

Evaluación del Test Speed-oligo® Mycobacteria en la identificación de Micobacterias no tuberculosas (MNT)

A. M. Fernández Sánchez¹, I. De Toro Peinado¹, P. Bermúdez Ruiz¹, P. Mendoza López², N. Montiel Quezel Guerraz³, B. Palop Borrás¹.
(1) Hospital Regional Universitario Carlos Haya, Málaga. (2) Vircell S.L. Santa Fé, Granada.
(3) Hospital Costa del Sol, Marbella

Introducción/Objetivo.- La identificación de las micobacterias a nivel de especie ha sido tradicionalmente un proceso lento y complicado, especialmente para las micobacterias atípicas o no tuberculosas (MNT). Actualmente diversos métodos de biología molecular permiten una identificación mas rápida y algunos de ellos se encuentran comercialmente disponibles. El objetivo de este estudio es realizar una comparativa entre la identificación MNT con Speed-oligo® Mycobacteria (Vircell) realizada en nuestro laboratorio y Genotype® Mycobacterium CM/AS (Hain Lifescience) realizada en el Laboratorio de Referencia de Micobacterias.

Material/Métodos.- Estudiados 60 cultivos positivos de MNT pertenecientes a 51 pacientes.

Genotype® Mycobacterium CM/AS realiza una amplificación múltiple con primers marcados con biotina y un hibridación reversa.

Speed-oligo® Mycobacteria es un método rápido (< 2 horas) basado en una PCR acoplada a un sistema de hibridación con tiras de nitrocelulosa, que posibilita una detección rápida (5 minutos) del género Mycobacterium y de hasta 12 especies distintas de micobacterias: Complejo *M. tuberculosis*, complejo *M. avium / intracellulare / scrofulaceum*, complejo *M. chelonae / abscessus*, *M. fortuitum*, *M. kansasii* y *M. gordonae*.



Resultados.- De las 60 cepas estudiadas, 54 mostraron un resultado concordante entre ambas técnicas. La discrepancia inicial de 6 cepas se redujo a 4 al aumentar el volumen de muestra utilizado en Speed-oligo®, ya que dos inicialmente identificadas como género Mycobacterium coincidieron con Genotype® como *M. fortuitum*. La concordancia final fue de 93.3% (56/60).

Speed-oligo®	Genotype®
Complejo <i>avium/intracellulare/scrofulaceum</i>	13 <i>M. avium</i> 9 <i>M. intracellulare</i> 1 <i>M. scrofulaceum</i>
Complejo <i>chelonae/abscessus</i>	7 <i>M. chelonae</i> 3 <i>M. abscessus</i>
<i>M. fortuitum</i>	8 <i>M. fortuitum</i>
<i>M. kansasii</i>	3 <i>M. kansasii</i>
<i>M. gordonae</i>	8 <i>M. gordonae</i>
<i>M. Spp</i>	1 <i>M. spp</i> 3 <i>M. lentiflavum</i>

Speed-oligo®	Genotype®	Secuenciación ITS	Secuenciación 16S rRNA	Conclusión
M. sp.	<i>M. fortuitum</i>	<i>M. lentiflavum</i>	<i>M. lentiflavum</i>	<i>M. lentiflavum</i>
M. sp.	<i>M. fortuitum</i>	<i>M. fortuitum</i> <i>M. peregrinum</i> <i>M. septicum</i>	<i>M. mageritense</i>	Homología 100% en 16S rRNA ITS mageritense no descrita Homología 92% en ITS con fortuitum (reacción cruzada)
M. sp.	<i>M. Chelonae</i>	<i>M. lentiflavum</i>	<i>M. lentiflavum</i>	<i>M. lentiflavum</i>

16S rRNA e Internal Transcribed Spacer (ITS) son las regiones más frecuentes para la identificación de micobacterias, ya que son zonas que están muy conservadas entre cepas de la misma especie, pero son variables entre diferentes especies del género. ITS es una zona muy buena para diferenciar especies (utilizada en la mayoría de los kits de identificación) pero no todas las micobacterias aisladas tienen el ITS secuenciado por lo que se acompañó del 16S rRNA que es la diana clásica para tipar cualquier bacteria.

Conclusiones.- Speed-oligo® Mycobacteria identifica la mayoría de micobacterias más frecuentemente aisladas (incluidas en el test) de forma rápida, válida y coste-eficiente.