

XXIII CONGRESO NACIONAL DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS Y MICROBIOLOGÍA CLÍNICA		Fecha de envío 03/02/2019
		Hora de envío 22:32
<i>Información de la persona de contacto</i>		
Nombre	Ramiro	
Apellidos	López Medrano	
Centro de trabajo	Complejo Asistencial de León	
Población (centro de trabajo)	León	
Teléfono	666855396	
Dirección Email	ramirofos@yahoo.es	
<i>Información del resumen</i>		
Número de referencia	320	
Título	GENOTIPIFICACIÓN DE CEPAS DE <i>Mycobacterium tuberculosis</i> complex AISLADAS EN CASTILLA Y LEÓN DURANTE EL BIENIO 2016-17	
Temas	17. Aspectos microbiológicos y clínicos de las infecciones por micobacterias	
Presentación solicitada	ORAL	
Autor(es)	Ramiro López Medrano ¹ , Juan José Palacios ² , Teresa Nebreda Mayoral ³ , Cristina Labayru Echeverría ⁴ , Luis López-Urrutia Llorente ⁵ , Nieves Gutiérrez Zufiaurre ⁶ , Begoña Nogueira González ³ , M ^a Fé Brezmes Valdivieso ⁷ , Susana Hernando Real ⁸ , Cristina López Mestanza ⁹ , Almudena Tinajas Puertas ¹⁰ , Carmen Gimeno Crespo ¹¹ , Isabel Antolín Ayala ³ , Raquel Rodríguez Tarazona ¹² , Rafael Sánchez Arroyo ¹³ , Octavio Rivero Lezcano ¹	
Centros	¹ Complejo Asistencial de León, León, ² Hospital Universitario Central de Asturias, Oviedo, ³ Hospital Clínico Universitario, Valladolid, ⁴ Hospital de Burgos, Burgos, ⁵ Hospital Universitario Río Hortega, Valladolid, ⁶ Hospital Universitario de Salamanca, Salamanca, ⁷ Complejo Asistencial de Zamora, Zamora, ⁸ Hospital de Segovia, Segovia, ⁹ Hospital de Soria, Soria, ¹⁰ Hospital de Palencia, Palencia, ¹¹ Hospital Santiago Apóstol, Miranda de Ebro, ¹² Hospital Santos Reyes, Aranda de Duero, ¹³ Hospital de Ávila, Avila	
Palabras clave	Genotipificación, spoligotyping, Mycobacterium tuberculosis, Mycobacterium bovis	
<i>Texto</i>		
INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS		
<p>En este trabajo nuestro objetivo ha sido poner en marcha una estrategia de genotipificación universal, llevando a cabo un cribado inicial con la técnica <i>Spoligotyping</i> de todas las cepas de <i>Mycobacterium tuberculosis</i> complex (MTC) aisladas en la comunidad de Castilla y León durante los años 2016 y 2017. También se han incluido algunos aislamientos de años previos procedentes del área de salud del Bierzo. El objetivo es conocer el número y diversidad de patrones circulantes y, al mismo tiempo, detectar casos agrupados (<i>clusters</i>) y su distribución geográfica dentro de la comunidad. Posteriormente, todos los <i>clusters</i> identificados podrán ser analizados empleando herramientas moleculares con mayor poder discriminativo.</p>		
MATERIAL Y MÉTODOS		
<p>Durante el bienio 2016-17 el Grupo de Micobacterias de Castilla y León (GRUMICALE) recogió las cepas de MTC aisladas en todos los hospitales de la red pública de Castilla y León (SACYL). Después se sometieron al procedimiento de extracción de DNA recomendado por el Centro de Referencia y posteriormente se enviaron a la Unidad de Referencia Regional de Micobacterias del Hospital Universitario Central de Asturias donde se siguió el protocolo descrito por J. Kamerbeek y cols.</p>		
RESULTADOS		
<p>Se genotipificaron un total de 324 cepas de MTC, de las cuales 298 corresponden a <i>M. tuberculosis</i> (MT) y 19 a <i>M. bovis</i>. Con respecto a MT, 272 cepas se reparten en 31 espoligotipos diferentes. En las 26 cepas restantes se identificaron diversos patrones, todos ellos huérfanos en la comunidad. Los patrones que aglutinaban más casos</p>		

han sido: SIT50(H3) 33 cepas, SIT53(T1) 32 cepas, SIT58 (T5-MAD2) 26 cepas, SIT42(LAM9) 20 cepas, SIT47(H1) 14 cepas, SIT33(LAM3) 12 cepas, SIT130(LAM3) 11 cepas, SIT49(H3) 9 cepas, SIT37(T3) 8 cepas, SIT4(LAM3 and S) 7 cepas y SIT742(H3) 6 cepas. Destaca la presencia de una cepa Beijing SIT1 aislada en Burgos y otra Beijing-like SIT585 aislada en Palencia. Con respecto a *M.bovis*, de las 19 cepas tipadas, 11 de ellas se agrupaban en 5 clusters. En las 8 restantes se trata de patrones huérfanos en Castilla y León de *M.bovis* aislados en humanos, que no se encuentran registrados en la base de datos internacional SITVIT WEB database, pero sí en cambio en la de veterinaria VISAVET (Universidad Complutense). Los *clusters* predominantes de MT SIT50(H3), SI53(T1), SIT58(T5-MAD2), SIT42(LAM9) y SIT47(H1) se distribuyeron mayoritariamente en la provincia de León (con variaciones entre sus dos áreas de salud de León y El Bierzo), en Burgos, Valladolid y Salamanca. Los dos primeros son de amplia distribución en otras provincias aunque con menor número de casos. Algunos *clusters* parecen confinados mayoritariamente al área de salud del Bierzo.

CONCLUSIONES

La genotipificación universal de cepas MT mediante *Spoligotyping*, realizado de forma masiva a todos los aislamientos nos ha permitido aproximarnos al conocimiento de la variedad de cepas de MT y *M.bovis* circulantes en nuestra comunidad, los espoligotipos predominantes y su distribución geográfica. Sin embargo, para profundizar en el estudio epidemiológico, los *clusters* identificados mediante esta técnica deberán estudiarse en un segundo paso empleando una técnica molecular más discriminativa como MIRU-VNTR o RFLP-IS6110.