www.revistaft.com.br

Revista FT | ISSN 1678-0817 | v. 30, n. 163, 2026 | DOI: 10.69849/hek1gz56

Resistência bacteriana: mecanismos e impactos em ambientes de saúde com ênfase na *Escherichia coli*

Bacterial resistance: mechanisms and impacts in healthcare settings with emphasis on *Escherichia coli*

Isadora de Sousa Muniz[1]
Julia Neiva de Amorim[1]
Louyse Lyandra Lima Garrido[1]
Maria Fernanda Guimarães Veloso[1]
Michely Laiany Vieira Moura (Orientadora)[2]

RESUMO

A resistência bacteriana é uma grande preocupação no âmbito da saúde pública, com ênfase na *Escherichia coli* pela prevalência de β-lactamases de espectro estendido (ESBLs), tornando o microrganismo predominante neste problema mundial. O estudo teve como objetivo analisar os mecanismos de resistência antimicrobiana da *Escherichia coli* e seus impactos na saúde. Trata-se de uma revisão integrativa, descritiva-exploratória, com mecanismos de buscas nas bases de pesquisas Pubmed, Scielo, Science Direct nos períodos de 2016 a 2026, em português e inglês. Enfatizam os processos de resistência bacteriana são gerados pelo uso descontrolado de antibióticos, mutações e aquisição de genes em elementos genéticos, enzimas inativadoras. Em crianças saudáveis, observou-se a transmissão de bactérias resistentes e persistência prolongada de clones produtores de ESBL em uma creche. A distribuição dos genes de β-lactamases variou conforme a região e a resistência foi mais expressiva em isolados hospitalares. Os impactos incluem aumento da morbidade, da mortalidade e do tempo de internação. Conclui-se que a resistência de *E. coli* ultrapassa o âmbito clínico e exige vigilância epidemiológica, diagnóstico adequado, uso racional de antimicrobianos e medidas de prevenção e controle de infecções.

Palavras-chave: *Escherichia coli*. Resistência antimicrobiana. β-lactamases de espectro estendido. Saúde pública. Vigilância epidemiológica.

ABSTRACT

Bacterial resistance is a major public health concern, with emphasis on *Escherichia coli* due to the prevalence of extended-spectrum β-lactamases (ESBLs), which make it one of the predominant microorganisms in this worldwide problem. This study aimed to analyze the mechanisms of antimicrobial resistance and their impacts on healthcare settings. This is an integrative, descriptive-exploratory review, with searches in the PubMed, SciELO, and ScienceDirect databases from 2016 to 2026, in Portuguese and English. The studies show that bacterial resistance is driven by the uncontrolled use of antibiotics, mutations, the acquisition

[1] Discentes do Curso de Bacharelado em Biomedicina do Centro Universitário Afya Uninovafapi Teresina – Teresina, PI, Brasil.
[2] Docente (Profa. Dra.) do Centro Universitário Afya Uninovafapi Teresina – Teresina, PI, Brasil.

of genes through mobile genetic elements, and the production of inactivating enzymes. In healthy children, the transmission of resistant bacteria in a day care center and the prolonged persistence of ESBL-producing clones in the community were observed. The distribution of β-lactamase genes varied by region, and resistance was more pronounced in hospital isolates. The impacts include increased morbidity, mortality, and length of hospital stay. It is concluded that *E. coli* resistance goes beyond the clinical setting and requires epidemiological surveillance, adequate diagnosis, rational use of antimicrobials, and infection prevention and control measures.

Keywords: *Escherichia coli*. Antimicrobial resistance. Extended-spectrum β-lactamases. Public health. Epidemiological surveillance.

1 INTRODUÇÃO

A descoberta da Penicilina em 1928 foi um marco importante na saúde, antimicrobiano responsável por inibir e combater bactérias e infecções que afetam a população. Fármaco que inibe o crescimento das bactérias e fungos, diminuindo taxas de mortalidades e infecções graves. Diante do uso inadequado e recorrente contribuem para o aumento da resistência bacteriana, um problema na saúde que vem crescendo no decorrer dos anos (Oliveira; Pereira; Zamberlam, 2020).

A resistência bacteriana (RAM) é a capacidade que microrganismos possuem de desenvolverem mecanismos de defesa que os permitem reduzir ou impedir a ação de diferentes antibióticos (Rodrigues *et al*., 2025). Embora seja um fenômeno evolutivo natural, seu desenvolvimento e sua disseminação são acelerados pela automedicação, o uso irracional ou incorreto de medicamentos, sendo fatores que podem favorecer o surgimento de bactérias resistentes (Silva *et al*., 2022).

Atualmente, a resistência bacteriana é um problema que preocupa a saúde pública. Isso acontece pois diminui a eficácia dos tratamentos e dificulta o controle de diversas infecções bacterianas. Com isso, infecções que antes eram tratadas de forma mais simples podem se tornar mais difíceis de controlar, aumentando as chances de complicações e até de mortalidade (Haldar *et al.,* 2024).

Os fatores que contribuem para a resistência são adquiridos ou intrínsecos, os intrínsecos são características naturais como genes de codificadores de resistência, que tornam certos antibióticos ineficazes. Já, os adquiridos são gerados por fatores do uso descontrolado dos antibióticos e mutação genética mediada por plasmídeos, transposons e integrons que podem ser transmitidos.

A *Escherichia coli* é uma bactéria que pertence à microbiota natural, mas apresentam patógenos que caracterizam infecções intestinais, como resistência aos tratamentos com

antibióticos, causando muitas mortalidades e dificuldade no sucesso dos tratamentos (Peñaloza Piña e Aspiazu Hinostroza, 2021).

Possui alta plasticidade genômica, possibilitando sua sobrevivência por um longo período, as cepas podem ser consequência de doenças intestinais. Diferenciadas pelo tempo e local que causam a infecção. Sendo elas, *E. coli* diarreogênica (DEC), *E. coli* enterotoxigenada (ETEC), *E. coli* enteropatogênica (EPEC) (Santos *et al.,* 2020).

O tema do presente trabalho é a resistência bacteriana e impactos na saúde pública com ênfase em *Escherichia coli*. Justifica-se que a abordagem desta temática, pelos altos índices de resistência bacteriana, preocupando e afetando a saúde pública. Assim, o foco na bactéria *E. coli* se destaca pela sua resistência a antimicrobianos de carácter intrínsecos, permitindo-os analisar e reconhecer seus mecanismos de resistência, evolução, diagnóstico e tratamento adequado para combater os fatores que lesam a saúde pública.

A pesquisa tem como objetivo geral analisar a relação entre os mecanismos de resistência antimicrobiana de *Escherichia coli* e os impactos em ambientes de saúde, especialmente na produção das β-lactamases de espectro estendido (ESBLs). E os objetivos específicos, atender os principais mecanismos de resistência da *Escherichia coli*, entender os principais impactos da resistência bacteriana de *Escherichia coli* para a saúde pública, compreender quais são os desafios na saúde pública, abrangendo os mecanismos genéticos das cepas, desafios no tratamento e diagnóstico e as medidas de controle de infecção.

2 ARTIGO

2.1 INTRODUÇÃO

A *Escherichia coli* pertence à família Enterobacteriaceae e caracteriza-se como um bacilo Gram-negativo. As bactérias pertencentes a esse grupo podem apresentar motilidade mediada por flagelos móveis ou imóveis, distribuídos ao redor da célula, denominados flagelos peritríquios (Faula *et al*., 2015). Apresentam patógenos que caracterizam cada doença pelo seu fator de virulência, diferenciando-os, como *E. coli* Enteropatogênica (EPEC), *E. coli* enteroinvasora (EIEC), *E. coli* enterotoxigênica (ETEC), *E. coli* enteroagregativa (EAEC), *E. coli* difusivamente aderente (DAEC), *E. coli* enterohemorrágica (EHEC) (Rosa *et al*., 2016).

Nesse contexto, os mecanismos de resistência são considerados fatores de sobrevivência para a célula bacteriana, é uma forma desse microrganismo se adaptar a condições não comuns formando cepas de bactérias resistentes, as bactérias estão em constante evolução, partindo desse ponto de vista, a resistência é um fator natural que garante

a sobrevivência de uma determinada espécie, travando uma corrida entre bactérias e antibióticos, microrganismo tentando sobreviver e antibióticos retraindo infecções causadas por bactérias patogênicas, podemos separar esses mecanismos em dois segmentos importantes. (Alves *et al.,* 2021)

Dessa forma, podendo ser adquirida como resultado de mutações que podem ocorrer durante a replicação celular ou serem induzidas por intermédio de agentes mutagênicos como radiações ionizantes e não ionizantes, agentes alquilantes ou espécies reativas de oxigênio adquirida pela aquisição de material genético exógeno anteriormente presente em outros micro-organismo que contenham genes de resistência que são propagados por meio de mecanismos de transferência gênica horizontal (Costa *et al.,* 2016).

As bactérias gram-negativas produzem β-lactamases de espectro estendido (ESBLs), que é um dos tipos de β-lactamases codificadas por genes plasmidiais como o CTX-M, que apresenta muitas variantes e produtos de tradução que conferem resistência a todas as penicilinas e cefalosporinas de terceira geração, mas não as cefamicinas e carbapenêmicos (Blair *et al.,* 2015). Havendo registrado em literatura a ocorrência de mais de 180 produzem β-lactamases de espectro estendido (ESBLs) identificadas, que são comumente detectadas em *Escherichia coli* e outras bactérias da família Enterobacteriaceae (Blair *et al.,* 2015).

A *E. coli* é capaz de adquirir genes de resistência presentes em elementos genéticos móveis, como plasmídeos, o que explica por que bactérias com o mesmo perfil genômico podem apresentar diferentes fenótipos de resistência (Poirel *et al.,* 2018). Devido a essa capacidade, a bactéria pode adquirir resistência a diferentes grupos de medicamentos, sendo os principais ampicilina e a amoxicilina, o ciprofloxacino e outras fluoroquinolonas, as cefalosporinas de terceira geração, o trimetoprim-sulfametoxazol e os carbapenêmicos (Nasrollahian *et al.,* 2024).

Atualmente, a resistência bacteriana é um problema preocupante para a saúde pública. Isso acontece pois diminui a eficácia dos tratamentos e dificulta o controle de diversas infecções bacterianas. Com isso, infecções que antes eram tratadas de forma mais simples podem se tornar mais difíceis de controlar, aumentando as chances de complicações e até de mortalidade (Haldar *et al.,* 2024).

2.2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.2.1 Escherichia coli enteropatogênica

A *Escherichia coli* é uma bactéria não patogênica, encontrada no trato intestinal ou patogênica sendo adquirida pela ingestão de água e alimentos contaminados acometendo muitas infecções. *E. coli* enteropatogênica foi descoberta em 1940, uma das causas de diarreias em crianças menores de 5 anos, podendo ser divididas em dois fatores a EPEC-t e a EPEC-a, na qual a EPEC típica (EPEC-t) é identificada pela presença de gene eae (EPEC attaching and effacing) e plasmídio EAF (EPEC adherence factor), já a EPEC-a não apresenta o plasmídio EAF, associada a maiores quadros de diarreias presentes em seres humanos e alimentos (De Oliveira Souza *et al.,* 2016).

A patogenicidade da *Escherichia coli* enteropatogênica (EPEC) está principalmente relacionada à capacidade de promover a lesão do tipo A/E (*attaching and effacing*) nas células epiteliais intestinais. Patogênese essa, relacionada à virulência bacteriana. Entre esses genes, destacam-se o *ler*, a regulação transcricional, os genes *esp*, relacionados à produção de proteínas do sistema de secreção do tipo III. o *tir* (*translocated intimin receptor*), que codifica o receptor da intimina. E o *eae*, associado à produção da intimina, uma importante adesina bacteriana (De Oliveira Souza *et al.,* 2016).

2.2.1.1 E. coli Enteroinvasora (EIEC)

A *Escherichia coli* enteroinvasora (EIEC) é o principal agente que causa infecção gastrointestinal causada por bactérias que geram uma intensa inflamação em crianças acima de cinco anos e adultos. A principal disseminação desse agente infeccioso estaria relacionada a via fecal-oral, podendo também ocorrer por meio do consumo de água e alimentos contaminados, bem como pela contaminação cruzada durante sua manipulação. Os sintomas e sinais da infecção são inicialmente diarreia, febre, calafrios, vômitos e cefaleia. O processo sintomático inicia após a absorção de alimentos ou água contaminada onde atinge a mucosa do cólon intestinal. (Santos, 2016).

2.2.1.2 E. coli Enterotoxigênica (ETEC)

A *Escherichia coli* enterotoxigênica (ETEC) é causada pela infecção pela contaminação da água e alimentos, afetando crianças e viajantes. Os fatores de virulência que ajudam na aderência da bactéria, envolvem a colonização do intestino delgado e produção de

enterotoxinas LT e ST caracterizadas como toxinas oligoméricas que provocam a perda da água e de eletrólitos (Cestari *et al.,* 2016).

2.2.1.3 Escherichia coli enteroagregativa

A *E. coli* enteroagregativa responsável pela inflamação da mucosa intestinal, havendo presença ou não de sintomas, agente infeccioso causador de diarreias agudas em crianças e adultos pessoas imunocomprometidas. As manifestações clínicas envolvem dores abdominais, diarreia, vômitos e febre, fator que ocorre pelo aumento da secreção da mucosa, acúmulo de células inflamatórias. (Braga, 2017).

2.2.1.4 Escherichia coli Enterohemorrágica

E. coli Enterohemorrágica (EHEC), indivíduos expostos à bactéria por meio do consumo de alimentos contaminados, principalmente pela ingestão de carne mal cozida e leite não pasteurizado contaminados pelo material fecal. Os fatores de virulência para a aderência dos hospedeiros nas cepas envolvem a presença de PO157 e Shiga-toxinas que envolvem a mucosa por meio das fímbrias por terem maior catalização das subunidades A e B. (Rosa *et al.,* 2016).

2.2.2 Resistência Bacteriana

O desenvolvimento da resistência está relacionado ao processo natural de adaptação das bactérias, mas pode ser intensificado pelo uso inadequado dos antimicrobianos. Quando esses medicamentos são utilizados de maneira desnecessária, em doses incorretas ou por períodos inadequados, ocorre uma pressão seletiva que favorece a sobrevivência das bactérias resistentes. Essas bactérias podem continuar se multiplicando e transmitir os genes responsáveis pela resistência para outras bactérias (Dardy *et al.*, 2023).

Outro fator importante é a capacidade de algumas bactérias de adquirir genes de resistência por meio da transferência horizontal de material genético. Esse processo possibilita que características de resistência sejam compartilhadas entre diferentes bactérias, favorecendo a disseminação de microrganismos resistentes. Plasmídeos, transposons e outros elementos genéticos móveis podem participar desse processo, contribuindo para o aumento da resistência bacteriana (Dardy *et al.*, 2023).

A Organização Mundial da Saúde (OMS) reconhece a resistência aos antimicrobianos como uma ameaça importante à saúde mundial. Em sua lista de patógenos bacterianos prioritários publicada em 2024, os Enterobacterales resistentes às cefalosporinas de terceira

geração foram classificados como grupo de prioridade crítica. Nesse grupo estão incluídas cepas de *Escherichia coli* resistentes a esses antimicrobianos, o que demonstra a importância dessa bactéria no cenário atual da resistência antimicrobiana (WHO, 2024).

Além de dificultar o tratamento das infecções, a resistência bacteriana pode levar à necessidade de utilização de medicamentos alternativos, que nem sempre apresentam a mesma eficácia ou podem estar associados a maior risco de efeitos adversos. Por esse motivo, a identificação dos mecanismos de resistência é importante para auxiliar na escolha adequada do tratamento e para acompanhar a disseminação desses microrganismos.

2.2.2.1 Medidas de prevenção e controle da resistência antimicrobiana

A resistência aos antimicrobianos é um problema mundial que põe em risco a segurança da saúde da população e exige respostas nos níveis local, nacional e global, pois, como consequência, muitos tratamentos têm se tornado ineficazes. Por se tratar de um fenômeno multifatorial, o enfrentamento da resistência bacteriana requer diferentes estratégias de prevenção e controle. Nesse contexto, destacam-se medidas como o uso racional de antibióticos, o uso de biomarcadores e a redução da prescrição e do consumo desnecessário de antimicrobianos (Araújo *et al.,* 2022).

2.2.2.2 Fatores relacionados ao uso inadequado de antibióticos e à resistência antimicrobiana

Os antibióticos são medicamentos essenciais no combate às infecções bacterianas, contribuindo significativamente para o tratamento e o controle de diversas doenças. Entretanto, seu uso indevido e abusivo ao longo das décadas, incluindo a utilização de doses e períodos de tratamento inadequados, tem exercido pressão seletiva sobre as populações bacterianas, favorecendo o surgimento e a disseminação de microrganismos resistentes (Salam *et al.,* 2023).

A ausência de orientação adequada quanto à necessidade do medicamento, à dose e à duração do tratamento pode levar ao uso irregular dos antibióticos. Entre essas práticas, destacam-se a interrupção do tratamento antes do período recomendado, o uso de medicamentos remanescentes de tratamentos anteriores e o compartilhamento de antibióticos com outras pessoas (Nammi *et al.,* 2025).

Para além da automedicação, a prescrição inadequada de antibióticos também está relacionada ao avanço da resistência antimicrobiana, constituindo um fator relevante no cenário global. Profissionais de saúde, sobretudo em países em desenvolvimento, enfrentam

sobrecarga de trabalho, tempo reduzido e limitações no acesso a ferramentas diagnósticas, fatores que podem dificultar a tomada de decisões terapêuticas e comprometer o uso racional dos medicamentos (Nammi *et al.,* 2025).

A utilização de antimicrobianos de amplo espectro em ambientes hospitalares para o tratamento de infecções também representa uma preocupação de saúde pública, especialmente quando empregada de forma inadequada, pois pode tornar o manejo terapêutico das infecções mais complexo, reduzir as opções de tratamento e contribuir para o aumento da mortalidade, além de favorecer a disseminação de bactérias resistentes em diferentes contextos epidemiológicos.

Esse cenário pode ser agravado por falhas ao longo da cadeia do cuidado, como a prescrição e a dispensação inadequadas, que expõem os patógenos aos medicamentos sem necessidade clínica; a baixa adesão dos pacientes ao tratamento prescrito, que favorece a proliferação de microrganismos tolerantes; e o uso de antibióticos de qualidade inadequada, que resulta em concentrações subterapêuticas e estimula a seleção de cepas resistentes (Oliveira *et al.,* 2019).

2.2.2.3 Estratégias para otimizar a prescrição e o diagnóstico

Alinhada às diretrizes da Organização Mundial da Saúde (OMS) e aos compromissos assumidos pelos países membros da Organização das Nações Unidas (ONU) para a contenção da Resistência Microbiana (RM) na saúde humana e animal, a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (Anvisa) publicou a Diretriz Nacional para Elaboração de Programa de Gerenciamento do Uso de Antimicrobianos em Serviços de Saúde. O documento busca orientar o estabelecimento de estratégias institucionais eficazes para a promoção do uso racional de antimicrobianos, tanto na atenção básica quanto na assistência hospitalar, em todo o território nacional (Brasil, 2023).

Os Programas de Gerenciamento do Uso de Antimicrobianos (PGUA), internacionalmente conhecidos como Antimicrobial Stewardship Programs (ASP), são formados por equipes interdisciplinares dedicadas a promover a utilização racional desses fármacos no sistema de saúde. O propósito central dessas iniciativas consiste em maximizar a eficácia dos resultados clínicos e a segurança do paciente, reduzindo, paralelamente, intercorrências indesejadas, como a ocorrência de reações tóxicas, a seleção de cepas resistentes e a elevação dos custos assistenciais (Baroudi, 2015).

Na última década, tais programas, habitualmente liderados por médicos e farmacêuticos infectologistas, consolidaram-se em ambientes hospitalares ao focar na

adequação da prescrição médica. Contudo, a abordagem contemporânea expandiu esse escopo para combater causas primárias do uso inadequado, incorporando estratégias de gestão diagnóstica. Essas práticas buscam otimizar a indicação e a interpretação de testes microbiológicos, fundamentando decisões terapêuticas mais assertivas para conter o avanço da resistência bacteriana (Ku *et al.,* 2023).

Nesse cenário, a otimização diagnóstica assume papel crítico no manejo de infecções causadas por *Escherichia coli*, agente prevalente tanto em quadros comunitários como nas infecções do trato urinário quanto em infecções hospitalares graves. A dependência histórica de condutas terapêuticas iniciais, somada ao extenso tempo de resposta dos métodos de cultura convencionais, frequentemente resulta no uso inadequado de fluoroquinolonas e cefalosporinas.

Assim, a implementação de ferramentas diagnósticas de alta precisão e resposta rápida, aliada à identificação de perfis de resistência em estágios iniciais como as beta-lactamases de espectro estendido (ESBL), viabiliza a adequação terapêutica precocemente. Esse alinhamento entre o diagnóstico assertivo e a prescrição guiada é indispensável para conter a pressão seletiva sobre a *E. coli* e minimizar seus impactos na saúde pública (Castanheira; Simner; Bradford, 2021).

2.2.2.4 Vigilância da resistência antimicrobiana

A vigilância constante de bactérias e outros agentes resistentes é o principal fator para conter a circulação dessas ameaças no ambiente hospitalar (Ribeiro; Lentz; Barcella, 2025). Nesse cenário, a Organização Mundial da Saúde (OMS) lidera os esforços globais para prevenir e combater a resistência antimicrobiana por meio do Plano de Ação Global sobre Resistência Antimicrobiana (GAP-AMR) em 2026 a 2036. O plano visa preservar a eficácia dos tratamentos em humanos, animais e plantas, ampliando o acesso equitativo e o uso racional de antimicrobianos, além de reduzir infecções sob a perspectiva da Saúde Única. (World Health Organization, 2026).

Nesse contexto, a *Escherichia coli* apresenta importância para a vigilância da resistência antimicrobiana, uma vez que já compõe programas estabelecidos de monitoramento da RAM em humanos e animais e também pode ser utilizada como indicador das pressões humanas sobre o ambiente. Sua utilização na vigilância ambiental apresenta vantagens, como a possibilidade de comparação entre dados resultantes das análises humana e animal, o custo relativamente baixo das análises e a facilidade de implementação, além da existência de protocolos estabelecidos para seu isolamento e caracterização. Ademais,

métodos baseados em cultivo permitem a detecção e a caracterização de *E. coli* resistente aos antimicrobianos, podendo contribuir para o acompanhamento de sua disseminação e para a investigação de possíveis vias de transmissão entre humanos, animais e ambiente (Anjum *et al.,* 2021).

2.2.3 Impactos da resistência bacteriana na saúde pública

As infecções hospitalares constituem um importante problema de saúde pública, sendo caracterizadas por infecções adquiridas durante a assistência à saúde, podendo manifestar-se durante a internação ou após a alta hospitalar. Essa problemática apresenta maior impacto em países de baixa e média renda, nos quais limitações relacionadas à infraestrutura hospitalar, à educação em saúde e ao gerenciamento adequado de antimicrobianos podem contribuir para o aumento das taxas de morbidade e mortalidade (Harun *et al.*, 2022; Abukhalil *et al.*, 2024). Além disso, a ocorrência dessas infecções está diretamente relacionada à resistência bacteriana, especialmente diante do uso inadequado e excessivo de antimicrobianos, fator que pode favorecer a seleção e disseminação de microrganismos resistentes, além de contribuir para o aumento dos custos hospitalares e do período de internação (Sartelli *et al*., 2024).

Nesse contexto, o impacto da resistência antimicrobiana nas infecções hospitalares configura-se como um problema de relevância global, uma vez que compromete a eficácia dos tratamentos disponíveis e contribui para o aumento da morbidade, mortalidade, dos custos hospitalares e do tempo de internação. A análise dos estudos disponíveis evidencia a complexidade desse cenário e ressalta a necessidade de estratégias integradas para a prevenção, controle e tratamento das infecções por microrganismos resistentes. Em contrapartida, pesquisas como as de Petrakis *et al.,* (2023) e Elton *et al*., (2023) apontam para o agravamento da resistência durante a pandemia de COVID-19, associado, entre outros fatores, ao uso indiscriminado de antibióticos e à sobrecarga dos sistemas de saúde. (Silva *et al., 2*025)

2.2.3.1 Dificuldade no tratamento das infecções

No contexto dos impactos ocasionados pela resistência bacteriana, evidencia-se que a presença de microrganismos resistentes compromete a efetividade da terapêutica antimicrobiana, dificultando o tratamento das infecções e tornando o manejo clínico mais complexo. Essa problemática apresenta maior relevância em ambientes hospitalares, sobretudo em unidades de terapia intensiva (UTIs) e setores neonatais, nos quais os pacientes apresentam maior vulnerabilidade às infecções. Nesse sentido, estudos demonstram a

ocorrência de diferentes perfis de resistência nesses ambientes, representando um importante desafio para a assistência à saúde e para o controle das infecções. (Lima *et al., 2*023) e (Costa *et al., 2*024)

2.2.3.2 Aumento dos custos hospitalares

No contexto hospitalar, a resistência bacteriana constitui um relevante desafio para a assistência à saúde, uma vez que infecções provocadas por microrganismos resistentes podem contribuir para o agravamento do quadro clínico e para o prolongamento do período de internação. Nesses casos, frequentemente são necessários tratamentos mais prolongados e a utilização de antimicrobianos de última linha, os quais podem apresentar maior custo e maior potencial para ocorrência de efeitos adversos. Dessa maneira, além de comprometer a efetividade da terapêutica e dificultar o manejo clínico, a resistência bacteriana também ocasiona impactos econômicos relevantes, aumentando a demanda por recursos e os custos associados à assistência hospitalar (Dornelas *et al.,* 2024).

2.2.3.3 Aumento da morbidade e mortalidade

A dimensão da resistência antimicrobiana pode ser observada por meio de dados epidemiológicos que demonstram seus impactos em escala mundial. Segundo estimativas, em 2019, aproximadamente 4,95 milhões de óbitos estiveram associados à resistência antimicrobiana, sendo cerca de 1,27 milhão diretamente relacionados a infecções provocadas por bactérias resistentes aos antibióticos. Esses dados evidenciam a relevância da resistência antimicrobiana como importante ameaça à saúde global, tendo repercussões significativas sobre os sistemas de saúde e sobre a qualidade de vida da população (Murray *et al.,* 2022).

Além dos impactos já observados, projeções apontam para um possível agravamento desse cenário nas próximas décadas. Na ausência de medidas efetivas para prevenção e controle, estima-se que a resistência antimicrobiana possa estar relacionada a até 10 milhões de mortes anuais até 2050. Diante dessa perspectiva, instituições internacionais, como a Organização Mundial da Saúde, têm destacado a necessidade de fortalecer ações voltadas ao uso racional de antimicrobianos, à vigilância da resistência e ao incentivo à pesquisa e ao desenvolvimento de novos agentes terapêuticos (Salam *et al.,* 2023).

2.2.3.4 Disseminação de bactérias multirresistentes

A resistência bacteriana pode ser desenvolvida por meio de diferentes mecanismos biológicos que permitem às bactérias sobreviver à ação dos antimicrobianos. Entre os

principais mecanismos estão a produção de enzimas capazes de inativar ou modificar os antibióticos, alterações nos sítios de ação dos fármacos, redução da permeabilidade da membrana celular e a atuação de bombas de efluxo, responsáveis pela expulsão dos antimicrobianos do interior da célula bacteriana. A atuação desses mecanismos reduz a eficácia dos tratamentos e favorece a sobrevivência e a seleção de bactérias resistentes, contribuindo, consequentemente, para a disseminação da resistência entre diferentes populações e espécies bacterianas (Dalmolin *et al., 2*022).

2.3 METODOLOGIA

Trata-se de uma revisão integrativa, descritivo-exploratória. O tema Resistência bacteriana: Mecanismos e impactos em ambientes de saúde com ênfase na *Escherichia coli*. A pesquisa partiu da seguinte questão: Qual a relação entre os mecanismos de resistência antimicrobiana de *Escherichia coli* e os impactos nos ambientes de saúde?"

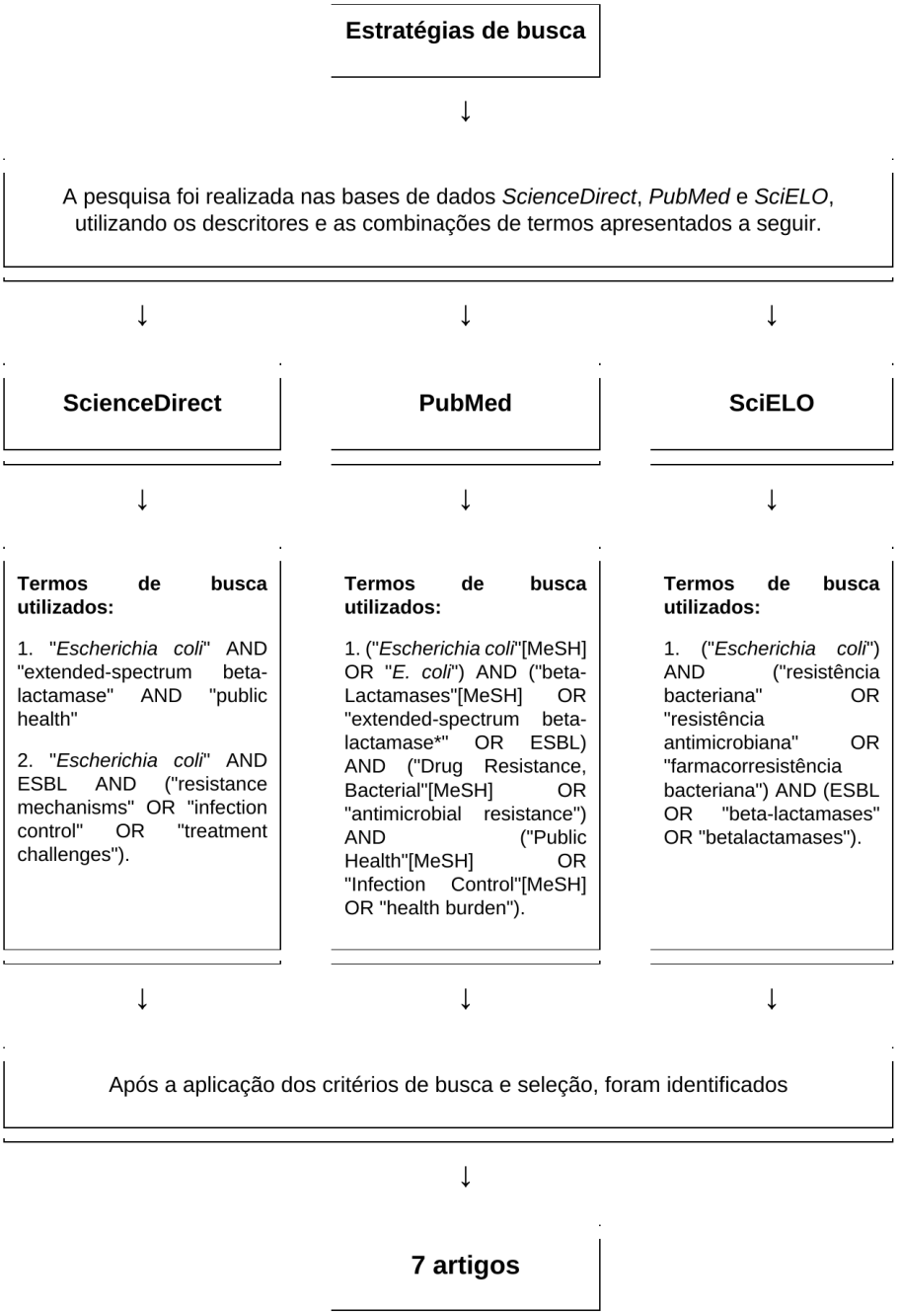
Foi realizado um levantamento bibliográfico, nas plataformas de pesquisas científicas SCIELO (Scientific Electronic Library Online), PubMed (National Center for Biotechnology Information/Publicações Médicas) e Science Direct, em artigos publicados nos anos de 2016 a 2026, em língua portuguesa e inglesa.

A busca estruturada validada no MESH e Decs, utilizou as seguintes palavras-chave: Resistência Bacteriana, Saúde Pública e seus impactos, *E. coli* (*Escherichia coli*), Mecanismos de resistência, Tratamentos e Diagnósticos. Adotou-se como critérios de elegibilidade trabalhos que possuíam relevância na temática, sendo considerados estudos que abordassem os mecanismos de resistência bacteriana, incluindo alterações genéticas, transferência horizontal de genes e a produção de β-lactamases, especialmente as enzimas de espectro estendido (ESBL). Também foram incluídas publicações que apresentassem informações relevantes sobre o perfil de resistência aos antimicrobianos, a disseminação de cepas resistentes e os impactos clínicos e epidemiológicos, bem como aspectos relacionados ao diagnóstico, prevenção e controle dessas infecções. Após a reunião das publicações pesquisadas, foram analisadas quanto à sua adequação aos critérios de inclusão e aos objetivos de pesquisa.

Como critérios de exclusão, foram desconsiderados os artigos duplicados nas bases de dados, as publicações fora do período estabelecido, os estudos que não abordassem diretamente a resistência antimicrobiana em *Escherichia coli* e aqueles que não apresentassem informações pertinentes aos objetivos desta revisão. Também foram excluídas publicações cujo conteúdo não permitisse a análise dos mecanismos de resistência ou de seus impactos nos ambientes de saúde.

Após a aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, os estudos selecionados foram submetidos à extração e à organização das informações relevantes para os objetivos desta revisão integrativa. Os dados obtidos foram sistematizados para permitir a comparação dos resultados e a análise dos principais mecanismos de resistência antimicrobiana em *Escherichia coli*, bem como de seus impactos nos ambientes de saúde. O processo de identificação, seleção e inclusão das publicações está sendo apresentado no Fluxograma 1

Figura 1 – Fluxograma do processo de busca e seleção dos estudos incluídos na revisão integrativa



Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

2.4 RESULTADOS

Para sintetizar as informações dos estudos selecionados, foi elaborado um quadro contendo as principais características das publicações incluídas nesta revisão integrativa, além de seus objetivos e principais resultados relacionados aos mecanismos de resistência antimicrobiana em *Escherichia coli,* permitindo comparar os achados dos diferentes estudos e identificar os mecanismos de resistência mais frequentemente abordados, apresentado no quadro 1.

Quadro 1 – Artigos selecionados para composição da revisão

Autor (ano)	**Tipo de Estudo**	**Objetivo do Estudo**	**Principais Achados**
Augusto et al. (2016)	Estudo observacional com análise laboratorial.	Avaliar o perfil de resistência antimicrobiana de E. coli e a prevalência de cepas produtoras de β-lactamases de espectro estendido (ESBL) em um hospital terciário do Ceará.	Foram identificadas 2.852 uroculturas positivas, sendo 41,8% provenientes de mulheres adultas atendidas em ambulatório. A bactéria mais prevalente foi Escherichia coli (59,8%), seguida por Klebsiella pneumoniae (13,2%) e Streptococcus agalactiae (9,5%).
Organização Mundial da Saúde (OMS) – GLASS (2018)	Fonte institucional de dados de vigilância epidemiológica	Monitorar a resistência antimicrobiana e o uso de antimicrobianos em diferentes países.	Os dados de vigilância contribuem para acompanhar a resistência antimicrobiana em patógenos prioritários, incluindo *Escherichia coli*, auxiliando na identificação de tendências e no planejamento de estratégias de prevenção e controle.

Hong et al., 2019	Estudo experimental (in vitro)	Investigar a transmissão de bactérias resistentes a antibióticos produtoras de cepas entre crianças saudáveis e professores de uma creche.	Em relação ao grupo investigado e os 104 isolados de Escherichia coli, observa-se que em crianças permanecem por um tempo prolongado os clones bacterianos (21,8%) em 3 meses, (18,4%) em 6 meses. Já, em adultos a permanência dos clones seja superior, motivação causada pela presença de cepas ESBL.
Mazumder et al. (2020)	Estudo observacional retrospectivo, com análise microbiológica e molecular.	Investigar a resistência antimicrobiana, os genes de resistência e o potencial de virulência de isolados clínicos de E. coli em Bangladesh	Dos 128 isolados analisados, 69% apresentaram multirresistência e 51% produziram ESBL. O gene blaCTX-M-15 foi o mais prevalente entre os genes de ESBL investigados, sendo identificado em 52% dos isolados. Os resultados evidenciaram a disseminação de cepas resistentes, especialmente do tipo ST131, reforçando a importância da vigilância molecular

Rihacek et al. (2023)	Estudo experimental laboratorial (in vitro)	Investigar a resistência de isolados de E. coli provenientes de feridas humanas aos β-lactâmicos e avaliar a expressão de bombas de efluxo da família RND.	Dos 12 isolados analisados, sete apresentaram resistência a β-lactâmicos, principalmente a ampicilina e a piperacilina. Foram identificados genes adquiridos de β-lactamases; as bombas de efluxo RND não demonstraram papel predominante na resistência à ampicilina.
Nascimento et al. (2023)	Estudo observacional com análise laboratorial.	Avaliar a prevalência de E. coli em uroculturas e seu perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos em pacientes atendidos em um hospital de ensino.	Foram identificados 233 isolados de E. coli entre 858 uroculturas positivas. A resistência à ampicilina, por exemplo, foi de 65% nas amostras hospitalares, em comparação com 32% nas ambulatoriais.
Lignieres et al., 2026	Estudo experimental e observacional.	Identificar o período de permanência e determinar a diversidade de clones presentes na microbiota de crianças portadoras de Escherichia coli provenientes da ESBL.	O estudo, realizado de 2012 a 2020, revelou que, de 4.651 crianças, 375 apresentaram enterobactérias produtoras de ESBL. Com as 142 amostras que apresentavam ESBL-Ec, foi realizado outro estudo, no qual 47 positivaram para ESBL, com apenas 16 amostras de clones diferentes.

Fonte: Autores da pesquisa (2026).

2.5 DISCUSSÃO

A resistência de *E. coli* aos antimicrobianos pode surgir por caminhos diferentes, destacando-se os fatores intrínsecos e adquiridos. Segundo, Hong *et al*., (2019), em creches japonesas as crianças estão mais suscetíveis a contaminação de bactérias, os autores identificaram resistência às quinolonas explicada por mutações nos genes *gyrA, parC e parE*, que alteram o alvo do antibiótico dentro da bactéria. Também identificaram genes de resistência transmissíveis, como o *qrn* e o *aac(6')-Ib-cr,* que podem passar de uma bactéria para outra (Hong; Lee, 2019).

Lignieres *et al.,* (2026), analisou que aproximadamente um quinto das crianças colonizadas na comunidade francesa mantêm o mesmo clone de ESBL-Ec na microbiota intestinal por períodos prolongados. Definidos como fatores microbiológicos intrínsecos, como as B- Lactamases de espectro - ESBL, enzimas que degradam o antibiótico. Na qual a ESBL do tipo B2 e ST131, conserva-se um período de tempo maior no intestino, em relação aos grupos A e B1 foram transitórios. (Lignieres *et al.,* 2026).

O estudo de (Hong; Lee, 2019) e (Lignieres *et al.,* 2026), ambos realizados em uma comunidade que envolvem crianças saudáveis, analisaram resistência antimicrobiana com relação às β-lactamases de espectro estendido (ESBL), uma em 38 crianças da população coreana com foco nos genes, já as 142 crianças o foco se deu os clones de ESBL. Os riscos aos quais a população está exposta decorrem dos fatores que favorecem a persistência dos clones de *E. coli* produtora de ESBL, expõe a criança colonizada por um período prolongado. Soma-se a isso a limitação terapêutica imposta pela resistência desses a antibióticos, como as cefalosporinas de terceira geração. Além disso, as crianças colonizadas podem atuar para a disseminação de bactérias e genes de resistência a pessoas do convívio.

O aumento da resistência de cepas patogênicas de *Escherichia coli* aos antibióticos β-lactâmicos, especialmente à ampicilina, está relacionado à presença de mecanismos de resistência intrínsecos e adquiridos. Além disso, alterações genéticas e a superexpressão de bombas de efluxo da superfamília RND (resistência-nodulação-divisão) podem contribuir para esse fenômeno, reduzindo o acúmulo de antimicrobianos no interior bacteriano.

Nesse contexto, o estudo de Rihacek *et al.* (2023), realizado com 12 isolados de *E. coli* provenientes de feridas crônicas, corrobora a importância das β-lactamases adquiridas na resistência à ampicilina. Rihacek avaliou a concentração inibitória mínima (CIM), isto é, a menor concentração do antibiótico capaz de impedir o crescimento bacteriano visível, sendo valores mais altos indicativos de maior resistência. Os isolados sensíveis (CIM de 3,75 a 7,5

μg/mL, abaixo do ponto de corte de 8 μg/mL do EUCAST) possuíam apenas o gene intrínseco blaAmpC, enquanto todos os resistentes apresentavam ao menos um gene adicional, com predomínio de blaTEM (6 dos 7 isolados), seguido de blaCTX-M. Embora a literatura destaque a disseminação de CTX-M em *E. coli*, neste trabalho a TEM foi a mais frequente, e nenhum isolado apresentou blaSHV.

Em contraste com a predominância do blaTEM observada por Rihacek *et al.* (2023), Mazumder *et al.* (2020), ao analisarem isolados clínicos de *E. coli* de infecções extraintestinais em Dhaka, Bangladesh, encontraram alta prevalência de multirresistência (69%) e de produção de ESBL (51%). Nesse estudo, o gene blaCTX-M-15 foi o mais frequente, presente em 55 dos 65 isolados produtores de ESBL, o que reforça o destaque do CTX-M na disseminação das ESBLs em *E. coli*. Os autores também identificaram alta prevalência da linhagem clonal ST131 (22%), o que sugere a transmissão de grupos clonais associados à multirresistência. Esses resultados indicam que a distribuição dos genes de β-lactamases varia conforme a região e o tipo de infecção, e destacam a importância da vigilância molecular da resistência antimicrobiana.

A resistência bacteriana representa um importante desafio para a saúde pública, especialmente devido à capacidade da *Escherichia coli* de desenvolver mecanismos que dificultam o tratamento das infecções. Nascimento *et al*., (2023), identificaram 233 isolados de *E. coli* entre 858 uroculturas positivas, observando maior resistência aos antimicrobianos nas amostras de pacientes hospitalizados. Além disso, foram identificadas cepas produtoras de β-lactamases de espectro estendido (ESBL) e carbapenemases, evidenciando a importância da vigilância microbiológica nos serviços de saúde.

De maneira semelhante, Augusto *et al.,* (2016) identificaram 71 cepas produtoras de ESBL entre 713 isolados de *E. coli*, além de resistência elevada a antimicrobianos como ampicilina, sulfametoxazol-trimetoprima e ciprofloxacina. Esses resultados demonstram a relevância da resistência antimicrobiana e a redução das opções terapêuticas disponíveis para o tratamento das infecções.

Em conjunto, os estudos Nascimento *et al*., (2023) e Augusto *et al.,* (2016), destacam a importância da identificação laboratorial das cepas resistentes, do uso racional de antibióticos e da implementação de medidas de prevenção e controle de infecções. Nos estudos analisados, foi possível observar que a bactéria *Escherichia coli* apresenta resistência a diferentes antibióticos, principalmente em pacientes hospitalizados. Identificaram cepas produtoras de ESBL e carbapenemases, e uma resistência elevada a antibióticos como ampicilina, sulfametoxazol-trimetoprima e ciprofloxacina. Esses resultados mostram que a

resistência bacteriana reduz as opções de tratamento e reforçam a importância dos exames laboratoriais para identificar as bactérias resistentes, do uso correto dos antibióticos e das medidas de prevenção e controle de infecções.

Em escala global, a resistência antimicrobiana (RAM) esteve associada a 4,95 milhões de mortes em 2019, das quais 3,57 milhões foram diretamente atribuídas a infecções causadas por microrganismos resistentes a medicamentos. Entre os principais patógenos envolvidos, destacam-se *Escherichia coli*, Klebsiella pneumoniae e Staphylococcus aureus, que apresentaram níveis preocupantes de resistência, inclusive a antibióticos de última geração Mugenyi *et al.,* (2026). Entre os principais fatores associados ao avanço da RAM, identificam-se o uso excessivo de antibióticos nos setores da saúde e da agricultura, as condições inadequadas de saneamento, o uso indiscriminado de biocidas e metais pesados, bem como as fragilidades nos sistemas de vigilância da resistência antimicrobiana. Além disso, os dados do Sistema Global de Vigilância da Resistência Antimicrobiana (GLASS), da Organização Mundial da Saúde (OMS), evidenciaram o aumento da resistência entre os patógenos prioritários, reforçando a relevância desse problema para a saúde pública global.

Esses achados demonstram que a resistência de *E. coli* não representa apenas uma dificuldade para o tratamento das infecções, mas também pode contribuir para desfechos clínicos mais graves, reforçando a necessidade de vigilância epidemiológica, diagnóstico adequado e medidas de prevenção e controle da disseminação desses microrganismos.

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante do exposto, a resistência bacteriana não representa apenas uma dificuldade microbiológica, mas um problema com consequências diretas para a assistência à saúde. A presença de bactérias resistentes pode dificultar o tratamento, prolongar o período de internação, aumentar os custos hospitalares e contribuir para o aumento da morbidade e mortalidade. A disseminação de bactérias multirresistentes destaca a necessidade de medidas de prevenção, uso racional de antimicrobianos, diagnóstico adequado e vigilância da resistência.

Portanto, a abordagem sobre a *E. coli*, permitiu compreender como uma bactéria de grande importância clínica pode desenvolver ou adquirir mecanismos que dificultam a ação dos antimicrobianos. Verificou-se, ainda, que os fatores de automedicação, como falhas nos diagnósticos e na prevenção agravam a resistência antimicrobiana neste cenário.

Conforme, discutido os estudos analisados, evidencia-se que a resistência bacteriana com foco na *E. coli* e seus impactos nos ambientes de saúde, pode ser gerada por fatores intrínsecos e adquiridos, principalmente pelas β-lactamases de espectro estendido (ESBL). Observados que em crianças os mesmos clones de ESBL afetam por um longo período aumentando os riscos da infecção presente, os genes de ESBL e suas diferenciações, a resistência em ambientes hospitalares de maneira isolada. Assim, como as taxas de mortalidades causadas pela resistência antimicrobiana.

REFERÊNCIAS

ANJUM, Muna F. *et al.* The potential of using E. coli as an indicator for the surveillance of antimicrobial resistance (AMR) in the environment. **Current Opinion in Microbiology**, v. 64, p. 152-158, dez. 2021.

AUGUSTO, Kathiane Lustosa *et al.* Perfil de resistência aos antimicrobianos e prevalência da produção de beta-lactamases de espectro estendido em cepas de Escherichia coli em um hospital terciário do Ceará, Brasil (2010-2013). **Revista de Medicina da UFC**, v. 56, n. 1, p. 8-13, 2016. DOI: https://doi.org/10.20513/2447-6595.2016v56n1p8-13. Disponível em: https://periodicos.ufc.br/revistademedicinadaufc/article/view/19845.

BAROUDI, Roula *et al.* The importance of an antimicrobial stewardship program. **Federal Practitioner**, v. 32, n. 9, p. 20-24, set. 2015.

BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Diretriz nacional para elaboração de programa de gerenciamento de antimicrobianos em serviços de saúde**: revisão 2023. Brasília, DF: Anvisa, 2023. Disponível em: https://www.gov.br/anvisa/pt-br/centraisdeconteudo/publicacoes/servicosdesaude/publicacoes/DiretrizGerenciamentoAntimicrobianosANVISA2023FINAL.pdf. Acesso em: 17 set. 2026.

CASTANHEIRA, Mariana; SIMNER, Patricia J.; BRADFORD, Patricia A. Extended-spectrum β-lactamases: an update on their characteristics, epidemiology and detection. **JAC-Antimicrobial Resistance**, v. 3, n. 3, dlab092, 2021. DOI: https://doi.org/10.1093/jacamr/dlab092.

DALMOLIN, Jaqueline *et al.* Mecanismos de expressão de resistência aos antibióticos e saúde pública. **Arquivos de Ciências da Saúde da UNIPAR**, Umuarama, v. 26, n. 3, 2022. Disponível em: https://revistas.unipar.br/index.php/saude/article/view/9136. Acesso em: 12 ago. 2026.

HALDAR, J.; BHATTACHARYYA, D. Antimicrobial resistance: mechanisms and global public health challenges. **Frontiers in Microbiology**, v. 15, 2024. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2024.1345678/full. Acesso em: 25 ago. 2026.

KNECHT, Camila A. *et al.* Glyphosate resistance as a potential driver for the dissemination of multidrug-resistant clinical strains. **Frontiers in Microbiology**, v. 17, art. 1740431, 2026. DOI: https://doi.org/10.3389/fmicb.2026.1740431.

KU, Tsun Sheng N. *et al.* Improving antimicrobial use through better diagnosis: the relationship between diagnostic stewardship and antimicrobial stewardship. **Infection Control & Hospital Epidemiology**, v. 44, n. 12, p. 1901-1908, 2023. DOI: https://doi.org/10.1017/ice.2023.156.

LOUREIRO, Rui João *et al.* O uso de antibióticos e as resistências bacterianas: breves notas sobre a sua evolução. **Revista Portuguesa de Saúde Pública**, v. 34, n. 1, p. 77-84, 2016. DOI: https://doi.org/10.1016/j.rpsp.2015.11.003.

MAZUMDER, R. *et al.* High prevalence of blaCTX-M-15 gene among extended-spectrum β-lactamase-producing Escherichia coli isolates causing extraintestinal infections in Bangladesh. **Antibiotics**, v. 9, n. 11, art. 796, 2020. DOI: https://doi.org/10.3390/antibiotics9110796.

NASCIMENTO, Thalia Leonor do *et al.* Prevalência e perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos de Escherichia coli em uroculturas de pacientes atendidos em um hospital de ensino. **HU Revista**, v. 49, p. 1-8, 2023. DOI: https://doi.org/10.34019/1982-8047.2023.v49.41914. Disponível em: https://periodicos.ufjf.br/index.php/hurevista/article/view/41914.

NASROLLAHIAN, Sina; GRAHAM, Jay P.; HALAJI, Mehrdad. A review of the mechanisms that confer antibiotic resistance in pathotypes of E. coli. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 14, 4 abr. 2024.

OLIVEIRA, Patrícia Mouta Nunes de *et al.* Surveillance of multidrug-resistant bacteria in pediatric and neonatal intensive care units in Rio de Janeiro State, Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 52, e20190205, 2019. DOI: https://doi.org/10.1590/0037-8682-0205-2019.

ORTEGA, Letícia de Lima. **Resistência bacteriana**: aquisição, mecanismos e prevenção. 2019. 43 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Odontologia) – Centro de Ciências da Saúde, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2019.

PEÑALOZA PIÑA, Lucía Maribel; ASPIAZU HINOSTROZA, Karla Alexandra. Mecanismos de resistência de Escherichia coli na América Latina. **Vive Revista de Salud**, La Paz, v. 4, n. 11, p. 90-103, 2021. DOI: https://doi.org/10.33996/revistavive.v4i11.88.

POIREL, L. *et al.* Antimicrobial resistance in Escherichia coli. **Microbiology Spectrum**, v. 6, n. 4, 2018.

REVISTA JRG. Resistência bacteriana e saúde pública. Disponível em: https://www.revistaj. Acesso em: 12 ago. 2026.

RIBEIRO, Danilo Lucas Nunes; LENTZ, Silvia Adriana Mayer; BARCELLA, Raquel Cristine. Resistência antimicrobiana: perfil epidemiológico do município de Porto Alegre em 2021-2022. **Revista de Epidemiologia e Controle de Infecção**, v. 15, n. 4, 2025. DOI: https://doi.org/10.17058/reci.v15i4.20267.

RIHACEK, Martin *et al. Escherichia coli* from human wounds: analysis of resistance to β-lactams and expression of RND efflux pumps. **Infection and Drug Resistance**, v. 16, p. 7365-7375, 2023. DOI: https://doi.org/10.2147/IDR.S435622.

RODRIGUES, Ana Luiza Queiroz; NASCIMENTO, Eduarda Aparecida; GARCIA, Kimberly de Oliveira. Resistência bacteriana aos antibióticos: um desafio para a saúde pública. 2026.

RODRIGUES, J. S. S. *et al.* Effects of herbal medicines in combating antimicrobial resistance and its impacts on public health. **Brazilian Journal of Biology**, v. 85, 2025. DOI: https://doi.org/10.1590/1519-6984.291632.

ROSA, Joice Lara; BARROS, Renata Ferreira; SANTOS, Mônica de Oliveira. Características da *Escherichia coli* enterohemorrágica (EHEC). **Saúde & Ciência em Ação – Revista Acadêmica do Instituto de Ciências da Saúde**, v. 2, n. 1, jan./jul. 2016.

SALAM, M. A.; ALAHDAL, M. N.; ALHARBI, N. S. Antimicrobial resistance: a growing serious threat for global public health. **Healthcare**, v. 11, n. 13, art. 1946, 2023. Disponível em: https://www.mdpi.com/2227-9032/11/13/1946. Acesso em: 25 ago. 2026.

SANTOS, Ana Carolina de Mello *et al.* Diversity of hybrid- and hetero-pathogenic Escherichia coli and their potential implication in more severe diseases. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 10, art. 339, 2020. DOI: https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.00339. Disponível em: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7381148/. Acesso em: 17 out. 2026.

SILVA, Dannycleia Mota da *et al.* Automedicação: uma revisão de literatura acerca dos fatores relacionados a esse fenômeno. **Brazilian Journal of Development**, v. 8, n. 11, p. 74806-74814, 24 nov. 2022.

SOARES, Melissa Mota; ROCHA, Maria Aparecida Lima Feitosa; SOUSA, Keila Ferreira de. Mecanismo da resistência bacteriana: uma revisão de literatura. **Revista Novos Desafios**, [S. l.], v. 5, n. 3, 2026. DOI: https://doi.org/10.5281/zenodo.17634272. Disponível em: https://novosdesafios.inf.br/index.php/revista/article/view/193. Acesso em: 17 ago. 2026.