

Typowanie genetyczne szczepów klinicznych *Mycobacterium kansasii* izolowanych w Polsce w latach 2000-2015

Autorzy: Zofia Bakuła¹, Magdalena Modrzejewska¹, Aleksandra Safianowska², Justyna Kościuch², Tomasz Jagielski¹

¹Zakład Mikrobiologii Stosowanej, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

²Katedra i Klinika Chorób Wewnętrznych, Pneumonologii i Alergologii, Warszawski Uniwersytet Medyczny

Wstęp:

Prątki *Mycobacterium kansasii* należą do wolnorosnących prątków niegruźliczych (NTM, ang. *nontuberculous mycobacteria*), wywołujących oportunistyczne zakażenia u ludzi i zwierząt, zwykle w postaci przewlekłej choroby płuc, klinicznie imitującej gruźlicę. *Mycobacterium kansasii* jest szóstym najczęściej izolowanym NTM na świecie. Polska zajmuje po Słowacji drugie miejsce w Europie pod względem częstości izolacji *M. kansasii* z materiałów klinicznych (35% izolacji NTM). Wiele badań wykazało zróżnicowanie genetyczne tego patogenu. Obecnie, w obrębie gatunku *M. kansasii*, wyróżnia się 7 typów genetycznych (I-VII), przy czym genotypy I i II są najczęściej obserwowane i wiązane z chorobami ludzi, a pozostałych pięć ma zwykle pochodzenie środowiskowe.

Cel:

Celem pracy było przeprowadzenie typowanie genetyczne szczepów *M. kansasii* izolowanych od pacjentów w Polsce w latach 2000-2015.

Materiały i metody:

Badanie objęło 225 szczepów *M. kansasii* wyizolowanych od 122 pacjentów pierwotnie z podejrzeniem gruźlicy w Szpitalu Klinicznym Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego, w latach 2000-2015. Dotarto do pełnej dokumentacji medycznej 107 pacjentów, od których izolowano łącznie 193 szczepy. Przypadki analizowano pod kątem kryteriów bakteriologicznych, klinicznych i radiologicznych przyjętych przez American Thoracic Society (ATS). Identyfikacja do gatunku przeprowadzona została przy użyciu metod chromatograficznych, bądź testu GenoType Mycobacterium CM/AS (HAIN Lifescience). Izolację genomowego DNA przeprowadzono z wykorzystaniem zestawu AMPLICOR[®] Respiratory Specimen Preparation Kit (Roche Diagnostics), wg zaleceń producenta. Do genotypowania użyto trzech opisanych wcześniej w literaturze metod PCR-RFLP (ang. *PCR-Restriction Fragment Length Polymorphism*) dla genów *hsp65*, *rpoB* i *tuf*.

Wyniki:

Na podstawie analizy PCR-RFLP 224 szczepy zakwalifikowano do I typu genetycznego *M. kansasii* a jeden – do II typu genetycznego. 110 (48,9%) szczepów izolowano z potwierdzonych przypadków mykobakterioz (od 53 pacjentów, 43,4%), 26 (11,6%) z mykobakterioz prawdopodobnych (od 16 pacjentów, 13,1%), a 57 (25,3%) szczepów (od 38 pacjentów, 31,1%) zaklasyfikowano jako pochodzenia środowiskowego. Dla 15 pacjentów (12,4%) od których izolowano 32 (14,2%) szczepy, status choroby nie był znany. Szczep *M. kansasii* typu II izolowany był od pacjenta nie chorującego na mykobakteriozę płuc.

Wnioski:

1. W Polsce, szczepy *M. kansasii* izolowane z przypadków klinicznych, należą najczęściej do typu I.
2. Prątki *M. kansasii* typu I izolowane są zarówno z przypadków potwierdzonych, jak i niepotwierdzonych mykobakterioz.