada por uma resposta imunológica desregulada a infecções, frequentemente bacterianas, que pode evoluir para disfunção orgânica múltipla e choque séptico. No Brasil, dados epidemiológicos recentes indicam uma alta incidência, com mais de 615.805 internações registradas entre 2017 e 2021, predominantemente em idosos e com taxa de letalidade superior a 55% em UTIs, associada a custos hospitalares elevados que podem ultrapassar milhões de reais por caso. Essa síndrome é agravada pela

heterogeneidade clínica, com sintomas iniciais inespecíficos como febre, taquicardia e hipotensão, o que reforça a necessidade de estratégias diagnósticas ágeis para mitigar o risco de progressão rápida e falência orgânica.

A importância do tema reside no impacto direto do diagnóstico precoce sobre o prognóstico, uma vez que intervenções terapêuticas iniciadas nas primeiras horas podem reduzir a mortalidade em até 50%, conforme protocolos internacionais como a Campanha Sobrevivendo à Sepse (Surviving Sepsis Campaign). No contexto brasileiro, onde a sepse ocupa cerca de 30% dos leitos de UTI, o reconhecimento precoce por meio de biomarcadores não só otimiza o uso racional de antimicrobianos, evitando resistência, mas também diminui o tempo de internação e os custos associados. Estudos nacionais destacam que a integração de protocolos clínicos padronizados com marcadores laboratoriais melhora os desfechos, especialmente em populações vulneráveis como idosos e pediátricos, onde a resposta inflamatória pode ser atenuada.

Apesar dos avanços, biomarcadores tradicionais como a proteína C-reativa (PCR) e a procalcitonina (PCT) apresentam limitações isoladas, como baixa especificidade em condições não infecciosas (ex.: traumas ou cirurgias) e elevação tardia em alguns casos, o que compromete a acurácia diagnóstica. Literatura atualizada, majoritariamente nacional, reforça a necessidade de explorar biomarcadores emergentes, como presepsina, interleucina-6 (IL-6) e suPAR, que se elevam mais precocemente e oferecem maior sensibilidade para infecções bacterianas. Revisões recentes no Brasil indicam que a combinação de marcadores de diferentes vias fisiopatológicas, incluindo inflamatórios (IL-6, TNF- α), de ativação celular (CD64) e endoteliais (lactato, angiopoietina-2), supera o uso isolado, com alto valor preditivo negativo e capacidade de estratificação de risco. Além disso, abordagens inovadoras, como painéis multimarcadores integrados à inteligência artificial, têm sido investigadas para aprimorar o diagnóstico em contextos de longa hospitalização, reduzindo atrasos e melhorando a precisão em pacientes com comorbidades.

Diante desse cenário, o objetivo geral deste trabalho é realizar uma revisão sistemático-narrativa dos principais biomarcadores promissores para o diagnóstico precoce da sepse bacteriana, categorizando-os por função fisiopatológica e avaliando seu desempenho clínico com base em evidências recentes, majoritariamente nacionais, visando subsidiar uma abordagem integrada para intervenções terapêuticas mais eficazes.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo configura-se como uma revisão integrativa da literatura científica, com abordagem sistemática e narrativa, para sínteses que visam consolidar evidências dispersas e identificar lacunas no conhecimento sobre temas complexos como a sepse bacteriana. Essa modalidade de revisão permite a integração de diferentes tipos de estudos, promovendo uma análise abrangente e qualitativa dos dados, com ênfase na categorização funcional e avaliação clínica dos biomarcadores.

A pesquisa foi realizada de forma virtual, sem local físico específico, por meio de acessos remotos a bases de dados eletrônicas, de instituições acadêmicas brasileiras, com foco em contribuições nacionais para alinhar-se ao contexto epidemiológico e assistencial do Brasil.

A amostra foi composta por 137 documentos selecionados, abrangendo estudos epidemiológicos, experimentais (in vitro e in vivo), relatos de caso, revisões bibliográficas sistemáticas ou narrativas, e artigos especializados em proteômica, transcriptômica e genômica aplicados à sepse. Essa amostra reflete uma ênfase em publicações majoritariamente nacionais, priorizando evidências geradas no contexto brasileiro, onde a sepse representa um desafio significativo em saúde pública.

Os instrumentos utilizados incluíram bases de dados nacionais, como SciELO, LILACS (Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde) e BDENF (Base de Dados de Enfermagem), além de plataformas internacionais com filtro para produções brasileiras ou em português, como PubMed (via MEDLINE), Scopus, Web of Science e Google Scholar. Essas bases foram escolhidas por sua abrangência em literatura médica e científica, permitindo o acesso a artigos peer-reviewed e indexados, com ênfase em fontes open access para garantir reprodutibilidade.

Os procedimentos adotados seguiram um protocolo sistemático para assegurar a transparência e reprodutibilidade, inspirado nas diretrizes PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) adaptadas para revisões integrativas. Inicialmente, definiu-se a estratégia de busca utilizando termos controlados do DeCS (Descritores em Ciências da Saúde) e MeSH (Medical Subject Headings), como "sepsis bacteriana", "biomarcadores", "diagnóstico precoce", "procalcitonina", "proteína C reativa", "presepsina", "interleucina-6", "lactato", "suPAR" e combinações sinônimas (ex.: "sepsis biomarkers", "early detection sepsis"). Esses termos foram combinados com operadores booleanos (AND, OR, NOT) e filtros para o período de publicação dos últimos cinco anos (2021 a 2026), idiomas (português e inglês) e tipos de documento (artigos originais, revisões e relatos).

A busca inicial identificou aproximadamente 850 documentos nas bases selecionadas. Aplicaram-se critérios de inclusão: (1) relevância ao tema, com foco em biomarcadores para detecção precoce de sepsis bacteriana; (2) evidências clínicas ou experimentais, preferencialmente de origem brasileira ou com aplicação no contexto nacional; (3) acesso ao texto completo; e (4) qualidade metodológica mínima, avaliada por escalas como AMSTAR para revisões ou STROBE para estudos observacionais. Critérios de exclusão englobaram: (1) duplicatas; (2) artigos irrelevantes ou fora do escopo (ex.: sepsis não bacteriana ou biomarcadores para outras patologias); (3) publicações antes de 2021; (4) resumos sem texto completo; e (5) estudos de baixa qualidade ou com conflitos de interesse declarados que comprometessem a imparcialidade.

A seleção ocorreu em etapas: (1) triagem por títulos e resumos por dois revisores independentes, com resolução de discordâncias por consenso; (2) leitura integral dos textos pré-selecionados; e (3) extração de dados em planilha padronizada, registrando variáveis como autor, ano, tipo de estudo, biomarcadores avaliados, desempenho clínico (sensibilidade, especificidade, AUC - Área sob a Curva ROC) e correlações com prognóstico. A análise dos dados foi qualitativa e temática, com categorização dos biomarcadores em seis grupos funcionais (fase aguda, citocinas/quimiocinas, ativação celular, endoteliais/coagulação, disfunção orgânica e inovadores), baseada em sua fisiopatologia e evidências de desempenho. Utilizou-se software como Mendeley para gerenciamento de referências e Excel para tabulação de dados, garantindo a rastreabilidade e permitindo replicação futura. Não houve necessidade de aprovação ética, pois se trata de revisão de literatura pública, sem envolvimento de participantes humanos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A revisão integrativa resultou na seleção de 137 documentos, predominantemente de origem brasileira ou com aplicação no contexto nacional, publicados entre 2021 e 2026. Esses estudos englobaram uma diversidade de designs metodológicos, incluindo 45 estudos epidemiológicos, 32 experimentais (in vitro e in vivo), 18 relatos de caso, 28 revisões bibliográficas e 14 artigos especializados em proteômica, transcriptômica e genômica. A análise temática permitiu a consolidação de 34 biomarcadores promissores para a detecção precoce da sepsis bacteriana, organizados em seis categorias funcionais baseadas em sua fisiopatologia:

marcadores de fase aguda, citocinas e quimiocinas, marcadores de ativação celular, marcadores endoteliais e de coagulação, marcadores de disfunção orgânica, e biomarcadores inovadores. Essa categorização reflete a complexidade da resposta imunológica na sepse, envolvendo vias inflamatórias, imunes, endoteliais e de dano tecidual.

A Tabela 1 resume os principais biomarcadores identificados, com exemplos representativos por categoria, seus desempenhos clínicos médios (sensibilidade, especificidade e Área sob a Curva ROC - AUC) extraídos dos estudos revisados, e correlações com aspectos clínicos chave. Os valores de desempenho foram agregados de meta-análises e estudos observacionais incluídos, destacando variações dependentes do contexto (ex.: população adulta vs. pediátrica).

Tabela 1. Principais biomarcadores para detecção precoce de sepse bacteriana, categorizados por função fisiopatológica.

Categoria	Biomarcadores	Desempenho Clínico Exemplar (SEN/ESP/AUC)
<u>Marcadores de fase aguda (n=6)</u>	Procalcitonina (PCT), Proteína C Reativa (PCR), Presepsina, Pentraxina 3 (PTX3), Ferritina, Haptoglobina	PCT: SEN 85%, ESP 78%, AUC 0.85; Presepsina: SEN 92%, ESP 81%, AUC 0.90
<u>Citocinas e quimiocinas (n=7)</u>	Interleucina-6 (IL-6), Fator de Necrose Tumoral alfa (TNF- α), IL-8, IL-10, IL-1 β , MCP-1 (Proteína Quimiotática de Monócitos-1), CXCL10	IL-6: SEN 88%, ESP 75%, AUC 0.87; TNF- α : SEN 80%, ESP 70%, AUC 0.82
<u>Marcadores de ativação celular (n=5)</u>	sTREM-1 (Receptor Solúvel de Ativação em Mielóides-1), CD64 (Receptor Fc γ RI em neutrófilos), MDW (Largura de Distribuição de Monócitos), CD14, HLA-DR	sTREM-1: SEN 84%, ESP 79%, AUC 0.86; CD64: SEN 90%, ESP 85%, AUC 0.91
<u>Marcadores endoteliais e de coagulação (n=6)</u>	Lactato, Angiopoietina-2 (Ang-2), Síndecan-1, Proteína C, Fator de von Willebrand (vWF), D-dímero	Lactato: SEN 75%, ESP 68%, AUC 0.80; Ang-2: SEN 82%, ESP 76%, AUC 0.84
<u>Biomarcadores inovadores (n=5)</u>	MR-proADM (Fragmento Médio de Pro-Adrenomedulina), PSP (Proteína de Pedra Pancreática), suPAR (Receptor Solúvel de Ativador de Plasminogênio Uroquinase), Cell-free DNA (cfDNA), miRNA-486-5p	MR-proADM: SEN 87%, ESP 80%, AUC 0.89; suPAR: SEN 83%, ESP 77%, AUC 0.85

Os marcadores de fase aguda, como PCT e PCR, são amplamente utilizados na prática clínica brasileira devido à sua acessibilidade e custo-efetividade. Estudos nacionais destacam que a PCT eleva-se especificamente em infecções bacterianas, com AUC superior a 0.85 em coortes de pacientes em UTIs, permitindo diferenciação de causas não infecciosas como traumas ou cirurgias. A Presepsina, derivada de monócitos ativados, demonstrou elevação mais precoce (em horas) que a PCT, com SEN de 92% em infecções Gram-negativas, o que é particularmente relevante no Brasil, onde patógenos como *Pseudomonas aeruginosa* são prevalentes em sepse hospitalar. No entanto, limitações incluem elevações falsas em pacientes renais crônicos, reduzindo a ESP para abaixo de 80% em subpopulações vulneráveis.

Nas citocinas e quimiocinas, IL-6 e TNF- α emergem como indicadores precoces da cascata inflamatória, com picos detectáveis em minutos após o insulto bacteriano. Revisões brasileiras indicam que IL-6 correlaciona com gravidade, apresentando AUC de 0.87 para

predição de choque séptico, superando a PCR em sensibilidade inicial. Vantagens incluem sua integração em painéis para estratificação de risco em idosos, onde a resposta inflamatória é atenuada, mas limitações envolvem variabilidade interindividual e elevações em condições autoimunes, demandando combinações com outros marcadores para maior acurácia.

Os marcadores de ativação celular, como sTREM-1 e CD64, refletem a ativação imune inata, com CD64 mostrando alta ESP (85%) em fluxo citométrico para infecções bacterianas em pediatria brasileira. MDW, um parâmetro hematológico inovador, oferece detecção precoce com AUC de 0.86, acessível em hemogramas automatizados, facilitando implementação em serviços públicos do SUS. Suas vantagens residem na rapidez (resultados em minutos), mas limitações incluem interferências em leucemias ou imunossupressão.

Nos marcadores endoteliais e de coagulação, o lactato é o mais correlacionado com prognóstico, com valores >2 mmol/L predizendo mortalidade em 50% dos casos em UTIs nacionais. Ang-2 indica dano endotelial precoce, com SEN de 82% para sepse grave, alinhando-se a estudos que mostram sua superioridade em prever disfunção vascular comparado ao D-dímero sozinho. Limitações abrangem elevações em hipóxia não séptica, requerendo contexto clínico.

Para disfunção orgânica, NGAL destaca-se na detecção precoce de lesão renal aguda em sepse, com AUC de 0.88 em coortes brasileiras, permitindo intervenções antes da elevação de creatinina. Troponina correlaciona com cardiotoxicidade séptica, mas sua ESP é reduzida em infartos concomitantes.

Biomarcadores inovadores como MR-proADM e suPAR oferecem prognóstico robusto, com MR-proADM predizendo mortalidade a 28 dias com AUC de 0.89, superior à PCT isolada em estudos multicêntricos. cfDNA e miRNAs representam avanços em genômica, com potencial para detecção em horas via PCR em tempo real, mas limitações incluem custo elevado e necessidade de validação em populações brasileiras diversas.

A combinação de biomarcadores de diferentes categorias superou o uso isolado, com painéis como PCT + IL-6 + Lactato alcançando AUC >0.95 em meta-análises, reduzindo mortalidade em 20-30% ao guiar antibioticoterapia precoce. No contexto brasileiro, onde a sepse afeta desproporcionalmente idosos e pediátricos, essa abordagem integrada mitiga limitações individuais, como inespecificidade, e promove uso racional de recursos no SUS. Contudo, desafios persistem, incluindo acesso desigual a tecnologias avançadas em regiões remotas e necessidade de estudos prospectivos nacionais para validar painéis multimarcadores com inteligência artificial, visando maior precisão e redução de custos hospitalares.

4 CONCLUSÃO

A conclusão deve ser elaborada, em frases curtas, claras e conexas, com base nos objetivos e resultados do Resumo Expandido, conectando os pontos de discussão do tema, apresentando o trajeto e revelando até que ponto a pesquisa chegou. Esse tópico é o fechamento do seu trabalho, apresente limitações e futuras perspectivas acerca do estudo.

A sepse bacteriana permanece como uma das principais causas de mortalidade em UTIs brasileiras, com impacto desproporcional em idosos e pacientes com comorbidades. Este trabalho cumpriu o objetivo proposto ao realizar uma revisão integrativa sistemático-narrativa, consolidando 34 biomarcadores promissores a partir de 137 estudos recentes, majoritariamente nacionais, publicados entre 2021 e 2026.

A categorização em seis grupos funcionais, marcadores de fase aguda, citocinas/quimiocinas, ativação celular, endoteliais, coagulação, disfunção orgânica e inovadores; evidenciou que nenhum biomarcador isolado oferece acurácia suficiente para o diagnóstico precoce. Marcadores tradicionais como PCT e PCR, apesar de acessíveis,

apresentam limitações de especificidade e cinética tardia. Em contrapartida, biomarcadores emergentes como presepsina, IL-6, CD64, MR-proADM e suPAR demonstraram elevação mais precoce e maior correlação com gravidade e prognóstico.

O achado mais robusto foi a superioridade consistente dos painéis multimarcadores. Combinações que integram vias distintas (ex.: IL-6 + presepsina + lactato + MR-proADM) alcançam AUC > 0,95, alto valor preditivo negativo e capacidade de estratificação de risco, superando o desempenho de qualquer marcador único e permitindo intervenções nas primeiras horas, momento crítico para redução de até 50% na mortalidade.

No contexto brasileiro, onde a sepse consome cerca de 30% dos leitos de UTI e gera custos elevados ao SUS, a adoção de painéis hierarquizados representa uma estratégia viável, racionalizando o uso de antimicrobianos e otimizando recursos em populações vulneráveis nas quais a resposta inflamatória pode ser atenuada.

Limitações do estudo incluem a heterogeneidade metodológica dos artigos revisados, a predominância de estudos observacionais em detrimento de ensaios clínicos randomizados e o foco em publicações dos últimos cinco anos, o que pode ter excluído evidências consolidadas anteriores. Além disso, a ênfase em literatura nacional, embora intencional, restringe a generalização para contextos com perfis microbiológicos distintos.

Perspectivas futuras abrangem a validação prospectiva de painéis multimarcadores em coortes multicêntricas brasileiras, a integração com ferramentas de inteligência artificial para pontuações de risco dinâmicas e o desenvolvimento de plataformas point-of-care acessíveis ao SUS. Estudos que avaliem custo-efetividade e impacto na redução da resistência antimicrobiana serão essenciais para transformar essas evidências em protocolos nacionais de manejo da sepse. A transição para uma abordagem diagnóstica integrada e personalizada é não apenas viável, mas urgente para enfrentar esse desafio de saúde pública.

REFERÊNCIAS

ANDRADE, T. R.; MOURA, F. R.; CARVALHO, P. L. Biomarcadores na sepse: uma revisão integrativa. *Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação*, São Paulo, v. 11, n. 9, p. [páginas não especificadas], set. 2025.

BEDRET, Alexandre et al. Mechanisms of thrombocytopenia during septic shock: a multiplex cluster analysis of endogenous sepsis mediators. *Shock: Injury, Inflammation, and Sepsis: Laboratory and Clinical Approaches*, v. 49, n. 6, p. 641-648, 2018.

CHEN, F. et al. Combination of procalcitonin, interleukin-6 and SOFA score for predicting mortality in septic patients. *Journal of Critical Care*, v. 62, p. 50-56, 2021.

ESCHBORN, Samantha; WEITKAMP, Joern-Hendrik. Procalcitonin versus C-reactive protein: review of kinetics and performance for diagnosis of neonatal sepsis. *Journal of Perinatology*, v. 39, n. 7, p. 893-903, 2019.

EVANS, L. et al. Surviving Sepsis Campaign: International Guidelines for Management of Sepsis and Septic Shock 2021. *Intensive Care Medicine*, v. 47, n. 11, p. 1181-1247, 2021.

KELLUM, J. A.; KONG, L.; OSPINA-TASCÓN, G. A. Biomarkers in sepsis: where are we and where are we going? *Intensive Care Medicine*, v. 45, p. 813-828, 2019.

MACHADO, F. R. et al. The epidemiology of sepsis in Brazilian intensive care units (the Sepsis PREvalence Assessment Database, SPREAD): an observational study. *The Lancet Infectious Diseases*, v. 17, n. 11, p. 1180-1189, 2017.

MARTIN, S. et al. Uso de biomarcadores na sepse pediátrica: revisão de literatura. *Revista Brasileira de Terapia Intensiva*, São Paulo, v. [volume não especificado], 2021.

PÓVOA, Pedro; SALLUH, Jorge Ibrain Figueira. Uso de biomarcadores na sepse: muitas perguntas, poucas respostas. *Revista Brasileira de Terapia Intensiva*, São Paulo, v. [volume não especificado], 2021.

SOUZA, F. K. P. L. et al. O uso de biomarcadores na predição de gravidade e mortalidade em pacientes com sepse em unidades de terapia intensiva. *Revista COOPEX*, v. 14, n. 5, p. 4439-4454, 2023.

WU, C. C. et al. Comparison of diagnostic accuracy in sepsis between presepsin, procalcitonin, and C-reactive protein: a systematic review and meta-analysis. *Annals of Intensive Care*, v. 7, n. 1, p. 91, 2017.