

## M. AVIUM COMPLEX (MAC) UND NICHT-TUBERKULÖSE MYCOBAKTERIEN (NTM)

### WISSENSCHAFTLICHER HINTERGRUND

Zu den Mykobakterien gehören ca. 200 Spezies, die als Nicht-tuberkulöse Mykobakterien (NTM) bezeichnet werden, von denen einige schwerwiegende Infektionen hervorrufen können, insbesondere bei immun-geschwächten Personen wie AIDS-Patienten. NTMs sind weit verbreitet, sie besiedeln verschiedenste Umweltbereiche, wie z. B. Erde, Oberflächen von Gebrauchsmaterialien- und das Trinkwasser. Zu den häufigsten Erregern gehören Mycobacterium avium complex (MAC), Mycobacterium kansasii und Mycobacterium abscessus. Anders als bei Tuberkulose ist eine Ansteckungsgefahr bei den NTMs praktisch nicht bekannt. Die wichtigsten Vertreter des MAC sind Mycobacterium avium und Mycobacterium intracellulare. Sie werden auch als atypische Mykobakterien bezeichnet, da sie Tuberkulose-ähnliche Lungeninfektionen auslösen können. Weltweit wird eine Zunahme der Prävalenz und der Bedeutung dieser Erregergruppe beobachtet.

### INDIKATION

Während der letzten Jahrzehnte hat die Prävalenz der Lungenerkrankungen, ausgelöst durch NTM deutlich zugenommen. Gründe, die hierfür angenommen angenommen werden sind eine alternde Bevölkerung mit vermehrten Komorbiditäten, HIV-Infektion und die häufigere Anwendung von Immunsuppressiva.

### UNTERSUCHUNGSMATERIAL

Der Nachweis von Nicht-tuberkulösen Mycobakterien (NTM) inklusive M. avium complex (MAC)-Erregern kann an Paraffinmaterial oder Zellsedimenten durchgeführt werden.

### NACHWEISMETHODE

Nachweis und Typisierung der Nicht-tuberkulösen Mycobakterien (NTM) und M. avium complex (MAC)-Erreger erfolgt durch den CE/IVD-klassifizierten VisionArray® der Firma ZytoVision. Mit diesem Test ist die Bestimmung von 16 verschiedenen Nicht-tuberkulösen Mykobakterien (NTM) inklusive M. avium complex (MAC)-Erregern möglich.

### LITERATUR

Kumar, KC et al. (2022): European Respiratory Review. 31:1-17. Management of Mycobacterium avium complex and Mycobacterium abscessus pulmonary disease: therapeutic advances and emerging treatments.

Fukushima K et al. (2021): Scientific Reports. 11(1178):1-10. First line treatment selection modifies disease course and long-term clinical outcomes in Mycobacterium avium complex pulmonary disease.

Dohal M. (2020): Microorganisms. 9(11):1-15. Whole Genome Sequencing in the Management of Non-Tuberculous Mycobacterial Infections.