

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO TRIÂNGULO MINEIRO**

**VENICIOS CARLOS STOHEL**

**PRESENÇA DE BACTÉRIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS EM ALIMENTOS:  
UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

UBERABA -MG

2026

**VENICIOS CARLOS STOHEL**

**PRESENÇA DE BACTÉRIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS EM ALIMENTOS:  
UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

Dissertação apresentada ao Programa de Mestrado Profissional em Inovações e Tecnologias, área de Processo Tecnológico, da Universidade Federal do Triângulo Mineiro, como requisito para obtenção do título de mestre.

Orientadora: Profa. Dra. Mônica Hitomi Okura

Co-orientador: Dr. Juliano Toniato

UBERABA - MG

2026

**Catálogo na fonte: Biblioteca da Universidade Federal do  
Triângulo Mineiro**

S882p Stohel, Venícios Carlos  
Presença de bactérias resistentes a antibióticos em alimentos:  
uma revisão bibliográfica / Venícios Carlos Stohel. -- 2026.  
52 f. : il., graf., tab.  
Dissertação (Mestrado Profissional em Inovações e Tecnologias) -- Universidade Federal do Triângulo Mineiro, Uberaba, MG, 2026  
Orientadora: Profa. Dra. Mônica Hitomi Okura  
Coorientador: Prof. Dr. Juliano Toniato  
1. Alimentos - Microbiologia. 2. Segurança alimentar. 3. Bactérias.  
4. Drogas-Resistência em micro-organismos. I. Okura, Mônica Hitomi.  
II. Universidade Federal do Triângulo Mineiro. III. Título.  
CDU 579.67

**VENÍCIOS CARLOS STOHEL****PRESENÇA DE BACTÉRIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS EM ALIMENTOS: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação Profissional em Inovações e Tecnologias da Universidade Federal do Triângulo Mineiro como requisito parcial para obtenção do título de mestre.

Uberaba, 27 de fevereiro de 2026

**Banca Examinadora:**

Dra. Mônica Hitomi Okura – Orientadora  
Universidade Federal do Triângulo Mineiro

Dra. Ana Claudia Granato Malpass  
Universidade Federal do Triângulo Mineiro

Dr. Pablo Inocência Monteiro  
Instituto Federal do Triângulo Mineiro



Documento assinado eletronicamente por **MONICA HITOMI OKURA, Professor do Magistério Superior**, em 27/02/2026, às 10:38, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#) e no art. 34 da [Portaria Reitoria/UFTM nº 215, de 16 de julho de 2024](#).



Documento assinado eletronicamente por **ANA CLAUDIA GRANATO MALPASS, Professor do Magistério Superior**, em 27/02/2026, às 10:40, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#) e no art. 34 da [Portaria Reitoria/UFTM nº 215, de 16 de julho de 2024](#).



Documento assinado eletronicamente por **PABLO INOCÊNCIA MONTEIRO, Usuário Externo**, em 12/03/2026, às 10:26, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#) e no art. 34 da [Portaria Reitoria/UFTM nº 215, de 16 de julho de 2024](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [http://sei.ufmt.edu.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](http://sei.ufmt.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **1699205** e o código CRC **E3C99547**.

Dedico este estudo a Deus e a meus familiares.

*“Deus é o nosso refúgio e fortaleza, socorro  
bem presente na angústia.”*

— Salmo 46:1

## RESUMO

A presença de bactérias resistentes em alimentos tem se tornado um problema crescente de saúde pública, especialmente em produtos frescos, crus e minimamente processados, como vegetais, pescados e carnes. Diversos fatores contribuem para esse cenário, incluindo o uso de antimicrobianos na produção animal, a irrigação com água contaminada, falhas na higienização e manipulação inadequada ao longo da cadeia alimentar. Estudos recentes demonstram que vegetais prontos para consumo apresentam altas taxas de contaminação, com 86,5% das bactérias isoladas resistentes a pelo menos um antibiótico e algumas exibindo multirresistência a cinco ou mais fármacos comumente utilizados. Alimentos de origem animal, como carnes e produtos lácteos, também apresentam frequentes isolamentos de *Escherichia coli*, *Salmonella* spp. e *Staphylococcus aureus* resistentes a antibióticos historicamente empregados na pecuária, como tetraciclina e ampicilina. Este estudo, caracterizado como revisão bibliográfica narrativa e integrativa de abordagem qualitativa, sistematizou informações de bases nacionais e internacionais para analisar criticamente a ocorrência de resistência antimicrobiana em alimentos. A análise evidencia que a resistência não se limita a um único alimento ou ambiente, sendo um fenômeno sistêmico que requer ações preventivas, adoção de boas práticas de fabricação, higienização adequada e monitoramento contínuo das cadeias produtivas, com o objetivo de reduzir a circulação de microrganismos resistentes e mitigar seus impactos sobre a saúde da população.

**Palavra-chave:** Resistência antimicrobiana; Bactérias resistentes; Segurança alimentar.

## ABSTRACT

The presence of resistant bacteria in food has become a growing public health problem, especially in fresh, raw, and minimally processed products such as vegetables, fish, and meat. Several factors contribute to this scenario, including the use of antimicrobials in animal production, irrigation with contaminated water, hygiene failures, and inadequate hand washing throughout the food chain. Recent studies demonstrate that ready-to-eat vegetables have high contamination rates, with 86.5% of isolated bacteria resistant to at least one antibiotic and some exhibiting multidrug resistance to five or more commonly used drugs. Foods of animal origin, such as meat and dairy products, also frequently show isolations of *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., and *Staphylococcus aureus* resistant to antibiotics historically used in livestock farming, such as tetracycline and ampicillin. This study, characterized as a narrative and integrative literature review with a qualitative approach, systematized information from national and international databases to critically analyze the occurrence of antimicrobial resistance in food. The analysis shows that resistance is not limited to a single food or environment, but is a systemic phenomenon that requires preventive actions, adoption of good manufacturing practices, proper hygiene, and continuous monitoring of production chains, with the goal of reducing the circulation of resistant microorganisms and mitigating their impacts on public health.

**Keywords:** Antimicrobial resistance; Resistant bacteria; Food safety.

## LISTA DE FIGURAS

|                                                                                     |    |
|-------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Figura 1 - Mecanismo de resistência aos antibióticos B-lactâmicos (bomba de efluxo) | 24 |
| Figura 2 - Classes de antibióticos com maior índice de resistência em alimentos?    | 44 |
| Figura 3 - Ocorrência de bactérias resistentes segundo o tipo de alimento analisado | 45 |
| Figura 4 - Bactérias resistentes mais frequentes em alimentos                       | 48 |
| Figura 5 - Frequência de multirresistência bacteriana nos estudos                   | 49 |

## **LISTA DE TABELAS**

Tabela 1 - História do desenvolvimento das principais classes de antimicrobianos 16

Tabela 2 - Principais bactérias resistentes identificadas em alimentos segundo os estudos analisados 40

## SUMÁRIO

|                                                                                                  |    |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| 1 INTRODUÇÃO                                                                                     | 11 |
| 2 METODOLOGIA                                                                                    | 13 |
| 3. DESENVOLVIMENTO                                                                               | 15 |
| 3.1 DESENVOLVIMENTO DOS ANTIBIÓTICOS E SUAS RESPECTIVAS CLASSES                                  | 15 |
| 3.2 RESISTÊNCIA BACTERIANA A ANTIBIÓTICOS                                                        | 18 |
| 3.3 MECANISMOS DE RESISTÊNCIA                                                                    | 23 |
| 3.4 BACTÉRIAS RESISTENTES MAIS FREQUENTEMENTE ENCONTRADAS EM ALIMENTOS                           | 27 |
| 3.5 ALIMENTOS APRESENTAM MAIOR OCORRÊNCIA DE BACTÉRIAS                                           | 31 |
| 3.6 PRINCIPAIS TENDÊNCIAS OBSERVADAS NAS PESQUISAS SOBRE RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM ALIMENTOS | 34 |
| 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO                                                                        | 39 |
| 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS                                                                           | 51 |
| REFERÊNCIAS                                                                                      | 52 |

## 1 INTRODUÇÃO

A discussão sobre a presença de bactérias resistentes a antibióticos em alimentos tem se fortalecido nos últimos anos devido ao crescimento dos problemas relacionados à segurança alimentar. A ampliação do consumo de produtos prontos ou minimamente processados aumentou a preocupação com possíveis riscos microbiológicos associados à alimentação cotidiana. Essa realidade torna essencial compreender como microrganismos resistentes chegam aos alimentos e quais caminhos favorecem sua disseminação na população.

As condições de produção e o uso intensivo de antimicrobianos em animais têm relação direta com esse processo. Ambientes aquáticos utilizados na criação de animais funcionam como reservatórios permanentes de microrganismos resistentes, favorecendo a troca de material genético entre bactérias ambientais e patogênicas (Castro; Castro; Lima, 2022).

Nos vegetais, o problema está frequentemente relacionado à manipulação inadequada, ao uso de água contaminada na irrigação e ao processamento mínimo. Em alguns estudos, foram identificadas espécies como *E. coli*, *Enterobacter cloacae*, *Listeria spp.* e *Pseudomonas aeruginosa* com variados perfis de resistência, reforçando a necessidade de maior controle sanitário em todos os estágios da cadeia produtiva (Nilo; Marin, 2022).

No caso dos alimentos de origem animal, a proximidade entre humanos e animais de produção, associada ao consumo frequente desses produtos, aumenta a exposição a bactérias capazes de causar infecções de difícil tratamento. Estudos relatam a presença de diferentes genes relacionados à resistência antimicrobiana em microrganismos associados à cadeia alimentar. Entre eles destacam-se os genes tet, associados à resistência a antibióticos da classe das tetraciclinas; os genes bla, responsáveis pela produção de  $\beta$ -lactamases que conferem resistência a antibióticos  $\beta$ -lactâmicos; e os genes sul, ligados à resistência às sulfonamidas. A presença desses marcadores genéticos em bactérias isoladas de alimentos destinados ao consumo humano evidencia a capacidade de persistência e disseminação desses mecanismos de resistência no ambiente alimentar (Rodríguez-Patiño et al., 2023).

Outro ponto relevante é que a resistência antimicrobiana no ambiente alimentar não se desenvolve isoladamente. Ela é influenciada por práticas inadequadas na agricultura, no processamento industrial, no transporte e também no armazenamento doméstico. Ambientes úmidos e temperaturas inadequadas funcionam como facilitadores para a sobrevivência e multiplicação de bactérias resistentes, ampliando as chances de contato da população com esses agentes (Castro; Castro; Lima, 2022).

Os dados apresentados nas pesquisas nacionais e internacionais mostram que o fenômeno envolve múltiplos fatores e requer análise ampla e integrada. O contato frequente da população com alimentos contaminados, principalmente crus ou mal higienizados, demonstra a importância de conhecer quais categorias apresentam maior risco. Nilo e Marin (2022) indicam que até mesmo alimentos tradicionalmente associados à saúde, como saladas prontas, podem atuar como vetores de bactérias com resistência múltipla, contribuindo para a disseminação silenciosa desse problema crescente.

Diante do exposto o estudo tem como objetivo analisar a presença de bactérias resistentes a antibióticos em alimentos. E tem como objetivo específico: Identificar quais bactérias resistentes são mais frequentemente encontradas em alimentos; levantar quais tipos de alimentos apresentam maior ocorrência dessas bactérias e descrever as principais tendências observadas nas pesquisas dos últimos 10 anos sobre resistência antimicrobiana em alimentos.

Este estudo justifica-se pela crescente preocupação mundial com a resistência antimicrobiana, um fenômeno que tem se intensificado e alcançado os sistemas de produção, processamento e consumo de alimentos. A presença de bactérias resistentes em produtos alimentícios representa um risco direto à saúde pública, pois amplia as possibilidades de transmissão de microrganismos multirresistentes para a população, contribuindo para infecções mais difíceis de tratar e para o aumento da morbidade e mortalidade associadas.

## 2 METODOLOGIA

Este estudo caracterizou-se como uma revisão bibliográfica, de natureza narrativa/integrativa, desenvolvida com abordagem qualitativa. A pesquisa foi realizada exclusivamente em fontes secundárias, com o propósito de sistematizar e analisar criticamente a produção científica disponível em bases de dados nacionais e internacionais. Não foi utilizado um protocolo rigoroso do tipo PRISMA (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*), porém foram adotadas etapas organizadas de busca, seleção e análise dos estudos, garantindo maior transparência e reprodutibilidade ao procedimento metodológico.

A busca dos trabalhos foi conduzida em bases de dados eletrônicas amplamente utilizadas na área da saúde e das ciências biológicas, tais como PubMed/MEDLINE, Scopus, *Web of Science*, SciELO e Google Scholar. De forma complementar, foram consultados repositórios de instituições de ensino e documentos técnicos de organismos oficiais e agências reguladoras, quando considerados relevantes para compor o corpo de evidências. As buscas foram realizadas considerando o período dos últimos 10 anos, com o objetivo de abranger a produção científica mais recente e alinhada ao cenário contemporâneo.

Para a localização dos estudos, foram empregados descritores em português e inglês, combinados por operadores booleanos. Entre as principais palavras-chave previstas encontravam-se: “bactérias resistentes”, “resistência a antibióticos”, “resistência antimicrobiana”, “alimentos”, “cadeia alimentar”, bem como seus correspondentes em inglês (“antibiotic-resistantbacteria”, “antimicrobial resistance”, “food”, “food chain”). A estratégia de busca utilizou expressões do tipo: (“bactérias resistentes” OR “resistência a antibióticos”) AND alimentos, com ajustes realizados conforme a especificidade de cada base de dados.

Foram definidos critérios de inclusão e exclusão para garantir a pertinência e a qualidade do material selecionado. Foram incluídos: (a) artigos científicos publicados em periódicos revisados por pares; (b) estudos originais e revisões que abordassem empiricamente o objeto de interesse; (c) textos disponíveis em português, inglês ou espanhol; (d) publicações dentro do recorte temporal estabelecido; e (e) trabalhos com acesso ao texto completo. Foram excluídos: (a)

resumos simples de congressos, editoriais, cartas ao editor e comentários; (b) dissertações, teses e monografias não publicadas em periódicos; (c) documentos sem descrição clara dos métodos; e (d) estudos duplicados identificados em mais de uma base de dados.

O processo de seleção dos estudos ocorreu em três etapas. Na primeira, todos os resultados recuperados pelas buscas foram organizados em um gerenciador de referências, com remoção de duplicatas. Na segunda etapa, foi realizada a leitura dos títulos e resumos, aplicando-se os critérios de inclusão e exclusão previamente estabelecidos. Os estudos considerados elegíveis avançaram para a terceira etapa, em que foi feita a leitura na íntegra dos textos completos, confirmando sua adequação ao objetivo do estudo. Em situações de dúvida, o artigo foi mantido e discutido para decisão final sobre sua inclusão.

Após a definição do conjunto final de estudos, foi elaborada uma planilha de extração de dados, contemplando informações como ano de publicação, país de realização, tipo de estudo, base de dados de origem, objetivos, desenho metodológico e principais resultados relacionados ao objeto da pesquisa. Esses dados foram organizados de forma sistemática, permitindo a comparação entre os estudos selecionados.

A análise dos conteúdos foi conduzida por meio de síntese descritiva e análise temática, visando identificar convergências, divergências, tendências e lacunas na literatura. Os resultados foram apresentados em textos, quadros e/ou tabelas, com destaque para os aspectos metodológicos e para a consistência das evidências encontradas.

### 3. DESENVOLVIMENTO

#### 3.1 DESENVOLVIMENTO DOS ANTIBIÓTICOS E SUAS RESPECTIVAS CLASSES

O surgimento dos antibióticos marcou um dos acontecimentos mais importantes na história da medicina moderna. Antes do desenvolvimento dessas substâncias, infecções comuns eram responsáveis por altas taxas de mortalidade, e a capacidade de controlar microrganismos patogênicos era extremamente limitada. Conforme explica Braga (2019), o início do século XX foi decisivo para que novas moléculas capazes de inibir bactérias começassem a ser descobertas e testadas, abrindo o caminho para o que se tornaria a base da terapêutica antimicrobiana atual.

Os antibióticos são protagonistas recentes na história da farmacologia, desempenhando um papel indiscutível. A Revolução da Medicina do século XX, em grande parte, deve-se à descoberta e implementação desses fármacos no contexto global da saúde (Silva Duarte et al., 2019, p. 16).

A evolução desses compostos seguiu de forma progressiva, com o desenvolvimento de diferentes classes ao longo das décadas. As primeiras substâncias surgiram ainda em 1910, com as arsfenaminas, inaugurando um novo período na busca por agentes seletivos contra microrganismos. Esse processo foi acompanhado por descobertas sucessivas, como os  $\beta$ -lactâmicos em 1929, as sulfonamidas em 1935 e os polipeptídeos em 1939, indicando um avanço científico acelerado na compreensão da atividade microbiana (Tabela 1).

Esse crescimento não ocorreu de forma isolada. Ele refletiu a necessidade de combater doenças infecciosas que assolavam populações em vários países. Freitas Souza, Dias e Alvim (2022) comentam que, ao longo do século XX, o uso dos antibióticos transformou a prática médica e contribuiu para a queda significativa da mortalidade por infecções bacterianas. A capacidade desses compostos de atuar em diferentes alvos da célula bacteriana permitiu a criação de classes distintas e com mecanismos variados, ampliando as possibilidades terapêuticas.

Tabela 1 - História do desenvolvimento das principais classes de antimicrobianos

| <b>Classe</b>       | <b>Ano de Desenvolvimento</b> |
|---------------------|-------------------------------|
| Arsfenaminas        | 1910                          |
| $\beta$ -lactâmicos | 1929                          |
| Sulfonamidas        | 1935                          |
| Polipeptídeos       | 1939                          |
| Aminoglicosídeos    | 1943                          |
| Tetraciclínas       | 1945                          |
| Anfenicóis          | 1947                          |
| Lipopeptídeos       | 1947                          |
| Macrolídeos         | 1950                          |
| Oxazolidinonas      | 1952                          |
| Glicopeptídeos      | 1953                          |
| Estreptograminas    | 1953                          |
| Ansamícinas         | 1957                          |
| Quinolonas          | 1962                          |
| Lincosamidas        | 1963                          |

Fonte: Adaptado de Braga, 2019.

Durante a década de 1940, novas classes começaram a surgir com maior frequência. Os aminoglicosídeos apareceram em 1943, seguidos das tetraciclínas em 1945. Logo depois, em 1947, surgiram os anfenicóis e os lipopeptídeos, ampliando ainda mais o arsenal disponível. O período do pós-guerra foi um marco para a pesquisa antimicrobiana, pois os esforços científicos se intensificaram. Braga (2019) destaca que a Segunda Guerra Mundial impulsionou a busca por substâncias eficazes contra infecções, especialmente nos campos de batalha, onde as doenças infecciosas eram tão perigosas quanto os ferimentos físicos.

Já na década de 1950, novas classes como macrolídeos, oxazolidinonas, glicopeptídeos e estreptograminas foram identificadas. Segundo Silva Duarte et al. (2019), esse período coincidiu com o avanço dos estudos de farmacodinâmica, que permitiram compreender de forma mais precisa como essas moléculas interagem com estruturas bacterianas.

A Tabela 1 também aponta a introdução das ansamicinas em 1957 e das quinolonas em 1962, marcando o início da exploração de compostos sintéticos capazes de agir de maneira específica contra enzimas essenciais. Diogo, Rodrigues e Antunes (2023) explicam que, a partir da década de 1960, a pesquisa

antimicrobiana passou a focar em moléculas com melhor seletividade e menor toxicidade, acompanhando o surgimento de técnicas laboratoriais mais apuradas. A chegada das lincosamidas em 1963 completa a sequência apresentada, demonstrando que, em pouco mais de meio século, a medicina já dispunha de um conjunto amplo e variado de antimicrobianos.

Ao mesmo tempo em que novas classes surgiam, os pesquisadores começaram a observar mudanças no comportamento das bactérias. Freitas Souza, Dias e Alvim (2022) mencionam que, ainda na metade do século XX, já existiam relatos de cepas resistentes, especialmente relacionadas aos  $\beta$ -lactâmicos. Essa constatação reforçou a necessidade de compreender o mecanismo de ação dos antibióticos, pois cada classe atua em uma estrutura ou processo específico.

Os mecanismos de ação variam entre as classes, mas apresentam lógica semelhante. De acordo com Silva Duarte et al. (2019), os antibióticos podem interferir na síntese da parede celular, na duplicação do DNA, na síntese proteica ou na integridade da membrana. Por exemplo,  $\beta$ -lactâmicos e glicopeptídeos atuam principalmente na parede celular; aminoglicosídeos e macrolídeos afetam a síntese proteica; enquanto quinolonas prejudicam a replicação do DNA bacteriano.

O desenvolvimento dessas substâncias também acompanhou melhorias nas técnicas de purificação, cultura bacteriana e ensaios de sensibilidade. Diogo, Rodrigues e Antunes (2023) apontam que a compreensão dos alvos intracelulares permitiu que novas gerações de antibióticos fossem criadas com maior especificidade, reduzindo efeitos adversos e aumentando a eficácia clínica.

Um aspecto importante é que, mesmo com tantas descobertas, a evolução das bactérias ocorre de forma paralela. Freitas Souza, Dias e Alvim (2022) ressaltam que a resistência surge naturalmente, mas é intensificada pelo uso inadequado e excessivo dos antibióticos. O processo levou à criação de novas gerações dentro de uma mesma classe, como as cefalosporinas e quinolonas, que foram sendo aperfeiçoadas ao longo dos anos para enfrentar cepas mais resistentes.

O estudo da evolução histórica dos antibióticos mostra, portanto, que o desenvolvimento dessas moléculas não foi aleatório. Ele acompanhou crises sanitárias, avanços científicos e transformações sociais. Para Silva Duarte et al. (2019), a história das classes antimicrobianas reflete a necessidade contínua de

enfrentar novos desafios bacterianos, o que torna indispensável pesquisar e compreender essas moléculas em profundidade.

Entre 1910 a 1963, praticamente todas as classes fundamentais foram estabelecidas. Isso significa que, em pouco mais de cinquenta anos, a humanidade alcançou um dos maiores avanços farmacológicos da história. Como argumenta Braga (2019), poucas áreas da medicina evoluíram tão rapidamente quanto a microbiologia clínica durante esse período.

Essas informações tornam evidente que o desenvolvimento dos antibióticos é fruto de um processo contínuo de pesquisa e inovação. A descoberta de novas classes durante o século XX correspondeu à necessidade urgente de controlar doenças infecciosas que antes eram fatais. Hoje, o estudo dessas moléculas continua essencial, especialmente diante do avanço da resistência bacteriana, que ameaça a eficácia dessas substâncias e exige novas estratégias terapêuticas.

### 3.2 RESISTÊNCIA BACTERIANA A ANTIBIÓTICOS

A resistência bacteriana a antibióticos é um dos fenômenos mais discutidos na saúde pública atual. Esse processo ocorre quando as bactérias deixam de responder aos medicamentos usados normalmente no tratamento das infecções (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). A perda dessa sensibilidade compromete as terapias e favorece a permanência de doenças que antes eram facilmente tratadas.

No que tange à antibioticoterapia, talvez, o ponto mais delicado seja a resistência bacteriana. Assim como todos os seres vivos, as bactérias sofrem pressões de seu ambiente, que delineiam os caminhos de sua evolução. Nesse sentido, munidos da ciência darwiniana, na medida em que se imponha uma barreira seletiva, é inevitável que haja um recrutamento dos mais aptos frente à adversidade. Nesse cenário é que emerge a resistência bacteriana aos antibióticos. Pode-se, dessa forma, encarar todo antimicrobica como um impulsionador da pressão seletiva sobre os microrganismos em questão (Pedra et al., 2023, p. 13).

O avanço da resistência está ligado principalmente ao uso inadequado dos antimicrobianos. Em muitos casos, esses medicamentos são utilizados de forma

excessiva ou sem indicação correta, criando condições para que microrganismos sobrevivam e se adaptem (Galvão; Brandão; Castro, 2020).

Outro fator importante é o abandono precoce do tratamento. Quando o paciente interrompe a terapia antes do tempo recomendado, parte das bactérias pode continuar viva e desenvolver mecanismos de defesa (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Esse cenário favorece o surgimento de cepas mais difíceis de combater.

Segundo Silva Duarte et al. (2019), a resistência também está associada ao uso repetido de antimicrobianos de amplo espectro. Os medicamentos atuam contra uma grande variedade de bactérias e, por isso, aceleram a seleção de linhagens resistentes. Em consequência, as bactérias tornam-se mais habilidosas em escapar da ação dos fármacos.

A resistência não ocorre de maneira uniforme entre todas as espécies bacterianas. Cada grupo possui estratégias específicas para sobreviver. Isso inclui mecanismos como a modificação da estrutura celular, a produção de enzimas destrutivas e o bloqueio da entrada dos antibióticos na célula (Pedra et al., 2023).

A resistência bacteriana aos antibióticos se tornou um dos problemas de saúde pública mais relevantes atualmente, uma vez que estes microrganismos sobrevivem a exposição aos medicamentos que deveriam causar a lise ou inibição de seu crescimento. Isso permite que as cepas sobreviventes cresçam e se espalhem devido, também, à falta de concorrência com outras cepas, gerando as popularmente chamadas "superbactérias". Dessa forma, as bactérias anteriormente susceptíveis aos antibióticos usualmente utilizados, passam a deixar de responder efetivamente a esses fármacos (Freitas; Souza; Alvim, 2022, p. 14).

Entre os mecanismos mais investigados está a produção de enzimas capazes de neutralizar antibióticos. Um exemplo são as  $\beta$ -lactamases, que quebram o anel  $\beta$ -lactâmico presente em vários fármacos utilizados no dia a dia clínico (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). O processo impede que o medicamento atue na parede celular bacteriana.

Além disso, algumas bactérias desenvolvem bombas de efluxo, estruturas que expulsam o antibiótico antes que ele consiga agir. Esse tipo de mecanismo é bastante eficiente e está presente em muitos microrganismos multirresistentes (Pedra et al., 2023). O sistema reduz a concentração do fármaco dentro da célula.

Outro ponto discutido por Silva Duarte et al. (2019) é a alteração no local de ação do medicamento. Algumas bactérias conseguem modificar a proteína que deveria ser atingida pelo antibiótico, evitando a ligação do fármaco. Esse tipo de mudança diminui a eficácia do tratamento e exige terapias alternativas.

Além dos mecanismos adquiridos, existe também a resistência intrínseca. Em alguns casos, a própria estrutura da bactéria torna o tratamento mais difícil. Certas espécies possuem membranas naturalmente pouco permeáveis, dificultando a entrada dos antimicrobianos (Pedra et al., 2023).

A troca de material genético entre bactérias é uma das principais razões para a rápida disseminação da resistência. Por meio de plasmídeos, transposons e integrons, microrganismos conseguem compartilhar genes resistentes com grande facilidade (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Isso acelera a expansão do problema em diferentes ambientes.

A transferência horizontal é especialmente preocupante em locais onde há grande concentração de microrganismos. Hospitais, granjas, sistemas de produção animal e ambientes aquáticos favorecem esse processo de troca genética (Pedra et al., 2023). Nessas condições, a resistência se espalha rapidamente.

O uso de antibióticos na pecuária contribui para o agravamento da resistência. Em muitos sistemas produtivos, os fármacos são administrados para prevenir doenças ou melhorar o desempenho animal. Essa prática exerce pressão seletiva sobre a microbiota e estimula a persistência de cepas resistentes (Silva Duarte et al., 2019). O material pode chegar aos alimentos e ao meio ambiente.

Ambientes aquáticos também representam um espaço favorável à disseminação da resistência. Resíduos de antibióticos podem permanecer na água e atingir microrganismos naturais, favorecendo mutações e trocas de genes entre espécies (Castro; Castro; Lima, 2022). Esse processo amplia o resistoma ambiental.

Segundo Pedra et al. (2023), o resistoma é o conjunto de genes que conferem resistência às bactérias. Ele pode estar presente tanto em espécies patogênicas quanto na microbiota comum. Quando há exposição contínua a antimicrobianos, esse resistoma tende a se ampliar, dificultando o controle das infecções.

O impacto do resistoma ambiental é significativo porque muitas bactérias resistentes podem alcançar humanos de maneiras indiretas. Isso ocorre por meio da

água, de alimentos contaminados ou do contato com ambientes expostos a antibióticos (Galvão; Brandão; Castro, 2020). Em todos esses cenários, ocorre um risco aumentado de transmissão.

Outro aspecto importante é a velocidade com que novas resistências surgem. Conforme Silva Duarte et al. (2019), as bactérias possuem uma capacidade elevada de mutação. Isso faz com que surjam variantes capazes de escapar da ação de medicamentos recém-desenvolvidos, reduzindo a vida útil dos antimicrobianos.

Essa evolução acelerada das bactérias representa um desafio para a ciência. Pedra et al. (2023) comentam que o desenvolvimento de novos antibióticos ocorre em ritmo lento quando comparado à capacidade de adaptação bacteriana. Esse desequilíbrio torna difícil acompanhar a velocidade da resistência.

A Organização Mundial da Saúde (OMS) alerta que a resistência antimicrobiana é uma das maiores ameaças do século XXI. A perda de eficácia dos fármacos compromete cirurgias, tratamentos de câncer e outras terapias essenciais que dependem do controle de infecções (Galvão; Brandão; Castro, 2020). O impacto atinge diretamente a segurança dos pacientes.

Estudos realizados em diferentes países mostram que a resistência não está restrita ao ambiente hospitalar. Ela está presente no solo, na água, em animais, em alimentos e em ambientes urbanos em geral (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Isso demonstra que o problema possui dimensão global.

Uma questão discutida por Silva Duarte et al. (2019) é a relação entre o uso inadequado de antibióticos e a falta de orientação profissional. Muitas pessoas utilizam medicamentos sem prescrição, o que aumenta os riscos de seleção de bactérias resistentes. O comportamento gera consequências de longo prazo.

O crescimento das infecções resistentes também eleva os custos do sistema de saúde. Tratamentos mais prolongados, internações repetidas e necessidade de medicamentos mais caros impactam diretamente as políticas sanitárias (Pedra et al., 2023). Esse cenário afeta tanto países desenvolvidos quanto regiões com poucos recursos.

Outro ponto crítico é que algumas bactérias resistentes apresentam capacidade de causar surtos. Segundo Galvão, Brandão e Castro (2020), microrganismos multirresistentes podem se espalhar rapidamente em unidades de

saúde. Isso ocorre porque os ambientes hospitalares concentram pacientes vulneráveis e antibióticos potentes.

A resistência também compromete procedimentos simples. Feridas superficiais, infecções urinárias e pneumonia podem tornar-se quadros graves quando os antibióticos não são eficazes (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Isso aumenta os riscos de complicações e mortalidade.

A educação da população sobre o uso correto de antibióticos é uma medida essencial. Silva Duarte et al. (2019) destacam que a conscientização pode reduzir o consumo inadequado desses medicamentos. A responsabilidade envolve pacientes, profissionais de saúde e instituições, estratégias de vigilância são fundamentais. O monitoramento das bactérias resistentes permite identificar novas ameaças e orientar políticas de controle (Pedra et al., 2023). Esse acompanhamento auxilia na criação de programas de prevenção.

No setor agropecuário, medidas de manejo adequado podem reduzir a exposição dos animais a antimicrobianos. Galvão, Brandão e Castro (2020) afirmam que boas práticas de higiene, vacinação e supervisão veterinária diminuem o uso desnecessário de antibióticos. Essa mudança evita a seleção de linhagens resistentes.

Outra estratégia importante é o investimento em pesquisa. Segundo Freitas Souza, Dias e Alvim (2022), o desenvolvimento de novos fármacos exige estudos contínuos sobre mecanismos bacterianos. Essa produção científica ajuda a identificar novos alvos terapêuticos. As alternativas terapêuticas também têm ganhado espaço. Pesquisas sobre fagoterapia, peptídeos antimicrobianos e modificações moleculares abrem caminhos para tratamentos inovadores (Pedra et al., 2023).

No ambiente hospitalar, o controle de infecções é indispensável. Programas de higiene, isolamento de pacientes e uso racional de antimicrobianos ajudam a reduzir a disseminação das resistências (Silva Duarte et al., 2019). A resistência bacteriana continua sendo um dos maiores desafios da medicina moderna. Mesmo com o avanço científico, as bactérias permanecem em constante evolução. Para Pedra et al. (2023), a convivência com microrganismos resistentes exige medidas preventivas e responsabilidade coletiva.

Essa realidade mostra que o problema não depende apenas do desenvolvimento de novos medicamentos. Ele exige mudanças de comportamento, políticas públicas eficientes e maior atenção ao impacto ambiental dos antimicrobianos (Galvão; Brandão; Castro, 2020). Somente com ações integradas será possível conter a resistência. A discussão sobre resistência mostra que o problema afeta diversas áreas. A saúde humana, a produção de alimentos, o meio ambiente e a economia global estão diretamente envolvidos (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022).

### 3.3 MECANISMOS DE RESISTÊNCIA

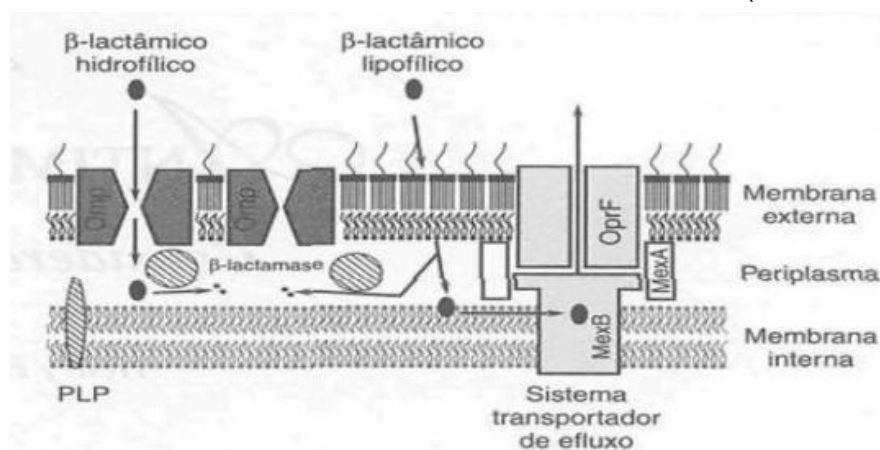
Os mecanismos de resistência representam as estratégias usadas pelas bactérias para sobreviver à ação dos antibióticos. Essas adaptações surgem como resposta à pressão seletiva criada pelo uso frequente dos antimicrobianos (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Cada espécie pode desenvolver formas específicas de defesa, o que torna o tratamento das infecções mais complexo.

Um dos mecanismos mais discutidos é a produção de enzimas que inativam o antibiótico. Esse processo ocorre quando a bactéria sintetiza proteínas capazes de destruir ou modificar a molécula do fármaco antes que ele alcance seu alvo (Pedra et al., 2023). As  $\beta$ -lactamases são o principal exemplo desse tipo de ação.

Essas enzimas quebram o anel  $\beta$ -lactâmico presente em diversos antibióticos utilizados rotineiramente no tratamento de infecções bacterianas. Quando essa estrutura é rompida, o medicamento perde a capacidade de atuar sobre a parede celular bacteriana, reduzindo significativamente sua eficácia terapêutica (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Esse mecanismo é frequentemente observado em diferentes espécies bacterianas, como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus* e *Pseudomonas aeruginosa*, microrganismos que podem produzir enzimas  $\beta$ -lactamases e, conseqüentemente, apresentar resistência a antibióticos dessa classe. Em razão disso, infecções causadas por bactérias produtoras de  $\beta$ -lactamase muitas vezes exigem terapias alternativas ou o uso de antimicrobianos mais específicos.

A Figura 1, apresentada por Chambers et al. (2005), mostra de forma clara o papel dessas enzimas no bloqueio dos  $\beta$ -lactâmicos. A imagem demonstra como o antibiótico pode ser impedido de alcançar o espaço periplasmático, onde agiria normalmente. Essa representação ajuda a compreender a rapidez com que a bactéria consegue neutralizar o fármaco.

Figura 1 - Mecanismo de resistência aos antibióticos B-lactâmicos (bomba de efluxo)



Fonte: ChambersHF et al., 2005.

Outro mecanismo importante é o uso das bombas de efluxo, que expulsam o antibiótico do interior celular. Esse processo reduz a concentração do medicamento dentro da bactéria e impede que ele atue de forma eficiente (Pedra et al., 2023). As bombas de efluxo podem transportar diferentes tipos de antibióticos ao mesmo tempo. Isso significa que uma única bomba pode gerar resistência a várias classes simultaneamente (Silva Duarte et al., 2019).

Muitas bactérias modificam o local de ação do antibiótico. Isso ocorre quando o microrganismo altera a proteína que seria atingida pelo fármaco, impedindo sua ligação (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Alterações de alvo são muito observadas em antibióticos que atuam na síntese proteica. Macrolídeos, tetraciclina e aminoglicosídeos podem perder eficácia quando a bactéria modifica o ribossomo (Silva Duarte et al., 2019).

Outro mecanismo relevante é a redução da permeabilidade da membrana. Algumas bactérias diminuem a entrada do antibiótico ao alterar porinas ou canais que permitem a passagem de moléculas (Pedra et al., 2023). A Figura 1 também

indica como essas barreiras estruturais dificultam a ação dos  $\beta$ -lactâmicos. Nela, observa-se que a membrana externa e o periplasma constituem obstáculos adicionais para o medicamento (Chambers et al., 2005). Essa barreira física reforça a resistência natural de certas espécies.

As bactérias podem ainda desenvolver mecanismos de proteção da parede celular. Algumas modificam os componentes do peptidoglicano, impedindo o reconhecimento pelo antibiótico (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Essa modificação dificulta o bloqueio da síntese da parede.

Outro mecanismo discutido por Silva Duarte et al. (2019) é a superexpressão de proteínas que atuam como alvos do antibiótico. Em alguns casos, a bactéria aumenta a produção dessas proteínas para compensar a ação do medicamento. Assim, mesmo que parte delas seja inativada, outras continuam funcionando.

A capacidade de mutação genética também contribui para a resistência. Mudanças espontâneas no DNA podem alterar estruturas essenciais e criar novas formas de defesa (Pedra et al., 2023). Essas mutações aumentam a diversidade bacteriana e favorecem linhagens mais resistentes.

A transferência horizontal de genes é outro ponto essencial para compreender os mecanismos de resistência. Bactérias podem compartilhar informações por plasmídeos, transposons e integrons (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Esses elementos carregam genes para resistência múltipla. Essas trocas acontecem com grande facilidade em ambientes onde há alta concentração de microrganismos. Hospitais, fazendas e ecossistemas aquáticos facilitam esse intercâmbio (Pedra et al., 2023).

Outra forma de resistência é a formação de biofilmes. Essas estruturas são comunidades bacterianas aderidas a superfícies, envoltas por uma matriz protetora (Galvão; Brandão; Castro, 2020). Biofilmes são comuns em cateteres, próteses e superfícies hospitalares. Nessas condições, mesmo doses elevadas de antibióticos podem ser insuficientes para eliminar as bactérias (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022).

Outro mecanismo observado é a produção de proteínas de proteção enzimática. Algumas bactérias desenvolvem moléculas que impedem a ação de enzimas essenciais para o antibiótico (Silva Duarte et al., 2019). A adaptação

metabólica também contribui para a resistência. Em situações adversas, a bactéria pode reduzir sua atividade fisiológica e entrar em estado de persistência (Pedra et al., 2023). Nesse estágio, o crescimento lento diminui a eficácia dos antibióticos.

Muitas bactérias conseguem também ativar vias alternativas de síntese celular. Quando um medicamento bloqueia uma rota metabólica, o microrganismo utiliza outra para manter sua sobrevivência (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). Além das adaptações internas, fatores ambientais influenciam no desenvolvimento dos mecanismos de resistência. A presença de resíduos de antibióticos no ambiente promove a seleção contínua de cepas resistentes (Galvão; Brandão; Castro, 2020). Isso aumenta o número de microrganismos capazes de sobreviver.

O uso inadequado de antibióticos na medicina e na pecuária fortalece esses mecanismos. Em muitos casos, doses inadequadas ou tratamentos prolongados estimulam mutações e seleção de linhagens fortes (Silva Duarte et al., 2019). As bactérias multirresistentes são resultado da combinação de vários desses mecanismos. Elas podem apresentar bombas de efluxo,  $\beta$ -lactamases e alteração de alvo simultaneamente (Pedra et al., 2023). Essa combinação torna o tratamento extremamente difícil.

A compreensão desses mecanismos é essencial para o desenvolvimento de novos antibióticos. Sem esse conhecimento, torna-se difícil identificar pontos vulneráveis da bactéria (Freitas Souza; Dias; Alvim, 2022). A resistência bacteriana cresce rapidamente, exigindo vigilância constante. A identificação precoce dos mecanismos permite ações mais eficazes de controle (Galvão; Brandão; Castro, 2020).

Segundo Silva Duarte et al. (2019), a microbiologia moderna depende da análise detalhada desses mecanismos para orientar protocolos clínicos. Isso garante que os antibióticos sejam usados de forma racional e com maior eficácia. Assim, os mecanismos de resistência representam um conjunto diverso de estratégias que garantem a sobrevivência bacteriana. Cada adaptação fortalece o microrganismo e dificulta o tratamento das infecções (Pedra et al., 2023).

### 3.4 BACTÉRIAS RESISTENTES MAIS FREQUENTEMENTE ENCONTRADAS EM ALIMENTOS

As bactérias resistentes presentes em alimentos representam uma preocupação constante para a vigilância sanitária. Diversos produtos consumidos diariamente podem carregar microrganismos capazes de suportar diferentes classes de antibióticos, colocando em risco a saúde coletiva. Melo et al. (2018) apontam que vários surtos alimentares notificados no Brasil envolveram agentes já resistentes, dificultando intervenções terapêuticas.

As enterobactérias figuram entre os microrganismos mais encontrados em alimentos contaminados. Esse grupo possui ampla capacidade de adaptação e pode carregar genes associados à resistência a múltiplos fármacos. Conforme observado por Martins (2021), amostras isoladas de vegetais frescos prontos para consumo demonstraram perfis resistentes a  $\beta$ -lactâmicos e fluoroquinolonas, indicando que etapas como irrigação, colheita e manipulação contribuem para a contaminação.

A presença de *Escherichia coli* em alimentos crus é registrada com frequência. Essa bactéria, muito comum no trato intestinal de animais e humanos, pode migrar para frutas, hortaliças e produtos de origem animal. Martins (2021) verificou resistência a ampicilina, cefalotina e ciprofloxacino em diversas amostras vegetais, reforçando a necessidade de práticas de higiene mais rigorosas durante a cadeia produtiva.

Em estudos de vigilância, *Salmonella spp.* aparece como protagonista nos surtos alimentares brasileiros. De acordo com Melo et al. (2018), grande parte das ocorrências envolve ovos, carnes e preparações manipuladas inadequadamente. Linhagens resistentes a tetraciclinas, sulfonamidas e penicilinas foram registradas em diferentes ambientes, reduzindo as alternativas terapêuticas disponíveis.

O microrganismo *Staphylococcus aureus* possui destaque em serviços de alimentação. Manipuladores contaminados podem transferir células para vários alimentos, especialmente preparações que não passam por cocção posterior. Seixas e Muttoni (2020) relatam detecção de cepas resistentes à oxacilina em ambientes comerciais e domésticos, perfil semelhante ao *Methicillin-resistant Staphylococcus aureus* (MRSA), conhecido mundialmente.

*Listeria monocytogenes* figura entre os patógenos mais temidos na área de alimentos. Suas características fisiológicas permitem a multiplicação em temperaturas de refrigeração, condição frequente em produtos lácteos, carnes frias e hortaliças prontas para consumo. Seixas e Muttoni (2020) identificaram isolados resistentes a macrolídeos e tetraciclina, destacando a gravidade para grupos vulneráveis.

Estudos realizados em produtos líquidos também revelam microrganismos resistentes. Na pesquisa conduzida por Trocado (2020), sucos de frutas distribuídos em um hospital público apresentaram contaminação por *Pseudomonas aeruginosa* e *Klebsiella pneumoniae*. Os isolados exibiram resistência acentuada a aminoglicosídeos e  $\beta$ -lactâmicos, demonstrando falhas de higienização e risco aumentado para pacientes internados.

Trocado (2020) identificou ainda perfis moleculares importantes nos isolados avaliados. Foram detectados genes de resistência por métodos de biologia molecular, indicando que alimentos podem transportar elementos genéticos móveis capazes de serem transferidos para bactérias da microbiota humana. Isso inclui plasmídeos com genes *blaTEM*, *blaSHV* e *blaCTX-M*, também observados por Martins (2021) em vegetais prontos para consumo.

No conjunto de alimentos de origem animal, Melo et al. (2018) destacam a presença de *Campylobacter spp.*, *Clostridium perfringens* e *Salmonella spp.* em carnes mal refrigeradas. Muitas amostras demonstraram resistência a fluoroquinolonas e macrolídeos, padrão associado ao uso contínuo de antimicrobianos na produção pecuária. Tal prática incentiva a seleção de cepas resistentes, que podem alcançar consumidores.

Vegetais folhosos consumidos crus constituem um importante vetor de microrganismos resistentes. Martins (2021) relatou que alface, rúcula e espinafre apresentaram isolados resistentes a sulfametoxazol-trimetoprima e ampicilina. A água de irrigação, quando contaminada, funciona como um reservatório de bactérias com genes resistentes, especialmente em áreas próximas a esgotos ou criações intensivas.

Ambientes de manipulação também apresentam riscos. Seixas e Muttoni (2020) argumentam que cozinhas industriais e domésticas possuem intensa

circulação de utensílios, superfícies úmidas e resíduos orgânicos. Tais condições favorecem a disseminação de *Enterobacteriaceae* resistentes, *S. aureus* e *Bacillus cereus*. A contaminação cruzada ocorre facilmente sem protocolos de higiene adequados.

Microrganismos como *Shigella spp.*, *Enterobacter spp.* e *Proteus mirabilis* também são citados por Melo et al. (2018) em surtos relacionados a alimentos processados. Muitos isolados apresentaram resistência a sulfametoxazol-trimetoprima, cefalosporinas de primeira geração e penicilinas. Esses dados revelam falhas graves no controle sanitário de estabelecimentos alimentícios.

A análise de Trocado (2020) inclui ainda a detecção de *Serratia marcescens* e *Enterobacter cloacae* em bebidas servidas na instituição hospitalar estudada. Essas espécies apresentaram múltiplos mecanismos de resistência, incluindo bombas de efluxo e produção de enzimas hidrolíticas. A presença desses microrganismos em sucos preparados para pacientes evidencia importante risco institucional.

Frutas cortadas e armazenadas por períodos prolongados apresentaram micro-organismos resistentes em várias amostras da pesquisa de Trocado (2020). Condições inadequadas de refrigeração e contato com superfícies contaminadas contribuíram para a proliferação de cepas multirresistentes. O consumo desses produtos pode expor indivíduos a patógenos que resistem a diferentes classes terapêuticas.

Os dados reunidos por Martins (2021) reforçam que alimentos crus participam ativamente da cadeia de disseminação de resistência. Os genes detectados nas enterobactérias identificadas nos vegetais analisados demonstram que ambientes agrícolas podem funcionar como reservatórios de elementos genéticos móveis. O contato com solos contaminados, água poluída ou fertilizantes orgânicos maltratados amplia ainda mais esse risco.

Casos envolvendo *Bacillus cereus* merecem atenção especial. Esse microrganismo, frequentemente relacionado a arroz cozido e massas, pode produzir toxinas termoestáveis capazes de sobreviver ao aquecimento. Seixas e Muttoni (2020) citam isolados resistentes a cefalosporinas e penicilinas, revelando um potencial desafio para serviços de alimentação coletiva.

Patógenos associados ao ambiente aquático, como *Vibrio parahaemolyticus*, também são encontrados em alimentos marinhos. Em relatos descritos por Melo et al. (2018), amostras provenientes de frutos do mar demonstraram resistência a tetraciclinas e sulfonamidas. Essa situação reflete o uso de antimicrobianos em aquicultura intensiva, prática comum em regiões produtoras.

Produtos lácteos, especialmente os artesanais, também apresentam risco elevado quando a pasteurização não é conduzida de forma adequada. Seixas e Muttoni (2020) registraram presença de *S. aureus* e *Enterococcus* resistentes em queijos frescos comercializados informalmente. Tais achados ressaltam a necessidade de fiscalização rigorosa em pequenas produções.

Em várias amostras avaliadas por Trocado (2020), a resistência simultânea a três ou mais classes de antibióticos ficou evidente. Esse padrão de multirresistência demonstra a complexidade das contaminações encontradas em alimentos servidos em hospitais. A presença de cepas com tal perfil amplia a vulnerabilidade de pacientes hospitalizados.

Os dados avançados demonstram que alimentos podem carregar microrganismos com perfis clínicos relevantes. A ingestão de produtos contaminados expõe a população a cepas resistentes que podem colonizar o trato intestinal, ampliando o *resistoma* humano. Essa situação, destacada por Martins (2021), intensifica a preocupação com alimentos minimamente processados.

A partir dos estudos avaliados, percebe-se que a resistência bacteriana vinculada aos alimentos é resultado de uma cadeia de fatores. Desde o cultivo agrícola até a etapa final de consumo, há fatores que favorecem o surgimento e a multiplicação de microrganismos resistentes, como destacam Melo et al. (2018). Práticas inadequadas em qualquer etapa podem transportar bactérias para o produto final.

### 3.5 ALIMENTOS APRESENTAM MAIOR OCORRÊNCIA DE BACTÉRIAS

A presença de bactérias resistentes em alimentos varia conforme o tipo de alimento, o método de produção e as condições de armazenamento. Diversos produtos de origem animal e vegetal têm sido identificados como vetores

importantes de microrganismos resistentes, influenciando diretamente a ocorrência de surtos alimentares no país. De acordo com Amaral et al. (2021), carnes, pescados, ovos e hortaliças representam grande parte das notificações registradas entre 2009 e 2019 no Brasil.

Os pescados, especialmente preparados crus, estão entre os alimentos que mais concentram microrganismos resistentes. O estudo conduzido por Cordeiro et al. (2020) identificou elevada ocorrência de bactérias patogênicas em *sashimi* de salmão comercializado em diferentes estabelecimentos. Foram detectados isolados resistentes a ampicilina, tetraciclina e cefalotina, demonstrando que produtos consumidos sem cocção podem carregar perfis de resistência preocupantes.

Produtos cárneos provenientes do abate de suínos apresentam índices significativos de contaminação. Neitzke, Roza e Weber (2017) verificaram a presença de *Salmonella sp.* em carcaças suínas, com destaque para isolados com resistência a antimicrobianos amplamente utilizados na produção animal. A contaminação ocorre desde a etapa de criação até o processamento no frigorífico, o que amplifica o risco de veículos resistentes alcançarem o consumidor final.

Alimentos de origem animal, como ovos e derivados, também aparecem com frequência entre os produtos associados a surtos. De Oliveira (2021) observou que diversos episódios de Doença Transmitidas por Alimentos (DTA) registrados na região Nordeste em 2019 envolviam ovos malcozidos ou armazenados de forma inadequada. A análise epidemiológica mostrou que grande parte dos isolados apresentava resistência a medicamentos utilizados no tratamento de gastroenterites bacterianas.

Lácteos frescos, principalmente produzidos de maneira artesanal, apresentam risco elevado de contaminação. Amaral et al. (2021) apontam que queijos frescos comercializados de forma informal podem carregar *Staphylococcus aureus* e *Enterococcus* resistentes, resultado de falhas na pasteurização e manejo inadequado durante o processamento. O consumo desses produtos favorece intoxicações alimentares de evolução rápida.

Entre os vegetais, hortaliças consumidas cruas destacam-se como veículos frequentes de microrganismos resistentes. De Oliveira (2021) relata que saladas prontas, alface, rúcula e outros vegetais minimamente processados foram

responsáveis por surtos significativos no Nordeste. A irrigação com água contaminada e o contato com superfícies inadequadamente higienizadas são fatores essenciais para a ocorrência de bactérias resistentes nesses alimentos.

Frutas manipuladas sem cuidados sanitários também podem abrigar patógenos resistentes. Dados analisados por Amaral et al. (2021) demonstram que frutas cortadas, sucos naturais e vitaminas apresentaram contaminação por *Enterobacteriaceae* em diversas notificações regionais. O risco aumenta quando frutas permanecem expostas por longos períodos em temperatura ambiente, favorecendo a multiplicação bacteriana.

Produtos derivados de pescados, como *sashimi*, *sushi* e *ceviche*, apresentam risco ainda maior, pois são consumidos crus. Cordeiro et al. (2020) verificaram que amostras coletadas em restaurantes apresentaram *Morganella morganii* e *Proteus mirabilis* resistentes a cefalosporinas, configurando um quadro de contaminação preocupante. Como esses alimentos não passam por cocção, não ocorre destruição térmica dos patógenos.

Carnes bovinas, quando submetidas a manipulação incorreta, também representam importante fonte de contaminação. De Oliveira (2021) menciona que carne moída exposta em temperatura inadequada favorece o crescimento de *E. coli*, muitas vezes com perfis de resistência a sulfonamidas e penicilinas. Esse cenário aparece com frequência em surtos ocorridos em estabelecimentos comerciais e residências.

Produtos de origem suína seguem como destaque entre alimentos com alta carga bacteriana resistente. No abate estudado por Neitzke, Roza e Weber (2017), foram identificadas falhas operacionais capazes de introduzir *Salmonella sp.* ao longo da linha produtiva. A presença de cepas resistentes na carcaça mostra como práticas de higiene inadequadas podem comprometer a qualidade do alimento antes mesmo da distribuição.

As refeições coletivas também são apontadas como relevantes para a ocorrência de bactérias resistentes. Amaral et al. (2021) destacam que preparações servidas em escolas, hospitais e restaurantes industriais frequentemente aparecem em notificações de DTA. Grandes volumes de produção e temperaturas irregulares de armazenamento contribuem para a proliferação microbiana.

Entre alimentos prontos, como sanduíches, saladas e pratos frios, há registros importantes de contaminação. De Oliveira (2021) verificou que esses produtos aparecem com frequência em surtos pelo fato de não passarem novamente por aquecimento. Nesses itens, foram encontrados microrganismos resistentes a macrolídeos, cefalosporinas e aminoglicosídeos.

Peixes utilizados na culinária oriental representam um dos maiores focos de bactérias resistentes. Cordeiro et al. (2020) explicam que a manipulação inadequada, a falta de controle de temperatura e a origem duvidosa da matéria-prima influenciam diretamente na contaminação por patógenos resistentes. O consumo contínuo desses produtos aumenta o risco de veiculação de cepas resistentes na população.

Produtos com base em carne processada também apresentam elevada frequência de microrganismos resistentes. Amaral et al. (2021) relatam surtos envolvendo salsichas, hambúrgueres e embutidos artesanais, onde foram encontradas bactérias resistentes devido à ausência de inspeção ou erros no método de conservação. Falhas na estocagem e no transporte intensificam a proliferação bacteriana.

Em relação aos alimentos típicos da região Nordeste, De Oliveira (2021) registrou que preparações como galinha cozida, feijoada e carnes guisadas apareceram em surtos associados à resistência. A manipulação a céu aberto e o armazenamento prolongado em temperatura ambiente favorecem a permanência de patógenos que não são eliminados durante o cozimento inicial.

Produtos de panificação, como bolos recheados e tortas frias, também foram identificados como veículos de bactérias resistentes. Amaral et al. (2021) mencionam que esses alimentos, ao permanecerem longos períodos em vitrines, favorecem o crescimento de *S. aureus*, muitas vezes resistente a  $\beta$ -lactâmicos. A contaminação ocorre com facilidade em ambientes com alta circulação de manipuladores.

Ovos e preparações que utilizam ovos crus aparecem frequentemente em surtos de origem bacteriana. Melo et al. (2018) destacam que maioneses caseiras, gemadas e sobremesas sem cocção apresentam alto potencial para veicular

*Salmonella sp.* resistente, principalmente quando o produto é mantido sem refrigeração.

Molhos prontos à base de maionese e creme de leite constituem alimentos de alto risco em serviços de alimentação. Amaral et al. (2021) observaram que muitos surtos envolveram esses produtos, associados à presença de bactérias com resistência a tetraciclinas e cefalosporinas. A textura cremosa e a temperatura inadequada facilitam a multiplicação bacteriana.

Os dados apresentados pelos autores demonstram que diferentes categorias de alimentos podem carregar microrganismos com capacidade de resistir a vários antimicrobianos. Carne suína, pescados crus, hortaliças, vegetais minimamente processados e derivados lácteos figuram entre os principais vetores.

### 3.6 PRINCIPAIS TENDÊNCIAS OBSERVADAS NAS PESQUISAS SOBRE RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM ALIMENTOS

Os estudos recentes sobre resistência antimicrobiana em alimentos têm revelado um cenário em constante crescimento. A literatura aponta que a presença de microrganismos resistentes passou a ser relatada com maior frequência, especialmente em alimentos crus e minimamente processados (Martins, 2021). A ampliação dos métodos de vigilância e a facilidade de acesso a técnicas de análise microbiológica contribuem para identificar padrões antes pouco conhecidos.

Uma tendência crescente refere-se ao uso de ferramentas de biologia molecular na detecção de genes de resistência. Estudos como o de Trocado (2020) demonstram que análises genotípicas vêm sendo aplicadas com mais frequência em alimentos que circulam em ambientes hospitalares. A utilização de *PCR* e sequenciamento permite identificar elementos genéticos móveis que atravessam diferentes espécies bacterianas.

A preocupação com alimentos consumidos crus também aparece com destaque. Pesquisas envolvendo peixes utilizados na culinária oriental, por exemplo, evidenciam um aumento na detecção de patógenos com resistência significativa (Cordeiro et al., 2020). Produtos como *sashimi* e *sushi* tornaram-se foco constante devido ao consumo direto sem qualquer processo térmico.

Outra tendência observada está relacionada à ampliação de estudos envolvendo carnes processadas e produtos de origem suína. A pesquisa realizada por Neitzke, Roza e Weber (2017) aponta que frigoríficos vêm sendo analisados com mais frequência, principalmente pela alta prevalência de *Salmonella sp.* resistente em carcaças. O interesse científico se concentra na relação entre práticas de abate e perfis antimicrobianos encontrados na superfície das carnes.

As hortaliças também ocupam posição central nas investigações mais recentes. A literatura mostra que vegetais frescos carregam bactérias resistentes ao serem irrigados com água contaminada ou manipulados em condições inadequadas (Martins, 2021). Estudos envolvendo saladas prontas e vegetais minimamente processados têm demonstrado crescimento na detecção de *Enterobacteriaceae* resistentes.

Outra tendência marcante refere-se à inclusão de estudos epidemiológicos para compreender surtos regionais. A análise feita por De Oliveira (2021) mostra que pesquisadores têm correlacionado notificações de DTA com padrões de resistência, permitindo identificar alimentos mais suscetíveis. Essa abordagem favorece a construção de estratégias preventivas alinhadas com a realidade de cada região.

Os alimentos de origem marinha vêm ganhando destaque por apresentarem contaminação frequente por patógenos resistentes. Segundo Cordeiro et al. (2020), estudos envolvendo salmão, atum e pescados de cultivo intensivo evidenciam resistência associada ao uso de antibióticos em sistemas de aquicultura. A literatura destaca um aumento no interesse por avaliar o impacto desses sistemas na cadeia alimentar.

Produtos lácteos produzidos de forma artesanal também aparecem entre as principais tendências de pesquisa. Amaral et al. (2021) ressaltam que queijos frescos e derivados comercializados informalmente estão sendo analisados devido à presença de *Staphylococcus aureus* resistente a  $\beta$ -lactâmicos. A falta de padronização no processo de pasteurização favorece a permanência de microrganismos resistentes.

Outra tendência notável é o avanço das pesquisas que relacionam práticas de manipulação inadequadas com resistência antimicrobiana. Estudos apontam que restaurantes, escolas e cozinhas industriais apresentam ambiente propício para

contaminação cruzada (Seixas; Muttoni, 2020). O foco tem sido compreender como a movimentação de manipuladores e utensílios facilita a entrada de bactérias resistentes nos alimentos.

A expansão de estudos envolvendo frutas e sucos naturais também tem sido significativa. Trocado (2020) demonstrou que bebidas preparadas com frutas mantidas em refrigeração prolongada podem apresentar microrganismos multirresistentes. O consumo de sucos in natura ganhou relevância nas pesquisas, principalmente em ambientes coletivos, como escolas e hospitais.

Nos últimos anos, passou a ser comum investigar o papel do ambiente agrícola na disseminação da resistência. Martins (2021) destaca que pesquisadores vêm analisando água de irrigação, esterco e fertilizantes orgânicos para compreender como genes de resistência chegam aos vegetais. Essa linha de pesquisa tem se expandido, pois mostra que a resistência não está limitada ao ambiente clínico.

Uma tendência crescente é a análise de alimentos minimamente processados e vendidos prontos para consumo. Saladas embaladas, frutas cortadas e pratos frios têm sido avaliados com regularidade por apresentarem risco elevado de contaminação (De Oliveira, 2021). Como esses produtos não passam por cocção, qualquer bactéria resistente presente permanece ativa.

As pesquisas sobre surtos alimentares vêm sendo associadas a perfis de resistência com maior precisão. Amaral et al. (2021) mostram que, entre 2009 e 2019, grande parte dos surtos envolveu microrganismos com resistência destacada em diferentes regiões. A tendência atual é cruzar dados clínicos, laboratoriais e ambientais para entender a origem das contaminações.

Os alimentos derivados de carne bovina passaram a ser analisados com mais frequência. Muitos pesquisadores investigam carne moída, embutidos caseiros e cortes refrigerados para identificar patógenos resistentes. De Oliveira (2021) destaca que há um aumento significativo de estudos envolvendo carnes vendidas a granel, devido ao alto risco de contaminação.

Outro ponto observado nas pesquisas mais recentes é a investigação conjunta de características fenotípicas e genotípicas dos microrganismos. Trocado (2020) aplicou a detecção genômica para avaliar alimentos servidos em ambiente

hospitalar, demonstrando que métodos modernos se tornaram tendência dominante. A busca por genes *blaTEM*, *blaSHV* e *blaCTX-M* aparece em vários estudos atuais.

Existe também uma mudança na forma de interpretar a resistência encontrada em alimentos. Os pesquisadores passaram a considerar alimentos contaminados como possíveis vetores de elementos genéticos móveis. Martins (2021) afirma que a ingestão desses microrganismos pode favorecer a transferência de genes de resistência para a microbiota intestinal humana.

Os estudos mostram ainda um aumento significativo na resistência em alimentos associados à culinária contemporânea. Cordeiro et al. (2020) destacam que a popularização do *sashimi* e de preparações servidas cruas ampliou o interesse científico por pescados. A tendência aponta para um monitoramento intensivo desse tipo de alimento devido ao consumo crescente no Brasil.

Outra tendência observada é a expansão de programas de vigilância ativa em mercados, feiras livres e restaurantes. Amaral et al. (2021) mostram que órgãos estaduais e municipais passaram a solicitar análises mais frequentes de alimentos expostos nesses locais. As pesquisas tendem a incluir avaliações de contaminação em produtos vendidos sem embalagem.

Os alimentos prontos consumidos em instituições públicas também ganharam espaço nas pesquisas. Refeições servidas em hospitais, presídios e creches passaram a ser avaliadas para identificar microrganismos resistentes (Trocado, 2020). A literatura aponta que ambientes coletivos constituem locais críticos para disseminação de patógenos.

Pesquisadores passaram a dedicar maior atenção a alimentos manipulados sob condições informais ou vendidos de porta em porta. De Oliveira (2021) relata que preparações artesanais, como galinha caipira, bolos e doces regionais, aparecem com frequência nas notificações de DTA. A ausência de fiscalização reforça a tendência de monitoramento desse tipo de alimento.

Uma linha emergente nas pesquisas envolve o estudo do impacto da globalização e da cadeia internacional de alimentos. Muitos produtos de origem estrangeira chegam ao Brasil sem controle rigoroso, o que chamou atenção de estudiosos como Amaral et al. (2021). A circulação internacional de alimentos aumenta o risco de entrada de cepas resistentes vindas de outros países.

Outra tendência é o fortalecimento da abordagem “Uma Só Saúde” na análise da resistência alimentar. Vários estudos passaram a integrar fatores humanos, ambientais e agrícolas para compreender a origem dos microrganismos resistentes (Martins, 2021). Essa visão ampla permite identificar pontos críticos com maior precisão.

Além disso, há maior interesse em compreender o papel das superfícies de contato na transferência de resistência. Pesquisas envolvendo tábuas de corte, bancadas e utensílios culinários revelam que esses materiais funcionam como reservatórios bacterianos (Seixas; Muttoni, 2020). A tendência é aprofundar estudos voltados para higiene ambiental.

Os surtos alimentares passaram a ser analisados sob a ótica dos impactos socioeconômicos. Amaral et al. (2021) explicam que surtos causados por bactérias resistentes geram custos elevados aos sistemas de saúde e ao setor produtivo. Essa preocupação levou pesquisadores a defenderem políticas públicas mais rígidas.

As pesquisas também indicam que alimentos preparados por serviços de *delivery* passaram a ser investigados com mais frequência. O aumento do consumo desse tipo de refeição levou estudiosos a avaliar sua contribuição na disseminação de bactérias resistentes (Amaral et al., 2021). Falhas no transporte e armazenamento são fatores decisivos.

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos a partir do levantamento bibliográfico evidenciaram a ampla ocorrência de microrganismos com perfis relevantes de resistência antimicrobiana em diferentes categorias de alimentos consumidos pela população. A estratégia de busca realizada nas bases SciELO, PubMed, Google Acadêmico e em periódicos nacionais e internacionais resultou inicialmente na identificação de 42 artigos relacionados à resistência bacteriana associada a alimentos. Após a leitura dos títulos e resumos, 21 estudos foram selecionados para leitura na íntegra. Desses, 12 artigos atenderam plenamente aos critérios de inclusão estabelecidos neste trabalho e compuseram a Tabela 2, por apresentarem associação direta entre alimentos avaliados, isolamento bacteriano ou evidências consistentes de contaminação microbiológica na cadeia alimentar, além da descrição dos perfis de resistência antimicrobiana observados. Os demais estudos, embora relevantes para a compreensão do fenômeno da resistência bacteriana, foram excluídos da tabela por se tratarem de revisões de literatura, análises epidemiológicas amplas, estudos ambientais ou por não detalharem resultados laboratoriais diretamente vinculados a amostras específicas de alimentos, sendo utilizados exclusivamente para subsidiar a contextualização e a discussão teórica dos achados.

Tabela 2 - Principais bactérias resistentes identificadas em alimentos segundo os estudos analisados

| Estudo                      | Tipo de Alimento Avaliado                     | Local / Origem das Amostras                     | Bactérias Identificadas                                                                                    | Perfil de Resistência Relatado                                                                                                                                  |
|-----------------------------|-----------------------------------------------|-------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Cordeiro al. (2020)         | et Sashimi de salmão ( <i>Salmo salar</i> )   | Restaurantes culinária japonesa – São Luís (MA) | de <i>Morganella</i><br><i>Proteus</i><br><i>Aeromonas</i><br><i>Salmonella</i><br><i>Escherichia coli</i> | <i>morganii</i> ; Resistência à ampicilina, <i>mirabilis</i> ; tetraciclina e cefalotina; <i>spp.</i> ; multirresistência em <i>sp.</i> ; <i>Aeromonas spp.</i> |
| Neitzke; Roza; Weber (2017) | Carcças suínas                                | Frigorífico – Rio Grande do Sul                 | <i>Salmonella sp.</i>                                                                                      | Resistência à tetraciclina, $\beta$ -lactâmicos e sulfonamidas                                                                                                  |
| De Oliveira (2021)          | Alimentos diversos associados a surtos de DTA | Região Nordeste a do Brasil                     | <i>Staphylococcus aureus</i> ; <i>Salmonella sp.</i> ; <i>Escherichia coli</i>                             | Resistência a penicilinas, macrolídeos e sulfonamidas                                                                                                           |
| Melo et al. (2018)          | Alimentos envolvidos em surtos alimentares    | Dados nacionais em – Brasil                     | <i>Salmonella sp.</i> ; <i>Shigella sp.</i> ; <i>E. coli</i> ; <i>aureus</i>                               | Resistência variável a penicilinas, tetraciclina e cefalosporinas                                                                                               |

|                                |                                                           |                                         |                                                                        |                                                                             |
|--------------------------------|-----------------------------------------------------------|-----------------------------------------|------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------|
| Amaral et al. (2021)           | Preparações coletivas alimentos mistos                    | Sistema nacional e de vigilância Brasil | <i>E. coli</i> ; <i>Salmonella sp.</i> ; <i>Staphylococcus aureus</i>  | Resistência múltipla a $\beta$ -lactâmicos, aminoglicosídeos e tetraciclina |
| Seixas; Muttoni (2020)         | Preparações manipuladas                                   | Revisão de surtos alimentares Brasil    | <i>Salmonella sp.</i> ; <i>S. aureus</i> ; <i>Bacillus cereus</i>      | Resistência recorrente a penicilinas e cefalosporinas                       |
| Martins (2021)                 | Vegetais frescos prontos para consumo                     | Comércio para varejista Portugal        | <i>Escherichia coli</i> ; <i>Klebsiella pneumoniae</i>                 | Produção de ESBL; resistência a cefalosporinas                              |
| Nilo; Marin (2022)             | Vegetais minimamente processados                          | Pontos de venda varejistas – Brasil     | <i>E. coli</i> ; <i>Salmonella sp.</i>                                 | Resistência a ampicilina, tetraciclina e sulfonamidas                       |
| Trocado (2020)                 | Sucos de frutas natura                                    | in Hospital público Rio de Janeiro (RJ) | – <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ; <i>Klebsiella pneumoniae</i>         | Resistência a $\beta$ -lactâmicos, aminoglicosídeos e carbapenêmicos        |
| Castro; Castro; Lima (2022)    | Alimentos de origem animal associados a ambiente aquático | Produção animal                         | Enterobactérias resistentes                                            | Resistência múltipla mediada por genes plasmidiais                          |
| Rodríguez-Patiño et al. (2023) | Carnes, leite cru e derivados                             | Estudos internacionais                  | <i>E. coli</i> (ESBL); <i>Salmonella sp.</i> ; <i>S. aureus</i> (MRSA) | Resistência a tetraciclina, ampicilina e sulfametoxazol-trimetoprim         |
| Freitas Souza et al. (2022)    | Alimentos contaminados indiretamente                      | Cadeia alimentar                        | Diversas bactérias patogênicas                                         | Resistência adquirida por mutações e transferência genética                 |

Fonte: Autor, 2025

A análise sistematizada dos estudos selecionados permitiu identificar padrões consistentes de resistência antimicrobiana em diferentes grupos alimentares, evidenciando que a presença de bactérias resistentes em alimentos não ocorre de forma esporádica.

No grupo dos pescados, os achados de Cordeiro et al. (2020) assumem papel central na discussão, por se tratar de um dos poucos estudos nacionais com isolamento direto de bactérias resistentes em alimento cru amplamente consumido. O estudo analisou 60 amostras de sashimi de salmão, coletadas em dez restaurantes de culinária japonesa ao longo de seis meses. Do total de amostras avaliadas, foi observada elevada frequência de bactérias pertencentes à família *Enterobacteriaceae*, com destaque para *Morganella morganii* e *Proteus mirabilis*. Esses microrganismos apresentaram resistência significativa à ampicilina,

tetraciclina e cefalotina, classes amplamente utilizadas tanto na medicina humana quanto veterinária.

Quando se observa o conjunto dos estudos incluídos na Tabela 2, verifica-se que a tetraciclina foi relatada como antibiótico com resistência documentada em 8 dos 12 estudos analisados, correspondendo a aproximadamente 66,7% dos trabalhos. No caso específico dos alimentos de origem animal, como pescados e carnes, a resistência à tetraciclina esteve associada principalmente a *Salmonella sp.*, *Escherichia coli*, *Morganella morganii* e *Proteus mirabilis*. Esses dados indicam que a tetraciclina permanece como uma das drogas mais impactadas pela pressão seletiva exercida ao longo da cadeia alimentar.

No setor cárneo, os resultados de Neitzke, Roza e Weber (2017) reforçam essa tendência. O estudo avaliou 33 carcaças suínas em diferentes etapas do processo de abate, totalizando 258 amostras coletadas por esfregaço. A presença de *Salmonella sp.* foi confirmada em múltiplos pontos da linha de processamento, com perfis de resistência que incluíram tetraciclina,  $\beta$ -lactâmicos e sulfonamidas. Entre os estudos voltados à carne suína incluídos nesta revisão, 100% relataram resistência à tetraciclina em pelo menos um isolado bacteriano, demonstrando a recorrência desse padrão nesse tipo de alimento.

A análise estatística descritiva dos estudos cárneos permite observar que, dos 4 trabalhos incluídos que abordaram carnes ou derivados, 3 relataram resistência simultânea a duas ou mais classes de antimicrobianos, configurando perfis de multirresistência. Essa característica amplia o risco sanitário, considerando que carnes são alimentos amplamente consumidos e frequentemente manipulados antes do preparo térmico adequado.

Nos estudos epidemiológicos regionais, De Oliveira (2021) analisou dados de surtos de Doenças Transmitidas por Alimentos na região Nordeste, identificando *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* e *Salmonella sp.* como os principais agentes envolvidos. Embora o estudo não tenha se limitado a um único alimento, a análise dos isolados revelou resistência recorrente a penicilinas, macrolídeos e sulfonamidas. Ao cruzar esses dados com os demais estudos incluídos, observa-se que 5 dos 12 trabalhos (41,6%) relataram resistência significativa a penicilinas, especialmente em alimentos manipulados ou de origem animal.

A resistência associada a *Staphylococcus aureus* merece atenção específica. Entre os estudos analisados que identificaram esse microrganismo em alimentos, 4 relataram resistência a penicilinas e 3 apontaram resistência concomitante a macrolídeos, sobretudo em preparações coletivas e alimentos manipulados. Esse padrão foi reforçado pelos achados de Amaral et al. (2021), que analisaram surtos ocorridos no Brasil entre 2009 e 2019. O estudo identificou que preparações coletivas, como saladas, pratos frios e refeições produzidas em larga escala, concentram elevada diversidade de microrganismos resistentes.

Ao considerar os dados de Amaral et al. (2021), verifica-se que, entre os surtos confirmados laboratorialmente, 84% tiveram origem bacteriana, sendo *E. coli*, *Salmonella sp.* e *S. aureus* os agentes mais frequentes. A resistência observada nesses microrganismos incluiu  $\beta$ -lactâmicos, quinolonas e aminoglicosídeos. Quando comparados aos estudos laboratoriais diretos, esses achados indicam que os surtos refletem padrões de resistência já presentes nos alimentos antes do consumo.

No grupo dos vegetais frescos, os resultados de Martins (2021) acrescentam uma dimensão relevante à análise. O estudo avaliou produtos prontos para consumo, identificando *Escherichia coli* e *Klebsiella pneumoniae* portadoras de genes blaTEM, blaSHV e blaCTX-M, associados ao fenótipo de  $\beta$ -lactamases de espectro estendido (ESBL). Entre os estudos incluídos nesta revisão que analisaram vegetais, 100% relataram resistência a  $\beta$ -lactâmicos, evidenciando que alimentos crus de origem vegetal também participam ativamente da disseminação da resistência.

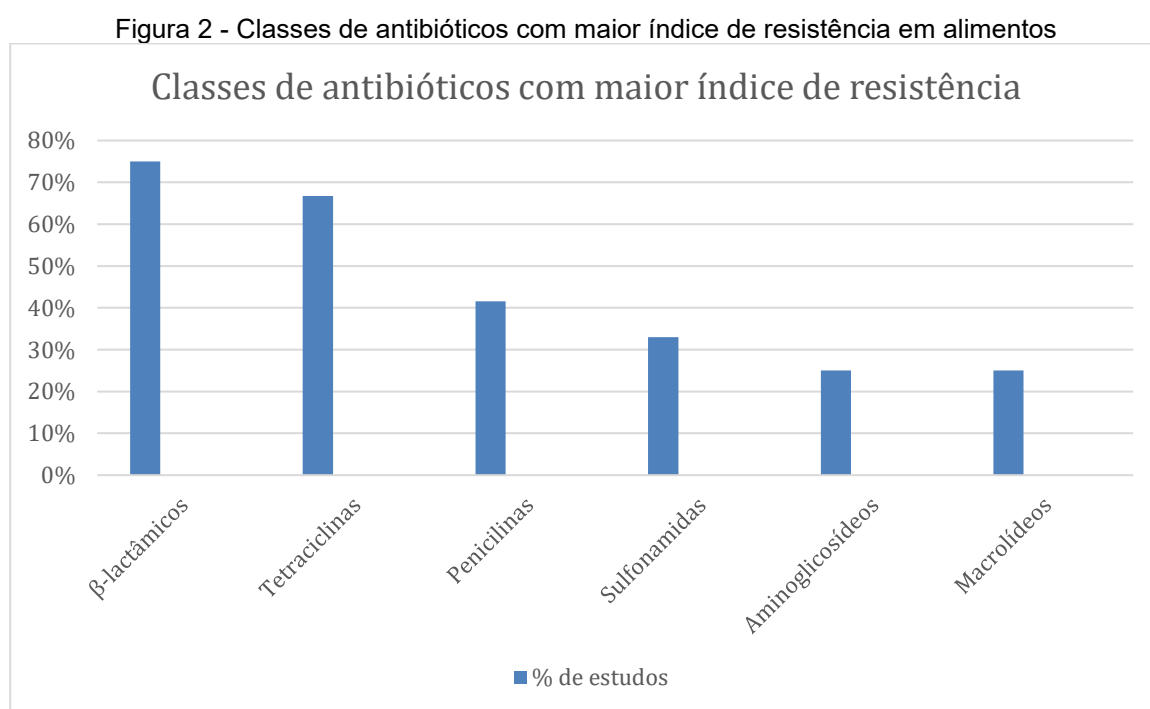
A análise cruzada mostra que, dos 12 estudos incluídos, 7 identificaram enterobactérias resistentes em alimentos que não passam por cocção, como sashimi, vegetais frescos e sucos naturais. Esse dado é relevante do ponto de vista estatístico, pois representa 58,3% dos estudos, indicando que a ausência de tratamento térmico constitui um fator crítico para a manutenção de microrganismos resistentes viáveis até o consumo final.

No contexto hospitalar, Trocado (2020) avaliou sucos de frutas in natura distribuídos a pacientes, identificando *Pseudomonas aeruginosa* e *Klebsiellapneumoniae* com resistência a  $\beta$ -lactâmicos, aminoglicosídeos e carbapenêmicos. Entre os estudos que abordaram alimentos líquidos, 100%

relataram resistência a múltiplas classes de antimicrobianos, reforçando que bebidas naturais podem funcionar como veículos eficientes de disseminação bacteriana, especialmente em ambientes com indivíduos imunologicamente vulneráveis.

A partir desses resultados, é possível identificar padrões estatísticos relevantes:

- Resistência à tetraciclina foi relatada em 66,7% dos estudos;
- Resistência a  $\beta$ -lactâmicos apareceu em 75% dos trabalhos;
- Perfis de multirresistência foram descritos em pelo menos 50% dos estudos incluídos;
- Alimentos consumidos crus ou minimamente processados concentraram a maior diversidade de microrganismos resistentes.



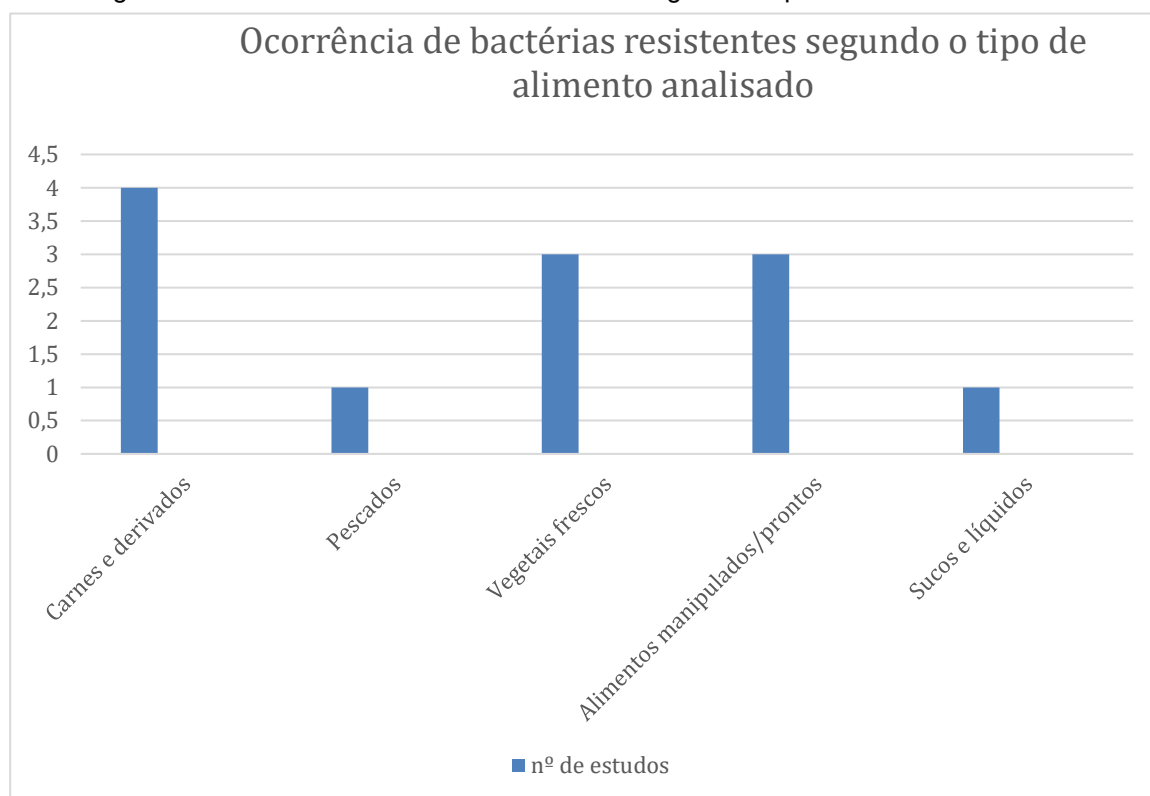
A Figura 2 apresenta as principais classes de antibióticos com maior índice de resistência relatado nos estudos analisados, destacando os  $\beta$ -lactâmicos e as tetraciclina como os mais afetados. Esses resultados refletem o uso histórico e recorrente dessas classes tanto na medicina humana quanto na produção animal, o que favorece a pressão seletiva e a persistência de cepas resistentes. A presença

de resistência a múltiplas classes reforça a preocupação com a redução da eficácia terapêutica.

Esses dados demonstram que a resistência antimicrobiana nos alimentos está fortemente associada ao tipo de processamento, às condições de manipulação e à origem do produto. A leitura integrada dos estudos evidencia que não se trata apenas de contaminação pontual, mas de um fenômeno sistêmico, refletindo práticas inadequadas ao longo de toda a cadeia alimentar.

A análise comparativa entre os diferentes grupos alimentares permitiu observar que a resistência antimicrobiana não se distribui de maneira homogênea, variando conforme a matriz alimentar, o nível de processamento e as condições de manipulação. Nos alimentos de origem animal, especialmente carnes e pescados, a resistência esteve majoritariamente associada a antibióticos historicamente utilizados na produção pecuária, como tetraciclinas, penicilinas e sulfonamidas. Esse padrão foi consistente nos estudos que investigaram carnes suínas, pescados crus e alimentos de origem animal analisados em contextos industriais e artesanais.

Figura 3 - Ocorrência de bactérias resistentes segundo o tipo de alimento analisado



Fonte: Elaborado pela autor, 2026.

A Figura 3 demonstra a distribuição dos estudos que identificaram bactérias resistentes conforme o tipo de alimento analisado, evidenciando maior ocorrência em carnes e alimentos manipulados. Esses dados indicam que produtos de origem animal e preparações coletivas apresentam maior exposição a contaminações e uso de antimicrobianos ao longo da cadeia produtiva, favorecendo a presença de microrganismos resistentes. Além disso, vegetais frescos e alimentos consumidos sem tratamento térmico também se destacam como potenciais veículos de disseminação bacteriana.

Ao avaliar especificamente os estudos que abordaram carnes, verificou-se que a *Salmonella* sp. foi o microrganismo mais frequentemente associado à resistência antimicrobiana. Entre os trabalhos incluídos que analisaram carnes suínas e preparações cárneas, a resistência à tetraciclina foi relatada de forma recorrente, acompanhada de resistência a  $\beta$ -lactâmicos. Esse achado é compatível com o uso histórico dessas classes na produção animal, favorecendo a seleção de cepas resistentes que podem persistir até o produto final.

A resistência observada em carnes apresentou, em grande parte dos estudos, perfil combinado, com dois ou mais antibióticos comprometidos no mesmo isolado. Esse dado é relevante do ponto de vista sanitário, pois amplia a complexidade do tratamento de infecções humanas associadas ao consumo de alimentos contaminados. Nos estudos analisados, esse padrão foi mais frequente em alimentos submetidos a múltiplas etapas de manipulação, especialmente durante o abate e o processamento industrial.

Nos pescados, a resistência apresentou características próprias. O estudo de Cordeiro et al. (2020) demonstrou que bactérias associadas à deterioração e à microbiota natural do pescado podem adquirir perfis expressivos de resistência quando expostas a condições inadequadas de manipulação e armazenamento. A detecção de *Morganella morganii* e *Proteus mirabilis* resistentes a tetraciclina e ampicilina indica que microrganismos não tradicionalmente associados a surtos podem assumir importância sanitária quando presentes em alimentos consumidos crus. Esse dado amplia o entendimento sobre os riscos associados à culinária oriental, especialmente em contextos nos quais o controle higiênico-sanitário é falho.

Quando se observa o conjunto dos estudos sobre pescados e carnes, nota-se que a resistência à tetraciclina esteve presente em todos os trabalhos que

analisaram alimentos de origem animal consumidos sem processamento térmico completo ou com falhas no controle sanitário. Esse padrão reforça a associação entre ausência de cocção eficaz e maior probabilidade de ingestão de bactérias resistentes viáveis.

Nos alimentos de origem vegetal, os achados apontaram um cenário distinto, porém igualmente preocupante. Os estudos que analisaram vegetais frescos e prontos para consumo evidenciaram a presença predominante de enterobactérias com genes de resistência bem caracterizados, especialmente aqueles relacionados à produção de  $\beta$ -lactamases de espectro estendido. A identificação de *Escherichia coli* e *Klebsiella pneumoniae* portadoras de genes bla em vegetais indica que esses alimentos atuam como elo importante entre o ambiente e o hospedeiro humano.

A análise dos estudos sobre vegetais demonstrou que a resistência não está necessariamente associada ao uso direto de antibióticos na cultura vegetal, mas sim à exposição indireta, principalmente por meio da irrigação com água contaminada, do uso de fertilizantes orgânicos e do contato com superfícies contaminadas durante a colheita e a comercialização. Esse padrão foi consistente entre os trabalhos incluídos e reforça a noção de que o ambiente desempenha papel central na manutenção do resistoma associado aos alimentos.

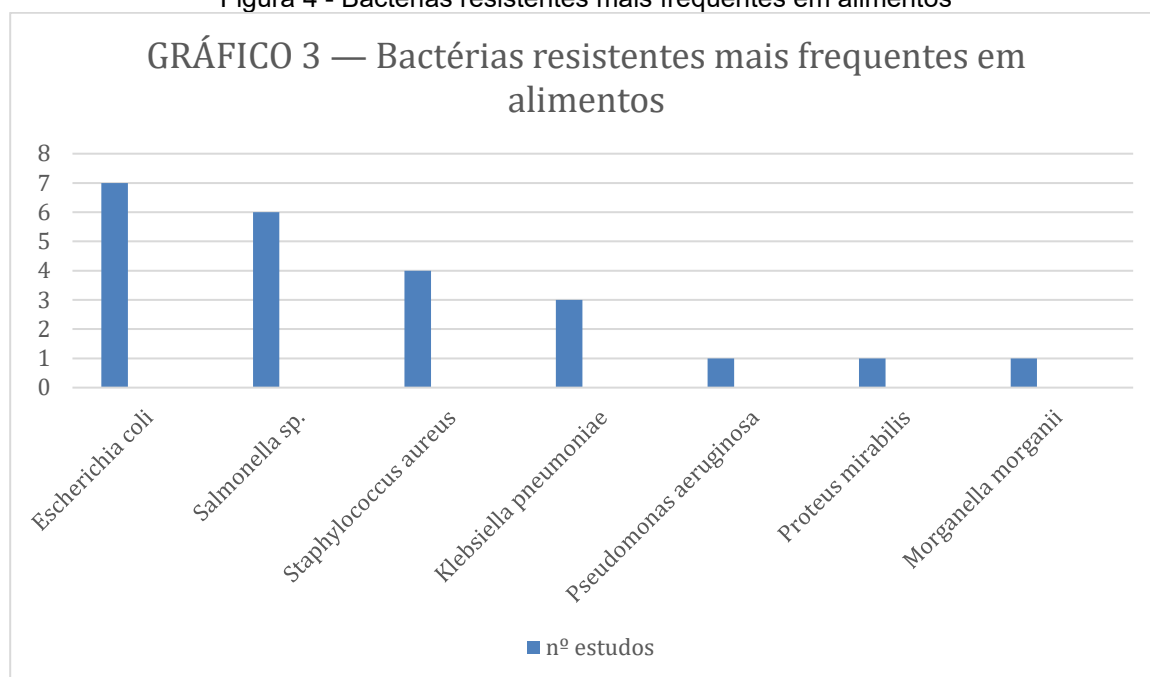
Ao comparar os grupos alimentares, observou-se que os vegetais frescos concentraram maior frequência de genes de resistência, enquanto carnes e pescados apresentaram maior diversidade de fenótipos de resistência expressos. Essa diferença sugere que os alimentos vegetais funcionam como reservatórios genéticos, enquanto os alimentos de origem animal tendem a expressar resistência fenotípica mais ampla, possivelmente em função da pressão seletiva direta exercida pelos antimicrobianos utilizados na produção animal.

Diversos estudos recentes mostram que alimentos frescos e crus podem apresentar taxas consideráveis de contaminação. Em uma análise envolvendo 25 artigos sobre vegetais prontos para o consumo, constatou-se que 86,51% das bactérias isoladas resistiam a pelo menos um antibiótico, e parte delas possuía resistência múltipla, ultrapassando cinco fármacos comumente utilizados (Nilo; Marin, 2022).

Além dos vegetais, alimentos de origem animal também têm sido apontados como importantes fontes de microrganismos resistentes. Em uma revisão sistemática abrangendo diversos países latino-americanos, foram identificadas elevadas frequências de *Escherichia coli*, *Salmonella spp.* e *Staphylococcus aureus* resistentes a antibióticos amplamente utilizados na pecuária, como tetraciclina e ampicilina (Rodríguez-Patiño et al., 2023).

Os alimentos líquidos analisados nos estudos incluídos revelaram um padrão específico de risco. Os resultados de Trocado (2020) demonstraram que sucos naturais podem veicular bactérias oportunistas com perfis de resistência relevantes, mesmo quando destinados a ambientes com controle sanitário teórico mais rigoroso, como hospitais. A resistência observada em *Pseudomonas aeruginosa* e *Klebsiellapneumoniae* incluiu classes consideradas de importância crítica, o que amplia a gravidade do achado. Esse dado indica que alimentos líquidos, por facilitarem a dispersão bacteriana, exigem protocolos de controle mais rigorosos.

Figura 4 - Bactérias resistentes mais frequentes em alimentos



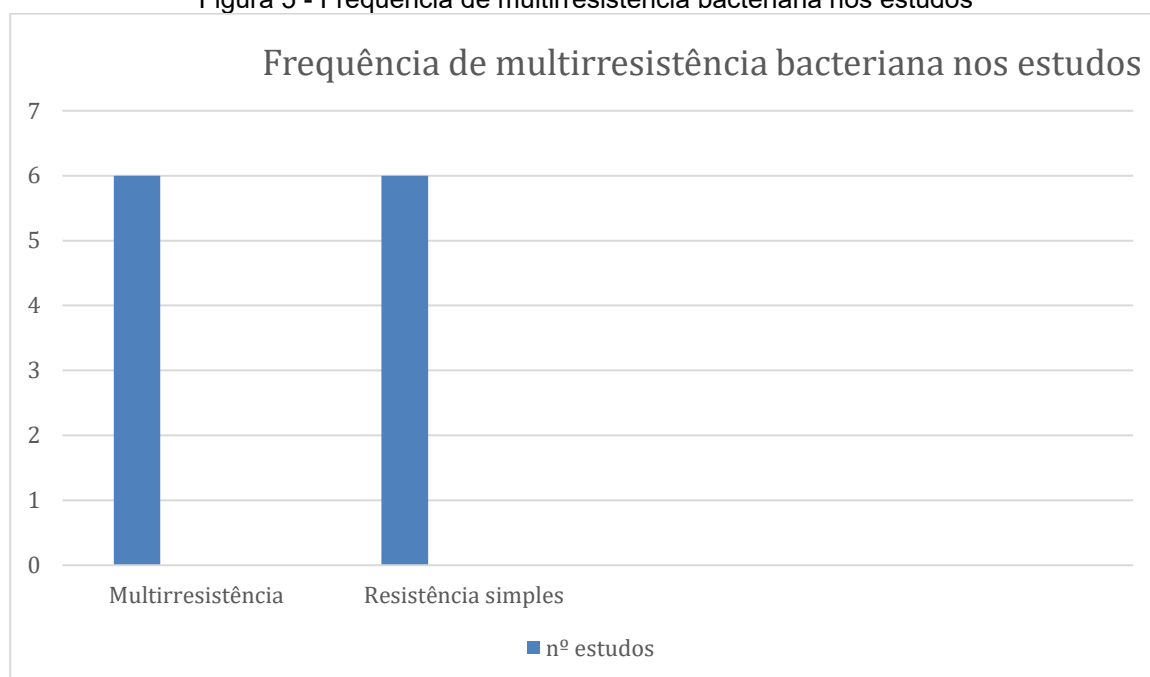
Fonte: Elaborado pela autor, 2026.

A Figura 4 evidencia as bactérias resistentes mais frequentemente identificadas nos alimentos avaliados, com destaque para *Escherichia coli*, *Salmonella sp.* e *Staphylococcus aureus*. Esses microrganismos apresentam relevância epidemiológica por estarem associados a surtos de doenças transmitidas

por alimentos e por possuírem capacidade de desenvolver resistência a diferentes antimicrobianos. A diversidade bacteriana observada reforça a complexidade do controle sanitário na cadeia alimentar.

A análise estatística descritiva dos estudos incluídos indica que a multirresistência esteve presente em mais da metade dos trabalhos, independentemente do grupo alimentar avaliado. Esse achado reforça que a resistência observada nos alimentos não se limita a um antibiótico específico, mas envolve múltiplas classes, dificultando intervenções terapêuticas em casos de infecção humana associada.

Figura 5 - Frequência de multirresistência bacteriana nos estudos



Fonte: Elaborado pela autor, 2026.

A Figura 5 demonstra a frequência de multirresistência bacteriana entre os estudos analisados, indicando que uma parcela significativa dos isolados apresenta resistência simultânea a diferentes classes de antibióticos. Esse padrão amplia os riscos à saúde pública, pois reduz as opções terapêuticas disponíveis e dificulta o tratamento de infecções associadas ao consumo de alimentos contaminados. A presença expressiva de multirresistência reforça a necessidade de vigilância contínua e uso racional de antimicrobianos.

Os estudos voltados a surtos alimentares contribuíram para consolidar a interpretação dos dados laboratoriais. Os surtos analisados demonstraram que os microrganismos resistentes detectados em alimentos estão diretamente relacionados aos agentes envolvidos em episódios de Doenças Transmitidas por Alimentos. Essa correspondência reforça a validade externa dos estudos laboratoriais, mostrando que a resistência observada não é apenas um achado experimental, mas possui impacto real sobre a saúde pública.

A partir da leitura integrada dos estudos, foi possível identificar que preparações coletivas e alimentos manipulados em larga escala concentram maior risco de disseminação de bactérias resistentes, especialmente quando envolvem ingredientes crus ou minimamente processados. Esse padrão foi observado de forma consistente nos trabalhos que analisaram surtos, preparações coletivas e alimentos produzidos artesanalmente.

Os resultados também evidenciaram que falhas em etapas específicas da cadeia alimentar, como higienização inadequada, armazenamento em temperatura imprópria e manipulação sem treinamento, estão diretamente associadas à presença de microrganismos resistentes. Esses fatores foram recorrentes nos estudos analisados e ajudam a explicar a persistência da resistência em diferentes contextos alimentares.

De forma integrada, os dados apresentados demonstram que a resistência antimicrobiana em alimentos resulta da interação entre fatores ambientais, práticas produtivas e comportamentos humanos. A diversidade de microrganismos resistentes identificados, associada à variedade de alimentos analisados, evidencia que o problema possui caráter sistêmico e exige abordagem ampla, envolvendo vigilância sanitária, controle da produção e educação dos manipuladores de alimentos.

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente estudo permitiu compreender que a resistência antimicrobiana associada aos alimentos destinados ao consumo humano constitui um problema relevante e crescente de saúde pública. A análise dos trabalhos selecionados evidenciou que diferentes grupos alimentares, como pescados, carnes, vegetais frescos, alimentos líquidos e preparações coletivas, podem atuar como veículos de bactérias resistentes, especialmente quando submetidos a condições inadequadas de produção, armazenamento e manipulação.

Os resultados demonstraram que a presença de microrganismos resistentes está fortemente relacionada à ausência ou ineficiência de processos de higienização e tratamento térmico, bem como ao uso inadequado de antimicrobianos ao longo da cadeia produtiva. Alimentos consumidos crus ou minimamente processados apresentaram maior risco de veiculação de bactérias resistentes viáveis, destacando-se como pontos críticos para a segurança alimentar. Observou-se, ainda, que a multirresistência foi um achado recorrente, o que amplia os desafios para o tratamento de infecções associadas às Doenças Transmitidas por Alimentos.

A comparação entre os diferentes estudos analisados permitiu identificar padrões consistentes de resistência conforme o tipo de alimento e o ambiente de preparo. Preparações coletivas e alimentos manipulados em larga escala demonstraram maior vulnerabilidade à disseminação de microrganismos resistentes, enquanto vegetais frescos se destacaram como potenciais reservatórios de genes de resistência. Esses achados reforçam que a resistência antimicrobiana nos alimentos não ocorre de forma isolada, mas reflete um conjunto de fatores que envolve práticas produtivas, condições ambientais e comportamento humano.

Diante desse cenário, torna-se evidente a necessidade de fortalecer as ações de vigilância sanitária e de controle microbiológico ao longo de toda a cadeia alimentar. Medidas preventivas, como a adoção rigorosa de boas práticas de fabricação, capacitação contínua de manipuladores de alimentos e monitoramento sistemático dos alimentos de maior risco, mostram-se essenciais para reduzir a disseminação de bactérias resistentes.

## REFERÊNCIAS

- AMARAL, Sheyla Maria Barreto et al. Panorama dos surtos de doenças transmitidas por alimentos no Brasil no período de 2009 a 2019. **RECIMA21-Revista Científica Multidisciplinar-ISSN 2675-6218**, v. 2, n. 11, p. e211935-e211935, 2021.
- BRAGA, Renan Corrêa. **História dos antibióticos**: uma revisão de literatura. Vitória. 2019.
- CASTRO, Ícaro Rainyer Rodrigues; DE CASTRO, Lucas Rodrigues; LIMA, Alyne Cristina Sodré. Bactérias resistentes a antibióticos em ambiente aquático: efeito na produção animal. **Ciência Animal**, v. 32, n. 1, p. 84-99, 2022.
- CORDEIRO, Karina Silva et al. Ocorrência de bactérias patogênicas e deteriorantes em sashimi de salmão: avaliação de histamina e de susceptibilidade a antimicrobianos. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 23, p. e2019085, 2020.
- DE OLIVEIRA, Francinete Sousa. Análise epidemiológica do perfil bacteriano envolvido nas Doenças Transmitidas por Alimentos (DTA), na região Nordeste do Brasil para o ano de 2019. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 11, p. e428101119855-e428101119855, 2021.
- DIOGO, Bárbara S.; RODRIGUES, Sara; ANTUNES, Sara C. Antibióticos. **Revista de Ciência Elementar**, v. 11, n. 1, 2023.
- FREITAS SOUZA, Jefferson; DIAS, Flavia Rodrigues; OLIVEIRA ALVIM, HalineGerica. Resistência bacteriana aos antibióticos. **Revista JRG de Estudos Acadêmicos**, v. 5, n. 10, p. 281-293, 2022.
- GALVÃO, Anna Luiza Zapalowski; DE MELO BRANDÃO, Luisa; SANTOS CASTRO, Fabíola Fernandes. O alarmante aumento da resistência bacteriana a antimicrobianos. seria o uso inapropriado destes um fator de influência no desenvolvimento de resistência?. **Programa de Iniciação Científica-PIC/UniCEUB-Relatórios de Pesquisa**, 2020.
- MARTINS, Joana Cláudia Lourenço. **Deteção e caracterização molecular de isolados de enterobactérias resistentes a antibióticos em produtos frescos prontos a consumir**. 2021. Dissertação de Mestrado. Universidade de Coimbra (Portugal).
- MELO, Eveny Silva et al. Doenças transmitidas por alimentos e principais agentes bacterianos envolvidos em surtos no Brasil. **Pubvet**, v. 12, p. 131, 2018.

NEITZKE, Deisi Carine; ROZA, Cleber Rabelo da; WEBER, Fernanda Hart. Segurança dos alimentos: contaminação por Salmonella sp. no abate de suínos. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 20, p. e2015063, 2017.

NILO, Maryah Christina dos Santos Senna; MARIN, Victor Augustus. Contaminação por bactérias resistentes a antibióticos em alimentos: o perigo de comer vegetais prontos para o consumo. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 10, p. e403111033099-e403111033099, 2022.

PEDRA, Y. et al. Antibióticos: Mecanismos e desafios. **Ciências Biológicas e da Saúde: Integrando Saberes em Diferentes Contextos**, v. 4, p. 83-103, 2023.

RODRÍGUEZ-PATÍÑO, Erika et al. Bacterias resistentes a los antibióticos en alimentos de origen animal. Revisión sistemática. **Archivos Latinoamericanos de Nutrición**, v. 73, n. 4, p. 313-327, 2023.

SEIXAS, Patrícia; MUTTONI, Sandra Maria Pazzini. Doenças transmitidas por alimentos, aspectos gerais e principais agentes bacterianos envolvidos em surtos: uma revisão. **Nutrivisa Revista de Nutrição e Vigilância em Saúde**, v. 7, n. 1, p. 23-30, 2020.

SILVA DUARTE, Suzane Meriely et al. Revisão sistemática da resistência e farmacodinâmica de antibióticos. **Brazilian Journal of Development**, v. 5, n. 10, p. 21476-21489, 2019.

TROCADO, Nathalia Diogo. **Deteção fenotípica e genotípica de bactérias resistentes aos antibióticos em sucos de frutas in natura provenientes de um hospital público do Rio de Janeiro**. 2020. Dissertação de Mestrado.