



O04. Incidencia de Micobacterias atípicas aisladas en nuestro Centro

P. Ruiz Martínez*; J.B. Gutierrez Aroca; M. Causse ; M. Casal

Centro de referencia de Micobacterias. Facultad de Medicina. Hospital Universitario "Reina Sofía. Córdoba

Objetivo:

Dada la importancia que pueden tener diferentes especies de Micobacterias atípicas como causa de infección, presentamos las Micobacterias atípicas identificadas en nuestro Centro desde el año 2001 -2012. También se muestran las mezclas de Micobacterias aisladas en ese mismo período de tiempo.

Material y Metodo

Durante estos años , se han recibido 1759 cultivos para su identificación. Todos ellos fueron procesados a partir de los medios de cultivo de rutina sólidos ó líquidos. Las técnicas para su identificación empleadas a lo largo de estos años han sido procedimientos bioquímicos, genéticos (Sondas y Genotype CM/AS) y/o HPLC . El desarrollo de las técnicas genéticas ha permitido una identificación más rápida y fácil sobretodo para aquellas micobacterias de crecimiento lento e insidioso. Además, Genotype CM/AS, permite detectar la mezcla de Micobacterias.

Resultados:

De los 1759 cultivos procesados, 425 correspondieron a especies de Micobacterias atípicas . (23 especies diferentes) y en 7 cultivos , se detectaron mezclas de Micobacterias. La especie más frecuentemente identificada fué , *M. fortuitum* (74), *M. avium* (66), *M. chelonae* (58), *M. intracellulare* (46), *M. gordonae* (45), *M. kansasii* (30), *M. peregrinum* (20), *M. abscessus* (16), *M. marinum* (13), , *M. lentiflavum* (10), *M. szulgai* (5), *M. xenopi* (5), *M. scrofulaceum* (5), *M. smegmatis* (5), *M. mucogenicum* (5), , *M. malmoense* (4), *M. simiae* (3), *M. celatum* (3), *M. smegmatis* (2), *M. gastris* (2), *M. shimoidei* (2), *M. flavescens* (1), *M. diehrnoferii* (1).

En cuanto a las mezclas de Micobacterias: *Mycobacterium tuberculosis* + *Mycobacterium kansasii* (1); *Mycobacterium tuberculosis* + *Mycobacterium avium* (1); *Mycobacterium tuberculosis* + *Mycobacterium intracellulare* (2); *Mycobacterium tuberculosis* + *Mycobacterium lentiflavum* (1); *Mycobacterium chelonae* + *Mycobacterium peregrinum* (1); *Mycobacterium chelonae* + *Mycobacterium intracellulare* (1) .

Conclusion:

Los aislamientos de Micobacterias atípicas como responsables de cuadros clínicos y la utilización de técnicas genéticas, como es el Genotype (CM/AS), permite identificar de forma rápida y sencilla un gran número de Micobacterias atípicas de interés, así como el detectar la presencia de más de una micobacteria en un cultivo.