

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO, CLÍNICO E MICROBIOLÓGICO DE INFECÇÕES POR BACTÉRIAS DO GRUPO ESKAPE EM PACIENTES INTERNADOS EM UMA UNIDADE DE TERAPIA INTENSIVA DE UM HOSPITAL DE ENSINO DE MINAS GERAIS

Recebido em: 25/04/2023

Aceito em: 29/05/2023

DOI: 10.25110/arqsaude.v27i5.2023-070

Francine Banni Felix¹
Anna Klara Sá Teles Rocha Alves²
Rodrigo Daniel de Souza³
Renata Fiuza Cruz⁴
Angélica da Conceição Oliveira Coelho⁵
Camila Quinetti Paes Pittella⁶
Thiago Cesar Nascimento⁷

RESUMO: Objetivo: descrever o perfil epidemiológico de infecções por bactérias do grupo ESKAPE em pacientes internados em uma unidade de terapia intensiva de um hospital de ensino da cidade de Juiz de Fora - MG. Métodos: Trata-se de um estudo epidemiológico observacional, descritivo de caráter retrospectivo, com participantes que adquiriram IRAS entre 2017 e 2018, dos quais foram isoladas e identificadas linhagens bacterianas pertencentes ao grupo ESKAPE no serviço de rotina bacteriológica do laboratório de microbiologia clínica. Resultados: Considerando o fenótipo de multirresistência entre as bactérias do grupo ESKAPE avaliadas, foi observada a ocorrência de 122 (88,4%) para *Acinetobacter baumannii* resistente aos carbapenêmicos, 87 (60,8%) para *Klebsiella pneumoniae* resistente aos carbapenêmicos, 57 (53,3%) para *Pseudomonas aeruginosa* resistente aos carbapenêmicos, 36 (55,4%) para MRSA e 19 (48,7%) para *Enterobacter* sp. resistente aos carbapenêmicos. Conclusões: A análise do perfil epidemiológico, clínico e microbiológico de infecções por bactérias do grupo ESKAPE em pacientes internados em uma UTI é de majorada importância para protocolos de terapia com o correto manejo de antibioticoterapia e redução da prevalência de resistência antimicrobiana.

PALAVRAS-CHAVE: Infecção Relacionada à Assistência à Saúde; Unidades de Terapia Intensiva; Grupo ESKAPE.

¹ Mestre em Enfermagem. Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF).

E-mail: bannifrancine@gmail.com ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2680-7924>

² Mestranda em Enfermagem. Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF).

E-mail: annaklara.alvess@gmail.com ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3453-3975>

³ Graduado em Medicina. Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF).

E-mail: rodrigo.souza@ufjf.edu.br ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9515-8983>

⁴ Graduada em Enfermagem. Universidade Federal da Bahia (UFBA).

E-mail: renata.rcruz@ebserh.gov.br ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8434-2945>

⁵ Doutora em Enfermagem. Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF).

E-mail: angelicacoelho8@gmail.com ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7526-900X>

⁶ Doutora em Engenharia Química. Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF).

E-mail: camilaquinetti@gmail.com ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3431-5927>

⁷ Doutor em Saúde. Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF).

E-mail: thiago.nascimento@ufjf.edu.br ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2304-7472>

EPIDEMIOLOGICAL, CLINICAL AND MICROBIOLOGICAL PROFILE OF ESKAPE GROUP BACTERIA INFECTIONS IN PATIENTS ADMITTED TO AN INTENSIVE CARE UNIT OF A TEACHING HOSPITAL IN MINAS GERAIS

ABSTRACT: Objective: To describe the epidemiological profile of ESKAPE group bacteria infections in patients admitted to an intensive care unit of a teaching hospital in Juiz de Fora, Minas Gerais. Methods: This is an observational, descriptive epidemiological study of retrospective nature, with participants who acquired IRAS between 2017 and 2018, from which bacterial strains belonging to the ESKAPE group were isolated and identified in the bacteriological routine service of the clinical microbiology laboratory. Results: Considering the multidrug resistance phenotype among the ESKAPE group bacteria evaluated, the occurrence of 122 (88.4%) for carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii*, 87 (60.8%) for carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*, 57 (53.3%) for carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa*, 36 (55.4%) for MRSA, and 19 (48.7%) for carbapenem-resistant *Enterobacter* sp. was observed. Conclusions: The analysis of the epidemiological, clinical and microbiological profile of infections caused by bacteria of the ESKAPE group in patients in an ICU is of major importance for therapy protocols with the correct management of antibiotic therapy and reduction of the prevalence of antimicrobial resistance.

KEYWORDS: Healthcare-Related Infection; Intensive Care Units; ESKAPE Group.

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO, CLÍNICO Y MICROBIOLÓGICO DE LAS INFECCIONES POR BACTERIAS DEL GRUPO ESKAPE EN PACIENTES INGRESADOS EN UNA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS DE UN HOSPITAL ESCUELA DE MINAS GERAIS

RESUMEN: Objetivo: Describir el perfil epidemiológico de las infecciones por bacterias del grupo ESKAPE en pacientes internados en la unidad de terapia intensiva de un hospital escuela de Juiz de Fora, Minas Gerais. Método: Se trata de un estudio epidemiológico observacional, descriptivo, de carácter retrospectivo, con participantes que adquirieron IRAS entre 2017 y 2018, de los cuales se aislaron e identificaron cepas bacterianas pertenecientes al grupo ESKAPE en el servicio de rutina bacteriológica del laboratorio de microbiología clínica. Resultados: Considerando el fenotipo de resistencia a múltiples fármacos entre las bacterias del grupo ESKAPE evaluadas, se observó la ocurrencia de 122 (88,4%) para *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenemes, 87 (60,8%) para *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenemes, 57 (53,3%) para *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenemes, 36 (55,4%) para MRSA y 19 (48,7%) para *Enterobacter* sp. resistente a carbapenemes. Conclusiones: El análisis del perfil epidemiológico, clínico y microbiológico de las infecciones causadas por bacterias del grupo ESKAPE en pacientes ingresados en una UCI es de gran importancia para los protocolos terapéuticos con el correcto manejo de la antibioticoterapia y la reducción de la prevalencia de resistencias antimicrobianas.

PALABRAS CLAVE: Infección Relacionada con la Asistencia Sanitaria; Unidades de Cuidados Intensivos; Grupo ESKAPE.

1. INTRODUÇÃO

A Organização Mundial da Saúde (OMS) reconhece que as Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS) são um problema de saúde pública pois representam uma importante causa de morbimortalidade, podendo resultar no prolongamento do tempo de permanência no hospital devido ao agravamento da condição clínica existente, utilização de antimicrobianos de custo elevado na terapêutica, gerando ônus tanto a recuperação do paciente quanto ao processo financeiro de internação não só institucional mas a nível de todo o setor saúde (DING et al, 2009. KLEVENS et al, 2007. MACHADO, 2001). Ônus este, que pode ser impactado em especial, nas Unidades de Terapia Intensiva (UTIs), áreas críticas de maior propensão para aquisição de infecções devido ao ambiente assistencial invasivo necessário ao atendimento das condições clínicas críticas do processo saúde-doença (HESPANHOL et al , 2019).

A resistência aos antimicrobianos em UTI tem sido um dos maiores desafios enfrentados por profissionais de saúde, tornando-se um grave problema de saúde pública pelo grande ônus econômico e social, impactando negativamente no desfecho do paciente internado no ambiente hospitalar dado ao fato de a limitação terapêutica ser um problema decorrente da rápida disseminação dos genes de resistência, configurando-se, desta forma, como uma das principais causas de óbito no mundo (ALVIM; COUTO; GAZZINELLI, 2009). Anualmente cerca de 700 mil óbitos são ocasionados por infecções derivadas de bactérias multirresistentes e estima-se que até 2050 ocorram cerca de 10 milhões de mortes por ano (MOTA; OLIVEIRA; SOUTO, 2018).

Diante deste cenário, os principais patógenos associados à IRAS em UTIs e que representam um dos maiores riscos em relação aos elevados padrões de resistência aos antimicrobianos foram agrupados e denominados grupo ESKAPE, representado pelas espécies *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, e *Enterobacter spp.* (BOUCHER et al, 2009). A resistência à múltiplas drogas deste grupo de agentes patogênicos aumenta a preocupação com o futuro de opções de tratamento, bem como os resultados clínicos (SOHAIL; LATIF, 2018. KARLOWSKY et al, 2017).

A contenção do fenômeno da resistência aos antimicrobianos associada às IRAS constitui um dos grandes desafios da ciência no século XXI (ASM, 2000). Apesar dos avanços, percebe-se ainda dados imprecisos sobre a ocorrência e distribuição das IRAS

em diferentes regiões do país, principalmente, pelas deficiências na coleta de informações que permitam o planejamento de ações de controle das infecções (BRASIL, 2013).

Assim, acredita-se que os dados deste estudo poderão subsidiar discussões, entre os profissionais de saúde, para a adoção de medidas que visem reduzir o risco de infecção e minimizar os índices de resistência antimicrobiana em unidades de terapia intensiva dos hospitais.

Desta forma, o presente trabalho tem como objetivo avaliar os dados clínicos, microbiológicos e epidemiológicos de infecções causadas por bactérias do grupo ESKAPE, isoladas a partir de espécimes clínicos de pacientes internados em uma UTI de um hospital de ensino da cidade de Juiz de Fora, MG.

2. MÉTODOS

2.1 Tipologia e Cenário do Estudo

Trata-se de um estudo epidemiológico observacional, descritivo de caráter retrospectivo. O estudo foi desenvolvido na Unidade de Terapia Intensiva (UTI) de um hospital de ensino na cidade de Juiz de Fora, Minas Gerais, que possui nove leitos e é centro de referência ao atendimento de pacientes da rede do Sistema Único de Saúde (SUS). Está localizado numa área de abrangência que engloba mais de 90 municípios da Zona da Mata Mineira e do estado do Rio de Janeiro e desenvolve atividades em níveis de complexidade primário, secundário e terciário, integrando ações de ensino, pesquisa e extensão.

Foram incluídos no estudo dados de participantes que adquiriram IRAS entre 2017 e 2018, dos quais foram isoladas e identificadas linhagens bacterianas pertencentes ao grupo ESKAPE no serviço de rotina bacteriológica do laboratório de microbiologia clínica. Foram excluídos dados epidemiológicos dos participantes que apresentaram infecções não causadas pelo grupo ESKAPE ou aqueles cujos registros não estavam completos.

2.2 Procedimento de Análise de Dados

Foram coletadas informações de prontuários referentes aos espécimes clínicos coletados de pacientes internados a partir do ano de 2017 até o ano de 2018, bem como dados epidemiológicos referentes à sua localização e atendimento no hospital, tais como: sexo, idade e evolução do paciente.

Os dados foram armazenados no programa Microsoft Office Excel 2007, Microsoft® Corporation, USA. Foram realizadas estatísticas descritivas por meio de frequências absolutas e relativas para variáveis categóricas e média e desvio padrão para variáveis numéricas. Para a análise dos dados foi utilizado o programa Graph Pad Prism (versão 8.0, San Diego, California).

2.3 Aspectos Éticos

O estudo foi aprovado pelo comitê de ética em pesquisa do Hospital universitário da Universidade Federal de Juiz de fora sob o número CAAE 02852818700005133.

De acordo com a orientação contida na Resolução CNS 466/2012, a pesquisa é caracterizada como de risco mínimo, uma vez que o método utiliza a coleta de informações a partir de fontes secundárias de dados dos pacientes. Não haverá interferência do pesquisador em nenhum aspecto do bem-estar físico, psicológico e social do participante. A identificação dos pacientes será feita por número de registro da pesquisa que será fornecido a cada ficha do presente estudo e esta lista será mantida em sigilo com os pesquisadores principais até o limite permitido pelas leis e/ou regulamentos aplicáveis. Em caso de publicação dos resultados do estudo, as identidades dos pacientes observados permanecerão confidenciais.

3. RESULTADOS

Na Tabela 1 podem ser observadas as características clínicas e demográficas dos participantes que foram elegíveis para as análises realizadas no presente estudo.

Tabela 1 – Características demográficas, clínicas e percentual de alta e óbito da amostra (Juiz de Fora, MG, 2021).

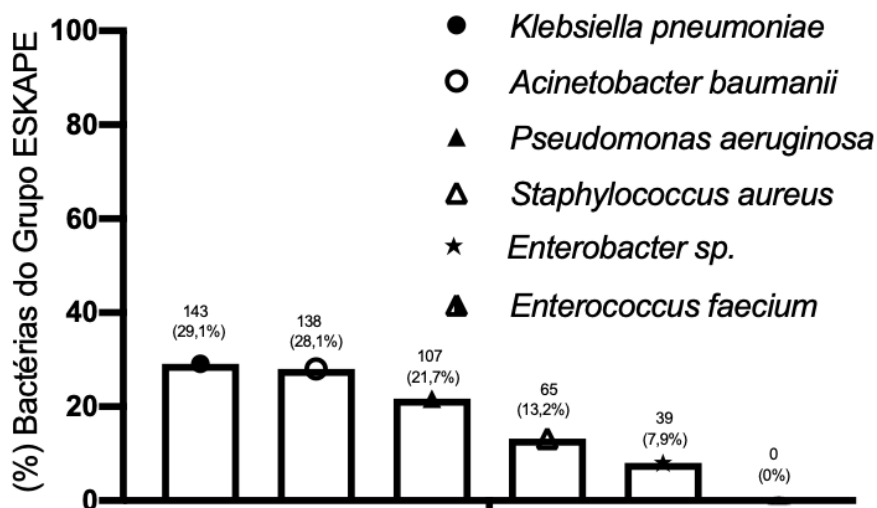
Variáveis	n=150
Sexo (n /%)	
Feminino	75 / 50%
Masculino	75 / 50%
Idade (média ± desvio padrão) amplitude	59 ± 18,2 anos (16 – 93 anos)
Perfil de Pacientes (n /%)	
Clínico	96 / 64%
Cirúrgico	54 / 36%
Etiologia da Admissão	
Doenças Cardiovasculares	6 / 4%
Doenças Digestivas	37 / 25%

Doenças Infecciosas	31 / 21%
Doenças Respiratórias	15 / 10%
Doenças Neurológicas	10 / 7%
Neoplasia	22 / 15%
Outras	22 / 15%
Trauma	7 / 3%
Evolução	
Alta	98 / 65%
Óbito	52 / 35%

Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

No período de 2017 a 2018 foram isoladas e identificadas a partir de espécimes clínicos recebidos da UTI do referido hospital de ensino, 1.111 linhagens de microrganismos. Destas, 492 (44,3%) foram identificadas como pertencentes ao grupo ESKAPE, conforme pode ser observado de forma detalhada, em valores percentuais, na Figura 1. A linhagem mais prevalente foi a espécie *Klebsiella pneumoniae* (29,1%), seguido por *Acinetobacter baumannii* (28,1%), *Pseudomonas aeruginosa* (21,7%), *Staphylococcus aureus* (13,2%) e *Enterobacter sp.* (7,9%). Não foram identificadas linhagens da espécie *Enterococcus faecium*.

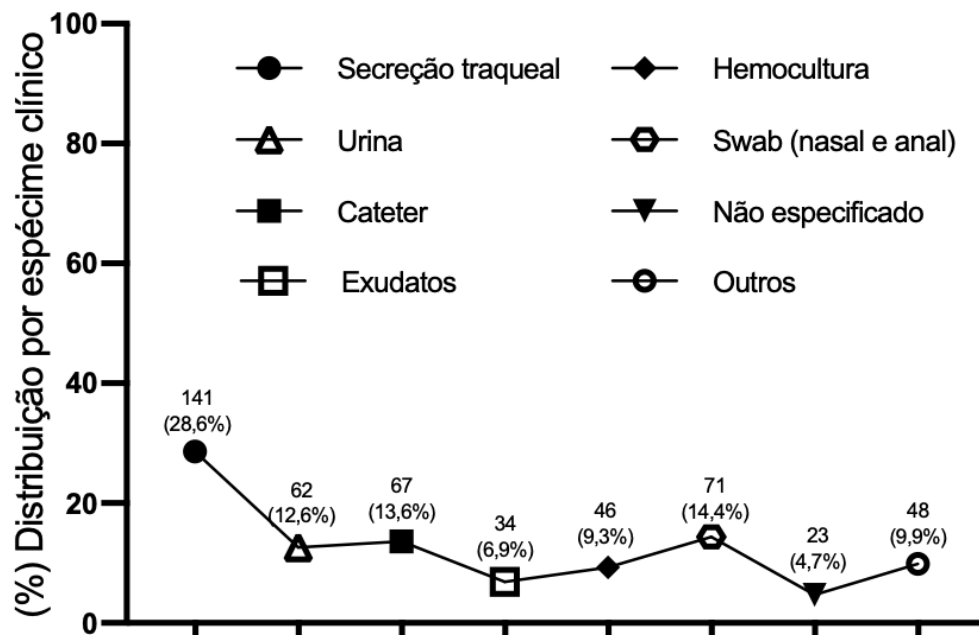
Figura 1 - Distribuição de isolamento, em valores percentuais, do grupo ESKAPE durante os anos de 2017 e 2018 (Juiz de Fora, MG, 2021).



Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

As linhagens dos espécimes clínicos enviados ao laboratório foram isolados a partir de secreções da traqueia, urina, catéter, exudatos, hemocultura, swab nasal e anal, dentre outros, conforme pode ser observado no Figura 2.

Figura 2 - Distribuição por espécime clínico, em valores.



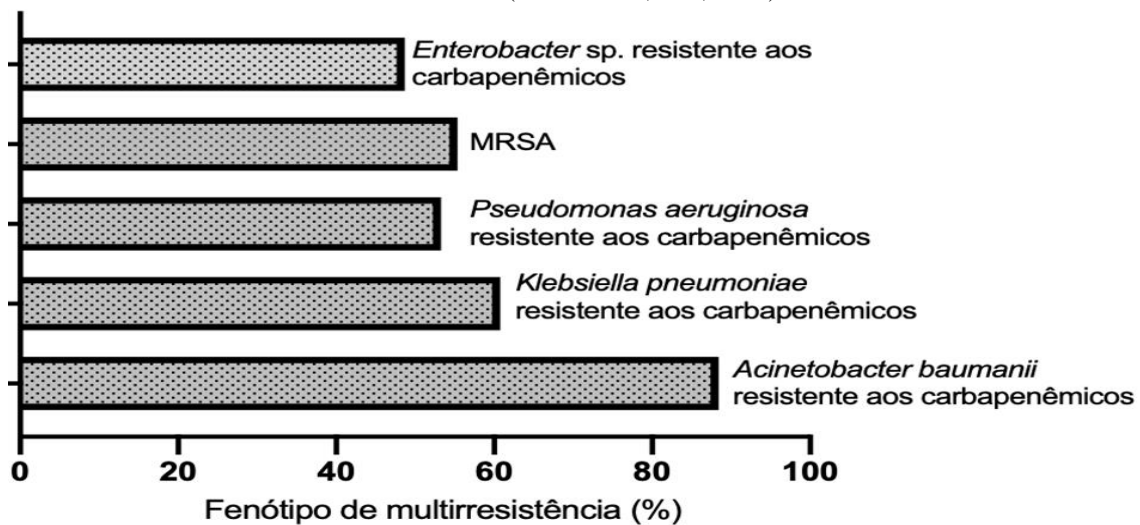
Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

Em relação ao perfil de susceptibilidade aos antimicrobianos, detectado pelo laboratório pelo método de disco-difusão, em geral para a linhagem *Acinetobacter baumannii*, observou-se uma alta frequência de resistência (superior a 70%) à meropenem (88,4%), imipenem (85,5%), cefotaxima e ceftriaxona (79%), piperacilina/tazobactam (77,5%), cefepime (76,1%), ciprofloxacino (71,1%) e ceftazidima (71%).

Para a linhagem *Klebsiella pneumoniae*, observou-se uma alta frequência de resistência (superior a 70%) contra a ampicilina (70,6%). Foi observado também taxas de resistência importantes contra cefepime, ceftazidima e ceftriaxona (63%), cefotaxima (61,6%), meropenem e ertapenem (60,8%).

Considerando o fenótipo de multirresistência entre as bactérias do grupo ESKAPE avaliadas, foi observada a ocorrência de 122 (88,4%) para *Acinetobacter baumannii* resistente aos carbapenêmicos, 87 (60,8%) para *Klebsiella pneumoniae* resistente aos carbapenêmicos, 57 (53,3%) para *Pseudomonas aeruginosa* resistente aos carbapenêmicos, 36 (55,4%) para *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina/oxacilina (MRSA) e 19 (48,7%) para *Enterobacter sp.* resistente aos carbapenêmicos (Figura 3).

Figura 3 – Fenótipo de multirresistência, em valores percentuais, do grupo ESKAPE durante os anos de 2017 e 2018 (Juiz de Fora, MG, 2021).



Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

4. DISCUSSÃO

No presente estudo a amostra foi constituída por 150 (100%) pacientes, com prevalência similar entre os sexos masculino (50%) e feminino (50%) e a média de idade foi de 59 anos ($\pm 18,2$) sendo a idade mínima de 16 e máxima de 93 anos. Nossos resultados, se assemelham ao estudo realizado em um hospital de Goiânia (MOTA; OLIVEIRA; SOUTO, 2018), que analisando 222 prontuários verificou que 51,8% eram do sexo feminino e 48,2% do sexo masculino e a faixa etária variando entre 1 a 94 anos, com média de idade de 59,7 anos. Já em São Luís do Maranhão, foi descrito a ocorrência de infecções relacionadas à assistência à saúde em uma UTI, em 50,4% de pacientes do sexo feminino (RODRIGUES; PEREIRA, 2016). Inúmeros fatores contribuem para a ocorrência de IRAS em todos os ambientes hospitalares, inclusive fatores intrínsecos ao paciente, sendo a idade um deles, como comprovado na literatura (SOUZA et al, 2015).

Em relação ao perfil clínico, 96 (64%) dos pacientes eram de origem do setor clínico e 54 (36%) do setor cirúrgico. As UTIs apresentam um perfil de internação de acordo com as especialidades de referência atendidas pelo hospital. Tal fato é demonstrado pelo perfil de pacientes avaliados neste estudo, predominantemente de caráter clínico, assim como encontrado em um estudo desenvolvido uma Unidade de Terapia Intensiva adulto de um hospital misto do Sudoeste do Paraná (ZONTA et al, 2020).

As principais etiologias de admissão na UTI foram doenças digestivas (25%), doenças infecciosas (21%), seguido de neoplasias (15%). O perfil clínico das admissões

deve-se à predominância de pacientes portadores de doenças crônicas que, devido ao seu quadro, tendem a apresentar complicações clínicas durante o período de internação (HESPANHOL et al, 2019. ARAÚJO et al, 2018). A presença de comorbidades é corroborada por dados encontrados em uma UTI de um hospital de ensino onde 59% também eram portadores de patologias crônicas. Assim, a presença de doenças crônicas é fator de risco para a colonização microbiana (BARROS; MAIA; MONTEIRO, 2016).

No que diz respeito ao desfecho clínico dos pacientes com IRAS investigados neste estudo, a percentagem de alta foi significativamente maior que o óbito, sendo 65%, resultado semelhante a um estudo realizado em uma UTI do Paraná, onde a taxa de alta foi de 61,6% (SOUZA et al, 2015). Este desfecho está diretamente associado a fatores relacionados ao quadro de entrada do paciente na UTI, ao número de aparelhos e à presença das IRAS (HESPANHOL et al, 2019).

Em nosso estudo, no período de 2017 a 2018 foram isoladas e identificadas a partir de espécimes clínicos recebidos da UTI, 1.111 linhagens de microrganismos. A linhagem mais prevalente foi a espécie *Klebsiella pneumoniae* (29,1%), seguido por *Acinetobacter baumannii* (28,1%), *Pseudomonas aeruginosa* (21,7%), *Staphylococcus aureus* (13,2%) e *Enterobacter sp.* (7,9%). Não foram identificadas linhagens da espécie *Enterococcus faecium*. Estes resultados são corroborados com dados de outro estudo que demonstrou que a maioria dos patógenos isolados de UTIs em alguns países da América Latina são do grupo ESKAPE, representando 47,8% (KARLOWSKY et al, 2017). A predominância das bactérias gram-negativas é um achado corroborado por outros estudos, onde foram registradas incidências desse grupo de bactérias de 72,9% a 82% (VERA et al, 2016. FAVARIN; CAMPONOGARA, 2012). Infecções causadas por estas bactérias estão relacionadas a elevados perfis de resistência, o que torna difícil o estabelecimento da terapêutica antimicrobiana e tem forte impacto no prognóstico de pacientes críticos, sendo responsáveis pelas altas taxas de mortalidade associada às IRAS em UTI (HESPANHOL et al, 2019).

No que tange a distribuição por espécime clínico, foram encontrados microrganismos do grupo ESKAPE em 28,6% em amostras de secreção traqueal, 14,4% em swab, 13,6% em cateter, 12,6% em urina, 9,9% em outros espécimes (como drenos, abscessos, líquido biliar, fragmento de biópsia, entre outros), 9,3% hemocultura, 6,9% exsudatos e 4,7% em espécime não especificado. Números que divergem dos isolados analisados em um hospital público primário no Distrito Federal, onde foram encontradas

bactérias ESKAPE principalmente na urina (46%), no esfregaço retal (19%), no esfregaço nasal (11%) e sangue (8%) (SILVA et al, 2017).

A *Klebsiella pneumoniae* foi a espécie mais frequente, 29,1%, principalmente, nas infecções do trato respiratório e infecção do trato urinário. Estudos confirmam a prevalência e a rápida disseminação mundial desse microrganismo no ambiente hospitalar, principalmente nas UTIs e destacam a importância deste agente etiológico para o contexto epidemiológico atual (GARCIA et al, 2018). Um estudo de revisão sistemática demonstrou que o pulmão foi o sítio mais comum de infecções relacionadas à *Klebsiella pneumoniae* (TISCHENDORF; AVILA; SAFDAR, 2016).

Considerando as infecções associadas, 39% das amostras bacterianas foram isoladas a partir de infecções relacionadas ao sistema respiratório. Patógenos do grupo ESKAPE, também foram isolados a partir do sistema urinário (16,0%), bacteremia relacionada a cateter (9,0%), sítio cirúrgico e bacteremia (6,0%), infecções de feridas (5,0%), do trato gastrointestinal (3,0%) e de infecções do sistema osteomuscular (2,0%). Em 14% das linhagens não foi possível determinar o tipo de infecção associada. A alta prevalência do grupo ESKAPE no sistema respiratório é reconhecida também em estudo realizado em um hospital da Romênia onde 61% dos isolados pertenciam ao grupo (PENES et al, 2017).

A alta taxa de resistência aos antimicrobianos encontrada no estudo ressalta a urgente necessidade de estratégia de prevenção e controle de IRAS de etiologia de microorganismos multirresistentes (LLACA-DIAZ et al, 2018).

A limitação terapêutica é um problema decorrente da alta prevalência dos patógenos ESKAPE, impactando na evolução clínica do paciente internado, principalmente àqueles em condições graves nas UTIs (ALVIM; COUTO; GAZZINELLI, 2009). Assim, a detecção laboratorial do grupo ESKAPE através de culturas de vigilância epidemiológica poderiam ser uma medida de prevenção e controle da disseminação desses microrganismos multirresistentes, principalmente nas UTIs (GARCIA et al, 2018). A vigilância do perfil de resistência podem ser uma ação estratégica contra o grupo ESKAPE (KARLOWSKY et al, 2017), e o seu reconhecimento pelo hospital pode levar a uma melhor escolha da terapia e potencialmente melhorar os desfechos centrados no paciente, tais como a morbidade e mortalidade, além de impactar na saúde financeira institucional (PENES et al, 2017).

Nosso estudo revelou a ocorrência representativa do fenótipo de multirresistência entre as bactérias do grupo ESKAPE isoladas a partir de infecções em uma unidade de terapia intensiva de um hospital de ensino, pela presença de *Acinetobacter baumannii*, *Klebsiella pneumoniae* e *Pseudomonas aeruginosa* resistente aos carbapenêmicos, MRSA e *Enterobacter sp.* resistente aos carbapenêmicos.

Genário e colaboradores (2022), em um estudo de revisão, apontaram que a resistência bacteriana relacionada ao uso de antimicrobianos na UTI é um grande desafio na atualidade, afetando todos os profissionais da saúde e exigindo que haja conscientização destes quanto ao uso de antimicrobianos de forma racional e direcionada. Ainda segundo o estudo, os autores relatam que os microrganismos vêm ao longo dos anos se adaptando e desenvolvendo mecanismos de resistência, o que condiz e reafirma a alarmante situação quanto a seu uso indiscriminado nas instituições, em especial nas unidades de terapia intensiva, acarretando em infecções de difícil tratamento. Por fim, ressalta-se a relevância em abordar e preparar as equipes de saúde quanto a sua responsabilidade em prevenir a ocorrência de infecções multirresistentes.

Assim, o conhecimento da ocorrência e perfil de resistência dos microrganismos em UTIs é fundamental para a prevenção da disseminação de linhagens multirresistentes e pode determinar estratégias de vigilância e controle tão necessárias ao enfrentamento da multirresistência antimicrobiana.

Este estudo apresentou limitações que devem ser reconhecidas. O número de pacientes incluídos e sua realização em centro único de assistência à saúde compromete a generalização dos dados; A coleta de dados foi realizada de forma retrospectiva e parte dela em cadernos de anotações manuscritos, evidenciando-se, muitas vezes, incompletude e ilegibilidade dos dados.

Ainda assim, estudos futuros são necessários para melhor caracterização do perfil clínico, microbiológico e epidemiológico de infecções associadas a bactérias do grupo ESKAPE em unidades de terapia intensiva, que possam contribuir para a discussão de estratégias de tratamento e contenção desses microrganismos neste ambiente.

REFERÊNCIAS

- ALVIM, A. L. S.; COUTO, B. R. G. M.; GAZZINELLI, A. Perfil epidemiológico de infecções associadas à assistência à saúde causadas por Enterobacteriaceae produtoras de Carbapenemase. *Rev. esc. enferm USP*, 2009; 53: e03474.
- ASM - AMERICAN SOCIETY FOR MICROBIOLOGY. Antimicrobial Resistance an Ecological Perspective. Report from the American Academy of Microbiology. American Society for Microbiology, Washington, D.C., 2000.
- ARAÚJO, P. L. et al. Prevalence of health assistance infection in patients hospitalized in intensive therapy unit. *Enferm glob*, 2018; 17:291-303.
- BARROS, L. L. S.; MAIA C. S. F.; MONTEIRO, M. C. Risk factors associated to sepsis severity in patients in the Intensive Care Unit. *Cad. Saúde Colet*, 2016; 24:388-396.
- BOUCHER, H. W. et al. Bad bugs, no drugs: no ESKAPE! An update from the Infectious Diseases Society of America. *Clin Infect Dis*, 2009; 48(1):1-12.
- BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Medidas de Prevenção de Infecção Relacionada à Assistência à Saúde Brasília, DF, 1ª edição, 2013.
- DING, J. G. et al. Retrospective analysis of nosocomial infections in the intensive care unit of a tertiary hospital in China during 2003 and 2007. *BMC Infect. Dis*, 2009; 9:1-6.
- FAVARIN, S. S.; CAMPONOGARA, S. Perfil dos pacientes internados na unidade de terapia intensiva adulto de um hospital universitário. *Revista de Enfermagem da UFSM*, 2012; 2:320-29.
- GARCIA, P. G. et al. Prevalência de enterobactérias produtoras de Klebsiella pneumoniae carbapenemase em culturas de vigilância epidemiológica em unidade de terapia intensiva de um hospital de ensino de Minas Gerais. *HU Revista*, 2018; 43: 199 - 203.
- GENÁRIO, L. R.; MACHADO, M. DE. A.; SCHEID, S. S.; CELLA, W.; GAZIM, Z. C.; RUIZ, S.P.; VALLE, J. S. DO.; FARIA, M. G. I. Resistência antimicrobiana na Infecção Urinária em Unidade de Terapia Intensiva. *Arquivos de Ciências da Saúde da UNIPAR*. Umuarama. v. 26, n. 3, p. 1325-1342, set./dez. 2022.
- HESPANHOL, L. A. B. et al. Infection related to Health Care in an adult Intensive Care Unit. *Enferm. Glob*, 2019; 18(53): 215- 54.
- KARLOWSKY, J. A. et al. Antimicrobial susceptibility of Gram-negative ESKAPE pathogens isolated from hospitalized patients with intra-abdominal and urinary tract infections in Asia–Pacific countries: SMART 2013–2015. *Journal of Medical Microbiology*, 2017; 66: 61–9.
- KLEVENS, R. M. et al. Estimating health care-associated infections and deaths in U.S. hospitals, 2002. *Public Health Rep*, 2007; 122: 160-6.
- LLACA-DIAZ, J. M. et al. One-Year Surveillance of ESKAPE Pathogens in an Intensive Care Unit of Monterrey, Mexico. *Quimioterapia*, 2018; 58:475-81.
- MACHADO, G. P. M. Aspectos epidemiológicos das infecções hospitalares. In: *Manual de Infecção Hospitalar*, MARTINS, M.A. (ed), 2ª ed. MEDSi. Rio de Janeiro, Brasil. p. 27-31, 2001.

MOTA, S. F.; OLIVEIRA, A. H.; SOUTO, F. C. R. Perfil e prevalência de resistência aos antimicrobianos de bactérias Gram-negativas isoladas de pacientes de uma unidade de terapia intensiva. *Rev. bras. anal. clin.*, 2018; 50: 270-7.

PENES, N. O. et al. An overview of resistance profiles ESKAPE pathogens from 2010-2015 in a tertiary respiratory center in Romania. *Rom J Morphol Embryol*, 2017; 58: 909-22.

RODRIGUES, C. N.; PEREIRA, D. C. A. Infecções relacionadas à assistência à saúde ocorridas em uma Unidade de Terapia Intensiva. *Rev Investig Bioméd São Luís*, 2016; 8:41-5.

SILVA, D. M. et al. Prevalence and antimicrobial susceptibility profile of ESKAPE pathogens from the Federal District, Brazil. *J. Bras. Patol. Med. Lab*, 2017; 53: 240-5.

SOHAIL, M.; LATIF, Z. Análise molecular, formação de biofilme e suscetibilidade de cepas de *Staphylococcus aureus* resistentes à meticilina, causando infecções associadas à comunidade e à saúde em cateteres venosos centrais. *Rev.Soc. Bras. Med. Trop. Uberaba*, 2018; 51: 603-9.

SOUZA, E. S. et al. Mortalidade e riscos associados à infecção relacionada à assistência à saúde. *Texto Contexto Enfermagem*, 2015; 24:220-8.

TISCHENDORF, J.; AVILA, R. A.; SAFDAR, N. Risk of infection following colonization with carbapenem-resistant Enterobacteriaceae: a systematic review. *Am J Infect Control*, 2016;44:539-43.

VERAS, A. S. et al. Perfil das infecções hospitalares nas unidades de terapia intensiva de um hospital de urgência. *Revista de Enfermagem UFPE*, 2016;10 (supl.1):194-201.

ZONTA, F. N. S. et al. Colonização por ESKAPES e características clínicas de pacientes críticos. *Enferm. glob*, 2020; 19:228-41.