



ISSN: 2595-1661

ARTIGO

Listas de conteúdos disponíveis em [Portal de Periódicos CAPES](https://periodicos.capes.gov.br)

Revista JRG de Estudos Acadêmicos

Página da revista:
<https://revistajrg.com/index.php/jrg>



Bactérias e fungos patogênicos: virulência, resistência antimicrobiana e estratégias modernas de diagnóstico e controle (2020–2026)

Pathogenic Bacteria and Fungi: Virulence, Antimicrobial Resistance, and Modern Strategies for Diagnosis and Control (2020–2026)

DOI: 10.55892/jrg.v9i20.2844
 ARK: 57118/JRG.v9i20.2844

Recebido: 16/01/2026 | Aceito: 20/01/2026 | Publicado on-line: 23/01/2026

Charlys Seixas Maia Dornelas¹
 <https://orcid.org/0000-0002-3580-9593>
 <http://lattes.cnpq.br/0148614417148409>
Universidade Federal da Paraíba, PB, Brasil
E-mail: csmdornelas@hotmail.com



Resumo

Bactérias e fungos patogênicos representam desafios estruturais à saúde global e à segurança alimentar, impulsionados pela crescente resistência antimicrobiana e pela complexidade de seus mecanismos de virulência. Esta revisão narrativa analisa a emergência desses agentes sob a ótica *One Health*, detalhando estratégias biológicas como formação de biofilmes, plasticidade fenotípica e transferência horizontal de genes que sustentam a persistência em ambientes clínicos e produtivos. Discute-se o impacto crítico de patógenos prioritários (como *Candida auris* e bactérias multirresistentes) e a escassez terapêutica, especialmente antifúngica, agravada pela pressão seletiva ambiental. O estudo avalia ainda avanços diagnósticos, destacando a metagenômica (mNGS) e a vigilância genômica como ferramentas decisivas para a rastreabilidade e o controle de surtos. Conclui-se que a mitigação dessas ameaças depende da integração entre inovação tecnológica, diagnósticos rápidos e governança sanitária robusta, essenciais para preservar a eficácia terapêutica e a sustentabilidade dos sistemas de saúde.

Palavras-chave: Resistência antimicrobiana; Virulência microbiana; Biofilmes; Fungos patogênicos

Abstract

*Pathogenic bacteria and fungi represent structural challenges to global health and food security, driven by increasing antimicrobial resistance and the complexity of their virulence mechanisms. This narrative review analyzes the emergence of these agents under the One Health perspective, detailing biological strategies such as biofilm formation, phenotypic plasticity, and horizontal gene transfer that sustain persistence in clinical and productive environments. The critical impact of priority pathogens (such as *Candida auris* and*

¹ Graduado em Medicina Veterinária. Mestre em Zootecnia, Doutor em Agronomia.



multidrug-resistant bacteria) and therapeutic scarcity, especially antifungal, aggravated by environmental selective pressure, are discussed. The study also evaluates diagnostic advances, highlighting metagenomics (mNGS) and genomic surveillance as decisive tools for traceability and outbreak control. It is concluded that mitigating these threats depends on the integration of technological innovation, rapid diagnostics, and robust health governance, essential to preserve therapeutic efficacy and the sustainability of health systems.

Keywords: Antimicrobial resistance; Microbial virulence; Biofilms; Pathogenic fungi

1. Introdução

Na última década, a microbiologia aplicada e a saúde pública convergiram para o reconhecimento de que bactérias e fungos patogênicos representam desafios estruturais para a saúde humana, animal e para a sustentabilidade dos sistemas produtivos, especialmente quando considerada a interdependência entre ambiente, agropecuária e cadeias de alimentos. A relevância do tema ampliou-se diante do crescimento das infecções associadas à assistência, do aumento da vulnerabilidade de populações imunossuprimidas e, crucialmente, da intensificação da resistência aos antimicrobianos, fenômeno que compromete a eficácia terapêutica e eleva os custos sanitários. Estimativas globais apresentadas por Murray et al. (2022; 2024) demonstram que a resistência bacteriana já responde por uma parcela expressiva da mortalidade e morbidade mundial, exigindo respostas integradas em vigilância e inovação farmacológica. Simultaneamente, Fisher et al. (2020) e Chowdhary et al. (2021) alertam que os fungos patogênicos assumiram novo protagonismo na agenda científica devido à alta letalidade de infecções invasivas e à escassez de arsenal antifúngico, criando um cenário onde infecções antes controláveis passam a apresentar manejo clínico complexo.

Além da resistência, a patogenicidade microbiana é sustentada por estratégias biológicas sofisticadas que envolvem adesão, produção de fatores de virulência e persistência em nichos protegidos, como biofilmes. Em bactérias, Cheung et al. (2021) e Qin et al. (2022) descrevem como sistemas regulatórios globais e mecanismos de secreção permitem que patógenos oportunistas e multirresistentes se adaptem rapidamente a pressões ambientais, variando de infecções localizadas a doenças sistêmicas. Nos fungos, a virulência é amplificada pela plasticidade fenotípica, dimorfismo e tolerância ao estresse. Rodríguez-Cerdeira et al. (2020) e Cortegiani et al. (2023) destacam que esses mecanismos, evidentes em espécies como *Candida albicans* e na emergente *Candida auris*, favorecem a recidiva e reduzem a efetividade de fármacos, transformando organismos antes considerados secundários em ameaças prioritárias no ambiente hospitalar.

Nesse contexto, instituições internacionais têm direcionado prioridades sob a perspectiva de *One Health*, integrando a saúde humana, animal e ambiental. Burki (2023) enfatiza que a criação de listas de patógenos prioritários e o fortalecimento de redes de vigilância refletem o reconhecimento de que microrganismos circulam entre ecossistemas, favorecidos por mudanças ambientais e pela pressão seletiva do uso de antimicrobianos em múltiplos setores. Assim, compreender os mecanismos de virulência e as bases genéticas da resistência constitui um passo essencial para orientar ações de mitigação. Diante desse panorama, esta revisão reúne evidências recentes (2020-2026) sobre a emergência de bactérias e fungos patogênicos, explorando seus mecanismos de patogenicidade, os desafios da resistência e as tendências modernas de diagnóstico e manejo, com foco em bases científicas aplicáveis à realidade sanitária contemporânea.



2. Metodologia

A presente revisão de literatura foi conduzida sob uma abordagem narrativa estruturada, incorporando etapas sistemáticas de busca, triagem e síntese temática. O objetivo central foi reunir evidências recentes e verificáveis sobre a biologia e o impacto de bactérias e fungos patogênicos, abrangendo seus mecanismos de virulência, perfis de resistência antimicrobiana e as estratégias modernas de diagnóstico e controle. O delineamento metodológico foi planejado para assegurar a atualidade dos dados (recorte temporal de 2020 a 2026), a rastreabilidade por DOI e a seleção de fontes de alta confiabilidade científica.

O levantamento bibliográfico foi realizado em bases de dados internacionais de ampla indexação e rigor editorial, incluindo Web of Science (Clarivate), Scopus (Elsevier), PubMed/MEDLINE, ScienceDirect, SpringerLink, Wiley Online Library e Taylor & Francis Online. Complementarmente, foram consultadas bases de relevância regional e institucional, como SciELO e o Portal de Periódicos CAPES. O Google Scholar foi utilizado de forma controlada para a recuperação de literatura cíntzeta relevante ou artigos não indexados nas bases principais, desde que publicados em veículos revisados por pares. Para maximizar a abrangência e mitigar a perda de evidências relevantes, aplicou-se a estratégia de *snowballing*, consistindo na leitura de referências de estudos-chave para identificar trabalhos relacionados a partir das publicações mais citadas e recentes.

A estratégia de busca utilizou descritores em português e inglês, combinados por operadores booleanos (AND/OR) e adaptados à sintaxe de cada base. As expressões incluíram termos como: *pathogenic bacteria*, *pathogenic fungi*, *fungal infections*, *bactérias patogênicas*, *virulence factors*, *biofilm*, *quorum sensing*, *type secretion system*, *antimicrobial resistance* (AMR), *antifungal resistance*, *Candida auris*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *genomic surveillance*, *whole-genome sequencing* (WGS), *metagenomic next-generation sequencing* (mNGS), *CRISPR diagnostics*, *infection control* e *One Health*. O recorte temporal concentrou-se no período entre 2020 e 2026, priorizando revisões críticas e artigos originais de alto impacto.

Para a seleção dos estudos, foram aplicados critérios rigorosos de elegibilidade. Foram incluídos artigos completos revisados por pares que abordassem diretamente um dos eixos temáticos da revisão: (i) panorama e emergência de patógenos; (ii) mecanismos de virulência e patogenicidade; (iii) resistência antimicrobiana e antifúngica; e (iv) diagnóstico, vigilância e novas estratégias de controle. Priorizou-se a inclusão de periódicos com estratos elevados em avaliações acadêmicas (ex.: Qualis A1/A2) e indexação robusta. Foram excluídos preprints, resumos de congressos, notas técnicas sem revisão por pares, textos indisponíveis na íntegra, publicações fora do intervalo temporal estipulado e estudos restritos à microbiologia básica sem conexão com patogenicidade clínica ou aplicada.

O fluxo de triagem ocorreu em duas etapas consecutivas: leitura exploratória de títulos e resumos para remoção de duplicatas e exclusão de trabalhos fora do escopo, seguida pela leitura integral dos artigos elegíveis para confirmação da adequação temática e qualidade metodológica. O gerenciamento das referências foi realizado via software bibliográfico (Zotero/Mendeley) para assegurar padronização e organização. A extração de dados focou em informações centrais como organismo-alvo, fatores de virulência, mecanismos de resistência, métodos diagnósticos e implicações para a saúde única. Por fim, a síntese das evidências baseou-se em uma análise temática integrativa, conectando a dinâmica evolutiva da patogenicidade à emergência da resistência e ao avanço tecnológico, com o intuito de fornecer um panorama atualizado e aplicável aos contextos clínicos e produtivos contemporâneos.



3. Resultados e Discussão

3.1 Panorama, relevância e impactos em saúde e na produção agrícola

Bactérias e fungos patogênicos permanecem como determinantes críticos para a saúde humana, animal e para a produtividade agropecuária, combinando alta capacidade adaptativa, diversidade ecológica e eficiência de transmissão. Nas últimas décadas, esse cenário agravou-se devido à intensificação dos fluxos globais e à pressão seletiva do uso extensivo de antimicrobianos. Murray et al. (2022) demonstram que a carga atribuível à resistência antimicrobiana já se estabeleceu como um dos maiores desafios sanitários do século, impactando diretamente a mortalidade e a sustentabilidade dos sistemas de saúde. Em atualização recente, Murray et al. (2024) evidenciam que o problema não apenas persiste, mas se reorganiza regionalmente, influenciado por desigualdades de acesso e infraestrutura sanitária, o que reforça o caráter estrutural e sistêmico do risco.

No campo das infecções fúngicas, Fisher et al. (2020) destacam que o crescimento da importância clínica e epidemiológica é evidente, impulsorado pela combinação entre subnotificação diagnóstica, letalidade elevada em imunossuprimidos e escassez de classes terapêuticas. Para esses autores, os fungos representam ameaças transversais que afetam humanos, a vida silvestre e a agricultura, gerando perdas econômicas e impactos ecossistêmicos expressivos.

Esse cenário motivou esforços internacionais para o direcionamento de prioridades. Burki (2023) relata que iniciativas como a lista de patógenos fúngicos da OMS passaram a orientar a pesquisa e as políticas públicas para microrganismos negligenciados. Entre as ameaças emergentes, Cortegiani et al. (2023) apontam *Candida auris* como exemplo paradigmático de patógeno associado a surtos hospitalares e multirresistência, exigindo vigilância ativa e estratégias terapêuticas robustas. Em síntese, dados recentes da WHO (2025) reforçam que a patogenicidade microbiana deve ser interpretada sob a lógica *One Health*, conectando o ambiente hospitalar, os ecossistemas e as cadeias produtivas, com reflexos diretos na segurança alimentar e no bem-estar global.

3.2 Mecanismos de patogenicidade e virulência bacteriana e fúngica

A capacidade de causar doença envolve uma rede integrada de fatores de virulência que abrange desde a adesão e colonização até a evasão imune, a produção de toxinas e a formação de biofilmes. No contexto bacteriano, Cheung et al. (2021) explicam que a versatilidade patogênica de *Staphylococcus aureus*, por exemplo, decorre da expressão coordenada de adesinas, toxinas citolíticas e superantígenos. Para esses autores, essa regulação global permite que o microrganismo transite entre infecções cutâneas leves e quadros de sepse invasiva, demonstrando elevada plasticidade em diferentes nichos anatômicos.

Já em bacilos Gram-negativos oportunistas, como *Pseudomonas aeruginosa*, a virulência é fortemente modulada por sistemas de secreção e comunicação celular (*quorum sensing*). Qin et al. (2022) e Sachdeva et al. (2024) destacam que a patogenicidade dessa espécie envolve múltiplos eixos, incluindo reprogramações metabólicas que favorecem a sobrevivência em ambientes hostis e a tolerância terapêutica. Essa competência é determinante para a colonização crônica de tecidos e dispositivos médicos, conferindo agressividade ao patógeno em indivíduos vulneráveis.

Nos fungos, a virulência apresenta particularidades como transições morfológicas e resistência ao estresse oxidativo. Rodríguez-Cerdeira et al. (2020) e Ciurea et al. (2020) exemplificam esse comportamento em *Candida albicans*, microrganismo que combina dimorfismo, invasão e adesão para elevar sua persistência e dificultar a eliminação.



Aprofundando essa questão, Rodrigues et al. (2021) descrevem o biofilme fúngico como um “estado” de proteção coletiva, caracterizado por uma matriz extracelular e heterogeneidade celular que reduzem drasticamente a sensibilidade aos antifúngicos e favorecem recidivas.

Por fim, a compreensão moderna da patogenicidade transcende a ação individual do microrganismo, sendo interpretada como um fenômeno emergente. Casadevall (2025) reforça que fatores imunometabólicos do hospedeiro e o contexto ecológico modulam a progressão da infecção, o que explica por que uma mesma espécie pode desencadear quadros clínicos distintos dependendo da suscetibilidade do hospedeiro e das condições de exposição.

3.3 Resistência e os desafios da terapêutica moderna

A resistência antimicrobiana é sustentada por uma complexa rede de mecanismos genéticos e fisiológicos que inclui mutações, aquisição de genes por transferência horizontal, bombas de efluxo e alteração de alvos moleculares, processos frequentemente amplificados pela formação de biofilmes. A escala desse fenômeno é tão abrangente que, segundo Murray et al. (2022), a resistência já redefine protocolos clínicos, prolonga internações e eleva drasticamente a mortalidade e os custos em saúde pública.

No domínio bacteriano, a expansão de genes de resistência móveis ilustra o risco de disseminação transfronteiriça. Poirel et al. (2024) destacam o caso dos determinantes de resistência à colistina (*mcr*), que comprometem antibióticos de última linha e ampliam o risco de falhas terapêuticas em infecções graves. Além disso, Uddin et al. (2021) e a WHO (2025) reforçam que a resistência é impulsionada pela pressão seletiva simultânea na saúde humana e na produção animal, o que exige estratégias integradas e vigilância contínua.

Nos fungos, a resistência tornou-se um gargalo crítico devido à escassez de classes terapêuticas e à lentidão no desenvolvimento de novos compostos. Chowdhary et al. (2021) apontam que *Candida auris* consolidou-se como um patógeno emergente, frequentemente multirresistente e associado a surtos hospitalares, demandando medidas de controle robustas. Paralelamente, Verweij et al. (2021) alertam para o risco crescente da resistência a azóis em *Aspergillus fumigatus*, onde a dinâmica ambiental alimenta a seleção de fenótipos que ameaçam a efetividade das terapias de primeira linha.

Adicionalmente, a resistência integra-se à biologia dos biofilmes e à heterogeneidade microbiana, reduzindo o desempenho clínico das intervenções convencionais. Satala et al. (2022) e Cortegiani et al. (2023) enfatizam que a compreensão dos mecanismos moleculares e do contexto ecológico é essencial para desenhar novas estratégias que combinem prevenção, diagnóstico precoce e terapias direcionadas, visando superar a persistência microbiana.

3.4 Estratégias modernas de diagnóstico, prevenção e controle

O enfrentamento de bactérias e fungos patogênicos depende crescentemente da articulação entre diagnóstico célere, vigilância genômica, medidas preventivas e novos modelos terapêuticos. Nesse cenário, as tecnologias de metagenômica (mNGS) ampliaram o potencial diagnóstico ao permitir a detecção abrangente de patógenos em amostras clínicas complexas, mitigando a dependência exclusiva de culturas e acelerando decisões terapêuticas. Garnica et al. (2021) apresentam evidências nacionais de que o mNGS contribui decisivamente na elucidação de casos complexos, particularmente em populações imunossuprimidas e quadros infecciosos de etiologia incerta.



Em âmbito internacional, Schimmer et al. (2024) destacam que, embora o sequenciamento metagenômico ganhe espaço como ferramenta clínica e epidemiológica, sua implementação efetiva demanda padronização rigorosa, interpretação cuidadosa e integração com métodos clássicos. Paralelamente, Thorpe et al. (2024) observam que a vigilância baseada em genômica avança no controle de surtos, uma vez que a integração de dados genéticos às práticas de controle hospitalar fortalece a rastreabilidade da transmissão e a avaliação de risco em tempo quase real.

Além das abordagens baseadas em sequenciamento, métodos de diagnóstico rápido mediados por CRISPR ganharam relevância. Nouri et al. (2021) enfatizam que essas ferramentas oferecem especificidade molecular e potencial para aplicação descentralizada, sendo ideais para cenários que exigem respostas rápidas e triagem eficiente. Simultaneamente, Li et al. (2025) apontam o interesse crescente por estratégias de controle que transcendem a simples eliminação do patógeno, explorando alvos de interação hospedeiro-patógeno e mecanismos de virulência como pontos de intervenção capazes de reduzir a pressão seletiva por resistência.

Por fim, diretrizes globais recentes da WHO (2025) reforçam que a eficácia das estratégias depende de uma governança alinhada à lógica *One Health*, integrando saúde humana, animal e ambiental com foco em vigilância, uso racional de antimicrobianos e biossegurança. Assim, o controle moderno de patógenos bacterianos e fúngicos consolida-se através da convergência entre inovação tecnológica, protocolos preventivos e capacidade de resposta rápida em contextos clínicos e produtivos.

4. Considerações Finais

bactérias e fungos patogênicos representam desafios estruturais para a saúde global e a segurança alimentar, impulsionados pela crescente resistência antimicrobiana e pela plasticidade de virulência. A complexidade desses organismos, capazes de transitar entre diferentes ecossistemas, exige que o enfrentamento ultrapasse a visão clínica tradicional e adote definitivamente a perspectiva *One Health*, integrando de forma indissociável a vigilância humana, animal e ambiental.

Fica claro que a persistência desses patógenos é sustentada por mecanismos biológicos sofisticados, como a formação de biofilmes, a transferência horizontal de genes e a adaptação metabólica, que reduzem drasticamente a eficácia das terapias convencionais. O entendimento aprofundado dessas estratégias de sobrevivência é pré-requisito para o desenvolvimento de novas intervenções, visto que a pressão seletiva contínua tende a tornar-se obsoletos os antimicrobianos atuais em velocidade alarmante.

Por fim, o controle efetivo no cenário contemporâneo depende da convergência entre inovação tecnológica e governança sanitária. A incorporação de ferramentas avançadas, como a metagenômica clínica e os diagnósticos rápidos, aliada a protocolos rigorosos de prevenção e uso racional de fármacos, constitui o caminho estratégico para mitigar riscos, antecipar surtos e garantir a sustentabilidade dos sistemas de saúde e produção frente às ameaças microbianas emergentes.



Referências

- BURKI, T. K. Fungal priority pathogens list. *The Lancet Microbe*. DOI: 10.1016/S2666-5247(23)00003-4. 2023
- CASADEVALL, A. Host-pathogen interactions and the pathogenesis of infectious diseases: a perspective. *Virulence*. DOI: 10.1080/21505594.2025.2547090. 2025
- CHEUNG, G. Y. C.; BAE, J. S.; OTTO, M. Pathogenicity and virulence of *Staphylococcus aureus*. *Virulence*. DOI: 10.1080/21505594.2021.1878688. 2021
- CHOWDHARY, A. et al. *Candida auris*: a rapidly emerging cause of hospital-acquired multidrug-resistant fungal infections globally. *Nature Reviews Microbiology*. DOI: 10.1038/s41579-021-00538-5. 2021
- CIUREA, C. N. et al. *Candida* and candidiasis—opportunism, pathogenicity, host immune response, and microbiota. *Microorganisms*. DOI: 10.3390/microorganisms8060857. 2020
- CORTEGIANI, A. et al. *Candida auris*: epidemiology, clinical characteristics, resistance, and management. *The Lancet Microbe*. DOI: 10.1016/S2666-5247(23)00114-3. 2023
- FISHER, M. C. et al. Threats posed by the fungal kingdom to humans, wildlife, and agriculture. *mBio*. DOI: 10.1128/mBio.00449-20. 2020
- FISHER, M. C.; DENNING, D. W. The worldwide priority of fungal pathogens. *Nature Reviews Microbiology*. DOI: 10.1038/s41579-023-00861-x. 2023
- GARNICA, M. et al. Metagenomic next-generation sequencing (mNGS) for diagnostically challenging infectious diseases in patients with acute leukemia. *The Brazilian Journal of Infectious Diseases*. DOI: 10.1016/j.bjid.2021.101548. 2021
- MURRAY, C. J. L. et al. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *The Lancet*. DOI: 10.1016/S0140-6736(21)02724-0. 2022
- MURRAY, C. J. L. et al. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990–2021: a systematic analysis. *The Lancet*. DOI: 10.1016/S0140-6736(24)01867-1. 2024
- NOURI, R. et al. CRISPR-based detection of infectious diseases: a review. *Nature Biomedical Engineering*. DOI: 10.1038/s41551-021-00760-7. 2021
- POIREL, L. et al. Plasmid-mediated colistin resistance genes: *mcr*. *Trends in Microbiology*. DOI: 10.1016/j.tim.2023.10.006. 2024
- QIN, S. et al. Emerging understanding of *Pseudomonas aeruginosa* pathogenesis and virulence factors. *Signal Transduction and Targeted Therapy*. DOI: 10.1038/s41392-022-01056-1. 2022



RODRÍGUEZ-CERDEIRA, C. et al. Candida infections: an update on epidemiology, pathogenesis, diagnosis and treatment. *Frontiers in Microbiology*. DOI: 10.3389/fmicb.2020.544480. 2020

RODRIGUES, M. E. et al. Fungal biofilms and polymicrobial disease. *Journal of Fungi*. DOI: 10.3390/jof7080603. 2021

SACHDEVA, S. et al. Metabolic allies or adversaries: bacterial and fungal interactions shaping pathogenicity. *Critical Reviews in Microbiology*. DOI: 10.1080/1040841X.2024.2397359. 2024

SATALA, D. et al. Antifungal resistance in biofilm-associated infections. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. DOI: 10.3389/fcimb.2021.765942. 2022

SCHIMMER, J. et al. Clinical metagenomic sequencing for pathogen detection: applications and considerations. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. DOI: 10.3389/fcimb.2024.1458316. 2024

THORPE, H. A. et al. Deep sequencing for infection prevention and control in healthcare. *The Lancet Microbe*. DOI: 10.1016/S2666-5247(24)00113-7. 2024

UDDIN, T. M. et al. Antibiotic resistance in microbes: history, mechanisms, therapeutic strategies and future prospects. *Journal of Infection and Public Health*. DOI: 10.1016/j.jiph.2021.10.020. 2021

VERWEIJ, P. E. et al. Azole resistance in *Aspergillus fumigatus*: a global public health issue. *mBio*. DOI: 10.1128/mbio.01871-20. 2021

WORLD HEALTH ORGANIZATION. WHO bacterial priority pathogens list: 2024 update. *The Lancet Infectious Diseases*. DOI: 10.1016/S1473-3099(25)00118-5. 2025