

# ABORDAGENS CLÍNICAS E TECNOLÓGICAS NA SAÚDE:

*Da Emergência à Terapia Intensiva*



**1**  
**VOLUME**

## ORGANIZADORES

ME. SAMUEL LOPES DOS SANTOS

ME. PEDRO LUCAS ALVES FERREIRA

ESP. MARIA IDALINA RODRIGUES

ME. FRANCISCO RAFAEL COSTA ARAÚJO DE CARVALHO

M.E SUHELEN MARIA BRASIL DA CUNHA GAMA

ME. DAVI LEAL SOUSA



# ABORDAGENS CLÍNICAS E TECNOLÓGICAS NA SAÚDE: *Da Emergência à Terapia Intensiva*



1

VOLUME

## ORGANIZADORES

ME. SAMUEL LOPES DOS SANTOS

ME. PEDRO LUCAS ALVES FERREIRA

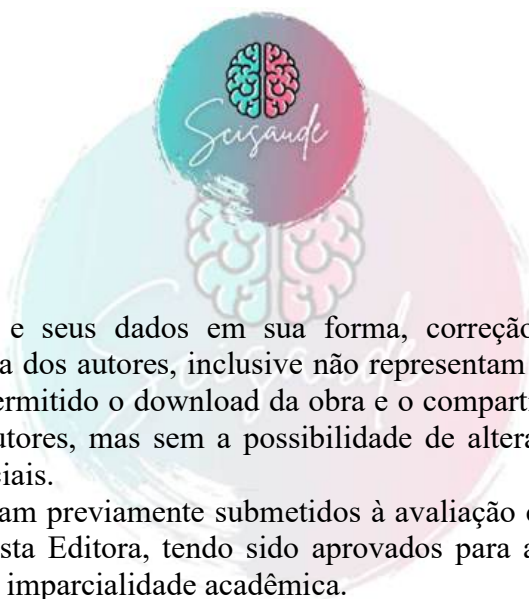
ESP. MARIA IDALINA RODRIGUES

ME. FRANCISCO RAFAEL COSTA ARAÚJO DE CARVALHO

M.E SUHELEN MARIA BRASIL DA CUNHA GAMA

ME. DAVI LEAL SOUSA





O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores, inclusive não representam necessariamente a posição oficial do SCISAUDE. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Todos os manuscritos foram previamente submetidos à avaliação cega pelos pares, membros do Conselho Editorial desta Editora, tendo sido aprovados para a publicação com base em critérios de neutralidade e imparcialidade acadêmica.



#### LICENÇA CREATIVE COMMONS

A editora detém os direitos autorais pela edição e projeto gráfico. Os autores detêm os direitos autorais dos seus respectivos textos. ABORDAGENS CLÍNICAS E TECNOLÓGICAS NA SAÚDE: DA EMERGÊNCIA À TERAPIA INTENSIVA de [SCISAUDE](#) está licenciado com uma Licença [Creative Commons - Atribuição-NãoComercial-SemDerivações 4.0 Internacional](#). (CC BY-NC-ND 4.0). Baseado no trabalho disponível em <https://www.scisaude.com.br/catalogo/abordagens-clnicas-e-tecnologicas-na-saude/77>

2025 by SCISAUDE

Copyright © SCISAUDE

Copyright do texto © 2025 Os autores

Copyright da edição © 2025 SCISAUDE

Direitos para esta edição cedidos ao SCISAUDE pelos autores.

Open access publication by SCISAUDE

# ABORDAGENS CLÍNICAS E TECNOLÓGICAS NA SAÚDE: DA EMERGÊNCIA À TERAPIA INTENSIVA

## ORGANIZADORES

### SAMUEL LOPES DOS SANTOS

Mestre em Ciências e Saúde pela Universidade Federal do Piauí – UFPI | Teresina – PI

Currículo LATTES: <https://lattes.cnpq.br/1060440470208923>

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3375-9171>

### PEDRO LUCAS ALVES FERREIRA

Mestre em Ciências e Saúde pela Universidade Federal do Piauí – UFPI | Teresina – PI

Currículo LATTES: <https://lattes.cnpq.br/7351709507404204>

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1975-5054>

### MARIA IDALINA RODRIGUES

Especialista em Saúde Digital pela Universidade Federal de Goiás – UFG | Teresina – PI

Currículo LATTES: <http://lattes.cnpq.br/7818761355288993>

ORCID: <https://orcid.org/0000-003-4636-4275>

### FRANCISCO RAFAEL COSTA ARAÚJO DE CARVALHO

Mestre em Ciências e Saúde pela Universidade Federal do Piauí – UFPI | Teresina – PI

Currículo LATTES: <http://lattes.cnpq.br/6276837812719508>

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3479-098X>

### SUHELEN MARIA BRASIL DA CUNHA GAMA

Mestre em Ciências e Saúde pela Universidade Federal do Piauí – UFPI | Teresina – PI

Currículo LATTES: <http://lattes.cnpq.br/2383466654064067>

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5273-5426>

### DAVI LEAL SOUSA

Mestre em Ciências e Saúde pela Universidade Federal do Piauí – UFPI | Teresina - PI

Currículo LATTES: <http://lattes.cnpq.br/6229448034136466>

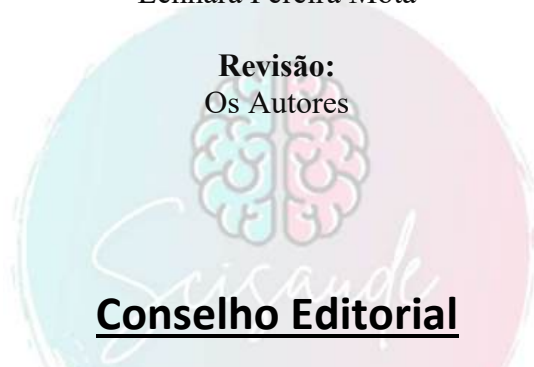
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1128-390X>

**Editor chefe**  
Paulo Sérgio da Paz Silva Filho

**Projeto gráfico**  
Lennara Pereira Mota

**Diagramação:**  
Paulo Sérgio da Paz Silva Filho  
Lennara Pereira Mota

**Revisão:**  
Os Autores



Ana Flavia de Oliveira Ribeiro

Elane da Silva Barbosa

Juliane Maguetas Colombo Pazzanese

Ana Florise Morais Oliveira

Francine Castro Oliveira

Júlia Maria do Nascimento Silva

André de Lima Aires

Giovanna Carvalho Sousa Silva

Kaline Malu Gerônimo Silva dos Santos

Angélica de Fatima Borges Fernandes

Heloísa Helena Figuerêdo Alves

Laíza Helena Viana

Camila Tuane de Medeiros

Jamile Xavier de Oliveira

Leandra Caline dos Santos

Camilla Thaís Duarte Brasileiro

Jean Carlos Leal Carvalho De Melo Filho

Lennara Pereira Mota

Carla Fernanda Couto Rodrigues

João Paulo Lima Moreira

Luana Bastos Araújo

Daniela de Castro Barbosa Leonello

Juliana Britto Martins de Oliveira

Maria Isabel Soares Barros

Dayane Dayse de Melo Costa

Juliana de Paula Nascimento

Maria Luiza de Moura Rodrigues

Maria Vitalina Alves de Sousa

Raissa Escandiusi Avramidis

Wesley Romário Dias Martins

Maryane Karolyne Buarque Vasconcelos

Renata Pereira da Silva

Wilianne da Silva Gomes

Paulo Sérgio da Paz Silva Filho

Sanny Paes Landim Brito Alves

Willame de Sousa Oliveira

Mayara Stefanie Sousa Oliveira

Suellen Aparecida Patricio Pereira

Naila Roberta Alves Rocha

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**

**(Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil)**

Abordagens clínicas e tecnológicas na saúde [livro eletrônico] :  
da emergência à terapia intensiva : volume 1 / organizadores  
Samuel Lopes dos Santos...[et al.] -- Teresina, PI :  
SCISAUDE, 2025.

PDF

Vários autores.

Outros organizadores: Pedro Lucas Alves Ferreira, Maria Idalina  
Rodrigues, Francisco Rafael Costa Araújo de Carvalho, Suhelen  
Maria Brasil da Cunha Gama, Davi Leal Sousa.

**Bibliografia.**

ISBN 978-65-85376-64-8

1. Assistência à saúde 2. Emergências médicas  
3. Enfermagem 4. Saúde pública 5. Sistema Único de Saúde  
(Brasil) 6. Urgências médicas I. Santos, Samuel Lopes dos. II.  
Ferreira, Pedro Lucas Alves.  
III. Rodrigues, Maria Idalina. IV. Carvalho, Francisco Rafael  
Costa Araújo de. V. Gama, Suhelen Maria Brasil da Cunha. VI.  
Sousa, Davi Leal.

25-262668

CDD-610.73  
NLM-WY-100

**Índices para catálogo sistemático**

1. Enfermagem : Ciências médicas 610.73

Eliane de Freitas Leite - Bibliotecária - CRB 8/8415



10.56161/sci.ed.20250330



978-65-85376-64-8



SCISAUDE

Teresina – PI – Brasil  
scienceesaude@hotmail.com  
[www.scisaude.com.br](http://www.scisaude.com.br)



# APRESENTAÇÃO

A enfermagem e a assistência em saúde estão em constante evolução, impulsionadas pelo avanço das pesquisas científicas e pela necessidade de aprimorar o cuidado prestado aos pacientes.

O livro aborda temas essenciais para a prática clínica da enfermagem e para o aprimoramento do cuidado em saúde. São discutidos aspectos fundamentais do manejo clínico de condições críticas, como a Síndrome Neuroléptica Maligna (SNM), um evento adverso grave relacionado ao uso de antipsicóticos, e as Doenças Hipertensivas Específicas da Gestação (DHEG), que representam uma das principais causas de morbimortalidade materna. Além disso, são exploradas as urgências odontológicas no contexto da atenção básica, enfatizando o manejo adequado da avulsão dentária, bem como o papel dos dispositivos vestíveis na saúde e o impacto da Inteligência Artificial na predição e manejo da sepse em unidades de terapia intensiva.

Cada capítulo foi estruturado para oferecer uma análise detalhada das problemáticas abordadas, trazendo protocolos, estratégias e recomendações baseadas em evidências. Ao reunir essas temáticas diversas, este livro busca contribuir para a qualificação dos profissionais de saúde, fomentando reflexões e auxiliando na tomada de decisões clínicas fundamentadas.

Esperamos que esta obra sirva como referência para profissionais, estudantes e pesquisadores interessados em fortalecer a qualidade da assistência e a inovação na área da saúde. Que este material inspire novos estudos e aprimoramentos na prática clínica, promovendo um cuidado cada vez mais eficiente e humanizado.

**Boa Leitura!!!**





<b>CAPÍTULO 1</b> .....	<b>11</b>
<b>RECONHECIMENTO CLÍNICO DA SÍNDROME NEUROLÉPTICA MALIGNA EM PACIENTES PSIQUIÁTRICOS: UMA ANÁLISE BASEADA EM CASOS</b> .....	<b>11</b>
10.56161/sci.ed.20250330c1 .....	11
<b>CAPÍTULO 2</b> .....	<b>26</b>
<b>POTENCIALIDADES DO USO DE DISPOSITIVOS VESTÍVEIS PARA A ASSISTÊNCIA FISIOTERAPÊUTICA EM AMBIENTE HOSPITALAR</b> .....	<b>26</b>
10.56161/sci.ed.20250330c2 .....	26
<b>CAPÍTULO 3</b> .....	<b>38</b>
<b>AÇÕES E INTERVENÇÕES DE ENFERMAGEM NO MANEJO CLÍNICO DA DOENÇA HIPERTENSIVA ESPECÍFICA DA GESTAÇÃO NA ATENÇÃO PRIMÁRIA</b> .....	<b>38</b>
10.56161/sci.ed.20250330c3 .....	38
<b>CAPÍTULO 4</b> .....	<b>51</b>
<b>URGÊNCIA ODONTOLÓGICA NA ATENÇÃO BÁSICA: AVULSÃO DE DENTES PERMANENTES – UMA REVISÃO DE LITERATURA INTEGRATIVA</b> .....	<b>51</b>
10.56161/sci.ed.20250330c4 .....	51
<b>CAPÍTULO 5</b> .....	<b>59</b>
<b>IMPACTO DA INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL NO DIAGNÓSTICO RÁPIDO DE SEPSIS EM UNIDADES DE TERAPIA INTENSIVA</b> .....	<b>59</b>
10.56161/sci.ed.20250330c5 .....	59
<b>CAPÍTULO 6</b> .....	<b>65</b>
<b>INTERVENÇÕES DE ENFERMAGEM NA DEPRESSÃO PUERPERAL NO CONTEXTO DA ATENÇÃO PRIMÁRIA: UMA REVISÃO INTEGRATIVA</b> .....	<b>65</b>
10.56161/sci.ed.20250330c6 .....	65
<b>CAPÍTULO 7</b> .....	<b>80</b>
<b>PERFIL DOS ÓBITOS HOSPITALARES DE PEDESTRES VÍTIMAS DE ACIDENTES DE TRÂNSITO NO PARÁ (2013-2023)</b> .....	<b>80</b>
10.56161/sci.ed.20250330c7 .....	80
<b>CAPÍTULO 8</b> .....	<b>90</b>
<b>PREVALÊNCIA DE SINTOMAS SUGESTIVOS DE TDAH EM FREQUENTADORES DE ACADEMIA</b> .....	<b>90</b>
10.56161/sci.ed.20250330c8 .....	90
<b>CAPÍTULO 9</b> .....	<b>108</b>
<b>TRANSTORNO DE DÉFICIT DE ATENÇÃO E HIPERATIVIDADE: ESTIMATIVA DE PREVALÊNCIA EM ESCOLARES</b> .....	<b>108</b>
10.56161/sci.ed.20250330c9 .....	108
<b>CAPÍTULO 10</b> .....	<b>122</b>
<b>TRAUMATISMO CRANIOENCEFÁLICO NA INFÂNCIA</b> .....	<b>122</b>
10.56161/sci.ed.20250330c10 .....	122
<b>CAPÍTULO 11</b> .....	<b>132</b>
<b>FÍGADO GORDUROSO AGUDO DA GESTAÇÃO</b> .....	<b>132</b>
10.56161/sci.ed.20250330c11 .....	132
<b>CAPÍTULO 12</b> .....	<b>140</b>
<b>HEMORRAGIA PUERPERAL</b> .....	<b>140</b>
10.56161/sci.ed.20250330c12 .....	140
<b>CAPÍTULO 13</b> .....	<b>148</b>
<b>DESAFIOS ENFRENTADOS PELA ENFERMAGEM NA PREVENÇÃO DE LESÃO POR PRESSÃO NA UNIDADE DE TERAPIA INTENSIVA</b> .....	<b>148</b>
10.56161/sci.ed.20250330c13 .....	148
<b>CAPÍTULO 14</b> .....	<b>157</b>
<b>A IMPORTÂNCIA DA EQUIPE INTERDISCIPLINAR NA REABILITAÇÃO DE PACIENTES CRÍTICOS EM UTI</b> .....	<b>157</b>
10.56161/sci.ed.20250330c14 .....	157
<b>CAPÍTULO 15</b> .....	<b>174</b>
<b>AVALIAÇÃO MOLECULAR COMO FERRAMENTA DETERMINANTE NA TRIAGEM RÁPIDA DA ETIOLOGIA DE SEPSE EM EMERGÊNCIAS</b> .....	<b>174</b>
10.56161/sci.ed.20250330c15 .....	174
<b>CAPÍTULO 16</b> .....	<b>191</b>
<b>IMPACTOS DA EXPOSIÇÃO À RADIAÇÃO EM EXAMES ODONTOLÓGICOS</b> .....	<b>191</b>
10.56161/sci.ed.20250330c16 .....	191
<b>Alerta sobre a importância do conhecimento das radiações ionizantes e uso de protetores plumbíferos na radiologia odontológica</b> .....	<b>196</b>
<b>CAPÍTULO 17</b> .....	<b>203</b>
<b>RADIOLOGIA INTERVENCIÓNISTA: TÉCNICAS E INOVAÇÕES NO CATETERISMO CARDÍACO E ANGIOPLASTIA TRANSLUMINAL PERCUTÂNEA</b> .....	<b>203</b>
10.56161/sci.ed.20250330c17 .....	203






# CAPÍTULO 15

## AVALIAÇÃO MOLECULAR COMO FERRAMENTA DETERMINANTE NA TRIAGEM RÁPIDA DA ETIOLOGIA DE SEPSE EM EMERGÊNCIAS

MOLECULAR ASSESSMENT AS A KEY TOOL IN RAPID SCREENING OF SEPSIS  
ETIOLOGY IN EMERGENCY

 10.56161/sci.ed.20250330c15

**Gabriel da Silva Brito**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0009-0008-1446-9594>

**Marina Nascimento Vêras**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0009-0004-0505-6166>

**Jayane da Silva Sousa**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0009-0006-7654-2924>

**Ana Gabrielle da Silva Mendes**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0009-0005-0526-7243>

**Weny Manuela Ferreira Alves da Silva**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0009-0003-4579-537X>

**Isadora Maria dos Santos Nascimento**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0009-0005-0129-3647>

**Jhully Halina Oliveira dos Santos**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0009-0009-4474-120X>

**Madalena Santos das Chagas**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0000-0002-9716-8234>

**Kaio Breno Dourado da Silva**





Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0009-0006-5024-008X>

### **Fabiana da Cruz Araújo**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

Orcid ID do autor: <https://orcid.org/0000-0003-4174-0841>

### **RESUMO**

A sepse é uma emergência global de saúde pública com alta mortalidade, impulsionada pelo atraso no diagnóstico e na terapia antimicrobiana adequada, sendo o método padrão-ouro, a hemocultura, limitado por baixa sensibilidade e tempo prolongado. Este estudo, uma revisão integrativa da literatura, teve como propósito avaliar o espectro e a diversidade de técnicas moleculares aplicadas no contexto clínico e descrever como elas servem de alicerce para o diagnóstico precoce e preciso da sepse. A metodologia seguiu as diretrizes PRISMA, usando a questão PICO para buscar estudos primários sobre o uso de tecnologias moleculares em bases de dados como PubMed e ScienceDirect. Foram incluídos oito artigos que demonstraram o valor das técnicas moleculares, como o Sequenciamento de Nova Geração (NGS) e a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) em diversas modalidades. Especificamente, foi evidenciado que o NGS (gene 16S rRNA) e a PCR multiplex (SeptiFast, FilmArray) fornecem sensibilidade superior à hemocultura e resultados rápidos (em horas), permitindo a detecção de múltiplos patógenos e genes de resistência. A combinação PCR/ESI-MS se destacou por seu alto valor prognóstico, estando a positividade fortemente associada à maior mortalidade, mesmo com hemocultura negativa. Em conclusão, as técnicas moleculares, como PCR e NGS oferecem avanços significativos no manejo da sepse, pois a rapidez e a precisão do diagnóstico permitem intervenções terapêuticas precoces e mais direcionadas, contribuindo para a melhora dos desfechos clínicos em pacientes críticos.

**PALAVRAS-CHAVE:** Sepse; Diagnóstico molecular; Emergência clínica.

### **ABSTRACT**

Sepsis is a global public health emergency with high mortality, driven by delayed diagnosis and inadequate antimicrobial therapy. The gold-standard method, blood culture, is limited by low sensitivity and a prolonged turnaround time. This study, an integrative literature review, aimed to evaluate the spectrum and diversity of molecular techniques applied in the clinical context and to describe how they form the foundation for the early and precise diagnosis of sepsis. The methodology followed PRISMA guidelines, using the PICO question to search for primary studies on the use of molecular technologies in databases such as PubMed and ScienceDirect. Eight articles were included that demonstrated the value of molecular techniques, such as Next-Generation Sequencing (NGS) and Polymerase Chain Reaction (PCR), in various modalities. Specifically, it was shown that NGS (16S rRNA gene) and multiplex PCR (SeptiFast, FilmArray) provide superior sensitivity to blood culture and rapid results (within hours), allowing the detection of multiple pathogens and resistance genes. The PCR/ESI-MS combination stood out for its high prognostic value, with positivity being strongly associated with increased mortality, even with negative blood cultures. In conclusion, molecular techniques, especially PCR and NGS, offer significant advances in sepsis management, as the speed and precision of the diagnosis enable early and more targeted therapeutic interventions, contributing to the improvement of clinical outcomes in critically ill patients.

**KEYWORDS:** Sepsis; Molecular diagnosis; Clinical emergency.





## INTRODUÇÃO

A sepse é considerada uma questão de saúde pública mundial, na qual caracteriza-se como uma resposta inflamatória sistêmica desregulada frente à infecção. Posto isso, essa intensa atividade imunológica resulta em um conjunto de sintomas – como febre, calafrios, pressão baixa e taquicardia –, os quais envolvem distintos órgãos, assim, tipificando a septicemia como uma síndrome complexa (Caraballo; Jaimes, 2019; Jarczak *et al.*, 2021). Além disso, essa condição apresenta uma ampla variedade de agentes etiológicos – bactérias, fungos e vírus, sendo os primeiros responsáveis pela maioria dos casos –, em que essa natureza multifatorial somada com a heterogeneidade clínica apresentada configuram-se como obstáculos no diagnóstico da sepse (La Via *et al.*, 2024).

Desse modo, estima-se que aproximadamente 48,9 milhões de casos ocorram anualmente, com cerca de 11 milhões de mortes, o que representa quase 20% de todos os óbitos globais (Kumar *et al.*, 2024). Mesmo com os avanços da medicina intensiva e o estabelecimento de diretrizes internacionais, como as da “Surviving Sepsis Campaign”, a mortalidade associada à sepse permanece elevada, especialmente quando há atraso na identificação do agente etiológico e na aplicação da terapia antimicrobiana adequada, sendo que o atraso superior a três horas é extremamente crítico (Pruneilli *et al.*, 2018; Rüddel *et al.*, 2022). Ademais, o cenário é ainda mais grave em departamentos de emergência, onde o tempo de resposta clínica é limitado e a diferenciação entre infecção grave e outros processos inflamatórios pode ser complexa.

Nesse sentido, o diagnóstico precoce é o principal determinante prognóstico na sepse, pois o atraso terapêutico está diretamente relacionado à progressão para disfunção orgânica múltipla e choque séptico, além de diminuir o impacto na mortalidade em consequência do retardo da terapia. A confirmação microbiológica depende de hemoculturas, consideradas o padrão-ouro e tradicional na identificação de agentes infecciosos. No entanto, esses métodos apresentam importantes limitações: o tempo prolongado de incubação, a baixa sensibilidade de identificação – apenas 18-40% dos pacientes com sepse apresentam hemoculturas positivas – e a incapacidade de detectar microrganismos de crescimento lento ou fastidioso (Rello; Alonso-Tarrés, 2021; Sorrels *et al.*, 2025). Essas restrições podem atrasar o estabelecimento da conduta terapêutica direcionada e favorecer o uso empírico de antimicrobianos de amplo espectro, contribuindo tanto para o aumento da resistência microbiana, como também em efeitos adversos na microbiota do paciente e elevação dos





custos hospitalares (Sinha *et al.*, 2018).

Diante da perspectiva dessas limitações, a incorporação de ferramentas diagnósticas moleculares tem se destacado como um marco na medicina de emergência e terapia intensiva. Técnicas como a reação em cadeia da polimerase (PCR), multiplex PCR, hibridização fluorescence in situ (FISH), espectrometria de massas (MALDI-TOF) e microarranjos genéticos possibilitam a identificação direta de DNA ou RNA microbiano em amostras clínicas, reduzindo o tempo diagnóstico de dias para poucas horas (Florio *et al.*, 2018; Zhao *et al.*, 2024). Tais métodos além de apresentarem maior sensibilidade e especificidade, também permitem a detecção simultânea de múltiplos patógenos e genes de resistência a antimicrobianos. Estudos demonstram que o uso de testes moleculares, como *SeptiFast* e *FilmArray*, tem contribuído para a rápida orientação terapêutica e melhor prognóstico em pacientes sépticos, especialmente quando aplicados em conjunto com marcadores clínicos e bioquímicos (Holma *et al.*, 2022; Rule *et al.*, 2021; Okamoto *et al.*, 2023).

No ambiente de emergência, onde o tempo é fator crítico, o uso de métodos moleculares representa uma evolução significativa no enfrentamento da sepse, na qual trabalhos mostram que esses testes diminuí significativamente o tempo de espera para obter os resultados, facilitando decisões terapêuticas rápidas, isolamento de pacientes e redução do uso desnecessário de antibióticos (Kondo *et al.*, 2020). A rapidez na identificação do patógeno e do perfil de resistência permite direcionar a antibioticoterapia de forma precisa e segura, evitando tanto o atraso terapêutico quanto o uso desnecessário de antibióticos. Posto isso, a avaliação molecular consolida-se como uma ferramenta determinante na triagem rápida da etiologia de sepse, contribuindo para a eficiência diagnóstica, a otimização da resposta clínica e a melhoria dos desfechos dos pacientes críticos.

Portanto, esta revisão tem como propósito avaliar o espectro e a diversidade de técnicas moleculares que estão sendo ativamente aplicadas no cenário clínico, com o foco de descrever como essas ferramentas de biologia molecular servem de alicerce fundamental para o diagnóstico precoce e preciso da sepse.

## MATERIAIS E MÉTODOS

Este estudo caracteriza-se como uma revisão integrativa da literatura, uma metodologia na qual possibilita identificar, reunir e sintetizar evidências científicas relevantes acerca de determinada temática (Russell; Cynthia, 2005). Posto isso, o desenvolvimento desta





revisão seguiu as etapas metodológicas propostas por Whittemore e Knafl (2005), isto é, a formulação da pergunta norteadora, definição dos critérios de elegibilidade, busca e seleção dos estudos, extração e análise dos dados e apresentação dos resultados. Ademais, as diretrizes do Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA) foram aplicadas na busca, visando a garantia da transparência, reprodutibilidade e rigor metodológico.

Nesse sentido, este trabalho objetivou responder a seguinte pergunta norteadora, formulada com base no acrônimo PICO (P: População, I: Intervenção, C: Comparação, O: Outcome): “Qual é a diversidade das técnicas moleculares atualmente aplicadas no contexto clínico e de que forma elas impactam no diagnóstico da sepse?”

Tabela I: O acrônimo PICO aplicado para a Revisão Integrativa da Literatura:

ACRÔNIMO	DEFINIÇÃO	APLICAÇÃO
P	População	Pacientes em estado crítico ou atendidos em serviços de emergência com suspeita ou diagnóstico de sepse.
I	Interesse	Uso de tecnologias moleculares destinadas à identificação rápida da etiologia infecciosa.
C	Comparação	Não se aplica.
O	Resultado	Rapidez diagnóstica, acurácia das técnicas aplicadas e impacto clínico na tomada de decisão terapêutica.

Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

A busca bibliográfica foi realizada no mês de outubro de 2025 nas bases PubMed, ScienceDirect e Web of Science, sem delimitação temporal – com a finalidade de ampliar a análise. Desse modo, empregaram-se descritores controlados e termos livres em inglês combinados com os operadores booleanos *AND* e *OR*, os quais foram: “Sepsis”, “Critical illness”, “Emergencies” e “Molecular diagnostic techniques”, adaptados conforme os padrões estruturais de cada base de dados consultada. Seguidamente, todos os registros foram sistematicamente organizados para manejo das referências e exclusão de duplicatas, assegurando rastreabilidade do processo.

Os critérios de inclusão foram estudos primários disponíveis gratuitamente e na íntegra, publicados em inglês, português ou espanhol, os quais abordassem o uso de tecnologias moleculares aplicadas ao diagnóstico rápido de sepse em contextos de emergência ou estado crítico. Excluíram-se artigos não disponíveis em texto completo, publicações não originais, e quaisquer revisões de literatura, editoriais, livros, capítulos de livros, resumos de





eventos e trabalhos que não apresentassem aderência direta à temática proposta, como também que não abrangesse o assunto de maneira suficiente para a confecção do trabalho.

Dessa maneira, o processo de seleção dos estudos ocorreu em duas etapas sequenciais: inicialmente, foi realizada a triagem por meio da leitura de títulos e resumos; em seguida, realizou-se à leitura completa dos artigos potencialmente elegíveis, de modo a garantir que apenas aqueles que compresem os critérios estabelecidos fossem incluídos.

## RESULTADOS

Foram identificadas 109 publicações, na qual o fluxograma representativo do processo de seleção dos estudos primários está representado na Figura 1. Nesse viés, dessas publicações encontradas nas bases de dados 15 estudos primários foram selecionados para leitura completa, após a aplicação dos critérios de elegibilidade, dos quais 7 artigos foram excluídos e 8 compuseram a amostra da revisão.

Tabela II: estratégias de busca empregadas nos bancos de dados:

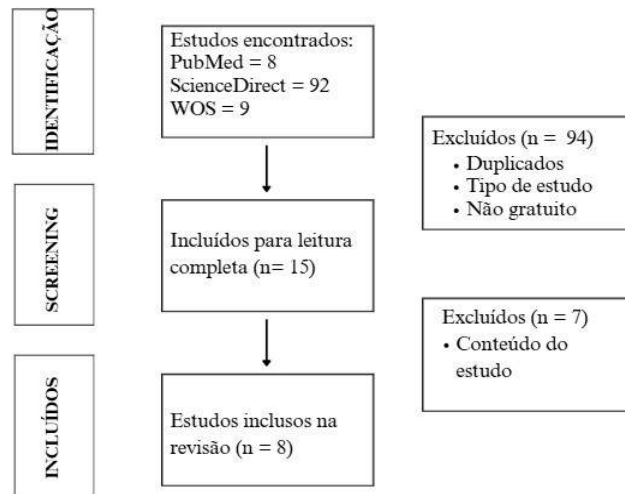
Bases	Estratégia	Resultados
Pubmed	((("Sepsis"[Mesh]) AND "Critical Illness"[Mesh]) OR "Emergencies"[Mesh]) AND "Molecular Diagnostic Techniques"[Mesh]	8
ScienceDirect	"Sepsis" AND "Emergency" AND "Molecular Diagnostic Techniques"	92
WOS	Sepsis (Topic) AND Emergency (Topic) AND Molecular Diagnostic Techniques (Topic)	9

Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.





**Figura 1:** Fluxograma para identificação, avaliação e coleta dos dados.



Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

Ademais, a Tabela III apresenta a caracterização descritiva dos trabalhos incluídos nesta revisão por autor, ano de publicação, objetivo, técnica molecular analisada ou estudada e principais resultados encontrados.

Tabela III: caracterização descritiva dos estudos encontrados (n=8):

Autor, ano, país	Título do artigo	Objetivo	Técnica Molecular	Resultados
Faria <i>et al.</i> , 2018	Bacterial DNA pattern identified using paired-end Illumina sequencing of 16S rRNA genes from whole blood samples of septic patients in the emergency room and Intensive care unit	O objetivo do estudo foi determinar se o sequenciamento molecular do DNA bacteriano na corrente sanguínea estava correlacionado com a infecção clínica.	Sequenciamento de Nova Geração (NGS)	Por meio do sequenciamento do gene 16s rRNA, o estudo demonstrou a aplicabilidade do sequenciamento pareado de 16S rRNA da Illumina. Posto que foram identificados três grupos de perfis de DNA bacteriano, diferenciados com base na distribuição de DNA de <i>Streptococcus</i> , <i>Staphylococcus</i> e bactérias Gram-negativas, os quais apresentavam boa concordância com a fonte primária de infecção do paciente.



<p>Yang <i>et al.</i>, 2021</p>	<p>Tracking bacterial DNA patterns in septic progression using 16S rRNA gene amplicon sequencing analysis</p>	<p>Objetivou-se rastrear as alterações na composição bacteriana no sangue de pacientes durante o desenvolvimento da sepse, utilizando sequenciamento metagenômico 16S, e determinar a correlação entre essas mudanças na comunidade bacteriana e o desfecho clínico final (sobrevivência).</p>	<p>Sequenciamento de Nova Geração (NGS)</p>	<p>A técnica empregada possibilitou a identificação de variações taxonômicas significativas entre os grupos de sobreviventes e não sobreviventes ao longo do tratamento. As diferenças foram notavelmente distintas no terceiro dia (Dia 3) após o início da sepse. A estrutura microbiana no geral foi dominada pelo filo <i>Proteobacteria</i>. A análise estatística no Dia 3 sugeriu uma clara distinção entre os grupos, indicando que a monitorização molecular pode ser um complemento prognóstico neste estágio inicial e uma ferramenta útil para acompanhar as alterações microbianas durante a terapia antibiótica.</p>
<p>Bravo <i>et al.</i>, 2011</p>	<p>Diagnostic accuracy and potential clinical value of the LightCycler SeptiFast assay in the management of bloodstream infections occurring in neutropenic and critically ill patients</p>	<p>Teve como foco comparar o desempenho do teste LightCycler SeptiFast Test MGRADE e da hemocultura convencional no diagnóstico etiológico de episódios febris em pacientes neutropênicos e criticamente enfermos (UTI). Além de avaliar o potencial valor clínico do teste SeptiFast no Manejo dos pacientes.</p>	<p>PCR Multiplex</p>	<p>O estudo teve como resultado uma boa sensibilidade do teste molecular empregado, PCR em tempo real Multiplex, haja vista a sensibilidade do teste SeptiFast para episódios clinicamente relevantes de bacteremia e fungemia, foi de 62% em pacientes neutropênicos e de 70% em pacientes de UTI. Ademais, o ensaio molecular apresentava abrangência de detecção de até 25 organismos bacterianos e fúngicos.</p>



<p>Sitnik <i>et al.</i>, 2014</p>	<p>SeptiFast for Diagnosis of Sepsis in Severely ill patients from a Brazilian hospital</p>	<p>O trabalho teve como propósito testar e validar um novo método molecular de PCR multiplex para diagnosticar infecções na corrente sanguínea, além de comparar a eficácia desse método com os resultados da hemocultura convencional.</p>	<p>PCR Multiplex</p>	<p>A técnica LightCycler SeptiFast v2.0 (LCS) forneceu resultados em menos de 8 horas. O LCS se mostrou superior à hemocultura, detectando mais amostras positivas (20,2% vs 14,9%), com uma concordância geral de 86,8%. O LCS atingiu sensibilidade de 81,3% e um Valor Preditivo Negativo (VPN) de 93,5%, superando os valores da hemocultura. Ele foi eficaz na detecção de infecções fúngicas difíceis de crescer na cultura, como <i>Candida não-albicans</i>. O teste promete reduzir o tempo de internação e otimizar o uso de antibióticos devido ao diagnóstico mais rápido. Contudo, a detecção de alguns microrganismos (ex.: <i>Burkholderia cepacia</i>) apenas pela hemocultura reforça a necessidade de utilizar ambos os testes em conjunto.</p>
<p>Verroken <i>et al.</i>, 2019</p>	<p>The impact of a rapid molecular identification test on positive blood cultures from critically ill with bacteremia: a pre-post intervention study</p>	<p>O estudo visou avaliar como o uso de um teste molecular de identificação rápida, aplicado diretamente em hemoculturas positivas, poderia melhorar o manejo terapêutico de pacientes criticamente enfermos.</p>	<p>PCR Multiplex</p>	<p>O BioFire FilmArray identificou 24 microrganismos e 3 genes de resistência. A intervenção resultou em uma drástica redução no tempo médio para a administração do Tratamento Antimicrobiano Ótimo (TAO), caindo de 14h41 para apenas 4h39. Essa melhora foi atribuída à disponibilidade ininterrupta do teste. O FA-BCID levou ao ajuste do tratamento em 31,8% dos casos de infecção na corrente sanguínea, com a maioria desses ajustes resultando diretamente no TAO. A taxa de identificação do teste para microrganismos do painel foi de 96,2%, com um tempo médio de identificação de 1h35.</p>





<p>Jordana-Lluch <i>et al.</i>, 2015</p>	<p>Evaluation of the broad-range PCR/ESI-MS Technology in blood specimens for the molecular diagnosis of bloodstream infections</p>	<p>Focou na avaliação do desempenho do IRIDICA — uma plataforma baseada em amplificação genética universal seguida por espectrometria de massa (PCR/ESI-MS) — para o diagnóstico molecular de patógenos relacionados à sepse diretamente do sangue do paciente.</p>	<p>PCR de Amplo Espectro</p>	<p>A aplicação da IRIDICA BAC BSI Assay possibilitou identificar uma ampla gama de bactérias, <i>Candida spp.</i> e marcadores de resistência (ex.: <i>mecA</i>, <i>KPC</i>) em 6 horas. A concordância positiva com a hemocultura foi de 74,8%. O teste teve alto desempenho em pacientes de UTI (sensibilidade de 90,5%) e conseguiu detectar 41 microrganismos clinicamente importantes que haviam sido perdidos pela cultura, a maioria em pacientes já em tratamento. Assim, foi demonstrado a eficácia desta técnica no diagnóstico agilizado e fiel da sepse, principalmente quando comparado a metodologia tradicional - hemocultura</p>
<p>Vincent <i>et al.</i>, 2015</p>	<p>Rapid diagnosis of infection in the critically ill, a multicenter study of molecular detection in bloodstream infections, pneumonia, and sterile site infections</p>	<p>O principal objetivo do estudo foi comparar os resultados da nova tecnologia PCR/ESI-MS (cultura-independente) com os dos testes microbiológicos padrão e avaliar as implicações clínicas potenciais do uso dessa técnica molecular.</p>	<p>PCR associada à Espectrometria de Massa por Ionização por Eletrospray (PCR/ESI-MS)</p>	<p>A técnica empregada, PCR/ESI-MS (cultura-independente), é capaz de detectar mais de 800 patógenos e três classes de resistência em cerca de 6 horas. Em amostras de infecção da corrente sanguínea (BSI), o PCR/ESI-MS identificou um patógeno em 37% dos casos, comparado a apenas 11% pela cultura padrão, sendo três vezes mais propenso a identificar um organismo. O teste demonstrou sensibilidade de 81% e um Valor Preditivo Negativo (VPN) elevado, de 97%, em 6 horas. A análise clínica sugeriu que os resultados do PCR/ESI-MS poderiam levar a uma mudança no tratamento em até 57% dos pacientes. O teste também mostrou bom desempenho em amostras do trato respiratório e em fluidos/tecidos estéreis.</p>



<p>O'Dwyer <i>et al.</i>, 2017</p>	<p>The detection of microbial DNA but not cultured bacteria is associated with increased mortality in patients with suspected sepsis—a prospective multi-centre European observational study</p>	<p>O estudo visou estabelecer o significado prognóstico da presença de DNA microbiano na corrente sanguínea de pacientes hospitalizados com suspeita de sepse, utilizando os dados obtidos pelo estudo RADICAL.</p>	<p>PCR associada à Espectrometria de Massa por Ionização por Eletrospray (PCR/ESI-MS)</p>	<p>A análise comparou o PCR/ESI-MS (cultura-independente) e a hemocultura para prever a mortalidade em 28 dias. O resultado da hemocultura positiva não foi associado a maior mortalidade (35% vs. 32%). No entanto, um resultado positivo no PCR/ESI-MS esteve fortemente associado a uma mortalidade mais alta e significativa (42% vs. 26%; Odds Ratio de 2,1), inclusive em pacientes com hemoculturas negativas. Os achados sugerem que a detecção de DNA microbiano pelo PCR/ESI-MS identifica um grupo de pacientes com maior risco de morte, fornecendo informações prognósticas valiosas além da avaliação tradicional.</p>
--	--	---	---	--

Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

## DISCUSSÃO

Dentre os resultados, foi-se apontado duas vertentes moleculares distintas existentes para o aperfeiçoamento de detecção de sepse por microrganismos, o sequenciamento de nova geração e a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) em distintos métodos de aplicação.

O uso de técnicas de sequenciamento de nova geração (NGS) tem se mostrado notavelmente sensível e eficiente como ferramenta diagnóstica em casos de sepse bacteriana. No estudo de Farias et al. (2018), a aplicação da tecnologia Illumina paired-end demonstrou elevada eficácia na detecção direta, em amostras de sangue, de infecções polimicrobianas, permitindo a identificação de diferentes perfis de DNA bacteriano, incluindo gêneros como *Streptococcus*, *Staphylococcus* e diversas bactérias Gram-negativas.

Essa metodologia baseia-se no sequenciamento de ambas as extremidades de um fragmento de DNA, o que proporciona dados de alta qualidade e ampla cobertura genômica. Tal abordagem possibilita reconhecer rearranjos genéticos, regiões repetitivas, fusões gênicas e transcritos inéditos, aspectos fundamentais para uma análise precisa da microbiota circulante (OIMC, 2023). Por permitir que as leituras obtidas em pares se alinhem de forma mais acurada ao genoma de referência, a técnica eleva significativamente a precisão e a confiabilidade dos resultados obtidos.





A alta concordância observada entre os perfis moleculares detectados e as fontes primárias de infecção identificadas clinicamente evidencia a robustez e a confiabilidade da técnica molecular. Esse alinhamento entre os achados laboratoriais e os dados clínicos ressalta o potencial do perfilamento molecular como ferramenta diagnóstica complementar de grande valor, capaz de aperfeiçoar a identificação da origem das infecções e subsidiar condutas terapêuticas mais precisas e personalizadas.

Ademais, a utilização do NGS se destaca diante das limitações dos métodos convencionais, como a hemocultura, que, além de apresentar menor sensibilidade, pode ser suscetível à contaminação durante a coleta e o processamento, especialmente em ambientes hospitalares. Tais desvantagens reforçam a necessidade de critérios rigorosos de controle e ambientação laboratorial (Chela et al., 2019).

Ainda, os estudos de Yang et al. (2021) também demonstraram que o sequenciamento do gene 16S rRNA representa uma boa alternativa para acompanhamento de sepse, demonstrando vários táxons entre grupos de pacientes. Este processo molecular permite a detecção de DNA bacteriano no sangue, oferecendo uma nova visão genética sobre as flutuações microbiológicas durante a progressão da sepse e o acompanhamento microbiológico por meio do sequenciamento do 16S rRNA nas fases iniciais da infecção da corrente sanguínea pode apresentar importante valor prognóstico. A identificação dessas variações genéticas pode, portanto, atuar como um recurso complementar para avaliar a resposta aos tratamentos antimicrobianos.

O estudo conduzido por Bravo et al. (2011) avaliou o desempenho da PCR multiplex em tempo real, aplicado ao diagnóstico de infecções da corrente sanguínea. Os autores ressaltaram que o SeptiFast constitui uma ferramenta diagnóstica complementar de grande utilidade, especialmente em situações nas quais a rapidez na identificação do agente infeccioso é determinante para o manejo clínico adequado.

A técnica de PCR multiplex em tempo real consiste em uma metodologia que permite amplificar simultaneamente diversas regiões de DNA em um único ensaio, por meio do uso de múltiplos conjuntos de primers específicos para cada alvo genético. Esse processo possibilita a detecção de diferentes sequências genéticas de forma concomitante, otimizando o tempo e a eficiência da análise laboratorial (Bhattacharya et al., 2003).

Os achados de Sitnik et al. em 2014 também abordam o desempenho do teste LightCycler SeptiFast v2.0 (LCS) na detecção rápida e simultânea de patógenos causadores de infecções da corrente sanguínea (BSI — Bloodstream Infections), como em casos de sepse. Neste estudo, foi perceptível a excelente atual da PCR multiplex apresentou maior sensibilidade





que a hemocultura, conseguindo identificar um número superior de casos de infecção da corrente sanguínea.

Outro aspecto importante foi o tempo reduzido para obtenção dos resultados, que ficou abaixo de 8 horas, proporcionando um diagnóstico muito mais rápido do que o tempo exigido para o crescimento microbiano em cultura. Além disso, o LightCycler SeptiFast demonstrou capacidade ampliada de detecção, sendo eficaz na identificação de microrganismos de difícil isolamento, como espécies de *Candida non-albicans*, o que amplia o espectro de patógenos reconhecíveis (Opota et al., 2015).

Identificar microrganismos que dependem de excelentes condições de isolamento se mostra uma tarefa árdua e demorada, o que acaba inviabilizando o tratamento de casos de urgentes como a sepse, principalmente em contextos de UTI, dessa forma a utilização de técnicas moleculares como a PCR multiplex se tornam ferramentas fundamentais para o manejo de urgências patológicas centralizadas em microrganismos.

Nesse viés, o método também foi explorado por Tombuloglu et al. (2022), que demonstraram sua aplicabilidade na detecção de outros microrganismos, como o SARS-CoV-2. Nessa investigação, a técnica foi empregada para amplificar simultaneamente dois alvos genéticos virais (genes N e RdRP) e um gene humano de controle (RP), assegurando a confiabilidade e a precisão dos resultados. Os autores destacaram, ainda, que o método se mostrou ágil, preciso, de fácil execução e com alta capacidade de processamento, características essenciais em contextos de diagnóstico rápido.

Ainda, a técnica pode ser utilizada em diagnósticos qualitativos, permitindo a identificação simultânea de diferentes patógenos em uma única reação, o que a torna extremamente útil para triagem de múltiplas amostras ou detecção de vírus como o herpes simples (HSV-1 e HSV-2), o vírus varicela-zoster (VZV), o vírus Epstein-Barr (EBV) e o citomegalovírus (CMV) (Santos et al. 2020).

O teste BioFire® FilmArray® Blood Culture Identification (FA-BCID) desenvolvido pela BioMérieux, também é baseado em PCR multiplex e foi projetado para identificação direta de patógenos a partir de frascos de hemocultura positivos, principalmente em casos de sepse e infecções da corrente sanguínea (BSI — Bloodstream Infection). Os resultados do estudo de (Verroken et al., 2019) apresentaram uma boa precisão diagnóstica nas hemoculturas avaliadas, destacando-se por aspectos relevantes, como o curto tempo de detecção, especialmente em comparação com métodos tradicionais utilizados na prática clínica, e pela redução do intervalo até a administração de terapias antimicrobianas.





Esse método mostrou-se eficaz na tomada de decisões clínicas, proporcionando maior agilidade no manejo de pacientes em unidades de terapia intensiva e no uso de antibióticos. Assim, evidencia-se que, quando aplicado adequadamente, o método molecular pode interferir diretamente na recuperação de pacientes em estado grave, contribuindo para a otimização do tratamento e melhora dos desfechos clínicos.

Além disso, outra variação de reação em cadeia da polimerase é a de amplo espectro, que a PCR de amplo espectro atua como uma espécie de “cultura molecular”, capaz de identificar agentes infecciosos emergentes ou previamente conhecidos em doenças antes consideradas idiopáticas. O DNA amplificado revela sequências específicas de cada microrganismo, permitindo sua identificação ao ser comparado com bancos genômicos microbianos. Clinicamente, essa técnica possibilita a detecção rápida de bacteremias, favorecendo decisões baseadas em evidências, com antibioticoterapia mais precisa e melhor direcionamento do tratamento e hospitalização (Yang et al., 2004).

A combinação da PCR de amplo espectro com a espectrometria de massa (PCR/ESI-MS), explorada por Jordana-Lluch et al. (2015), apresentou-se como um método de diagnóstico rápido e eficiente para infecções da corrente sanguínea. Em comparação com a hemocultura convencional, essa tecnologia demonstrou alta sensibilidade e especificidade, sobretudo em pacientes internados em unidades de terapia intensiva (UTI).

Ainda, os achados de Vincent et al. (2015) reforçam o papel da Reação em Cadeia da Polimerase associada à Espectrometria de Massa por Ionização por Eletrospray (PCR/ESI-MS) no diagnóstico rápido de infecções graves. Ao apresentar desempenho superior ao da hemocultura, esse método evidencia o potencial de transformar o manejo clínico de pacientes críticos, especialmente em unidades de terapia intensiva, onde o tempo entre a coleta e a identificação do patógeno é determinante para o prognóstico.

A capacidade da PCR/ESI-MS de detectar microrganismos com maior sensibilidade — inclusive em casos de baixa carga bacteriana ou sob o uso prévio de antimicrobianos — amplia sua relevância diante das limitações dos métodos convencionais. Além disso, o impacto clínico relatado pelos autores, com possível modificação terapêutica em mais da metade dos casos avaliados, indica que o uso de métodos moleculares pode otimizar o início da terapia antimicrobiana, evitando tanto o atraso no tratamento quanto o uso empírico e indiscriminado de antibióticos (Vincent et al. 2015)

Interessantemente, a ausência de associação entre hemoculturas positivas e aumento da mortalidade reforça as limitações do diagnóstico convencional para estratificação de risco. Em contraste, a positividade para DNA microbiano pelo PCR/ESI-MS esteve fortemente





relacionada a maior mortalidade em 28 dias, sugerindo que esta técnica é capaz de identificar pacientes com desfechos clínicos mais graves, mesmo quando as culturas são negativas. (O'Dwyer et al. (2017).

Esses resultados indicam que a presença de DNA bacteriano ou fúngico no sangue pode servir como marcador precoce de risco, possibilitando a identificação de subgrupos de pacientes que demandam atenção terapêutica mais intensa ou ajustes precoces na condução clínica. Assim, o PCR/ESI-MS pode complementar a hemocultura tradicional, oferecendo não apenas detecção rápida, mas também informações prognósticas relevantes, com potencial para otimizar decisões clínicas em cenários críticos de sepse.

Assim, a aplicação da PCR no contexto clínico-hospitalar favorece a implementação precoce de terapias antimicrobianas mais específicas e direcionadas à realidade das UTIs, permitindo intervenções rápidas e assertivas. Essa abordagem contribui para melhores desfechos clínicos, redução do uso indiscriminado de antibióticos e otimização do tratamento de pacientes com suspeita de sepse ou outras infecções sistêmicas graves.

Vale destacar algumas limitações desta pesquisa: i) a quantidade reduzida de artigos, capaz de restringir a obtenção de resultados; ii) o período de publicação dos estudos, muitos significativamente distantes do ano atual desta revisão. Ressaltamos que essas limitações podem refletir o cenário atual da pesquisa em biologia molecular aplicada a casos de sepse. Além disso, apesar das amplas aplicações e benefícios das técnicas abordadas, é necessário considerar o custo financeiro e a tecnologia exigida para sua implementação. Em contextos de cidades interioranas nacionais ou com pouca infraestrutura e incentivo governamental, a aplicação de métodos robustos em emergências de saúde tende a se restringir a laboratórios de grande porte, inviabilizando seu uso em sistemas de saúde públicos.

## CONCLUSÃO

Em síntese, os estudos revisados demonstram que as técnicas moleculares, as quais são variações do sequenciamento de nova geração e da PCR em suas diferentes modalidades, oferecem avanços significativos no diagnóstico e manejo da sepse. Essas metodologias apresentam sensibilidade superior à hemocultura convencional, capacidade de detectar infecções polimicrobianas, microrganismos de difícil cultivo e variações genéticas relevantes, permitindo uma compreensão mais detalhada da progressão da doença. Além disso, a rapidez na obtenção de resultados proporciona uma intervenção terapêutica precoce, favorecendo





ajustes precisos na antibioticoterapia e melhor estratificação de risco, especialmente em pacientes críticos de UTI.

A combinação de PCR de amplo espectro com espectrometria de massa (PCR/ESI-MS) evidencia ainda maior potencial, pois possibilita a identificação de patógenos mesmo sob uso prévio de antimicrobianos, além de fornecer informações prognósticas importantes relacionadas à mortalidade. De forma complementar, métodos como o LightCycler SeptiFast e BioFire FA-BCID reforçam a aplicabilidade clínica de testes moleculares rápidos, com impacto direto na conduta terapêutica e na redução do tempo até a administração do tratamento ideal.

Apesar das limitações de custo e aplicabilidade das técnicas de biologia molecular na detecção de sepse, urge a necessidade de implementação dessas ferramentas no contexto hospitalar, pois não apenas aprimoram o diagnóstico de infecções da corrente sanguínea, mas também contribui para decisões clínicas mais assertivas, redução do uso empírico de antibióticos e melhores desfechos clínicos. Esses achados reforçam a importância da incorporação de abordagens moleculares na rotina das UTIs em um futuro promissor ao sistema público de saúde brasileiro, consolidando seu papel de promotor de bem-estar e garantia correta do manejo eficiente da sepse e de infecções sistêmicas graves.

## REFERÊNCIAS:

- BHATTACHARYA, K. K. *et al.* Development of a new sensitive and efficient multiplex polymerase chain reaction (PCR) for identification and differentiation of different mycobacterial species. **Tropical Medicine and International Health**, v. 8, p. 150-157, 2003.
- CARABALLO, C.; JAIMES, F. Organ dysfunction in sepsis: an ominous trajectory from infection to death. **The Yale journal of biology and medicine**, v. 92, n. 4, p. 629, 2019.
- CHELA, H. K. *et al.* Approach to positive blood cultures in the hospitalized patient: a review. **Missouri Medicine**, [s.l.], v. 116, n. 4, p. 327-334, 2019. Disponível em:  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6699810/>. Acesso em: 08 nov. 2025.
- JARCZAK, D.; KLUGE, S.; NIERHAUS, A. Sepsis—pathophysiology and therapeutic concepts. **Frontiers in medicine**, v. 8, p. 628302, 2021.
- LA VIA, L. *et al.* The global burden of sepsis and septic shock. **Epidemiologia**, v. 5, n. 3, p. 456-478, 2024.
- OPOTA, O.; JATON, K.; GREUB, G. Microbial diagnosis of bloodstream infection: towards molecular diagnosis directly from blood. **Clinical Microbiology and Infection**, v. 21, n. 4, p. 323-331, 2015. DOI: 10.1016/j.cmi.2015.02.005. Acesso em: 08 nov. 2025.





PRUINELLI, L. *et al.* Delay within the 3-hour surviving sepsis campaign guideline on mortality for patients with severe sepsis and septic shock. **Critical care medicine**, v. 46, n. 4, p. 500-505, 2018.

RÜDDEL, H. *et al.* Adverse effects of delayed antimicrobial treatment and surgical source control in adults with sepsis: results of a planned secondary analysis of a cluster-randomized controlled trial. **Critical Care**, v. 26, n. 1, p. 51, 2022.

RUSSELL, C. L. An overview of the integrative research review. **Progress in Transplantation**, v. 15, n. 1, p. 8-13, 2005.

SANTOS, B. M. G. Desenvolvimento de reação em cadeia da polimerase (PCR) multiplex em tempo real com curva de dissociação de alta resolução (HRM) para detecção simultânea e identificação de seis herpesvírus humanos. **Fundação Oswaldo Cruz**. 2020. Disponível em:

<https://arca.fiocruz.br/items/1c6d1dfb-02e2-4114-944d-b4e47749aeb2>. Acesso em: 8 nov. 2025.

SEQUENCIAMENTO PAIRED-END. **IOMC World Portal**, 2023. Disponível em: <https://portuguese.iomcworld.com/scholarly/paired-end-sequencing-journals-articles-ppts-list-9.html>. Acesso em: 8 nov. 2025.

TOMBULOGLU, H. *et al.* Multiplex real-time RT-PCR method for the diagnosis of SARS-CoV-2 by targeting viral N, RdRP and human RP genes. **Scientific Reports**, [s.l.], v. 12, art. 2853, 2022. DOI: 10.1038/s41598-022-06977-z.

YANG, S.; ROTHMAN, R. E. PCR-based diagnostics for infectious diseases: uses, limitations, and future applications in acute-care settings. **The Lancet Infectious Diseases**, v. 4, n. 6, p. 337-348, 2004. Disponível em:

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7106425/>. Acesso em: 8 nov. 2025.

