

Perfil de resistência a antimicrobianos de amostras isoladas em um Hospital Universitário do Amapá

Antimicrobial resistance profile of samples isolated at a University Hospital in Amapá

Ana Karolina Pereira Gonçalves¹, Andressa Kelly Ferreira e Silva², Flávia Mylla de Sousa Reis³, Diogo Castanho Amaral⁴, Maria Luisa Lima Barreto do Nascimento⁵, Aldo Aparecido Proietti Junior⁶, Rubens Alex de Oliveira Menezes⁷

RESUMO

Infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) são infecções cuja aquisição está relacionada a um procedimento assistencial seja em um internamento ou atendimento ambulatorial. A pesquisa buscou identificar e descrever o perfil de resistência microbiana de amostras isoladas de um Hospital Universitário da Região Norte da Amazonia Oriental Brasileira. É um estudo observacional, transversal, de natureza descritiva e abordagem quantitativa, realizado pela análise dos dados coletados dos laudos microbiológicos dos pacientes internados no Hospital Universitário da Universidade Federal do Amapá (HU-UNIFAP), entre maio/2023 a abril/2024. Foram realizados 1.044 exames microbiológicos de amostras biológicas, dos quais 68 (6,5%) apresentaram crescimento bacteriano. Os bacilos gram-negativos (BGN) foram prevalentes (66,2%), destacando-se as *Pseudomonas aeruginosa* (23,5%), *Escherichia coli* (19,1%) e *Klebsiella pneumoniae* (11,8%). Os cocos gram-positivos (CGP) (33,8%) foram representados por pelas as *Staphylococcus coagulase negativa* (SCN) (23,5%) e *Staphylococcus aureus* (5,9%). Os CGP foram resistentes às lincosamidas (69,6%), aminoglicosídeos (65,2%), quinolonas (65,2%), penicilinas (60,9%) e aos macrolídeos (47,8%). Os BGN apresentaram resistência às penicilinas (77,8%), associadas à inibidores de beta-lactamases (68,9%), quinolonas (66,7%), cefalosporinas (57,8%) e aminoglicosídeos (55,6%). Com os resultados foi possível identificar os principais microrganismos responsáveis pelas infecções hospitalares e delinear o perfil de resistência antimicrobiana no HU.

Palavras-chave: Resistência aos antimicrobianos; Infecção Hospitalar; perfil de susceptibilidade antimicrobiana.

ABSTRACT

Healthcare-associated infections (HAIs) are infections whose acquisition is related to a healthcare procedure, whether in an inpatient or outpatient setting. The research sought to identify and describe the microbial resistance profile of samples isolated from a University Hospital in the Northern Region of the Eastern Brazilian Amazon. It is an observational, cross-sectional, descriptive study with a quantitative approach, carried out by analyzing data collected from microbiological reports of patients admitted to the University Hospital of the Federal University of Amapá (HU-UNIFAP), between May/2023 and April/2024. A total of 1,044 microbiological tests of biological samples were performed, of which 68 (6.5%) showed bacterial growth. Gram-negative bacilli (GNB) were prevalent (66.2%), with emphasis on *Pseudomonas aeruginosa* (23.5%), *Escherichia coli* (19.1%) and *Klebsiella pneumoniae* (11.8%). Gram-positive cocci (GPC) (33.8%) were represented by coagulase-negative *Staphylococcus* (CNS) (23.5%) and *Staphylococcus aureus* (5.9%). GPC were resistant to lincosamides (69.6%), aminoglycosides (65.2%), quinolones (65.2%), penicillins (60.9%) and macrolides (47.8%). The GNBs showed resistance to penicillins (77.8%), associated with beta-lactamase inhibitors (68.9%), quinolones (66.7%), cephalosporins (57.8%) and aminoglycosides (55.6%). The results made it possible to identify the main microorganisms responsible for hospital infections and outline the antimicrobial resistance profile in the HU.

Keywords: Antimicrobial resistance; Hospital infection; antimicrobial susceptibility profile.

¹Graduanda do Curso de Farmácia e Bolsista de Iniciação Científica do Hospital Universitário da Universidade Federal do Amapá. ORCID: <https://orcid.org/0009-0007-2896-7722>
 Email: anakarolinapgn@gmail.com

²Doutoranda em Ciências Farmacêuticas pela Universidade Federal do Piauí (UFPI). ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8606-1407>
 Email: andressakelly.fs@gmail.com

³Doutorado em Ciências Farmacêuticas pela Universidade Federal do Piauí ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2242-3392>
 Email: mlbarreto95@gmail.com

⁴Mestre em Ciências da Saúde e Biológica pela Universidade Federal do Vale do São Francisco. Email: flaviasreis21@gmail.com

⁵Doutor em Ecologia de Ambientes Aquáticos Continentais em Ecologia e Limnologia pela Universidade Estadual de Maringá-PR e Biólogo da Empresa Brasileira de Serviços Hospitalares- HU-UNIFAP. ORCID <https://orcid.org/0000-0002-0932-2116>
 Email: diogocastanho87@gmail.com

⁶Docente do Curso de Farmácia da Universidade Federal do Amapá e Vice-Coordenador do Curso do Mestrado Profissional em Rede Nacional em Gestão e Regulação de Recursos Hídricos (PROFÁGUA)/UNESP polo da Universidade Federal do Amapá. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4591-831X>
 Email: aldo.proietti@unifap.com

⁷Docente do curso de Enfermagem e da Pós-Graduação *Stricto sensu* em Ciências da Saúde da Universidade Federal do Amapá. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0206-5372>.
 Email: rubens.alex@unifap.br

1. INTRODUÇÃO

Infecções Relacionadas à Assistência em Saúde (IRAS) é o termo utilizado para as infecções adquiridas relacionadas à assistência em estabelecimentos de saúde. As IRAS são definidas como infecções adquiridas após a admissão do paciente, manifestando-se ao longo da internação ou após a alta, quando a infecção está associada ao período de internação ou aos procedimentos hospitalares.¹

As IRAS se apresentam como uma das principais causas no aumento das taxas de morbidade, mortalidade e complicações, além de serem responsáveis por prolongar o tempo de internação, e conseqüentemente, elevar os gastos com a saúde.² Os índices de prevalência e incidência de IRAS variam expressivamente de acordo com o nível de atendimento e complexidade de cada unidade hospitalar.³ Em ambientes críticos como as Unidades de Terapia Intensiva (UTIs) a taxa de prevalência de infecção adquirida pode alcançar 77,9% dos pacientes.⁴

As causas de IRAS estão associadas aos aspectos inerentes do paciente como a idade, sistema imunológico e a presença de comorbidades, bem como as condições de controle microbiano, higiene do ambiente hospitalar, qualidade de colonização dos indivíduos hospitalizados, tempo de uso de cateteres, sondas e ventilação mecânica e a realização de procedimentos invasivos.^{3,5} Entretanto, o uso indiscriminado de antimicrobianos e a resistência bacteriana aos antibióticos tem um maior destaque dentre os fatores que oportunizam a ocorrência das infecções.¹

A resistência antimicrobiana é uma medida da capacidade reduzida de um agente antimicrobiano de matar ou inibir o crescimento de um microrganismo. Isso é determinado praticamente testando um isolado bacteriano em um sistema in vitro contra vários antimicrobianos. A partir desse teste, uma concentração inibitória mínima (CIM) pode ser determinada. A CIM é a menor concentração de um antimicrobiano que inibe o crescimento de um microrganismo. Diz-se que um organismo é suscetível a esse antimicrobiano se a CIM estiver abaixo do ponto de corte para esse antimicrobiano.^{1,6} O surgimento e a disseminação da resistência antimicrobiana se devem a fatores biológicos como a pressão seletiva exercida sobre o patógeno, a evolução bacteriana e as mutações genéticas, sendo acelerados pelo uso inadequado ou excessivo de antimicrobiano no tratamento de infecções como também pelo uso extensivo de antibióticos na agricultura, na alimentação de animais e no tratamento da água.⁷

Muitas IRAS estão associadas a microrganismos resistentes a antimicrobianos, caracterizando casos de difícil tratamento e alta taxa de mortalidade.² Os microrganismos resistentes aos antimicrobianos classificados como relevantes para epidemiologia são: *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, membros da Ordem Enterobacterales resistentes aos carbapenêmicos, *Enterococcus* spp. resistentes à vancomicina (VRE) e *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA), ou com sensibilidade intermediária à vancomicina (VISA), Enterobacterales produtoras de beta-lactamases de espectro estendido (ESBL). Tais microrganismos são considerados como de alta prioridade para vigilância, pesquisa e desenvolvimento de novos antimicrobianos.⁸

A pesquisa teve como objetivo identificar e descrever o perfil de susceptibilidade antimicrobiana de isolados bacterianos de amostras biológicas de pacientes internados em um Hospital Universitário no Extremo Norte do Brasil para promover um melhor direcionamento de protocolos e medidas de detecção, prevenção e redução da resistência microbiana.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

Trata-se de um estudo observacional, transversal, de natureza descritiva e com abordagem quantitativa, realizado em um Hospital Universitário da Região norte da Amazonia Oriental Brasileira, por meio da análise dos dados coletados dos laudos de exames microbiológicos disponíveis no prontuário dos pacientes. Foi utilizado os resultados de pacientes de ambos os sexos, maiores de 18 anos, internados no hospital Universitário - HU, durante o período de maio de 2023 a abril de 2024.

Incluíram-se os exames de amostras biológicas como urina, fezes, líquido cefalorraquidiano, sangue, escarro, secreção traqueal e líquidos cavitários que apresentaram crescimento microbiano. Foram analisados os resultados positivos dos exames microbiológicos de cultura para bactérias e os seus respectivos testes de sensibilidade frente aos antimicrobianos (TSA). Excluíram-se os resultados de exames microbiológicos que apresentaram crescimento microbiano devido a contaminações e resultados positivos de cultura para fungos.

Foram realizadas coletas das amostras biológicas e a partir dos resultados de culturas positivas foi feito o levantamento do perfil de resistência aos antimicrobianos, utilizando as seguintes informações/variáveis: espécie de microrganismo isolado da amostra, material biológico analisado. A interpretação dos resultados dos testes de susceptibilidade ocorreu conforme as tabelas de pontos de corte para interpretação de

Concentração Inibitória Mínima - CIM do *Brazilian Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing* – BrCAST.

A identificação dos microrganismos e seus antibiogramas foram realizados pelo sistema automatizado VITEK[®]. Os perfis de resistência dos isolados foi realizado de acordo com a metodologia estabelecida pela BrCAST. Os antibióticos testados foram categorizados em 21 classes: Aminoglicosídeos (Amicacina, Gentamicina, Tobramicina, Estreptomicina); Penicilinas associadas a Inibidores de Betalactamases (Amoxicilina + Kclav, Ampicilina + Sulbactam, Piperacilina + Tazobactam); Cefalosporinas (Cefepima, Ceftazidima, Cefuroxima, Cefoxitina, Cefotaxima); Carbapenêmicos (Meropenem, Ertapenem, Imipenem); Quinolonas (Ciprofloxacina, Levofloxacina, Norfloxacina); Anfenicois (Cloranfenicol); Polipeptídeos (Colistina); Sulfonamidas (Trimetroprim + Sulfametoxazol, Trimetoprim); Lincosamidas (Clindamicina); Penicilina (Ampicilina, Piperacilina, Oxacilina, Pencilina, Mecilinam); Monobactâmicos (Aztreonam); Macrolídeos (Eritromicina); Lipopeptídeos (Daptomicina); Oxazolidinonas (Linezolid); Macrocíclicos (Rifampicina); Glicopeptídeos (Teicoplanina, Vancomicina); Tetraciclina (Tetraciclina); Nitrofuranos (Nitrofurantoína); Glicilciclina (Tigeciclina); Estreptograminas, Quinupristina-dalfopristina (Sinercid) e Fosfomicina (Fosfomicina).

O banco de dados foi organizado por meio do programa Excel[®] e armazenado em uma planilha idealizada para essa finalidade. Foram contabilizadas as amostras positivas e negativas, em seguida, a análise descritiva foi realizada com valores absolutos e em percentuais. As análises estatísticas dos dados foram realizadas pelo Excel[®], sendo apresentadas por meio de tabelas e gráficos.

O projeto de pesquisa foi submetido à apreciação pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CEP), foi aprovado com o N^o do Parecer 6.771.666 (CAAE: 76596823.6.000.0211), estando em conformidade com a lei n^o 14.874, de 28 de maio de 2024 e suas resoluções complementares n^o 466/2012 e n^o 510/2016, e normas correlatas, adotados pelo Comitê Nacional de Ética em Pesquisa (CONEP).

A pesquisa foi realizada com financiamento do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e apoio da Empresa Brasileira de Serviços Hospitalares (Ebserh) de um Hospital Universitário do extremo Norte da Amazônia Brasileira.

3. RESULTADOS

No período de maio de 2023 a abril de 2024, foram realizados 1.044 exames microbiológicos de amostras biológicas diversas coletadas de pacientes internados no HU. No entanto, 6,5% das amostras atenderam aos critérios de inclusão, ou seja, 68 amostras apresentaram crescimento bacteriano.

Em relação ao perfil do paciente, 60,3% (41) dos microrganismos isolados foram de pacientes do sexo masculino e 39,7% (27) do sexo feminino, havendo a prevalência de indivíduos entre as idades de 60 a 79 anos (31; 45,6%). No que se refere a origem da amostra, os microrganismos foram provenientes majoritariamente do sangue (26; 38,2%) e urina (22; 32,4%). Na tabela 1 observa-se a distribuição das amostras positivas de acordo com o sexo, faixa etária e origem da amostra biológica.

Tabela 1. Distribuição das culturas positivas realizadas no HU, no período de maio de 2023 a abril de 2024, segundo gênero e faixa etária do paciente e origem da amostra.

Variáveis	Distribuição de frequência	
	N	%
Gênero		
Feminino	27	39,7
Masculino	41	60,3
Faixa etária		
<40 anos	5	7,4
40 a 59 anos	19	27,9
60 a 79 anos	31	45,6
≥80 anos	13	19,1
Origem da Amostra		
Catéter	2	2,9
Escarro	1	1,5
Sangue	26	38,2
Secreção de Ferida	8	11,8
Secreção Traqueal	9	13,2
Urina	22	32,4

Fonte: Autoria própria

Considerando os microrganismos isolados (Tabela 2), os bacilos gram-negativos (BGN) representaram 66,2% (45) das amostras, com as espécies predominantes: *Pseudomonas aeruginosa* (16; 23,5%), *Escherichia coli*, (13; 19,1%) e *Klebsiella*

pneumoniae (8; 11,8%). Os cocos gram-positivos (CGP) representaram 33,8% (23) dos isolados identificados, sendo seus principais representantes as *Staphylococcus coagulase negativa* (SCN) (16; 23,5%), com as espécies *Staphylococcus epidermidis* (5; 7,4%), *Staphylococcus auricularis*, *Staphylococcus sciuri* (4; 5,9%) cada; *Staphylococcus schleiferi*, *Staphylococcus xylosus* e *Staphylococcus simulans* (1; 1,5%) cada; e *Staphylococcus aureus* (4; 5,9%).

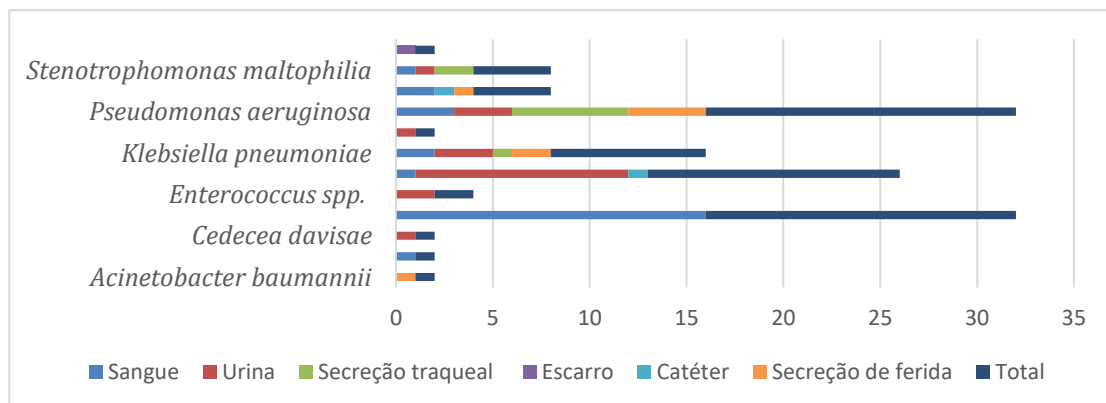
Tabela 2. Distribuição das culturas positivas realizadas no HU, no período de maio de 2023 a abril de 2024, segundo espécie isolada.

Espécie	Distribuição de frequência	
	N	%
Gram-Positiva	23	33,8
<i>Staphylococcus aureus</i>	4	5,9
<i>Staphylococcus coagulase negativa</i> (SCN)	16	23,5
<i>Streptococcus pyogenes</i>	1	1,5
<i>Enterococcus</i> spp.	2	2,9
Gram-Negativa	45	66,2
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	16	23,5
<i>Escherichia coli</i>	13	19,1
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	8	11,8
<i>Acinetobacter baumannii</i>	1	1,5
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	4	5,9
<i>Cedecea davisae</i>	1	1,5
<i>Proteus mirabilis</i>	1	1,5
Complexo <i>Burkholderia cepacia</i>	1	1,5

Fonte: Autoria própria

Ao relacionar os microrganismos isolados com os sítios de infecção (Figura 1), notou-se que, na urina, houve a prevalência do agente infeccioso *E. coli* (11; 50%), seguida pela *P. aeruginosa*, *K. pneumoniae* (3; 13,6%) cada. No sangue, os microrganismos encontrados com maior frequência foram: SCN (16; 61,5%) e *P. aeruginosa* (3; 11,5%).

Figura 1. Relação entre as espécies de microrganismos isolados e a origem das amostras.



Apesar das amostras de urina e sangue deterem a maior parte dos achados, foram observados nos 4 sítios restantes a presença de sete microrganismos, dois deste só aparecendo nestes locais. Para as amostras de secreções traqueais, foram identificadas as espécies: *P. aeruginosa* (6; 66,7%), *S. maltophilia* (2; 22,2%), e *K. pneumoniae* (1; 11,1%). Em secreções de feridas, a *P. aeruginosa* foi a espécie predominante (4; 50%), seguida pela *K. pneumoniae* (2; 25%), *S. aureus* e *Acinetobacter baumannii* (1; 12,5%) cada. Nas de catéter, foram encontradas as espécies: *S. aureus* e *E. coli* (1; 50%) cada; na amostra de escarro houve a presença apenas da *S. pyogenes* (1; 100%).

Na avaliação do perfil de resistência aos antimicrobianos se associou a espécie bacteriana resistente às classes de antibióticos testados. As classes das penicilinas (72,1%), quinolonas (66,2%), aminoglicosídeos (58,8%), penicilina associadas a inibidores de betalactamases (45,6%), sulfonamidas (42,6%) e cefalosporinas (38,2%) foram as que apresentaram uma maior quantidade de microrganismos resistentes aos seus efeitos. Para uma melhor compreensão, se dividiu a resistência dos microrganismos gram-positivos e gram-negativos.

Em relação as gram-positivas, as classes de antimicrobianos com as maiores quantidades de amostras resistentes (Tabela 3) foram as lincosamidas (69,6%), aminoglicosídeos (65,2%), quinolonas (65,2%), penicilinas (60,9%) e os macrolídeos (47,8%). Enquanto as cefalosporinas (78,3%), oxazolidinonas (73,9%), lipopeptídeos (65,2%), tetraciclinas (65,2%), antituberculosos (56,5%) e glicopeptídeos (56,5%) foram as classes que o referente grupo de bactérias apresentou maior sensibilidade (Tabela 3).

Dentre os CGP, as espécies de SCN e *S. aureus* obtiveram maior resistência aos antimicrobianos. Para os isolados de *S. coagulase negativa* (16; 23,5%) se observou uma resistência aos aminoglicosídeos (13; 81,3%), quinolonas (13; 81,3%), lincosamidas (12;

75%), penicilinas (10; 62,5%), macrolídeos (10; 62,5%), sulfonamidas (9; 56,3%), antituberculosos (9; 56,3%), glicopeptídeos (8; 50%), lipopeptídeos (7; 43,8%), tetraciclinas (7; 43,8%), estreptograminas (6; 37,5%) e oxazolidinonas (4; 25%), e apresentando total sensibilidade apenas as cefalosporinas (16; 100%). Enquanto os *S. aureus* (4; 5,9%) apresentaram resistência aos aminoglicosídeos (1; 25%), quinolonas (1; 25%), lincosamidas (4; 100%), penicilinas (4; 100%), macrolídeos (1; 25%), oxazolidinonas (1; 25%) e glicopeptídicos (1; 25%), sendo sensível às sulfonamidas (4; 100%), lipopeptídeos, antituberculosos (4; 100%) e tetraciclinas (4; 100%).

Tabela 3. Número de bactérias gram-positivas resistentes em relação às classes de antibióticos testados no HU, no período de maio de 2023 a abril de 2024.

CLASSES DE ANTIBIÓTICOS	MICROORGANISMOS (N)			
	<i>Enterococcus</i> spp. (2)	<i>S. aureus</i> (4)	<i>S. coagulase</i> negativa (16)	<i>S. pyogenes</i> (1)
Aminoglicosídeo	1	1	13	**
Inibidor de Betalactamases	**	**	**	**
Cefalosporinas	0	**	0	**
Carbapenêmicos	0	**	**	**
Quinolonas	1	1	13	**
Anfenicois	**	**	**	**
Polipeptídicos	**	**	**	**
Sulfonamidas	**	0	9	**
Lincosamidas	**	4	12	**
Penicilinas	0	4	10	0
Monobactâmicos	**	**	**	**
Macrolídeos	**	1	10	**
Lipopeptídeos	0	0	7	**
Oxazolidinonas	0	1	4	**
Antituberculosos	0	0	9	**
Glicopeptídeos	0	1	8	**
Tetraciclinas	0	0	7	**
Nitrofuranos	0	**	**	**
Glicilciclinas	0	**	**	**
Estreptograminas	0	**	6	**
Fosfomicina	**	**	**	**

Fonte: Autoria própria.
 **Não testados.

No que se refere as gram-negativas, as penicilinas (77,8%), penicilina associadas a inibidores de betalactamases (68,9%), quinolonas (66,7%), cefalosporinas (57,8%) e os aminoglicosídeos (55,6%) foram as classes de antimicrobianos que apresentaram maior resistência das amostras isoladas. Em contrapartida, os anfenicois (66,7%), polipeptídeos (64,4%) carbapenêmicos (55,6%) e sulfonamidas (53,3%) indicaram maior sensibilidade entre os BGN.

Dentre os BGN, a *P. aeruginosa*, *E. coli* e *K. pneumoniae* apresentaram maior potencial de resistência aos antibióticos (Tabela 4). Os isolados de *P. aeruginosa* (16; 23,5%) apresentaram resistência aos aminoglicosídeos (12; 75%), inibidores de betalactamase (12; 75%), cefalosporinas (12; 75%), carbapenêmicos (11; 68,8%), quinolonas (12; 75%), polipeptídicos (4; 25%) e penicilinas (13; 81,3%). As amostras de *E. coli* (13; 19,1%) se mostraram resistentes aos aminoglicosídeos (7; 53,8%), inibidores de betalactamase (11; 84,6%), cefalosporinas (6; 69,2%), quinolonas (10; 76,9%), anfenicois (2; 15,4%), sulfonamidas (9; 69,2%), penicilinas (12; 92,3%), monobactâmicos (5; 38,5%) e gliciliclinas (2; 15,4%), sendo sensíveis aos carbapenêmicos, polipeptídicos, nitrofuranos e fosfomicina. E a *K. pneumoniae* (8; 11,8%) manifestou resistência microbiana aos aminoglicosídeos (4; 50%), penicilina associadas a inibidores de betalactamase (6; 75%), cefalosporinas (6; 75%), carbapenêmicos (3; 37,5%), quinolonas (5; 62,5%), anfenicois (3; 37,5%), polipeptídicos (3; 37,5%), sulfonamidas (7; 87,5%), penicilinas (8; 100%), monobactâmicos (6; 75%) e fosfomicina (3; 37,5%).

Tabela 4. Número de bactérias gram-negativas resistentes em relação às classes de antibióticos testados no HU, no período de maio de 2023 a abril de 2024.

CLASSES DE ANTIBIÓTICOS	MICROORGANISMOS (N)							
	A. baumannii	B. cepacia*	C. davisae	E. coli	K. pneumoniae	P. mirabilis	P. aeruginosa	S. maltophilia
	(1)	(1)	(1)	(13)	(8)	(1)	(16)	(4)
Aminoglicosídeos	1	**	0	7	4	1	12	**
Inibidor de								
Betalactamases	**	**	1	11	6	1	12	**
Cefalosporina	**	**	1	6	6	1	12	**
Carbapenêmicos	1	0	1	0	3	0	11	**
Quinolonas	1	**	1	10	5	1	12	**
Anfenicois	**	**	**	2	3	**	2	**
Polipeptídicos	**	**	1	1	3	1	4	**
Sulfonamidas	1	**	0	9	7	1	2	0
Lincosamidas	**	**	**	**	**	**	**	**

Penicilinas	**	**	1	12	8	1	13	**
Monobactâmicos	**	**	1	5	6	**	5	**
Macrolídeos	**	**	**	**	**	**	**	**
Lipopeptídeos	**	**	**	**	**	**	**	**
Oxazolidinonas	**	**	**	**	**	**	**	**
Anituberculosos	**	**	**	**	**	**	**	**
Glicopeptídeos	**	**	**	**	**	**	**	**
Tetraciclínas	**	**	**	**	**	**	**	**
Nitrofuranos	**	**	0	1	**	0	**	**
Glicilciclínas	**	**	0	2	**	**	**	**
Estreptograminas	**	**	**	**	**	**	**	**
Fosfomicina	**	**	1	0	3	**	**	**

Fonte: Autoria própria.

*Complexo *B. cepacia*

**Não testados.

4. DISCUSSÃO

Na determinação do perfil dos pacientes percebeu-se que o sexo masculino prevaleceu (60,3%; 41), juntamente com a faixa etária de 60 a 79 anos (31; 45,6%). A pesquisa apresentou resultados semelhantes a outros estudos, onde 44,1% dos pacientes possuíam mais de 60 anos e indicaram a predominância de pacientes do sexo masculino com as seguintes frequências: 54,5% e 52,1%.⁹⁻¹⁰⁻¹¹

Para a origem da amostra, os resultados indicaram a prevalência de microrganismos isolados da corrente sanguínea (26; 38,2%) e urina (22; 32,4%), o que corrobora com pesquisa de Mota, Oliveira e Souto¹², que também tiveram suas amostras derivadas predominantemente de culturas de urina (49,0%) e sangue (15,1%).

Os BGN (66,2%; 45) foram os principais microrganismos isolados durante o estudo, com a *P. aeruginosa* (16; 23,5%), *E. coli* (13; 19,1%) e *K. pneumoniae* (8; 11,8%) em destaque. Enquanto os CGP foram encontrados em menor quantidade (33,8%; 23) sendo representados pelos SCN (16; 23,5%) e *S. aureus* (4; 5,9%). A alta frequência dos microrganismos encontrados é um achado recorrente em hospitais brasileiros, como foi possível observar no estudo de Honda, Almeida e Mariano¹³, em um hospital do Tocantins, que teve entre os agentes isolados mais frequentes a *E. coli* (21%), SCN (18%), *Pseudomonas* spp. (11%) e *S. aureus* (5%). Assim como os resultados do perfil de microrganismos em um hospital no Paraná¹⁴, onde os isolados mais comuns foram de *E. coli* (21; 30,0%), SCN (15; 21,4%), *Pseudomonas* spp. (14; 20%) e *S. aureus* (10; 14,3%),

e no estudo de Mota, Oliveira e Souto¹², que teve prevalência de *K. pneumoniae* (35,5%), *E. coli* (24,1%) e *P. aeruginosa* (11%).

A *E. coli* teve prevalência na urina (11; 50%), enquanto nas infecções sanguíneas a SCN teve destaque (16; 61,5%). Relações semelhantes, tanto em relação aos sítios de infecção quanto ao predomínio dos patógenos, foram observadas por outros pesquisadores, que encontraram como um dos principais microrganismos de infecções urinárias a *E. coli* (31; 85,7%), neste estudo pode-se comparar também as bactérias encontradas no sangue, onde foram descritas amostras de SCN (16; 56,3%).¹⁰ Similarmente, o perfil bacteriano de um Hospital Universitário de Pernambuco destacou que a SCN representou 31% das amostras sanguíneas.³

Os resultados da resistência dos CGP aos antimicrobianos encontrados na pesquisa (Tabela 3) correspondem com a avaliação do perfil de bactérias isoladas em um Hospital do Rio Grande do Sul, que demonstrou resistência dos CGP às penicilinas (60,3%), lincosamidas (37,7%), macrolídeos (37,2%) e quinolonas (24,3%).¹⁵ As classes de antimicrobianos que os CGP tiveram maior sensibilidade corroboram com estudos que demonstraram que as gram-positivas apresentaram sensibilidade aos lipopeptídeos, oxazolidinonas e glicopeptídeos.^{10, 16}

Entre os CGP os SCN e os *S. aureus* destacaram como bactérias resistentes a múltiplos agentes antimicrobianos e se destacaram como os principais patógenos relacionados às ICSs. Epidemiologicamente, as cepas de *S. aureus* resistentes à meticilina/oxacilina (MRSA) e à vancomicina (VRSA) representam uma ameaça para a saúde humana, pois são patógenos que, sem tratamento e medidas de controle efetivas, podem desencadear patologias de difícil solução, principalmente em ambientes hospitalares.¹⁷

No estudo, 100% (4) dos isolados de *S. aureus* apresentaram resistência à oxacilina e, dentre as amostras identificadas, apenas 1 (1,5%) foi definido conforme as Diretrizes de gerenciamento de organismos multirresistentes (MDRO) no contexto da saúde. Para fins epidemiológicos, MDROs são definidos como microrganismos, predominantemente bactérias, que são resistentes a uma ou mais classes de agentes antimicrobianos, sendo elas as quinolonas (ciprofloxacina e levofloxacina), lincosamida, macrolídeo, aminoglicosídeo (gentamicina), oxazolidinona, estreptogramina e glicopeptídeo (teicoplanina). Os demais isolados da gram-positiva apresentaram sensibilidade considerável acerca dos demais antimicrobianos testados; 100% (4) das amostras foram

sensíveis à vancomicina, rifampicina, tetraciclina e trimetoprim + sulfametoxazol; e 75% (3) foram sensíveis à levofloxacina, linezolide, sinercid e teicoplanina.

Os SCN apresentam multirresistência à pencilina, meticilina/oxacilina, eritromicina, clindamicina, gentamicina, quinolonas, tetraciclina, cloranfenicol e trimetoprim + sulfametoxazol, sendo os beta-lactâmicos a melhor opção de tratamento. Para as cepas multirresistentes, a vancomicina é reconhecida como a principal opção terapêutica, entretanto isolados de SCN já apresentaram certa resistência a esse glicopeptídeo.¹⁸

Dos isolados de SCN identificados no estudo, 68,8% (11) apresentaram resistência à oxacilina e 12,5% (2) foram resistentes à vancomicina. Dessas amostras, 87,5% (14) apresentaram multirresistência para as quinolonas (ciprofloxacina e levofloxacina), lincosamida, macrolídeo, aminoglicosídeos (gentamicina), oxazolidinona, penicilinas (pencilina), antituberculoso, estreptogramina, glicopeptídeos (teicoplanina e vancomicina), tetraciclina e sulfonamida (trimetoprim + sulfametoxazol). Os outros isolados identificados possuíram certa sensibilidade aos outros antibióticos testados; 62,5% (10) foram sensíveis ao sinercid; 56,3% (9) foram sensíveis ao linezolide e à tetraciclina; 37,5% (6) apresentaram sensibilidade à teicoplanina; 31,3% (5) foram sensíveis à oxacilina e à levofloxacina; 25% (4) foram sensíveis à ciprofloxacina e à daptomicina; 18,8% (3) apresentaram sensibilidade à eritromicina e gentamicina; enquanto apenas 12,5% (2) foram sensíveis à pencilina e rifampicina.

Em relação ao perfil de resistência dos BGN (Tabela 4), resultados semelhantes evidenciaram microrganismos gram-negativos resistentes às quinolonas (88,8%), cefalosporinas de segunda geração (57,9%) e terceira geração (51,9%), penicilinas (56,2%), carbapenêmicos (46,1%), inibidores de betalactamases (39,4%) e aminoglicosídeos (32,5%).¹²

Os resultados sobre o perfil de resistência antibacteriana salientam a pesquisa feita em dois Hospitais em Pelotas¹⁰, onde *E. coli* (44), *P. aeruginosa* (20) e *K. pneumoniae* (51) apresentaram resistência as quinolonas (*E. coli* = 35; *P. aeruginosa* = 14; *K. pneumoniae* = 49), penicilinas (*E. coli* = 44; *P. aeruginosa* = 0; *K. pneumoniae* = 51) e cefalosporinas (*E. coli* = 30; *P. aeruginosa* = 16; *K. pneumoniae* = 49), enquanto a *S. aureus* (22) e SCN (16) apresentaram as maiores taxas de resistência aos macrolídeos (*S. aureus* = 21; SCN = 14), lincosamidas (*S. aureus* = 20; SCN = 15) e penicilinas (*S. aureus* = 22; SCN = 16).

A descrição do perfil de resistência também corrobora com os resultados encontrados em um hospital público de Macapá que encontrou isolados de *E. coli*, *K. pneumoniae* e *P. aeruginosa* resistentes a quinolonas e sulfonamidas.¹⁹

A *P. aeruginosa*, *E. coli* e *K. pneumoniae*, espécies que apresentaram as maiores taxas de resistências dentre os BGN encontrados no estudo, são microrganismos em destaque dentre as causas das IRAS.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Durante a realização da coleta de dados, alguns fatores de limitação do estudo foram encontrados, como o número baixo de amostras coletadas nos primeiros meses da pesquisa (maio a julho) e a realização dos serviços de Análises Clínicas, incluindo o processamento das amostras microbiológicas, por serem feitos fora das instalações do hospital. Devido a abertura em fase dos serviços do HU, apenas o serviço de clínica médica era ativo durante os meses supracitados. A abertura da UTI adulto, setor responsável pelo maior volume de exames microbiológicos, ocorreu apenas em agosto de 2023.

Assim, de acordo com os resultados obtidos, foi possível delinear o perfil de resistência antimicrobiana das amostras isoladas no HU. Foram identificados os principais microrganismos responsáveis pelas infecções hospitalares e a resistências aos antibióticos utilizados em seu tratamento, o que permite a aplicação dos dados encontrados na elaboração de protocolos de antibioticoterapia, aprimorando o conhecimento epidemiológico e microbiológico para o controle das IRAS. Cabe ressaltar a necessidade de que sejam realizados outros estudos que englobe um maior número de amostras coletadas e obtenha um perfil de resistência bacteriana mais abrangente do Hospital Universitário.

REFERÊNCIAS

1. Miranda VB, Campos ACV, Vieira AB. Infecções relacionadas à assistência à saúde nos hospitais de Belém, Pará, Brasil. Revista Saúde & Ciência [Internet]. 2020; 9(2):53–63. Disponível em: <https://rsc.revistas.ufcg.edu.br/index.php/rsc/article/view/426>
2. Trindade JS, Silva EG da, Furtado G de S, Carvalho D de NR de, Bendelaque D de FR, Costa REAR da, *et al.* Infecção relacionada à assistência à saúde: Prevalência em Unidade de Terapia Intensiva Adulto. Res Soc Dev [Internet]. 2020; 9(9):e373997107. Disponível em: <https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/7107>
3. Bastos IDM, Bastos BDM, Silva KSB, Silva CF, Naue CR. Perfil bacteriano de amostras biológicas da clínica médica de um Hospital Universitário do Sertão de Pernambuco. Revista de Ensino, Ciência e Inovação em Saúde [Internet]. 2020; 1(1):4-15. Disponível em: <http://recis.huunivasf.ebserh.gov.br/index.php/recis/article/view/32/14>

4. Machado LG, Resende DS, de Campos PA, Ferreira ML, Braga IA, Aires CAM, et al. Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde no Brasil: Prevalência Multicêntrica e Estudo Caso-controle Pareado. *The Braz J Infect Dis* [Internet]. 2022; 26:102252. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1413867021007212>
5. O que é Infecção Hospitalar, IRAS e Infecções Hospitalares - Healthcare Management [Internet]. 2021. Disponível em: <https://healthcare.grupomidia.com/o-que-e-infeccao-hospitalar-iras-e-infeccoes-hospitalares/>
6. Chiş AA, Rus LL, Morgovan C, Arseniu AM, Frum A, Vonica-Țincu AL, et al. Microbial Resistance to Antibiotics and Effective Antibiotherapy. *Biomedicines* [Internet]. 2022; 10(5):1121. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35625857/>
7. Ferri M, Ranucci E, Romagnoli P, Giaccone V. Antimicrobial resistance: A global emerging threat to public health systems. *Crit Rev Food Sci Nutr* [Internet]. 2017; 57(13):2857-76. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26464037/>
8. WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024: bacterial pathogens of public health importance to guide research, development and strategies to prevent and control antimicrobial resistance. Geneva: World Health Organization; 2024. Disponível em: <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/376776/9789240093461-eng.pdf?sequence=1>
9. Furtado DMF, Silveira VS da, Furtado DMF, Kilishek MP, Carneiro IC do RS. Consumo de antimicrobianos e o impacto na resistência bacteriana em um hospital público do estado do Pará, Brasil, de 2012 a 2016. *Rev Pan-Amaz Saude* [Internet]. 2019;10: e201900041. Disponível em: http://scielo.iec.gov.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2176-62232019000100012&lng=pt
10. Jara MC, Frediani AV, Zehetmeyer FK, Bruhn FRP, Müller MR, Miller RG, et al. Multidrug-Resistant Hospital Bacteria: Epidemiological Factors and Susceptibility Profile. *Microb Drug Resist* [Internet]. 2021; 7(3):433–40. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32706621/>
11. Lorenzoni VV, Rubert F da C, Rampelotto RF, Hörner R. Increased antimicrobial resistance in *Klebsiella pneumoniae* from a University Hospital in Rio Grande do Sul, Brazil. *Rev Soc Bras Med Trop* [Internet]. 2018;51:676–9. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rsbmt/a/TQ8x5g45vMpJrwDRBvKWBT/#>
12. Mota FS, de Oliveira HÁ, Souto RCF. Perfil e prevalência de resistência aos antimicrobianos de bactérias Gram-negativas isoladas de pacientes de uma unidade de terapia intensiva. *Revista RBAC* [Internet]. 2018;50(3):270-277. Disponível em: <https://www.rbac.org.br/artigos/perfil-e-prevalencia-de-resistencia-aos-antimicrobianos-de-bacterias-gram-negativas-isoladas-de-pacientes-de-uma-unidade-de-terapia-intensiva/>
13. Honda KR, Almeida RMF de, Mariano W dos S. Antimicrobiano de uso restrito e agentes microbiológicos isolados em um hospital de referência de doenças tropicais do Norte do Brasil/Restricted antimicrobial and microbiological agents isolated in a tropical disease reference hospital in Northern Brazil. *Braz J Dev* [Internet]. 2021; 15;7(6):58344–57. Disponível em: <https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BRJD/article/view/31299>

14. Santo ARE, Moreira RC, Matsumoto LS, Luz, Hirai CQ. Perfil de microrganismos isolados de pacientes internados em um hospital do paran . Cogit Enferm [Internet]. [Internet]. 2020; 25:e71077-7. Dispon vel em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-1142794>
15. Wisniewski GV, Fiorin TM, Almeida IA. Identifica o e Avalia o do Perfil de Resist ncia de Bact rias Isoladas da Unidade de Terapia Intensiva de um Hospital da Regi o Noroeste do Rio Grande do Sul. Revista Interdisciplinar em Ci ncias da Sa de e Biol gicas. [Internet]. 2020; 29;4(1):11-23. Dispon vel em: <https://san.uri.br/revistas/index.php/ricsb/article/view/183>
16. Andrade CW de Q, Silva KSB, Santana MMR, Oliveira AV de, Guimar es MD, Naue CR. Etiologia e resist ncia de isolados bacterianos de hemoculturas da sala de cuidados intermedi rios de um Hospital Universit rio em Pernambuco. Res Soc Dev [Internet]. 2021; 25;10(7):e37510716605. Dispon vel em: https://www.researchgate.net/publication/352774171_Etiologia_e_resistencia_de_isolados_bacterianos_de_hemoculturas_da_Sala_de_Cuidados_Intermediarios_de_um_Hospital_Universitario_em_Pernambuco
17. Mancuso G, Midiri A, Gerace E, Biondo C. Bacterial Antibiotic Resistance: The Most Critical Pathogens. Pathogens [Internet]. 2021;10(10):1310. Dispon vel em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34684258/>
18. Teixeira CF e. Estafilococos coagulase-negativa: um risco real para a sa de p blica [tese]. Rio de Janeiro: Funda o Oswaldo Cruz; 2009. Dispon vel em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/4009?show=full>
19. Dos Santos MJA, Porcy C, Menezes RA de O. Etiologia e perfil de resist ncia bacteriana em uroculturas de pacientes atendidos em um hospital p blico de Macap -Amap , Brasil. Um estudo transversal. Diagn tratamento [Internet]. 2019;24(4):135-142. Dispon vel em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-1049377>