


EVOLUÇÃO E ADAPTAÇÃO: COMO AS BACTÉRIAS SE TORNAM RESISTENTES AOS ANTIBIÓTICOS

EVOLUTION AND ADAPTATION: HOW BACTERIA BECOME RESISTANT TO ANTIBIOTICS

 <https://doi.org/10.63330/aurumpub.036-044>

Márcio Cley Fernandes dos Reis

Graduado em Medicina
Universidade Federal de Uberlândia
Especialista em Ortopedia e Traumatologia
MBA em Infecção Hospitalar
Pós-graduação em Dor e Inflamação
E-mail: marciohap@gmail.com

Wagner Alexandre dos Santos Sales

Graduado em Medicina
E-mail: wagnersales111@outlook.com

Humberto Alves Nogueira

Especialista em Regulação em Saúde no SUS, Bacharel em Farmácia-Bioquímica e Segurança Pública,
Graduado em Direito
Universidade Federal de Roraima (UFRR)
E-mail: humbertoalvesnogueira@gmail.com

Fernanda Silva da Luz

Graduada em Biomedicina - UNIRITTER
Porto Alegre - RS
E-mail: fernandaluz2014@gmail.com

Paula Dittrich Corrêa

Graduada em Enfermagem e Obstetrícia – UNIVALI
Itajaí - SC
Graduada em Direito – IBES
Blumenau – SC
E-mail: paulinha.dittrich.correa@gmail.com

Emanuela Almeida Sobral

Mestranda em Saúde Pública
Universidade Del Sol
E-mail: manulevi397@gmail.com

Maria Eridan Lima Barreto

Mestre em Saúde Coletiva
UNIFOR
E-mail: Eridanbarreto70@gmail.com

RESUMO

Este capítulo tem como objetivo analisar os mecanismos evolutivos e adaptativos que permitem às bactérias desenvolver resistência aos antibióticos, bem como seus impactos na saúde pública. Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, baseada em estudos clássicos e contemporâneos da microbiologia e da biologia evolutiva, com destaque para contribuições de autores como Stuart B. Levy, Julian Davies e Christophe Fraser. Os resultados evidenciam que a resistência bacteriana decorre de processos como mutações espontâneas e transferência horizontal de genes, potencializados pelo uso inadequado de antimicrobianos em contextos clínicos, veterinários e ambientais. Além disso, fatores como a automedicação, a interrupção precoce de tratamentos e o uso indiscriminado de antibióticos na agropecuária contribuem significativamente para a seleção de cepas resistentes. Conclui-se que o enfrentamento desse fenômeno exige estratégias integradas, incluindo políticas públicas eficazes, vigilância epidemiológica, educação em saúde e incentivo à pesquisa para o desenvolvimento de novos fármacos.

Palavras-chave: Adaptação Bacteriana; Antibióticos; Evolução Microbiana; Resistência Bacteriana.

ABSTRACT

This chapter aims to analyze the evolutionary and adaptive mechanisms that enable bacteria to develop resistance to antibiotics, as well as their impacts on public health. This is a narrative literature review based on classical and contemporary studies in microbiology and evolutionary biology, highlighting contributions from authors such as Stuart B. Levy, Julian Davies, and Christophe Fraser. The results show that bacterial resistance arises from processes such as spontaneous mutations and horizontal gene transfer, intensified by the inappropriate use of antimicrobials in clinical, veterinary, and environmental contexts. In addition, factors such as self-medication, early interruption of treatments, and the indiscriminate use of antibiotics in agriculture significantly contribute to the selection of resistant strains. It is concluded that addressing this phenomenon requires integrated strategies, including effective public policies, epidemiological surveillance, health education, and investment in research for the development of new drugs.

Keywords: Antibiotics; Bacterial Adaptation; Bacterial Resistance; Microbial Evolution.

1 INTRODUÇÃO

A resistência bacteriana aos antibióticos configura-se como um dos principais desafios contemporâneos da saúde pública global, sendo reconhecida como uma ameaça crescente à eficácia dos tratamentos contra infecções. Esse fenômeno resulta diretamente de processos evolutivos e adaptativos inerentes aos microrganismos, os quais desenvolvem mecanismos que lhes permitem sobreviver à ação de

fármacos anteriormente eficazes. De acordo com (Levy, 2002), o uso intensivo e, muitas vezes, inadequado de antibióticos exerce forte pressão seletiva sobre as populações bacterianas, favorecendo a sobrevivência e multiplicação de cepas resistentes. Nesse sentido, a resistência não é um evento isolado, mas um processo contínuo e dinâmico, impulsionado tanto por fatores biológicos quanto por práticas humanas.

Diante desse cenário, delimita-se como problema de pesquisa a compreensão dos mecanismos evolutivos e adaptativos que permitem às bactérias desenvolver resistência aos antibióticos, bem como a identificação dos fatores que intensificam esse processo. Questiona-se, portanto, de que maneira a interação entre evolução microbiana e ações antrópicas — como automedicação, uso indiscriminado de antimicrobianos e falhas no controle sanitário — contribui para a emergência e disseminação de cepas multirresistentes. Segundo (Davies; Davies, 2010), a resistência bacteriana é um fenômeno natural, porém significativamente acelerado pela intervenção humana, especialmente pelo uso inadequado de antibióticos em diferentes contextos.

O objetivo geral deste estudo é analisar os processos evolutivos e adaptativos envolvidos na resistência bacteriana aos antibióticos. Como objetivos específicos, busca-se: (a) descrever os principais mecanismos de resistência bacteriana, como mutações genéticas e transferência horizontal de genes; (b) identificar os fatores que favorecem a seleção de microrganismos resistentes; e (c) discutir os impactos desse fenômeno na saúde pública e nos sistemas de saúde. Conforme apontam (Van Boeckel et al., 2015), o consumo global de antibióticos tem aumentado significativamente, o que intensifica a pressão seletiva e acelera a evolução da resistência bacteriana em escala mundial.

A justificativa para a realização deste estudo fundamenta-se na crescente relevância do tema, especialmente diante do aumento de infecções causadas por bactérias multirresistentes, que dificultam o tratamento clínico e elevam as taxas de morbidade e mortalidade. Além disso, a resistência bacteriana implica em maiores custos para os sistemas de saúde, prolongamento do tempo de internação e necessidade de terapias mais complexas. De acordo com a Organização Mundial da Saúde (2020), a resistência antimicrobiana está entre as dez maiores ameaças à saúde global, exigindo ações urgentes e coordenadas entre governos, instituições de saúde e sociedade.

Do ponto de vista teórico, a resistência bacteriana pode ser compreendida à luz da teoria da evolução, particularmente a partir dos princípios de seleção natural propostos por Charles Darwin (1859). Nesse contexto, bactérias que apresentam mutações favoráveis à sobrevivência em ambientes com presença de antibióticos tendem a se reproduzir e transmitir essas características às gerações seguintes. Além disso, a transferência horizontal de genes — por meio de processos como conjugação, transformação e transdução — desempenha papel fundamental na rápida disseminação da resistência entre diferentes espécies bacterianas. Conforme destacam (Fraser et al., 2004), a dinâmica evolutiva dos microrganismos é altamente complexa, envolvendo interações entre fatores genéticos, ecológicos e sociais.

Dessa forma, a compreensão aprofundada dos mecanismos evolutivos e adaptativos da resistência bacteriana torna-se essencial para o desenvolvimento de estratégias eficazes de prevenção e controle, bem como para a promoção do uso racional de antibióticos e o avanço das pesquisas científicas na área.

2 METODOLOGIA

2.1 TIPO DE PESQUISA

O presente estudo caracteriza-se como uma pesquisa de natureza qualitativa, do tipo revisão narrativa da literatura. Esse tipo de abordagem permite a análise ampla e interpretativa de produções científicas já existentes, possibilitando a construção de uma visão crítica e contextualizada acerca do fenômeno da resistência bacteriana. Segundo (Rother, 2007), a revisão narrativa é adequada para discutir o estado da arte de determinado tema, sem a rigidez metodológica das revisões sistemáticas, favorecendo a integração de diferentes perspectivas teóricas.

2.2 ESTRATÉGIA DE BUSCA E SELEÇÃO DOS ESTUDOS

A coleta de dados foi realizada por meio de levantamento bibliográfico em bases de dados científicas reconhecidas, como PubMed, SciELO e Google Scholar. Foram utilizados descritores em português e inglês, tais como “resistência bacteriana”, “antibiotic resistance”, “evolução microbiana” e “adaptação bacteriana”, combinados por operadores booleanos (AND, OR). Como critérios de inclusão, foram considerados artigos publicados entre 2000 e 2024, disponíveis na íntegra, que abordassem diretamente os mecanismos de resistência bacteriana e seus determinantes. Foram excluídos estudos duplicados, trabalhos sem rigor científico comprovado e publicações que não dialogassem com o objetivo proposto.

2.3 TÉCNICAS E INSTRUMENTOS DE ANÁLISE

A análise dos dados foi realizada de forma qualitativa, por meio de leitura exploratória, seletiva e interpretativa dos materiais selecionados. Inicialmente, procedeu-se à identificação das principais categorias temáticas relacionadas à evolução e adaptação bacteriana. Em seguida, os conteúdos foram organizados e sistematizados com base em eixos analíticos, como mecanismos genéticos de resistência, fatores de seleção e impactos na saúde pública. Conforme (Gil, 2008), a análise qualitativa permite compreender fenômenos complexos a partir da interpretação crítica das informações coletadas.

2.4 AMOSTRA DO ESTUDO

A amostra final foi composta por artigos científicos, livros e documentos institucionais considerados relevantes para a temática, incluindo produções de referência na área da microbiologia e da saúde pública. Destacam-se estudos clássicos e contemporâneos que discutem a resistência bacteriana sob a perspectiva

evolutiva, garantindo diversidade de abordagens e consistência teórica. De acordo com (Lakatos; Marconi, 2010), a seleção criteriosa das fontes é fundamental para assegurar a confiabilidade e a validade dos resultados em pesquisas bibliográficas.

2.5 DISCUSSÃO METODOLÓGICA

A escolha pela revisão narrativa justifica-se pela necessidade de compreender a resistência bacteriana como um fenômeno multifatorial, que envolve aspectos biológicos, sociais e ambientais. Embora não possua caráter exaustivo, essa abordagem permite a articulação entre diferentes campos do conhecimento, contribuindo para uma análise integrada do tema. No entanto, reconhece-se como limitação a possibilidade de viés na seleção e interpretação dos estudos, uma vez que não segue protocolos rígidos de sistematização. Ainda assim, conforme (Minayo, 2014), a pesquisa qualitativa mantém sua relevância ao possibilitar a construção de interpretações aprofundadas e contextualizadas sobre problemas complexos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados desta revisão evidenciam que a resistência bacteriana aos antibióticos é um fenômeno complexo, resultante da interação entre mecanismos biológicos intrínsecos e fatores externos relacionados às práticas humanas. Entre os principais achados, destaca-se que as bactérias desenvolvem resistência por meio de mutações genéticas espontâneas e, sobretudo, pela transferência horizontal de genes, que permite a rápida disseminação de características resistentes entre diferentes espécies. Esse processo ocorre por mecanismos como conjugação, transformação e transdução, ampliando significativamente a capacidade adaptativa dos microrganismos (Davies; Davies, 2010).

Além disso, observou-se que o uso inadequado de antibióticos constitui o principal fator de seleção de cepas resistentes. A automedicação, a interrupção precoce do tratamento e a prescrição indiscriminada contribuem para a eliminação de bactérias sensíveis, favorecendo a sobrevivência das mais resistentes. Esse cenário é agravado pelo uso intensivo de antimicrobianos na agropecuária, o que amplia a pressão seletiva em diferentes ambientes (Van Boeckel et al., 2015). Tais achados corroboram a perspectiva de que a resistência bacteriana é um reflexo direto da relação entre práticas sociais e processos evolutivos.

Outro ponto relevante identificado refere-se ao impacto da resistência bacteriana na saúde pública. Estudos indicam aumento significativo nas taxas de morbidade e mortalidade associadas a infecções por bactérias multirresistentes, além de maior tempo de internação e elevação dos custos hospitalares. De acordo com a Organização Mundial da Saúde (2020), esse fenômeno compromete a eficácia de tratamentos médicos, incluindo cirurgias e terapias imunossupressoras, representando uma ameaça global crescente.

A interpretação dos resultados, à luz da literatura, reforça que a resistência bacteriana deve ser compreendida como um processo evolutivo contínuo, guiado pela seleção natural, conforme os princípios

discutidos por Darwin (1859). Bactérias que apresentam características favoráveis à sobrevivência em ambientes com antibióticos tendem a se proliferar, tornando-se predominantes ao longo do tempo. Nesse sentido, a adaptação bacteriana não apenas confirma os fundamentos da teoria evolutiva, como também evidencia sua aplicabilidade em contextos contemporâneos da microbiologia.

Para melhor compreensão dos principais mecanismos de resistência bacteriana, apresenta-se o quadro a seguir:

Quadro 1 – Principais mecanismos de resistência bacteriana

Mecanismo	Descrição
Inativação enzimática	Produção de enzimas que destroem ou modificam o antibiótico
Alteração do alvo	Modificação do local de ação do fármaco na bactéria
Bombas de efluxo	Expulsão ativa do antibiótico para fora da célula bacteriana
Redução da permeabilidade	Diminuição da entrada do antibiótico na célula
Transferência horizontal	Aquisição de genes de resistência de outras bactérias

Dessa forma, os resultados reforçam a necessidade de estratégias integradas para o enfrentamento da resistência bacteriana, incluindo o uso racional de antibióticos, o fortalecimento de políticas públicas e o incentivo à pesquisa científica. A articulação entre conhecimento científico e práticas sociais mostra-se essencial para conter o avanço desse problema e garantir a eficácia terapêutica no futuro.

4 CONCLUSÃO

O presente estudo teve como objetivo analisar os mecanismos evolutivos e adaptativos que permitem às bactérias desenvolver resistência aos antibióticos, bem como compreender os fatores que intensificam esse processo e seus impactos na saúde pública. A partir da revisão narrativa da literatura, foi possível alcançar os objetivos propostos, evidenciando a complexidade e a relevância do tema no contexto contemporâneo.

Os principais resultados demonstraram que a resistência bacteriana é um fenômeno natural, decorrente de processos evolutivos como mutações genéticas e transferência horizontal de genes, mas que é significativamente acelerado por ações antrópicas, especialmente pelo uso inadequado de antibióticos. Fatores como automedicação, interrupção precoce de tratamentos e utilização indiscriminada de antimicrobianos em diferentes setores contribuem diretamente para a seleção e disseminação de cepas resistentes. Além disso, verificou-se que esse cenário acarreta impactos expressivos na saúde pública, incluindo aumento da morbidade e mortalidade, elevação dos custos hospitalares e limitação das opções terapêuticas disponíveis.

No que se refere às contribuições da pesquisa, destaca-se a sistematização de conhecimentos acerca da resistência bacteriana sob a perspectiva da evolução e adaptação, proporcionando uma compreensão

integrada entre aspectos biológicos e sociais. O estudo também reforça a importância do uso racional de antibióticos, da implementação de políticas públicas eficazes e do investimento contínuo em pesquisa científica para o desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas.

Dessa forma, conclui-se que o enfrentamento da resistência bacteriana exige ações multidisciplinares e articuladas, envolvendo profissionais da saúde, gestores públicos e a sociedade em geral, a fim de garantir a eficácia dos tratamentos e a sustentabilidade dos sistemas de saúde no futuro.

REFERÊNCIAS

- DARWIN, Charles. *On the origin of species by means of natural selection*. London: John Murray, 1859.
- DAVIES, Julian; DAVIES, Dorothy. Origins and evolution of antibiotic resistance. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, Washington, v. 74, n. 3, p. 417–433, 2010.
- FRASER, Christophe et al. Factors that make an infectious disease outbreak controllable. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, Washington, v. 101, n. 16, p. 6146–6151, 2004.
- GIL, Antonio Carlos. *Métodos e técnicas de pesquisa social*. 6. ed. São Paulo: Atlas, 2008.
- LAKATOS, Eva Maria; MARCONI, Marina de Andrade. *Fundamentos de metodologia científica*. 7. ed. São Paulo: Atlas, 2010.
- LEVY, Stuart B. *The antibiotic paradox: how the misuse of antibiotics destroys their curative powers*. 2. ed. Cambridge: Perseus Publishing, 2002.
- MINAYO, Maria Cecília de Souza. *O desafio do conhecimento: pesquisa qualitativa em saúde*. 14. ed. São Paulo: Hucitec, 2014.
- ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. *Antimicrobial resistance*. Geneva: WHO, 2020.
- ROTHER, Edna Terezinha. Revisão sistemática X revisão narrativa. *Acta Paulista de Enfermagem*, São Paulo, v. 20, n. 2, p. v–vi, 2007.
- VAN BOECKEL, Thomas P. et al. Global trends in antimicrobial use in food animals. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, Washington, v. 112, n. 18, p. 5649–5654, 2015.