

AVALIAÇÃO CRÍTICA DOS MÉTODOS DE IDENTIFICAÇÃO BACTERIANA

FONTOURA, ANDRESSA INACIO¹; BOGÉA, TAMI HELENA PESTANA²;
ABRANTES, JAIME ANTONIO³

77

Resumo

As bactérias são organismos potencialmente patogênicos, comensais ou oportunistas com alta taxa de virulência e mecanismo de resistência que circulam pelo planeta há cerca de milhões anos conquistando diferentes ambientes. Sua disseminação desenfreada está associada a quadros clínicos graves em humanos e é a segunda maior causa de morte no mundo. A identificação bacteriana é um método essencial no combate à infecção e proliferação de bactérias multirresistentes diminuindo assim os níveis de morbidade e mortalidade de pacientes acometidos. Este artigo de revisão bibliográfica, avalia criticamente os métodos de identificação atuais, por meio de pesquisa em bases de dados SciELO, PubMed e outros, contemplando artigos de 2015 a 2025. Foram identificados um total de 107 artigos dos quais 47 atenderam aos critérios de inclusão. Os resultados apontam que, a identificação bacteriana de microrganismos, é mecanismo crucial para melhor compreender o perfil morfológico destes e sua relação com o fenômeno da resistência antimicrobiana.

Palavras-chave: Infecção hospitalar; Resistência bacteriana; ViteK 2; MALDI-TOF.

Abstract

Bacteria are potentially pathogenic, commensal, or opportunistic organisms with high virulence rates and resistance mechanism that have circulated the planet for millions of years, conquering different environments. Their uncontrolled spread is associated with serious clinical conditions in humans and is the second leading cause of death worldwide. Bacterial identification is an essential method in combating infection and the proliferation of multidrug-resistant bacteria, thus reducing morbidity and mortality levels in affected patients. This literature review article critically evaluates current identification methods through research in SciELO, PubMed, and other databases, encompassing articles from 2015 to 2025. A total of 107 articles were identified, of which 47 met the inclusion criteria. The results indicate that bacterial identification of microorganisms is a crucial mechanism for better understanding their morphological profile and its relationship with the phenomenon of antimicrobial resistance.

Keywords: Hospital infection; Bacteria resistance; ViteK 2; MALDI-TOF.

¹ Graduada em Ciências Biológicas pelo Centro Universitário Celso Lisboa – Rio de Janeiro – RJ/Brasil

² PhD pela Universidade de Connecticut; Docente do Centro Universitário Celso Lisboa – Rio de Janeiro – RJ/Brasil

³ Doutor e em Saúde Pública e Meio Ambiente pela Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ) – Rio de Janeiro – RJ/Brasil

Introdução

As bactérias são organismos unicelulares, procariontes e cosmopolitas pertencentes ao Reino Monera espalhados em todas as partes do planeta. Elas são predominantes nos organismos vivos, em ambientes como o solo, nos alimentos que consumimos, na água e no ar que respiramos (Murray *et al.*, 2022). Possuem tamanho compreendido entre 0,5 e 5 micrômetros medindo a maior desta 750 micrômetros, não podendo, portanto, ser visualizados a olho nu.

Apesar de algumas bactérias serem inofensivas ou até benéficas ao organismo humano, são muitas das espécies patogênicas associadas a quadros clínicos graves, uma vez que são capazes de desenvolver quadros de infecções bacterianas (Brooks *et al.*, 2020).

A infecção bacteriana é uma condição provocada pela invasão e reprodução desenfreada de colônias de bactérias potencialmente patogênicas associadas a quadros infecciosos capazes de comprometer diferentes órgãos e em alguns casos, tratando-se de indivíduos imunocomprometidos, pode levar à óbito (Souza *et al.*, 2021). Elas estão presentes em ambientes hospitalares com alta capacidade de resistir às condições ambientais circulando livremente pelo ambiente além de fixar-se a objetos, bancadas, instrumentos utilizados em procedimentos cirúrgicos e clínicos, o que torna viável a sua transmissão pessoa-pessoa.

Especula-se que, seu potencial de resistência e fácil propagação nestes ambientes, possui relação direta com os serviços pouco eficazes de saneamento básico ofertados pelos países em desenvolvimento, se comparados a países desenvolvidos. Sendo este um dos contribuintes aos problemas de saúde enfrentados pelas populações com alta incidência de doenças infecciosas e causas de morbidade e mortalidade (Giatti *et al.*, 2004).

Os principais gêneros e/ou espécies associadas às infecções hospitalares e a multirresistência são os *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus spp.*, Bactérias de ordem Enterobacterales como: *Escherichia coli*, *Salmonella spp.*, *Enterobacter cloacae*, *Shigella spp.*, *Protheus mirabilis* e *Serratia marcescens* e aquelas não fermentadoras como: *Pseudomonas aeruginosa* e *Acinetobacter spp.*. Os pacientes são em geral infectados com estas espécies durante a sua internação clínica em hospitais em sua maioria por internação clínica, durante a realização de procedimentos cirúrgicos ou até mesmo em acompanhamento de rotina. Ao entrarem em contato com estas bactérias, estes pacientes desenvolvem um quadro de insuficiência do sistema imunológico ao combater a reprodução

desenfreada destas colônias bacterianas patogênicas em ação (Bermudez *et al.*, 2023; Pellicano *et al.*, 2019).

O caso abaixo, que trata de uma descrição clínica de infecção adquirida em ambiente hospitalar por *Staphylococcus aureus* resistente a metilina, destaca a importância da identificação bacteriana rápida e precisa que consequentemente resultará no combate eficaz a infecção através da prescrição correta de medicamento antibiótico e resposta positiva do paciente acometido ao tratamento vigente.

Paciente do sexo masculino, privado de liberdade. Deu entrada com queixa de tosse havia três semanas, acompanhada de febre, perda de peso e hemoptise. Na admissão foram encontrados taquipneico, febril, com estertores em base pulmonar bilateral e lesões pustulosas em membro superior esquerdo. Devido à presença de opacidades pulmonares heterogêneas no raio X e leucocitose com desvio à esquerda, foram solicitadas tomografia de tórax, hemocultura e bacterioscopia de escarro e foi introduzida tazocina. A tomografia revelou nódulos de dimensões variadas, a maioria com escavação, levantou a hipótese de embolia séptica e foi necessária à sua investigação, foi associada à vancomicina. O resultado de três amostras de hemocultura apresentou *S. aureus* resistente à oxacilina e sensível a outros antibióticos, confirmado o caso como pneumonia por *S. aureus* resistente à metilina comunitária. Três dias após a internação foi feito ecocardiograma transtorácico que descartou presença de vegetação, conferiu o foco primário da infecção à presença de furúnculos no braço esquerdo. Após 21 dias de vancomicina e melhoria do quadro clínico e radiológico, recebeu alta hospitalar (Marchiotti *et al.*, 2018. p. 110).

As infecções, quando não tratadas de maneira correta, resultam no fenômeno de resistência bacteriana, observado de maneira responsiva ao uso incorreto aos medicamentos antibióticos e medidas terapêutica/profiláticas ofertadas. Este mecanismo tem favorecido a proliferação de espécies bacterianas cada vez mais resistentes e o agravamento de quadros clínicos, com grave problema de saúde pública em âmbito social e econômico em nível mundial (Nwobodo *et al.*, 2022; OMS, 2010).

A resistência bacteriana e a proliferação de cepas multirresistentes são resultantes de um processo evolutivo de mutações gênicas e transferências de gene entre si. Sendo assim, as bactérias são moldadas pela seleção natural, apresentando ao longo do tempo mecanismos capazes de resistir às opções terapêuticas ofertadas pela medicina atual (Silva *et al.*, 2023). Este fenômeno é hoje nomeado pela OMS como uma das 10 principais ameaças à saúde pública, com quadros infecciosos capazes de levar a altas taxas de mortalidade humana (OMS, 2010). Como consequência, sucumbimos à situação precária,

convivendo diariamente com microrganismos cada vez mais resistentes sem possuir a capacidade de dissuadir o controle sobre sua propagação (Nwobodo *et al.*, 2022; Martins *et al.*, 2012; Correa *et al.*, 2021; Oliveira, *et al.*, 2022).

A identificação bacteriana é um método utilizado para a detecção destes patógenos buscando a determinação de diagnósticos clínicos e o combate à resistência bacteriana. O processo é realizado a partir da utilização de métodos manuais ou de automação que variam no que se diz respeito ao tempo e precisão na entrega dos resultados. No entanto os fatores socioeconômicos possuem grande influência quanto à disponibilidade de recursos e seu acesso por diferentes países. Isso trará impactos a condução de um tratamento adequado; na prescrição correta de medicamentos e no combate a esse fenômeno (Pereira *et al.*, 2019).

A identificação do agente causador destas infecções deve ser realizada de forma rápida e precisa, pois, essa é a maneira mais eficiente de combater o fenômeno da resistência, que é provocado pela seleção de linhagens e colônias de bactérias ao longo do tempo. A identificação do agente causador das infecções bacterianas precisa ser de maneira rápida e precisa, é a maneira mais eficiente de se combater o fenômeno da resistência provocado pela seleção de linhagens/colônias de bactérias a longo prazo (Buchan; Ledebøer, 2014). Pretende-se, assim, minimizar as incertezas e tornar possível o alcance da identificação rápida e precisa, sendo possível assim contribuir para a prescrição de medicamentos eficazes e a resposta positiva aos tratamentos ofertados por parte dos pacientes acometidos por estas bactérias patogênicas.

Assim, o principal objetivo deste trabalho é analisar os diferentes métodos de identificação bacteriana, levando em consideração os recorrentes casos de resistência a antimicrobianos, principais causadores das altas taxas de morbidade e mortalidade de pacientes acometidos. Seus objetivos específicos são: descrever as técnicas de identificação bacteriana; identificar as fragilidades dos métodos de identificação tradicionais e automatizados e avaliar a influência dos fatores socioeconômicos na escolha dos métodos de identificação bacteriana.

Metodologia

O presente estudo trata de uma revisão integrativa de literatura baseada na análise descritiva e quali-quantitativa da bibliografia referente a bactérias multirresistentes a antimicrobianos. Com base nessa metodologia, realizou-se uma busca dividida em quatro etapas distintas nos bancos de dados PubMed, SciELO e Outros. Em primeiro momento, houve a identificação do tema a ser abordado e a seleção da pergunta norteadora da pesquisa sintetizada nos objetivos do trabalho.

Após este processo, foram definidos os critérios de inclusão e exclusão. Os critérios de inclusão adotados consistem na adoção e utilização das palavras-chave: infecção hospitalar; resistência bacteriana; viteK 2 e MALDI-TOF, para realização de busca bibliográfica, resgatando artigos disponibilizados online e na íntegra gratuitamente, desenvolvidos no Brasil e exterior, publicados nos últimos 10 anos (2015-2025) e escritos nos idiomas português e inglês. Após a realização da pesquisa em cada base de dados, os critérios de exclusão adotados englobaram o descarte de estudos fora do período definido, as referências duplicadas, aquelas não disponíveis na íntegra ou que não possuíam relação com o tema central do trabalho. Foram excluídos, por exemplo, artigos com foco em bactérias ambientais resistentes e bactérias multirresistentes presentes em animais.

Os artigos selecionados foram analisados quanto à clareza de informações, uso eficiente e bem definido de informações, como a determinação da morfologia celular bacteriana identificada; os métodos de identificação bacteriana e os equipamentos/tecnologia utilizados; os resultados em porcentagem de pacientes acometidos com estas espécies bacterianas prevalentes por ano em UTIs; os perfis de resistência destas bactérias acometidas por indivíduos aos antimicrobianos; os índices de morbidade e mortalidade destes pacientes assistidos em unidades hospitalares de saúde (pública ou privada) e a condição socioeconômica de cada local analisado.

Após este processo, foi construída uma planilha bibliográfica reunindo todos os artigos selecionados e as importantes informações de cada um deles, sendo possível, então, definir aquelas que foram inclusas no presente trabalho.

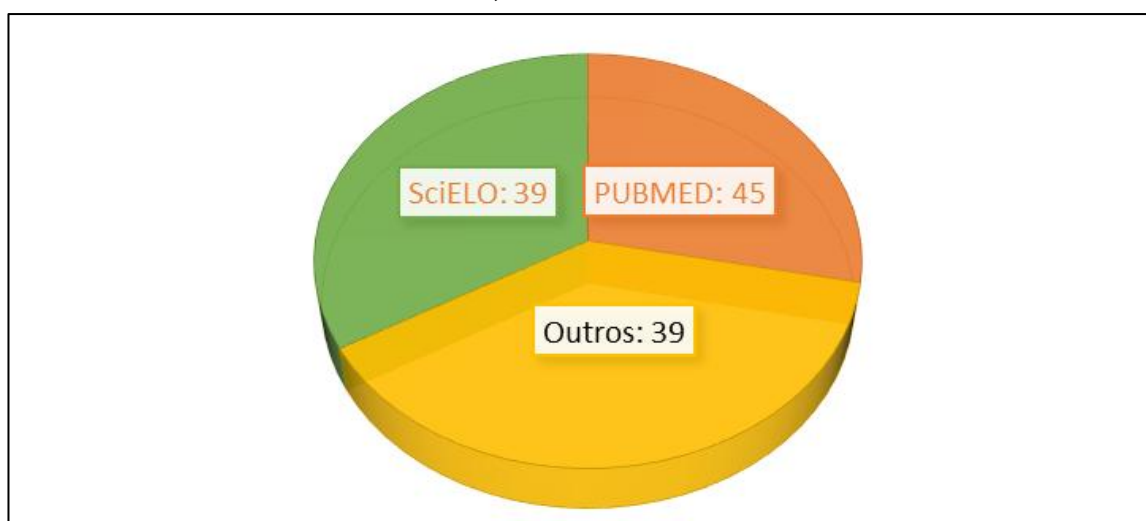
Como último protocolo metodológico, será realizada a apresentação deste trabalho à banca examinadora, por meio de uma apresentação oral, permitindo assim a discussão do tema, debates e esclarecimentos de eventuais dúvidas e questionamentos, sendo este momento reservado para a realização das trocas de conhecimentos acadêmicos.

Resultados e Discussão

A Figura 1 demonstra a relação de artigos recuperados em bases de dados públicas e gratuitas, adotando os critérios de inclusão e exclusão. Foram resgatados um total de 123 artigos publicados nos últimos 10 anos, dos quais através das plataformas SciELO, PubMed e outros, 117 atenderam aos critérios de inclusão estabelecidos. Os trabalhos selecionados abordaram principalmente temas relacionados à infecção hospitalar, resistência bacteriana e proliferação de multirresistentes. A maior parte dos artigos foi resgatado da plataforma PubMed. Isso se deve ao fato desta plataforma indexar artigos científicos relacionados à saúde em âmbito nacional e internacional, possuindo, por esta razão, maior quantidade de arquivos indexados se comparado as demais bases de dados disponíveis na íntegra. Com essa estratégia, foi possível recuperar o maior número de referências, garantindo a detecção da maioria dos trabalhos publicados dentro dos critérios pré-estabelecidos.

82

Figura 1- Relação em porcentagem de artigos selecionados nas bases de dados Scielo, PubMed e Outros

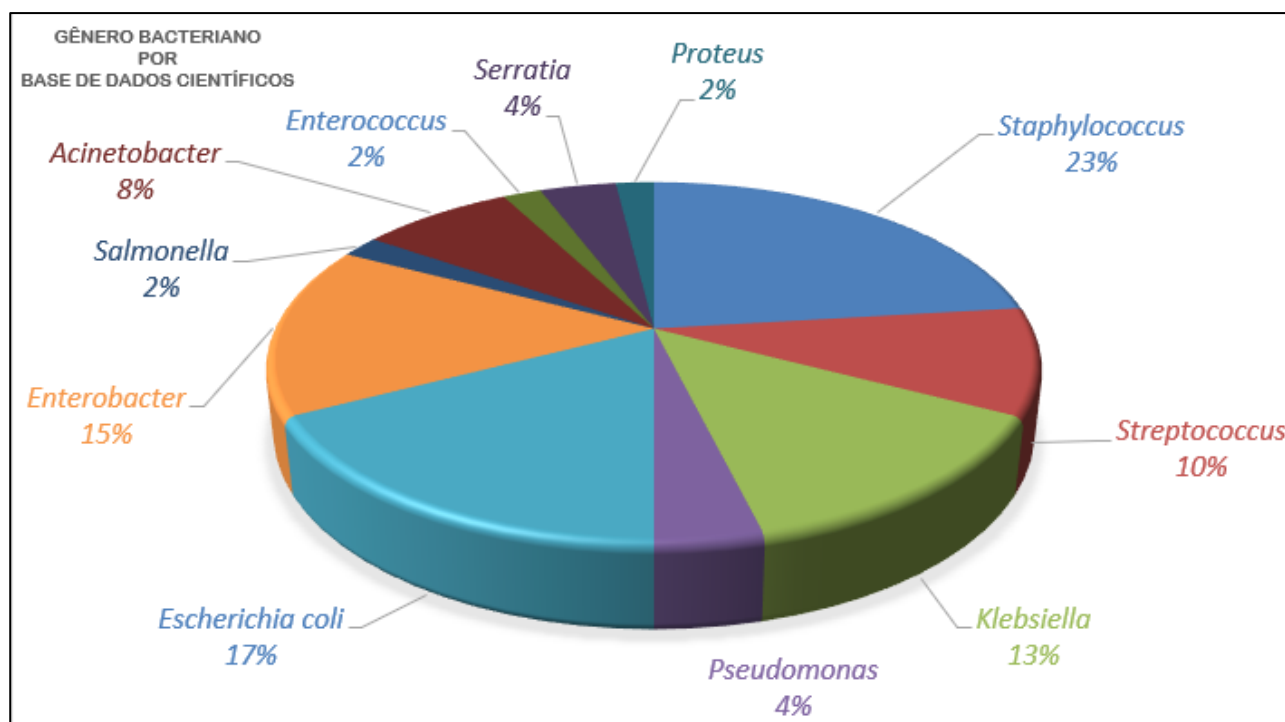


Fonte: Autores (2025)

A Figura 2 é uma representação gráfica gerada a partir da análise de dados extraída a partir dos artigos captados e revela alta diversidade de gêneros bacterianos associados à quadros infecciosos responsáveis pelo desencadeamento de doenças em humanos, especialmente, em ambiente hospitalar. Dentre esses, são espécies de grande destaque as *Staphylococcus aureus*; *Pseudomonas aeruginosas* e *Klebisella pneumoniae*, sendo inclusas também, aquelas de ordem *Enterobacterales* e as não fermentadoras.

10

Figura 2 - Gêneros bacterianos associados à quadros infecciosos por artigo selecionado



Fonte: Autores (2025)

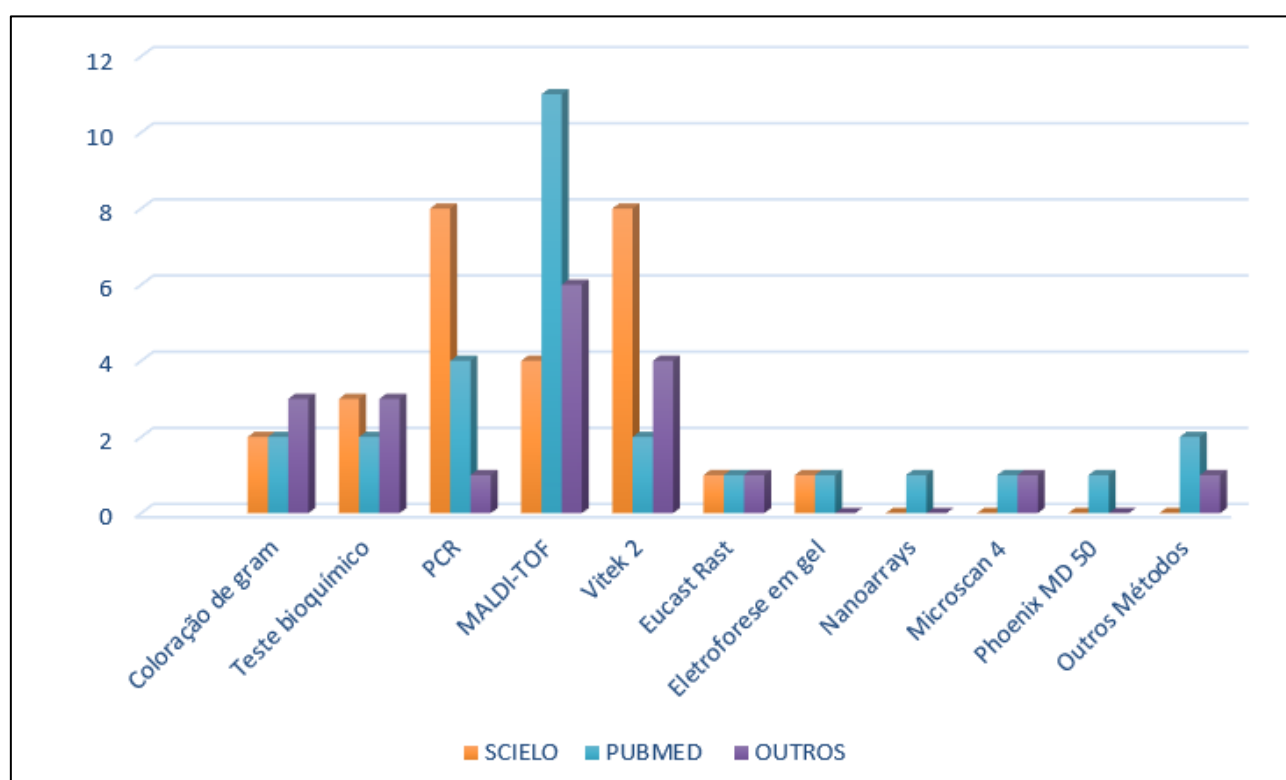
Dentre todas as espécies potencialmente patogênicas, aquelas com maior perfil de resistência e grande prevalência em casos de infecções, são as bactérias do gênero *Staphylococcus aureus* e *Staphylococcus coagulase* negativa. Seu perfil epidemiológico tem relação direta com à sua poderosa capacidade de colonização e adaptação, uma vez que estão presentes em diversos ambientes como pele, mucosa, trato respiratório, feridas expostas e objetos hospitalares, além de possuírem mecanismos eficazes de evasão, sendo capazes de sobreviver, permanecer e se propagar em diferentes ambientes, formarem biofilmes — que são uma espécie de película capaz de protegê-las da ação de antibióticos — o que favorece, por exemplo, sua capacidade de resistir a terapias antimicrobianas, com uso de diferentes classes e antibióticos reforçando sua relevância clínica e epidemiológica (Chambers *et al.*, 2009).

A identificação bacteriana é ferramenta crucial para o diagnóstico precoce de bactérias potencialmente patogênicas. Através desta, torna-se possível identificar em primeiro momento, o gênero bacteriano associado ao quadro infeccioso; seu potencial de disseminação além de ser possível traçar seu perfil de susceptibilidade antimicrobiana — características essenciais no controle de surtos epidemiológicos; condução de um tratamento adequado com redução de riscos a complicações e a garantia de um positivo

prognóstico de pacientes acometidos. Esta ferramenta contribui não apenas para um diagnóstico clínico mais assertivo, como também para a manutenção dos serviços da saúde pública e as pesquisas científicas voltadas ao tema (Murray *et al.*, 2022).

Nos artigos resgatados para a realização deste trabalho, foram encontradas técnicas de identificação pautadas em métodos tradicionais e automatizados conforme apresentado na figura abaixo. A Figura 3 detalha a distribuição na escolha de métodos de identificação em plataformas científicas nacionais e internacionais e sugere que as diferentes opções terapêuticas adotadas podem ter grande relação com a condição socioeconômica dos países no globo (Forbes *et al.*, 2020).

Figura 3 - Métodos de identificação bacteriana utilizados por artigo resgatado oriundos de sua base de dados



Fonte: Autores (2025)

Os métodos tradicionais utilizados incluem a coloração de Gram e a realização de testes bioquímicos. Observa-se que a escolha destes métodos foi pioneira em trabalhos publicados nas bases de dados nacionais por apresentar custo acessível e capacidade de entrega de resultados com boa precisão, apesar de obter tempo de entrega mais longo se comparados aos métodos automatizados (Khachab *et al.*, 2024).

Os métodos de automação utilizados incluem o método PCR; Método MALDI-TOF combinado ao sistema automatizado VITEK 2, o método de Eletroforese em gel com separação das bandas de DNA bacteriano com base em seu tamanho em um campo elétrico; A técnica padronizada EUCAST RAST; Microscan 4 e Phoenix MD 50 determinantes do perfil de sensibilidade antimicrobiana (TSA) e por último, o método nanoarrays, uma nanotecnologia introduzida recentemente que realiza a identificação rápida e precisa destas espécies de bactérias a partir de sensores conjugados quimicamente com anticorpos específicos, que exibem mudança de cor após a captura dos patógenos-alvo.

Dentre os abordados em base de dados nacionais, destaca-se o método PCR, responsável por detecção de genes bacterianos associados à resistência a partir da amplificação de fragmentos de DNA bacteriano resultando em milhares de cópias que permitem sua detecção e análise. Seguido do sistema VITEK 2 com alta adesão por tratar-se de uma técnica capaz de realizar a identificação destas bactérias a partir do mapeamento de seu perfil de susceptibilidade bacteriana aos antibióticos. Ambos os métodos combinam rapidez, confiabilidade e eficácia na entrega de seus resultados com um custo moderado de pleiteio (Zatsou *et al.*, 2017; Paluch *et al.*, 2023).

Dos métodos automatizados analisados a partir dos artigos indexados em plataformas internacionais (PubMed), o método MALDI-TOF ganha destaque por tratar-se de uma técnica considerada “padrão ouro” com entrega de resultados de maneira rápida e eficaz (Seng *et al.*, 2019; Singhal *et al.*, 2015). Essa técnica realiza a identificação bacteriana através da análise de proteínas utilizando a espectrometria de massa por dessorção (ionização) a laser assistida por matriz a partir de um tempo de voo. Os espectros gerados, são comparados a bancos de dados, sendo possível assim, determinar a espécie bacteriana. Sua principal vantagem está em sua capacidade de analisar uma ampla gama de microrganismos, por um custo médio, porém ainda elevado para países socioeconomicamente comprometidos (Singhal *et al.*, 2015).

Essa abordagem é fortemente adotada em hospitais e centros de pesquisa internacionais, consequência do investimento no ramo da saúde e da busca por melhor compreender a relação estabelecida entre paciente e infecção bacteriana (Sulaiman *et al.*, 2023).

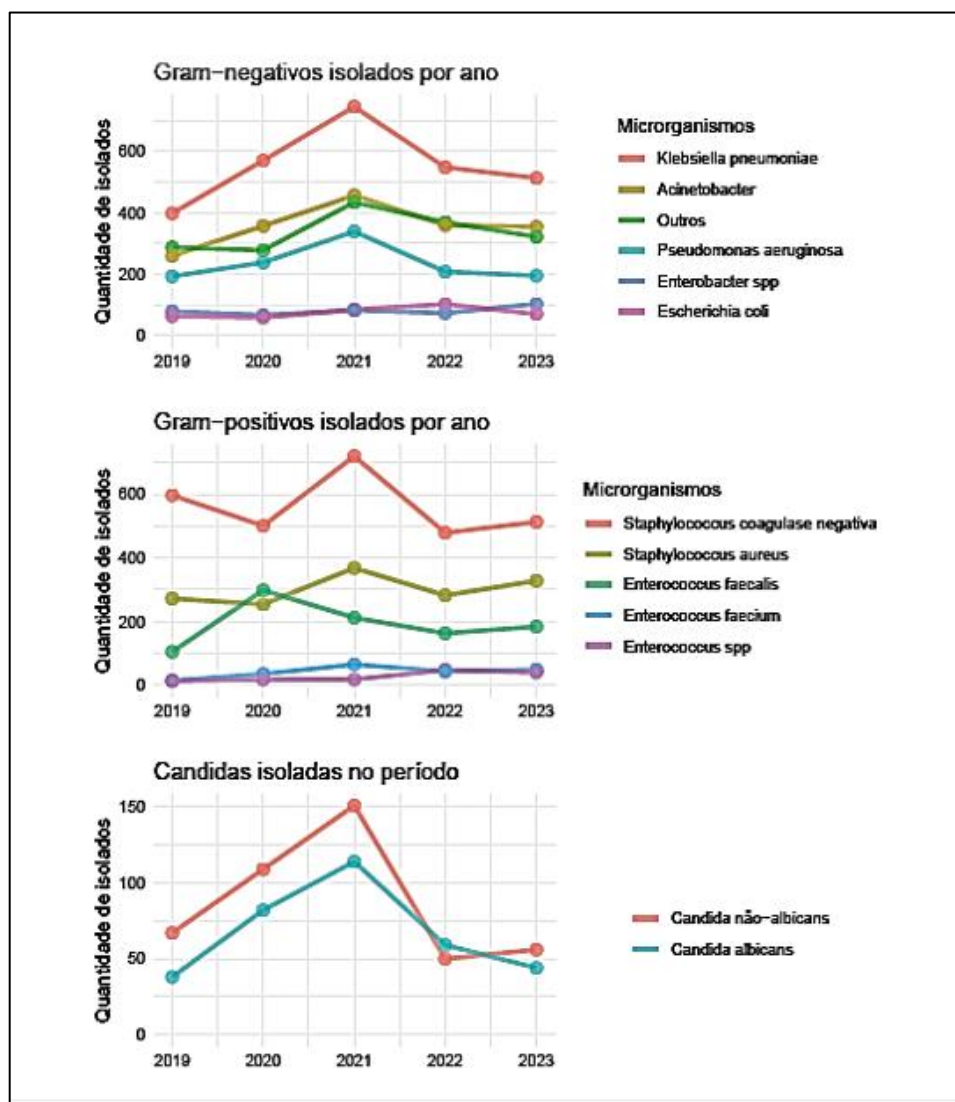
Essa abordagem é fortemente adotada em hospitais e centros de pesquisa internacionais, consequência do investimento no ramo da saúde e da busca por melhor compreender a relação estabelecida entre paciente e infecção bacteriana (Sulaiman *et al.*, 2023).

A busca por dados capazes de fornecer a relação de pacientes acometidos com diferentes espécies de bactérias nos centros hospitalares foi uma maneira de destacar a grande facilidade de disseminação destes microrganismos patogênicos. A disseminação de bactérias vem ganhando cada vez mais espaço, trazendo grande alerta aos profissionais da saúde que, como consequência deste fenômeno, vem enfrentando problemas. Tais problemas incluem a escassez de recursos de combate aos mesmos; os altos orçamentos para custeio de internações, principalmente em serviços públicos como o Sistema Único de Saúde (SUS) e, mais do que nunca, a grande necessidade de novas terapias e tratamentos eficientes disponíveis. Todos estes pontos destacam mais uma vez a importância do controle da multirresistência desses organismos para que a partir de então seja possível a diminuição do aumento de casos registrados (Cassini *et al.*, 2019).

Dados extraídos do relatório de infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) e resistência a antimicrobianos em serviços de saúde realizado pela Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) fornecem informações cruciais registradas a respeito da prevalência destes microrganismos em ambiente hospitalar e seus perfis de resistência a antimicrobianos por ano. Os dados coletados, são fornecidos e separados de acordo com os Estados. No caso deste estudo, as informações demonstradas a partir de representações gráficas foram obtidas em Unidades de Terapia Intensiva pertencentes ao Estado do Rio de Janeiro (ANVISA, 2023).

A Figura 4 detalha uma importante fonte de infecção bacteriana. As figuras demonstram a relação entre microrganismos causadores de infecção primária da corrente sanguínea associadas a cateter (IPCSL) de pacientes internados, provavelmente em estado grave, que necessitaram de monitoramento constante e cuidados médicos aprofundados. A infecção bacteriana ocorreu durante uso do cateter para administração de medicamentos intravenosos ou realização de tratamentos como quimioterapia, diálise e afins (ANVISA, 2023; O'Grady *et al.*, 2011).

Figura 4 - Prevalência de bactérias causadoras de infecção primária da corrente sanguínea (IPSCl) (por classificação) em uma unidade de terapia intensiva para adultos no Rio de Janeiro



Fonte: ANVISA (2023)

As espécies bacterianas prevalentes nas UTIs cariocas são diversas e englobam tanto bactérias Gram-positivas quanto Gram-negativas. A prevalência destas em ambiente hospitalar tem relação direta com a deficiência dos serviços de sanitização, que favorecem a livre circulação destas pelo ambiente e sua fixação em macas e objetos hospitalares utilizados em procedimentos. O cenário representado pela figura também possui relação com os métodos de identificação adotados e utilizados a partir das condições para custeio em países emergentes como o Brasil (ANVISA, 2022).

As possibilidades de colonização e contaminação dos objetos hospitalares por estes organismos levantam duas principais hipóteses. A primeira pauta-se no contágio cutâneo por este agente quando não há a correta assepsia do local em que o cateter foi introduzido ou a partir da presença de feridas abertas. As bactérias, então, adentram e aderem-se ao objeto acoplado, no caso, o cateter a partir da formação de biofilmes, mecanismo da multirresistência a antimicrobianos e ao sistema imunológico, proliferando-se de maneira desenfreada e conseguindo assim atingir a corrente sanguínea do paciente, provocando sepse. (O'Grady *et al.*, 2011).

Uma segunda hipótese, e talvez a mais provável, é considerar que o contágio ocorre a partir do objeto e de seus componentes já contaminados, que, ao serem introduzidos no paciente, potencializam a disseminação das espécies bacterianas em questão. Esse problema pode ser resultante do déficit nos serviços sanitários em ambiente hospitalar e da ineficiência ou maneira incorreta dos métodos de esterilização dos equipamentos (Rutala; Weber, 2008).

É importante destacar ainda que, a frequência e prevalência de espécies de bactérias multirresistentes em UTIs, em específico, as *Staphylococcus coagulase negativa* resistentes à oxacilina utilizada como marcador de resistência, bem como bacilos Gram-negativos como *Klebsiella* spp. e *Pseudomonas aeruginosas*, tem sido consistentemente reportadas em dados epidemiológicos de vigilância (ANVISA, 2023).

Esse cenário exemplifica a grande prevalência dessas bactérias, especialmente em ambiente hospitalar e reforça a necessidade de adoção de métodos de identificação eficazes com entrega de resultados com alta precisão em um curto período de tempo orientando assim a condução precoce de tratamentos assertivos com terapias antimicrobianas, reduzindo impactos clínicos e epidemiológicos.

Considerações Finais

Os métodos de identificação bacteriana são fundamentais para a precisão diagnóstica, pois permitem a determinação do agente etiológico envolvido no quadro infeccioso e orientam a condução de terapias antimicrobianas mais eficazes. O acesso a métodos de maior custo, especialmente os sistemas automatizados, tem se mostrado uma ferramenta estratégica no enfrentamento da multirresistência, em razão da rapidez e da elevada confiabilidade na entrega dos resultados.

A identificação precoce favorece o controle da disseminação de cepas bacterianas altamente resistentes, como *Staphylococcus aureus* e *Staphylococcus coagulase-negativa*, frequentemente associadas a infecções em Unidades de Terapia Intensiva. Esses microrganismos apresentam mecanismos complexos de resistência, incluindo mutações gênicas, formação de biofilmes e elevada capacidade de persistência no ambiente hospitalar, o que reforça a necessidade de diagnósticos rápidos e precisos.

Além disso, a elevada prevalência de bacilos Gram-negativos multirresistentes, como *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella spp.*, *Klebsiella aerogenes*, *Escherichia coli*, *Acinetobacter spp.*, *Serratia spp.*, *Proteus* e *Citrobacter*, evidencia a importância do controle rigoroso desses agentes por meio da identificação eficiente, associada a medidas terapêuticas adequadas e a práticas efetivas de sanitização e esterilização hospitalar a serem desenvolvidas em estudos futuros.

A adoção integrada dessas estratégias pode contribuir significativamente para a redução das taxas de internação, dos custos relacionados às hospitalizações e da morbimortalidade associada às infecções bacterianas, especialmente no âmbito do Sistema Único de Saúde, promovendo melhora do prognóstico clínico dos pacientes e diminuindo a sobrecarga dos serviços públicos de saúde.

Referências

- AGUIAR, N. et al. Controle da infecção hospitalar no Instituto Nacional de Câncer Saúde. **Revista Brasileira de Cancerologia**, Rio de Janeiro, v. 29, n. 1, p. 7–13, set. 1982. Disponível em: <https://rbc.inca.gov.br/index.php/revista/article/view/3507> Acesso em: 02 jun. 2025.
- ALHUSSAIN, F. *et al.* Risk factors, antimicrobial susceptibility pattern and patient outcomes of *Pseudomonas aeruginosa* infection: a matched case-control study. **Journal of Infection and Public Health**, v. 14, n. 1, p. 152–157, 2021. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33422856>. Acesso em: 14 nov. 2025.
- AGÊNCIA NACIONAL DE VIGILÂNCIA SANITÁRIA (ANVISA). Infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) e resistência microbiana (RM) em serviços de saúde: dados do Rio de Janeiro, 2012–2023. Rio de Janeiro: ANVISA. Disponível em: https://www.gov.br/anvisa/pt-br/assuntos/servicosdesaude/prevencao-e-controle-de-infeccao-e-resistencia-microbiana/copy_of_infeccao-relacionada-a-assistencia-a-saude/rio-grande-do-sul/@@download/file/REL_RS.pdf. Acesso em: 05 set. 2025.
- BARREIRA F., Donato. M. et al. Identificação e susceptibilidade bacteriana de uma unidade hospitalar pública. Trabalho apresentado no **Simpósio de Ciências Médicas**, Centro Universitário UNIFOR, Fortaleza, 2017. Disponível em: <https://unifor.br/documents/392178/805154/>. Acesso em: 20 jul. 2025.
- BOUZA, E. *et al.* Colonization of the nasal airways by *Staphylococcus aureus* on admission to a major heart surgery operating room: a real-world experience. **Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica** (English Edition), v. 38, n. 4, 2020. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31668380/>. Acesso em: 15 set. 2025.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Departamento de Informática do SUS (DataSUS). **Portal DataSUS**. Brasília: Ministério da Saúde, 2025. Disponível em: <https://datasus.saude.gov.br/>. Acesso em: 27 out. 2025.
- BREED, R. Stanley.; MURRAY, E. G. D.; SMITH, N. **Bergey's manual of determinative bacteriology**. Baltimore: Williams & Wilkins, 1957. Disponível em: <https://www.biodiversitylibrary.org/item/41848#page/8/mode/1up>. Acesso em: 01 ago. 2025
- BUCHAN, B.; LEDEBOER, N. Emerging technologies for the clinical microbiology laboratory. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 27, n. 4, p. 783–822, out. 2014. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25278575/>. Acesso em: 30 jul. 2025.
- BUD, R. **Penicillin: triumph and tragedy**. Oxford: Oxford University Press, 2007. Disponível em: https://archive.org/details/penicillintriumph0000budr_n4z9 Acesso em: 28 jul. 2025.
- CARVALHO, J. J. V. *et al.* Multiresistant bacteria and their impacts on public health: a social responsibility. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 6, 2021. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/352334013_Bacterias_multirresistentes_e_seus_impacto_s_na_saude_publica_Uma_responsabilidade_social. Acesso em: 30 out. 2025.
- CASSINI, A. *et al.* Attributable deaths and disability-adjusted life- years caused by infections with antibiotic-resistant bacteria in the EU and the European Economic Area in 2015: a population-level modelling analysis. **The Lancet Infectious Diseases**, v. 19, n. 1, p. 56–66, jan. 2019. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30409683/>. Acesso em: 29 jul. 2025.

CHAMBERS, H.; DELEO, F. Waves of resistance: *Staphylococcus aureus* in the antibiotic era. **Nature Reviews Microbiology**, v. 7, n. 9, p. 629–641, set. 2009. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19680247>. Acesso em: 02 ago. 2025.

CORRÊA, E. R. *et al.* Bactérias resistentes isoladas de superfícies inanimadas em um hospital público. **Cogitare Enfermagem**, v. 26, e59755, 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cenf/a/yXJ5X6hjh4JztkZLChzYnyw/?lang=pt> Acesso em: 17 jul. 2025.

COSTA, A. P. F. *et al.* O papel do enfermeiro no processo de acolhimento e humanização nos cuidados paliativos oncológicos. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 6, p. 54446–54463, jun. 2021. Disponível em: <https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/>. Acesso em: 28 jun. 2025.

DROPULIC, L.; LEDERMAN, H. Overview of infections in the immunocompromised host. **Microbiology Spectrum**, v. 4, 2016. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27726779/>. Acesso em: 29 out. 2025.

PELLICANO, G. F. *et al.* The role of the hospital environment in the healthcare-associated infections: a general review of the literature. **European Review for Medical & Pharmacological Sciences**, v. 23, n. 3, p. 1266–1278, fev. 2019. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30779096/>. Acesso em: 07 jun. 2025.

FLEMING, A. On the antibacterial action of cultures of a *Penicillium*, with special reference to their use in the isolation of B. influenzae. **British Journal of Experimental Pathology**, v. 10, n. 3, p. 226–236, 1929. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC2048009/>. Acesso em: 27 jul. 2025.

FONTENELE, R. D.; COSTA, C. L. Resistência antimicrobiana: os desafios nas infecções bacterianas multirresistentes no Brasil. **Brazilian Journal of Health Review**, v. 6, n. 3, p. 11347–11357, 2023. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/372055211>. Acesso em: 02 nov. 2025.

GIRIJAN, S. K.; PILLAI, D. Identification and characterization of vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus* in hospital wastewaters: evidence of horizontal spread of antimicrobial resistance. **Journal of Water and Health**, v. 19, n. 5, p. 785–795, out. 2021. DOI: 10.2166/wh.2021.117. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34665771>. Acesso em: 01 out. 2025.

GUIMARÃES, D. O.; MOMESSO, L.; PUPO, M. T. Antibióticos: importância terapêutica e perspectivas para a descoberta e desenvolvimento de novos agentes. **Química Nova**, Ribeirão Preto, v. 33, n. 3, p. 667–679, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/qn/a/dhKT3h4ZxxvsQdkzyZ4VnpB/>. Acesso em: 25 jul. 2025.

HOUHOULA, D. *et al.* Magnetic nanoparticle-enhanced PCR for the detection and identification of *Staphylococcus aureus* and *Salmonella enteritidis*. **New Microbiologica**, v. 40, n. 3, p. 165–169, jul. 2017. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28513808/>. Acesso em: 15 ago. 2025.

HUTCHINGS, M.; TRUMAN, A.; WILKINSON, B. Antibiotics: past, present and future. **Current Opinion in Microbiology**, v. 51, p. 72–80, out. 2019. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31733401/>. Acesso em: 27 jul. 2025.

JAWETZ, E. *et al.* **Microbiologia médica de Jawetz, Melnick & Adelberg**. 28. ed. Rio de Janeiro: McGraw-Hill Education, 2023. Disponível em: <https://accessartmed.mhmedical.com>. Acesso em: 10 mai. 2025.

KHACHAB, Y.; SHAMIEH, D. El; SOKHN, E. S. Gram-negative bacterial colonization in the gut: isolation, species identification and resistance-associated gene analysis. **Heliyon**, v. 10, n. 7, e38149, jul. 2024. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39216133/>. Acesso em: 10 ago. 2025.

LOPES, L. Pimenta. *et al.* *Staphylococcus aureus* em profissionais de enfermagem e o perfil de suscetibilidade do microrganismo aos antimicrobianos. **Texto & Contexto – Enfermagem**, v. 26, e59755, 2017. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/tce/a/> Acesso em: 30 set. 2025.

MADIGAN, Michael T.; MARTINKO, John M. **Brock biology of microorganisms**. 11. ed. Upper Saddle River, NJ: Prentice Hall, 2006. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/41584156_Brock_Biology_of_Microorganisms_11th_edn_Michael_T_Madigan_John_M_Martinko_ed. Acesso em: 10 abr. 2025.

MARCHIOTTI, M. C. *et al.* Pneumonia por *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina comunitário (CA-MRSA): relato de caso. **Brazilian Journal of Infectious Diseases**, v. 22, p. 110, 2018. Disponível em: <https://www.bjid.org.br/en-pneumonia-por-staphylococcus-aureus-resistente-articulo-S1413867018309000>. Acesso em: 20 jun. 2025.

MINAMI, J. *et al.* Qualidade de vida relacionada à saúde de indivíduos inseridos em programa de perda de peso. **Revista Brasileira de Educação em Enfermagem**, v. 26, n. 2, 2017. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/tce/a/nMk7W7Q9NjXL5tVcqx4JqHj/?lang=en>. Acesso em: 26 mai. 2025.

MOTA, F. S. da *et al.* Perfil e prevalência de resistência aos antimicrobianos de bactérias Gram-negativas isoladas de pacientes de uma unidade de terapia intensiva. **Revista Brasileira de Análises Clínicas (RBAC)**, v. 50, n. 3, p. 270–277, dez. 2018. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-969514>. Acesso em: 25 out. 2025.

MURRAY, P. R. *et al.* **Microbiologia médica**. Rio de Janeiro: Elsevier, 2017. Disponível em: <https://minhabiblioteca.com.br/catalogo/livro/99206/microbiologia-m-dica/>. Acesso em: 15 abr. 2025.

NWOBODO, D. C. *et al.* Antibiotic resistance: the challenges and some emerging strategies for tackling a global menace. **Journal of Clinical Laboratory Analysis**, v. 36, e24655, 2022. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35949048/> Acesso em: 30 jun. 2025.

O'GRADY, N. *et al.* Guidelines for the prevention of intravascular catheter-related infections. **American Journal of Infection Control**, v. 39, n. 4, supl. 1, p. S1–S34, maio 2011. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21511081/>. Acesso em: 7 set. 2025.

PALUCH, M. *et al.* Multicenter evaluation of rapid antimicrobial susceptibility testing by VITEK®2 directly from positive blood culture. **Diagnostic Microbiology and Infectious Disease**, v. 106, n. 3, p. 115950, jul. 2023. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37182374/>. Acesso em: 30 ago. 2025.

RUTALA, W.; WEBER, D. Disinfection and sterilization in health care facilities: an overview and current issues. **Infectious Disease Clinics of North America**, v. 30, n. 3, p. 609–637, set. 2016. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7134755/>. Acesso em: 10 set. 2025.

SENG, P. *et al.* Ongoing revolution in bacteriology: routine identification of bacteria by matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry. **Clinical Infectious Diseases**, v. 49, n. 4, p. 543–551, 2009. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19583519/>. Acesso em: 14 nov. 2025.

SILVA, M. E. *et al.* Colonization by *Streptococcus pneumoniae* among healthy children and adolescents: prevalence, antimicrobial-resistance profile and biofilm-forming capacity. **Brazilian Journal of Biology**, v. 82, 2022. Disponível em: <https://www.scielo.br/bjb/a/nH7MMbVpJwWJhzQkZMDJqYb/?lang=en>. Acesso em: 19 jul. 2025.

SINGHAL, N. *et al.* MALDI-TOF mass spectrometry: an emerging technology for microbial identification and diagnosis. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, 2015. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4525378/>. Acesso em: 30 set. 2025.

SOARES, V. M. Emergência de *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemase (KPC) em um hospital terciário. **Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial**, v. 48, p. 251–253, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/bpml/a/ZVCKGbxk5wkRZxSKBHn8NmN/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 16 jul. 2025.

SOUZA, E. E. S. *et al.* Perfil de resistência microbiana das infecções relacionadas à assistência à saúde de um hospital de doenças infectocontagiosas de uma capital do Nordeste brasileiro. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 4, e14198, 2021. Disponível em: <https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/14198/12820>. Acesso em: 25 mai. 2025.

SOUZA, M. A. *et al.* Enterococo resistente à vancomicina em um hospital universitário no centro-oeste do Brasil. **Revista de Patologia Tropical / Journal of Tropical Pathology**, v. 41, n. 2, p. 241–246, abr./jun. 2012. Disponível em: <https://revistas.ufg.br/iptsp/article/view/19332>. Acesso em: 2 jul. 2025.

SULAIMAN, I. *et al.* A single-laboratory performance evaluation of MALDI-TOF MS system for rapid genus and species identification of human-pathogenic *Staphylococcus* spp., *Cronobacter* spp. and *Vibrio* spp. **Journal of AOAC International**, 2023. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov>. Acesso em: 1 set. 2025.

TILLE, P. **Bailey & Scott's diagnostic microbiology**. 13. ed. St. Louis: Elsevier, 2014. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/312653411>. Acesso em: 8 ago. 2025.

TORTORA, G. J.; FUNKE, B. R.; CASE, C. L. **Microbiologia**. [S.l.]: Artmed, 2024. Disponível em: <https://www.meulivro.biz/microbiologia/423/microbiologia-tortora-12-ed-pdf/>. Acesso em: 20 mar. 2025.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report: 2022**. Geneva: World Health Organization, 2022. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702>. Acesso em: 28 jul. 2025.

YOUNG, K. The selective value of bacterial shape. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 70, n. 3, p. 660–703, set. 2006. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16959965/>. Acesso em: 5 ago. 2025.

YU, J. *et al.* Prediction of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) and carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) from positive blood culture bottles using MALDI-TOF MS and machine learning. **International Journal of Antimicrobial Agents**, 106994, 2023. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37802231/>. Acesso em: 28 jul. 2025.