



Universidade Federal do Rio de Janeiro
Instituto de Microbiologia Paulo de Góes
Concurso Público para provimento efetivo de vagas no cargo de
Professor da Carreira de Magistério Superior

Edital UFRJ nº 54, de 30 de janeiro de 2024 (Consolidado com
seus editais de retificação) Versão inicial publicada no DOU em:
02/02/2024 | Edição: 24 | Seção: 3 | Página: 71 a 80, código
MC-055 – área Bacteriologia Médica, do Departamento de
Microbiologia Médica – Instituto de Microbiologia Paulo de
Góes – CCS – UFRJ.

PROVA ESCRITA

CANDIDATO: 611145

Temática 3: Métodos fenotípicos e moleculares aplicados à identificação,
diagnóstico e epidemiologia de bactérias patogênicas

1) Introdução

A emergência e disseminação de bactérias multirresistentes aos
antimicrobianos é um problema global de saúde pública que ameaça
o tratamento efetivo de doenças infecciosas. Além disso, está
associada a altas taxas de morbidade, mortalidade, internação
prolongada e elevação de custos.

Diante desse cenário é primordial a compreensão e o aperfeiçoamento
de métodos fenotípicos e moleculares para a identificação, o
diagnóstico e a vigilância epidemiológica desses patógenos.

2) Métodos fenotípicos

2.1. Cultivo bacteriano

O cultivo bacteriano permite a propagação de bactérias em meios
de cultura utilizando-se condições ideais. Pode-se empregar meios
sólidos, líquidos ou semissólidos, desde que estéreis e previamente preparados

suados.

A partir de uma cultura mista, muitas vezes é necessário o isolamento da bactéria, cultura pura, para posteriormente identificá-la e seguir com outros experimentos. Nessa etapa, pode-se utilizar o método de semeadura por esgotamento.

Diferentes meios de cultura são usados de acordo com a pesquisa do microrganismo, os meios enriquecidos como o BHI permite o crescimento de uma variedade de bactérias. Também é de grande importância meios seletivos e diferenciais, como, por exemplo, o Ágar MacConkey. O Ágar MacConkey, devido à sua composição, inibe o crescimento de bactérias Gram-positivas, por isso, seletivo para Gram-negativas. Também é um meio diferencial, pois entre as Gram-negativas, diferencia aquelas fermentadoras de lactose, como Escherichia coli, daquelas não fermentadoras, como Pseudomonas aeruginosa.

2.2. Caracterização macroscópica e microscópica

A partir do crescimento bacteriano em cultura pura, é possível fazer a sua caracterização macroscópica observando características importantes, como: borda da colônia, tamanho, brilho, odor, forma de crescimento, entre outros.

Além disso, pode-se preparar uma lâmina e fazer observações a fresco ou corá-los para posteriormente observar em microscópio óptico. A coloração de Gram (método de Gram) permite diferenciar bactérias Gram-positivas e Gram-negativas com base nas diferenças estruturais da parede celular. Além disso, outras colorações como para bactérias ácido alcohólicas resistentes (Mycobacterium spp.) ou coloração de flagelos, cápsulas e endósporos podem ajudar na identificação.

2.3. Provas bioquímicas

As provas bioquímicas podem auxiliar na identificação bacteriana com base nas diferentes vias metabólicas (oxidativa ou fermentativa), na presença de enzimas capazes de quebrar substratos específicos, ou ainda através de produtos finais do metabolismo, indicando, por exemplo, a presença ou ausência de gás.

2.4. Testes imunológicos

Os testes imunológicos estão relacionados a capacidade de um anticorpo se ligar a um antígeno e ser detectado. Vários métodos imunológicos podem ser usados, incluindo: ensaio imunoenzimático, imuno-bioquímico, aglutinação, entre outros.

3) Métodos alternativos

Métodos alternativos são assim designados por objetivarem uma identificação mais rápida e com menos etapas durante o processo.

Os kits são métodos rápidos, mas que podem levar a falsos negativos.

Outros métodos alternativos são os automatizados, que otimizam o trabalho em grandes laboratórios de microbiologia. Como exemplo pode-se citar o VITEK e BD Phoenix, que permite a identificação de muitas bactérias e ainda o seu antibiograma.

4) Métodos moleculares

4.1. PCR

A PCR, Reação em Cadeia da Polimerase, é um método

moleculares amplamente utilizados para aumentar (em níveis detectáveis) cópias de fragmentos específicos de DNA (genes).

A amplificação do gene é feita em um termociclador, com ciclos programáveis, incluindo: (i) desnaturação, na qual o aumento da temperatura permite separar a dupla fita do DNA (temperatura aproximada 95°C); (ii) anelamento, em que os primers se ligam a sequências alvo que serão amplificadas (temperatura aproximada 50°C - 70°C); e (iii) extensão, em que a enzima ~~toq~~ polimerase irá adicionar os desoxirribonucleotídeos para fazer cópias do fragmento inicial.

Após a reação ocorrer, os fragmentos poderão ser visualizados por eletroforese em gel de agarose, que utiliza uma corrente elétrica para a migração dos fragmentos de acordo com o seu tamanho (pares de base - pb). Fragmentos com menos pb irão migrar mais rapidamente do que aqueles com mais pb.

Nessa técnica é fundamental, na hora de corar o gel, adicionar um controle positivo, negativo e o marcador molecular, que permite comparar os pb obtidos com aqueles previamente identificados.

O gel poderá ser corado, por exemplo, com brometo de etídio e ~~cora~~ visualizado usando um transiluminador.

De fato, essa é uma técnica qualitativa, que permitirá identificar alguns genes (presença ou ~~ausência~~ ausência).

Já a qPCR (quantitativa) faz a detecção da amplificação a cada ciclo através de corantes que emitem fluorescência. Essa técnica é muito importante para detectar patógenos fastidiosos, de crescimento lento e difícil cultivo.

Q

4.2. Ciências Ômicas

Com o avanço das tecnologias tem surgido uma nova área nas pesquisas, as ciências ômicas. As ômicas agrupam áreas de estudos para entender de forma global um sistema biológico e caracterizar, identificar e quantificar moléculas envolvidas na dinâmica, estrutura e função dos microrganismos.

Dentre as principais áreas das ciências ômicas estão: genômica, transcriptômica, proteômica e metabolômica.

A genômica está envolvida no estudo dos genes, suas funções e organizações entre genomas. Nesse campo, diversos sequenciadores podem ser utilizados, sendo destacados aqueles da Illumina, que permite a obtenção de leituras curtas, e do Nanopore, um sequenciador de 4ª geração que permite obter sequências longas. Ambas as tecnologias possuem vantagens e desvantagens, Illumina, por exemplo, fornece uma cobertura maior do genoma, contudo, normalmente não é capaz de fechar completamente o cromossomo e/ou plasmídeos bacterianos. Nanopore, por sua vez, é um método relativamente mais barato, que pode ser usado em campo e por ser de sequências longas facilita o fechamento de genomas. Contudo, devido a metodologia de nanopores (passagem do DNA por poros através de uma corrente elétrica), sua acurácia é baixa.

A transcriptômica é usada para o estudo dos transcritos (RNA). O sequenciamento de RNA (RNASeq) e o Microarray são métodos que podem ser empregados para esse fim.

Já a proteômica permite a identificação de proteínas, um método não muito simples devido as assinaturas que

podem ser atribuídos por essas proteínas. A tecnologia Bidimensional 2D acoplada com HPLC permite a identificação de proteínas usando gel de poliacrilamida. Também, muito utilizado em laboratórios para identificação bacteriana através de análise das proteínas (corça e massa) e o MALDI-TOF.

Já a metabolômica permite analisar os metabólitos das bactérias.

De fato, as ciências ômicas tem proporcionado avanços para identificação, diagnóstico e vigilância de bactérias. Contudo, ainda possuem limitações: custos, recursos humanos e financeiros, erros de análise, quantidade de dados, entre outros.

⑤ Considerações finais e perspectivas

Para enfrentarmos as ameaças causadas por bactérias patogênicas é fundamental a compreensão e o aprimoramento das métodos de identificação, diagnóstico e vigilância.

Sendo os métodos fenotípicos quanto os moleculares possuem suas vantagens e desvantagens. A integração desses métodos para resultados mais rápidos e confiáveis pode auxiliar na detecção de surtos, monitoramento da resistência antimicrobiana, identificar padrões de transmissão, auxiliar em ^{estratégias} ~~métodos~~ de prevenção e controle baseadas em evidências.

A metagenômica, que permite identificar microrganismos sem cultivo prévio do microrganismo, tem auxiliado a descobrir comunidades antes não conhecidas e entender melhor a microbiota humana e o seu papel na saúde. ~~Métodos de~~ Tecnologia do DNA recombinante e CRISPR-Cas9 também tem revolucionado a capacidade de manipular genomas em prol da

saúde e da tecnologia.

Em um futuro próximo, espera-se que a ~~to~~ inteligência artificial e as análises de big data possam impulsionar mais avanços nessa área, oferecendo melhorias para a saúde global na perspectiva One Health.

⑥ Referências

~~BRUNO~~ TORTORA

~~BRUNO~~ TORTORA, G.J. et al. Microbiologia. 12 ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

~~BRUNO~~ TORTORA

~~BRUNO~~ TORTORA, M.T. et al. Microbiologia de Brock. 14 ed. Porto Alegre: Artmed, 2016.

LEVINSON, W. et al. Microbiologia e Imunologia Médica. 15 ed. Porto Alegre: Artmed, 2021.

BINECK, E. Ciências Ômicas: integrando a bioinformática, ciências, tecnologia e desenvolvimento, 2004.

ILLUMINA, disponível em: <<http://illumina.org>>. Acesso em 2024.

~~NONPER~~ NONPER, disponível em <<http://nonperotech.com>>. Acesso em 2024.

Tema 4: Bactérias Gram-negativas de importância médica: caracterização fenotípica e molecular, patogenicidade e controle.

1) Introdução

Os seres humanos possuem uma microbiota normal composta por vários microrganismos que fornecem benefícios, incluindo: produção de vitaminas, auxílio na digestão, ontogenismo mucoso e imunomodulação. Entretanto, alguns microrganismos (oportunistas) podem se tornar prejudicial ao acessar outras regiões do corpo ou se o indivíduo estiver imunocomprometido. Além disso, alguns ~~podem~~ microrganismos não endógenos podem ter acesso ao corpo humano e em certas ocasiões permanecer em um nicho, invadir células e tecidos, adquirir nutrientes, causar danos (toxinas) e escapar das respostas imunológicas do hospedeiro.

Conhecer a caracterização do microrganismo, sua epidemiologia, mecanismos de resistência e virulência, é imperativa para medidas eficazes de prevenção e controle de infecções.

2) Bactérias Gram-negativas

A diferenciação de bactérias Gram-negativas e Gram-positivas é obtida através do método de Gram. Nesse método, utiliza-se o corante cristal violeta, iodo (mordente), álcool e a saponina (contra corante) e ao final obtém-se células bacterianas coradas em roxo (Gram-positivas) ou rosa (Gram-negativas). Essa diferenciação ocorre devido a parede celular. Bactérias Gram-positivas possuem espessa camada de peptidoglicano e retem o corante roxo/púrpura. Já as bactérias Gram-negativas, possuem uma fina camada de peptidoglicano, em contraponto, apresentam uma membrana externa. Por isso, ao se empregar

O álcool, a camada se desfaz e ocorre a perda do cristal violeta, evidenciando apenas o contra corante.

A diferenciação de bactérias Gram-positivas e Gram-negativas é extremamente útil para a terapia antimicrobiana. Certos antimicrobianos usados em pouco mais ou menos inibem o crescimento de bactérias Gram-positivas (Staphylococcus aureus), como vancomicina, não penetram na membrana externa de Gram-negativas e por isso não devem ser usados.

Bactérias Gram-negativas possuem na sua membrana externa os lipopolissacarídeos, formados pelo lipídeo A, uma endotoxina, o cerne, que é estrutural e o polissacarídeo O, que fornece variação antigênica permitindo a tipagem, como por exemplo, Escherichia coli O157:H7, um patógeno associado à distúrbios gastrointestinais.

3) Bactérias Gram-negativas de importância médica

A Organização Mundial de Saúde (OMS) tem incentivado a utilização de uma abordagem de Saúde Única / Uma só Saúde / One Health para enfrentar ameaças globais, como a resistência aos antimicrobianos. Essa iniciativa visa agrupar esforços de setores multidisciplinares para propor soluções para todos.

Além disso, em 2024 a OMS atualizou a lista de patógenos prioritários a nível global. Essa lista é dividida em prioridade crítica, alta e média de acordo com o potencial destes patógenos bacterianos causarem doenças e também de desenvolverem resistência aos antimicrobianos.

Os patógenos de ~~prioridade~~ Gram-negativos de prioridade serão destacados a seguir:

- Prioridade crítica: Acinetobacter baumannii resistentes aos carbapenêms e bactérias da ordem Enterobacterales resistentes aos

carbapenêmicos ou as cefalosporinas de terceira geração.

• Pioria de alta: Pseudomonas aeruginosa resistentes aos carbapenêmicos, Salmonella spp. e Shigella spp. resistentes às fluoroquinolonas, ~~Enterobacter~~ e Neisseria gonorrhoeae resistentes às fluoroquinolonas e as cefalosporinas de 3ª geração.

• Pioria de média: Haemophilus influenzae resistentes à ampicilina.

3.1. Bactérias Gram-negativas de pioria de crítica

Acinetobacter baumannii

A. baumannii é considerado um patógeno oportunista prevalente em ambientes hospitalares. Apesar de acometer as mucosas causando várias consequências em pacientes debilitados, pode também causar infecções respiratórias, acometer o trato urinário e sistema nervoso. As infecções causadas por esse patógeno estão normalmente associadas a internação prolongada e uso de dispositivos médicos, como cateter.

Essa bactéria pode ser cultivada em ágar MacConkey, ^{em que} onde se apresentará como colônias mucoides elevadas e coloração clara ou incolor, por ser uma bactéria não fermentadora de lactose. O genoma de A. baumannii possui em torno de 4 Mb (4000 000 bp) e nos permite verificar aspectos relacionados à virulência e resistência.

No que consiste a resistência, dentre outros mecanismos, destaca-se a sequência de inserção ISAba1 como promotor dos genes bla_{OXA-23} e bla_{OXA-51}, relacionados à resistência aos carbapenêmicos.

Em relação à patogenicidade, vários fatores de virulência estão envolvidos em sua capacidade de aderir à superfície, como as cápsulas, produzidas a partir de enzimas de glicose

doctivas, captar nutrientes do hospedeiro a partir das secreções de sideróforos (por exemplo, aerobactina), entre outras.

Resalta-se que a capacidade de A. baumannii formar biofilmes em superfícies (bióticos e abióticos) dificulta o ~~seu~~ tratamento com antimicrobianos e favorece sua persistência e adaptação.

Ordem Enterobacterales

Diversas espécies bacterianas da ordem Enterobacterales são patógenos humanos. Para fins de exemplificação pode-se citar Escherichia coli. Essa é uma bactéria de distribuição ubíqua, catalase positiva, oxidase negativa, capaz de fermentar lactose em meios de cultura e se apresenta como bacilos visualizados em microscopia.

E. coli é uma bactéria mutualística no intestino humano, contudo, em certas ocasiões, pode se tornar oportunista e causar infecções urinárias, de feixes, meningite, entre outras.

O sequenciamento genômico dessa bactéria permite montar um genoma de aproximadamente 5Mb (5 000 000 pb). Os fatores de virulência associados à patogenicidade podem incluir: fímbrias (principalmente fímbrias do tipo 1), flagelo, pili, fatores de adesão, enzimas degradativas, sistemas captores de ferro (aerobactina, salmochelina, yersiniabactina e enterobactina), formação de biofilme, endotoxinas (lipídeo A), produção de proteases IgA e mecanismos de evasão do fagocitose.

A problemática da resistência antimicrobiana associada à essa bactéria envolve genes específicos, como por exemplo, bla CTX-M-15, que confere resistência às cefalosporinas de 3ª geração, e bla KPC-2, que confere resistência aos carbapenêms.

Esses genes podem estar em plasmídeos conjugativos, o

que facilita a disseminação desses determinantes de resistência.

A epidemiologia molecular permite a identificação dos grupos de incompatibilidade de plasmídeos associados a esses genes, a detecção de ilhas de patogenicidade e ainda a identificação de clones internacionais de alto risco a partir da análise do MLST (Multilocus Sequencing Typing). Nesse sentido, a identificação de E. coli multiresistentes e hipervirulentas associadas a plasmídeos epidêmicos (IncH11, IncFIA, IncFIB, entre outros) e clones internacionais (ST131, ST224, ST10, entre outros), representa uma grande ameaça à saúde.

4) Controle

A epidemiologia clássica e moléculas de bactérias Gram-negativas fornece informações para possibilitar a prevenção e o controle de infecções.

Do ponto de vista pessoal, manter uma vida saudável, ter hábitos de higiene adequados, se vacinar e seguir as prescrições médicas é fundamental. No ambiente hospitalar o rigoroso monitoramento das infecções, a ^{e correta} lavagem das mãos, a limpeza das superfícies, a prescrição de antimicrobianos com base no antibiograma e a educação e conscientização dos funcionários fazem a diferença. Ainda, o governo tem papel fundamental no controle desses patógenos. Nesse sentido, deve-se colocar em prática o Plano de Ação da OMS e da Agência de Vigilância Sanitária (ANVISA) para combater a resistência dos antimicrobianos e a disseminação de patógenos.

Com evidências, é possível prevenir surtos, epidemias, pandemias, fazer o uso racional de pacientes críticos, fornecer a

terapia adequada e identificar patógenos emergentes.

5) Considerações finais

As infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) causadas por bactérias Gram-negativas estão se tornando cada vez mais difíceis de tratar. Dessa forma, há a necessidade fundamental de novas estratégias de prevenção e controle baseadas em evidências.

Compreender os mecanismos envolvidos no sucesso dessas bactérias envolve a necessidade de pesquisas contínuas e métodos inovadores. Sendo assim, estudos na área devem ser incentivados e recursos fornecidos para ultrapassar os desafios das barreiras científicas e proporcionar uma melhor saúde para todos.

6) Referências

- TORTORA, G. J. et al. Microbiologia, 12 ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.
- MANIGAN, M. T. et al. Microbiologia de Brock, 14 ed. Porto Alegre: Artmed, 2016.
- KEVINSON, W. et al. Microbiologia e Imunologia Médica, 15 ed. Porto Alegre: Artmed, 2021.

WHO. Disponível em: < <http://who.int> >. Acesso em 2024.

Tema 9: Mecanismos genéticos de evolução de patógenos bacterianos.

1) Introdução

As bactérias patogênicas podem possuir determinantes de virulência e resistência que impacta na sua persistência e adaptação frente a diversos contextos. A capacidade dessas bactérias combaterem a quimioterapia e/ou se tornarem mais virulentas está interligada ao troca de material genético através de elementos genéticos móveis. A recombinação de genomas bacterianos pode fornecer novas características e impulsionar a evolução. Dessa forma, o estudo dos mecanismos genéticos e o seu impacto na evolução bacteriana deve ser uma prioridade para enfrentar problemas globais de saúde pública.

2) Variabilidade genética

A variabilidade genética consiste em diferenças no material genético bacteriano. Os mecanismos que impulsionam a variabilidade genética incluem: mutações e transferência horizontal de genes.

2.1. Mutações

Durante a replicação do material genético bacteriano, podem ocorrer mutações espontâneas ou influenciadas por agentes mutagênicos, como: análogos de base, ~~metabólitos~~ inibidores de etídeo, radiação não ionizante (luz violeta - UV), radiação ionizante (raio X), entre outros.

Mutações são alterações na sequência de bases do DNA e podem ser vantajosas e prejudiciais, embora a maioria seja neutra.

• Mutações pontuais
Mutações pontuais ocorrem quando há substituição de um nucleotídeo que pode alterar o triplet (códon).

- Mutações silenciosas (neutras): apesar da modificação do nucleotídeo, não causará alterações na proteína formada.

O nucleotídeo novo pode codificar o mesmo aminoácido (degeneração do código genético) ou ter a mesma função.

- Mutações missense: um nucleotídeo alterado irá causar modificação no triplet e no aminoácido.

- Mutações nonsense: um nucleotídeo alterado resultará na formação de um stop codon no meio do RRM.

A proteína deixará de ser funcional a partir desse ponto.

• Mutações de troca de base de leitura

Essas mutações ocorrem quando um ou mais pares de nucleotídeos são substituídos ou removidos de uma sequência.

Apesar das mutações não possibilitarem tanta variabilidade genética quando comparada à transferência horizontal de genes, esse fenômeno é muito importante. Os SNPs (polimorfismos de nucleotídeos únicos) são mutações pontuais amplamente estudados para construção de árvores filogenéticas baseadas em todo genoma, bem como, para verificação de resistência. Como exemplo, um "simples" SNP ~~em~~ no gene *gyrA* ou *parC*, pode causar resistência às fluoroquinolonas e variações na região determinante de resistência às quinolonas (QMR).

2.2. Transferência Horizontal de Genes (THG)

Três mecanismos estão envolvidos na THG: conjugação, transdução e transformação. Independente do mecanismo, e

material genético poderá seguir três caminhos: (i) ser degradado por enzimas de restrição; (ii) ser replicado "per se", se tiver origem de replicação; ou (iii) se recombinar com o cromossomo.

A- CONJUGAÇÃO

A conjugação envolve a transferência de material genético de uma célula doadora para uma célula receptora através de um plasmídeo conjugativo. Bactérias Gram-negativas possuem genes que codificam o pili conjugativo, enquanto que as Gram-positivas usam proteínas de aderência para fazer o contato entre as células.

Em certas condições, uma célula bacteriana que contém o plasmídeo (F^+) pode ter o seu plasmídeo clivado (enzimas HindIII) e uma das fitas será transferida para a célula receptora (F^-). Na célula doadora e receptora, através de complementariedade de bases, será sintetizada a fita complementar. No final, ambas terão o plasmídeo e poderão disseminá-lo para outras bactérias.

Bactérias F^+ podem integrar o seu plasmídeo no cromossomo, convertendo em uma célula Hfr (alta frequência de recombinação).

A presença de plasmídeos contendo genes de resistência e/ou virulência pode fornecer uma vantagem para a bactéria, permitindo sua sobrevivência em situações hostis.

B- TRANSDUÇÃO

A transdução é a transferência de material genético através de bacteriófagos (fagos), que são vírus que infectam bactérias.

A transdução pode ser generalizada ou especializada.

Na transdução generalizada um bacteriófago injeta o seu DNA na célula bacteriana, a maquinaria da célula produzirá

novas proteínas e DNA axial, em contrapartida, o DNA bacteriano não se degrada. No processo de empacotamento para formar novas partículas virais, ocasionalmente poderá ser empacotado o DNA bacteriano, resultando em uma partícula transdutora defeitiva. No ciclo lítico, a partícula transdutora, contendo qualquer parte do DNA bacteriano doador, pode atingir uma outra célula (receptora) e o seu DNA pode ser integrado ao cromossomo bacteriano. Alguns toxinas (botulínica, enterogênica, etc) não codificadas por bacteriófagos.

Na transdução especializada, apenas fragmentos específicos do DNA bacteriano poderão ser empacotados, por esses fragmentos estarem adjacentes ao DNA axial no ciclo lisogênico.

C-TRANSFORMAÇÃO

O mecanismo genético denominado de transformação consiste na captação do DNA livre pelo receptor bacteriano.

A livre de uma bactéria, por exemplo, pode liberar o material genético e ele ser captado por outra bactéria. Para isso é necessário que o DNA transformante se ~~ligar~~ ligue à superfície bacteriana (proteínas de ligação), seja incorporado por proteínas de competência, que o protegem do ataque de endonucleases, e que haja a recombinação com auxílio da proteína RecA.

Não são todas as bactérias capazes de capturar o DNA exógeno. É preciso que a célula esteja em um estado de competência, ou seja, que sua parede celular esteja permeável a essa captação. O estado de competência ocorre naturalmente para certas bactérias; enquanto, para outras, é preciso fazer a transformação forçada em laboratório. Para isso pode-se utilizar aumento de temperatura, concentração de sais ou eletroporação (pulsos elétricos curtos).

2.3. Recombinação

A recombinação genética pode ser homóloga, exigindo noções de homologia entre as sequências de DNA, ou não homóloga, na qual a homologia não é necessária.

Nesse processo duas moléculas de DNA clivadas, separadas e permutadas, através de enzimas específicas.

3) Elementos genéticos móveis

Elementos genéticos móveis, como plasmídeos, elementos conjugativos integrativos, transposons e sequências de inserção, favorecem e facilitam a transferência horizontal de genes.

Estudos genômicos têm relacionado o número de sequências de inserção, recombinas, deleções e recombinações com a maior capacidade de certas bactérias, como *Yersinia*, causar doenças.

De fato, a presença destes elementos impulsiona a colonização e sobrevivências de populações bacterianas.

4) Pressão seletiva

A pressão seletiva ~~a seleção natural~~ está relacionada a seleção natural e evolução das populações. Ambientes hospitalares, por exemplo, na qual se utilizam antimicrobianos em frequência elevada, causa a morte de bactérias sensíveis e a proliferação daquelas resistentes que sobrevivem.

A pressão seletiva por desinfetantes, temperatura, outros condições ambientais também pode exercer e selecionar grupos de bactérias específicos.

5) Considerações finais

A ubiquidade bacteriana oferece a possibilidade de treçar de material genético a partir de um pool genômico pré-existente. Deste modo, acredita-se que as bactérias estão fazendo um "ajuste fino" no seu genoma em direção a um habitat ou situação particular.

As ciências ômicas pode ajudar a elucidar fatores ainda não compreendidos a respeito dos mecanismos genéticos de evolução de patógenos bacterianos. Sendo assim, pesquisas devem ser incentivadas e recursos humanos e financeiros disponibilizados.

6) Referências

- TORTORA, G.J. et al. Microbiologia, 12 ed. Porto Alegre: Artmed, 2017
MADIGAN, M.T. et al. Microbiologia de Brock, 14 ed. Porto Alegre: Artmed, 2016
LEVINSOHN, W. et al. Microbiologia e Imunologia Médica, 15 ed. Porto Alegre: Artmed, 2021.