v7.n11.2026

REVISTA CIENTÍFICA - RECIMA21 ISSN 2675-6218

ESTUDO RETROSPECTIVO DO PERFIL DE RESISTÊNCIA BACTERIANA EM HEMOCULTURAS EM UM HOSPITAL TERCIÁRIO DA REGIÃO DO MÉDIO VALE DO ITAJAÍ

RETROSPECTIVE STUDY OF THE BACTERIAL RESISTANCE PROFILE IN BLOOD CULTURE ISOLATES FROM A TERTIARY HOSPITAL IN THE MÉDIO VALE DO ITAJAÍ REGION

ESTUDIO RETROSPECTIVO DEL PERFIL DE RESISTENCIA BACTERIANA EN HEMOCULTIVOS EN UN HOSPITAL DE TERCER NIVEL DE LA REGIÓN DEL MÉDIO VALE DO ITAJAÍ

José Arthur Rubick Rieg[1], Keli Maria Granoski[1], Carolina Luisa Bogoni Luzzi[1], Cláudia Yoshime Fukushigue Sato[2]

e7119364
https://doi.org/10.47820/recima21.v7i11.9364

PUBLICADO: 11/2026

RESUMO

Infecções bacterianas resistentes a antibióticos apresentam alta morbimortalidade, destacando-se a infecção da corrente sanguínea por sua gravidade e prevalência. O diagnóstico é feito através da hemocultura com antibiograma, permitindo a identificação do agente etiológico e de seu perfil de sensibilidade aos antimicrobianos. Este estudo teve como objetivo analisar o perfil de resistência bacteriana de exames de indivíduos internados em um hospital terciário do Médio Vale do Itajaí, visando auxiliar no uso empírico racional de antimicrobianos. Foram avaliados resultados de hemoculturas de indivíduos com 18 anos ou mais, coletados entre 1º de janeiro de 2023 e 31 de dezembro de 2024, totalizando 323 resultados. Os dados foram organizados em planilhas de Excel e analisados com base em estatística descritiva, com resultados apresentados em gráficos e tabelas. Em relação à população estudada, não se observou diferença que permita, isoladamente, concluir sobre maior risco de infecção em determinado sexo, enquanto verificou-se ampla variação de faixa etária, com predomínio nos idosos. As bactérias mais frequentes foram *Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli, Enterococcus faecalis* e *Streptococcus pneumoniae.* No total, foram detectadas 34 espécies, indicando ampla variabilidade etiológica. Por fim, identificou-se uma predominância expressiva de bactérias com resistência a pelo menos um antimicrobiano testado (75,9%), o que reforça a importância do monitoramento da resistência bacteriana em infecções da corrente sanguínea para orientar a terapia antimicrobiana.

PALAVRAS-CHAVE: Farmacorresistência Bacteriana. Pacientes Internados. Bacteriemia.

ABSTRACT

Antibiotic-resistant bacterial infections are associated with high morbidity and mortality, with bloodstream infections standing out due to their severity and prevalence. Diagnosis is achieved through blood cultures combined with antimicrobial susceptibility testing, allowing the identification of the etiological agent and its antimicrobial susceptibility profile. This study aimed to analyze the bacterial resistance profile of samples from individuals hospitalized at a tertiary hospital in the Médio Vale do Itajaí region, with the goal of supporting the rational empirical use of antimicrobials. Blood culture results from individuals aged 18 years or older, collected between January 1, 2023, and December 31, 2024, were evaluated, totaling 323 results. Data were organized in Excel spreadsheets and analyzed using descriptive statistics, with the results presented in graphs and tables.

[1] Centro Universitário de Brusque - UNIFEBE, Acadêmico(a) de Medicina.
[2] Universidade Estadual de Londrina (UEL), Mestra em Microbiologia.

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Regarding the study population, no differences were observed that would allow the conclusion that there is a higher risk of infection in a particular sex based on this factor alone, whereas a wide age range was found, with a predominance of elderly individuals. The most frequent bacteria were Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Escherichia coli, Enterococcus faecalis and Streptococcus pneumoniae. A total of 34 species were detected, indicating broad etiological variability. Finally, a significant predominance of bacteria exhibiting resistance to at least one antimicrobial agent tested was identified (75.9%), reinforcing the importance of monitoring bacterial resistance in bloodstream infections to guide antimicrobial therapy.

KEYWORDS: *Bacterial Drug Resistance. Inpatients. Bacteremia.*

RESUMEN
Infecciones bacterianas resistentes a los antibióticos presentan una elevada morbimortalidad, destacándose las infecciones del torrente sanguíneo por su gravedad y prevalencia. El diagnóstico se realiza mediante hemocultivo con antibiograma, permitiendo la identificación del agente etiológico y de su perfil de sensibilidad a los antimicrobianos. Este estudio tuvo como objetivo analizar el perfil de resistencia bacteriana en muestras de pacientes internados en un hospital de tercer nivel de la región del Médio Vale do Itajaí, para contribuir al uso empírico racional de antimicrobianos. Se evaluaron los resultados de hemocultivos de pacientes de 18 años o más, recolectados entre el 1 de enero de 2023 y el 31 de diciembre de 2024, totalizando 323 resultados. Los datos se organizaron en hojas de cálculo de Excel y se analizaron mediante estadística descriptiva, presentándose los resultados en gráficos y tablas. En cuanto a la población estudiada, no se observó ninguna diferencia que permita concluir, de forma aislada, que existe un mayor riesgo de infección en un sexo determinado, pero se constató amplia variabilidad en los grupos de edad, con predominio de los adultos mayores. Las bacterias más frecuentes fueron Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Escherichia coli, Enterococcus faecalis y Streptococcus pneumoniae. En total, se identificaron 34 especies, lo que indica una amplia variabilidad etiológica. Por último, se observó una elevada proporción de bacterias resistentes a al menos uno de los antimicrobianos evaluados (75,9%), lo que refuerza la importancia de vigilar la resistencia bacteriana en las infecciones del torrente sanguíneo para orientar la terapia antimicrobiana.

PALABRAS CLAVE*: Farmacorresistencia bacteriana. Pacientes Internos. Bacteriemia.*

1. INTRODUÇÃO

As infecções bacterianas resistentes a antibióticos são atualmente uma questão de relevância no que diz respeito à assistência em saúde hospitalar, sendo associadas a 4,95 milhões de mortes somente no ano de 2019 (Murray *et al.*, 2022). Tais infecções podem acometer diversos sistemas do corpo humano, porém, as infecções da corrente sanguínea (ICS) demandam especial atenção, visto que estão relacionadas a cerca de 40% dos casos de sepse hospitalar e comunitária (Timsit *et al.*, 2020).

Além de representarem uma elevada taxa de mortalidade, as ICS são responsáveis pelo agravamento de diversos quadros clínicos, como de pacientes dialíticos, com pneumonia ou com doenças oncológicas e hematológicas (Foletto *et al.*, 2019; Kargaltseva *et al.*, 2022). Tais

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

infecções podem ser de caráter primário, em que não há a identificação do foco inicial; ou secundário, ocorrendo infecção em outro sistema, que evolui com manifestações clínicas de sepse ou que apresenta hemocultura positiva (ANVISA, 2013).

Quanto ao exame padrão para o diagnóstico, destaca-se a hemocultura com teste de sensibilidade aos antimicrobianos (antibiograma), que possui a capacidade de isolar o agente etiológico e identificar o perfil de sensibilidade que os patógenos apresentam às diferentes classes de antibióticos. Desta forma, faz-se essencial na prática médica frente ao corrente aumento e surgimento de novos perfis de resistência bacteriana, permitindo o direcionamento da antibioticoterapia, na maioria das vezes já iniciada de forma empírica (Doern *et al.*, 2019; Friedrich *et al.*, 2022).

Nesse contexto, o uso indiscriminado de antimicrobianos faz com que as bactérias comecem a expressar resistência contra seus mecanismos de ação das mais diversas formas; sendo comumente divididas nos grupos de bactérias Gram-positivas, Gram-negativas, anaeróbias e atípicas. Em relação às Gram-negativas, possuem destaque as produtoras de beta-lactamases e carbapenemases; enquanto nas bactérias Gram-positivas, os principais grupos encontrados são as bactérias resistentes aos antibióticos macrolídeos, lincosamidas e estreptograminas, o *Staphylococcus aureus* resistente à Meticilina e, descoberta mais recentemente, *Staphylococcus aureus* resistente à Vancomicina (Oliveira *et al.*, 2020*;* Mancuso *et al.*, 2021).

Esse avanço preocupante dos perfis de resistência antimicrobiana tem sido confirmado por dados recentes, visto que o relatório da Organização Mundial da Saúde (2022) revelou um índice de mais de 50% de resistência bacteriana em organismos frequentemente causadores de infecção da corrente sanguínea em hospitais. Em 2021, aproximadamente 1,14 milhão de mortes no mundo foram atribuíveis à resistência antimicrobiana; estimando-se ainda que, se nenhuma medida for adotada, esse número possa aumentar para 1,91 milhão em 2050 (Naghavi *et al.*, 2024).

O objetivo geral deste trabalho é analisar o perfil de resistência bacteriana presente em resultados de hemoculturas positivas de indivíduos com suspeita de ICS que estiveram internados em leito de enfermaria de um hospital terciário do Médio Vale do Itajaí, enquanto os objetivos específicos são identificar as principais bactérias associadas às infecções da corrente sanguínea, verificar a frequência de bactérias multirresistentes em hemoculturas, detectar as principais cepas, fenótipos e mecanismos de resistência das bactérias encontradas nos resultados analisados e reconhecer o espectro de sensibilidade bacteriana aos antibióticos.

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Diante do exposto, é imprescindível analisar o perfil de resistência bacteriana apresentado nestes exames, visando auxiliar no direcionamento do uso de antimicrobianos de forma empírica racional, buscando minimizar o surgimento de novos fenótipos ou mecanismos de resistência. Ademais, a monitorização dos padrões locais de resistência é fundamental para otimizar a prática clínica e diminuir a morbimortalidade geral, além de possibilitar o subsídio para elaboração de políticas de controle de infecções.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

Os antibióticos são fármacos utilizados amplamente na prática hospitalar, estes apresentam diferentes mecanismos de ação, que são estrategicamente utilizados nos diversos tratamentos clínicos. Tais agentes são usualmente agrupados em cinco principais mecanismos (Darby *et al.*, 2023; Oliveira *et al.*, 2024; Santos, 2024b).

Um destes mecanismos é a inibição da síntese da parede celular, de forma que os antibióticos atuam inibindo enzimas responsáveis pela estruturação das bactérias. Como representantes, tem-se os agentes beta-lactâmicos (penicilinas, cefalosporinas, carbapenêmicos) que inibem a Proteína Ligadora de Penicilina (Darby *et al.*, 2023; Santos, 2024b).

Outra estratégia é a inibição da síntese proteica, que pode ocorrer em duas diferentes fases, sendo a primeira delas por inibição da subunidade ribossomal 30S, como ocorre na classe dos aminoglicosídeos e tetraciclinas; enquanto a outra inibição acontece com a subunidade ribossomal 50S, como realizam os macrolídeos, oxazolidinonas e anfenicóis (Darby *et al.*, 2023; Santos, 2024b).

A inibição da síntese dos ácidos nucleicos é outra forma de atuação dos antimicrobianos, que interferem diretamente na formação do material genético das bactérias, como exemplificado pelas fluoroquinolonas, que inibem as enzimas Topoisomerase II (DNA Girase) e Topoisomerase IV (Darby *et al.*, 2023; Oliveira *et al.*, 2024; Santos, 2024b).

Os antibióticos de certas classes são ainda capazes de impedir o metabolismo do Ácido Fólico, como fazem as sulfonamidas, que diminuem a produção endógena deste elemento, reduzindo a atividade da enzima Di-hidropteroato Sintase, e a Trimetoprima, que faz esse declínio interferindo na atividade da enzima Di-hidrofolato Redutase (Darby *et al.*, 2023; Santos, 2024b).

Por fim, outro mecanismo comum é a lesão à membrana celular, tendo como causadora direta a classe das polimixinas, que através da ligação com os lipopolissacarídeos (LPS) das

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

bactérias Gram-negativas, promove o deslocamento de íons de forma desordenada, rompendo a camada exterior bacteriana (Darby *et al.*, 2023; Santos, 2024b).

Partindo desta perspectiva, os mecanismos de resistência das bactérias correspondem à forma de ação dos antibióticos. Inicialmente, a resistência pode ser intrínseca ou adquirida; de forma que a primeira ocorre previsivelmente, estando ligada ao gênero e espécie, sendo uma característica inata do microrganismo, ou seja, todos os patógenos de determinada espécie apresentarão naturalmente o mesmo mecanismo de resistência. Em contraponto, a resistência adquirida ocorre quando uma bactéria previamente sensível a um antibiótico torna-se resistente através de mutações genéticas ou transferência horizontal de elementos genéticos. Ademais, determinada bactéria pode ainda apresentar um mecanismo de resistência de forma isolada, ou associada, gerando um perfil de multirresistência (ANVISA, 2020; Blair *et al.*, 2014; Munita; Arias, 2016).

Os principais mecanismos presentes na literatura são quatro (Dalmolin *et al.*, 2022; Silva, 2008), que serão descritos a seguir. No primeiro deles, as bactérias podem desenvolver métodos de codificar a produção de enzimas que têm a capacidade de modificar, degradar ou inativar irreversivelmente os antibióticos (Dalmolin *et al.*, 2022; Santajit; Indrawattana, 2016). O exemplo de maior importância clínica é a produção da enzima beta-lactamase, que promove a hidrólise do anel beta-lactâmico, presente no núcleo dos fármacos da classe de mesmo nome, culminando na perda de ação do fármaco (Kumar; Varela, 2013; Souza; Dias; Alvim, 2022).

Além deste, ao longo do tempo, certos microrganismos desenvolveram meios de alterar sua parede celular, tornando-a seletivamente permeável ou impermeável para certas classes de antibióticos, resultando em uma concentração intracelular insuficiente, que torna a droga incapaz de exercer sua função (Costa; Silva Junior, 2017; Dalmolin *et al.*, 2022).

Como um terceiro mecanismo, pode ser utilizado o sistema de efluxo, encontrado na parede celular das bactérias e utilizado para excreção de produtos tóxicos oriundos de seu metabolismo. Este aparato torna-se uma forma de resistência quando há aumento da atividade das bombas de efluxo já existentes ou por seu acréscimo numérico, expulsando além de seus próprios metabólitos, os antimicrobianos (Baptista, 2013; Dalmolin *et al.*, 2022). As principais classes atingidas são as fluoroquinolonas e tetraciclinas (Costa; Silva Junior, 2017; Souza; Dias; Alvim, 2022).

Por último, os antibióticos possuem um local alvo específico de ação na célula bacteriana, assim, alterações nestes sítios, seja de forma estrutural ou pela codificação de uma proteção, conferem resistência a certas drogas (ANVISA, 2020; Munita; Arias, 2016). Neste quesito, o mecanismo de maior relevância clínica está presente nos patógenos *Staphylococcus*

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

spp., em que ocorre a codificação de uma nova proteína ligante ao antibiótico, semelhante à original, mas que possui baixa afinidade pela classe beta-lactâmica, diminuindo assim, sua eficácia (Aguayo-Reyes *et al.*, 2018; ANVISA, 2020; Peacock; Paterson, 2015).

A fim de facilitar a interpretação clínica, as bactérias podem ser classificadas em cepas, fenótipos ou mecanismos de resistência antimicrobiana. Em relação às bactérias Gram-positivas, um perfil de resistência importante intitula-se MLS (*Macrolide, Lincosamide, Streptogramin*), significando resistência cruzada, constitutiva ou induzida, entre macrolídeos, lincosamidas e estreptograminas, que ocorre por possuírem mecanismos de ação semelhantes (Gemmell *et al*., 2006; Gherardi *et al.*, 2009; Szemraj *et al.*, 2019).

Também clinicamente relevante, o fenótipo MRSA (*Methicillin-resistant Staphylococcus aureus*) designa *Staphylococcus aureus* resistentes à Meticilina, resultado da modificação do alvo farmacológico (Craft *et al.*, 2019; Stapleton; Taylor, 2002). Como evolução desta, surgiu a VRSA (*Vancomycin-resistant Staphylococcus aureus*), que compreende *Staphylococcus aureus* que apresentam resistência à Vancomicina, causada pelo aumento do uso deste antibiótico em combate às infecções MRSA (Jubeh; Breijyeh; Karaman, 2020).

No que se refere às Gram-negativas, é característica a AmpC (*Ampicillin C β-lactamase*), que designa bactérias produtoras de enzimas beta-lactamases do grupo C, levando à resistência a diversas penicilinas e a certas cefalosporinas, como Cefalotina, Cefazolina e Cefoxitina (Jacoby, 2009); além de tenderem à resistência aos inibidores de beta-lactamases (Ácido Clavulânico, Sulbactam ou Tazobactam) (Varela *et al.*, 2021). De maneira similar, ESBL (*Extended-Spectrum β-Lactamase*) refere-se a produtoras de beta-lactamases que hidrolisam da primeira à quarta geração de cefalosporinas, mas não o fazem com Cefamicina e carbapenêmicos; contudo, são suscetíveis aos inibidores de beta-lactamase a depender do tipo de enzima, do inibidor empregado e da coexistência de outros mecanismos de resistência bacteriana (Rahman *et al.*, 2018). Por fim, de maior impacto clínico, tem-se as carbapenemases, grupo de beta-lactamases capazes de hidrolisar carbapenêmicos e, conforme a classe enzimática, demais beta-lactâmicos; tais enzimas representam a forma mais avançada de resistência mediada por β-lactamases, e entre seus diferentes grupos, destaca-se a *Klebsiella pneumoniae* Carbapenemase (KPC) (Bonomo *et al.*, 2017; Munoz-Price *et al.*, 2013; Palzkill, 2013).

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

3. METODOLOGIA

Trata-se de um estudo de natureza quantitativa, retrospectiva, transversal e descritiva, que visou o levantamento e interpretação de dados acerca do perfil de resistência bacteriana presente em resultados de hemoculturas com antibiograma que foram realizados na população determinada.

Os dados analisados nesta pesquisa consistiram em resultados de hemoculturas de participantes que estiveram internados em leitos de enfermaria em um hospital terciário na região do Médio Vale do Itajaí. Foram incluídos indivíduos com 18 anos ou mais, de ambos os sexos, nos quais foi realizada hemocultura com antibiograma durante o período de internação. A análise englobou todos os resultados entre o período de 1º de janeiro de 2023 a 31 de dezembro de 2024 que apresentaram crescimento bacteriano, tendo como critérios de exclusão participantes abaixo da faixa etária ou que estiveram internados em setor diferente do indicado, ausência de crescimento bacteriano no exame de hemocultura, ausência de antibiograma associado ou realizados fora do período determinado. Não foi realizado procedimento específico para exclusão de resultados duplicados, sendo considerados todos os resultados elegíveis conforme os critérios de inclusão e exclusão estabelecidos.

A identificação bacteriana e o Teste de Sensibilidade aos Antimicrobianos (TSA) foram realizados pelo sistema automatizado MicroScan autoSCAN4 ou MicroScan WalkAway Plus, com interpretação dos resultados conforme os documentos da versão brasileira do European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST/versão BrCast), conforme portaria número 64 do Ministério da Saúde de 2018 (Brasil, 2018), considerando a versão vigente adotada pelo laboratório no período.

Os dados coletados foram idade do indivíduo no momento da coleta, sexo, o nome da bactéria presente, sua cepa, fenótipo ou mecanismo de resistência e a resposta do patógeno aos antibióticos testados, sendo agrupados em sensíveis, intermediários (sensível, aumentando exposição) ou com resistência. Ademais, um mesmo isolado pode apresentar resistência simultânea a diferentes classes, e, consequentemente, ser classificado em mais de um fenótipo ou mecanismo de resistência.

Tais informações foram organizadas em uma planilha do Excel (Microsoft 365), e analisados por meio do *software* JAMOVI (versão 2.6.44.0), baseado em estatística descritiva, utilizando frequências absolutas e relativas para a caracterização da amostra e medidas de tendência central e dispersão para a variável idade. A comparação da idade entre os pacientes dos sexos feminino e masculino foi realizada por meio de análise de variância de um fator

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

(ANOVA). Considerou-se nível de significância de 5% (α=0,05), com teste bilateral. Foram considerados os pressupostos de independência das observações, normalidade dos resíduos e homogeneidade das variâncias. Este trabalho foi devidamente apreciado e aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CEP), em 18 de setembro de 2025, sob o parecer número 7.846.216.

Por se tratar de uma pesquisa com avaliação de resultados de exames laboratoriais secundários, os riscos envolvidos foram baixos, já que não houve contato direto com os participantes e nem mesmo a realização de procedimentos invasivos. Em relação aos benefícios, a análise de dados visou auxiliar o serviço de controle de infecção hospitalar, bem como auxiliar no direcionamento da prática médica na prescrição de antibioticoterapia empírica.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No período de janeiro de 2023 a dezembro de 2024, 323 hemoculturas foram positivas e tiveram o antibiograma associado, sendo 192 (59,4%) pertencentes a indivíduos do sexo masculino e 131 (40,6%) do sexo feminino (Tabela 1). Esse achado corrobora a prevalência masculina encontrada por Mancini, Jeronimo e Bernardes (2022), em que o sexo masculino foi responsável por 58% das amostras analisadas, enquanto o feminino por 42%. Ademais, no presente estudo não se observou diferença que permita, isoladamente, concluir sobre maior risco de infecção em determinado sexo, não sendo identificada relevância clínica neste aspecto.

Observa-se que a idade média encontrada foi de 63,4 anos para as mulheres, com mínima de 19 anos e máximo de 91 anos, enquanto para os homens a média foi de 65,1 anos, variando de 24 a 98 anos. Isto demonstra que o maior grupo acometido são os idosos, coincidindo com os resultados relatados por Friedrich *et al*. (2022), em que 45,71% dos participantes tinham mais de 60 anos. Acredita-se que a maior ocorrência de infecções nessa faixa etária deve-se ao enfraquecimento imunológico, às alterações fisiológicas e funcionais decorrentes da senilidade e à maior propensão destes indivíduos a comorbidades (Bôas; Ruiz, 2004). Conforme a Tabela 1, demonstra-se um valor de *p* entre as variáveis de 0,370, indicando ausência de diferença estatisticamente significativa na idade média entre homens e mulheres, o que em termos práticos, implica que a métrica idade está equilibrada entre os grupos por sexo.

Em relação ao agente etiológico, a principal bactéria evidenciada nas hemoculturas foi *Staphylococcus aureus*, presente em 21,4% dos casos (69 amostras); seguida da *Klebsiella pneumoniae* (14,9%); *Escherichia coli* (13%); *Enterococcus faecalis* (9,6%) e *Streptococcus pneumoniae* (8,4%). Há concordância entre a bactéria mais frequentemente identificada neste estudo e a relatada por Santos et al. (2024a), que teve *Staphylococcus aureus* como espécie

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

predominante, presente em 19,61% das amostras. Tal microrganismo se apresenta como uma das principais causas de infecção da corrente sanguínea, estando frequentemente associado à permanência de cateteres de longa duração, ao uso de acessos venosos e infecções de pele e tecidos moles, visto que além de atuar como patógeno, apresenta características de comensalidade, sendo majoritariamente encontrado habitando a pele humana (Rupp *et al.,* 2025). No entanto, embora na análise de Santos et al. (2024a) *Klebsiella pneumoniae* tenha sido também a segunda mais frequente, presente em 15,69% das amostras, observa-se divergência quanto à prevalência da bactéria subsequente do presente estudo, uma vez que, em sua pesquisa, demonstrou *Staphylococcus epidermidis* como terceira mais comum, em 11,76% dos resultados.

As demais bactérias detectadas foram *Pseudomonas aeruginosa* (4,3%), *Streptococcus do grupo viridans* (3,7%), *Proteus mirabilis* (2,8%), *Burkholderia cepacia* (2,5%), *Klebsiella oxytoca* (2,2%), *Streptococcus agalactiae* (1,9%), *Acinetobacter lwoffii* (1,5%), *Streptococcus pyogenes* (1,5%), *Staphylococcus epidermidis* (1,2%), *Bacillus thuringiensis* (0,9%), *Enterobacter cloacae* (0,9%), *Enterococcus spp.* (0,9%), *Serratia marcescens* (0,9%), *Citrobacter koseri* (0,6%), *Enterococcus gallinarum* (0,6%), *Salmonella enterica* (0,6%), *Staphylococcus haemolyticus* (0,6%), *Stenotrophomonas maltophilia* (0,6%), *Streptococcus bovis* (0,6%), *Streptococcus salivarius* (0,6%), *Streptococcus spp.* (0,6%), *Bacillus cereus* (0,3%), *Citrobacter farmeri* (0,3%), *Enterobacter aerogenes* (0,3%), *Enterococcus avium* (0,3%), *Listeria monocytogenes* (0,3%), *Morganella morganii* (0,3%), *Staphylococcus hominis* (0,3%) e *Staphylococcus saprophyticus* (0,3%), conforme apresenta o Gráfico 1.

Tais dados revelam uma ampla variabilidade de bactérias isoladas nas hemoculturas, com um total de 34 espécies identificadas, número significativamente superior ao descrito por Saito et al. (2022), que relatou apenas 12 espécies. A diversidade nos agentes etiológicos das ICS pode ser influenciada por diversos fatores, incluindo diversidade regional, comorbidades clínicas e características pessoais dos indivíduos (Coutinho *et al.,* 2025).

No que se refere à resistência bacteriana, de modo geral, 78 (24,1%) bactérias se apresentaram multissensíveis, não demonstrando resistência a nenhum dos antibióticos testados no antibiograma. Em contrapartida, 75,9% de todos os resultados analisados exibiram algum grau de resistência antimicrobiana, achado que está em consonância com o alerta da Organização Mundial da Saúde (OMS, 2025) para a resistência antimicrobiana como uma ameaça crescente à saúde pública, destacando que, entre 2018 e 2023, a resistência a antibióticos aumentou para mais de 40%, com um crescimento médio anual de 5% a 15%.

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Na análise dos dados por classes de antibióticos testados, a resistência às quinolonas foi a mais observada, presente em 19,8% das vezes; sucessivamente, a resistência isolada a um único fármaco (19,2%), não caracterizando um fenótipo ou mecanismo de resistência; sendo seguida por resistência MLS (13,9%); ESBL (8,7%); resistência a carbapenêmicos (6,5%); ESBL associada à resistência às quinolonas (6,3%), e demais presentes no Gráfico 2. Isto posto, os resultados encontrados no presente estudo diferem daqueles relatados por Golli et al. (2022), que descreveu MRSA (48,28%) como a principal resistência encontrada. O achado mais expressivo em termos de resistência às classes antibióticas foi o das quinolonas; segundo Brigmon et al. (2015), pacientes com bactérias resistentes a quinolonas são mais propensos a internações hospitalares prolongadas e a receber terapia antimicrobiana empírica inadequada, além de apresentarem maior tendência à multirresistência de classes, fato observado no Gráfico 2.

Na busca pelo conceito de microrganismo multirresistente, identificam-se variações conforme a referência consultada; ao considerar a definição da Organização Mundial de Saúde, que caracteriza como multirresistente a bactéria com resistência a três ou mais classes de antimicrobianos (ANVISA, 2021; Magiorakos *et al.,* 2012), o presente estudo identificou 5,9% de patógenos com esse perfil.

Na análise geral dos antibióticos (Gráfico 3), a maior quantidade de amostras sensíveis foi encontrada nas classes de glicopeptídeos (Vancomicina, Teicoplanina) e carbapenêmicos (Meropenem, Imipenem), e nos fármacos Gentamicina e Linezolida. Entretanto, os resultados devem ser interpretados considerando que estes medicamentos possuem espectros de atividade distintos e sua testagem varia conforme a bactéria identificada. Embora Trimetoprima com Sulfametoxazol tenha se destacado com 147 casos sensíveis, também apresentou o maior número de isolados resistentes (88 casos). Já as quinolonas, como Ciprofloxacino e Levofloxacino, apresentaram perfis intermediários, com número semelhante de amostras de sensibilidade (102 e 113, respectivamente) e resistência (67 cada).

Conforme demonstrado no Gráfico 4, a respeito do perfil de sensibilidade da bactéria *Staphylococcus aureus,* verificou-se que 69,56% das amostras apresentaram resistência à Eritromicina, 46,37% à Clindamicina e 27,5% à Oxacilina; além de 40% de resistência intermediária para os antibióticos Ciprofloxacino e Levofloxacino. Em contrapartida, para Linezolida, Teicoplanina, Vancomicina, Tetraciclina e Daptomicina foi evidenciada sensibilidade de 100% nesta bactéria. Quanto às classes de resistências, 34 das amostras se apresentaram como MLS (49%), 19 como MRSA (27,5%) e 16 como resistentes a quinolonas (23%), conforme o Gráfico 5.

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Vale ressaltar que os resultados das hemoculturas podem ser positivos caso exista crescimento de um patógeno, mesmo que não necessariamente este estivesse presente na circulação sanguínea do indivíduo avaliado, mas que fora adquirido através da contaminação da amostra coletada, na maioria das situações, por agentes da própria epiderme da pessoa (Hall; Lyman, 2006; National Nosocomial Infections Surveillance System, 2004), dessa forma, os resultados não podem ser interpretados como infecção da corrente sanguínea ou contaminação de amostra, a partir da avaliação isolada destes exames.

Analisando os dados de resistência encontrados para *Staphylococcus aureus* (Gráfico 4), os achados para esse microrganismo corroboram os resultados obtidos em um estudo conduzido com hemoculturas em uma província chinesa entre 2014 e 2016, no qual a bactéria também demonstrou 100% de sensibilidade à Linezolida, Teicoplanina e Vancomicina. No entanto, observaram-se diferenças quanto aos perfis de resistência, sendo relatadas taxas de 60,8% para Eritromicina, 39,8% para Clindamicina e 58,1% para Oxacilina (Tian; Sun; Zhang, 2018).

Para a espécie *Klebsiella pneumoniae*, representada nos Gráficos 6 e 7, as menores taxas de sensibilidade registradas foram ao Ciprofloxacino, Levofloxacino e Trimetoprima associada ao Sulfametoxazol (35,42%), seguidas por Cefepime (41,7%), Cefotaxima, Ceftazidima e Piperacilina com Tazobactam (43,75%), além de Amoxicilina associada ao Clavulanato (45,84%). Em relação à classificação das resistências, 29 apresentaram resistência a quinolonas, 16 apresentaram-se resistentes a carbapenêmicos, 12 como ESBL, 7 como resistentes a aminoglicosídeos, e 5 à Polimixina.

Ao comparar estes resultados com os de um estudo realizado a partir de hemoculturas em hospitais particulares de Cascavel - PR, observa-se similaridade entre as taxas de sensibilidade ao Ciprofloxacino (29%), Levofloxacino (31%) e Cefepime (47%). No entanto, o estudo paranaense evidenciou um maior nível de sensibilidade à Trimetoprima com Sulfametoxazol (47%), Ceftazidima (21%) e à Piperacilina com Tazobactam (29%); porém, ressalta-se que a resistência a carbapenêmicos foi inferior quando comparada ao presente estudo (Dallacorte *et al.*, 2016).

Em 50% dos isolados, a *Escherichia coli* apresentou resistência aos antibióticos Ampicilina e Trimetoprima com Sulfametoxazol, contudo, demonstrou significativa sensibilidade aos demais antibióticos, principalmente aos carbapenêmicos (Gráfico 8). Já quando agrupadas por classe, conforme o Gráfico 9, foram encontradas 4 ocorrências de ESBL e o mesmo valor de resistentes às quinolonas, destas, 2 apresentaram ambas as classificações concomitantemente. Um estudo realizado em Mato Grosso do Sul detectou alta sensibilidade da *Escherichia coli* aos

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

carbapenêmicos, sendo as maiores taxas de resistência (3,3%) ao Ertapenem e ao Meropenem, e de 6,7% ao Imipenem (Brandão; Oliveira; Almeida, 2024). Tais achados condizem com os resultados do presente estudo, no qual as amostras de *Escherichia coli* apresentaram 100% de sensibilidade aos carbapenêmicos.

A espécie *Enterococcus faecalis* corresponde a 9,6% dos microrganismos isolados com um total de 31 amostras e dentre estas, o microrganismo apresentou 100% de sensibilidade à Ampicilina, Teicoplanina, Vancomicina e Penicilina, além de 93,54% de sensibilidade à Linezolida, como mostra o Gráfico 10. Estes achados coincidem com os resultados obtidos em estudo realizado no estado de Pernambuco, que demonstrou altos níveis de sensibilidade em *Enterococcus faecalis*, sendo 100% sensível à Ampicilina, Linezolida, Vancomicina e a outros agentes antimicrobianos avaliados (Bezerra *et al.*, 2021).

Das 27 amostras de *Streptococcus pneumoniae* analisadas (Gráfico 11), 37% apresentaram resistência ao Sulfametoxazol com Trimetoprima, 25,9% à Eritromicina e à Azitromicina, e 18,5% à Clindamicina e à Benzilpenicilina, além de apresentar resistência intermediária ao Levofloxacino em 74% das amostras testadas. Os demais antimicrobianos testados apresentaram 100% de sensibilidade. Em complemento, quanto às classes de resistência, constatou-se a presença de MLS em cinco amostras. Resultados semelhantes foram relatados por Campos (2022), em estudo realizado entre 2009 e 2018 com hemoculturas de um hospital terciário que demonstrou uma importante resistência ao Sulfametoxazol com Trimetoprima e uma elevada sensibilidade à Vancomicina e Ceftriaxona.

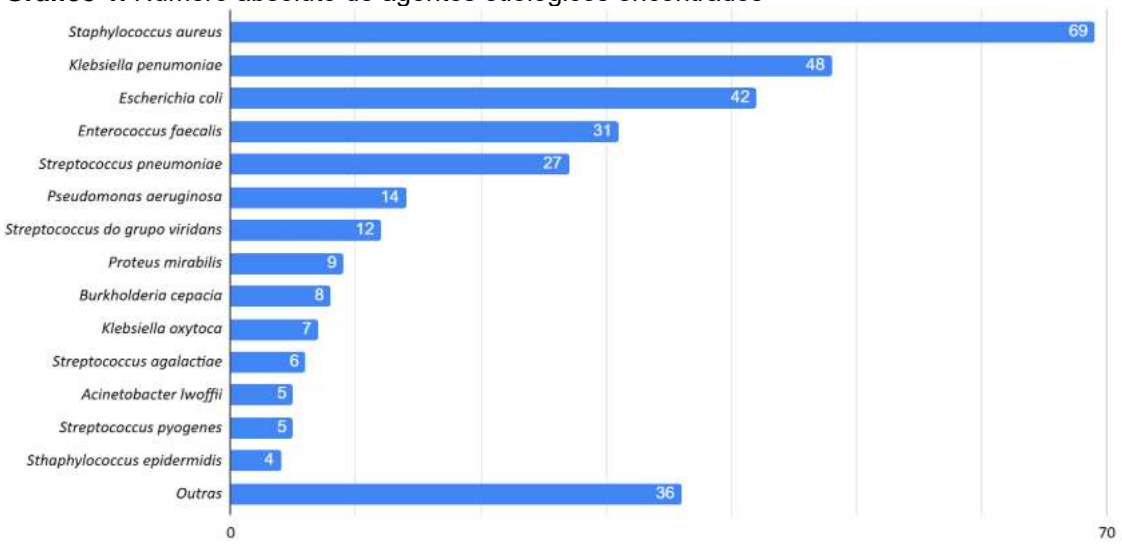
Tabela 1. Perfil demográfico dos indivíduos

	Gênero	N	Média	Mediana	Desvio-padrão	Mínimo	Máximo	Valor *p*
Idade		323	64,4	66	16,3	19	98	
	Feminino	131	63,4	66	17,2	19	91	0,370
	Masculino	192	65,1	66,5	15,6	24	98	

Fonte: Os autores (2025).

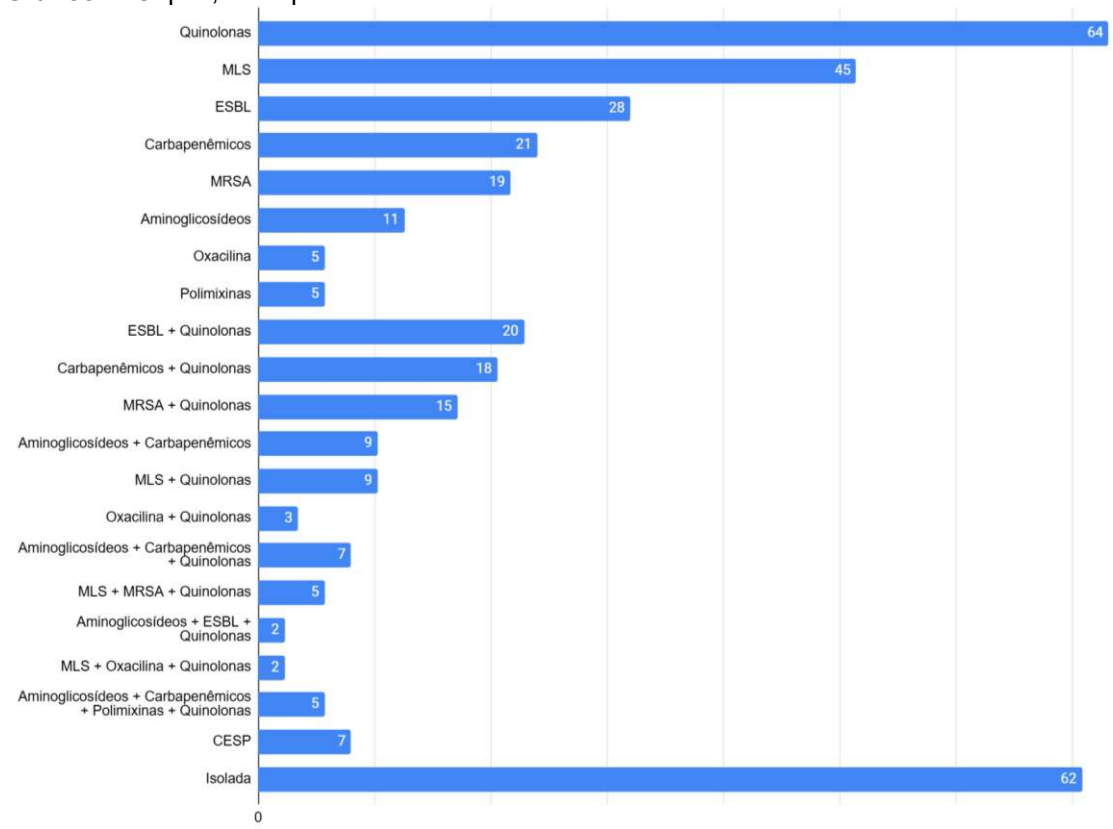
Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Gráfico 1. Número absoluto de agentes etiológicos encontrados



Fonte: Os autores (2025).

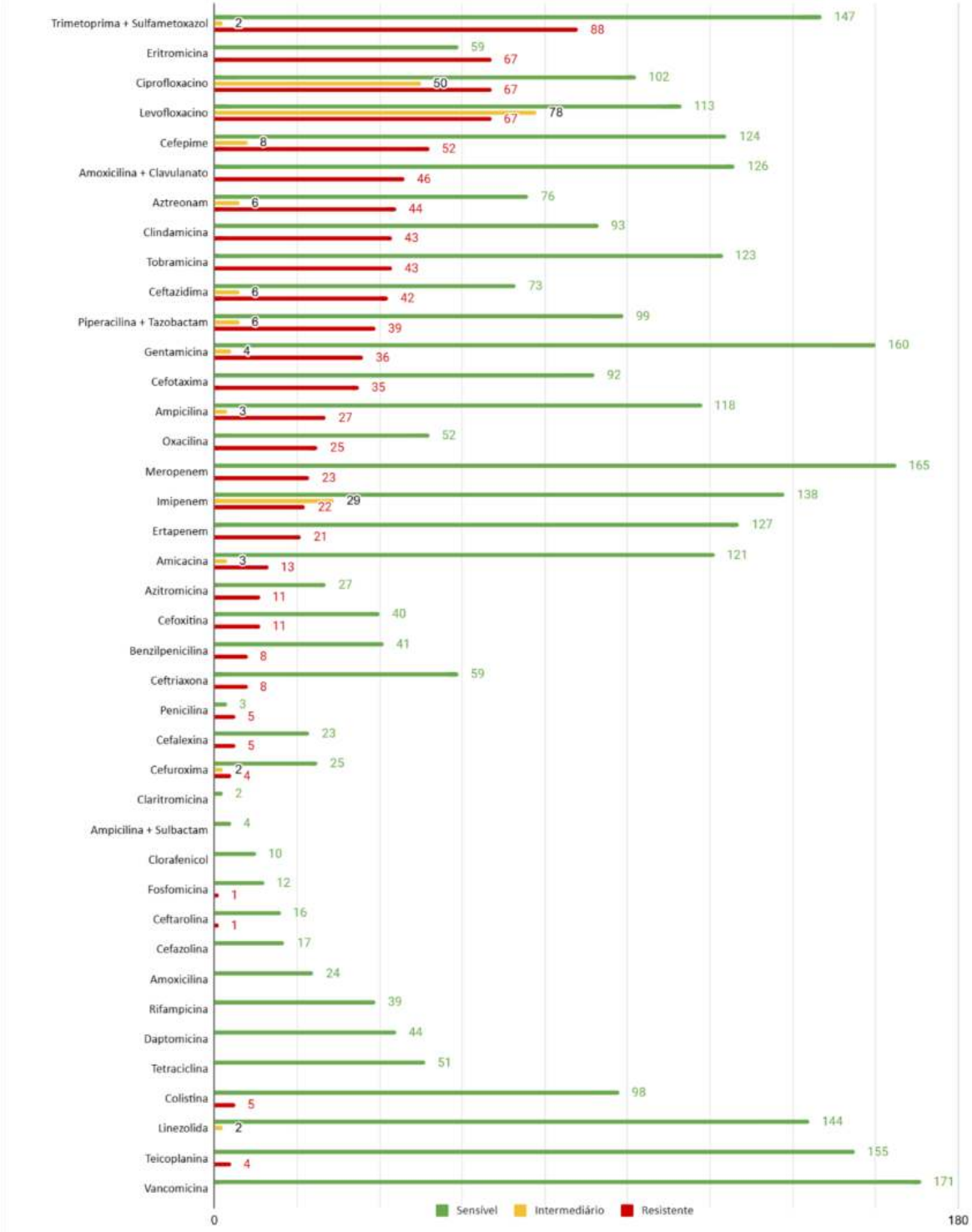
Gráfico 2. Cepas, fenótipos e mecanismos de resistência encontrados



Fonte: Os autores (2025).

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

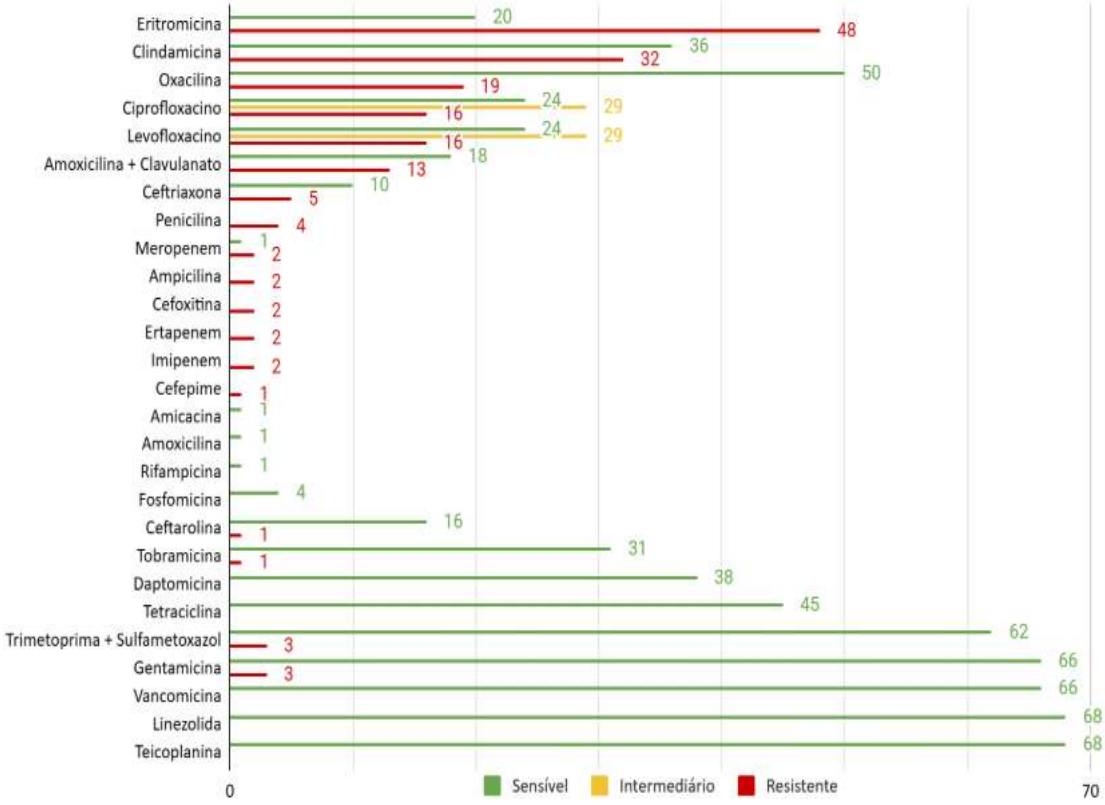
Gráfico 3. Perfil geral de resistência aos antibióticos



Fonte: Os autores (2025).

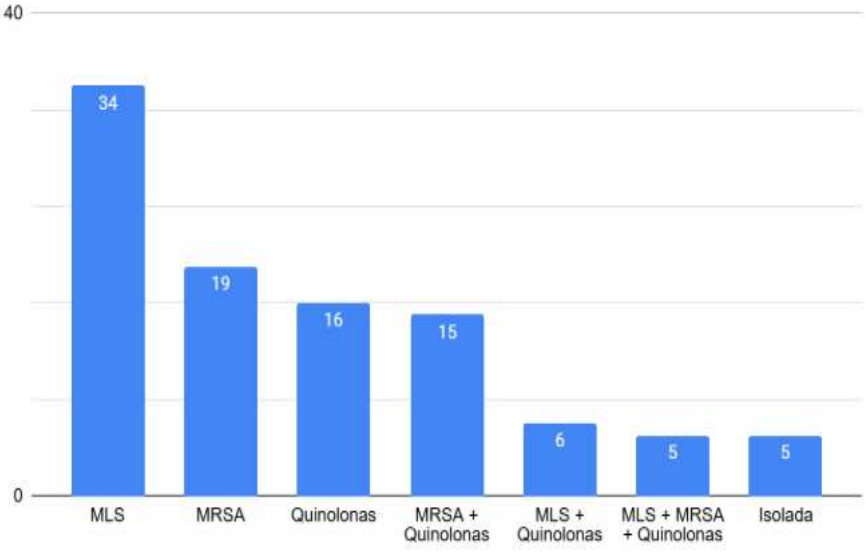
Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Gráfico 4. Perfil de resistência aos antibióticos do *Staphylococcus aureus*



Fonte: Os autores (2025).

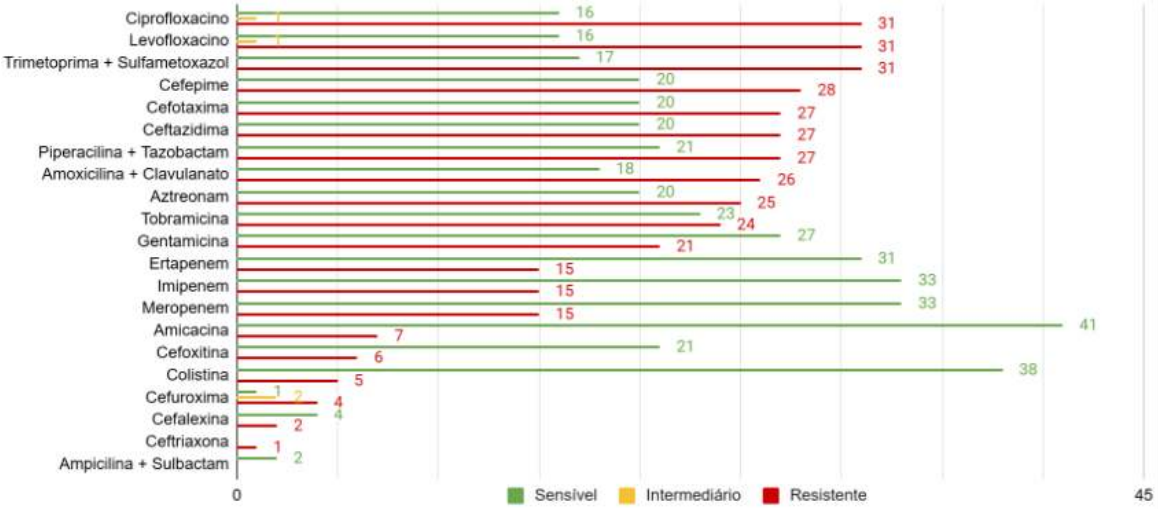
Gráfico 5. Cepas, fenótipos e mecanismos de resistência do *Staphylococcus aureus*



Fonte: Os autores (2025).

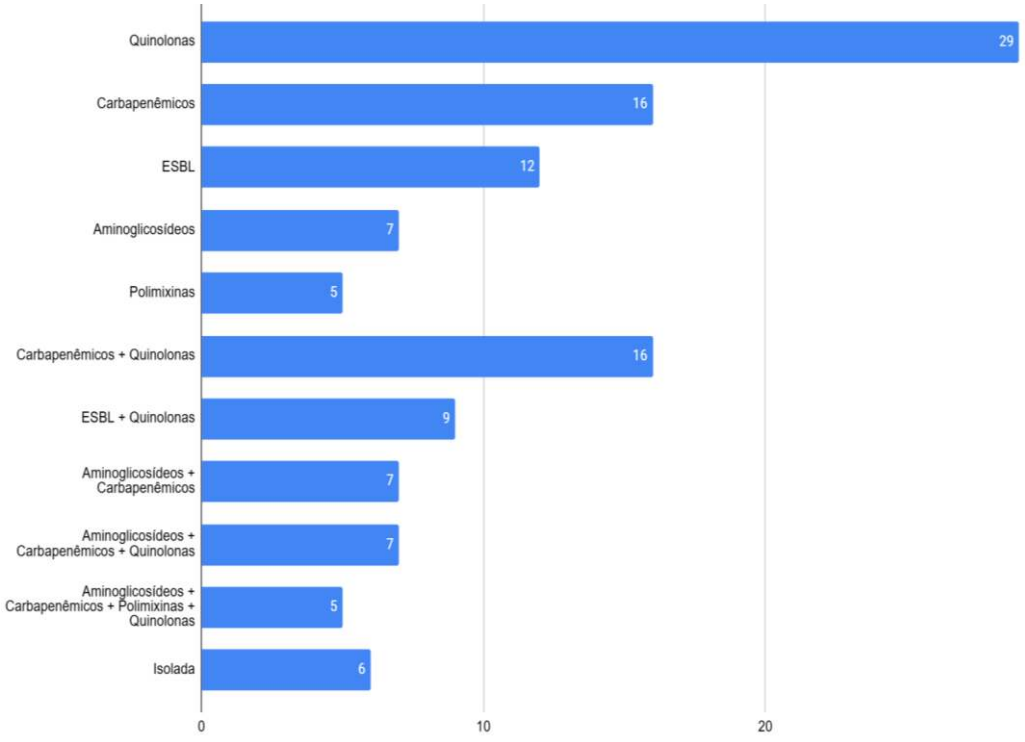
Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Gráfico 6. Perfil de resistência aos antibióticos da *Klebsiella pneumoniae*



Fonte: Os autores (2025).

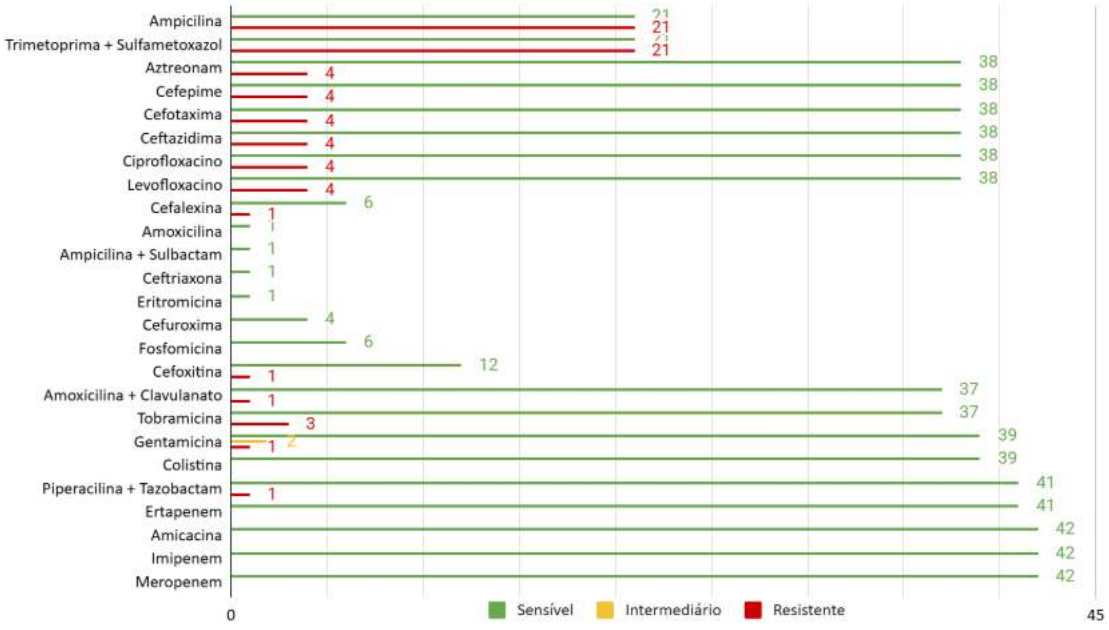
Gráfico 7. Cepas, fenótipos e mecanismos de resistência da *Klebsiella pneumoniae*



Fonte: Os autores (2025).

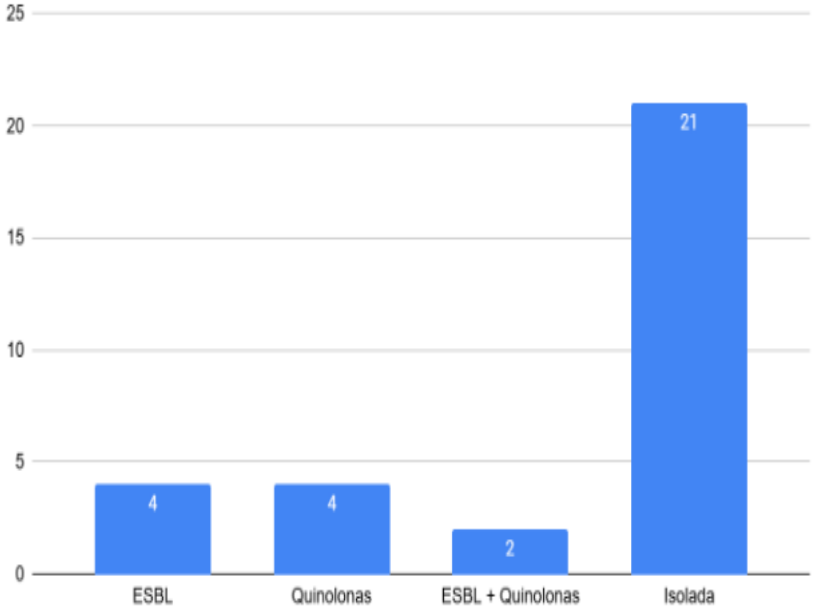
Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Gráfico 8. Perfil de resistência aos antibióticos da *Escherichia coli*



Fonte: Os autores (2025).

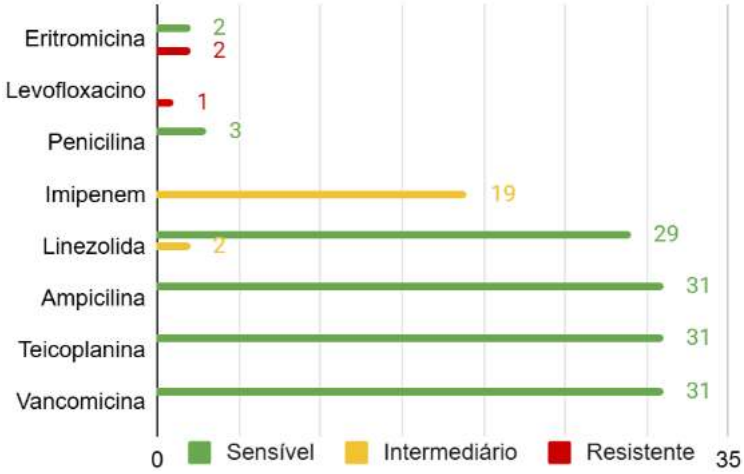
Gráfico 9. Cepas, fenótipos e mecanismos de resistência da *Escherichia coli*



Fonte: Os autores (2025).

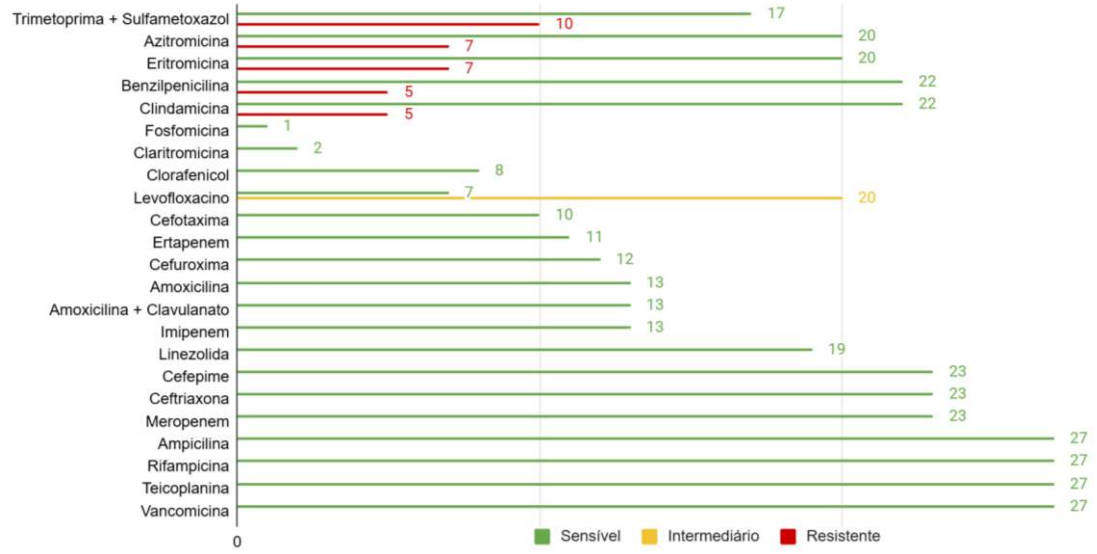
Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

Gráfico 10. Perfil de resistência aos antibióticos do *Enterococcus faecalis*



Fonte: Os autores (2025).

Gráfico 11. Perfil de resistência aos antibióticos do *Streptococcus pneumoniae*



Fonte: Os autores (2025).

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise realizada neste estudo permitiu traçar o perfil de resistência bacteriana em hemoculturas de participantes com 18 anos ou mais, que estiveram internados em setores de enfermaria de um hospital localizado na região do Médio Vale do Itajaí. Observou-se uma distribuição equilibrada entre os sexos e ampla variação na faixa etária dos indivíduos acometidos, com predomínio da população idosa, o que reforça a importância de compreender

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

as particularidades desse grupo etário frente às infecções e à resposta aos antimicrobianos. As bactérias mais frequentes como causa de infecção da corrente sanguínea foram *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli, Enterococcus faecalis* e *Streptococcus pneumoniae,* sendo identificadas ao todo 34 espécies, indicando ampla variabilidade. Além disso, foi possível identificar uma predominância expressiva de bactérias que apresentam algum grau de resistência aos antibióticos, delineando um panorama condizente com o descrito na literatura contemporânea sobre o aumento gradual da resistência bacteriana em ICS.

Outro ponto de destaque são os perfis de sensibilidade apresentados, visto que *Staphylococcus aureus* demonstrou uma maior resistência à Eritromicina, Clindamicina e Oxacilina, com resistência intermediária significativa a quinolonas. Aproximadamente um terço dos isolados de *Klebsiella pneumoniae* apresentou resistência a carbapenêmicos, 29 exemplares resistentes a quinolonas, um quarto apresentando ESBL, 7 resistentes a aminoglicosídeos, e 5 à Polimixina. A *Escherichia coli* teve 50% de suas amostras resistentes à Ampicilina e a Trimetoprima com Sulfametoxazol, enquanto *Enterococcus faecalis* teve 50% das amostras testadas para Eritromicina demonstrando resistência, e todas as avaliadas para Imipenem com resistência intermediária; além de que, 5 amostras de *Streptococcus pneumoniae* possuíam resistência MLS.

Embora este estudo tenha contribuído para a compreensão do perfil de resistência bacteriana em hemoculturas de modo geral, é importante ressaltar que não foram analisados aspectos clínicos individuais, como comorbidades, exposição prévia a antimicrobianos ou histórico de internações, bem como outras características específicas. A ausência dessas variáveis limita a correlação direta entre o perfil bacteriano traçado e fatores clínicos associados ou predisponentes. Além disso, a ausência de informações clínicas impossibilita a diferenciação entre infecção da corrente sanguínea e contaminação de amostra. Desta forma, destaca-se a necessidade de novos estudos que integrem dados clínicos e microbiológicos, a fim de estabelecer um panorama mais individualizado e representativo da realidade hospitalar, ampliando a aplicabilidade prática dos achados e fortalecendo a base para decisões terapêuticas.

Entre as limitações do estudo, destaca-se ainda a possibilidade de repetição de isolados, uma vez que não foram realizados procedimentos específicos para exclusão de dados duplicados; o número variável de antimicrobianos testados para cada espécie bacteriana e a restrição da coleta de resultados a uma única instituição.

A elevada frequência de isolados com resistência antimicrobiana constitui motivo de preocupação, uma vez que a resistência às classes de antibióticos amplamente utilizadas e

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

disponíveis, como as quinolonas, além de eventos como uma bactéria resistente a todos os antibióticos testados, vêm se tornando mais frequentes em diversos cenários, desafiando as práticas atuais para controle de ICS. Nesse contexto, a atualização de protocolos e a implementação de medidas de controle mais eficazes tornam-se essenciais, considerando que a crescente resistência antimicrobiana se configurou como uma importante causa primária e de aumento da morbimortalidade hospitalar geral, ressaltando a necessidade de atenção contínua e de ações integradas para conter sua expansão.

Diante desse cenário, ressalta-se a importância da implementação de antibiogramas cumulativos institucionais como ferramenta estratégica para fortalecer as ações de gerenciamento do uso de antimicrobianos, aprimorar a vigilância de bactérias multirresistentes e fortalecer a integração entre o laboratório de microbiologia e a Comissão de Controle de Infecção Hospitalar, contribuindo para a prevenção e o controle das infecções hospitalares e para a melhoria da assistência prestada.

Portanto, o presente trabalho busca fornecer subsídios científicos para orientar o desenvolvimento de estratégias de atuação adaptadas às necessidades da população local e instiga a revisão contínua e o aprimoramento da antibioticoterapia empírica, com vistas a reduzir a resistência bacteriana e melhorar os desfechos clínicos em infecções da corrente sanguínea, reafirmando a relevância da análise crítica e da atualização constante diante do cenário dinâmico da resistência microbiana.

REFERÊNCIAS

AGÊNCIA NACIONAL DE VIGILÂNCIA SANITÁRIA (ANVISA). **Critérios diagnósticos de infecções relacionadas à assistência à saúde.** Brasília: Agência Nacional de Vigilância Sanitária, 2013.

AGÊNCIA NACIONAL DE VIGILÂNCIA SANITÁRIA (ANVISA). **Microbiologia clínica para o controle de infecção relacionada à assistência em saúde:** Módulo 10 - Detecção dos principais mecanismos de resistência bacteriana aos antimicrobianos pelo laboratório de microbiologia clínica. Brasília: Agência Nacional de Vigilância Sanitária, 2020.

AGÊNCIA NACIONAL DE VIGILÂNCIA SANITÁRIA (ANVISA). **Segurança do paciente e qualidade em serviços de saúde:** prevenção de infecções por microrganismos multirresistentes em serviços de saúde. Brasília: Agência Nacional de Vigilância Sanitária, 2021. Disponível em: https://www.gov.br/anvisa/pt-br/centraisdeconteudo/publicacoes/servicosdesaude/publicacoes/manual-prevencao-de-multirresistentes7.pdf. Acesso em: 20 out. 2025.

AGUAYO-REYES, Alejandro *et al*. Bases moleculares de la resistencia a meticilina en *Staphylococcus aureus*. **Revista Chilena de Infectología**, Santiago, v. 35, n. 1, p. 7-14, fev. 2018. DOI: http://dx.doi.org/10.4067/s0716-10182018000100007. Disponível em: https://www.scielo.cl/pdf/rci/v35n1/0716-1018-rci-35-01-0007.pdf. Acesso em: 22 abr. 2025.

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

BAPTISTA, Maria Galvão de Figueiredo Mendes. **Mecanismos de resistência aos antibióticos.** 2013. Dissertação (Mestrado em Ciências Farmacêuticas) - Curso de Mestrado Integrado em Ciências Farmacêuticas, Universidade Lusófona de Humanidades e Tecnologia, Lisboa, 2013.

BEZERRA, Vera Lúcia Nascimento *et al*. Prevalência e perfil de resistência de bactérias isoladas de hemoculturas de pacientes atendidos em um hospital de referência cardiológica de Pernambuco. **Revista Brasileira de Análises Clínicas (RBAC),** [*S. l.*], v. 53, n. 1, p. 69-73, 2021. DOI: 10.21877/2448-3877.202001980. Disponível em: https://www.rbac.org.br/artigos/prevalencia-e-perfil-de-resistencia-de-bacterias-isoladas-de-hemoculturas-de-pacientes-atendidos-em-um-hospital-de-referencia-cardiologica-de-pernambuco/. Acesso em: 24 out. 2025.

BLAIR, Jessica M. A. *et al.* Molecular mechanisms of antibiotic resistance. **Nature Reviews Microbiology,** [*S. l.*], v. 13, p. 42-51, dez. 2014. DOI: https://doi.org/10.1038/nrmicro3380. Disponível em: https://www.nature.com/articles/nrmicro3380. Acesso em: 22 abr. 2025.

BÔAS, Paulo José Fortes Villas; RUIZ, Tânia. Ocorrência de infecção hospitalar em idosos internados em hospital universitário. **Revista de Saúde Pública**, [*S. l.*], v. 38, n. 3, p. 372–378, 2004. DOI: https://doi.org/10.1590/S0034-89102004000300006. Disponível em: https://doi.org/10.1590/S0034-89102004000300006. Acesso em: 20 out. 2025.

BONOMO, Robert A. *et al.* Carbapenemase-producing organisms: a global scourge. **Clinical Infectious Diseases**, [*S. l.*], v. 66, n. 8, p. 1290-1297, out. 2017. DOI: https://doi.org/10.1093/cid/cix893. Disponível em: https://academic.oup.com/cid/article/66/8/1290/4554446. Acesso em: 24 abr. 2025.

BRANDÃO, Amanda Loren de Oliveira; OLIVEIRA, Caroline Tieppo Flores de; ALMEIDA, Eliane Borges de. Prevalência e perfil de sensibilidade antimicrobiana de microrganismos isolados de hemoculturas em um hospital terciário de Mato Grosso do Sul. **Perspectivas Experimentais e Clínicas, Inovações Biomédicas e Educação em Saúde (PECIBES),** [*S. l.*], v. 10, n. 1, p. 26-37, 2024. DOI: 10.55028/pecibes.v10i1.19857. Disponível em: https://periodicos.ufms.br/index.php/pecibes/article/view/19857. Acesso em: 24 out. 2025.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Portaria nº 64, de 11 de dezembro de 2018.** Determina aos laboratórios da rede pública e rede privada, de todas as Unidades Federadas, a utilização das normas de interpretação para os testes de sensibilidade aos antimicrobianos (TSA), tendo como base os documentos da versão brasileira do European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST/BrCAST). Diário Oficial da União: seção 1, Brasília, DF, 14 dez. 2018. Disponível em: https://www.in.gov.br/web/dou/-/portaria-n-64-de-11-de-dezembro-de-2018-55217696. Acesso em: 20 out. 2026.

BRIGMON, Matthew M. *et al*. Impact of fluoroquinolone resistance in Gram-negative bloodstream infections on healthcare utilization. **Clinical Microbiology and Infection,** [*S. l.*], v. 21, n. 9, p. 687–691, 2015. DOI: 10.1016/j.jiac.2015.06.009. Disponível em: https://www.clinicalmicrobiologyandinfection.org/article/S1198-743X(15)00528-5/fulltext. Acesso em: 20 out. 2025.

CAMPOS, Mateus Rennó de. **Avaliação do perfil de resistência de bactérias isoladas de hemoculturas em um hospital terciário no período de 2009 a 2018.** 2022. Dissertação

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

(Mestrado em Clínica Médica) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2022.

COSTA, Anderson Luiz Pena da; SILVA JUNIOR, Antonio Carlos Souza. Resistência bacteriana aos antibióticos e saúde pública: uma breve revisão de literatura. **Estação Científica (UNIFAP)**, Macapá, v. 7, n. 2, p. 45-57, maio/ago. 2017. DOI: http://dx.doi.org/10.18468/estcien.2017v7n2.p45-57. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/320030697_Resistencia_bacteriana_aos_antibioticos_e_Saude_Publica_uma_breve_revisao_de_literatura. Acesso em: 22 abr. 2025.

COUTINHO, Gabriely Martins *et al*. Fatores de risco associados ao desenvolvimento de sepse em pacientes internados em uma unidade de terapia intensiva da região metropolitana de Belo Horizonte. **Brazilian Journal of Health Review**, [*S. l.*], v. 8, n. 1, p. 01-18, jan./fev., 2025. DOI: https://doi.org/10.34119/bjhrv8n1-070. Disponível em: https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BJHR/article/view/76557. Acesso em: 20 out. 2025.

CRAFT, Kelly M. *et al*. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA): antibiotic-resistance and the biofilm phenotype. **MedChemComm**, [*S. l.*], v. 10, n. 8, p. 1231-1241, mar. 2019. DOI: https://doi.org/10.1039/c9md00044e. Disponível em: https://pubs.rsc.org/en/content/articlelanding/2019/md/c9md00044e. Acesso em: 25 abr. 2025.

DALLACORTE, Teline Scheffer *et al*. Prevalência e perfil de sensibilidade antimicrobiana de bactérias isoladas de hemoculturas realizadas em hospitais particulares. **Revista Instituto Adolfo Lutz,** São Paulo, v. 75, 2016. Disponível em: https://docs.bvsalud.org/biblioref/ses-sp/2016/ses-34941/ses-34941-6433.pdf. Acesso em: 24 out. 2025.

DALMOLIN, Jaqueline *et al.* Mecanismo de expressão de resistência aos antibióticos e saúde pública. **Arquivos de Ciências da Saúde da UNIPAR,** Umuarama, v. 26, n. 3, p. 681-692, set./dez. 2022. DOI: https://doi.org/10.25110/arqsaude.v26i3.2022.8851. Disponível em: https://revistas.unipar.br/index.php/saude/article/view/8851. Acesso em: 22 abr. 2025.

DARBY, Elizabeth M. *et al.* Molecular mechanisms of antibiotic resistance revisited. **Nature Reviews Microbiology**, [*S. l.*], v. 21, p. 280-295, maio 2023. DOI: https://doi.org/10.1038/s41579-022-00820-y. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41579-022-00820-y. Acesso em: 10 abr. 2025.

DOERN, Gary V. *et al*. Practical guidance for clinical microbiology laboratories: a comprehensive update on the problem of blood culture contamination and a discussion of methods for addressing the problem. **Clinical Microbiology Reviews,** [*S. l.*], v. 33, n. 1, out. 2019. DOI: https://doi.org/10.1128/cmr.00009-19. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/10.1128/cmr.00009-19. Acesso em: 22 abr. 2025.

FOLETTO, Vitória Segabinazzi *et al*. Perfil etiológico e de sensibilidade aos antimicrobianos de hemoculturas isoladas de um hospital universitário. **Revista Saúde,** Santa Maria, v. 45, n. 3, p. 1-15, set. 2019. DOI: https://doi.org/10.5902/2236583440016. Disponível em: https://periodicos.ufsm.br/revistasaude/article/view/40016/pdf. Acesso em: 20 out. 2025.

FRIEDRICH, João Víctor *et al.* Perfil de hemoculturas de pacientes internados em unidade de terapia intensiva em hospital de ensino do Paraná. **Research, Society and Development**, [*S.*

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

l.], v. 11, n. 13, out. 2022. DOI: https://doi.org/10.33448/rsd-v11i13.35325. Disponível em: https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/35325. Acesso em: 14 mar. 2025.

GEMMELL, Curtis G. *et al*. Guidelines for the prophylaxis and treatment of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) infections in the UK. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, Oxford, v. 57, n. 4, p. 589-608, fev. 2006. DOI: https://doi.org/10.1093/jac/dkl017. Disponível em: https://academic.oup.com/jac/article-abstract/57/4/589/669399?redirectedFrom=fulltext. Acesso em: 24 abr. 2025.

GHERARDI, Giovanni *et al*. Macrolide resistance genotypes and phenotypes among erythromycin-resistant clinical isolates of *Staphylococcus aureus* and coagulase-negative staphylococci, Italy. **FEMS Immunology & Medical Microbiology**, [*S. l.*], v. 55, n. 1, p. 62-67, jan. 2009. DOI: https://doi.org/10.1111/j.1574-695X.2008.00499.x. Disponível em: https://academic.oup.com/femspd/article/55/1/62/592732. Acesso em: 24 abr. 2025.

GOLLI, Andreea-Loredana *et al*. Prevalence of Multidrug-Resistant Pathogens Causing Bloodstream Infections in an Intensive Care Unit. **Infection and Drug Resistance,** [*S. l.*], v. 15, p. 5981-5992, 2022. Disponível em: https://www.dovepress.com/article/download/78993. Acesso em: 22 out. 2025.

HALL, Keri K.; LYMAN, Jason A. Updated review of blood culture contamination. **Clinical Microbiology Reviews**, [*S. l.*], v. 19, n. 4, p. 788-802, out. 2006. DOI: https://doi.org/10.1128/cmr.00062-05. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/10.1128/cmr.00062-05. Acesso em: 22 abr. 2025.

JACOBY, George A. AmpC β-Lactamases. **Clinical Microbiology Reviews**, Massachusetts, v. 22, n. 1, p. 161-182, jan. 2009. DOI: https://doi.org/10.1128/cmr.00036-08. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/10.1128/cmr.00036-08. Acesso em: 24 abr. 2025.

JUBEH, Buthaina; BREIJYEH, Zeinab; KARAMAN, Rafik. Resistance of Gram-positive bacteria to current antibacterial agents and overcoming approaches. **Molecules**, Jerusalem, v. 25, n. 12, jun. 2020. DOI: https://doi.org/10.3390/molecules25122888. Disponível em: https://www.mdpi.com/1420-3049/25/12/2888. Acesso em: 24 abr. 2025.

KARGALTSEVA, N. M. *et al*. Bloodstream infection in hospital therapeutic patients. **Russian Clinical Laboratory Diagnostics**, [*S. l.*], v. 67, n. 6, p. 355-361, jun. 2022. DOI: https://doi.org/10.51620/0869-2084-2022-67-6-355-361. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35749601/. Acesso em: 14 mar. 2025.

KUMAR, Sanath; VARELA, Manuel F. Molecular mechanisms of bacterial resistance to antimicrobial agents. *In:* MÉNDEZ-VILAS, A. (org.). **Microbial pathogens and strategies for combating them:** science, technology and education. Badajoz: Formatex Research Center, 2013. p. 522-534. *E-book*. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/259621487_Molecular_mechanisms_of_bacterial_resistance_to_antimicrobial_agents/references. Acesso em: 22 abr. 2025.

MAGIORAKOS, Annapelle Pelagia *et al*. Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. **Clinical Microbiology and Infection,** [*S. l.*], v. 18, n. 3, p. 268-281, 2012. DOI: 10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x. Disponível em:

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1198743X14616323. Acesso em: 22 out. 2025.

MANCINI, Raquel Barbieri; JERONIMO, Elisângela de Oliveira; BERNARDES, Natalia Ribeiro. Perfil bacteriano e de resistência antimicrobiana de microrganismos isolados de hemoculturas positivas do setor de UTI de um hospital particular do sul do Estado do Espírito Santo. **Revista Científica Ambiente Acadêmico**, Cachoeiro de Itapemirim**,** v. 8, n. 2, p. 77-99, maio 2022. Disponível em: https://multivix.edu.br/wp-content/uploads/2023/05/revista-ambiente-academico-v08-n02-artigo05.pdf. Acesso em: 20 out. 2025.

MANCUSO, Giuseppe *et al.* Bacterial antibiotic resistance: the most critical pathogens. **Pathogens,** [*S. l.*], v. 10, n. 10, out. 2021. DOI: https://doi.org/10.3390/pathogens10101310. Disponível em: https://www.mdpi.com/2076-0817/10/10/1310. Acesso em: 14 mar. 2025.

MUNITA, Jose M.; ARIAS, Cesar A. Mechanisms of antibiotic resistance. **Microbiology Spectrum,** [*S. l.*], v. 4, n. 2, abr. 2016. DOI: https://doi.org/10.1128/microbiolspec.vmbf-0016-2015. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/10.1128/microbiolspec.vmbf-0016-2015. Acesso em: 22 abr. 2025.

MUNOZ-PRICE, L. Silvia *et al*. Clinical epidemiology of the global expansion of *Klebsiella pneumoniae* carbapenemases. **The Lancet Infectious Diseases**, [*S. l.*], v. 13, n. 9, p. 785-796, set. 2013. DOI: https://doi.org/10.1016/S1473-3099(13)70190-7. Disponível em: https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(13)70190-7/abstract. Acesso em: 24 abr. 2025.

MURRAY, Christopher J. L. *et al.* Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. **The Lancet**, Seattle, v. 399, n. 10325, p. 629-655, fev. 2022. DOI: https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0. Disponível em: https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(21)02724-0/fulltext. Acesso em: 03 mar. 2025.

NAGHAVI, Mohsen *et al*. Global Burden of Bacterial Antimicrobial Resistance 1990–2021: a Systematic Analysis with Forecasts to 2050. **The Lancet,** [S. l.], v. 404, n. 10459, p. 1199–1226, 28 set. 2024. DOI: 10.1016/S0140-6736(24)01867-1. Disponível em: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11718157/pdf/main.pdf. Acesso em: 19 out. 2026.

NATIONAL NOSOCOMIAL INFECTIONS SURVEILLANCE SYSTEM. National nosocomial infections surveillance (NNIS) system report, data summary from january 1992 through june 2004, issued october 2004. **American Journal of Infection Control,** [*S. l.*], v. 32, n. 8, p. 470-485, dez. 2004. DOI: 10.1016/S0196655304005425. Disponível em: https://www.ajicjournal.org/article/S0196-6553(04)00542-5/fulltext. Acesso em: 22 abr. 2025.

OLIVEIRA, Patrício Rodrigues *et al.* Mecanismos de ação dos antibióticos. **Revista Multidisciplinar do Nordeste Mineiro**, [*S. l.*], v. 03, n. 03, mar. 2024. DOI: https://doi.org/10.61164/rmnm.v3i3.2186. Disponível em: https://revista.unipacto.com.br/index.php/multidisciplinar/article/view/2186. Acesso em: 21 mar. 2025.

OLIVEIRA, Wellington Danilo de *et al*. Virulence, resistance and clonality of *Proteus mirabilis* isolated from patients with community-acquired urinary tract infection (CA-UTI) in Brazil. **Microbial Pathogenesis**, [*S. l.*], v. 152, nov. 2020. DOI:

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104642. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0882401020310081?via%3Dihub. Acesso em: 22 abr. 2025.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE (OMS). **Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report.** Genebra: OMS, 2022. Disponível em: https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702. Acesso em: 03 mar. 2025.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE (OMS). **WHO warns of widespread resistance to common antibiotics worldwide**. Geneva: World Health Organization, 2025. Disponível em: https://www.who.int/news/item/13-10-2025-who-warns-of-widespread-resistance-to-common-antibiotics-worldwide. Acesso em: 20 out. 2025.

PALZKILL, Timothy. Metallo-β-lactamase structure and function. **Annals of the New York Academy of Sciences**, [*S. l.*], v. 1277, n. 1, p. 91-104, jan. 2013. DOI: https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2012.06796.x. Disponível em: https://nyaspubs.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1749-6632.2012.06796.x. Acesso em: 24 abr. 2025.

PEACOCK, Sharon J.; PATERSON, Gavin K. Mechanisms of Methicillin resistance in *Staphylococcus aureus*. **Annual Review of Biochemistry**, [*S. l.*], v. 84, n. 1, p. 577-601, jun. 2015. DOI: https://doi.org/10.1146/annurev-biochem-060614-034516. Disponível em: https://www.annualreviews.org/content/journals/10.1146/annurev-biochem-060614-034516. Acesso em: 22 abr. 2025.

RAHMAN, Sadeeq ur *et al*. The growing genetic and functional diversity of Extended Spectrum Beta-Lactamases. **BioMed Research International,** [*S. l.*], v. 2018, p. 1-14, mar. 2018. DOI: https://doi.org/10.1155/2018/9519718. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1155/2018/9519718. Acesso em: 20 abr. 2025.

RUPP, Mark E. *et al*. *Staphylococcus aureus* Bacteremia. **DynaMed.** EBSCO Information Services, [*S. l.*], 2025. Disponível em: https://www.dynamed.com/condition/staphylococcus-aureus-bacteremia. Acesso em: 20 out. 2025.

SAITO, Nobuo *et al*. A prospective observational study of community-acquired bacterial bloodstream infections in Metro Manila, the Philippines. **PLOS Neglected Tropical Diseases,** v. 16, n. 5, art. e0010414, 2022. DOI: 10.1371/journal.pntd.0010414. Disponível em: https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0010414. Acesso em: 20 out. 2025.

SANTAJIT, Sirijan; INDRAWATTANA, Nitaya. Mechanisms of antimicrobial resistance in ESKAPE pathogens. **BioMed Research International**, [*S. l.*], v. 2016, p. 1-8, maio 2016. DOI: http://dx.doi.org/10.1155/2016/2475067. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1155/2016/2475067. Acesso em: 22 abr. 2025.

SANTOS, Elaine Costa; REZENDE, Dayana Gontijo; ÁVILA, Cristiane Anjos. Infecção de corrente sanguínea e multirresistência em unidade de terapia intensiva. **Revista Brasileira de Farmácia Hospitalar e Serviços de Saúde,** [*S. l.*], v. 15, n. 1, art. 957, 2024a. DOI: 10.30968/rbfhss.2024.151.0957. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/379197570_Infeccao_de_corrente_sanguinea_e_multirresistencia_em_unidade_de_terapia_intensiva. Acesso em: 20 out. 2025.

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.

SANTOS, Paulo Henrique Dantas dos. **Caracterização epidemiológica, clínica e microbiológica das infecções da corrente sanguínea de unidades de terapia intensiva adulto de um hospital terciário de ensino da cidade de São Paulo.** 2024b. Tese (Doutorado em Ciências) - Escola Paulista de Medicina, Universidade Federal de São Paulo, São Paulo, 2024.

SILVA, Estevão Urbano. **A importância do controle da prescrição de antimicrobianos em hospitais para melhoria da qualidade, redução dos custos e controle da resistência Bacteriana.** *In:* Prática hospitalar. Infectologia. Belo Horizonte: [*S. n.*], 2008. p. 101-106.

SOUZA, Jefferson de Freitas; DIAS, Flavia Rodrigues; ALVIM, Haline Gerica de Oliveira. Resistência bacteriana aos antibióticos. **Revista JRG de Estudos Acadêmicos**, Brasília, v. 5, n. 10, p. 281-293, jan./jul. 2022. DOI: https://doi.org/10.5281/zenodo.6788157. Disponível em: https://revistajrg.com/index.php/jrg/article/view/364/441. Acesso em: 22 abr. 2025.

STAPLETON, Paul D.; TAYLOR, Peter W. Methicillin resistance in *Staphylococcus Aureus*: mechanisms and modulation. **Science Progress**, Londres, v. 85, n. 1, p. 57-72, fev. 2002. DOI: https://doi.org/10.3184/003685002783238870. Disponível em: https://journals.sagepub.com/doi/10.3184/003685002783238870. Acesso em: 18 abr. 2025.

SZEMRAJ, Magdalena *et al*. Differences in distribution of MLS antibiotics resistance genes in clinical isolates of staphylococci belonging to species: *S. epidermidis*, *S. hominis*, *S. haemolyticus*, *S. simulans* and *S. warneri*. **BMC Microbiology**, [*S. l.*], v. 19, p. 1-9, jun. 2019. DOI: https://doi.org/10.1186/s12866-019-1496-5. Disponível em: https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-019-1496-5. Acesso em: 18 abr. 2025.

TIAN, Lei; SUN, Ziyong; ZHANG, Zhen. Antimicrobial resistance of pathogens causing nosocomial bloodstream infection in Hubei Province, China, from 2014 to 2016: a multicenter retrospective study. **BMC Public Health,** [*S. l.*], v. 18, 2018. DOI: https://doi.org/10.1186/s12889-018-6013-5. Disponível em: https://bmcpublichealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12889-018-6013-5. Acesso em: 24 out. 2025.

TIMSIT, Jean François *et al.* Bloodstream infections in critically ill patients: an expert statement. **Intensive Care Medicine,** [S. l.], v. 46, n. 2, p. 266-284, fev. 2020. DOI: https://doi.org/10.1007/s00134-020-05950-6. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s00134-020-05950-6. Acesso em: 03 mar. 2025.

VARELA, Manuel F. *et al*. Bacterial resistance to antimicrobial agents. **Antibiotics**, [*S. l.*], v. 10, n. 5, p. 1-22, maio 2021. DOI: https://doi.org/10.3390/antibiotics10050593. Disponível em: https://www.mdpi.com/2079-6382/10/5/593. Acesso em: 14 abr. 2025.

Este artigo é publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 Internacional (CC-BY), que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.