

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA**  
**FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA**

Lucas Boaventura Martins Costa

***ESCAPE EM TÊXTEIS HOSPITALARES: ISOLAMENTO, IDENTIFICAÇÃO  
E PERfil EPIDEMIOLÓGICO***

**Uberlândia**  
**2025**

**Lucas Boaventura Martins Costa**

**ESKAPE EM TÊXTEIS HOSPITALARES: ISOLAMENTO, IDENTIFICAÇÃO  
E PERFIL EPIDEMIOLÓGICO**

Projeto de pesquisa apresentado à Coordenação do Curso de Graduação em Medicina Veterinária da Universidade Federal de Uberlândia, como requisito para a aprovação na disciplina de Trabalho de Conclusão de Curso I.

Orientador(a): Profa. Dra. Roberta Torres de Melo

Co-orientador(a): Ma. Letícia Roberta Martins Costa

**Uberlândia**

**2025**

## RESUMO

As bactérias do grupo ESKAPE são os patógenos responsáveis pelo maior número de mortes em todo o mundo. Sua capacidade de desenvolver resistência aos tratamentos disponíveis, associada a colonização de tecidos em ambientes hospitalares, como uniformes, toalhas, lençóis, é um problema para a saúde pública, principalmente para os indivíduos em tratamento intensivo. Diante disso, objetivou-se isolar e identificar bactérias das espécies *Enterococcus faecium*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Enterobacter* spp., presentes em amostras de uso provenientes de lavanderias hospitalares e mensurar seu perfil de resistência. Foram coletadas nove amostras de tecidos, higienizados e não higienizados, provenientes de lavanderias hospitalares do segmento cirúrgico. A quantificação microbiológica (UFC/mL) foi realizada por meio de diluições seriadas até  $10^{-8}$  e cultivo em Plate Count Agar (PCA). Para o isolamento de microrganismos do grupo ESKAPE, utilizamos diluições seriadas até  $10^{-5}$ , filtração em membranas estéreis e inoculação em meios cromogênicos seletivos (KPC e ESBL), com e sem adição de antibióticos. Ao final, 19 colônias típicas e resistentes foram selecionadas para identificação e análise do perfil de sensibilidade a antimicrobianos no sistema automatizado VITEK® 2 COMPACT. Os resultados foram interpretados segundo as diretrizes do BRCAST e analisados por meio de estatística descritiva e ANOVA, utilizando o software GraphPad. Os dados obtidos indicaram que o processo de lavagem foi eficaz na redução da carga microbiana, mas com detecção de crescimento residual em 50% (1/2) das amostras limpas. Nos tecidos sujos, os principais microrganismos encontrados foram *P. aeruginosa*, *E. coli*, e os complexos *A. baumannii* e *E. cloacae*. Dentre os isolados, 26,3% (5/19) foram classificados como multirresistentes, com destaque à resistência aos  $\beta$ -lactâmicos, que atingiu 68,4% (13/19) das bactérias analisadas. Os achados servem como evidência preliminar da persistência de bactérias patogênicas e resistentes em tecidos higienizados. O que sugere a necessidade de protocolos aprimorados de lavagem e vigilância contínua, enquanto estudos com maior amostragem são necessários para validar e expandir essas observações.

**Palavras-chave:** resistência microbiana, One health, têxteis hospitalares, segmento cirúrgico, lavanderias hospitalares

## ABSTRACT

The ESKAPE group of bacteria are the pathogens responsible for the largest number of deaths worldwide. Their ability to develop resistance to available treatments, combined with the colonization of textiles in hospital environments—such as uniforms, towels, and bed linens—poses a significant public health problem, especially for individuals in intensive care. Therefore, this study aimed to isolate and identify bacteria of the species *Enterococcus faecium*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Enterobacter* spp. present in samples from hospital laundries and to measure their resistance profile. Nine textile samples, both sanitized and unsanitized, were collected from hospital laundries in the surgical sector. Microbiological quantification (CFU/mL) was performed through serial dilutions up to  $10^{-8}$  and cultivation on Plate Count Agar (PCA). For the isolation of microorganisms from the ESKAPE group, we used serial dilutions up to  $10^{-5}$ , filtration through sterile membranes, and inoculation on selective chromogenic media (KPC and ESBL), with and without the addition of antibiotics. Ultimately, 19 typical and resistant colonies were selected for identification and antimicrobial susceptibility profile analysis using the VITEK® 2 COMPACT automated system. The results were interpreted according to the BrCAST guidelines and analyzed using descriptive statistics and ANOVA with GraphPad software. The data obtained indicated that the washing process was effective in reducing the microbial load, but with residual growth detected in 50% (1/2) of the clean samples. In the soiled fabrics, the main microorganisms found were *P. aeruginosa*, *E. coli*, and the *A. baumannii* and *E. cloacae* complexes. Among the isolates, 26.3% (5/19) were classified as multidrug-resistant, with notable resistance to  $\beta$ -lactams, which reached 68.4% (13/19) of the analyzed bacteria. These findings serve as preliminary evidence of the persistence of pathogenic and resistant bacteria on sanitized textiles. This suggests the need for improved washing protocols and continuous surveillance, while studies with a larger sample size are necessary to validate and expand on these observations.

**Keywords:** microbial resistance, One Health, hospital textiles, surgical segment, hospital laundries

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>6</b>
<b>2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....</b>	<b>8</b>
<b>2.1 Patógenos prioritários de importância em saúde única.....</b>	<b>8</b>
<b>2.2 Resistência antimicrobiana em ambientes hospitalares.....</b>	<b>9</b>
<b>2.3 Características dos têxteis hospitalares e sua relação com a retenção de patógenos..</b>	<b>11</b>
<b>2.4 Aspectos epidemiológicos em lavanderias hospitalares.....</b>	<b>11</b>
<b>2.5 Diretrizes internacionais para controle de infecções em têxteis hospitalares.....</b>	<b>12</b>
<b>2.6 Processo de lavagem de têxteis hospitalares de ambiente cirúrgico.....</b>	<b>13</b>
<b>3 METODOLOGIA.....</b>	<b>16</b>
<b>3.1 Coleta e envio das amostras.....</b>	<b>16</b>
<b>3.2 Preparo da amostra e quantificação microbiológica.....</b>	<b>16</b>
<b>3.3 Isolamento e identificação de bactérias por filtração em meios Seletivos.....</b>	<b>17</b>
<b>3.4 Identificação Microbiana e Teste de Sensibilidade Antimicrobiana com VITEK® 2</b>	<b>18</b>
<b>3.5 Análises Estatísticas.....</b>	<b>19</b>
<b>4 RESULTADOS.....</b>	<b>20</b>
<b>5 DISCUSSÃO.....</b>	<b>28</b>
<b>6 CONCLUSÃO.....</b>	<b>33</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>34</b>

## 1 INTRODUÇÃO

Dentro do conceito de “Uma só saúde”, a emergência de patógenos que representam um risco considerável para a saúde pública, tem se tornado um problema comum e preocupante, tornando necessária uma atenção maior no seu controle e prevenção. O desenvolvimento de resistência a antimicrobianos é um dos fatores principais que direcionam a atenção prioritária a esses microrganismos (PITT *et al.*, 2024; OMS, 2023).

O grupo de bactérias que mais se destaca e causa preocupação nesse cenário é o ESKAPE formado por seis espécies com alta capacidade de resistir a vários antibióticos e de causar infecções graves em ambientes hospitalares, representando as bactérias com maiores taxas de mortalidade a nível mundial (KEVIN *et al.*, 2022; MUNTEAN *et al.*, 2022).

Esse grupo inclui as espécies — *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Enterobacter* spp. Essas bactérias são frequentemente associadas a quadros infecciosos em hospitais, especialmente em unidades de terapia intensiva, onde os pacientes tendem a estar mais vulneráveis e com o sistema imunológico comprometido, o que favorece o desenvolvimento da resistência antimicrobiana e, consequentemente, prejudica a recuperação do paciente, com risco de evolução para óbito (SOUZA *et al.*, 2021; LOAIZA *et al.*, 2023). Além disso, elas apresentam características que favorecem sua sobrevivência em microambientes presentes nos têxteis hospitalares, caracterizando um importante meio de disseminação dentro do ambiente hospitalar (SANDERS D.;GRUNDEN, A.; DUNN, R. R, 2021; DIXIT *et al.*, 2023).

A lavagem têxtil em lavanderias hospitalares deve garantir a eliminação de agentes patogênicos e de sujidades que possibilitem a sua proliferação. Os cuidados nesse processo devem seguir procedimentos em documentos oficiais (FONTOURA ; GONÇALVES; SOARES, 2016; SEHULSTER *et al.*, 2015). No Brasil a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) protocolou orientações que abrangem desde a coleta do material até a sua distribuição para os diferentes setores de saúde, com ênfase nas etapas de umectação, enxágues, pré-lavagem, lavagem, alvejamento, enxágues, acidulação e amaciamento, aplicadas no processamento de roupas com sujidades mais intensas (ANVISA, 2009).

Diante disso, é essencial garantir que a lavagem dos têxteis hospitalares seja realmente eficaz na eliminação de microrganismos, principalmente das bactérias resistentes, que oferecem risco à saúde dos pacientes. Detectar esses microrganismos nos tecidos é um passo importante para aumentar a segurança no ambiente hospitalar e prevenir infecções.

(SCHNEIDER *et al.*, 2023).

Assim, este trabalho tem como objetivo investigar a presença, a frequência e as características das bactérias do grupo ESKAPE em têxteis hospitalares, do segmento cirúrgico, a fim de compreender seu papel na disseminação de patógenos dentro do ambiente hospitalar.

## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Patógenos prioritários de importância em saúde única

O conceito de "Uma Só Saúde", também conhecido como "One Health", propõe uma abordagem que reconhece a forte conexão entre a saúde humana, animal e ambiental. Essa perspectiva busca entender como alterações em uma dessas áreas podem afetar as outras, destacando a interdependência entre esses sistemas (ZINSSTAG *et al.*, 2023). Dentro desse contexto, há patógenos que representam um risco considerável para a saúde pública, para os animais e para o equilíbrio ambiental, com o potencial de desencadear surtos, epidemias e até pandemias. Assim, a identificação e o monitoramento desses patógenos se tornam fundamentais para evitar e controlar doenças novas ou que estão retornando (PITT *et al.*, 2024; OMS, 2023).

Em 2019, aproximadamente 7,7 milhões de mortes em todo o mundo foram relacionadas a 33 patógenos específicos. Entre os mais responsáveis por essas estatísticas estão *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Streptococcus pneumoniae*, *Klebsiella pneumoniae* e *Pseudomonas aeruginosa* (KEVIN *et al.*, 2022). Um dos motivos que tornam esses microrganismos ainda mais preocupantes é que, ao longo dos anos, eles vêm desenvolvendo formas de resistir aos medicamentos usados em seu tratamento. Isso, consequentemente, enfraquece os efeitos dos antimicrobianos e dificulta a recuperação dos pacientes (IRUKA *et al.*, 2024). Diversos fatores contribuem para a redução da eficácia dos antibióticos, como o uso inadequado de medicamentos, a falta de adesão ao tratamento por parte dos pacientes, infecções repetidas e as características biológicas das bactérias, que favorecem o surgimento e a seleção de cepas resistentes aos tratamentos disponíveis (Brown, Calero-Cácere; Muniesa 2015).

Atualmente, a abordagem de saúde única tem enfrentado grandes desafios em todo o mundo, especialmente em relação a esse cenário. O aumento constante da resistência a antimicrobianos pelos patógenos que afetam a saúde humana não tem sido acompanhado pelo avanço de novas tecnologias com potencial eficaz contra as bactérias (OMS, 2024).

No ano de 2021, foram estimadas 4.17 milhões de mortes causadas por agentes com resistência a antimicrobianos (RAM) sendo, 1.14 milhões destas, causadas pelo cenário de resistência, com destaque a *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina e a bactérias Gram negativas resistentes a carbapenêmicos (NAGHAVI *et al.*, 2024).

Nesse sentido, a Organização Mundial de Saúde (OMS), no início de 2024, utilizou diversos critérios, como mortalidade, morbidade, disponibilidade de tratamentos e, principalmente, o desenvolvimento de novas resistências, para seleção de uma lista de patógenos que necessitam de atenção prioritária para o desenvolvimento de novas tecnologias.

No grupo crítico estão *Enterobacterales* resistentes aos carbapenêmicos, *Enterobacterales* resistentes a cefalosporinas de terceira geração e *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenêmicos. No grupo de alta prioridade, destacam-se *Salmonella typhi* resistente a fluoroquinolonas, *Shigella* spp. resistente a fluoroquinolonas, *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina, *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenêmicos, *Salmonella* não tifóide resistente a fluoroquinolonas, *Neisseria gonorrhoeae* resistente a cefalosporinas de terceira geração e/ou fluoroquinolonas, e *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina. Por fim, no grupo de média prioridade, encontram-se *Streptococcus* do grupo A resistentes aos macrolídeos, *Streptococcus pneumoniae* resistente a macrolídeos, *Haemophilus influenzae* resistente a ampicilina e *Streptococcus* do grupo B resistentes à penicilina (OMS, 2024).

Pesquisas sobre a distribuição de isolados de amostras clínicas provenientes de infecções hospitalares indicam uma preocupação crescente com a presença de bactérias multirresistentes, como *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*, *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina e *Enterococcus* resistente à vancomicina, que compõem o grupo ESKAPE (AYOBAMI *et al.*, 2022). Este grupo, comumente isolado de ambientes clínicos, é composto por bactérias notoriamente capazes de adquirir níveis elevados de resistência aos antimicrobianos, sendo responsáveis por infecções difíceis de tratar ou, em alguns casos, com opções terapêuticas inexistentes (MUNTEAN *et al.*, 2022). Diante disso, as infecções causadas por essas bactérias são reconhecidas como uma das principais causas de morbidade e mortalidade em nível global (NAVIDINIA *et al.*, 2017).

## 2.2 Resistência antimicrobiana em ambientes hospitalares

Bactérias patogênicas são responsáveis pela morte de milhões de indivíduos ao redor do mundo anualmente. Desse total, 16% das mortes foram causadas por infecções por bactérias resistentes a antibióticos utilizados em seu tratamento. A ignorância referente a esse cenário, somada ao crescimento ativo da RAM, compromete a qualidade de vida da população

pelas maiores chances de contrair infecções e menores chances de cura. Isso é visto na prática ao analisar a crescente taxa de mortes neonatais por infecções (IRUKA *et al.*, 2024).

Os entraves relacionados à RAM vão além da relação patógeno-homem. A ocorrência de enfermidades causadas por microrganismos resistentes em animais prejudica a produção de alimentos de origem animal e a consequente distribuição desse recurso para a população (IRUKA *et al.*, 2024).

O desenvolvimento de infecções em pacientes, por patógenos proveniente do próprio ambiente hospitalar, caracteriza a ocorrência das infecções nosocomiais (LIU JY; DICKTER JK., 2020). Esse processo torna-se expressivo ao avaliar que mais da metade dos indivíduos submetidos a terapia intensiva, que desenvolvem sepse por infecções hospitalares, vão a óbito por essa complicaçāo (OMS, 2022) .

O desenvolvimento de novos mecanismos de RAM é intensificado pelo mal planejamento do uso de tais medicamentos e, quando associados ao ambiente hospitalar, aumenta as taxas de morbidade e de mortalidade de infecções nosocomiais (LOAIZA *et al.*, 2023). Pacientes em terapia intensiva estão mais predispostos a se infectar e a desenvolver bactérias multirresistentes em virtude do sistema imunológico debilitado, da permanência no ambiente por longos períodos, e da necessidade de uso contínuo e de altas doses de antimicrobianos (SOUZA *et al.*, 2021).

Bactérias resistentes a três ou mais classes de antimicrobianos são classificadas como multirresistentes (MDR), o que significa resistência a, pelo menos, um agente em três ou mais categorias de antimicrobianos. A resistência extensa a medicamentos (XDR) é definida como resistência a, pelo menos, um agente em todas as categorias. Já a resistência total a medicamentos (PDR) define-se como resistência a todos os agentes de todas as categorias (MAGIORAKOS *et al.*, 2012).

A contaminação de materiais e superfícies hospitalares por bactérias representa uma ameaça para a saúde dos pacientes. Microrganismos patogênicos, que apresentam RAM, permanecem viáveis nesses microambientes e são levados à porta de entrada de novos organismos e geram novas infecções (SOUZA *et al.*, 2021) .

## **2.3 Características dos têxteis hospitalares e sua relação com a retenção de patógenos**

Os tecidos utilizados na fabricação de roupas têm a capacidade de criar um ambiente propício para a sobrevivência de diversos microorganismos. No caso das bactérias, a capacidade de aderir aos tecidos é o primeiro passo para a multiplicação e seguinte formação de biofilme (SANDERS *et al.*, 2021).

A composição química, a rugosidade e a carga superficial dos tecidos são fatores que influenciam essa situação. Em estudos realizados, diferentes tipos de tecidos foram testados para comparar a adesão de patógenos conhecidos, como *S. aureus* e *P. aeruginosa*. Os resultados indicaram que tecidos como o poliéster e os acrílicos apresentaram uma maior taxa de adesão, enquanto a lã teve uma taxa intermediária e o algodão e o nylon mostraram uma taxa bem baixa (VARSHNEY *et al.*, 2021).

Além disso, as bactérias apresentam seus próprios fatores que intensificam ou reduzem sua adesão. Como exemplo, estudos constataram que *Staphylococcus* spp. apresentam maior capacidade de aderência ao algodão e ao poliéster em comparação com *E. coli* (SANDERS *et al.*, 2021). Assim como relatos da persistência de: *Acinetobacter* spp. , *P. aeruginosa*, *E. coli*, *S. aureus*, *K. pneumoniae*, *Enterococcus* spp. , e *Streptococcus pyogenes*, em tecidos de diversos materiais diferentes, por longos períodos à temperatura ambiente (DIXIT *et al.*, 2023).

O cenário de retenção de patógenos, quando associado com o ambiente hospitalar, torna-se um problema ainda maior. A capacidade de reter fômites e a exposição a patógenos possivelmente multi-resistentes fornece um ambiente com nutrientes e umidade propícios para a proliferação bacteriana (DIXIT *et al.*, 2023).

Diante disso, a participação de têxteis hospitalares contaminados, como jalecos, batas cirúrgicas, roupas de cama, dentre outros, já foi associada em estudos com a transferência de patógenos na causa de infecções nosocomiais (DIXIT *et al.*, 2023).

## **2.4 Aspectos epidemiológicos em lavanderias hospitalares**

As lavanderias hospitalares desempenham um papel fundamental no funcionamento adequado de clínicas e hospitais, ao disponibilizar roupas devidamente limpas e livres de contaminação para todos os setores (FONTOURA; GONÇALVES; SOARES, 2016). Contudo, sabe-se que há a associação entre roupas hospitalares contaminadas e o aumento das infecções nosocomiais em pacientes. Nesse contexto, a adesão dos patógenos a diferentes

tipos de tecidos favorece a formação de biofilmes, o que facilita a propagação desses agentes para outros indivíduos (DIXIT *et al.*, 2023).

O processo de lavagem têxtil, no âmbito microbiológico, tem como objetivo fundamental, a eliminação de microrganismos patogênicos. Quando esse processo é ineficaz, ocorre a contaminação de outros tecidos e do sistema de lavagem, o que permite a recontaminação de produtos que já haviam sido higienizados (BOCKMÜHL; SCHAGES; REHBERG, 2019).

Estudos foram realizados visando avaliar a contaminação do ambiente de lavanderias hospitalares por agentes patogênicos. Em uma lavanderia dos Estados Unidos, foram encontrados, tanto na área limpa, como na área suja, contaminação de superfícies por *Clostridium difficile*, *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina e *Enterococcus* resistentes a vancomicina (MICHAEL *et al.*, 2017). Há também, constatações de surtos que ocorreram entre 1970 até 2015 nos Estados Unidos associados com a presença de patógenos em tecidos hospitalares que passaram por uma lavagem ineficiente (SEHULSTER *et al.*, 2015).

## **2.5 Diretrizes internacionais para controle de infecções em têxteis hospitalares**

No caso dos têxteis hospitalares, as principais formas de transmissão de microrganismos são o contato direto e as gotículas. Quando um paciente apresenta uma suspeita ou confirmação dessas afecções, é necessário tomar medidas de controle e prevenção da propagação desses agentes para outros indivíduos. Nesse sentido, são implementadas diretrizes para guiar esse processo (EIKELENBOOM-BOSKAMP *et al.*, 2019).

A adoção de Equipamento de Proteção Individual (EPI) cria barreiras importantes contra a chegada dos patógenos às mucosas e ao uniforme do atendente de saúde durante o atendimento do paciente, como máscaras e aventais. Esses materiais devem ser retirados antes da saída da área de risco e direcionados corretamente ao descarte ou, caso seja possível e permitida a reutilização, à lavagem e reprocessamento. Além disso, se o uniforme for contaminado com conteúdo infeccioso, ele deve ser lavado junto com os demais tecidos hospitalares (EIKELENBOOM-BOSKAMP *et al.*, 2019).

Assim como o vestuário, os tecidos presentes no ambiente, como toalhas, roupas de cama, dentre outros, também estão passíveis de contaminação. Contudo, caso o manejo desses têxteis seja feito de maneira organizada e controlada, os riscos de transmissão diminuem drasticamente.

Os cuidados e procedimentos essenciais estão descritos em documentos como as Diretrizes para o Controle de Infecções Ambientais em Instalações de Saúde pelo *U.S. Department of Health and Human Services Centers for Disease Control and Prevention (CDC)*. Essas publicações orientam desde a retirada do material, seu condicionamento, transporte, manipulação, processamento e entrega para as instalações hospitalares (Siegel *et al.*, 2007).

## **2.6 Processo de lavagem de têxteis hospitalares de ambiente cirúrgico**

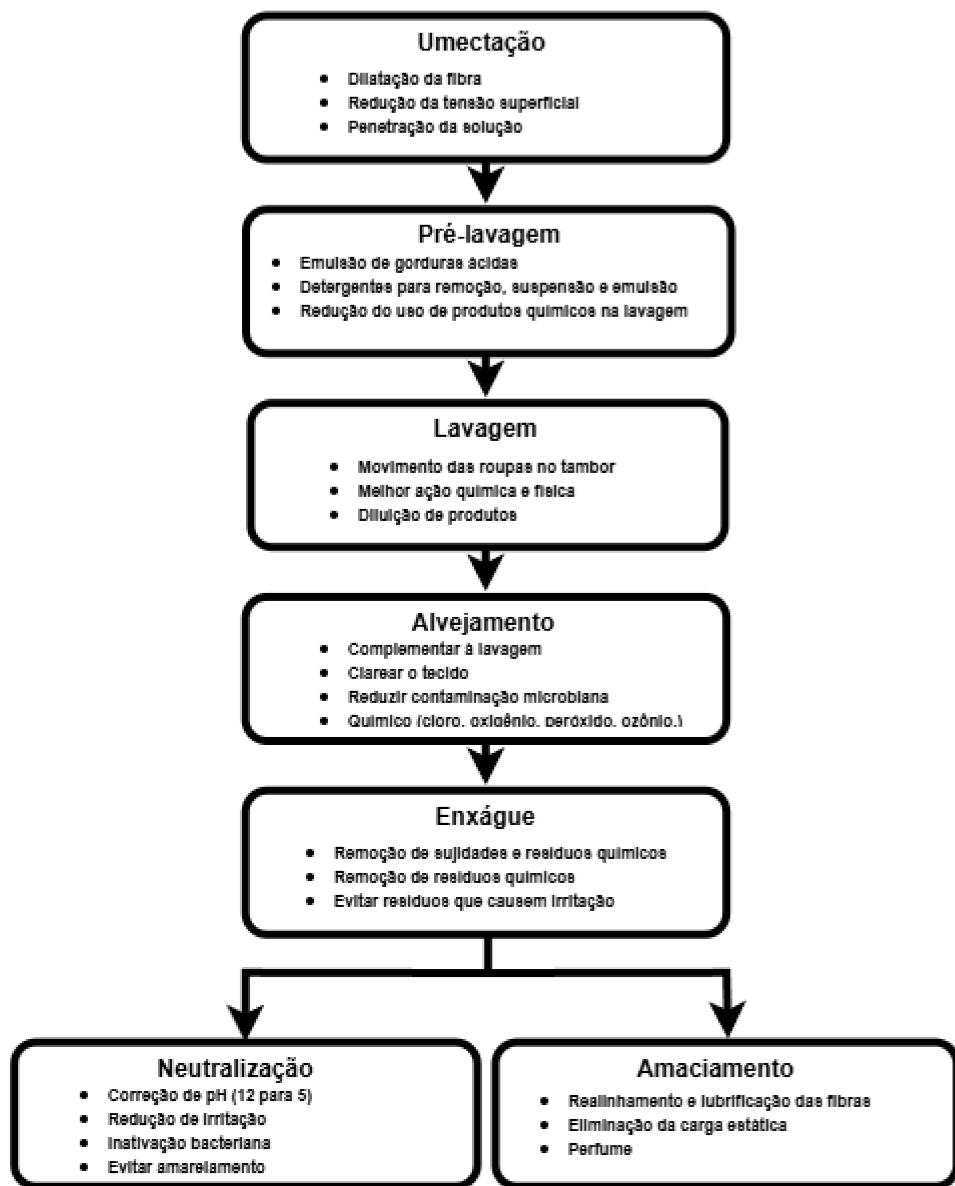
O processamento efetivo de higienização de roupas de serviços de saúde apresenta grande importância na prevenção da disseminação de patógenos no meio hospitalar. Nesse sentido, a ANVISA protocolou orientações nesse processo a fim de garantir o controle e prevenção de riscos nessa atividade por meio do Manual Processamento de Roupas de Serviços de Saúde - Prevenção e controle de riscos.

O procedimento inicia-se nos cuidados com a remoção da roupa suja das unidades geradoras. O manuseio do conteúdo deve ser o mínimo possível para evitar a disseminação dos agentes no ambiente e proteger os trabalhadores. Os tecidos devem ser acondicionados imediatamente em sacos *hamper* sem a necessidade de separar sua origem, já que estudos mostram que o nível de contaminação não se altera.

Na unidade de recebimento ocorre a classificação e pesagem da roupa. O parâmetro para separação pelo grau de sujidade utiliza a presença ou ausência de fluidos corporais, como sangue e fezes, caracterizando respectivamente sujidade pesada e sujidade leve. Essa parte do processo apresenta alto risco para os trabalhadores pelo grande manuseio das peças.

O ciclo ideal para realização eficiente da lavagem de roupas com sujidade pesada consiste na realização de um ciclo completo de lavagem, o qual engloba: umectação, enxágues, pré-lavagem, lavagem, alvejamento, enxágues, acidulação e amaciamento como descrito no fluxograma (Figura 1).

Figura 1 - Ciclos e fases do processo de lavagem de têxteis hospitalares do segmento cirúrgico



Fonte:Manual de Processamento de Roupas de Serviços de Saúde da Anvisa (2009)

A lavagem é um processo estruturado que segue uma sequência específica de etapas. A ação mecânica, somada à temperatura, ao tempo e ao uso de agentes químicos, permite a remoção de grande parte das sujidades concomitantemente com a de agentes patogênicos presentes. A associação com a fase de alvejamento é imprescindível para garantir uma diminuição da contaminação. Nela, é preconizado o uso de produtos a base de cloro e oxigênio, mas outras alternativas também são possíveis, como o peróxido de hidrogênio, o perborato de sódio, dentre outros.

No caso da necessidade de tecidos em técnicas assépticas, como os procedimentos cirúrgicos, é necessário submetê-los a esterilização após o processo de lavagem para assegurar a eliminação das formas esporuladas dos microrganismos.

### **3 METODOLOGIA**

#### **3.1 Coleta e envio das amostras**

Para este estudo, foram coletadas nove amostras de tecidos em lavanderias hospitalares do setor cirúrgico, sendo sete provenientes de tecidos não higienizados (coletas 1, 2, 3, 4, 5, 7, 9) e duas de tecidos já higienizados (coletas 6 e 8). As coletas foram realizadas pela empresa Lima & Pergher, entre os meses de Outubro de 2024 e Junho de 2025. As amostras foram encaminhadas aos Laboratórios de Biotecnologia Animal Aplicada (LABIO) e de Epidemiologia Molecular (LEPMOL) da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), onde foram processadas em até 24 horas após a coleta. Durante esse período, as amostras permaneceram sob condições adequadas de refrigeração, garantindo a qualidade das análises seguintes.

#### **3.2 Preparo da amostra e quantificação microbiológica**

Após a chegada dos tecidos, a primeira etapa consistiu na preparação das amostras. Para isso, foram pesados 25 gramas de tecido hospitalar (incluindo roupas de cama e panos de campo cirúrgico) sobre uma superfície estéril, manipulados em fluxo laminar, e em seguida fragmentados cuidadosamente. O material obtido foi então transferido para um recipiente contendo 225 mL de solução salina estéril a 0,9% (solução de trabalho) e homogeneizado manualmente.

A solução obtida foi dividida em sete tubos estéreis de 10 mL cada. Um deles foi utilizado para preparar as diluições seriadas, que permitem quantificar a carga microbiana. Os outros seis foram destinados ao isolamento e identificação de bactérias por meio de filtração em meios seletivos.

O processo de diluição foi feito da seguinte forma: 1 mL da solução trabalho foi transferido para um tubo contendo 9 mL de solução salina estéril, formando a diluição  $10^{-1}$ . Após homogeneização em vortex, 1 mL dessa nova solução foi transferido para outro tubo com mais 9 mL de solução salina estéril, formando a diluição  $10^{-2}$ . Esse processo foi repetido sucessivamente até alcançar a diluição  $10^{-8}$ .

Em seguida, 1 mL de cada diluição foi inoculado em placas de Petri contendo o meio de cultura *Plate Count Agar – PCA* (Merck ®), utilizando o método pour plate. Nesse método, o meio ainda líquido é vertido sobre a amostra já depositada na placa. As placas foram levemente agitadas para garantir a homogeneização, deixadas em repouso até a

completa solidificação e incubadas a 37 °C por 48 horas. Após esse período, foi realizada a contagem das colônias formadas, permitindo estimar a carga microbiana total presente na amostra.

### **3.3 Isolamento e identificação de bactérias por filtração em meios Seletivos**

Com o objetivo de isolar bactérias do grupo ESKAPE presentes em tecidos hospitalares contaminados, buscou-se identificar espécies resistentes que representam risco à saúde pública, especialmente em ambientes clínicos.

Para isso, após o preparo da amostra, os seis tubos contendo 10 mL da solução de trabalho foram utilizados no processo de isolamento seletivo das bactérias resistentes. A partir de cada um desses tubos, foram realizadas diluições seriadas até a concentração de  $10^{-5}$ , com o objetivo de se obter diferentes níveis de concentração da amostra. Em seguida, cada uma dessas diluições foi filtrada individualmente por um sistema de filtração a vácuo, utilizando membranas estéreis com poros de 0,45  $\mu\text{m}$  e 47 mm de diâmetro. A bomba de vácuo facilita esse processo, retendo os microrganismos na superfície da membrana.

Depois da filtração, cada membrana foi cuidadosamente transferida com o auxílio de uma pinça estéril para o centro de uma placa de Petri contendo meios cromogênicos específicos, com ou sem a adição de antibióticos. Esses meios permitem tanto a seleção quanto a diferenciação das bactérias de interesse. Para cada diluição, foram utilizadas placas contendo o meio KPC, voltado para o isolamento de bactérias produtoras de carbapenemase (como *Klebsiella pneumoniae*), e o meio ESBL, que identifica microrganismos produtores de  $\beta$ -lactamases de espectro estendido. Ambos os meios com os suplementos prontos para uso são fornecidos pela marca Laborclin.

Após a aplicação das membranas, as placas foram deixadas em repouso por alguns minutos para garantir boa adesão da membrana ao meio. Em seguida, foram incubadas a 37 °C por um período de 24 horas. No dia seguinte, realizamos a leitura das placas, com contagem das colônias e observação das características visuais, como cor e formato, de acordo com os meios utilizados.

Os meios cromogênicos ESBL e KPC possibilitam diferenciar grupos bacterianos pela coloração das colônias: colônias róseas, magentas ou avermelhadas indicam a presença de *Escherichia coli*; verde-escuras a azul metálico, com ou sem halo rosado, sugerem bactérias do grupo KESC (*Klebsiella*, *Enterobacter*, *Serratia* ou *Citrobacter*); colônias cinza a

esverdeadas podem indicar *Pseudomonas spp.*; amareladas a marrons com halo escuro são características de *Proteus*, *Morganella* ou *Providencia*; já colônias brancas a transparentes indicam *Acinetobacter spp.* Quando não há crescimento, é possível que haja inibição por sensibilidade aos antibióticos ou presença de leveduras e fungos.

A partir das placas suplementadas com antibiótico, foram selecionadas até cinco colônias com características sugestivas de resistência, considerando aspectos como cor e formato referentes ao grupo ESKAPE. Essas colônias foram repicadas em novos meios seletivos contendo antibiótico, garantindo o isolamento e a purificação de cada cepa resistente. Após apresentarem crescimento uniforme e estável, as bactérias foram armazenadas em tubos Eppendorf com caldo *Brain and Heart Infusion* - BHI (Oxoid ®) acrescido de 5% de glicerol e mantidas em ultra-freezer a -80 °C. Somente então, as cepas ficaram prontas para a etapa de identificação automatizada.

### **3.4 Identificação Microbiana e Teste de Sensibilidade Antimicrobiana com VITEK® 2**

Após o isolamento e a purificação das cepas bacterianas, 19 isolados oriundos de amostras de tecidos hospitalares sujos, foram selecionados para a identificação automatizada, procurando incluir colônias de diferentes cores e aspectos, a fim de ampliar a variedade dos perfis identificados. Para isso, utilizou-se o sistema VITEK® 2 COMPACT (Biomérieux). As cepas previamente armazenadas em tubos Eppendorf com caldo BHI e glicerol a -80 °C foram reativadas em meios de cultura apropriados, de acordo com a sua classificação preliminar.

Para as bactérias Gram-negativas, como *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Enterobacter spp.*, a reativação foi feita em meio MacConkey, com incubação a 37 °C por 24 horas. Já para as bactérias Gram-positivas, como *Staphylococcus aureus* e *Enterococcus spp.*, foi utilizado o meio Ágar Sangue (Tripcase Soja + 5% de sangue de carneiro), também incubado a 37 °C por 24 horas.

Após esse período, foi realizada a coloração de Gram para confirmar a classificação das bactérias, observando-se a coloração vermelha/rosa para Gram-negativas e roxa para Gram-positivas. Com essa confirmação, foi preparada uma suspensão bacteriana padronizada. Para isso, colônias isoladas foram transferidas com alça estéril para 3 mL de solução salina estéril (NaCl 0,45–0,50%), formando uma suspensão homogênea cuja turbidez foi ajustada para um padrão McFarland entre 0,50 e 0,63, utilizando o aparelho VITEK® 2 DENSICHEK™ Plus.

Em seguida, os tubos com as suspensões foram inseridos no cassete do sistema VITEK®, junto aos respectivos cartões de identificação. Para as Gram-negativas, foi utilizado o cartão GN, que contém 47 testes bioquímicos voltados para a análise da utilização de carbono, atividades enzimáticas e resistência bacteriana. Para as Gram-positivas, foi utilizado o cartão GP, com 43 testes bioquímicos semelhantes.

Além disso, também foi realizada a análise do perfil de sensibilidade aos antimicrobianos por meio dos cartões VITEK® 2 AST-N409. Para Gram-negativos, foi utilizado o cartão AST específico para esse grupo, analisando a Concentração Mínima Inibitória (CIM) para antimicrobianos como Amoxicilina/Ácido Clavulânico, Meropenem, Ceftriaxona, Gentamicina, entre outros, totalizando 16 antimicrobianos testados. Já para as cepas Gram-positivas, foi utilizado o cartão AST-P637, que avalia a sensibilidade a antimicrobianos como Ampicilina, Ceftarolina, Eritromicina, totalizando 20 fármacos testados.

A preparação da suspensão para o AST também seguiu volumes específicos: 145 µL da suspensão inicial para Gram-negativos foi diluído em novo tubo com 3 mL de solução salina; para Gram-positivos, 280 µL foi diluído em novo tubo com 3 mL de solução salina. Os cartões foram inseridos nos cassetes apropriados e processados automaticamente pelo equipamento.

Os resultados da identificação bacteriana e do teste de sensibilidade foram analisados e apresentados conforme as diretrizes do Comitê Brasileiro de Testes de Sensibilidade (BRCAST).

### **3.5 Análises Estatísticas**

Para a análise dos dados, utilizaram-se estatísticas descritivas para calcular as médias e as frequências das bactérias e dos perfis de resistência identificados. As comparações as coletas foram realizadas por meio de ANOVA, seguidas do teste de comparações múltiplas de Tukey. Todas as análises foram conduzidas com o auxílio do software estatístico GraphPad Prism, versão 8.0.1.

## 4 RESULTADOS

A análise microbiológica das nove amostras de tecidos nos permitiu comparar a carga de microrganismos aeróbios mesófilos nos tecidos hospitalares antes e após a lavagem. Conforme apresentado na Tabela 1, observou-se crescimento bacteriano em todas as amostras de tecidos sujos, com contagens detectáveis principalmente a partir das diluições  $10^{-1}$ ,  $10^{-2}$  e  $10^{-3}$ . Já os tecidos limpos apresentaram ausência (amostra 8) ou baixa (amostra 6) contagem de colônias, com crescimento restrito até a diluição  $10^{-2}$ , indicando uma redução expressiva da carga microbiana após o processo de lavagem hospitalar.

A análise estatística confirmou diferenças significativas entre as coletas ( $p < 0,0001$ ). Pelo teste de Tukey, as coletas 4 e 5 se destacaram das demais por apresentarem as maiores médias de contagem de colônias (log UFC), com  $5,66 \pm 0,16$  e  $5,45 \pm 0,10$ , respectivamente. Em contrapartida, as coletas 7 e 9 também se diferenciam do grupo por exibirem as menores médias,  $1,04 \pm 0,87$  e  $0,0 \pm 0,0$ , reforçando o contraste entre tecidos sujos e limpos (Tabela 1).

**Tabela 1.** Média e desvio-padrão das contagens de microrganismos aeróbios mesófilos (log UFC) nas amostras de tecidos hospitalares antes e após a lavagem.

Coleta	Tipo	Média (log UFC) $\pm$ DP
1	Sujo	$3,01 \pm 1,72$ <sup>B</sup>
2	Sujo	$4,60 \pm 0,30$ <sup>B</sup>
3	Sujo	$1,17 \pm 1,60$ <sup>B</sup>
4	Sujo	$5,66 \pm 0,16$ <sup>A</sup>
5	Sujo	$5,45 \pm 0,10$ <sup>A</sup>
6	Limpo	$1,04 \pm 0,87$ <sup>C</sup>
7	Sujo	$3,60 \pm 0,21$ <sup>B</sup>
8	Limpo	$0,0 \pm 0,0$ <sup>C</sup>
9	Sujo	$2,90 \pm 0,20$ <sup>B</sup>

Teste de ANOVA, seguida do teste de comparações múltiplas de Tukey. Os valores estão apresentados como média  $\pm$  desvio-padrão das contagens em log UFC. Médias seguidas por letras diferentes indicam diferença estatística significativa entre as coletas ( $p < 0,05$ ).

Avaliamos, ainda, o crescimento de microrganismos em meios seletivos KPC e ESBL, na presença e ausência de suplemento, conforme descrito na Tabela 2.

**Tabela 2.** Crescimento bacteriano (log UFC) em meios seletivos KPC e ESBL, com e sem suplemento, e respectivas frequências de isolamento.

Coleta	Tipo	KPC (S/S)	KPC (C/S)	ESBL (S/S)	ESBL (C/S)
2	Sujo	1,39	0,60	0	0
4	Sujo	7,50	0	8,44	0
5	Sujo	6,52	0	6,30	4,00
6	Limpo	0,30	0	0	0
7	Sujo	4,39	0	0	4,50
8	Limpo	0,30	0	0	0
9	Sujo	2,14	2,00	0	1,95
Frequência (log UFC)		3,18 ± 2,89	1,32 ± 1,71	4,58 ± 4,00	3,49 ± 1,35

Legenda: Valores absolutos de colônias recuperadas em cada coleta, diferenciados pelo tipo de amostra (sujo/limpo) e pelo meio seletivo utilizado. KPC (S/S) = meio KPC sem suplemento; KPC (C/S) = meio KPC com suplemento; ESBL (S/S) = meio ESBL sem suplemento; ESBL (C/S) = meio ESBL com suplemento. Apenas as diluições que apresentaram crescimento entre 25 e 250 colônias foram consideradas para o cálculo da frequência (log UFC).

Observamos que, no meio KPC sem suplemento, a frequência média de crescimento foi de 3,18 log UFC, em contraste com apenas 1,32 log UFC no meio suplementado. De maneira semelhante, no meio ESBL sem suplemento verificamos 4,58 log UFC de frequência média, enquanto o meio suplementado apresentou 3,49 log UFC, que representou a predominância das cepas produtoras de ESBL.

Ao todo, foram obtidos 114 isolados, provenientes dos meios com suplemento, selecionados a partir da coloração e do formato compatíveis com o grupo ESKAPE. Destes, 19 foram submetidos à identificação no sistema automatizado VITEK® 2. Entre eles, 11 foram provenientes do meio KPC e 8 do meio ESBL. Os microrganismos mais frequentes foram *Pseudomonas aeruginosa* (36,8%) e *Escherichia coli* (21,0%), seguidos por representantes do *Acinetobacter baumannii* complex (15,8%) e do *Enterobacter cloacae* complex (15,8%). Além disso, foram identificados isolados de *Acinetobacter baumannii* (5,3%) e *Leclercia adecarboxylata* (5,3%) (Tabela 3).

**Tabela 3.** Frequência das espécies bacterianas a partir dos 19 isolados selecionados e identificados pelo sistema VITEK® 2.

Microrganismo	Número de isolados (n)	Frequência (%)
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	7	36,8
<i>Acinetobacter baumannii</i> complex	3	15,8
<i>Acinetobacter baumannii</i>	1	5,3
<i>Escherichia coli</i>	4	21,1
<i>Leclercia adecarboxylata</i>	1	5,3
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	3	15,8
<b>Total</b>	<b>19</b>	<b>100</b>

Em relação ao Teste de Sensibilidade Antimicrobiana, observamos diferentes perfis de resistência entre os 19 isolados avaliados, conforme descrito na tabela 4.

**Tabela 4.** Distribuição dos 19 isolados bacterianos quanto ao perfil de resistência, classes de antimicrobianos envolvidos e presença de multirresistência (MDR)

Microrganismo	N	Perfil de Resistência	Classes	MDR
			Antimicrobianas	
<i>Acinetobacter baumannii</i>	1	-	-	Não
<i>Acinetobacter baumannii</i> complex	3	MEM - AMK - GEN - CIP	Carbapenêmicos	Sim
			Betalactâmicos,	
			Aminoglicosídeos,	
			Fluoroquinolona	
<i>Escherichia coli</i>	4	AMX - CXM - CXM/AX - CRO - ATM	Betalactâmicos	Não
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	1	AMX - TZP - CXM - CXM/AX - CRO - CAZ - C/T - FEP - ATM - ETP - MEM - CIP - TGC	Carbapenêmicos Betalactâmicos, Fluorquinolona, Glicilciclinas	Sim
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	1	AMX - TZP - CXM - CXM/AX - CRO - CAZ - C/T - FEP - ETP - MEM - TGC	Carbapenêmicos Betalactâmicos Glicilciclinas	Sim

<i>Enterobacter cloacae</i> <i>complex</i>	1	AMX - TZP - CXM - CXM/AX - CRO - CAZ - FEP - ATM - GEN- CIP - TGC	Betalactâmicos, Aminoglicosídeos, Fluoroquinolona, Glicilciclinas	Sim
<i>Pseudomonas</i> <i>aeruginosa</i>	1	CAZ - CZA - C/T - FEP	Betalactâmicos	Não
<i>Pseudomonas</i> <i>aeruginosa</i>	3	-	-	Não
<i>Pseudomonas</i> <i>aeruginosa</i>	1	MEM	Carbapenêmicos	Não
<i>Pseudomonas</i> <i>aeruginosa</i>	1	TZP - CAZ - FEP - ATM - MEM	Betalactâmicos Carbapenêmicos	Não
<i>Pseudomonas</i> <i>aeruginosa</i>	1	TZP - CAZ - FEP	Betalactâmicos	Não
<i>Leclercia</i> <i>adecarboxylata</i>	1	-	-	Não
<b>Total</b>	<b>19</b>			<b>6</b>

O símbolo “-” indica ausência de resistência a antimicrobianos. Foram considerados MDR os isolados resistentes a três ou mais classes e sub-classes distintas de antimicrobianos.

Dos 19 isolados avaliados, seis (31,6%) foram classificados como multirresistentes (MDR), apresentando resistência a três ou mais classes de antimicrobianos (MAGIORAKOS et al., 2012). No complexo *Acinetobacter baumannii*, três dos quatro isolados exibiram o mesmo perfil de resistência e foram considerados MDR, enquanto um se manteve sensível a todos os antimicrobianos testados. Os quatro isolados de *Escherichia coli* apresentaram resistência uniforme restrita à classe dos β-lactâmicos, não configurando MDR. Entre os representantes do complexo *Enterobacter cloacae*, observaram-se perfis distintos, sendo que 100% (3/3) foram classificados como MDR. Já para *Pseudomonas aeruginosa*, nenhum dos sete isolados alcançou o critério de MDR, embora cinco tenham apresentado resistência a β-lactâmicos e os demais se mantiveram suscetíveis. Por fim, o único isolado de *Leclercia adecarboxylata* foi sensível a todos os antimicrobianos avaliados.

Ao avaliarmos a frequência de resistência por antimicrobiano (Tabela 5), observamos maiores taxas frente às penicilinas (36,8% para amoxicilina) e cefalosporinas, com destaque para ceftriaxona, cefuroxima, cefuroxima axetil e aztreonam (36,8% cada). Entre os carbapenêmicos, a resistência variou de 10,5% para ertapenem a 36,8% para meropenem. As

fluoroquinolonas apresentaram resistência intermediária (26,3% para ciprofloxacina), enquanto entre os aminoglicosídeos, amicacina e gentamicina exibiram taxas iguais de 15,8%. Já a tigeciclina, representante das glicilciclínas, apresentou resistência em 15,8% dos isolados.

**Tabela 5.** Frequência de resistência aos antimicrobianos testados, entre os 19 isolados bacterianos identificados.

Classe	Antimicrobianos	Isolados		
		Resistentes (n = 19)	%	
		n	%	
<b>Carbapenêmicos</b>	Meropenem (MEM)	7	36,8	
	Ertapenem (ETP)	2	10,5	
<b>Betalactâmicos</b>	Cefalosporinas	Ceftazidima (CAZ)	6	31,6
		Ceftazidima/avibactam (CZA)	1	5,3
		Ceftolozano/tazobactam (C/T)	3	15,8
		Ceftriaxona (CRO)	7	36,8
		Cefuroxima (CXM)	7	36,8
		Cefuroxima axetil (CXM-AX)	7	36,8
		Cefepima (FEP)	6	31,6
	Penicilinas	Amoxicilina (AMX)	7	36,8
		Piperacilina/tazobactam (TZP)	5	26,3
		Monobactâmico	7	36,7
<b>Aminoglicosídeos</b>	Amicacina (AMK)	3	15,8	
	Gentamicina (GEN)	3	15,8	
<b>Fluoroquinolonas</b>	Ciprofloxacina (CIP)	5	26,3	
<b>Glicilciclínas</b>	Tigeciclina (TGC)	3	15,8	

Ao analisarmos a resistência por classes de antimicrobianos, observou-se que a maior frequência ocorreu entre os  $\beta$ -lactâmicos, com 68,4% dos isolados resistentes. As fluoroquinolonas e carbapenêmicos representaram a segunda classe mais afetada (26,3%), seguidas pelos aminoglicosídeos (21,1%) e glicilciclínas (15,8%), conforme apresentado na

Tabela 6. Destaca-se ainda que 26,3% dos isolados não apresentaram resistência a nenhuma das classes avaliadas.

**Tabela 6.** Distribuição de Resistência da população bacteriana às diferentes classes testadas, dentre os 19 isolados identificados.

Classe de Antibiótico	Isolados Resistentes (n)	%
Betalactâmicos	13	68,4
Carbapenêmicos	7	37,0
Fluoroquinolonas	5	26,3
Aminoglicosídeos	4	21,1
Glicilciclínas	3	15,8
Sem Resistência	5	26,3

## 5 DISCUSSÃO

Infecções nosocomiais têm se tornado, ao longo das últimas décadas, um grande desafio para os sistemas de saúde em todo o mundo, com impacto ainda mais evidente em países em desenvolvimento (NIMER, 2022). Essas infecções têm origem em diferentes espécies bacterianas presentes no ambiente hospitalar. Entre elas, o grupo de patógenos ESKAPE se destaca pela forte relação com a resistência aos antimicrobianos, o que representa um obstáculo para o sucesso terapêutico (RANA et al., 2025; PANDEY, R.; MISHRA, S. K.; SHRESTHA, A., 2021). Em vista disso, é essencial garantir que os processos de higienização de tecidos utilizados em hospitais sejam de fato eficazes, uma vez que a permanência de microrganismos pode favorecer a contaminação cruzada, já que esses materiais podem funcionar como fômites e comprometer a segurança dos pacientes. Nesse contexto, este trabalho traz evidências sobre a presença de bactérias resistentes em têxteis hospitalares e reforça a importância de investir em medidas de prevenção cada vez mais consistentes.

De acordo com os achados deste estudo, o processo de lavagem hospitalar mostrou-se eficiente em reduzir a carga microbiana dos tecidos, com diferença expressiva entre os tecidos sujos e os limpos. Ainda assim, a detecção de crescimento bacteriano em uma das amostras higienizadas revela que falhas pontuais podem ocorrer e representam um risco real, já que mesmo pequenas contaminações podem sustentar a persistência de patógenos e favorecer episódios de contaminação cruzada (CAYROU et al., 2025).

Esse risco se torna ainda mais preocupante quando se considera que lavanderias hospitalares também possuem seu próprio microbioma e podem atuar como fontes adicionais de contaminação (OWEN et al., 2024). Além disso, um processo ineficaz pode favorecer a contaminação cruzada no próprio sistema de lavagem, resultando na disseminação de microrganismos para tecidos que já haviam sido higienizados (BOCKMÜHL, SCHAGES & REHBERG, 2019). Como exemplo, em 2019 foi registrado um surto em uma enfermaria pediátrica causado por uma cepa de *Klebsiella oxytoca* produtora de  $\beta$ -lactamase. A bactéria foi transmitida por toda a enfermaria pediátrica e acabou infectando 13 recém-nascidos e uma criança. Posteriormente, o microrganismo foi detectado dentro de uma máquina de lavar com secadora integrada utilizada na unidade, bem como em duas pias do hospital (SCHMITHAUSEN et al., 2019).

Falhas como essas podem estar associadas a variações na temperatura, vedação inadequada da maquinaria ou mesmo à eficácia limitada de detergentes utilizados (CAYROU

et al., 2025). Diretrizes internacionais recomendam parâmetros rigorosos: no Reino Unido, por exemplo, o National Health Service (NHS) preconiza 60 °C para desinfecção têxtil. No Brasil, a ANVISA, por meio do Manual de Processamento de Roupas de Serviços de Saúde (2009), historicamente apontou a eficácia da água quente a  $\geq 71,1$  °C por 25 minutos. O documento, entretanto, reconhece que temperaturas mais baixas (22 °C a 50 °C), combinadas a compostos à base de cloro, podem alcançar resultados equivalentes, desde que respeitados o tempo, a ação mecânica e a eficiência do detergente.

Esse ponto merece atenção, pois a variabilidade nos parâmetros adotados pelas lavanderias, especialmente em relação à temperatura e duração dos ciclos, levanta dúvidas sobre a confiabilidade desses processos em atingir os níveis de desinfecção necessários para eliminar microrganismos patogênicos (GOTOH et al., 2016).

Embora o processo de higienização tenha se mostrado eficaz, é importante considerar que mesmo contagens residuais podem representar risco quando associadas a microrganismos oportunistas. No nosso estudo, os tecidos hospitalares antes da lavagem atuaram como reservatórios de bactérias de interesse clínico, como *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli* e o complexo *Enterobacter cloacae*. A presença recorrente desses patógenos não é um achado isolado. Rana et al. (2025), ao investigar a prevalência de ESKAPE Gram-negativos em um hospital indiano, identificaram *Klebsiella pneumoniae* como espécie predominante, seguida justamente de *P. aeruginosa* e do complexo *E. cloacae*, resultado similar com os dados aqui apresentados. De forma semelhante, Nimer (2022), em revisão sobre países do Oriente Médio, também destacou o predomínio de bacilos Gram-negativos, especialmente *E. coli* e espécies de *Acinetobacter*, confirmando a importância desses microrganismos no contexto das infecções nosocomiais.

A recorrência de espécies como *P. aeruginosa*, *E. coli* e *A. baumannii* reforça a capacidade desses patógenos de sobreviver em superfícies hospitalares e se manter viáveis em ambientes úmidos, mesmo em condições adversas (DIXIT et al., 2023). Estudos mostram que cepas transmitidas pela água, como *P. aeruginosa* e *Klebsiella spp.*, podem persistir em estado viável, mas não cultivável, estratégia que garante vantagem adaptativa e favorece a manutenção da cadeia de transmissão (REHBERG et al., 2017). Essa estabilidade ambiental está frequentemente associada à formação de biofilmes, que além de assegurar a persistência microbiana, ampliam as chances de transferência horizontal de genes de resistência (GATTLEN et al., 2010). Nesse sentido, Zhang et al. (2023) demonstraram que o próprio uso

de desinfetantes pode promover o desprendimento de biofilmes, contribuindo para o aumento da resistência bacteriana na água hospitalar.

Destaca-se a elevada frequência de cepas resistentes encontradas em relação à população bacteriana total. O valor de 3,49 log UFC em 4,58 log UFC das cepas produtoras de ESBL e 1,32 log UFC em 3,18 log UFC, das cepas produtoras de KPC terem sido encontradas em meios suplementados mostra que a maior parte da população bacteriana hospitalar apresenta um perfil de resistência ainda mais amplo, o que intensifica os desafios clínicos, terapêuticos e epidemiológicos relacionados às infecções causadas.

Entre os achados deste estudo, a resistência antimicrobiana se destacou como um dos pontos mais preocupantes. Aproximadamente um terço dos isolados (31,6%) foi classificado como multirresistente (MDR), incluindo cepas de *Acinetobacter baumannii* resistentes a  $\beta$ -lactâmicos, aminoglicosídeos e fluoroquinolonas, além de representantes do complexo *Enterobacter cloacae* com resistência ampliada a diferentes classes, incluindo carbapenêmicos. Esse cenário acompanha o que tem sido relatado em outros estudos, como o de Pandey et al. (2021), que descreveu perfis de resistência elevados em *P. aeruginosa*, *A. baumannii* e *Klebsiella spp.*, o que confirma a relevância clínica desses patógenos. No caso específico de *A. baumannii*, trata-se de um agente associado a quadros graves como pneumonia, bacteremia e infecções do trato urinário, cuja rápida capacidade de adquirir resistência limita de forma drástica as opções terapêuticas, inclusive com relatos crescentes de resistência à colistina (BUTLER et al., 2019; SINGH et al., 2024).

A situação não é menos preocupante para o complexo *Enterobacter cloacae*, cujo aumento de cepas MDR, frequentemente resistentes aos carbapenêmicos, considerados a última linha de defesa, tem sido associado tanto ao uso excessivo de antibióticos quanto à disseminação de elementos genéticos móveis (ZHANG Z, SUN Z, TIAN L., 2022; YAN et al., 2024). A presença desses microrganismos em tecidos hospitalares merece atenção, pois, se não forem devidamente descontaminados, podem permanecer viáveis e atuar como fonte de reinfecção para o mesmo paciente ou de transmissão para outros indivíduos (BOCKMÜHL et al., 2019). Além disso, esses patógenos podem contaminar as próprias máquinas de lavar, que já foram apontadas como possíveis reservatórios para transferência horizontal de genes e contaminação cruzada por cepas Gram-negativas clinicamente relevantes (SCHMITHAUSEN et al., 2019).

Neste estudo, *Escherichia coli* apresentou resistência uniforme restrita à classe dos  $\beta$ -lactâmicos, enquanto *P. aeruginosa* não atingiu o critério de MDR, embora a maioria dos isolados também tenha se mostrado resistente a  $\beta$ -lactâmicos. Considerando o conjunto dos resultados, chama a atenção que 68,4% das bactérias isoladas apresentaram resistência a essa classe de antimicrobianos, confirmado o papel central dos  $\beta$ -lactâmicos como alvo preferencial da resistência em ambientes hospitalares (SALAZAR et al., 2022).

Os  $\beta$ -lactâmicos ocupam posição central: amplamente utilizados no tratamento de infecções Gram-positivas e Gram-negativas, eles representaram mais de 60% de todas as prescrições na última década (DAMLIN et al., 2020). Contudo, o uso disseminado e muitas vezes inadequado, tanto na medicina humana quanto na pecuária, tem impulsionado a emergência de resistência em praticamente todos os patógenos clinicamente relevantes (NARENDRANKUMAR et al., 2022). Esse cenário não se restringe ao nosso contexto. No estudo de Ruekit et al. (2022), que avaliou a prevalência da resistência antimicrobiana entre patógenos clínicos ESKAPE no leste da Tailândia, foram analisados 431 isolados MDR. *E. coli* foi o mais frequente (41,3%), seguido por *K. pneumoniae* (23,7%) e *A. baumannii* (22,5%). Entre os Gram-negativos multirresistentes, mais da metade apresentava resistência a  $\beta$ -lactâmicos, seja pela produção de ESBLs ou por outros mecanismos adicionais.

Ao analisar especificamente o cenário das cefalosporinas. Os dados mostraram uma elevada frequência de resistência referente a cefalosporinas de terceira geração (Ceftazidima e Ceftriaxona), principalmente nos isolados de *E. coli* e do complexo *Enterobacter cloacae*. Elas apresentam importante papel no controle de infecções no ambiente hospitalar e ambulatorial, por seu espectro de ação mais amplo contra bactérias Gram-negativas (BUI T.; PATEL P.; PREUSS CV. et al, 2024). Esse fato entra em consonância com a revisão sistemática de Ayobami et al (2022), que apresentou, em países de baixa renda, taxas de resistência a esses medicamentos próximas a 78%, para isolados de *K. pneumoniae* e *E. coli*, e 83,5% para *Enterobacter cloacae*.

Por outro lado, os antibióticos carbapenêmicos são a base do tratamento para infecções graves causadas por organismos Gram-negativos MDR (Bouza E., 2021). No presente estudo a resistência a medicamentos desse grupo foi encontrado em 4 dos 5 isolados MDR, o que intensifica a dificuldade terapêutica já instalada.

A literatura mostra que o principal mecanismo de resistência em bacilos Gram-negativos não fermentadores é a produção de  $\beta$ -lactamases, especialmente as de

espectro estendido (ESBLs). Essas enzimas inativam diferentes subclasses de  $\beta$ -lactâmicos, incluindo penicilinas, cefalosporinas, monobactâmicos e até combinações com inibidores como ácido clavulânico, sulbactam e tazobactam (OLIVEIRA; ARAÚJO; OLIVEIRA. 2017). Além das ESBLs, outras  $\beta$ -lactamases como carbapenemases, AmpC e metalo- $\beta$ -lactamases também têm sido amplamente relatadas e ajudam a explicar a resistência observada em espécies como *A. baumannii* e *Enterobacter cloacae complex*.

É importante ressaltar a ausência de resistência aos antimicrobianos em 26,3% dos isolados pelo sistema automatizado, mesmo sendo provenientes de meios cromogênicos suplementados com KPC ou ESBL. Uma possível justificativa envolve mecanismos cromossômicos regulatórios da expressão de AmpC, cuja manifestação fenotípica frente a diversos betalactâmicos pode depender de gatilhos ambientais específicos (Tamma et al., 2019). Nesse contexto, o crescimento observado em meios suplementados com KPC e ESBL sugere que essas condições impõem uma pressão seletiva mais rigorosa, estimulando maior expressão de resistência quando comparadas ao teste de AST do Vitek 2.

Diante desse cenário, torna-se claro que tecidos hospitalares podem atuar como reservatórios de bactérias multirresistentes. A elevada resistência aos  $\beta$ -lactâmicos, somada ao comprometimento de classes como fluoroquinolonas e aminoglicosídeos, evidencia que falhas mesmo pontuais na higienização favorecem a disseminação de patógenos do grupo ESKAPE. Assim, a lavagem eficaz deve ser reconhecida como parte essencial das estratégias de prevenção e controle, garantindo não apenas a segurança do paciente, mas também a sustentabilidade dos sistemas de saúde.

## 6 CONCLUSÃO

Este estudo demonstrou que tecidos atuam como potenciais reservatórios de bactérias clinicamente relevantes, incluindo isolados multirresistentes, no ambiente hospitalar. A resistência expressiva a  $\beta$ -lactâmicos, fluoroquinolonas e aminoglicosídeos, assim como a elevada predominância de cepas resistentes na população em relação à população total das amostras, ressalta a importância de encarar a higienização de têxteis não apenas como rotina operacional, mas como medida estratégica de prevenção de infecções. Reforça-se, assim, a necessidade de protocolos cada vez mais rigorosos e de vigilância contínua para reduzir o impacto da resistência antimicrobiana e garantir maior segurança no ambiente hospitalar.

## REFERÊNCIAS

- AYOBAMI, O. *et al.* **Antibiotic resistance in hospital-acquired ESKAPE-E infections in low- and lower-middle-income countries:** a systematic review and meta-analysis. *Emerging Microbes & Infections*, v. 11, n. 1, p. 443–451, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2030196>.
- BOUZA E. **The role of new carbapenem combinations in the treatment of multidrug-resistant Gram-negative infections.** *J Antimicrob Chemother*. 2021 Nov 22;76(Suppl 4):iv38-iv45. doi: 10.1093/jac/dkab353. PMID: 34849998; PMCID: PMC8632744.
- BROWN-JAQUE, M.; CALERO-CÁCERES, W.; MUNIESA, M. **Transfer of antibiotic-resistance genes via phage-related mobile elements.** *Plasmid*, [S.l.], v. 79, p. 1-7, maio 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.plasmid.2015.01.001>.
- BOCKMÜHL, D. P.; SCHAGES, J.; REHBERG, L. **Laundry and textile hygiene in healthcare and beyond.** *Microbial Cell*, v. 6, n. 7, p. 299–306, 2019. DOI: <https://doi.org/10.15698/mic2019.07.682>.
- BUI T, PATEL P, PREUSS CV. **Cephalosporins.** [Updated 2024 Feb 17]. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025 Jan-. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK551517/>
- BUTLER, D. A. *et al.* ***Acinetobacter baumannii* multiresistente:** a resistência por qualquer outro nome ainda seria difícil de tratar. *Current Infectious Disease Reports*, v. 21, n. 12, p. 46, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11908-019-0706-5>.
- CAYROU, Caroline *et al.* **Domestic laundering of healthcare textiles:** disinfection efficacy and risks of antibiotic resistance transmission. *PLoS ONE*, 30 abr. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0321467>.
- CDC - Centers for Disease Control and Prevention. (2024). **Carbapenem-resistant Enterobacterales (CRE) Infection Control.** Disponível em: <https://www.cdc.gov/cre/hcp/infection-control/index.html>
- DIXIT, S. *et al.* **Textiles as fomites in the healthcare system.** *Applied Microbiology and Biotechnology*, v. 107, n. 12, p. 3887–3897, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00253-023-12569-2>.
- EIKELENBOOM-BOSKAMP, A. *et al.* **Dutch guideline for preventing nosocomial transmission of highly-resistant micro-organisms (HRMO) in long-term care facilities (LTCFs).** *Antimicrobial Resistance and Infection Control*, v. 8, p. 146, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13756-019-0586-3>.
- FONTOURA, F. P.; GONÇALVES, C. G. de O.; SOARES, V. M. N. **Condições e ambiente de trabalho em uma lavanderia hospitalar:** percepção dos trabalhadores. *Revista Brasileira de Saúde Ocupacional*, v. 41, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1590/2317-6369000097414>.

GATTLEN J. *et al.* **Biofilms isolated from washing machines from three continents and their tolerance to a standard detergent.** Biofouling. 2010 Nov;26(8):873-82. doi: 10.1080/08927014.2010.524297. PMID: 20954022.

GBD 2019 ANTIMICROBIAL RESISTANCE COLLABORATORS. **Global mortality associated with 33 bacterial pathogens in 2019:** a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2019. The Lancet, v. 400, n. 10369, p. 2221–2248, 2022. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(22\)02185-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(22)02185-7).

GBD 2021 ANTIMICROBIAL RESISTANCE COLLABORATORS. **Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990-2021:** a systematic analysis with forecasts to 2050. The Lancet, v. 404, n. 10459, p. 1199–1226, 2024. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(24\)01867-1](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(24)01867-1).

GHIMIRE, S. *et al.* **Global prevalence and risk factors of multidrug resistance Escherichia coli in human and animal samples (2015-2023):** A systematic review and meta-analysis. Annals of Clinical and Medical Case Reports, v. 8, n. 1, p. 1-13, 2024. DOI: 10.38125/oask.2024.08.1156.

GOTOH K. *et al.* **Effects of Water Hardness on Textile Detergency Performance in Aqueous Cleaning Systems.** J Oleo Sci. 2016;65(2):123–33. pmid:26782305

IRUKA, N. O. *et al.* **The scope of the antimicrobial resistance challenge.** The Lancet, v. 403, n. 10442, p. 2426–2438, 2024. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(24\)00876-6](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(24)00876-6).

HUMPHRIES RM. *et al.* 2019. **Understanding and addressing CLSI breakpoint revisions: a primer for clinical laboratories.** J Clin Microbiol 2019;57:e00203-19. <https://doi.org/10.1128/JCM.00203-19>.

LENA P, Karageorgos SA, Loutsiou P, Poupazi A, Lamnisos D, Papageorgis P, Tsiotis C. **Multidrug-Resistant Bacteria on Healthcare Workers' Uniforms in Hospitals and Long-Term Care Facilities in Cyprus.** Antibiotics (Basel). 2021 Dec 31;11(1):49. doi: 10.3390/antibiotics11010049. PMID: 35052926; PMCID: PMC8773169.

LIU JY, Dickter JK. **Nosocomial Infections:** A History of Hospital-Acquired Infections. Gastrointest Endosc Clin N Am. 2020 Oct;30(4):637-652. doi: 10.1016/j.giec.2020.06.001. Epub 2020 Jul 30. PMID: 32891222.

LOAIZA, W. M. *et al.* **Bacterial Resistance in Hospital-Acquired Infections Acquired in the Intensive Care Unit:** A Systematic Review. Acta Medica (Hradec Kralove), v. 66, n. 1, p. 1–10, 2023. DOI: <https://doi.org/10.14712/18059694.2023.8>.

MAGIORAKOS, A. P. *et al.* **Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance.** Clinical Microbiology and Infection, v. 18, n. 3, p. 268–281, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x>.

MICHAEL, K. E. *et al.* **Assessment of Environmental Contamination with Pathogenic Bacteria at a Hospital Laundry Facility.** Annals of Work Exposures and Health, v. 61, n. 9, p. 1087–1096, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1093/annweh/wxx082>.

MUNTEAN, M. M. *et al.* **Phenotypic and genotypic detection methods for antimicrobial resistance in ESKAPE pathogens (Review).** Experimental and Therapeutic Medicine, v. 24, n. 2, p. 508, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3892/etm.2022.11435>.

NARENDRANKUMAR, Lekshmi *et al* **β-Lactam potentiators to re-sensitize resistant pathogens:** discovery, development, clinical use and the way forward. Frontiers in Microbiology, v. 13, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1092556>.

NAVIDINIA, M. *et al.* **Molecular characterization of resistance genes in MDR-ESKAPE pathogens.** Journal of Pure and Applied Microbiology, v. 11, n. 2, p. 779-792, jun. 2017.

NIMER, Nabil A. **Nosocomial infection and antibiotic-resistant threat in the Middle East. Infectious Diseases:** Research and Therapy, v. 15, p. 631-639, 2022. DOI: [10.2147/IDR.S351755](https://doi.org/10.2147/IDR.S351755).

OLIVEIRA, T. S.; PEREIRA, J. C. **Prevalência de *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenêmicos na América do Sul:** uma revisão sistemática e meta-análise. The Brazilian Journal of Infectious Diseases, Salvador, v. 29, n. 1, p. 10-19, 2025.

OLIVEIRA, Marcelo Eduardo F.; ARAÚJO, Danielle G.; OLIVEIRA, Sibele R. **Resistance of non-fermenting Gram-negative bacilli isolated from blood cultures from an emergency hospital.** Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial, v. 53, n. 2, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/1676-2444.20170013>.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. **One Health.** Genebra: OMS, 2023. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/one-health>. Acesso em: 13 abr. 2025.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. **WHO launches first ever global report on infection prevention and control.** 2022. Disponível em: <https://www.who.int/news-item/06-05-2022-who-launches-first-ever-global-report-on-infection-prevention-and-control>. Acesso em: 13 abr. 2025.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. **WHO bacterial priority pathogens list for R&D of new antibiotics.** 2024. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240093461>. Acesso em: 13 abr. 2025.

OWEN, Lucy *et al.* **Development of a standardised international protocol for evaluation of the disinfection efficacy of healthcare laundry wash processes.** Applied Microbiology, v. 4, n. 1, p. 194–214, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/applmicrobiol4010014>.

PANDEY, R.; MISHRA, S. K.; SHRESTHA, A. **Characterisation of ESKAPE pathogens with special reference to multidrug resistance and biofilm production in a Nepalese hospital.** Infection and Drug Resistance, v. 14, p. 2201–2212, 2021. DOI: <https://doi.org/10.2147/IDR.S306688>.

PITT SJ, Gunn A. **The One Health Concept**. Br J Biomed Sci. 2024 Feb 15;81:12366. doi: 10.3389/bjbs.2024.12366. PMID: 38434675; PMCID: PMC10902059.

RANA, Paramjyoti *et al.* **Prevalence and antimicrobial resistance of Gram-negative ESKAPE pathogens isolated from tertiary care hospital in Eastern India**. Applied Sciences, v. 15, n. 15, p. 8171, 2025. DOI: <https://doi.org/10.3390/app15158171>.

REHBERG L. *et al.* **Prevalence of  $\beta$ -lactamase genes in domestic washing machines and dishwashers and the impact of laundering processes on antibiotic-resistant bacteria**. J Appl Microbiol. 2017 Dec;123(6):1396-1406. doi: 10.1111/jam.13574. Epub 2017 Oct 13. PMID: 28845592.

RUEKIT, Sirigade *et al.* **Molecular characterization of multidrug-resistant ESKAPEE pathogens from clinical samples in Chonburi, Thailand (2017–2018)**. BMC Infectious Diseases, v. 22, n. 695, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12879-022-07754-5>.

SALAZAR, Cecilia. *et al.* **Human microbiota drives hospital-associated antimicrobial resistance dissemination in the urban environment and mirrors patient case rates**. Microbiome, v. 10, n. 208, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-022-01389-8>.

SANDERS, D.; GRUNDEN, A.; DUNN, R. R. **A review of clothing microbiology: the history of clothing and the role of microbes in textiles**. Biology Letters, v. 17, n. 2, e20200700, fev. 2021. <http://doi.org/10.1098/rsbl.2020.0700>.

SANTOS, L. M. *et al.* **Avaliação da prevalência e do perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos de *Pseudomonas aeruginosa* isoladas de amostras de aspirado traqueal de pacientes hospitalizados**. Jornal Brasileiro de Infectologia, Juiz de Fora, v. 25, n. 4, p. 230-237, 2022.

SCHMITHAUSEN, Ricarda M. *et al.* **The washing machine as a reservoir for transmission of extended-spectrum-beta-lactamase (CTX-M-15)-producing *Klebsiella oxytoca* ST201 to newborns**. Applied and Environmental Microbiology, v. 85, n. 19, e01435-19, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1128/AEM.01435-19>.

SEHULSTER LM. **Healthcare Laundry and Textiles in the United States**: Review and Commentary on Contemporary Infection Prevention Issues. Infect Control Hosp Epidemiol. 2015 Sep;36(9):1073-88. doi: 10.1017/ice.2015.135. Epub 2015 Jun 18. PMID: 26082994.

SINGH, Sukriti *et al.* **An insight into MDR *Acinetobacter baumannii* infection and its pathogenesis**: potential therapeutic targets and challenges. Microbial Pathogenesis, v. 192, 106674, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2024.106674>.

SOUZA SGP *et al.* **Bacteria with a Potential for Multidrug Resistance in Hospital Material**. Microb Drug Resist. 2021 Jun;27(6):835-842. doi: 10.1089/mdr.2019.0305. Epub 2020 Nov 24. PMID: 33232623.

TAMMA PD, *et al.* **Antibacterial Resistance Leadership Group. A Primer on AmpC  $\beta$ -Lactamases**: Necessary Knowledge for an Increasingly Multidrug-resistant World. Clin Infect Dis. 2019 Sep 27;69(8):1446-1455. doi: 10.1093/cid/ciz173. PMID: 30838380; PMCID: PMC6763639.

VARSHNEY S. *et al.* **Factors Affecting Bacterial Adhesion on Selected Textile Fibres.** Indian J Microbiol. 2021 Mar;61(1):31-37. doi: 10.1007/s12088-020-00903-5. Epub 2020 Sep 1. PMID: 33505090; PMCID: PMC7810813.

VARSHNEY S. *et al.* **Surveillance of bacterial load and multi-drug resistant bacteria on bedsheets in a primary health care unit.** Int J Environ Health Res. 2022 Sep;32(9):2040-2051. doi: 10.1080/09603123.2021.1935780. Epub 2021 Jun 18. PMID: 34142921.

YAN Z. *et al.* **Analysis of the transmission chain of carbapenem-resistant *Enterobacter cloacae* complex infections in clinical, intestinal and healthcare settings in Zhejiang province, China (2022–2023).** Sci Total Environ. 2024;920:170635. doi:10.1016/j.scitotenv.2024.170635

ZHANG J. *et al.* **Impact of biofilm formation and detachment on the transmission of bacterial antibiotic resistance in drinking water distribution systems.** Chemosphere. 2018 Jul;203:368-380. doi: 10.1016/j.chemosphere.2018.03.143. Epub 2018 Mar 22. PMID: 29627603.

ZHANG Z, SUN Z, TIAN L. **Antimicrobial resistance among pathogens causing bloodstream infections:** a multicenter surveillance report over 20 years (1998–2017). Infect Drug Resist. 2022;15:249–260. doi:10.2147/IDR.S344875

ZHOU H, *et al.* **Carriage of the mcr-9 and mcr-10 genes in clinical strains of the *Enterobacter cloacae* complex in China: a prevalence and molecular epidemiology study.** Int J Antimicrob Agents. 2022;60(4):106645. doi:10.1016/j.ijantimicag.2022.106645