

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Pesquisa Científica e Tecnológica em Microbiologia



Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Pesquisa Científica e Tecnológica em Microbiologia



2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Lorena Prestes
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores



Todo o conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição Creative Commons. Atribuição 4.0 Internacional (CC BY 4.0).

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Profª Drª Adriana Demite Stephani – Universidade Federal do Tocantins
Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Alexandre Jose Schumacher – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior – Instituto Federal do Sudeste de Minas Gerais
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Edvaldo Antunes de Faria – Universidade Estácio de Sá
Prof. Dr. Eloi Martins Senhora – Universidade Federal de Roraima
Prof. Dr. Fabiano Tadeu Grazioli – Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Profª Drª Keyla Christina Almeida Portela – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Marcelo Pereira da Silva – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Miranilde Oliveira Neves – Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Rita de Cássia da Silva Oliveira – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Sandra Regina Gardacho Pietrobom – Universidade Estadual do Centro-Oeste
Profª Drª Sheila Marta Carregosa Rocha – Universidade do Estado da Bahia
Prof. Dr. Rui Maia Diamantino – Universidade Salvador
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Prof. Dr. Antonio Pasqualetto – Pontifícia Universidade Católica de Goiás
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Profª Drª Diocléa Almeida Seabra Silva – Universidade Federal Rural da Amazônia
Prof. Dr. Écio Souza Diniz – Universidade Federal de Viçosa
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Júlio César Ribeiro – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof. Dr. Edson da Silva – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Profª Drª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Magnólia de Araújo Campos – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federaci do Rio Grande do Norte
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Alexandre Leite dos Santos Silva – Universidade Federal do Piauí
Profª Drª Carmen Lúcia Voigt – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Prof. Dr. Juliano Carlo Rufino de Freitas – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Neiva Maria de Almeida – Universidade Federal da Paraíba
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
P474	<p>Pesquisa científica e tecnológica em microbiologia [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019.</p> <p>Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso: World Wide Web Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-772-7 DOI 10.22533/at.ed.727191111</p> <p>1. Microbiologia – Pesquisa – Brasil. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da.</p> <p style="text-align: right;">CDD 579</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

A microbiologia é um vasto campo que inclui o estudo dos seres vivos microscópicos nos seus mais variados aspectos como morfologia, estrutura, fisiologia, reprodução, genética, taxonomia, interação com outros organismos e com o ambiente além de aplicações biotecnológicas. Como uma ciência básica a microbiologia utiliza células microbianas para analisar os processos fundamentais da vida, e como ciência aplicada ela é praticamente a linha de frente de avanços importantes na medicina, agricultura e na indústria.

De forma integrada e colaborativa a nossa proposta apoiada e certificada pela editora Atena é apresentar aqui a obra “Pesquisa científica e tecnológica em microbiologia” contendo trabalhos e pesquisas desenvolvidas em diversos institutos do território nacional contendo análises de processos biológicos embasados em células microbianas ou estudos científicos na fundamentação de atividades microbianas com capacidade de interferir nos processos de saúde/doença.

A microbiologia como ciência iniciou a cerca de 200 anos, entretanto os avanços na área molecular como a descoberta do DNA elevou a um novo nível os estudos desses seres microscópicos, além de abrir novas frentes de pesquisa e estudo, algumas das quais pretendemos demonstrar nesse primeiro volume da obra “Pesquisa científica e tecnológica em microbiologia”. Sabemos na atualidade que os microrganismos são encontrados em praticamente todos os lugares, e a falta de conhecimento que havia antes da invenção do microscópio hoje não é mais um problema no estudo, principalmente das enfermidades relacionadas aos agentes como bactérias, vírus, fungos e protozoários.

Acreditamos no potencial dessa obra em primeiro lugar pela qualidade dos trabalhos aqui apresentados, e em segundo pelo campo em potencial para futuras novas discussões, haja vista que enfrentamos a questão da resistência dos microrganismos à drogas, identificação de viroses emergentes, ou reemergentes, desenvolvimento de vacinas e principalmente a potencialização do desenvolvimento tecnológico no estudo e aplicações de microrganismos de interesse.

Temas ligados à pesquisa e tecnologia microbiana são, deste modo, discutidos aqui com a proposta de fundamentar o conhecimento de acadêmicos, mestres e todos aqueles que de alguma forma se interessam pela saúde em seus aspectos microbiológicos. Portanto a obra propõe uma teoria bem fundamentada nos resultados práticos obtidos em alguns campos da microbiologia, abrindo perspectivas futuras para os demais pesquisadores de outras subáreas da microbiologia.

Assim desejo a todos uma ótima leitura!

Benedito Rodrigues da Silva Neto

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
ANÁLISE DA CONTAMINAÇÃO MICROBIOLÓGICA DE MÁQUINAS E FERRAMENTAS PRESENTES EM UM LABORATÓRIO DE MECÂNICA	
Francisco Angelo Gurgel da Rocha Priscylla Cinthya Alves Gondim Liane Raquel Alves dos Santos Vitoria Fernandes Cabral Dantas	
DOI 10.22533/at.ed.7271911111	
CAPÍTULO 2	14
ANALISE DO EFEITO ANTIMICROBIANO DO EXTRATO AQUOSO DO ALHO (<i>Allium sativum</i> L.) SOBRE O CRESCIMENTO DAS BACTÉRIAS <i>Staphylococcus aureus</i> E <i>Escherichia coli</i>	
Karine Ferreira Lopes Dayane Nair Rocha de Souza Débora Luiz de Barros Estefânia Isabel Pereira Ana Paula Gonçalves Coelho Glaysen Martins de Oliveira Suzanne Ramos Mota Andrea Amélia Silva Vieira	
DOI 10.22533/at.ed.7271911112	
CAPÍTULO 3	22
CAMUNDONGOS BALB/C INFECTADOS COM A CEPA 66985 DO VÍRUS DA DENGUE PELA VIA INTRAVENOSA EXIBE DANO NO SISTEMA NERVOSO CENTRAL	
Natália Gedeão Salomão Kíssila Rabelo Tiago Fajardo Póvoa Ada Maria de Barcelos Alves Simone Moraes da Costa Antonio José da Silva Gonçalves Juliana Fernandes Amorim da Silva Adriana de Souza Azevedo Priscilla Conrado Guerra Nunes Carlos Alberto Basílio-de-Oliveira Rodrigo Panno Basílio-de-Oliveira Luiz Henrique Medeiros Geraldo Celina Garcia Fonseca Flávia Regina Souza Lima Ronaldo Mohana-Borges Emiliana Mandarano Silva Flávia Barreto dos Santos Edson Roberto Alves Oliveira Marciano Viana Paes	
DOI 10.22533/at.ed.7271911113	
CAPÍTULO 4	44
CARACTERIZAÇÃO DE UM PEPTÍDEO ANTAGONISTA PRODUZIDO POR <i>Bacteroides fragilis</i> ISOLADO DE PÁCIEN­TE COM INFECÇÃO INTRA-ABDOMINAL	
Marcela Nascimento Pinheiro Braga Natália Rocha Guimarães Jamil Silvano Oliveira Simone Gonçalves dos Santos	

Marcelo Porto Bemquerer
Paula Prazeres Magalhães
Luiz de Macêdo Farias

DOI 10.22533/at.ed.7271911114

CAPÍTULO 5 55

DESENHO VACINAL PARA O ZIKA VÍRUS COM O USO DA IMUNOINFORMÁTICA

Esther Santos Santana
Fabiano Ricardo Fontes Santos
Daniela Droppa-Almeida

DOI 10.22533/at.ed.7271911115

CAPÍTULO 6 68

ANÁLISE EPIDEMIOLÓGICA DE CANDIDEMIA EM PACIENTES SUBMETIDOS À INTERNAÇÃO NO HOSPITAL DAS CLÍNICAS EM GOIÂNIA - GO

Lucas Daniel Quinteiro de Oliveira
Maria do Rosário Rodrigues Silva
Benedito Rodrigues da Silva Neto

DOI 10.22533/at.ed.7271911116

CAPÍTULO 7 82

ENTEROCOCCUS SP ISOLATED FROM AQUATIC ENVIRONMENT : RESISTANCE TO TOXIC METALS

Luciana Furlaneto-Maia
Gabriela Batista Gomes Bravo
Sharise Beatriz Roberto
Naiara de Oliveira Batista
Alex Kiyomassa Watanabe
Márcia Cristina Furlaneto

DOI 10.22533/at.ed.7271911117

CAPÍTULO 8 98

ESTUDO DA COMUNIDADE LIQUÊNICA DA UEMG – IBIRITÉ: ANÁLISE MORFOLÓGICA E ECOLÓGICA COMO CARACTERIZAÇÃO DA POLUIÇÃO ATMOSFÉRICA

Letícia Maria Soares Azevedo
Camila Mara dos Reis
Daniela de Oliveira Costa
Reisila Simone Migliorini Mendes
Marisa Cristina da Fonseca Casteluber

DOI 10.22533/at.ed.7271911118

CAPÍTULO 9 108

KLEBSIELLA PNEUMONIAE: A NOVA AMEAÇA RESISTENTE

Luana Marcela Andrade de Santana
Nathalia Santos Silva
Karla Bárbara Calú Barreto
Dayane dos Santos
Daniel Guimarães Ribeiro
Isana Carla Leal Souza

DOI 10.22533/at.ed.7271911119

CAPÍTULO 10 112

OCORRÊNCIA DE *FASCIOLA HEPATICA* NA REGIÃO DA CAMPANHA GAUCHA/RS

Brenda Luciana Alves da Silva
Mikalele Simas Santos
Marcele Ribeiro Corrêa
Fernanda Lucero Rodrigues
Gustavo Freitas Lopes
Lourdes Caruccio Hirschmann
Anelise Afonso Martins

DOI 10.22533/at.ed.72719111110

CAPÍTULO 11 117

PROPRIEDADES RELACIONADAS À SEGURANÇA MICROBIOLÓGICA DE LINHAGENS DE *Staphylococcus aureus* ISOLADAS DE QUEIJO ARTESANAL

Jéssica Lee de Freitas
Bianca Aguiar Alves
Celso Tadeu Barbosa dos Santos
Alessandra Barbosa Ferreira-Machado
Aline Dias Paiva

DOI 10.22533/at.ed.72719111111

CAPÍTULO 12 126

Staphylococcus aureus: UMA VISÃO GERAL DOS MECANISMOS DE VIRULÊNCIA E RESISTÊNCIA

Glauciane Vieira Damasceno
Elane Rodrigues Oliveira
Patrícia Vieira de Oliveira
Bruno Luis Lima Soares
Gabrielle Damasceno Evangelista Costa
Adrielle Zagmignan
Cristiane Santos Silva e Silva Figueiredo
Rita de Cássia M. de Miranda
Luís Cláudio Nascimento da Silva

DOI 10.22533/at.ed.72719111112

CAPÍTULO 13 140

ENTEROBACTÉRIAS PRODUTORAS DE BETA-LACTAMASE DE ESPECTRO AMPLIADO (ESBL) EM COPROCULTURA DE PACIENTES AMBULATORIAIS

Daniela Cristiane da Cruz Rocha
Érica Kássia Sousa Vidal
Karina Lúcia Silva da Silva
Débora de Castro Costa
Anderson Nonato do Rosario Marinho

DOI 10.22533/at.ed.72719111113

CAPÍTULO 14 153

PERFIL FENOTÍPICO E GENOTÍPICO DE UMA CEPA DE *Escherichia coli* MULTIRRESISTENTE A ANTIBIÓTICOS, ISOLADA DO LAGO ÁGUA PRETA, BELÉM, PARÁ

Ícaro Rainyer Rodrigues de Castro
Jorianne Thyaska Castro Alves
Alyne Cristina Sodré Lima
Vitória Almeida Gonçalves de Moura
Carla Thais Moreira Paixão
Wana Lailan Oliveira da Costa
Adriedson Jameson Chaves de Alcântara
Carlos Leonardo de Aragão Araújo

Larissa Maranhão Dias
Artur Luiz da Costa da Silva
Adriana Ribeiro Carneiro Folador
DOI 10.22533/at.ed.72719111114

CAPÍTULO 15 168

DESENVOLVIMENTO, PADRONIZAÇÃO E VALIDAÇÃO DE MÉTODO DE PCR EM TEMPO REAL PARA O DIAGNÓSTICO ESPECÍFICO DE *PSEUDOCOWPOXVIRUS* – PCPV EM BOVINOS

Érica Eustáquia de Freitas Passos
Giliane de Souza Trindade
Antônio Augusto Fonseca Júnior

DOI 10.22533/at.ed.72719111115

CAPÍTULO 16 180

VERIFICAÇÃO DA TEMPERATURA DE DISTRIBUIÇÃO DE REFEIÇÕES QUENTES OFERTADAS EM UMA INSTITUIÇÃO DE LONGA PERMANÊNCIA PARA IDOSOS E A CORRELAÇÃO COM O CRESCIMENTO MICROBIOLÓGICO

Eliane Costa Souza
Déborah Maria Tenório Braga Cavalcante Pinto
Ismaell Avelino de Sousa Sobrinho
Andressa Lima dos Santos
Julia Dayane de Miranda Vasconcelos Cardoso
Mirelly Raylla dos Santos
Mateus Oliveira Santana

DOI 10.22533/at.ed.72719111116

CAPÍTULO 17 188

A DIVERSIDADE DA CLASSIFICAÇÃO DE RNAS NÃO-CODIFICADORES EM BACTÉRIAS

Amanda Carvalho Garcia

DOI 10.22533/at.ed.72719111117

CAPÍTULO 18 202

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL FERMENTATIVO DE LEVEDURAS ISOLADAS DE FRUTAS VISANDO A PRODUÇÃO DE ETANOL A PARTIR DE XILOSE

Rosimeire Oenning da Silva
Sinésio de Novaes Junior
Meirielen Nascimento Serpa
Italo Andrey Souza Inácio Lima
Raquel Aparecida Loss

DOI 10.22533/at.ed.72719111118

SOBRE O ORGANIZADOR..... 214

ÍNDICE REMISSIVO 215

ENTEROBACTÉRIAS PRODUTORAS DE BETA-LACTAMASE DE ESPECTRO AMPLIADO (ESBL) EM COPROCULTURA DE PACIENTES AMBULATORIAIS

Daniela Cristiane da Cruz Rocha

Instituto Evandro Chagas, Seção de Bacteriologia e Micologia, Laboratório de Enteroinfecções Bacterianas, Ananindeua, PA, Brasil – danielarocha@iec.gov.br

Érica Kássia Sousa Vidal

Instituto Evandro Chagas, Seção de Bacteriologia e Micologia, Laboratório de Enteroinfecções Bacterianas, Ananindeua, PA, Brasil

Karina Lúcia Silva da Silva

Instituto Evandro Chagas, Seção de Bacteriologia e Micologia, Laboratório de Enteroinfecções Bacterianas, Ananindeua, PA, Brasil

Débora de Castro Costa

Instituto Evandro Chagas, Seção de Bacteriologia e Micologia, Laboratório de Enteroinfecções Bacterianas, Ananindeua, PA, Brasil

Anderson Nonato do Rosario Marinho

Instituto Evandro Chagas, Seção de Bacteriologia e Micologia, Laboratório de Enteroinfecções Bacterianas, Ananindeua, PA, Brasil

RESUMO: Nos últimos anos tem se observado um rápido aumento na resistência bacteriana no mundo. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar isolados de enterobactérias através da determinação do perfil de resistência aos antimicrobianos β -lactâmicos e pesquisa dos genes *bla*^{CTX-M}, *bla*^{TEM} e *bla*^{SHV}. A susceptibilidade aos agentes antimicrobianos dos isolados foi avaliada pelo método de disco

difusão e pelo sistema automatizado VITEK 2. Foram obtidos 176 isolados, distribuídos em *Enterobacter* spp 42,86% (6/14), *Klebsiella* spp. 28,57% (4/14), *Escherichia coli* 14,28% (2/14), *Shigella flexneri* 14,28% (2/14), destes 7,95% (14/176) apresentaram perfil de resistência aos antimicrobianos β -lactâmicos, os testes de suscetibilidade demonstrando que 100% das amostras foram resistentes à ampicilina e as cefalosporinas de primeira e segunda geração, 85% foram resistentes à cefalosporina de terceira geração e 9% resistente à cefalosporina de quarta geração. Também foi identificado um isolado de *Escherichia coli* resistente à todas as cefalosporinas, incluindo as de amplo espectro e ao aztreonam e um isolado de *Enterobacter* spp resistente ao ertapenem. A análise genética dos isolados positivos para a produção de ESBL, identificou o gene *bla*^{CTX-M} em 92,85% (13/14) (*Enterobacter* spp, 5; *Klebsiella* spp, 4; *Shigella flexneri*, 2 e *Escherichia coli*, 2), *bla*^{TEM} em 21,43% (3/14) (*Enterobacter* spp, 2 e *Klebsiella* spp., 1) e a combinação dos genes *bla*^{CTX-M} e *bla*^{TEM} foi encontrado em 14,28% (2/14). Os resultados deste estudo demonstram que a avaliação contínua da resistência aos β -lactâmicos é extremamente importante, evidenciando o valor de um monitoramento contínuo e estratégias eficientes para diminuir a propagação destes agentes.

PALAVRAS-CHAVE: β -lactamases, ESBL,

ENTEROBACTERIA PRODUCERS OF EXTENDED-SPECTRUM BETA-LACTAMASE (ESBL) IN AMBULATORY PATIENTS COPRO CULTURE

ABSTRACT: In recent years there has been a rapid increase in bacterial resistance in the world. Thus, the objective of this work was to characterize isolates of enterobacteria by determining the resistance profile to β -lactam antimicrobials and bla^{CTX-M}, bla^{TEM} and bla^{SHV} gene research. The susceptibility to the antimicrobial agents of the isolates was evaluated by disk diffusion method and the VITEK 2 automated system. 176 isolates, distributed in *Enterobacter* spp 42.86% (6/14), *Klebsiella* spp. 28.57% (4/14), *Escherichia coli* 14.28% (2/14), *Shigella flexneri* 14.28% (2/14), 7.95% of these (14/176) presented β -lactams antimicrobial resistance profile, susceptibility testing demonstrating that 100% of the samples were resistant to ampicillin and cephalosporins of first and second generation, 85% were resistant to third generation cephalosporins and 9% resistant to fourth generation cephalosporin. It was also identified a cephalosporin-resistant *Escherichia coli* isolate, including those of broad spectrum and aztreonam and an *Enterobacter* spp isolate resistant to ertapenem. Genetic analysis of positive isolates for the production of ESBL, identified the bla^{CTX-M} gene at 92.85% (13/14) (*Enterobacter* spp, 5; *Klebsiella* spp, 4; *Shigella flexneri*, 2 and *Escherichia coli*, 2), bla^{TEM} at 21.43% (3/14) (*Enterobacter* spp, 2 and *Klebsiella* spp., 1) and the combination of genes bla^{CTX-M} and bla^{TEM} was found at 14.28% (2/14). The results of this study demonstrate that continuous evaluation of β -lactam resistance is extremely important, highlighting the value of continuous monitoring and efficient strategies to slow the spread of these agents.

KEYWORDS: B-lactamase, ESBL, Antimicrobial resistance, Enterobacteria.

1 | INTRODUÇÃO

Enterobactérias produtoras de ESBL, (do inglês, *Extended Spectrum β -lactamases*) são reconhecidas como importantes agentes etiológicos causadoras de infecções do trato urinário, pneumonias, septicemias, meningites entre outras inúmeras infecções (Manyahi et al., 2017). Essas foram capazes de se adaptar às profundas modificações farmacológicas ocorridas nas últimas três décadas, sendo descritas em percentuais endêmicos e epidêmicos em hospitais de todo o mundo (Hizajji et al., 2016).

As ESBLs são capazes de hidrolisar penicilinas, cefalosporinas de primeira à quarta geração e o monobactâmico aztreonam, minimizando as opções terapêuticas (Manyahi et al., 2017). A utilização excessiva ou inadequada dos antibióticos em humanos e animais acelerou o aparecimento e a propagação de bactérias resistentes (Chandramohan & Revell 2012). Além disso, os genes que codificam estas enzimas

fazem parte de elementos genéticos móveis como integrons, transposons e plasmídeos que podem ser disseminados horizontalmente entre diferentes bactérias, o que representa um risco epidemiológico (Persoons et al., 2010; Seki et al., 2013). Assim, o rápido reconhecimento de amostras produtoras destas enzimas é importante para a seleção do agente antimicrobiano adequado para o tratamento da infecção.

As β -lactamases são enzimas que conferem resistência através de hidroxilação irreversível da ligação amida do anel β -lactâmico, inibindo a biossíntese da camada do peptidoglicano, principal constituinte da parede celular das bactérias, comprometendo a integridade da parede celular e levando à lise celular (Madigan, 2016). São codificadas por genes chamados *bla*, (*bla*^{TEM}, *bla*^{SHV}, *bla*^{CTX-M}) que podem estar presentes no cromossomo bacteriano ou em plasmídeos. A expressão desses genes pode ser induzida pela presença dos antibióticos β -lactâmicos ou estar continuamente ativada. Assim, as β -lactamases podem estar presentes de forma induzível ou constitutiva (Carattoli, 2013).

A proporção de bactérias produtoras de ESBL ocasionando infecções em todas as regiões do mundo é alta (Hawkey & Jones, 2009). As ESBLs são as principais responsáveis no que diz respeito às infecções nosocomiais e comunitárias por membros da família Enterobacteriaceae (Hizajii et al., 2016). Atualmente, a frequência do aparecimento de cepas multirresistentes que produzem ESBL é cada vez maior, contudo, estas bactérias são menos frequentes na Europa do que na América Latina (Coque et al., 2008). No Brasil, a produção de ESBL em enterobactérias é alarmante, pois já tem sido descritas variantes do tipo *bla*^{CTX-M}, *bla*^{TEM}, *bla*^{SHV}, entre outras (Silva & Lincopan, 2012).

Apesar de existirem muitas pesquisas relatando índices e mecanismos de resistência aos antimicrobianos em enterobactérias em diferentes países e instituições, mostrando as tendências regionais e globais, dados locais são essenciais para poder direcionar as intervenções, a fim de conter os problemas a serem causados por esses microrganismos multirresistentes.

2 | MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Amostra Populacional Estudada

A amostragem foi constituída de 176 cepas bacterianas, de amostras ambulatoriais, isoladas de coprocultura no período de 2012 a 2016 do Estado do Pará. Com registro do comitê de ética CAAE: 52530916.0.0000.0019.

2.2 Manutenção das amostras

As amostras armazenadas em Ágar estoque (Difco, U.S.A) foram repicadas para o caldo Luria Bertani (LB) (Difco, U.S.A) e incubadas em estufa na temperatura

de 37°C durante 24 horas. Após a turvação do caldo uma alíquota foi semeada em placas de ágar MacConkey (Difco, U.S.A) e incubada a 37°C por 24 horas. Após a incubação, as amostras foram submetidas ao teste de suscetibilidade aos antimicrobianos realizado através de disco-difusão e por automação no equipamento VITEK® 2 (*BioMérieux*).

2.3 Análise da Suscetibilidade a Agentes Antimicrobianos

A suscetibilidade aos agentes antimicrobianos dos isolados no período de 2012 a 2014 foi avaliada pelo método de disco-difusão de acordo com as recomendações do *Clinical and Laboratory Standards Institute* - CLSI (2012) com os seguintes antimicrobianos: amoxicilina/ácido clavulânico (110 mcg), cefalotina (30 mcg), ceftazidima (30 mcg), cefoxitina (30 mcg), aztreonam (30 mcg) (Oxoid, Basingstoke, Inglaterra) e pelo sistema automatizado VITEK® 2 (*BioMérieux*). Já as amostras bacterianas referentes ao período de 2015 a 2016 foram submetidas ao teste apenas pelo sistema automatizado VITEK® 2 (*BioMérieux*) utilizando o cartão AST-238, onde foram seguidas as instruções do fabricante.

2.4 Controle de qualidade para testes de suscetibilidade aos antimicrobianos

As análises de controle de qualidade para os testes de suscetibilidade aos antimicrobianos foram utilizadas cepas *American Type Culture Collection* (ATCC). A *K. pneumoniae* ATCC 700603 produtora de ESBL e a *Escherichia coli* ATCC 25922 não produtora de ESBL, foram utilizadas como controle de qualidade para todos os teste. A interpretação dos resultados foi realizada utilizando os limites preconizados para cada ATCC (CLSI, 2012).

2.5 Extração do DNA bacteriano e PCR para ESBL

Para a extração do DNA bacteriano foi utilizado o kit DNA IQ (*Promega*) seguindo as recomendações do fabricante. Cada reação de amplificação teve um volume final 25µL, contendo 20ng de DNA, 10 Mm Tris-HCl, pH 8,5, 50 mM KCl, 1,5/µM MgCl₂, 1,25 mM de cada dNTP, 1,25 mM de cada primer e 0,5 unidade de Taq DNA polimerase *Platinum* (*Invitrogen*). Incubadas em termociclador modelo *Vereti™ 96-Well Thermal Cycler* (*Applied Biosystems*–US). Após a amplificação para visualização do produto final da PCR, todas as amostras foram aplicadas em gel de agarose (2%) com marcador de peso molecular 1Kb, juntamente com os controles positivo e negativos.

Primer	Sequência (5'→3')	Amplicon	Referência
bla ^{TEM} -R	ATAAAATTCTTGAAGACGAAA	1080 pb	Schmitt <i>et al.</i> , 2007.
bla ^{TEM} -F	GACAGTTACCAATGCTTAATCA		
bla ^{SHV} -R	AAAGATCCACTATCGCCAGCAG	231 pb	Naseshi <i>et al.</i> , 2010
bla ^{SHV} -F	ATTCAGTCCGTTTCCCAGCGG		
bla ^{CTX} -R	TTTTTTGCGATGTGCAGTACCAGTAA	544 pb	Edelstein <i>et al.</i> , 2003
bla ^{CTX} -F	CGATATCGTTGGTGGTGCCATA		

Tabela 1: Sequência de primers utilizados para amplificação de genes codificadores de β-lactamases do tipo bla^{CTX-M}, bla^{TEM} e bla^{SHV}.

3 | RESULTADOS

3.1 Gênero/faixa etária

A tabela 2 apresenta o total e o percentual da faixa etária/gênero envolvidos nos casos de pacientes com amostras positivas para bactérias pertencentes à família Enterobacteriaceae, transcritas das fichas clínico-epidemiológicas que foram isoladas através de coprocultura durante o período de 2012 a 2016. Do total de amostras analisadas, 57,95% (102/176) são pertencentes ao gênero masculino e 42,04% (74/176) são pertencentes ao sexo feminino. A idade dos pacientes variou de 0 a 80 anos de idade (Tabela2).

GRUPOS	FAIXA ETÁRIA	MASCULINO		FEMININO		TOTAIS	
		N ^o *	(%)**	N ^o *	(%)**	N ^o *	(%)**
CRIANÇAS	0 a 12	14	7,95%	17	9,65%	31	17,61%
ADOLESCENTES	13 a 18	11	6,25%	-	-	11	6,25%
ADULTOS	19 a 80	67	38,06%	51	28,9%	118	67,04%
	N.I.	10	5,68	6	3,4%	16	9,09%
SUBTOTAIS		102	57,95%	74	42,04%	176	100%

Tabela 2 – Distribuição de faixa etária/gênero de pacientes isolados com enterobactérias no período de janeiro de 2012 a dezembro de 2016.

*N.I.= Não Informado **Sinal convencional utilizado: - Dado numérico igual a zero não resultante de arredondamento.

3.2 Locais de Ocorrência

Durante o período de levantamento de dados (janeiro de 2012 a dezembro de 2016), verificou-se a ocorrência de pacientes infectados com enterobactérias patogênicas em 30 municípios (Gráfico 1).

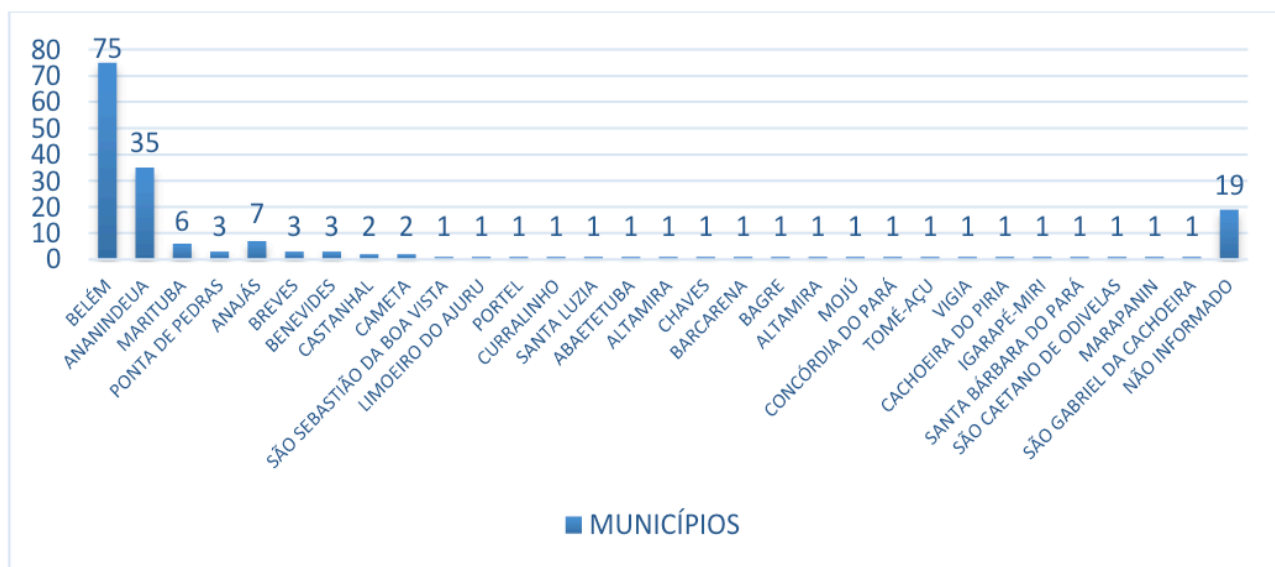


Gráfico 1 – Distribuição de pacientes de acordo com os municípios no período de janeiro de 2012 à dezembro de 2016.

3.3 Cepas Patogênicas Isoladas

Foram analisadas 176 amostras de cepas patogênicas. As amostras estudadas foram distribuídas em 16,4% (29/176) amostras do ano de 2012, 9,6% (17/176) amostras do ano de 2013, 23,8% (42/176) amostras do ano de 2014, 3,4% (6/176) amostras do ano de 2015, e 46,5% (46,5%) amostras do ano de 2016. As enterobactérias isoladas estão descritas na Tabela 3. A *Salmonella Typhi* foi o microrganismo mais isolado (36,9%) seguido *Enterobacter spp* (21,5%) e *Salmonella spp* (14,7%), respectivamente.

Enterobactérias patogênicas isoladas	Nº	(%)
<i>Salmonella Typhi</i>	65	36,9%
<i>Enterobacter spp</i>	38	21,5%
<i>Salmonella spp</i>	26	14,7%
<i>Klebsiella spp.</i>	23	13,0%
<i>Escherichia coli</i>	10	5,6%
<i>Shigella flexneri</i>	6	3,4%
<i>Shigella sonnei</i>	3	1,7%
<i>Proteus mirabilis</i>	3	1,7%
<i>Shigella dysenteriae</i>	1	0,56%
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1	0,56%
TOTAL	176	100%

Tabela 3 – Frequência de microrganismos isolados pertencentes à família Enterobacteriaceae do período de 2012 à 2016.

3.4 Detecção fenotípica de β -lactamases de espectro estendido (ESBL)

Os resultados obtidos do perfil de suscetibilidade a antimicrobianos, a

Escherichia coli foi o único microrganismo que apresentou resistência as penicilinas, cefalosporinas de primeira, segunda, terceira e quarta geração e o monobactâmico aztreonam (Tabela 4).

Antibióticos	<i>Escherichia coli</i>
Ampicilina (AMP)	R
Ampicilina+Sulbactam (ASB)	R
Piperacilina+Tazobactam (PPT)	S
Cefuroxima (CRX)	R
Cefuroxima axetil (CRXx)	R
Ceftazidima (CAZ)	I
Cefoxitina (CFO)	S
Ceftriaxona (CRO)	R
Cefepime (CPM)	R
Ertapenem (ERT)	S
Imipenem (IPM)	S
Meropenem (MER)	S
Amicacina (AM)	S
Gentamicina (GEN)	R
Ciprofloxacina (CIP)	R
Tigeciclina (TIG)	S
Colistina (COL)	S
Cefalotina (CFL)	R
Aztreonam (ATM)	R
Amoxicilina+Ácido Clavulânico (AMC)	I
Sulfametoxazol+Trimetroprim (SUT)	S
Nitrofurantoína (NIT)	S
Norfloxacin (NOR)	R

Tabela 4 - Perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos do isolado de *Escherichia coli*.

*S=Sensível; R=Resistente; I=Intermediário.

O sistema automatizado VITEK 2 foi utilizado para a triagem das 176 amostras, onde foram observados resultados sugestivos para a produção de ESBL em 7,95% dos isolados (14/176). Na tabela 5, está relacionada a distribuição das espécies isoladas sugestivas de produção de ESBL. Foi observado que dentre os 4 isolados o gênero *Enterobacter* spp (42,85%) foi o microrganismo mais isolado seguido de *Klebsiella* spp (28,57%). Já os isolados de *Shigella flexneri* e *Escherichia coli* foram os menos detectados com 14,28% de frequência cada uma.

Enterobactérias com fenótipo positivo para produção de ESBL	Nº	(%)
<i>Enterobacter</i> spp	6	42,85%
<i>Klebsiella</i> spp.	4	28,57%
<i>Escherichia coli</i>	2	14,28%
<i>Shigella flexneri</i>	2	14,28%
TOTAL	14	100%

Tabela 5: Distribuição das enterobactérias sugestivas de produção de ESBL.

O gráfico 2 demonstra os resultados obtidos do perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos realizado nas 14 amostras positivas na triagem para a produção de ESBL, observou-se que 100% das amostras analisadas foram resistentes à ampicilina e às cefalosporinas de 1^a e 2^a geração (cefalotina, cefuroxima e cefuroxima axetil), 85% dos isolados demonstraram resistência à cefalosporina de 3^a geração (ceftriaxona). Quanto à cefalosporina de 4^a geração (cefepima) o perfil de resistência foi de 9%.

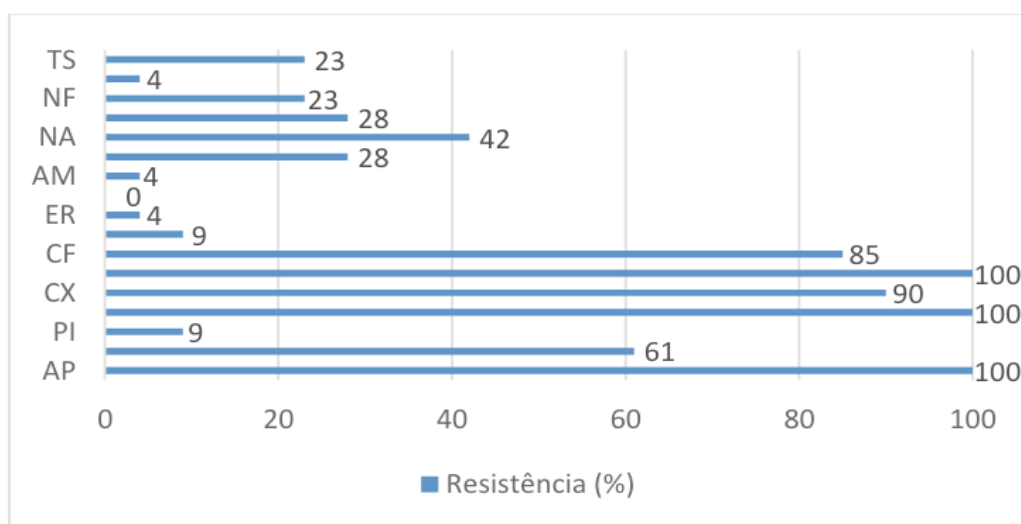


Gráfico 2- Perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos entre amostras pertencentes à família Enterobacteriaceae utilizando o VITEK 2.

*AP=Ampicilina; XL=Amoxicilina/Ácido clavulânico; PI=Piperacilina; CE=Cefalotina; CX= Cefuroxima; CF=Ceftriaxona; CP=Cefepima; ER=Ertapenem; ME=Meropenem; AM= Amicacina; GN=Gentamicina; NA= Ácido Naldíxico; CI=Ciprofloxacino; NF= Norfloxacin; NI= Nitrofurantonoína; TS= Trimetoprim/Sulfametoxazol.

3.5 Detecção genotípica de ESBL

A detecção dos genes de resistência aos β -lactâmicos foi realizada através da técnica de PCR nas 14 amostras (*Enterobacter* spp (n=6), *Klebsiella* spp. (n=4), *Shigella flexneri* (n=2) e *Escherichia coli* (n=2)) que obtiveram um perfil de resistência após triagem fenotípica para detecção de ESBL. Foram pesquisados os genes bla^{CTX-M} , bla^{TEM} e bla^{SHV} . O gene codificador de ESBL do tipo bla^{CTX-M} foi detectado em 13 isolados de *Enterobacter* spp (5), *Klebsiella* spp (4), *Shigella flexneri* (2) e *Escherichia coli* (2). Já o gene codificador de ESBL do tipo bla^{TEM} foi detectado em

isolados de *Enterobacter* spp (n=2) e *Klebsiella* spp. (n=1).

O gene *bla*^{CTX-M} foi o mais encontrado, sendo detectado em 92% (13/14) das amostras analisadas, seguido por *bla*^{TEM} com 21% do total (3/14). Os genes *bla*^{CTX-M} e *bla*^{TEM} foi encontrado em 14% (2/14) dos isolados estudados, respectivamente. O gene *bla*^{SHV} não foi amplificado em nenhuma das amostras.

Espécie/Gênero	GENES CODIFICADORES DE β-LACTAMASES		
	<i>bla</i> ^{CTX-M}	<i>bla</i> ^{TEM}	<i>bla</i> ^{SHV}
	n (%)	n (%)	n (%)
<i>Enterobacter</i> spp (n=6)	5 (83%)	2 (50%)	-
<i>Klebsiella</i> spp. (n=4)	4 (100%)	1 (1%)	-
<i>Shigella flexneri</i> (n=2)	2 (100%)	-	-
<i>Escherichia coli</i> (n=2)	2 (100%)	-	-
TOTAL	13 (92%)	3 (19%)	-

Tabela 5: Distribuição dos genes codificadores de β-lactamases de acordo com a espécie/gênero.

Sinal convencional utilizado: - Dado numérico igual a zero não resultante de arredondamento.

4 | DISCUSSÃO

O gênero masculino foi mais infectado pelas enterobactérias com 57,95% e 42,05% para o sexo feminino, resultados similares ao encontrado no estudo de Rugini et al., 2015, que estudaram a ocorrência de ESBL em enterobactérias em um hospital no Rio Grande do Sul e obtiveram uma porcentagem de 65,5% para o sexo masculino e 37,5% para o sexo feminino.

A faixa etária em que houve o maior isolamento das enterobactérias produtoras de ESBL, foi acima de 19 anos (67,04%) discordante do estudo realizado por Rugini et al., 2015, no qual a idade média dos pacientes foi acima de 61 anos.

A frequência de isolados produtores de ESBL entre as enterobactérias provenientes de pacientes ambulatoriais neste estudo foi de 7,95%, uma porcentagem menor que o observado por Nogueira et al., 2015 que estudaram a prevalência de ESBL entre enterobactérias em um hospital de grande porte do Paraná, e obteve uma prevalência de 21,3% e Seki et al., 2013 em um estudo com amostras pertencentes à família Enterobacteriaceae de isolados de hemoculturas coletadas de hospitais do Rio de Janeiro que obteve uma porcentagem de 40,2%.

Estudos com bactérias multirresistentes de origem hospitalar, são comuns atualmente, principalmente por ser um ambiente onde a pressão seletiva é grande devido ao uso constante de antimicrobianos. Porém, a pesquisa de bactérias resistentes na comunidade é importante para demonstrar a disseminação de tais bactérias fora do ambiente hospitalar. O que traz à discussão os diversos fatores que

podem contribuir para a resistência bacteriana fora do ambiente hospitalar, como o uso indiscriminado de antibióticos, a descontinuidade do tratamento, esquecimentos durante o tratamento, prescrição médica empírica, entre outros (Abreu et al., 2012; Reis et al., 2013).

Em um dos isolados, a *Escherichia coli* foi identificada como o microrganismo produtor de ESBL, tanto no método de antibiograma automatizado (VITEK 2) como no de disco-difusão, apresentando resistência as cefalosporinas de primeira à quarta geração, penicilina, aminoglicosídeos, fluorquinolonas, quinolonas e aztreonam. Demonstrando que este isolado detectado possui elevados índices de resistência aos antibióticos atualmente prescritos, levando a escolha terapêutica, os carbapenêmicos. Em um estudo envolvendo 354 isolados clínicos de *Escherichia coli*, de cinco unidades ambulatoriais e hospitalares, no período de outubro de 2002 a maio de 2003, no Rio de Janeiro, foram encontrados 8 isolados produtores de ESBL, ou seja, em 2,2% desses (Del Peloso et al., 2010). Nogueira et al., 2006 estudaram 498 isolados de pacientes de um hospital universitário em Curitiba, no período de 2003 a 2004, e determinaram que 7,2% eram de *Escherichia coli* produtoras de ESBL, ou seja 2,2% desses. No mesmo sentido, Lago et al. 2010 em seu estudo de 838 isolados bacterianos, de pacientes hospitalizados em Passo Fundo, RS no período de julho a dezembro de 2007, foram identificados 96 *Escherichia coli* e 11,4% destas eram ESBL. Flores, et al., 2014 também demonstrou, em seu estudo que de 44 isolados de *Escherichia coli* de culturas provenientes de pacientes de terapia intensiva (UTI), 12% eram de isolados bacterianos produtores de ESBL. Os dados demonstram um aumento na porcentagem de isolamento de *Escherichia coli* produtora de ESBL no Brasil, com o passar dos anos.

A produção de ESBL em enterobactérias é uma importante causa de falha no tratamento da infecção quando há uso de cefalosporinas, analisando os dados obtidos, é possível observar que dois isolados um de *Enterobacter* spp e um de *Escherichia coli* foram resistentes às cefalosporinas de 1^a a 4^a geração. Todas as amostras indicativas de ESBL foram resistentes às cefalosporinas de 1^a geração e 90% das amostras foram resistentes às cefalosporinas de 2^a e 3^a geração. Isso é devido a existência de uma variedade de genótipos para ESBL, derivada das enzimas TEM, SHV e CTX-M, essas enzimas e suas variantes conferem cada uma diferentes afinidades na hidrólise de β -lactâmicos como as penicilinas e as cefalosporinas, podendo refletir no antibiograma com cepas que apresentam sensibilidade a uma cefalosporina de 3^a geração e resistência a uma outra cefalosporina (Flores, et al., 2014; Soares, 2013).

A terapia de infecções ocasionadas por enterobactérias produtoras de ESBL é comumente difícil, uma vez que esses microrganismos podem não ser somente resistentes aos antibióticos β -lactâmicos e o aztreonam, mas são frequentemente associados à resistência a outras classes de antimicrobianos (Sá, 2010), neste estudo as enterobactérias produtoras de ESBL analisadas mostraram-se suscetíveis

a outras classes de antibióticos, como o aminoglicosídeo, a gentamicina obteve 28% de resistência entre as amostras analisadas e entre as quinolonas, o ácido nalidíxico obteve 42% de resistência, norfloxacino com 23% de resistência e ciprofloxacino com 28% de resistência, identificou-se também resistência de 4% ao carbapenêmico ertapenem.

O microrganismo de maior prevalência da enzima ESBL após a triagem fenotípica foi *Enterobacter* spp (42,85%) e *Klebsiella* spp (28,57%) o que difere de outros trabalhos que relatam a *Escherichia coli* como a espécie mais identificada como produtora de ESBL, seguida por *Klebsiella* spp (Schwaber et al., 2005; Gralha et al., 2011). Contudo, o trabalho de Nogueira et al. 2015 corrobora com os resultados do presente estudo em que o gênero *Enterobacter* spp foi o de maior prevalência em produção de ESBL.

Neste estudo, o tipo predominante de ESBL foi o bla^{CTX-M} , presente em 92% das amostras sugestivas de produção de ESBL. Segundo, trabalhos realizados no Brasil, como em São Paulo, Rio Grande do Sul e Paraná (Mana et al., 2012; Tollentino et al., 2011; Nogueira et al., 2015) relatam que o gene CTX-M é o mais frequente encontrado entre as ESBL, principalmente na América do Sul (Tollentino et al., 2011; Wollheim et al., 2011). Celenza et al., 2006 detectaram em seu estudo na Bolívia, genes bla^{CTX-M} em 92% das enterobactérias estudadas, um percentual igual aos valores do presente estudo.

O gene bla^{TEM} foi o segundo gene mais encontrada neste estudo, pois foi encontrada em 19% das amostras indicativas de produção de ESBL. Essa enzima já foi relatada no Brasil, porém é menos comum em relação ao bla^{CTX-M} e bla^{SHV} (Nogueira et al., 2015). É importante ressaltar que os resultados da PCR para os genes bla^{TEM} e bla^{CTX-M} nas amostras estudadas permitiram detectar mais de um tipo de gene em um mesmo isolado, com frequência de 14,2% para os genes bla^{CTX-M}/bla^{TEM} . Wollheim et al., 2011 através da análise genotípica de enterobactérias produtoras de ESBL isoladas de comunidade e hospitais obteve resultados semelhantes ao do presente estudo, onde foi detectado em 7,8% de seus isolados a combinação dos genes bla^{CTX-M} e bla^{TEM} .

5 | CONCLUSÃO

Nos últimos anos o uso inadequado de antimicrobianos na clínica tem gerado o aumento nos casos de resistência. Os resultados deste estudo demonstram que a avaliação contínua da resistência aos β -lactâmicos em enterobactérias é extremamente importante, pois ficou comprovado a permanência e a disseminação de enterobactérias produtoras de β -lactamases, evidenciando a importância de uma avaliação contínua e estratégias eficientes para diminuir a propagação destes agentes. A produção de ESBL no presente estudo foi evidenciada, tornando-se

preocupante, pois na clínica a produção de ESBL limita a eficácia de antibióticos β -lactâmicos e até outras classes de antimicrobianos.

REFERÊNCIAS

- ABREU AG, MARQUES SG, MONTEIRO-NETO V, GOLÇALVES AG. Extended-spectrum β -lactamase producing enterobacteriaceae in community-acquired urinary tract infections in São Luís, Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**. 2012. v. 44, n. 2, p. 469-471.
- CARATTOLI A. Plasmids and the spread of resistance. **Int J Med Microbiol**. 2013 303:298–304.
- CELENZA G, PELLEGRINI C, CACCAMO M, SEGATORE B, AMICOSANTE G, PERILLI M. Spread blaCTX-M-type and blaPER-2 beta-lactamase gene in clinical isolates from Bolivian hospital. **J Antimicrob Chemother**. 2006; 57: 9975-978.
- CHANDRAMOHAN L, REVELL PA. Prevalence and molecular characterization of extended-spectrum β -lactamase-producing Enterobacteriaceae in a pediatric patient population. **Antimicrob. Agents Chemother**. 2012. 56:4765–4770.
- CLINICAL AND LABORATORY STANDARDS INSTITUTE (CLSI). Document for Antimicrobial Susceptibility testing. **Informational Supplement Document M100 S15. CLSI-** Pennsylvania, USA. 2012.
- COQUE TM, NOVAIS A, CARATTOLI A, POIREL L, PITOUT J, PEIXE L, et al. Dissemination of clonally related *Escherichia coli* strains expressing extended-spectrum β -lactamase CTX-M-15. **Emerg Infect Dis**. 2008.v. 14, n.2, p. 195-200.
- DEL PELOSO PF, BARROS MFL, SANTOS FA. Sepsis por *Serratia marcescens* KPC. **J. Bras. Patol. Med**. 2010. Lab. v. 46, n. 5, p. 365-367.
- FLORES, C. *et al.* Detecção de *Klebsiella pneumoniae* e *Escherichia coli* produtoras de beta-lactamases de espectro estendido em culturas de Vigilância de Unidade de Terapia Intensiva no município do Rio de Janeiro. **in: Simpósio Internacional de Microbiologia Clínica**, 4, 22-24 out. 2014, João Pessoa.
- GRALHA R. E. F. **Métodos de pesquisa de betalactamases em amostras clínicas – estudo de revisão**. 2011. Dissertação (Mestrado em Ciências Farmacêuticas) - Faculdade de Ciências da Saúde, Universidade Fernando Pessoa. Portugal, 2011.
- HAWKEY, PM; JONES, AM. The changing epidemiology of resistance. **J Antimicrob Chemother**. 2009. v.64, p.3-10.
- HIZAJI SM; FAWZI MA; ALI FM; GALIL AE; Prevalence and characterization of extended-spectrum beta-lactamases producing Enterobacteriaceae in healthy children and associated risk factors. **Ann Clin Microbiol Antimicrob**. 2016. 15:3.
- LAGO A, FUENTEFRIA SR, FUENTEFRIA DB. Enterobactérias produtoras de ESBL em Passo Fundo, estado do Rio Grande do Sul, Brasil. **Rev. Soc. Bras. Med. Trop**. 2010 vol. 4, n. 4.
- MADIGAN, D. M. **Microbiologia de Brock .14ª Ed.** Editora: Artmed. 2016.
- MANA M, BONASSI N, ROMANELLI S, SVIDZINSK TIE, LEMES RML. Prevalência de *Klebsiella* spp. ESBL isolada em Hospital Escola do Sul de Minas Gerais. **Revista da Universidade Vale do Rio Verde**. 2014. v.12, n. 2, p. 497-506.

- MANYAHI J, MOYO, SJ, TELLEVIK, MG, NDUGULILE F, URASSA W, BLOMBERG B et al. Detection of CTX-M-15 beta-lactamases in Enterobacteriaceae causing hospital - and community-acquired urinary tract infections as early as 2004, in Dares Salaam, Tanzania. **BMC Infect Dis**. 2017. 17: 282.
- NOGUEIRA KS, CONTE D, MAIA FV, DALLA-COSTA LM. Distribution of extended-spectrum β -lactamase types in a Brazilian tertiary hospital. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**. 2015. 48(2). p. 162-169.
- NOGUEIRA KS, HIGUTI IH, NASCIMENTO AJ, TERASAWA LB, OLIVEIRA S, MATOS AP. Occurrence of extended-spectrum beta-lactamases in Enterobacteriaceae isolated from hospitalized patients in Curitiba, southern Brazil. **Braz J Infect Dis**. 2006. v. 10, n.6, p. 390-5.
- PERSOONS D, HAESEBROUCK F, SMET A, HERMAN L, HEYNDRIKX M, MARTEL A, et al. Risk factors ceftiofur resistance in *Escherichia coli* from Belgian broilers. **Epidemiol. Infect**. 2010. p. 1-7.
- REIS HPLC, VIEIRA JB, MAGALHÃES DP, DANÚSIO PS, FONSECA DB, VIANA MD, et al. Avaliação da resistência microbiana em hospitais privados de Fortaleza – Ceará. **Revista Brasileira de Farmácia**. 2013.v. 94, n. 1, p. 83-87.
- RUGINI CL, SOBOTTKA AM, FUENTEFRIA DB. Occurrence and sensitivity profile of extended spectrum beta-lactamase-producing Enterobacteriaceae at a tertiary hospital in Southern Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**. 2015. 48(6). p. 692-698.
- SÁ, C. M. F. **ESBL em enterobactérias no Centro Hospitalar Póvoa de Varzim/Vila do Conde**. 2010. Tese (Doutorado em Microbiologia) - Departamento de Biologia, Universidade de Aveiro, Portugal, 2010.
- SCHWABER MJ, NAVON-VENEZIA S, SCHWARTZ D, CARMELI Y. High levels of antimicrobial coresistance among extended-spectrum- β -lactamase producing Enterobacteriaceae. **Antimicrob Agents Chemother**. 2005. 49:2137-2139.
- SEKI LM, PEREIRA PS, DE SOUZA CONCEIÇÃO M, SOUZA MJ, MARQUES EA, CARBALLIDO JM, et al. Molecular epidemiology of CTX-M producing Enterobacteriaceae isolated from bloodstream infections in Rio de Janeiro, Brazil: Emergence of CTX-M-15. **Braz J Infect Dis**. 2013 Nov. 17 (6): 640-6.
- SILVA KC, LINCOPAN N. Epidemiologia das betalactamases de espectro estendido no Brasil: Impacto clínico e implicações no agronegócio. **J Bras Patol Med Lab**. 2012. v.48. n2. p.91-99.
- SOARES, S. F. **Epidemiologia de estirpes produtoras de ESBL em ITU**. 2013. Tese (Doutorado em Bioquímica) - Departamento de Química, Universidade de Aveiro, Portugal, 2013.
- TOLLENTINO FM, POLOTTO M, NOGUEIRA ML, LINCOPAN N, NEVES P, MAMIZUKA EM, et al. High prevalence of *bla*^{CTX-M} extended spectrum beta-lactamase genes in *Klebsiella pneumoniae* isolates from a tertiary care hospital: first report of *bla*_{SHV-12}, *bla*_{SHV-31}, *bla*_{SHV-38} and *bla*_{CTX-M-15} in Brazil. **Microb Drug Resist**. 2011. v. 17, n. 1, p. 7-16.
- WOLLHEIM C, GUERRA IMF, CONTE VD, HOFFMAN SP, SCHREINER FJ, DELAMARE APL, et al. Nosocomial and community infections due to class A extended-spectrum β -lactamase (ESBLA)-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella* spp. in southern Brazil. **Braz J Infect Dis**. 2011. v. 15.

SOBRE O ORGANIZADOR

BENEDITO RODRIGUES DA SILVA NETO - Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia (Universidade Candido Mendes - RJ). Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática (2014). O segundo Pós doutoramento foi realizado pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com o projeto Análise Global da Genômica Funcional do Fungo *Trichoderma Harzianum* e período de aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Seu terceiro Pós-Doutorado foi concluído em 2018 na linha de bioinformática aplicada à descoberta de novos agentes antifúngicos para fungos patogênicos de interesse médico. Palestrante internacional com experiência nas áreas de Genética e Biologia Molecular aplicada à Microbiologia, atuando principalmente com os seguintes temas: Micologia Médica, Biotecnologia, Bioinformática Estrutural e Funcional, Proteômica, Bioquímica, interação Patógeno-Hospedeiro. Sócio fundador da Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente, desde 2016, no centro-oeste do país. Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Atuou como Professor Doutor de Tutoria e Habilidades Profissionais da Faculdade de Medicina Alfredo Nasser (FAMED-UNIFAN); Microbiologia, Biotecnologia, Fisiologia Humana, Biologia Celular, Biologia Molecular, Micologia e Bacteriologia nos cursos de Biomedicina, Fisioterapia e Enfermagem na Sociedade Goiana de Educação e Cultura (Faculdade Padrão). Professor substituto de Microbiologia/Micologia junto ao Departamento de Microbiologia, Parasitologia, Imunologia e Patologia do Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (IPTSP) da Universidade Federal de Goiás. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e Coordenador do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Atualmente o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais. Contato: dr.neto@ufg.br ou neto@doctor.com

ÍNDICE REMISSIVO

A

Alimentos 13, 119, 120, 124, 154, 180, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 212

Allium sativum 14, 15, 16, 19, 20, 21

Análise 4, 12, 13, 21, 58, 59, 65, 68, 76, 80, 98, 99, 102, 105, 106, 107, 114, 116, 120, 143, 150, 168, 170, 173, 174, 175, 176, 177, 187, 189, 212, 214

Antibiograma 117, 118, 121, 122, 123, 149, 156, 159, 160

Antibióticos 14, 16, 19, 20, 97, 108, 110, 119, 124, 125, 128, 129, 130, 132, 133, 141, 142, 146, 149, 150, 151, 153, 154, 155, 156, 158, 159, 160, 161, 163, 164, 166, 197

B

Bactérias 1, 4, 5, 7, 8, 14, 16, 17, 18, 19, 108, 109, 110, 111, 118, 119, 120, 121, 123, 124, 130, 132, 141, 142, 144, 148, 154, 155, 157, 158, 160, 161, 162, 180, 184, 185, 186, 188, 195, 198, 212

Bacteroides 44, 45, 46, 47, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 125

Biofilme 71, 118, 122, 124, 125, 127, 131, 132, 133, 134

Bioindicador 7, 8, 98, 107

Bioinformática 55, 57, 65, 214

Bovinos 112, 113, 114, 116, 161, 162, 168, 169, 178

C

Candida 68, 69, 70, 71, 72, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81

Candidemia 68, 69, 74, 75, 76, 77, 80, 81

Carbapenêmicos 108, 109, 149, 159

Cloranfenicol 14, 16, 17, 18

Contaminação biológica 1

D

Dengue 23, 24, 25, 28, 29, 30, 31, 35, 36, 37, 38, 57

Diagnóstico molecular diferencial 168

E

Enterococcus 8, 82, 83, 85, 86, 90, 91, 92, 93, 96, 97, 117, 118, 122

Epidemiologia 53, 68, 80, 152

Epítomos imunodominantes 55, 57, 59, 61, 64

Escherichia coli 1, 2, 4, 8, 12, 14, 15, 16, 19, 20, 46, 61, 77, 97, 109, 122, 140, 141, 143, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 164, 165, 166, 198, 199, 200, 201, 212

F

Fasciolose 112, 113, 116

G

Genética molecular 153

I

Infecção 23, 45, 56, 57, 68, 70, 71, 72, 75, 76, 78, 80, 108, 111, 115, 126, 127, 128, 131, 132, 133, 142, 149, 154, 169, 174

Infecção intra-abdominal 45

L

Laboratórios 1, 3, 9, 11, 16, 174, 178

Líquén 98, 100, 102, 107

M

Microbiologia 44, 55, 68, 76, 82, 102, 107, 117, 120, 125, 151, 152, 153, 167, 187, 204, 214

Microrganismos patogênicos 1, 2, 11, 12

Modelo murino 23

O

Oportunista 68, 70, 126, 127

P

Parabacteroides 44, 45, 46, 47

Peptídeos 44, 55, 57, 59, 122, 124, 131, 132

Poluição 98, 99, 100, 101, 103, 104, 105, 106

Proteínas recombinantes 55, 64, 65

Pseudocowpoxvirus 168, 169, 178

Q

q-PCR 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178

Quatro tamises 112, 113, 114, 116

R

Resistência 12, 14, 15, 16, 18, 19, 20, 68, 70, 71, 74, 80, 97, 108, 109, 110, 119, 121, 123, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 140, 141, 142, 146, 147, 149, 150, 152, 153, 154, 155, 156, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 189, 204

Resistência antimicrobiana 15, 131, 141, 160

Rotinas de higienização 1, 5, 9, 11, 12

Rotinas de Higienização 1, 6

S

Serviços de Saúde para Idosos 180

Sistema nervoso central 23

Staphylococcus aureus 8, 14, 15, 16, 19, 20, 21, 117, 118, 119, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 130, 134, 135, 136, 137, 138, 139

Substância antagonista 44, 45

V

Validação 168, 170, 177, 178, 198

Z

Zika vírus 55, 58, 64, 65, 66

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-772-7



9 788572 477727