

BM-10

ANÁLISIS MOLECULAR DE MICOBACTERIAS AISLADAS DE PACIENTES CON VIH/SIDA

López-Alvarez María del Rocío, Rivera-Gutiérrez Sandra, González-y-Merchand Jorge Alberto.

Departamento de Microbiología, ENCB, IPN. Carpio y Plan de Ayala, Col. Plutarco Elías Calles. México 11340, D.F. Fax: 57296300 Ext. 62369. e-mail: maradelroco@aol.com, jgonzal212@yahoo.com.mx

Palabras clave: Tuberculosis, micobacterias del complejo tuberculosis, micobacterias no tuberculosas, PCR, espoligotipificación, RFLP.

Introducción: En los últimos años ha habido incremento de casos de tuberculosis (TB), atribuyéndose este fenómeno al descuido creciente de los programas de TB, aumento de cepas de *M. tuberculosis* resistentes a drogas antituberculosas de primera línea y sobretodo, al creciente número de personas infectadas por el Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH). La TB es la primera causa de muerte en pacientes VIH/SIDA.¹ En pacientes VIH se han aislado no sólo micobacterias del complejo tuberculosis (CMT), sino también micobacterias no tuberculosas (MNT), de las cuales las más frecuentemente reportadas pertenecen al complejo avium-intracellulare (MAC).²

Objetivo: Determinar las cepas de micobacterias tuberculosas y no tuberculosas más frecuentemente aisladas de pacientes con VIH/SIDA en la ciudad de México.

Metodología: Se llevó a cabo un análisis molecular de 80 cepas de micobacterias obtenidas de pacientes VIH/SIDA aisladas de diferentes especímenes clínicos y de varios centros hospitalarios. Se determinó mediante PCR si la micobacteria pertenecía al complejo tuberculosis (CMT) o era una cepa no tuberculosa (MNT).³ Se identificó la especie de micobacterias no tuberculosas mediante la secuenciación de la región V2 del rADN 16S.

Las cepas del CMT se agruparon mediante RFLP (IS6110) y espoligotipificación.

Resultados: De las 80 cepas trabajadas se encontraron 10 *M. avium*, 1 *M. intracellulare*, 10 *M. bovis* y 59 *M. tuberculosis*. Mediante espoligotipificación se identificaron 2 grandes grupos: 1 perteneciente a la familia Latinoamericana y Mediterránea y el otro a la familia T. Los diferentes aislados de *M. tuberculosis* presentan una gran diversidad genética de acuerdo a su patrón de RFLP.

Discusión: Se observó un porcentaje más elevado de MNT al reportado en Colombia y Brasil en pacientes VIH/SIDA, no así a los datos obtenidos en EE.UU. El porcentaje de *M. bovis* supera a un estudio realizado en EE.UU. en este tipo de pacientes. Al igual que en otros reportes, el aislamiento de MNT se realiza principalmente en muestras extrapulmonares. De acuerdo a los resultados obtenidos por espoligotipificación y RFLP (IS6110) se observó una amplia variedad genética en las cepas del CMT.⁴

Conclusiones: 1) Se aislaron un total de 80 cepas, de las cuales 59 (73.8%) pertenecieron a *M. tuberculosis*, 10 (12.5%) a *M. bovis*, 10 (12.5%) a *M. avium* y 1 (1.2%) a *M. intracellulare*. 2) Con respecto al origen de las cepas para *M. tuberculosis*, el 51% correspondió a cepas de origen pulmonar, 49% a cepas de origen extrapulmonar, para *M. bovis*: 30% origen pulmonar, 70% origen extrapulmonar, para *M. avium*: 80% extrapulmonar y 20% pulmonar. 3) Los RFLP de *M. tuberculosis* mostraron una gran diversidad genética. 4) Mediante espoligotipificación para *M. tuberculosis* se identificaron dos grandes grupos: uno perteneciente a la fam. T y otro a la LAM. 5) Los espoligotipos de *M. bovis* mostraron una gran diversidad y ya habían sido reportados previamente.

REFERENCIAS

1. <http://www.whosea.org/hivaidis/>
2. Horsburgh RC, et al. Disseminated *Mycobacterium avium* complex disease among patients infected with HIV. *C Infect Dis* 2001; 33: 1938-1943.
3. Cobos-Marin L, et al. A novel multiplex PCR for the rapid identification of *M. bovis* in clinical isolates of both veterinary and human origin. *Epidemiol Infect* 2003; 130: 485-490.
4. Lo Bue PA, et al. Contact investigation for cases of pulmonary *M. bovis*. *Infect J Tuberc Lung Dis* 2004; 8: 868-872.