

PO49.Título: Micobacterias atípicas identificadas en los últimos años en nuestro centro

Autor/es: Pilar Ruiz Martínez; Juan Bautista Gutiérrez Aroca; Manuel Causse Del Río ; Manuel Casal Román

Institución: Centro de referencia de Micobacterias. Facultad de Medicina. Hospital Universitario “Reina Sofía. Córdoba.

Introducción/Objetivo:

Las Técnicas genéticas aplicadas a la identificación de Micobacterias atípicas, ha permitido que de una manera más rápida y menos laboriosa, se puedan identificar un gran número de especies, y puedan ser detectadas la mezcla de Micobacterias. Esto ha supuesto una gran ventaja dado que muchas de ellas son causa de infección en el hombre. Exponemos las especies de Micobacterias atípicas identificadas en nuestro Centro en los últimos doce años, así como las mezclas de Micobacterias aisladas en ese mismo período de tiempo.

Material y Metodo

Se han identificado 1821 cultivos procedentes tanto de medios líquidos como de medios sólidos. 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 1821 cultivos procesados, 506 correspondieron a especies de Micobacterias atípicas . (24 especies diferentes) y en 8 cultivos, se detectaron mezclas de Micobacterias. La especie más frecuentemente identificada fué, *M. fortuitum* (90), *M. intracellulare* (77), *M. avium* (70), *M. chelonae* (61), *M. gordonae* (47), *M. kansasii* (32), *M. peregrinum* (20), *M. abscessus* (24), *M. marinum* (15), *M. lentiflavum* (12), *M. szulgai* (5), *M. xenopi* (6), *M. scrofulaceum* (6), *M. smegmatis* (5), *M. mucogenicum* (5), *M. malmoense* (4), *M. simiae* (6), *M. celatum* (4), *M. smegmatis* (2), *M. gastris* (2), *M. shimoidei* (2), *M. fortuitum* 2 (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); *M. intracellulare* + *M. celatum*.

Conclusion:

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.

Palabras clave: Micobacterias atípicas, identificación, Genotype.