

67. MICOBACTERIAS ATIPICAS Y MEZCLAS DE MICOBACTERIAS. AISLAMIENTOS EN LOS ÚLTIMOS AÑOS.

RUIZ P*.; GUTIERREZ J.B.; CAUSSE M. Y CASAL M.

Centro de Referencia de Micobacterias. Servicio de Microbiología. Hospital Universitario "Reina Sofía". Facultad De Medicina. Córdoba

Introducción: Entre la gran cantidad de especies identificadas de Micobacterias atípicas algunas causan infecciones en el hombre. Aquellas que pertenecen al grupo de Micobacterias de crecimiento rápido son más fáciles de identificar. El desarrollo de las técnicas genéticas ha permitido identificar hasta 30 especies de Micobacterias distintas incluyendo Micobacterias de crecimiento lento e insidioso, que con otros sistemas de identificación tradicionales, resultaba más laborioso. Así mismo con estos sistemas genéticos, podemos detectar la presencia de mezclas de Micobacterias, de gran importancia desde el punto de vista clínico.

Objetivo: Determinar la incidencia de micobacterias atípicas así como mezcla de micobacterias en los cultivos recibidos en nuestro centro, en los últimos 6 años.

Material y Método: En los últimos 5 años, hemos recibido 1148 cultivos para identificación de Micobacterias, tanto en medio sólido como en medio líquido. Todas fueron identificadas mediante el método genético "GENOTYPE CM" y "GENOTYPE AS" según protocolo estándar. En los casos en que no se pudieran identificar con estos, se utilizaron métodos bioquímicos ó cromatográficos.

Resultados: De los 1148 aislamientos de Micobacterias realizados en este tiempo, 274 correspondían a Micobacterias atípicas y en 7 aislamientos, se encontraron mezcla de micobacterias. La especie más aislada fue *M. fortuitum* (54), seguida de *M. intracellulare* (41), *M. avium* (40), *M. chelonae* (34), *M. gordonae* (26), *M. abscessus* (12), *M. kansasii* (11), *M. marinum* (8), *M. lentiflavum* (7), *M. peregrinum* (6), *M. mucogenicum* (6), *M. szulgai* (5), *M. malmoense* (4), *M. simiae* (3), *M. scrofulaceum* (2), *M. gastris* (2), *M. smegmatis* (1), *M. xenopi* (1), *M. interjectum* (1), *M. celatum* (1), *M. shimoidei* (1).

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

Conclusiones: La utilización de estas técnicas genéticas, ha facilitado la identificación de micobacterias atípicas así como la detección de mezclas de Micobacterias.