

Identificación de Micobacterias mediante métodos SD BIOLINE TB Ag MPT64 y Genotype *Mycobacterium* CM/AS.

Misleidis Sardiñas Aragón, Lilian María Mederos Cuervo, Grechen García León, María Rosarys Martínez Romero, Raúl Díaz Rodríguez.

Autor por correspondencia: misle@ipk.sld.cu

RESUMEN

La amplia presencia de las micobacterias como agentes patógenos, amerita la implementación de métodos de aislamiento e identificación factibles de ser usados oportunamente y que permitan obtener resultados en corto tiempo. Desde el punto de vista clínico es muy importante diferenciar el complejo *Mycobacterium tuberculosis* (MTBC) de las micobacterias no tuberculosas (MNT) con el fin de aplicar cuanto antes un tratamiento adecuado. El objetivo del estudio fue identificar las micobacterias mediante el ensayo SD BIOLINE TB Ag MPT64 y Genotype *Mycobacterium* CM/AS. Se analizaron 325 de aislados procedentes de muestras pulmonares y extrapulmonares que se procesaron en la sección de diagnóstico del Laboratorio Nacional de Referencia e Investigaciones de Tuberculosis, Lepra y Micobacterias del Instituto de Medicina Tropical “Pedro Kourí”, en el período comprendido entre enero 2017 a diciembre 2021. Para diferenciar MTBC de las MNT se utilizó la tira rápida SD TB Ag MPT64. La identificación en especies de las MNT se realizó por la prueba molecular Genotype *Mycobacterium* CM/AS. De los 325 aislados analizados, 252(78%) fueron identificados como MTBC y 73 (22%) aislados como MNT. De estas últimas *M.fortuitum* 19(26%) seguida de *M.avium* 17(23,3%) y *M.intracellulare* 13(17,8) fueron las especies más comunes aisladas. Los métodos SD BIOLINE TB Ag MPT64 y Genotype *Mycobacterium* CM/AS son herramientas rápidas y sensibles para la identificación de las micobacterias, además se ha logrado un verdadero avance en el acortamiento del tiempo diagnóstico, permitiendo así una pronta implementación del tratamiento adecuado para los pacientes afectados.

MATERIALES Y METODOS

325 aislados



Mycobacterium tuberculosis (MTB)

Mycobacterias no tuberculosas (MNT)

Identificación por molecular
Técnica genotype CM y AS

Extracción ADN

PCR múltiple

Hibridación Reversa



Interpretación de los resultados

RESULTADOS

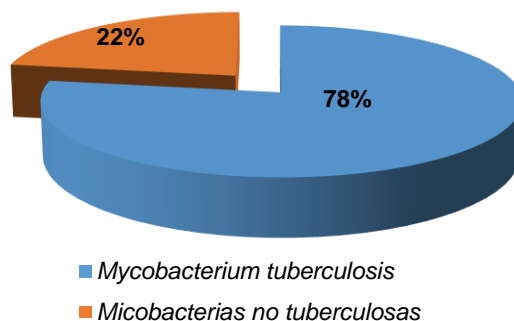


Figura 1. Frecuencia de aislamientos de Micobacterias periodo 2017-2021

Tabla 1. Frecuencia de especies de MNT identificadas por los métodos Genotype *Mycobacterium* CM y Genotype AS.

| Especies | n | % |
|-------------------------|----|------|
| <i>M.fortuitum</i> | 19 | 26 |
| <i>M.avium</i> | 17 | 23,3 |
| <i>M.intracellulare</i> | 13 | 17,8 |
| <i>M.chelonae</i> | 7 | 9,6 |
| <i>M.simiae</i> | 6 | 8,2 |
| <i>M.smegmatis</i> | 5 | 6,8 |
| <i>M.scrofulaceum</i> | 3 | 4,1 |
| <i>M.gastri</i> | 1 | 1,4 |
| <i>M.abcseusus</i> | 1 | 1,4 |
| <i>M.kansasii</i> | 1 | 1,4 |
| Total | 73 | 100 |

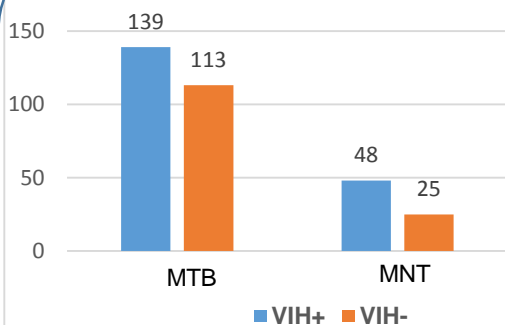


Figura 2. se observan la cantidad de aislamientos de micobacterias según el tipo de paciente.

CONCLUSIONES

Los métodos SD BIOLINE TB Ag MPT64 y Genotype *Mycobacterium* CM/AS son herramientas rápidas y sensibles para la identificación de las micobacterias, además se ha logrado un verdadero avance en el acortamiento del tiempo diagnóstico, permitiendo así una pronta implementación del tratamiento adecuado para los pacientes afectados.