Revista Eletrônica
Acervo Saúde
Electronic Journal Collection Health ISSN 2178-2091

Caracterização de bactérias associadas à Sepse

Characterization of bacteria associated with Sepsis

Caracterización de bacterias asociadas a la Sepsis

Dyeniffer Chagas Gomes[1], Geisiani Goulart da Silva[1], Késsia Emily da Silva[1], Daiani Cristina Savi[1].

RESUMO

Objetivo: Caracterizar bactérias associadas a quadros de sepse em um Hospital de Florianópolis, com foco nas espécies prevalentes, mecanismos de resistência e perfil de sensibilidade aos antibióticos. **Métodos:** O estudo teve caráter exploratório, com abordagem quali-quantitativa, e foi baseado no levantamento de dados de exames de hemocultura realizados em um hospital privado de Florianópolis entre janeiro e dezembro de 2024. Foram analisados os resultados de 8.829 hemoculturas de 2.647 pacientes com suspeita de sepse. Os dados foram organizados em planilhas e analisados estatisticamente. O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética, através da Plataforma Brasil, e seguiu os princípios éticos da Resolução 466/2012. **Resultados:** Dos 1.530 exames positivos, *Staphylococcus epidermidis* (21%) e *Staphylococcus aureus* (13%) foram os principais agentes isolados, seguidos por *Klebsiella pneumoniae* (7%). Com relação ao perfil de sensibilidade aos antimicrobianos, observou-se um alto índice de resistência à penicilina, eritromicina e cefalosporinas, aproximadamente 100% dos isolados resistentes, e ainda significativo percentual de cepas multirresistentes. **Conclusão:** Este estudo contribui para a formulação de estratégias de controle de infecções, otimizando o uso de antimicrobianos e mitigando a disseminação de patógenos resistentes, com impacto positivo na saúde pública.

Palavras-chave: Sepse, Bactérias, Antibiótico, Resistência.

ABSTRACT

Objective: To characterize bacteria associated with sepsis in a hospital in Florianópolis, focusing on prevalent species, resistance mechanisms, and antibiotic sensitivity profile. **Methods:** This exploratory study, with a qualitative and quantitative approach, was based on data from blood culture tests performed at a private hospital in Florianópolis between January and December 2024. The results of 8,829 blood cultures from 2,647 patients with suspected sepsis were analyzed. The data were organized into spreadsheets and statistically analyzed. The study was approved by the Ethics Committee through Plataforma Brasil and followed the ethical principles of Resolution 466/2012. **Results:** Of the 1,530 positive tests, Staphylococcus epidermidis (21%) and Staphylococcus aureus (13%) were the main isolated agents, followed by Klebsiella pneumoniae (7%). Regarding the antimicrobial susceptibility profile, a high rate of resistance to penicillin, erythromycin, and cephalosporins was observed, with approximately 100% of isolates resistant, and a significant percentage of multidrug-resistant strains. **Conclusion:** This study contributes to the development of infection control strategies by optimizing antimicrobial use and mitigating the spread of resistant pathogens, with a positive impact on public health.

Keywords: Sepsis, Bacteria, Antibiotic, Resistance.

[1] Centro Universitário Católica de Santa Catarina, Departamento de Biomedicina, Joinville – SC.

SUBMETIDO EM: 9/2025 | **ACEITO EM: 10/2025** | **PUBLICADO EM: 12/2025**

RESUMEN

Objetivo: Caracterizar las bacterias asociadas con la sepsis en un hospital de Florianópolis, con énfasis en las especies prevalentes, los mecanismos de resistencia y el perfil de sensibilidad a los antibióticos. **Métodos:** Este estudio exploratorio, con un enfoque cualitativo y cuantitativo, se basó en datos de pruebas de hemocultivos realizadas en un hospital privado de Florianópolis entre enero y diciembre de 2024. Se analizaron los resultados de 8.829 hemocultivos de 2.647 pacientes con sospecha de sepsis. Los datos se organizaron en hojas de cálculo y se analizaron estadísticamente. El estudio fue aprobado por el Comité de Ética a través de Plataforma Brasil y siguió los principios éticos de la Resolución 466/2012. **Resultados:** De las 1.530 pruebas positivas, Staphylococcus epidermidis (21%) y Staphylococcus aureus (13%) fueron los principales agentes aislados, seguidos de Klebsiella pneumoniae (7%). En cuanto al perfil de susceptibilidad a los antimicrobianos, se observó una alta tasa de resistencia a la penicilina, la eritromicina y las cefalosporinas, con aproximadamente el 100 % de aislamientos resistentes y un porcentaje significativo de cepas multirresistentes. **Conclusión:** Este estudio contribuye al desarrollo de estrategias de control de infecciones al optimizar el uso de antimicrobianos y mitigar la propagación de patógenos resistentes, con un impacto positivo en la salud pública.

Palabras clave: Sepsis, Bacterias, Antibiótico, Resistencia.

INTRODUÇÃO

As infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) representam um dos principais desafios enfrentados pelos sistemas hospitalares contemporâneos, sendo responsáveis por elevar significativamente os índices de morbimortalidade e os custos com internações prolongadas (BRASIL, 2023). Tais infecções são adquiridas durante o processo de hospitalização, principalmente em pacientes submetidos a procedimentos invasivos, como ventilação mecânica, cateteres venosos centrais, sondas e cirurgias, que rompem as barreiras naturais do organismo e facilitam a entrada de microrganismos patogênicos (ANVISA, 2023).

Destaca Jacobi J (2021) destaca que a sepse se sobressai por sua gravidade clínica e elevada taxa de mortalidade. Trata-se de uma síndrome caracterizada por uma resposta inflamatória sistêmica desregulada do hospedeiro frente a uma infecção, frequentemente de origem bacteriana, que pode evoluir rapidamente para choque séptico, falência múltipla de órgãos e óbito se não tratada precocemente. Estima-se que ocorram cerca de 670 mil casos de sepse por ano no Brasil, sendo aproximadamente 400 mil em pacientes hospitalizados. Desses, cerca de 240 mil evoluem para óbito, resultando em uma taxa de mortalidade de aproximadamente 60% (FREIRE G, et al., 2024).

Rodrigues RS e Carvalho AG (2024) relatam que a caracterização das bactérias mais frequentemente associadas à sepse é essencial para a tomada de decisões terapêuticas mais assertivas e para o planejamento de estratégias de controle de infecções. Os principais agentes etiológicos associados às IRAS e sepse incluem bactérias Gram-positivas, como as da família Staphylococcaceae, e bacilos Gram-negativos, como *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* e *Pseudomonas aeruginosa* (VÁSQUEZ PM, et al., 2023). Muitas dessas espécies são conhecidas por sua capacidade de desenvolver múltiplos mecanismos de resistência, como a produção de β-lactamases, carbapenemases e a formação de biofilmes, tornando o tratamento dessas infecções extremamente desafiador (FREIRE G, et al., 2024).

Diante desse cenário, a identificação local dos principais patógenos envolvidos na sepse e a análise de seus perfis de resistência e sensibilidade aos antimicrobianos tornam-se estratégias fundamentais tanto para o tratamento individualizado do paciente quanto para o controle epidemiológico institucional. Tais medidas contribuem para a redução da disseminação de cepas multirresistentes no ambiente hospitalar e para o uso racional de antibióticos, reforçando a importância da vigilância microbiológica contínua (ANVISA, 2023).

MÉTODOS

Este estudo foi conduzido com uma abordagem quali-quantitativa, focada na caracterização bacteriana em casos de sepse em pacientes atendidos de um hospital do Estado de Santa Catarina. A pesquisa teve duração de 12 meses, abrangendo o ano de 2024, e foi realizada em parceria com um laboratório de análises clínicas privado na cidade de Joinville.

Os resultados das hemoculturas foram organizados em uma base de dados, classificando as bactérias quanto à sua prevalência, perfil de resistência e mecanismos de resistência. Além disso, foi realizada a extração dos dados para uma planilha no sistema Microsoft Office Excel e a análise dos dados quantitativos utilizando tabulação das variáveis em planilhas, no qual todas as informações foram transformadas em tabelas e gráficos para melhor análise visual dos resultados da pesquisa. Então, realizou-se uma análise estatística para identificar padrões de resistência bacteriana e diferenças sazonais no perfil bacteriano. Sob esse viés, para assegurar a privacidade dos pacientes, todas as informações de identificação foram omitidas, e o estudo foi aprovado (84205324.4.0000.5366) e seguiu as diretrizes éticas da pesquisa em saúde, conforme as normas do Conselho Nacional de Saúde e a resolução 466/2012.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O presente estudo foi feito através de um hospital, localizado em Florianópolis, Santa Catarina, sendo ele uma unidade pública atendendo exclusivamente via SUS, de alta complexidade, vinculada à Secretaria de Estado de Saúde de Santa Catarina. Este hospital conta com aproximadamente 224 leitos de internação, incluindo leitos de Unidade de Terapia Intensiva. A instituição é referência regional no atendimento a casos graves, entre outras especialidades médicas como cardiologia, nefrologia e neurologia. A pesquisa abrangeu a análise de todas as hemoculturas processadas pelo laboratório de apoio durante um período de 12 meses, permitindo uma avaliação do perfil microbiológico e dos padrões de resistência antimicrobianos encontrados neste local.

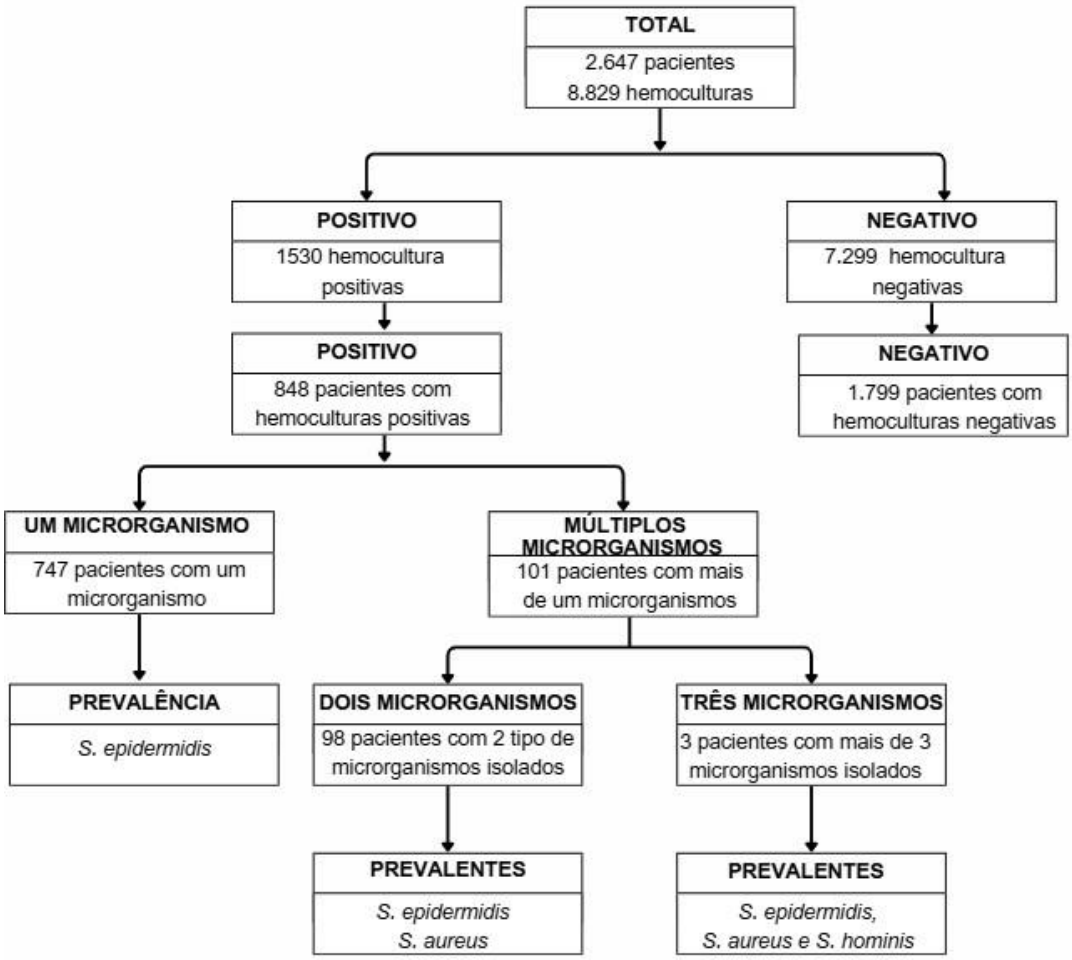
Foram avaliadas 8.829 hemoculturas de 2.647 pacientes com suspeita de sepse, sendo que 848 pacientes representando 64% apresentaram exames positivos e 1.799 pacientes apresentaram hemocultura negativa 35% (**Figura 1**). As bactérias isoladas pertencentes à 27 famílias, 39 gêneros e distribuídas em 114 espécies, sendo predominante a família Staphylococcaceae com 26 espécies, seguida por Enterobacteriaceae com 14 espécies. Serão destacados neste estudo famílias, gêneros e espécies que tiveram maior quantidade de amostras positivas mostrando seu perfil de sensibilidade e resistência (**Tabela 1**).

Tabela 1 - Distribuição das principais famílias, gêneros bacterianos e número de exames positivos.

Famílias e % do total de exames positivos	Gêneros e % do total de exames positivos	Nº Espécies	Nº Hemocultura Positiva
Aerococcacae (0,1%)	*Aerococcus* (0,1%)	1	1
Bacillaceae (1%)	*Bacillus* (1%)	9	17
	Peribacillus (0,1%)	1	1
Brevibactiriacae (0,1%)	*Brevibacterium* (0,1%)	1	1
Burkholderiaceae (0,2%)	*Burkholderia* (0,2%)	2	3
Carnobacteriaceae (0,1%)	*Granulicatella* (0,1%)	1	1
Caryophanaceae (0,1%)	*Lysinibacillus* (0,1%)	1	1
Cellulomonadacae (0,1%)	*Cellulomonas* (0,1%)	1	1
Corynebacteriaceae (1%)	*Corynebacterium* (1%)	6	14
Cryptococcaceae (1%)	*Candida* (1%)	1	10
Dermabacteracae (0,1%)	*Dermabacter* (0,1%)	1	1
Enterobacteriaceae (15%)	*Citrobacter* (0,2%)	2	3
	Cronobacter (0,1%)	1	1
	Enterobacter (1%)	3	16
	Escherichia (5%)	2	77
	Klebsiella (9%)	5	135
	Pluralibacter (0,1%)	1	1
Enterococcaceae (2%)	*Enterococcus* (2%)	2	33
	Vagococcus (0,1%)	1	1
Helicobacteraceae (0,1%)	*Helicobacter* (0,1%)	1	1
Micrococcaceae (5%)	*Arthrobacter* (5%)	3	78
	Kocuria (0,1%)	1	1
	Microbacterium (0,1%)	1	1
	Rothia (0,1%)	1	1
Moraxellaceae (3%)	*Acinetobacter* (1%)	6	20
	Moraxella (0,1%)	1	1
	Morganella (0,3%)	1	5
	Proteus (1%)	3	17
	Providencia (0,1%)	1	2
Oxalobacteracae (0,1%)	*Janthinobacterium* (0,1%)	1	1
Paenibacillacae (0,1%)	*Paenibacillus* (0,1%)	1	1
Peptostreptococcacae (0,1%)	*Terrisporobacter* (0,1%)	1	1
Pseudomonadaceae (1%)	*Pseudomonas* (1%)	2	22
Saccharomycetaceae (1%)	*Candida*	3	8
Shewanellaceae (0,1%)	*Shewanella* (0,1%)	1	2
Staphylococcaceae (63%)	*Staphylococcus* (63%)	26	968
Streptococcaceae (3%)	*Streptococcus* (3%)	12	52
Tremellaceae (0,5%)	*Cryptococcus* (0,5%)	2	7
Weeksellaceae (0,1%)	*Chryseobacterium* (0,1%)	1	1
Yersiniaceae (1%)	*Serratia* (1%)	3	22
	Total	114	1530

Fonte: Savi DC, et al., 2025.

Figura 1 - Distribuição dos Pacientes com Sepse e Resultados das Hemoculturas.



Fonte: Savi DC, et al., 2025.

Família Staphylococcaceae

Segundo Shi J, et al. (2024) o gênero mais isolado foi *Staphylococcus*, presente em 968 dos 1.530 exames de hemocultura positivos. Espécies deste gênero fazem parte da microbiota natural da pele, o que pode justificar a prevalência do mesmo, bem como a capacidade de penetrar nos tecidos através de cateteres e lesões.

Aguiar AL, et al. (2021) destacam que *S. epidermidis* foi a espécie mais prevalente, presente em 327 exames, correspondendo a 21% do total das amostras positivas. Trata-se de um patógeno oportunista de ampla distribuição na microbiota cutânea e mucosa. Sua presença em hemoculturas pode estar relacionada com infecção verdadeira de sepse, mas também com a contaminação da amostra durante a coleta, especialmente quando não há cumprimento rigoroso dos protocolos de assepsia. Estudos recentes reforçam a persistência de *S. epidermidis* em superfícies hospitalares, contribuindo para a contaminação cruzada e aumentando o risco de infecção, uma vez que sua elevada capacidade de adesão a superfícies abióticas e de formar biofilmes o torna um dos principais agentes associados a infecções relacionadas a dispositivos médicos (VASCONSELOS RS, et al., 2021).

Cheung GY, et al. (2021) apontam que outra espécie com elevada prevalência foi *S. aureus*, presente em 204 amostras positivas, correspondendo a 13% do total analisado. Trata-se de um microrganismo de alta virulência, amplamente distribuído na pele e, principalmente, nas mucosas nasais, sendo capaz de permanecer como comensal até que ocorra a ruptura das barreiras do sistema imunológico e passe a atuar

como patógeno. A transição de comensal para patógeno está associada à sua alta capacidade adaptativa, permitindo sua sobrevivência em diferentes condições ambientais e facilitando a aquisição de genes de resistência a múltiplos antibióticos (CASTELLANO G, et al., 2010). Sua identificação em hemoculturas, mesmo em uma única amostra, possui grande relevância clínica, uma vez que este patógeno é conhecido por apresentar altos índices de morbidade e mortalidade, especialmente em infecções associadas à assistência à saúde (RIBEIRO IS, et al., 2024).

Destacam Ribeiro IS, et al. (2024) que entre as demais espécies isoladas, evidenciam-se *S. hominis*, com 147 amostras positivas (9%), espécie com capacidade de formar biofilmes em superfícies abióticas, como cateteres e próteses. Já *S. capitis*, com 110 amostras positivas (7%), é comumente associado à microbiota da pele (HEATH V, et al., 2023). *S. haemolyticus*, por sua vez, foi identificado em 72 amostras positivas (5%) e está associado a quadros de meningite, sepse, endocardite e peritonite (PEREIRA DG, et al., 2020). Além dessas, foram identificadas outras 21 espécies (**Tabela 1**).

Família Enterobacteriaceae

Espécies da família Enterobacteriaceae foram responsáveis por 233 exames, correspondendo a 15% do total das amostras. Esse grupo faz parte da microbiota intestinal e pode atuar tanto como agente oportunista quanto como agente primário em infecções do trato urinário, além de estar relacionado a infecções respiratórias, gastrointestinais e, especialmente, à sepse (ANVISA, 2021).

Entre os gêneros identificados, *Klebsiella* foi o mais frequente, presente em 135 exames, sendo *K. pneumoniae* a espécie predominante, encontrada em 102 amostras (7% do total). Araújo F, et al., (2024) destacam que essa bactéria apresenta diferentes mecanismos de resistência e virulência, como cepas produtoras de ESBL (4 isolados) e a presença de cápsula, favorecendo sua sobrevivência e disseminação em ambientes hospitalares. A frequência observada no presente estudo está de acordo com dados já descritos no Brasil (ROCHA S, et al., 2022); entretanto, a detecção de quatro isolados produtores de ESBL exige atenção, pois pode estar associada a maior morbimortalidade, dificuldades terapêuticas e prolongamento do tempo de internação (ANVISA, 2021).

Escherichia coli foi detectada em 64 amostras (4%), das quais 13 isolados foram classificados como ESBL (1%), totalizando 77 isolados (5%). Carneiro FR, et al. (2021) descrevem que a prevalência observada foi inferior à relatada em outros hospitais, como em um hospital privado de Juiz de Fora, onde *E. coli* representou 18,1% dos isolados em amostras de hemocultura. Roshaní A, et al. (2023) explicam que *E. coli* está amplamente associada a infecções do trato urinário e sepse, e que suas cepas multirresistentes frequentemente possuem sistemas toxina-antitoxina que induzem dormência bacteriana em situações de estresse, como a exposição a antibióticos, aumentando a tolerância ao tratamento.

Família Micrococcaceae

Isolados pertencentes a família Micrococcaceae foram identificados em 81 exames de hemocultura, sendo distribuídos com seis espécies distintas identificadas, sendo a espécie mais prevalente *Micrococcus luteus* com 70 das 81 amostras evidenciando sua predominância entre os isolados, e têm sido associados a casos de sepse, endocardite e infecções em sítios estéreis, reforçando a necessidade de avaliação clínica criteriosa em detecção de hemocultura (GÜVEN DC et al., 2020).

Família Streptococcaceae

Carvalho MT, et al. (2025) destacam que o gênero mais prevalente dentro da família Streptococcaceae foi *Streptococcus*, amplamente reconhecido por causar infecções humanas que variam de quadros leves a graves, incluindo sepse. A virulência desse gênero decorre da capacidade de formar biofilmes, expressar cápsulas polissacarídicas e produzir exotoxinas (CARVALHO MT, et al., 2025).

A espécie mais prevalente foi *S. pneumoniae*, isolada em 21 amostras (1% do total). Pimentel BAS (2023) relata que este microrganismo é um importante patógeno em infecções respiratórias, e sua cápsula polissacarídica atua como principal fator de virulência (PIMENTEL BA, 2023). Acrescenta Souza AM (2023), que em casos de sepse pneumocócica, complicações podem incluir choque séptico, coagulação intravascular disseminada e falência de múltiplos órgãos (SOUZA AM, 2023).

Indicam Ferreira RL, et al. (2022) que outras espécies isoladas deste gênero incluem *S. pyogenes* apontam *S. anginosus*, Colomba C, et al. (2023) relatam *S. mitis* e Seo H, et al. (2023) descrevem *S. sanguinis*.

Pacientes com hemocultura positiva para diferentes agentes causais em casos de Múltiplas Coletas

Dos 848 pacientes com hemoculturas positivas, 747 (88%) apresentaram isolamento de apenas um microrganismo. No entanto, 101 pacientes (12%) tiveram dois ou mais microrganismos isolados, totalizando 1.530 exames realizados.

Aguiar AL, et al. (2021) e Pereira DG, et al. (2020) destacam que, entre os pacientes com hemoculturas positivas contendo dois microrganismos, *S. epidermidis* foi a espécie mais prevalente, seguida de S. aureus (AGUIAR AL, et al., 2021; PEREIRA DG, et al., 2020). A associação entre essas bactérias é frequentemente observada em infecções hospitalares, com destaque para *S. aureus*, devido à sua elevada capacidade de adesão a superfícies artificiais (THEIS TJ, et al., 2023).

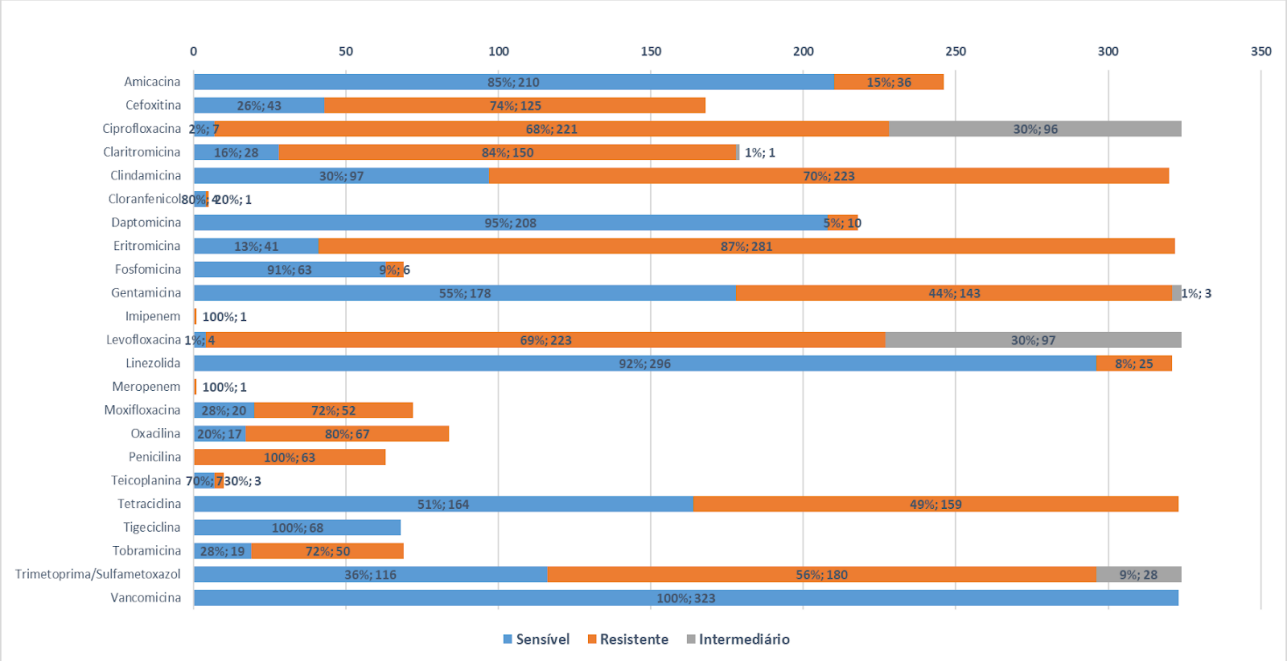
Nos pacientes com hemoculturas positivas para três microrganismos, as espécies mais prevalentes foram *S. epidermidis, S. aureus e S. hominis*. Mesquita LE (2022) destaca que S. hominis foi classificada como o terceiro estafilococo coagulase-negativo mais isolado, representando 13,2% dos casos.

Em muitos casos, o isolamento de diferentes microrganismos em amostras distintas pode estar associado à contaminação laboratorial ou hospitalar (AL-SULAILI HA, et al., 2023). Entretanto, pacientes com tempo prolongado de internação podem apresentar episódios infecciosos distintos, sugerindo possíveis falhas terapêuticas iniciais ou resistência antimicrobiana (PEREIRA DG, et al., 2020).

Perfil de sensibilidade e resistência do *Staphylococcus epidermidis*

Dos vinte e três antibióticos testados, o *S.epidermidis* apresentou resistência acima de 50% para treze deles, sendo destaque à classe dos β-lactâmicos, carbapenêmicos, fluoroquinolona, macrolídeos e cefalosporina 2° geração (NAVIDIFAR T, et al., 2025). Todos os isolados de *S. epidermidis* foram resistentes à penicilina em 100% (**Gráfico 1**), o que pode estar associada à produção de β-lactamases, enzimas que hidrolisam o anel β-lactâmico, tornando o antibiótico inativo (AUBRY B, et al., 2020). Como alternativa, antibióticos como claritromicina e eritromicina foram desenvolvidos, no entanto, a resistência a esses agentes também é elevada, devido a presença do gene mecA, que codifica a proteína PBP2a, com baixa afinidade por β-lactâmicos (SICILIANO V, et al., 2023).

Gráfico 1 - Perfil de sensibilidade e resistência do *S. Epidermidis*.



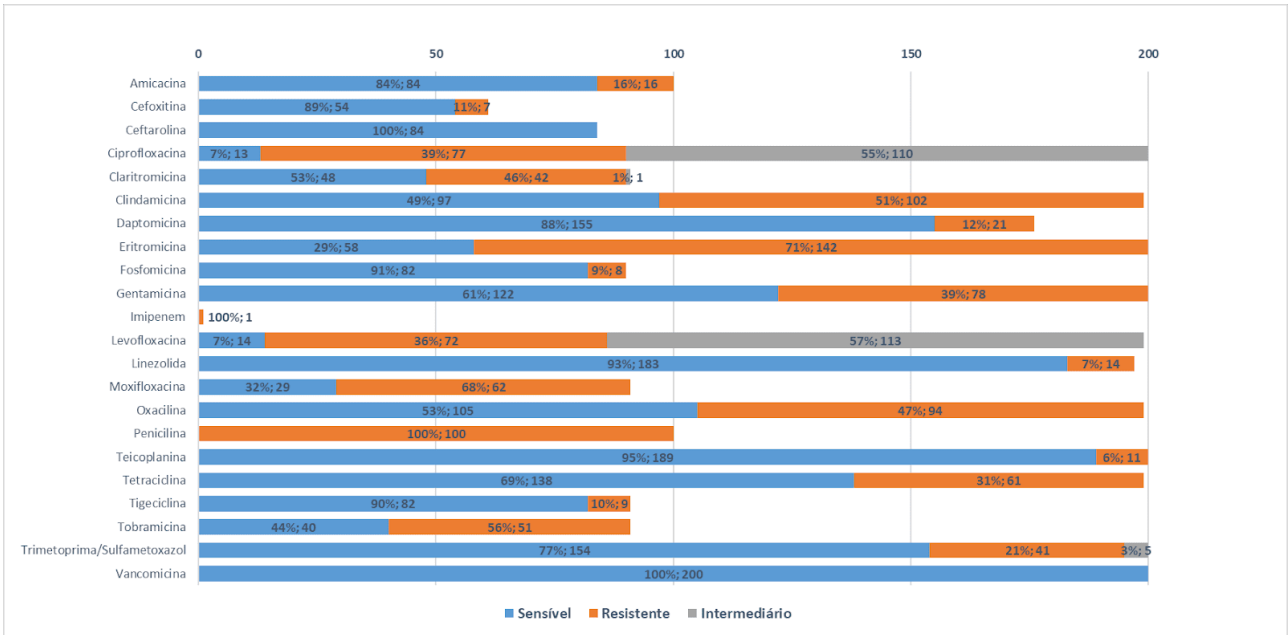
Fonte: Savi DC, et al., 2025.

Como opções efetivas para o tratamento destacasse a linezolida, 92% dos isolados foram sensíveis, que é considerada uma das primeiras opções terapêuticas no tratamento de infecções graves causadas por *S. epidermidis*, especialmente aquelas associadas a cepas resistentes à meticilina (MRSE) (FUCHS F, et al., 2022). Ainda, 100% dos isolados apresentaram sensibilidade à vancomicina, antibiótico reservado como uma alternativa de última linha e seu uso empírico deve ser evitado, pois pode favorecer o surgimento de cepas resistentes, como os *S. aureus* resistentes à vancomicina (VRSA) (SHARIATI A, et al., 2020). De acordo com as diretrizes do BrCAST (2021), o uso racional da vancomicina é fundamental para a manutenção de sua eficácia terapêutica a longo prazo.

Perfil de sensibilidade e resistência dos *Staphylococcus aureus*

Para *S. aureus,* dos vinte e dois antibióticos testados, a espécie apresentou resistência superior a 50% para 7, com destaque para penicilina em (100%), imipenem (100%) e levofloxacina (93%) (**Gráfico 2**). Um dado de destaque foi a resistência à penicilina, indicando a disseminação de cepas produtoras de β-lactamase, incapazes de serem tratadas com os antibióticos β-lactâmicos convencionais, limitando significativamente as opções de tratamento. Além disso, 47% dos isolados foram resistentes à meticilina, caracterizando a presença de cepas MRSA (Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*), que são de difícil manejo, de maior custo e com maior possibilidade de efeitos adversos (CHAN YE et al., 2024).

Gráfico 2 - Perfil de sensibilidade e resistência do *Staphylococcus aureus*.



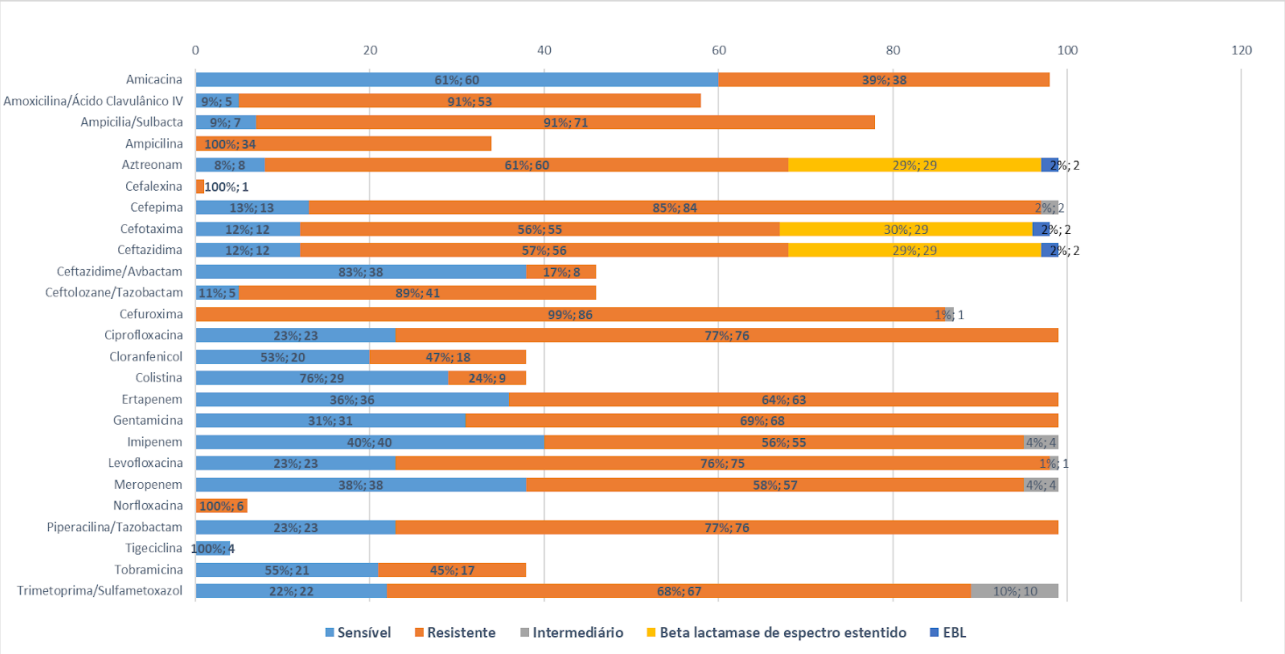
Fonte: Savi DC, et al., 2025.

Contudo, os isolados apresentaram elevada sensibilidade à vancomicina (100%), daptomicina (95%), linezolida (92%), e fosfomicina (91%). Esses fármacos atuam em diferentes alvos da célula bacteriana e, até o momento, têm se mostrado eficazes contra cepas resistentes a β-lactâmicos (KAWASUJI et al., 2023).

Perfil de sensibilidade e resistência da *Klebsiella pneumoniae*

A análise do perfil de sensibilidade das cepas isoladas de *Klebsiella pneumoniae* evidenciou um padrão alarmante de resistência aos antibióticos, conforme os pontos de corte estabelecidos pelo Comitê Brasileiro de Testes de Sensibilidade aos Antimicrobianos (BrCAST), foi possível averiguar que os isolados apresentaram elevada resistência a diferentes classes de antibióticos, incluindo β-lactâmicos, aminoglicosídeos, fluoroquinolonas e, em alguns casos, até mesmo polimixinas, que são utilizadas como uma das últimas opções terapêuticas disponíveis para infecções por bactérias multirresistentes (OLIVEIRA R , et al., 2022).

Gráfico 3 - Perfil de sensibilidade e resistência de antibióticos para o *K. pneumoniae.*



Fonte: Savi DC, et al., 2025.

Dos vinte e dois antibióticos testados para *K.pneumoniae*, os isolados tiveram resistência superior a 50% em dezenove deles, com destaque para ampicilina, cefalexina, cefuroxina com 100% de resistência, e amoxicilina/ácido clavulânico e ampicilina/sulbactam com 91% (**Gráfico 3**). Esses dados indicam a disseminação de mecanismos de resistência, como a produção de β-lactamases e carbapenemases (ESBLs), que hidrolisam osβ-lactâmicos e as cefalosporinas de segunda geração, devido à presença de genes codificadores de ESBLs, comprometendo a eficácia desse antibiótico (RODRIGUES RS e CARVALHO AG, et al., 2024). De maneira semelhante, a cefepima, mesmo sendo uma cefalosporina de quarta geração gerada para resistir à ação de β-lactamases, tem sua eficácia comprometida pela presença de ESBLs e carbapenemases como a *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC), amplamente disseminadas em ambientes hospitalares (SILVA RJ, et al., 2024). Um dado preocupante é a sensibilidade reduzida para antibióticos como, imipenem (40% dos isolados) e meropenem (38%), fármacos tradicionalmente usados como última linha de tratamento (VÁSQUEZ PM, et al., 2023).

Como principais opções terapêuticas temos tigeciclina com 100% dos isolados sensíveis, embora tenha sido avaliado em apenas quatro amostras, seu uso clínico é geralmente reservado para casos específicos e com indicação criteriosa, justamente para evitar a indução de mecanismo de resistência em cepas da *K.pneumoniae.* A tigeciclina é um antibiótico que atua inibindo a síntese proteica bacteriana ao ligar à subunidade 30S do ribossomo (BARRENECHEA MD, et al., 2021)

CONCLUSÃO

A sepse continua sendo uma condição crítica com altos índices de morbimortalidade no ambiente hospitalar. Este estudo evidenciou a prevalência de microrganismos como *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae* em amostras de hemoculturas, com destaque para cepas multirresistentes e produtoras de ESBL. Dessa forma, o conhecimento do perfil microbiológico e dos padrões de resistência contribui para abordagens clínicas mais precisas, adoção de terapias antimicrobianas eficazes e estratégias de prevenção. Os resultados encontrados indicam a necessidade de intensificação das medidas de controle de infecção, avaliação mais minuciosa nas coletas de hemoculturas, vigilância microbiológica contínua e fortalecimento das políticas de uso racional de antimicrobianos, a fim de reduzir a taxa de mortalidade por sepse e a melhorar a qualidade da assistência prestada.

FINANCIAMENTO

Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina.

REFERÊNCIAS

1. AGUIAR ALR, et al. Perfil epidemiológico de Staphylococcus spp. isolados de hemoculturas de pacientes internados em um hospital de atenção terciária da rede pública do Ceará. Revista do Instituto Adolfo Lutz, 2021; 80: e37275.
2. AL-SULAILI HAA, et al. Blood culture contamination in a tertiary care hospital: a retrospective three-year study. BMC Infectious Diseases, 2023; 23: 08428.
3. ANVISA. Relatório anual de resistência antimicrobiana em infecções hospitalares no Brasil. Brasília: ANVISA, 2023.
4. AUBRY B, et al. Desempenho de testes de detecção de penicilinase em Staphylococcus epidermidis: comparação de diferentes métodos fenotípicos. BMC Microbiology, 2020; 20: 240.
5. BARRENECHEA MD, et al. A complementary mechanism of bacterial mRNA translation inhibition by tetracyclines. Frontiers in Microbiology, 2021; 12: 682682.
6. BRASIL. Manual de prevenção e controle de infecções relacionadas à assistência à saúde. Brasília: Ministério da Saúde, 2023.
7. BRCAST. Breakpoints Clínicos para Interpretação de CIMs e Zonas de Inibição. 2021.
8. CARNEIRO FR, GARCIA MJ, TAVELLA AM. Perfil epidemiológico de Escherichia coli em hemoculturas: estudo em hospital privado brasileiro. Revista Brasileira de Infectologia, 2021; 35(3): 255–262.
9. CARVALHO MTM, et al. Avaliação bacteriológica de superfícies inanimadas de uma instituição de ensino superior em uma cidade do sudoeste mineiro. Revista dos Seminários de Iniciação Científica, 2025; 7(3).
10. CASTELLANO GJ, PEROZO-MENA AJ. Mecanismos de resistência a antibióticos β-lactâmicos em Staphylococcus aureus. Casmera, 2010; 38(1): 18–35.
11. CHEUNG GYC, et al. Patogenicidade e virulência de Staphylococcus aureus. Virulence, 2021; 12(1): 547–569.
12. CHAN YL, et al. Desvendando perfis genéticos e correlações de genes associados a biofilmes, quorum sensing e resistência a antibióticos em Staphylococcus aureus isolados de um hospital universitário da Malásia. European Journal of Medical Research, 2024; 29: 246.
13. COLOMBA C, et al. Streptococcus mitis as a new emerging pathogen in pediatric age: Case report and systematic review. Antibiotics, 2023; 12(7): 1222.
14. FERREIRA RL, et al. Clinical and microbiological aspects of Streptococcus anginosus group infections: a review. Microbial Pathogenesis, 2023; 169: 105730.
15. FREIRE GHE, et al. Perfil Epidemiológico e Tendências Temporais das Internações por Sepse no Brasil: Um Estudo de 2019 a 2023. Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences, 2024; 6(3): 1809–1819.
16. FUCHS F, et al. Atividade in vitro da nitroxolina contra Acinetobacter baumannii resistente a carbapenêmicos isolados do trato urinário. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2022; 77(7): 1912–1915.
17. HEATH V, et al. Staphylococcus capitis: revisão de seu papel em infecções e surtos. Antibiotics, 2023; 12(4): 669.
18. JACOBI J. The pathophysiology of sepsis—2021 update: Part 1, immunology and coagulopathy leading to endothelial injury. American Journal of Health-System Pharmacy, 2021; 79(5): 329–337.
19. KAWASUJI H, et al. Effectiveness and safety of linezolid versus vancomycin, teicoplanin, or daptomycin against methicillin-resistant Staphylococcus aureus bacteremia: a systematic review and meta-analysis. Antibiotics, 2023; 12(4): 697.
20. MESQUITA LE. Análise da frequência microbiana e perfil antimicrobiano de hemoculturas positivas de laboratório particular em Natal, Rio Grande do Norte. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Biomedicina) – Universidade Potiguar, Natal, 2022; 45p.

21. NAVIDIFAR T, et al. Global prevalence of macrolide-resistant Staphylococcus spp.: a comprehensive systematic review and meta-analysis. Frontiers in Microbiology, 2025; 16: 1524452.
22. OLIVEIRA R, et al. Exploring the antibiotic resistance profile of clinical Klebsiella pneumoniae isolates in Portugal. Antibiotics, 2022; 11(11): 1613.
23. PEREIRA DG, et al. Endocardite por Staphylococcus sp. em bovino e ovino causando osteoartrite e sepse como desfechos incomuns. Acta Scientiae Veterinariae, 2020; 46(1): 303.
24. PIMENTEL BAS, et al. Avaliação de aspectos clínico-epidemiológicos e de patogenicidade de Streptococcus agalactiae isolados de gestantes e neonatos. 2023.
25. RIBEIRO IS, et al. A terapia fotodinâmica antimicrobiana com própolis verde brasileira controla a infecção intradérmica induzida por Staphylococcus aureus resistente à meticilina e modula a resposta inflamatória em um modelo murino. Photochemical & Photobiological Sciences, 2024; 23(3): 561–573.
26. RODRIGUES RS, CARVALHO AG. Antibiotic resistance and biofilm formation in Klebsiella spp. strains from clinical samples in ICUs in the Brazilian Amazon. Brazilian Journal of Biology, 2024; 84: e256788.
27. SEO H, et al. Risk and outcome of infective endocarditis in streptococcal bloodstream infections according to streptococcal species. Microbiology Spectrum, 2023; 11(5): e01049-23.
28. SHARIATI A, et al. Prevalência e distribuição global de isolados clínicos de Staphylococcus aureus resistentes à vancomicina, intermediários à vancomicina e heterogeneamente intermediários à vancomicina: uma revisão sistemática e meta-análise. Scientific Reports, 2020; 10: 12689.
29. SICILIANO V, et al. Patógenos de difícil tratamento: uma revisão sobre o manejo de Staphylococcus epidermidis multirresistente a medicamentos. Life, 2023; 13(5): 1126.
30. SILVA RJ, DUARTE AC. Fatores de virulência de Staphylococcus aureus e sua relação com dispositivos médicos invasivos. Journal of Hospital Microbiology, 2024; 18(2): 101–109.
31. SILVA RC, et al. Impacto das carbapenemases na eficácia dos antimicrobianos em enterobactérias resistentes. Jornal Brasileiro de Medicina Laboratorial, 2024; 60(1): 23–30.
32. SOUZA AM. A caracterização de Streptococcus pneumoniae em pacientes com Covid-19. Trabalho de Conclusão de Curso – Universidade Federal do Rio Grande do Norte, 2023.
33. THEIS TJ, et al. Staphylococcus aureus persisters are associated with reduced clearance in a catheter-associated biofilm infection. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2023; 13: 1178526.
34. VASCONCELOS RS, et al. Heterogeneidade de perfis de resistência, expressão de multirresistência e de produção de biofilme em superfícies abióticas e biomateriais utilizados em procedimentos cirúrgicos (aço e pericárdio bovino) na presença de agentes antimicrobianos de amostras de *Staphylococcus capitis* e *Staphylococcus hominis* detectadas em fômites diversos em ambiente hospitalar. 2021.
35. VÁSQUEZ-PONCE F, et al. Surgimento das variantes KPC-113 e KPC-114 em Klebsiella pneumoniae resistente a ceftazidima-avibactam, pertencentes aos clones de alto risco ST11 e ST16 na América do Sul. Microbiology Spectrum, 2023; 11: e003