

DESAFIOS DA RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM TERAPIA INTENSIVA: EVIDÊNCIAS DE UM ESTUDO HOSPITALAR

CHALLENGES OF ANTIMICROBIAL RESISTANCE IN INTENSIVE CARE: EVIDENCE FROM A HOSPITAL-BASED STUDY

DESAFÍOS DE LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN CUIDADOS INTENSIVOS: EVIDENCIAS DE UN ESTUDIO HOSPITALARIO

Leandro Aparecido de Souza¹, Fernando de Sá Del Fiol²

DOI: 10.54899/dcs.v23i94.6676

Recibido: 19/08/2026 | Aceptado: 20/08/2026 | Publicación en línea: 03/09/2026.

RESUMO

A resistência antimicrobiana (RAM) constitui atualmente um dos mais graves desafios à saúde pública mundial. O objetivo deste estudo foi identificar o perfil microbiológico e resistência antimicrobiana em pacientes internados em Unidade de Terapia Intensiva em um hospital de grande porte na região metropolitana de Sorocaba. Trata-se de um estudo epidemiológico, observacional, do tipo transversal, de caráter retrospectivo, quantitativo e analítico. Foram coletados dados dos prontuários dos pacientes hospitalizados na Unidade de Terapia Intensiva de um hospital de Grande Porte na Região Metropolitana de Sorocaba, no período de janeiro a dezembro de 2024. A amostra foi composta pelos prontuários de 1787 pacientes internados na Unidade de Terapia Intensiva no período de janeiro a dezembro de 2024, para os quais houve a prescrição de antimicrobianos e coleta de culturas durante a internação no setor. Como resultados observou-se um total de 6.546 tratamentos antimicrobianos prescritos, dos quais 4.731 foram coletados culturas microbiológicas. incluindo hemoculturas, uroculturas, secreções traqueais, swabs anais e outros tipos de material biológico, a maioria das amostras apresentaram resultado negativo, correspondendo a 2.788 casos (58,9%), enquanto 1.869 amostras (39,5%) foram positivas, predominância marcante de indivíduos acima dos 50 anos. Observou-se predomínio de bactérias Gram-negativas (43,6%), seguidas por cocos Gram-positivos (34,2%). Entre os microrganismos mais frequentemente identificados destacaram-se: *Klebsiella pneumoniae* (15,3%), *Staphylococcus haemolyticus* (8,7%), *Enterococcus faecalis* (7,6%), *Acinetobacter baumannii* (7,2%), *Staphylococcus epidermidis* (6,2%), *Pseudomonas aeruginosa* (6,0%), *Staphylococcus hominis* (5,8%), *Escherichia coli* (5,6%) e *Staphylococcus aureus* (5,2%). A análise detalhada da *Klebsiella pneumoniae*, o microrganismo mais prevalente do estudo, revela níveis alarmantes de resistência a diversos β -lactâmicos, com destaque para ceftazidima (91,1%), cefepima (92,8%), ceftriaxona (93,9%). Conclui-se que a resistência bacteriana, fenômeno de natureza coletiva e sistêmica, demanda uma resposta integrada entre profissionais de saúde, gestores e sociedade, fundamentada no uso racional de antimicrobianos e na responsabilidade compartilhada frente a um dos maiores desafios da saúde pública contemporânea.

¹ Doutor em Ciências Farmacêuticas, Universidade de Sorocaba, Sorocaba, São Paulo, Brasil.

E-mail: leandro.souza@prof.uniso.br Orcid: <https://orcid.org/0000-0001-8828-9918>

² Pós-Doutor em Ciências Farmacêuticas, Universidade de Sorocaba, Sorocaba, São Paulo, Brasil.

E-mail: fernando.fiol@prof.uniso.br Orcid: <https://orcid.org/0000-0002-7138-0376>

Palavras-chave: Antibacterianos. Farmacoresistência Bacteriana. Pacientes. Unidade de Terapia Intensiva.

ABSTRACT

Antimicrobial resistance (AMR) currently represents one of the most serious challenges to global public health. The aim of this study was to identify the microbiological profile and antimicrobial resistance patterns among patients admitted to an Intensive Care Unit (ICU) in a large hospital in the Sorocaba metropolitan region. This was a retrospective, quantitative, analytical, observational, cross-sectional epidemiological study. Data were collected from the medical records of patients hospitalized in the Intensive Care Unit of a large hospital in the Sorocaba Metropolitan Region from January to December 2024. The sample consisted of the medical records of 1,787 patients admitted to the Intensive Care Unit during this period who received antimicrobial prescriptions and underwent culture collection during their hospitalization in the unit. The results showed a total of 6,546 prescribed antimicrobial treatments, of which 4,731 were associated with microbiological cultures, including blood cultures, urine cultures, tracheal secretions, anal swabs, and other types of biological specimens. Most samples yielded negative results, corresponding to 2,788 cases (58.9%), while 1,869 samples (39.5%) were positive, with a marked predominance of individuals over 50 years of age. Gram-negative bacteria predominated (43.6%), followed by Gram-positive cocci (34.2%). The most frequently identified microorganisms were *Klebsiella pneumoniae* (15.3%), *Staphylococcus haemolyticus* (8.7%), *Enterococcus faecalis* (7.6%), *Acinetobacter baumannii* (7.2%), *Staphylococcus epidermidis* (6.2%), *Pseudomonas aeruginosa* (6.0%), *Staphylococcus hominis* (5.8%), *Escherichia coli* (5.6%), and *Staphylococcus aureus* (5.2%). A detailed analysis of *Klebsiella pneumoniae*, the most prevalent microorganism in the study, revealed alarming levels of resistance to several β -lactam antibiotics, particularly ceftazidime (91.1%), cefepime (92.8%), and ceftriaxone (93.9%). It is concluded that bacterial resistance, a phenomenon of collective and systemic nature, requires an integrated response involving healthcare professionals, managers, and society, based on the rational use of antimicrobials and shared responsibility in addressing one of the greatest challenges facing contemporary public health.

Keywords: Antibacterial Agents. Bacterial Drug Resistance. Patients. Intensive Care Unit.

RESUMEN

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye actualmente uno de los desafíos más graves para la salud pública mundial. El objetivo de este estudio fue identificar el perfil microbiológico y la resistencia a los antimicrobianos en pacientes ingresados en una Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) de un hospital de gran tamaño en la región metropolitana de Sorocaba. Se trata de un estudio epidemiológico, observacional, transversal, retrospectivo, cuantitativo y analítico. Se recopilieron datos de las historias clínicas de los pacientes hospitalizados en la Unidad de Cuidados Intensivos de un hospital de gran tamaño de la Región Metropolitana de Sorocaba, durante el período comprendido entre enero y diciembre de 2024. La muestra estuvo compuesta por las historias clínicas de 1.787 pacientes ingresados en la Unidad de Cuidados Intensivos entre enero y diciembre de 2024, para quienes se prescribieron antimicrobianos y se realizaron cultivos durante la hospitalización en el sector. Los resultados mostraron un total de 6.546 tratamientos antimicrobianos prescritos, de los cuales 4.731 estuvieron asociados a la recolección de cultivos microbiológicos, incluyendo hemocultivos, urocultivos, secreciones

traqueales, hisopados anales y otros tipos de muestras biológicas. La mayoría de las muestras presentó resultados negativos, correspondientes a 2.788 casos (58,9%), mientras que 1.869 muestras (39,5%) fueron positivas, con un marcado predominio de individuos mayores de 50 años. Se observó un predominio de bacterias Gram negativas (43,6%), seguidas de cocos Gram positivos (34,2%). Entre los microorganismos identificados con mayor frecuencia se destacaron: *Klebsiella pneumoniae* (15,3%), *Staphylococcus haemolyticus* (8,7%), *Enterococcus faecalis* (7,6%), *Acinetobacter baumannii* (7,2%), *Staphylococcus epidermidis* (6,2%), *Pseudomonas aeruginosa* (6,0%), *Staphylococcus hominis* (5,8%), *Escherichia coli* (5,6%) y *Staphylococcus aureus* (5,2%). El análisis detallado de *Klebsiella pneumoniae*, el microorganismo más prevalente del estudio, reveló niveles alarmantes de resistencia a diversos antibióticos β -lactámicos, especialmente a ceftazidima (91,1%), cefepima (92,8%) y ceftriaxona (93,9%). Se concluye que la resistencia bacteriana, fenómeno de naturaleza colectiva y sistémica, requiere una respuesta integrada entre los profesionales de la salud, los gestores y la sociedad, fundamentada en el uso racional de los antimicrobianos y en la responsabilidad compartida frente a uno de los mayores desafíos de la salud pública contemporánea.

Palabras clave: Antibacterianos. Resistencia Bacteriana a los Medicamentos. Pacientes. Unidad de Cuidados Intensivos.



Esta obra está bajo una [Licencia Creative Commons Atribución- NoComercial 4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)

INTRODUÇÃO

A resistência antimicrobiana (RAM) constitui atualmente um dos mais graves desafios à saúde pública mundial. O uso inadequado e excessivo de antimicrobianos em humanos, animais e na agricultura tem acelerado o surgimento e a disseminação de microrganismos resistentes, comprometendo a eficácia terapêutica de fármacos que, por décadas, foram essenciais para o controle de infecções (Who, 2023).

A RAM refere-se à capacidade adquirida de microrganismos de resistirem à ação de medicamentos que anteriormente inibiam seu crescimento ou os eliminavam, incluindo antibióticos, antifúngicos, antivirais e antiparasitários. A disseminação de microrganismos resistentes tem caráter complexo, envolvendo uso inadequado, além de falhas em medidas de prevenção e controle de infecções. O fenômeno ameaça tornar procedimentos médicos rotineiros mais perigosos e comprometer ganhos em saúde pública alcançados nas últimas décadas (WHO, 2023).

Análises globais indicam que a RAM já é responsável por um número expressivo de óbitos. Estudos de grande porte e conjuntos de dados internacionais estimaram milhões de

infecções atribuíveis à RAM e mortalidade associada, por exemplo, avaliações do prejuízo global de RAM apontam que milhões de mortes recentemente tiveram relação direta ou indireta com bactérias resistentes. Relatórios recentes da Organização Mundial da Saúde (OMS) também documentam crescimento de resistência em múltiplas regiões e alertam que uma em cada seis infecções bacterianas confirmadas em laboratório passou a apresentar resistência a tratamentos comuns (Antimicrobial Resistance Collaborators, 2022).

De acordo com a OMS, a RAM ameaça reverter conquistas significativas obtidas no campo da medicina moderna, tornando procedimentos comuns, como cirurgias, quimioterapia e transplantes, potencialmente inseguros (WHO, 2015). O relatório *Global Action Plan on Antimicrobial Resistance*, atualizado em 2025, destaca que o fenômeno é de natureza multifatorial e requer respostas coordenadas nos âmbitos local, nacional e internacional, integrando ações de vigilância, prevenção e controle de infecções, além da regulação do uso racional de antimicrobianos (Who, 2025).

Os impactos epidemiológicos da RAM são amplos, envolvendo aumento das taxas de morbimortalidade, prolongamento das internações hospitalares e elevação significativa dos custos com cuidados em saúde. A RAM provoca impacto clínico direto, falha terapêutica e necessidade de terapias alternativas mais agressivas ou menos eficazes, e impacto sistêmico, como maior duração de internações, aumento do uso de recursos, ou seja, antimicrobianos de segunda linha, exames diagnósticos, necessidade de isolamento, e elevação de custos hospitalares e sociais, aumentando a sobrecarga assistencial e reduzindo a eficiência hospitalar (Chang *et al.*, 2023).

Estudos econômicos e relatórios internacionais destacam que a RAM onera os sistemas de saúde e reduz produtividade, sendo estimada como um fator capaz de comprometer a sustentabilidade dos serviços em médio e longo prazo se não houver políticas eficazes de contenção (Gaspar *et al.*, 2021).

No Brasil, estudos evidenciam um crescimento progressivo de bactérias multirresistentes em ambientes hospitalares, especialmente em unidades de terapia intensiva (UTI), onde o uso intensivo de antimicrobianos e a gravidade clínica dos pacientes favorecem a seleção de cepas resistentes (Brasil, 2019).

Tal cenário representa um grande desafio para as equipes de saúde, demandando políticas de controle rigorosas e protocolos baseados em evidências. As UTIs concentram grande parte do risco por reunir pacientes críticos, procedimentos invasivos (ventilação mecânica, cateteres), e

uso frequente de antimicrobianos de amplo espectro, fatores favoráveis à seleção e transmissão de patógenos multirresistentes. Em especial, bactérias gram-negativas (p.ex. *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*) têm mostrado aumento de resistência a classes críticas (fluoroquinolonas, cefalosporinas de terceira geração, carbapenêmicos), reduzindo opções terapêuticas e elevando a letalidade associada às infecções nosocomiais em UTI (Murray *et al.*, 2022).

A vigilância microbiológica hospitalar engloba a coleta sistemática de culturas, testes de sensibilidade antimicrobiana, monitoramento de tendências temporais e alertas de surtos. Esses sistemas permitem orientar o empirismo terapêutico local; detectar emergência de genes de resistência; mensurar a eficácia de intervenções de controle; e subsidiar programas de gerenciamento de antimicrobianos (PGA). Planos nacionais e orientações internacionais reforçam que vigilância consistente e de qualidade é pilar para políticas de contenção e para a tomada de decisão baseada em evidências. A vigilância microbiológica hospitalar constitui ferramenta essencial no enfrentamento da RAM. Por meio da coleta e análise sistemática de dados sobre infecções e perfis de sensibilidade, é possível identificar padrões locais de resistência e orientar decisões terapêuticas e políticas de uso racional de antimicrobianos (Brasil, 2023).

Estudos locais, são fundamentais para compreender a realidade regional e subsidiar ações específicas de controle e prevenção. Tais investigações permitem delinear o perfil microbiológico das instituições de saúde, contribuindo para o fortalecimento de programas de gerenciamento antimicrobiano e para a implementação de medidas de vigilância mais eficientes e contextualizadas às necessidades locais.

A articulação dos dados de vigilância locais com bases nacionais (ANVISA, Ministério da Saúde) e internacionais (Who, Glass) amplia o entendimento sobre padrões geográficos, disseminação de clones e evolução temporal. Essa integração favorece comparações e identificação de áreas regionais ameaçadas, para priorização de intervenções. Além disso, fornecem informações estruturadas e atualizadas de forma eficiente para pesquisas epidemiológicas que quantificam o impacto regional e avaliação de políticas públicas (Brasil, 2023; Who, 2023).

Objetivo Geral

Identificar o perfil microbiológico e resistência antimicrobiana em pacientes internados em Unidade de Terapia Intensiva em um hospital de grande porte na região metropolitana de Sorocaba.

Objetivos Específicos

Identificar a prevalência de bactérias multirresistentes na Unidade de Terapia Intensiva: implicações para o tratamento antimicrobiano

Identificar a porcentagem de resistência bacteriana em ambiente crítico: análise de culturas e antibiogramas em pacientes de terapia intensiva.

METODOLOGIA

Trata-se de um estudo epidemiológico, observacional, do tipo transversal, de caráter retrospectivo, quantitativo e analítico. Foram coletados dados dos prontuários dos pacientes hospitalizados na Unidade de Terapia Intensiva de um hospital de Grande Porte na Região Metropolitana de Sorocaba, no período de janeiro a dezembro de 2024. O estudo foi realizado na cidade de Sorocaba, estado de São Paulo, em um hospital privado, filantrópico e sem fins lucrativos, atendendo pacientes 100% do Sistema Único de Saúde. O serviço do hospital é referenciado no atendimento de média e alta complexidade. A instituição conta com 300 leitos, sendo 10% destinados ao setor de Terapia Intensiva. Realiza em média/mês 1.110 internações, 220 procedimentos cirúrgicos, 190 partos normais e cirúrgicos, além de 2.300 atendimentos referenciados de Pronto Socorro e exames eletivos; realiza ainda a média de 2.230 atendimento oncológicos, possui 229 pacientes em tratamento em quimioterapia. O serviço não conta com Programas de Gerenciamento de Antimicrobianos.

A amostra foi composta pelos prontuários de 1787 pacientes internados na Unidade de Terapia Intensiva no período de janeiro a dezembro de 2024, para os quais houve a prescrição de antimicrobianos e coleta de culturas no período da permanência no setor, para investigação dos microrganismos isolados e antibiograma. Foram considerados como perdas, aqueles prontuários com informações insuficientes para o estudo, e aqueles que não houve coleta de culturas, mesmo

em uso de antimicrobianos, descritos em prescrição médica.

Na pesquisa foram incluídas pacientes em uso de antimicrobianos, internados na Unidade de Terapia Intensiva, adultos, de ambos os gêneros e que tenham realizado exames de cultura solicitados pelo médico durante sua internação. Foram excluídas do estudo amostras de pacientes com culturas advindos de outros setores do hospital; culturas de pacientes menores de 18 anos. Foi utilizado um instrumento para coleta de dados dos prontuários, com as seguintes informações: idade, sexo, hipótese diagnóstica, qual antimicrobiano utilizado, posologia, foco infeccioso, se houve coleta de culturas, sítio de coleta correspondente ao foco, microrganismo isolado, se houve mudança do antimicrobiano, e se todos os pacientes incluídos no estudo foram submetidos ao mesmo método de diagnóstico, independentemente de influências externas.

Inicialmente, o pesquisador obteve acesso a um relatório institucional contendo informações sociodemográficas e clínicas dos pacientes, incluindo dados pessoais, datas de admissão e alta hospitalar, hipóteses diagnósticas, uso de antimicrobianos, esquemas posológicos e desfechos clínicos, tais como alta hospitalar ou óbito. Em seguida, realizou-se a consulta ao Prontuário Eletrônico do Paciente (PEP), integrado ao sistema de gestão hospitalar SOUL MV (Sistema de Operações Únicas e Integradas). A partir desse sistema, procedeu-se à análise das variáveis laboratoriais, especificamente dos resultados de culturas microbiológicas e antibiogramas. Ressalta-se que essa etapa foi conduzida de forma manual, uma vez que o sistema laboratorial da instituição não dispõe de relatórios automatizados nem integração direta com o módulo MV PEP. Posteriormente, os dados coletados foram organizados em planilhas eletrônicas e submetidos à análise estatística, com elaboração de tabelas e gráficos, visando à correlação entre os perfis microbiológicos, o uso de antimicrobianos e os desfechos clínicos observados.

O projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade de Sorocaba (CAAE 86145224.7.0000.5500). Para as estratégias de coleta de dados foram assegurados o sigilo, anonimato e possibilidade de interrupção do estudo em qualquer momento por parte da instituição, conforme resolução 466/2012, e ou 510/2016.

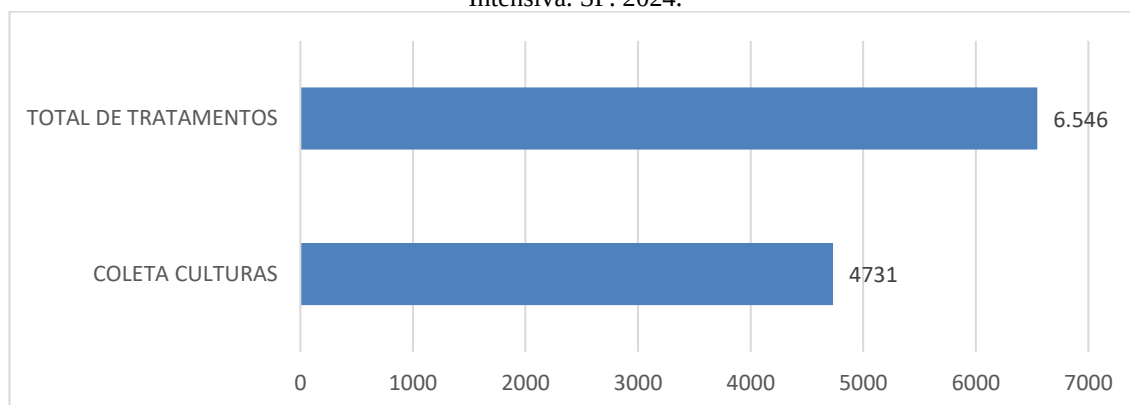
RESULTADOS E DISCUSSÃO

Durante o período analisado (janeiro a dezembro de 2024) a figura 1 representa o total de tratamentos avaliados com antimicrobianos, comparados com o número de coletas de culturas. Observou-se um total de 6.546 tratamentos antimicrobianos prescritos, dos quais 4.731 foram

coletados culturas microbiológicas, incluindo hemoculturas, uroculturas, secreções traqueais, swabs anais e outros tipos de material biológico, utilizadas para a identificação e diagnóstico das infecções. A grande maioria dessas coletas foi realizada com base em protocolos estabelecidos para guiar decisões terapêuticas, confirmando a relevância das análises microbiológicas para o tratamento de infecções em ambientes críticos.

De forma complementar, o número restante de 1.815 coletas refletem aquelas realizadas de forma empírica ou não diretamente associada à cultura microbiológica. Esses dados sugerem que, embora a maior parte das coletas sejam guiadas por protocolos microbiológicos, uma fração significativa de coletas pode ter sido realizada sem cultura associada, o que pode estar relacionado a intervenções precoces ou necessidade de tratamento imediato.

Figura 1. Distribuição da Classificação dos Tratamentos empregados com Antimicrobianos na Unidade de Terapia Intensiva. SP. 2024.

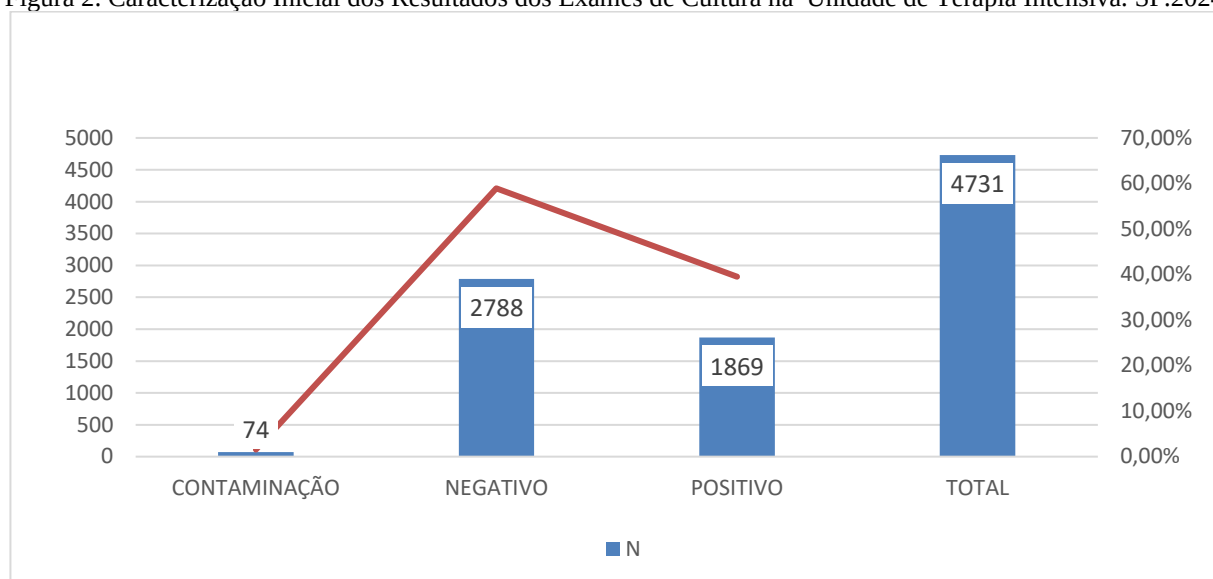


Fonte: Dados fornecidos pela Instituição, 2024.

A Figura 2 apresenta o total 4.731 amostras que foram processadas observou-se que a maioria das amostras apresentaram resultado negativo, correspondendo a 2.788 casos (58,9%), enquanto 1.869 amostras (39,5%) foram positivas, configurando uma taxa de positividade expressiva no contexto hospitalar estudado. Esse percentual evidencia uma elevada carga infecciosa entre os pacientes críticos, corroborando achados de Blot *et al.* (2022) e Paul *et al.* (2022), que destacam a alta prevalência de infecções associadas à assistência à saúde em unidades de terapia intensiva, especialmente por microrganismos multirresistentes.

Além disso, 74 amostras (1,5%) foram classificadas como contaminadas, um valor reduzido em relação ao total, mas ainda indicativo de possíveis inadequações nos procedimentos de coleta e manipulação laboratorial, reforçando a importância de treinamentos contínuos e protocolos rigorosos de controle de qualidade.

Figura 2. Caracterização Inicial dos Resultados dos Exames de Cultura na Unidade de Terapia Intensiva. SP.2024.

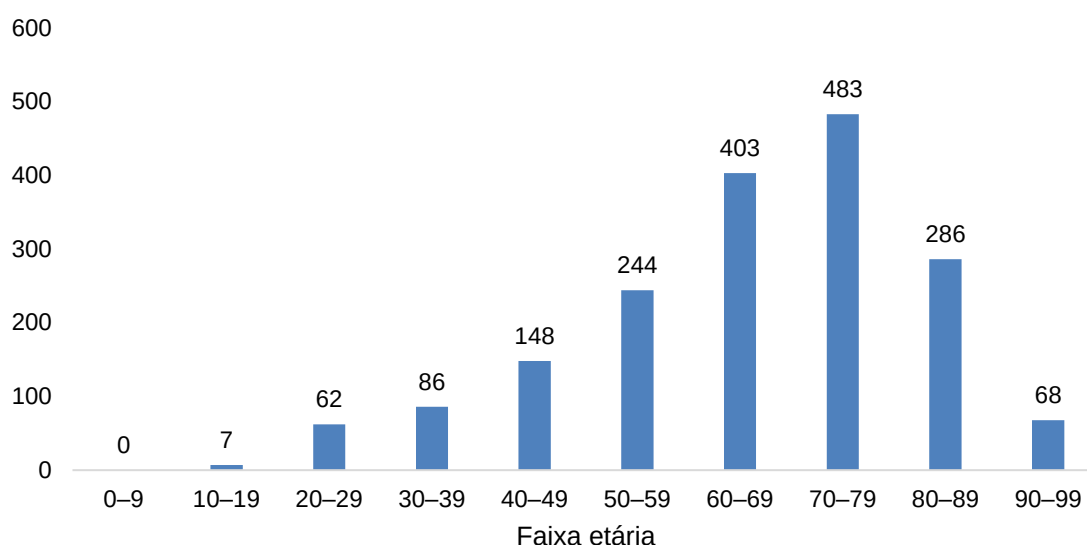


Fonte: Dados fornecidos pela Instituição, 2024.

Os dados da Figura 3 mostram a distribuição etária dos pacientes atendidos na UTI adulto da Santa Casa de Sorocaba em 2025 e revelam uma predominância marcante de indivíduos acima dos 50 anos, especialmente nas faixas de 60–69 e 70–79 anos, que concentraram 403 e 483 pacientes, respectivamente. Esse perfil etário é compatível com a literatura recente sobre o perfil epidemiológico das UTIs, em que o envelhecimento populacional e o aumento da carga de comorbidades contribuem para maior vulnerabilidade às infecções e à necessidade de cuidados intensivos, Blot *et al.*, (2022) ressaltam que o avanço da idade está associado não apenas a maior risco de hospitalização prolongada, mas também à imunossenescência, que favorece o desenvolvimento de infecções associadas à assistência à saúde e maior consumo de antimicrobianos.

O predomínio de pacientes idosos reflete o cenário global de maior demanda por leitos intensivos em decorrência de doenças crônicas, cirurgias complexas e infecções respiratórias e urinárias graves. Vazquez Guillamet *et al.*,(2022) destacam que, nesse contexto, a colaboração entre intensivistas, infectologistas e farmacêuticos clínicos é essencial para garantir o uso racional de antibióticos e reduzir o risco de eventos adversos e resistência microbiana.

Figura 3- Distribuição da faixa etária dos pacientes internados na Unidade de Terapia Intensiva, SP 2024.



Dados fornecidos pela Instituição, 2024.

Fonte:

A análise comparativa da idade média em relação ao desfecho clínico evidenciou diferença estatisticamente significativa entre os grupos avaliados. Os pacientes que evoluíram a óbito apresentaram idade média de 67,5 anos, enquanto aqueles que obtiveram alta hospitalar apresentaram média de 64,2 anos. A aplicação do teste t de *Student* para amostras independentes resultou em $p < 0,05$, confirmando a existência de diferença estatística relevante entre as médias. Esses resultados indicam que a mortalidade foi mais prevalente entre indivíduos mais idosos, o que corrobora dados da literatura que associam o envelhecimento a maior vulnerabilidade clínica, presença de comorbidades e risco aumentado de desfechos desfavoráveis em ambiente de terapia intensiva (Blot *et al.*, 2022; Ture *et al.*, 2023).

Relativamente à variável sexo, a associação entre sexo e desfecho clínico foi avaliada por meio do teste do qui-quadrado de independência. Entre os 894 pacientes do sexo feminino, 524 (58,6%) receberam alta e 370 (41,4%) evoluíram a óbito. Já no grupo masculino, composto por 893 indivíduos, 528 (59,1%) obtiveram alta e 365 (40,9%) foram a óbito. O resultado do teste não revelou diferença estatisticamente significativa entre os grupos ($p = 0,863$), indicando que, nesta amostra, o desfecho clínico não esteve associado ao sexo dos pacientes.

A ausência de diferença entre os sexos, associada ao impacto significativo da idade, sugere que fatores fisiológicos relacionados ao envelhecimento, como alterações imunológicas, redução da reserva funcional e maior prevalência de doenças crônicas, exercem influência mais determinante sobre o prognóstico em UTI do que o sexo biológico.

Tabela 1 Distribuição dos microrganismos prevalentes na Unidade de Terapia Intensiva, SP, 2024.

Microrganismo	N	%
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	287	15,33
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	164	8,76
<i>Enterococcus faecalis</i>	144	7,69
<i>Acinetobacter baumannii</i>	135	7,21
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	117	6,25
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	114	6,09
<i>Staphylococcus hominis</i>	109	5,82
<i>Escherichia coli</i>	106	5,66
<i>Staphylococcus aureus</i>	99	5,29
<i>Candida albicans</i>	79	4,22
<i>Proteus mirabilis</i>	68	3,63
<i>Candida tropicalis</i>	48	2,56
<i>Candida glabrata</i>	43	2,30
<i>Enterococcus faecium</i>	43	2,30
<i>Staphylococcus capitis</i>	38	2,03
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	34	1,82
<i>Enterobacter cloacae</i>	27	1,44
<i>Serratia marcescens</i>	16	0,85
<i>Enterobacter hormaechei</i>	12	0,64
<i>Haemophilus influenzae</i>	12	0,64

Fonte: Dados fornecidos pela Instituição, 2024.

Foram encontradas 82 espécies diferentes de microrganismos. Os dados da Tabela 1 apresentam a distribuição dos microrganismos isolados a partir das amostras provenientes da Unidade de Terapia Intensiva da Santa Casa de Sorocaba, totalizando 1.869 isolados bacterianos e fúngicos ao longo do período analisado. Observou-se predomínio de bactérias Gram-negativas (43,6%), seguidas por cocos Gram-positivos (34,2%) e, em menor proporção, leveduras do gênero *Candida* (22,2%). Esse padrão reflete a tendência observada em estudos multicêntricos sobre epidemiologia de infecções hospitalares em UTIs, que destacam o predomínio de bacilos Gram-negativos multirresistentes como principais agentes etiológicos em pacientes críticos (Blot *et al.*, 2022; Paul *et al.*, 2022).

Entre os microrganismos mais frequentemente identificados destacaram-se: *Klebsiella pneumoniae* (15,3%), *Staphylococcus haemolyticus* (8,7%), *Enterococcus faecalis* (7,6%), *Acinetobacter baumannii* (7,2%), *Staphylococcus epidermidis* (6,2%), *Pseudomonas aeruginosa* (6,0%), *Staphylococcus hominis* (5,8%), *Escherichia coli* (5,6%) e *Staphylococcus aureus* (5,2%). Esses nove microrganismos concentraram mais de 68% de todos os isolados, evidenciando um perfil de concentração microbiana típico de ambientes hospitalares de alta complexidade, conforme relatado por Ture *et al.* (2023) e Moniz; Coelho; Póvoa (2021). A composição microbiana observada é compatível com o padrão descrito em UTIs adultas, nas quais a pressão seletiva de antimicrobianos e o uso frequente de dispositivos invasivos favorecem

a seleção de patógenos oportunistas e resistentes (Ture *et al.*,2023).

Dentre os microrganismos identificados, seis pertencem ao grupo ESKAPE (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Enterobacter spp.*), reconhecido mundialmente como o principal conjunto de patógenos associados à resistência antimicrobiana e às infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) (Vazquez Guillamet *et al.*, 2022). A predominância de *K. pneumoniae* e *A. baumannii* reforça a preocupação com o impacto clínico desses bacilos Gram-negativos multirresistentes, frequentemente implicados em pneumonias associadas à ventilação mecânica, infecções de corrente sanguínea e infecções de sítio cirúrgico, como também enfatizado nas diretrizes da ESCMID (Sociedade Europeia de Microbiologia Clínica e Doenças Infecciosas, 2025) e por Blot *et al.* (2022). Adicionalmente, a presença expressiva de estafilococos coagulase-negativos (*S. haemolyticus*, *S. epidermidis* e *S. hominis*) evidencia sua importância como patógenos oportunistas em pacientes com dispositivos invasivos, cenário amplamente discutido por Zakhour *et al.* (2023).

Tabela 2 - Perfil de resistência (%) das bactérias Gram negativas x antimicrobianos da Unidade de Terapia Intensiva. SP. 2024.

Microrganismo	N	Gentamicina	SXT	Amicacina	Amox-clavulanato	Aztreonam	Cefepima	Ceftazidima	Ceftazidima avibactam	Ceftolozona tazobactam	Ceftriaxona	Cefuroxima	Ciprofloxacino	Ertapenem	Meropenem	Piperacilina Tazobactam	Cefalexina	Norfloxacino
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	287	55,3	57,1	32,6	88,1	92,8	91,1	90,1	13,2	81,2	93,9	93,9	91,3	70,8	67,6	86,5	95,4	93,4
<i>Acinetobacter baumannii</i>	135	48,3	81,7	91,3	---	---	---	---	---	---	---	---	96,6	---	96,6	96,6	---	---
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	114	8,1	---	4,1	---	29,9	27,5	33,0	14,4	11,4	---	---	16,8	---	21,2	39,3	---	---
<i>Escherichia coli</i>	106	19,5	31,7	5,8	40,5	65,3	47,6	52,8	0,0	6,2	54,1	58,6	58,0	0,0	0,0	17,6	43,2	46,1
<i>Proteus mirabilis</i>	68	65,5	66,6	9,5	56,0	41,8	40,6	23,2	26,7	30,9	69,8	72,5	63,4	28,5	28,5	0,0	100,0	85,7
<i>Enterobacter cloacae</i>	27	38,8	---	10,5	0,0	57,8	47,7	57,8	0,0	31,5	63,1	60	47,0	36,84	5,2	58,8	---	---
<i>Serratia marcescens</i>	16	18,7	100,0	18,7	---	14,2	25,0	14,2	0,0	7,1	25	0,0	25,0	12,5	12,5	20,0	---	100,0
<i>Enterobacter hormaechei</i>	12	11,1	50,0	18,1	---	55,5	36,3	55,5	11,1	60	60	0,0	36,3	27,2	9,0	63,6	---	50,0

Legenda: SXT Sulfametoxazol e trimetoprima.

Fonte: Dados fornecidos pela Instituição, 2024.

Os resultados apresentados na Tabela 2 evidenciam um cenário preocupante de resistência antimicrobiana entre as bactérias Gram-negativas isoladas na UTI adulto da Santa Casa de Sorocaba em 2024, refletindo um padrão compatível com o descrito em unidades de alta complexidade em todo o mundo (Mancuso, Midiri *et al.*, 2021). O predomínio de cepas resistentes entre *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* e *Pseudomonas aeruginosa* confirma o protagonismo dos patógenos do grupo ESKAPE como principais agentes etiológicos das infecções hospitalares graves. Esses achados estão alinhados estudos que apontam esses microrganismos como alvos prioritários em estratégias globais de vigilância e contenção da resistência antimicrobiana (Mancuso, Midiri *et al.*, 2021).

A análise detalhada da *Klebsiella pneumoniae*, o microrganismo mais prevalente do estudo, revela níveis alarmantes de resistência a diversos β -lactâmicos, com destaque para ceftazidima (91,1%), cefepima (92,8%), ceftriaxona (93,9%) e amoxicilina/clavulanato (67,6%). Tais valores sugerem ampla disseminação de mecanismos de resistência mediados por β -lactamases de espectro estendido (ESBL) e possivelmente por carbapenemases. A resistência também foi elevada a meropenem (91,3%) e ertapenem (93,9%), evidenciando a presença de cepas produtoras de carbapenemases tipo KPC ou OXA-48, frequentemente descritas em ambientes hospitalares brasileiros. Esse perfil é coerente com o relatado por Ture *et al.* (2023) e Flores *et al.* (2020).

O comportamento de *Acinetobacter baumannii* reforça a preocupação com o cenário local. As taxas de resistência encontradas para cefepima, ceftriaxona e meropenem (todas acima de 96%) demonstram a persistência de cepas carbapenem-resistentes (CRAB), cuja prevalência tem sido crescente em UTIs de todo o mundo (Principe, Di Bella *et al.*, 2022, Desmoulin, Sababadichetty *et al.*, 2024). A elevada resistência à ampicilina/sulbactam e aminoglicosídeos (81,7%) para amicacina e 48,3% para gentamicina) limita significativamente as opções terapêuticas, restringindo-as a fármacos de reserva, como polimixinas.

A resistência expressiva observada em *Pseudomonas aeruginosa* também merece destaque, com valores acima de 30% para cefalosporinas de 3^a e 4^a geração e resistência moderada a piperacilina/tazobactam (39,3%) e ceftazidima/avibactam (33%). Embora ligeiramente inferiores aos relatados para *K. pneumoniae*, esses índices indicam grande limitação terapêutica. A literatura mostra que cepas de *P. aeruginosa* podem exibir múltiplos mecanismos de resistência, como perda de porinas, produção de β -lactamases e bombas de efluxo, que reduzem a eficácia de β -lactâmicos, quinolonas e aminoglicosídeos (Zakhour, Haddad *et al.*, 2023). A diretriz da

ESCMID recomenda, nesses casos, o uso criterioso de ceftolozano/tazobactam e imipenem/relebactam, quando ativos in vitro, evitando a combinação empírica indiscriminada (Paul, Carrara *et al.*, 2022).

No caso de *Escherichia coli*, as taxas de resistência apresentaram variabilidade, com índices elevados para ceftazidima (47,6%), cefepima (65,3%), ceftriaxona (54,1%) e ciprofloxacino (58,6%), o que sugere circulação de linhagens produtoras de ESBL, especialmente entre pacientes com infecção urinária. Apesar da relativa sensibilidade a aminoglicosídeos (19,5% para gentamicina e 31,7% para amikacina), a presença de cepas multirresistentes reforça o risco de disseminação comunitária desses mecanismos, conforme discutido por Shan e cols. (2005) (Shan, Lazinski *et al.*, 2015). O uso de antimicrobianos de amplo espectro em terapias empíricas de longa duração, frequentemente relatado em UTIs, pode ter contribuído para esse padrão de resistência, ressaltando a importância da individualização terapêutica guiada por antibiograma e PK/PD (Asín-Prieto E, Rodríguez-Gascón A, Isla A. 2015).

Entre os *Enterobacter* spp., tanto *E. cloacae* quanto *E. hormaechei* apresentaram resistência expressiva a β -lactâmicos (57,8% e 55,5%, respectivamente) e níveis elevados de resistência a quinolonas (acima de 60%), sugerindo a presença de mecanismos de resistência induzíveis, como a hiperprodução de AmpC. Esse padrão é consistente com a literatura revisada por Ture *et al.* (2023), que aponta o gênero *Enterobacter* como um dos componentes do grupo ESKAPE mais desafiadores no contexto da terapia intensiva. A resistência intermediária a aminoglicosídeos e carbapenêmicos observada na amostra local destaca a necessidade de diagnóstico rápido e preciso, para se evitar o uso empírico inadequado e retardar o início da terapia direcionada.

Por fim, os dados obtidos neste estudo indicam que o perfil de resistência bacteriana da UTI da Santa Casa de Sorocaba reflete uma realidade semelhante à observada em centros de referência internacionais. Esse cenário ressalta a necessidade de protocolos terapêuticos locais adaptados à epidemiologia institucional, utilização de antimicrobianos de reserva somente sob justificativa clínica e reforço das práticas de prevenção de infecção hospitalar. Em consonância com Blot *et al.* (2022) e Paul *et al.* (2022) a combinação de vigilância epidemiológica, educação continuada e gestão racional de antibióticos constitui a estratégia mais eficaz para reduzir o impacto clínico e econômico das infecções por bactérias multirresistentes em unidades de terapia intensiva.

Tabela 3 – Perfil de resistência das bactérias Gram positivas x antimicrobianos da Unidade de Terapia Intensiva. 2024.

Microrganismo	N	Ampicilina	Levofloxacino	Linezolida	Teicoplanina	Vancomicina	Clindamicina	Eritromicina	Oxacilina	SXT
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	164	---	90,8	0,0	0,0	0,0	92,2	98,5	97,8	73,0
<i>Enterococcus faecalis</i>	144	---	64,0	0,0	12,5	12,3	---	---	---	---
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	117	---	80,0	0,0	0,0	0,0	78,6	87,3	93,4	11,4
<i>Staphylococcus hominis</i>	109	---	0,0	0,0	---	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
<i>Staphylococcus aureus</i>	99	---	12,2	0,0	0,0	0,0	46,9	63,8	40,9	9,6
<i>Enterococcus faecium</i>	43	100,0	100,0	0,0	100,0	100,0	---	---	---	---
<i>Staphylococcus capitis</i>	38	---	87,5	0,0	0,0	0,0	87,1	87,5	93,7	3,2

Legenda: SXT: Sulfametoxazol e trimetoprima.

Fonte: Dados fornecidos pela Instituição, 2024.

Os resultados apresentados na Tabela 3 revelam um panorama preocupante da resistência antimicrobiana entre as bactérias Gram-positivas. Observa-se uma elevada taxa de resistência entre os estafilococos coagulase-negativos (CoNS), especialmente *Staphylococcus haemolyticus*, *S. epidermidis* e *S. capitis*, enquanto *Enterococcus faecium* se destaca pela multirresistência absoluta a diversos agentes. Esses achados refletem um perfil epidemiológico típico de UTIs, em que espécies oportunistas adquirem resistência seletiva devido ao uso intensivo e prolongado de antimicrobianos de amplo espectro. Conforme demonstrado por Becker et al. (2014), os CoNS têm se tornado patógenos de relevância clínica crescente, particularmente em infecções associadas a dispositivos invasivos, sendo frequentemente resistentes à oxacilina e aos macrolídeos.

O *Staphylococcus haemolyticus* apresentou um perfil de resistência acentuado, com 90,8% de resistência à levofloxacina, 92,2% à clindamicina, 98,6% à eritromicina e 97,8% à oxacilina. Esses índices confirmam a presença predominante de cepas meticilina-resistentes, o que limita significativamente as opções terapêuticas disponíveis. Estudos realizados em UTIs europeias e latino-americanas apontam taxas semelhantes, com resistência à oxacilina variando entre 80% e 100% para *S. haemolyticus*, frequentemente associada à presença do gene *mecA* e à formação de biofilmes, que dificultam a erradicação bacteriana e favorecem infecções persistentes (Dier-Pereira, Trevizani Thihara et al., 2021). A sensibilidade mantida à linezolida, teicoplanina e vancomicina reforça a importância desses fármacos como opções de resgate, devendo, contudo, ser utilizados com cautela para evitar o surgimento de resistência emergente.

O comportamento de *Staphylococcus epidermidis* foi semelhante, apresentando 80% de resistência à levofloxacina, 78,6% à clindamicina, 87,3% à eritromicina e 93,4% à oxacilina, caracterizando um padrão de multirresistência. Esse perfil é compatível com estudos internacionais que evidenciam *S. epidermidis* como um dos principais agentes de infecção de corrente sanguínea associada a cateteres e próteses (Pouget, Chatre et al., 2023). A ausência de resistência aos glicopeptídeos (teicoplanina e vancomicina) e à linezolida indica que esses agentes permanecem eficazes contra as cepas isoladas, sendo recomendados para infecções graves. Entretanto, a literatura alerta para a detecção crescente de isolados de *S. epidermidis* com resistência intermediária à vancomicina em UTIs asiáticas, o que justifica a vigilância laboratorial contínua (Gao, Jian, 2024).

Por outro lado, o *Staphylococcus aureus* apresentou perfil menos resistente que os CoNS, com 40,9% de resistência à oxacilina, indicando a presença de MRSA (meticilina-resistente) em

proporção moderada. As resistências à levofloxacina (12,2%), clindamicina (46,9%) e eritromicina (63,8%) refletem uma sensibilidade superior à observada para outras. Segundo Rossi *et al.* (2011) a prevalência média de MRSA em hospitais brasileiros varia entre 50% e 70%, o que sugere um desempenho favorável da unidade estudada. A ausência de resistência a linezolida e vancomicina confirma a manutenção da eficácia desses antimicrobianos de última linha no tratamento de infecções graves.

Os resultados para *Enterococcus faecalis* e *Enterococcus faecium* evidenciam uma clara diferença entre as espécies. *E. faecalis* apresentou baixa resistência à ampicilina (1,7%) e moderada resistência à levofloxacina (64%), enquanto manteve elevada sensibilidade à linezolida e vancomicina (12,3%). Já *E. faecium* exibiu 100% de resistência à ampicilina, levofloxacina, teicoplanina e vancomicina, configurando um fenótipo VRE (*Enterococcus* resistente à vancomicina). Esse achado é consistente com estudos recentes que apontam o *E. faecium* como o patógeno mais problemático entre os enterococos hospitalares, associado à resistência plasmidial mediada pelos genes *vanA* e *vanB* (Gorrie, Higgs et al., 2019). O surgimento de VRE tem sido vinculado ao uso prolongado de glicopeptídeos e cefalosporinas, reforçando a necessidade de estratégias de *stewardship* de antimicrobiano e monitoramento epidemiológico constante.

Por fim, o *Staphylococcus capitis* apresentou 87,5% de resistência à levofloxacina, 87,1% à clindamicina, 87,5% à eritromicina e 93,75% à oxacilina, mantendo sensibilidade integral aos glicopeptídeos e linezolida. Esse perfil é semelhante ao descrito em estudos sobre o clone NRCS-A, um subtipo globalmente disseminado de *S. capitis* associado a surtos hospitalares e infecções neonatais (Butin, Martins-Simões et al., 2015). A ausência de resistência aos antimicrobianos de última linha é positiva, porém a elevada multirresistência aos β -lactâmicos e macrolídeos reforça a importância de medidas rigorosas de controle de infecção e vigilância ativa.

De modo geral, o conjunto dos dados demonstra que as bactérias Gram-positivas isoladas na UTI exibem resistência disseminada aos antimicrobianos de uso comum, embora ainda preservem sensibilidade a agentes de última linha, cuja preservação depende de políticas institucionais eficazes de uso racional de antibióticos.

CONCLUSÃO

Os achados confirmam a predominância de microrganismos do grupo ESKAPE,

Klebsiella pneumoniae, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus* e *Enterobacter* spp., responsáveis por mais de 60% dos isolados; Entre as enterobactérias, a *Klebsiella pneumoniae* destacou-se com níveis de resistência superiores a 90% para cefalosporinas de 3ª e 4ª geração e carbapenêmicos, caracterizando o fenótipo produtor de carbapenemases (KPC e OXA-48). De forma semelhante, *Acinetobacter baumannii* apresentou resistência superior a 96% aos carbapenêmicos; O comportamento de *Pseudomonas aeruginosa* também foi preocupante, com resistência significativa a cefalosporinas e piperacilina/tazobactam. Embora o índice de resistência tenha sido ligeiramente inferior ao observado para *K. pneumoniae*, ainda assim limita severamente as opções terapêuticas disponíveis;

No grupo das bactérias Gram-positivas, os estafilococos coagulase-negativos, especialmente *Staphylococcus haemolyticus* e *S. epidermidis*, apresentaram taxas de resistência superiores a 90% para oxacilina e macrolídeos, caracterizando a presença disseminada de cepas meticilina-resistentes;

A resistência bacteriana, fenômeno de natureza coletiva e sistêmica, demanda uma resposta integrada entre profissionais de saúde, gestores e sociedade, fundamentada no uso racional de antimicrobianos e na responsabilidade compartilhada frente a um dos maiores desafios da saúde pública contemporânea. Em síntese, como perspectivas, os achados reforçam a urgência da implementação de políticas institucionais de controle do uso de antimicrobianos, da vigilância microbiológica contínua e da capacitação das equipes multiprofissionais, reforçando as contribuições para estudos futuros

REFERÊNCIAS

ANTIMICROBIAL RESISTANCE COLLABORATORS. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. **The Lancet**, v. 399, n. 10325, p. 629–655, 12 fev. 2022. Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(21\)02724-0/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(21)02724-0/fulltext). Acesso em: 14 maio 2025.

ASÍN-PRieto, Eduardo; RODRÍGUEZ-GASCÓN, Alicia; ISLA, Arantxazu. Applications of the pharmacokinetic/pharmacodynamic (PK/PD) analysis of antimicrobial agents. **J. Infect. Chemother.**, v. 21, n. 5, p. 319-329, maio 2015. DOI: 10.1016/j.jiac.2015.02.001. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jiac.2015.02.001>. Acesso em: nov. 2025.

BECKER, Karsten; HEILMANN, Christine; PETERS, Georg. Coagulase-negative staphylococci. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 27, n. 4, p. 870-926, Out. 2014. DOI: 10.1128/CMR.00109-13. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/CMR.00109-13> Acesso em: out. 2025.

BLOT, Stijn; RUPPÉ, Etienne; HARBARTH, Stephan; ASEHNOUNE, Karim; et al. Healthcare-associated infections in adult intensive care unit patients: Changes in epidemiology, diagnosis, prevention and contributions of new technologies, **Intensive and Critical Care Nursing**, v.70,p.103227,Jun.2022.DOI: 10.1016/j.iccn.2022.103227.Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.iccn.2022.103227> Acesso em: out. 2025.

BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). Gerência de Vigilância e Monitoramento em Serviços de Saúde (GVIMS). Gerência Geral de Tecnologia em Serviços de Saúde (GGTES). **Diretriz Nacional para Elaboração de Programa de Gerenciamento de Antimicrobianos em Serviços de Saúde**. Revisão 2023. Brasília, DF: ANVISA, 2023.

BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). Gerência de Vigilância e Monitoramento em Serviços de Saúde (GVIMS). Gerência Geral de Tecnologia em Serviços de Saúde (GGTES). **Projeto Stewardship Brasil: Avaliação Nacional dos Programas de Gerenciamento do Uso de Antimicrobianos em Unidade de Terapia Intensiva Adulto dos Hospitais Brasileiros**. Brasília, DF: ANVISA, 2019.

BUTIN, Marie; MARTINS-SIMÕES, Patricia; PICAUD, Jean-Claude; KEARNS, Allan; et al. Adaptation to vancomycin pressure of multiresistant *Staphylococcus capitis* NRCS-A involved in neonatal sepsis. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, v. 70, n. 11, p. 3027-3031, Nov. 2015. DOI: 10.1093/jac/dkv185. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/jac/dkv185> Acesso em: out. 2025.

CHANG, Chia-Ming; HSIEH, Ming-Shun; YANG, Chi-Ju; HOW, Chornng-Kuang; CHEN, Pau-Chung; MENG, Yu-Hsiang. Effects of empiric antibiotic treatment based on hospital cumulative antibiograms in patients with bacteraemic sepsis: a retrospective cohort study. **Clinical Microbiology and Infection**, v. 29, n. 5, p. 607–615, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2023.01.004>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36641052/>. Acesso em: 14 maio 2025.

DESMOULIN, Aurélie; SABABADICHETTY, Laurent; KAMUS, Laurent; DANIEL, Martin; FELETTI, Laurice; ALLOU, Nizar; et al. Adaptive resistance to cefiderocol in carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* (CRAB): microbiological and clinical issues. **Heliyon**, v. 10, n. 9, e30365, maio 2024. DOI: 10.1016/j.heliyon.2024.e30365.Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e30365>. Acesso em: out. 2025.

DIER-PEREIRA, Ana Paula; TREVIZANI THIHARA, Isabella Ramos; DUARTE, Felipe Crepaldi; DA SILVA, Raquel Soares; YAMADA-OGATTA, Sueli Fumie; et al. Methicillin-Resistant *Staphylococcus haemolyticus* displaying reduced susceptibility to vancomycin and high biofilm-forming ability. **Infectious Disorders – Drug Targets**,v.21,n.7,p.e160921191517,2021.DOI: 10.2174/1871526521666210217151807.Disponível em: <https://doi.org/10.2174/1871526521666210217151807>. Acesso em: out. 2025.

FLORES, Claudia; BIANCO, Katia; DE FILIPPIS, Isabella; CLEMENTINO, Maria Magdalena; et al. Genetic Relatedness of NDM-Producing *Klebsiella pneumoniae* Co-Occurring VIM, KPC, and OXA-48 Enzymes from Surveillance Cultures from an Intensive Care Unit. **Microbial Drug Resistance**., v. 26, n. 10, p. 1219-1226,

out.2020.DOI:10.1089/mdr.2019.0483.Disponível em: <https://doi.org/10.1089/mdr.2019.0483>. Acesso em: out. 2025.

GASPAR, Felipe Andrade; PEREIRA, Daniel Tarciso Martins; SILVA, Betânia Braga da; RODRIGUES, Hidelbrando Ferreira. Interações medicamentosas relacionadas a associações de antimicrobianos em um hospital de média complexidade. **Revista Eletrônica Acervo Enfermagem | REAEnf**, v. 12, p. 1-8, 2021. DOI: <https://doi.org/10.25248/REAenf.e7961.2021>. Acesso em: jul. 2025.

GAO, Shuo; JIAN, Chen. Trends in Bacterial Distribution and Antimicrobial Resistance in Intensive Care Units of Hubei Province, China: A Four-year Surveillance Study (2020-2023). **Current Medical Science**, v. 44, n. 6, p. 1193-1201, dez. 2024. DOI: 10.1007/s11596-024-2959-y.Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11596-024-2959-y>. Acesso em: out. 2025.

GORRIE, Claire; HIGGS, Charlie; CARTER, Glen; STINEAR, Timothy P.; et al. Genomics of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium*. **Microbial Genomics**, v. 5,n.7,jul.2019.DOI:10.1099/mgen.0.000283.Disponível em: <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000283>. Acesso em: out. 2025.

MANCUSO, Giuseppe; MIDIRI, Angelina; GERACE, Elisabetta; BIONDO, Carmelo. Bacterial antibiotic resistance: the most critical pathogens. **Pathogens**, v. 10, n. 10, p. 1310, out. 12 2021. DOI: 10.3390/pathogens10101310. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/pathogens10101310>. Acesso em: out. 2025.

MONIZ, Patrícia; COELHO, Luís; PÓVOA, Pedro. Antimicrobial stewardship in the intensive care unit: the role of biomarkers, pharmacokinetics, and pharmacodynamics. **Advances in Therapy**,v. 38,n. 1,p. 164-179,jan. 2021. DOI: 10.1007/s12325-020-01558-w.Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s12325-020-01558-w>. Acesso em: out. 2025.

MURRAY, Christopher J. L. et al. Carga global de resistência bacteriana antimicrobiana em 2019: uma análise sistemática. **The Lancet**, Londres, v. 399, n. 10325,p.629-655,fev.2022.DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0)

PAUL, Michael; CARRARA, Elena; RETAMAR, Pilar; TÄNGDÉN, Thomas; BITTERMAN, Roni; BONOMO, Robert A.; DE WAELE, Jan; DAIKOS, George L.; AKOVA, Murat; HARBARTH, Stephan; PULCINI, Céline; GARNACHO-MONTERO, José; SEME, Katja; TUMBARELLO, Mario; LINDEMANN, Paul C.; GANDRA, Sumanth; YU, Yunsong; BASSETTI, Matteo; MOUTON, Johan W.; TACCONELLI, Evelina; RODRÍGUEZ-BAÑO, Jesús. European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ESCMID) guidelines for the treatment of infections caused by multidrug-resistant Gram-negative bacilli (endorsed by European Society of Intensive Care Medicine). **Clinical Microbiology and Infection**, v. 28, n. 4, p. 521-547, abr. 2022. DOI: 10.1016/j.cmi.2021.11.025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2021.11.025>. Acesso em: out. 2025.

POUGET, Christophe; CHATRE, Camille; LAVIGNE, Jean-Pierre; PANTEL, Anne; HASSEN, Wafa; SINGH, Ankit; HERVOUET, Cédric. Effect of antibiotic exposure on

Staphylococcus epidermidis responsible for catheter-related bacteremia. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, n. 2, p. 1547, 12 jan. 2023. DOI: 10.3390/ijms24021547. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms24021547>. Acesso em: out. 2025.

PRINCIPE, Luigi; DI BELLA, Stefano; CONTI, Jacopo; PERILLI, Mariagrazia; PICCIRILLI, Alessandra; MUSSINI, Cristina; DECORTI, Giuliana. Acinetobacter baumannii resistance to sulbactam/durlobactam: a systematic review. **Antibiotics (Basel)**, v. 11, n. 12, p. 1793, 10 dez. 2022. DOI: 10.3390/antibiotics11121793. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/antibiotics11121793>. Acesso em: out. 2025.

ROSSI, Flávia. The challenges of antimicrobial resistance in Brazil. **Clinical Infectious Diseases**, v. 52, n. 9, p. 1138-1143, maio 2011. DOI: 10.1093/cid/cir120. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/cid/cir120>. Acesso em: out. 2025.

SHAN, Yue; LAZINSKI, David; ROWE, Sarah; CAMILLI, Andrew; LEWIS, Kim. Genetic basis of persister tolerance to aminoglycosides in *Escherichia coli*. **mBio**, v. 6, n. 2, e00078-15, abr. 2015. DOI: 10.1128/mBio.00078-15. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/mBio.00078-15>. Acesso em: out. 2025

TURE, Zeynep; GÜNER, Rahmet; ALP, Emine. Antimicrobial stewardship in the intensive care unit. **Journal of Intensive Medicine**, v. 3, n. 3, p. 244-253, jul. 31 2023. DOI: 10.1016/j.jointm.2022.10.001. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jointm.2022.10.001>. Acesso em: out. 2025.

VÁZQUEZ GUILLAMET, M. Cristina; BURNHAM, Jason P.; PÉREZ, María; KOLLEF, Marin H.; MANTHOUS, Constantine A.; JEFFE, Donna B. Antimicrobial stewardship for sepsis in the intensive care unit: Survey of critical care and infectious diseases physicians. **Infection Control & Hospital Epidemiology**, v. 43, n. 10, p. 1368-1374, out. 2022. DOI: 10.1017/ice.2021.389. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/ice.2021.389>. Acesso em: out. 2025.
WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Antimicrobial resistance**. Genebra: WHO, 21 nov. 2023. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>. Acesso em: 15 maio 2025.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Global action plan on antimicrobial resistance**. Geneva: WHO, 2015. 45 p. ISBN 978-92-4-150976-3. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789241509763>. Acesso em: 15 maio 2025.

WORLD HEALTH ORGANIZATION– **Global Action Plan on Antimicrobial Resistance, Second Edition, Version 05-09-2025**. 2025. Documento consultado disponível em: <https://www.qjsamr.org/docs/librariesprovider25/mspp-page/zero-draft-updated-gap-amr.pdf>. Acesso em: nov. 2025

ZAKHOUR, Johnny; HADDAD, Sara F.; KERBAGE, Anthony; WERTHEIM, Heiman; TATTEVIN, Pierre; VOSS, Andreas; ÜNAL, Serhat; OUEDRAOGO, Abdoul Salam; KANJ, Souha S.; ISAC / APUA. Diagnostic stewardship in infectious diseases: a continuum of antimicrobial stewardship in the fight against antimicrobial resistance. **International Journal of Antimicrobial Agents**, v. 62, n. 1, p. 106816, jul. 2023.

DOI: 10.1016/j.ijantimicag.2023.106816. Disponível em:
<https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2023.106816>. Acesso em: out. 2025.