Da identificação automatizada ao sequenciamento genômico: brucelose humana causada por espécie emergente.

MICHELE PASTANA BARBOSA MARTINS[1,2], MARGARIDA MARIA MACHADO DE SOUZA[1,2], KELLY DAYANE SERRÃO BARBOSA[1,2], EULY DO ESPÍRITO SANTO NERY[2], ELDONOR CUNHA ALVES JÚNIOR[2], ROBSON GONÇALVES SABATH FIGUEIREDO [3]

[1.] LABORATÓRIO CENTRAL DE SAÚDE PÚBLICA - PROF. REINALDO DAMASCENO (LACEN/AP), LABORATÓRIO DE BACTERIOLOGIA, MACAPÁ / AMAPÁ, BRASIL
[2.] HOSPITAL DE CLÍNICAS DR. ALBERTO LIMA, LABORATÓRIO DE MICROBIOLOGIA, MACAPÁ / AMAPÁ, BRASIL
[3.] LABORATÓRIO CENTRAL DE SAÚDE PÚBLICA - PROF. REINALDO DAMASCENO (LACEN/AP), DIRETOR, MACAPÁ / AMAPÁ, BRASIL

Introdução
A brucelose humana é uma zoonose bacteriana de manifestações inespecíficas e potencial subdiagnóstico, especialmente quando envolve espécies incomuns ou emergentes do gênero *Brucella*. Em laboratórios de rotina, a identificação pode ser desafiadora pela baixa frequência do agente, pelo risco biológico do manuseio e pelas limitações dos bancos de dados de sistemas automatizados e de espectrometria de massas para definição em nível de espécie. Em 2023, *Brucella amazoniensis* foi descrita como espécie emergente associada à brucelose humana na região amazônica, reforçando a importância da confirmação especializada e do uso de métodos genômicos na bacteriologia diagnóstica.

Objetivo(s)
Descrever a investigação microbiológica de um caso de brucelose humana a partir de hemocultura positiva, evidenciando as limitações dos métodos automatizados na identificação em nível de espécie e o papel do sequenciamento genômico na confirmação de espécies emergentes.

Material e Métodos

Relato de caso, descritivo e retrospectivo, baseado na análise de registros laboratoriais de um caso de brucelose humana. A amostra de sangue foi processada em sistema automatizado de hemocultura BACT/ALERT®. A identificação inicial foi realizada pelo VITEK® 2 Compact. Considerando a relevância microbiológica e epidemiológica do achado, o isolado foi encaminhado a laboratório especializado, onde foi avaliado por MALDI-TOF e qPCR, e posteriormente ao laboratório de referência nacional para sequenciamento genômico.

Resultados:
A hemocultura positivou após 44 horas de incubação. O material do frasco positivo foi submetido à bacterioscopia, com observação de cocobacilos Gram-negativos, e semeado em ágar chocolate e ágar

MacConkey. Após 48 horas, observou-se crescimento em Ágar Chocolate de colônias acinzentadas, redondas e convexas, em Ágar MacConkey, houve crescimento lento e escasso de colônias não fermentadoras de lactose. No laboratório local, o VITEK® 2 Compact identificou *Brucella melitensis*, com 99% de probabilidade. O isolado foi encaminhado para um laboratório especializado, no qual o MALDI-TOF confirmou o gênero *Brucella*, sem definição da espécie, e a qPCR indicou resultado compatível com *Brucella melitensis*. Posteriormente, o sequenciamento genômico realizado pelo laboratório de referência nacional identificou o isolado como *Brucella amazoniensis*.

Discussão e Conclusão

O caso evidencia que espécies emergentes de *Brucella* podem ser identificadas, por métodos automatizados ou ensaios moleculares dirigidos, a espécies clássicas do gênero, especialmente diante de limitações dos bancos de dados ou dos alvos empregados para discriminação taxonômica. A identificação inicial como *Brucella melitensis*, espécie incomum no contexto epidemiológico brasileiro, justificou a confirmação por método de maior poder resolutivo. O sequenciamento genômico foi decisivo para a elucidação taxonômica do isolado e confirmou *Brucella amazoniensis* como agente associado ao caso humano. O relato reforça a importância da interpretação crítica dos resultados laboratoriais, da articulação entre laboratórios de rotina, especializados e referência nacional, e da incorporação de métodos genômicos para fortalecer a bacteriologia diagnóstica, a biossegurança e a vigilância laboratorial de zoonoses raras ou emergentes.

Agradecimentos: