

**PAULINA JOANNA WÓJTOWICZ, ZOFIA BAKUŁA, TOMASZ JAGIELSKI**

Paulina Joanna Wójtowicz ORCID 0000-0001-6165-8330

Zofia Bakuła ORCID 0000-0001-7560-2100

Tomasz Jagielski ORCID 0000-0001-9553-5742

e-mail: t.jagielski@uw.edu.pl

Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, Instytut Mikrobiologii, Zakład Mikrobiologii Medycznej,  
ul. I. Miecznikowa 1, 02-096 Warszawa  
University of Warsaw, Faculty of Biology, Institute of Microbiology, Department of Medical Microbiology,  
I. Miecznikowa 1 Street, 02-096 Warsaw, Poland

## **Prątki niegruźlicze i ich rezerwuar środowiskowy**

### **Non-tuberculous mycobacteria and their environmental reservoir**

[https://doi.org/10.36921/kos.2024\\_3013](https://doi.org/10.36921/kos.2024_3013)

#### **Abstrakt**

Jako prątki niegruźlicze (ang. non-tuberculous mycobacteria; NTM) określa się zbiorczo grupę ponad 210 gatunków mykobakterii niewywołujących gruźlicy ani trądu. Prątki te są szeroko rozpowszechnione w przyrodzie, a za ich główne rezerwuary uważa się wodę i glebę. Oprócz środowiska naturalnego, NTM przystosowane są do zasiedlania obszarów miejskich, często bytując w systemach dystrybucji wody. W ostatnich latach obserwuje się wzrost liczby zidentyfikowanych przypadków mykobakterioz, tj. chorób wywołanych przez NTM. Rozprzestrzenianie i epidemiologia NTM wciąż są jednak rzadko przedmiotem prac badawczych.

Słowa kluczowe: Prątki niegruźlicze, epidemiologia, mykobakteriozy, nowo pojawiające się patogeny, nisze środowiskowe

## Abstract

A group of over 210 species of mycobacteria that do not cause tuberculosis or leprosy is collectively known as non-tuberculous mycobacteria (NTM). These mycobacteria are widely found in nature, and their main reservoirs are water and soil. In addition to the natural environment, NTM are also present in urban settings, including municipal water distribution systems. In recent years, there has been observed an increase in the incidence of mycobacterioses, i.e. diseases caused by NTM. However, the prevalence and epidemiology of NTM are still rarely a subject of research.

Keywords: Non-tuberculous mycobacteria, epidemiology, mycobacterioses, emerging pathogens, environmental niches

## WSTĘP

Prątki niegruźlicze (ang. non-tuberculous mycobacteria, NTM), nazywane również prątkami atypowymi, środowiskowymi lub prątkami innymi niż gruźlicze (ang. mycobacteria other than tuberculosis, MOTT), to grupa około 210 gatunków mykobakterii (Parte i współaut. 2020), które nie wywołują gruźlicy (ang. tuberculosis, TB) ani trądu. Niemniej jednak, mogą one kolonizować drogi oddechowe ludzi i wywoływać chorobę zwaną mykobakteriozą. Według obowiązującej klasyfikacji taksonomicznej, w ramach NTM wyróżnia się pięć rodzajów: (i) *Mycobacterium*, (ii) *Mycobacteroides*, (iii) *Mycolicibacter*, (iv) *Mycolicibacterium* oraz (v) *Mycolicibacillus* (Turenne 2019; Gupta i współaut. 2018). Nowa nomenklatura jest jednak wciąż rzadko stosowana przez środowisko medyczne i zwykle wszystkie NTM utożsamiane są z rodzajem *Mycobacterium* (Tortoli i współaut. 2019).

Od połowy ubiegłego wieku prątki klasyfikuje się do czterech grup Runyona, w zależności od wytwarzania barwników (karotenoidów) oraz szybkości wzrostu w hodowli (Tabela 1) (Runyon 1959). Kolonie prątków wolnorosnących (ang. slowly growing mycobacteria, SGM), tj. należących do grup I-III, wyrastają na podłożu hodowlanym po upływie 7 i więcej dni od posiewu. Prątki z grupy IV to prątki szybko rosnące (ang. rapidly growing mycobacteria, RGM), a więc wyrastające w czasie krótszym niż 7 dni. Pierwsza grupa Runyona obejmuje prątki fotochromogenne, czyli wytwarzające żółte, pomarańczowe lub różowe barwniki po ekspozycji na światło. Przedstawiciele grupy II wykazują pigmentację niezależnie od warunków świetlnych (tzw. prątki skotochromogenne). Prątki z grup III i IV zwykle są bezbarwne. Tylko niektóre RGM są zdolne do późnego wytwarzania barwników, przez co określane są jako tzw. prątki późnopigmentujące (ang. late-pigmenting mycobacteria) (Paniz-Mondolfi i współaut. 2014; Brown-Elliott i współaut. 2002).

**Tabela 1.** Przykłady gatunków mykobakterii z podziałem wg grup Runyona.

Grupa Runyona	Popularni przedstawiciele grupy
I – prątki fotochromogenne, SGM	<i>M. asiaticum</i> , <i>M. kansasii</i> , <i>M. marinum</i> , <i>M. simiae</i> , <i>M. szulgai</i> <sup>1</sup>
II – prątki skotochromogenne, SGM	<i>M. lentiflavum</i> , <i>M. gordonae</i> , <i>M. xenopi</i> , <i>M. scrofulaceum</i> , <i>M. szulgai</i> <sup>2</sup>
III – prątki niechromogenne, SGM	Kompleksy <i>M. tuberculosis</i> (MTBC) i <i>M. avium</i> (MAC), <i>M. terrae</i> , <i>M. ulcerans</i> , <i>M. haemophilum</i> , <i>M. malmoense</i> , <i>M. riyadhense</i>
IV – prątki niechromogenne i późnopigmentujące, RGM	<i>M. chelonae</i> , <i>M. fortuitum</i> , <i>M. smegmatis</i> , <i>M. peregrinum</i> , <i>M. mucogenicum</i>

<sup>1</sup> hodowla w 24°C

<sup>2</sup> hodowla w 32°C

Prątki niegruźlicze są szeroko rozpowszechnione w przyrodzie, a ich głównym rezerwuarem są woda i gleba. Choć w większości to wolnożyjące saprofity, mogą być czynnikami etiologicznymi chorób, tzw. mykobakterioz (ang. mycobacteriosis, NTM disease). W ostatnich latach, wraz ze spadkiem częstości występowania gruźlicy w krajach rozwiniętych, obserwowany jest wzrost liczby zakażeń wywołanych przez NTM. Coraz częściej odnotowywane przypadki mykobakterioz oraz powiększający się zasięg geograficzny ich występowania, wiążą się m.in. z: (i) rosnącą liczbą osób należących do grup ryzyka (tj. z zaburzeniami odporności, jak pacjenci onkologiczni, osoby z HIV/AIDS), (ii) wydłużeniem średniego wieku życia, (iii) zmianami klimatycznymi i rosnącym zanieczyszczeniem środowiska, (iv) postępującą urbanizacją i ekspansywnością agrokultury, oraz (v) doskonaleniem metod diagnostycznych.

## DIAGNOSTYKA

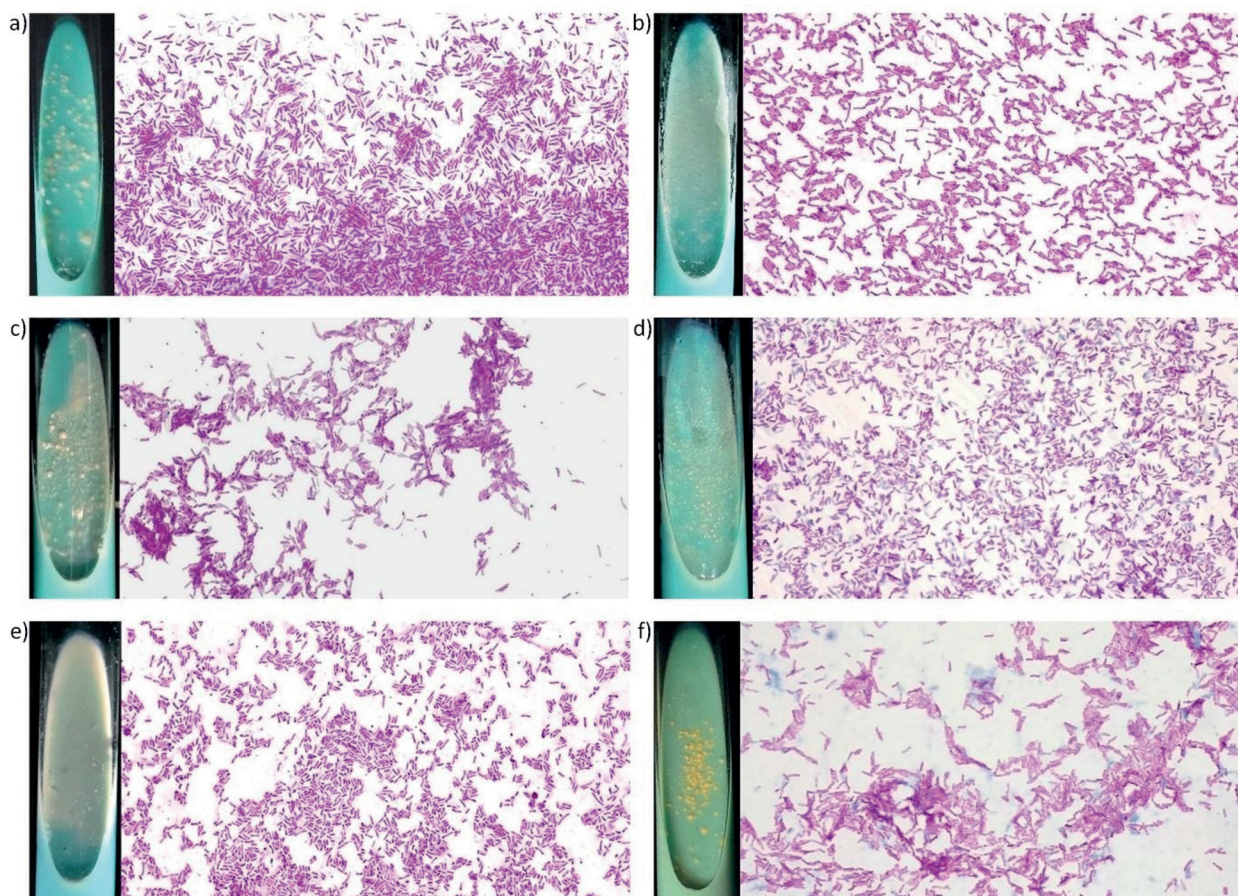
### MIKROBIOLOGICZNA NTM

W diagnostyce mikrobiologicznej NTM, pierwszym etapem jest zwykle ocena mikroskopowa opracowanego materiału klinicznego. Prątki charakteryzują się grubą, bogatą w lipidy i kwasy mykolowe ścianą komórkową, która nadaje im tzw. kwasooporność (ang. acid-fast bacilli, AFB). Barwienie wg Ziehla-Neelsena umożliwia wizualizację bakterii AFB-dodatnich, a więc i wstępną identyfikację prątków w materiale klinicznym. Wówczas, w obrazie mikroskopowym prątki wybarwiają się na różowo (Ryc. 1). Choć zróżnicowane morfologicznie, zwykle mają podłużny, czasem lekko zakrzywiony kształt, a niektóre tworzą wiązki, charakterystyczne dla *M. tuberculosis*. W celu wizualizacji prątków stosuje się też mikroskopię fluorescencyjną, wykorzystującą barwniki auraminę i rodaminę. Zabarwione nimi mykobakterie emitują światło od jaskrawo-zielonego lub żółtego po pomarańczowe. Jednak badanie mikroskopowe obarczone jest niską dokładno-

ścią i wiąże się z wysokim ryzykiem kontaminacji badanego materiału – nierzadko otrzymane wyniki są fałszywie ujemne lub fałszywie dodatnie. Ponadto, metody mikroskopowe nie pozwalają na rozróżnienie NTM od prątków gruźlicy (Pennington i współaut. 2021; Wright i współaut. 1998).

Kluczowy w diagnostyce mykobakteriologicznej jest posiew w kierunku prątków na przeznaczonych do tego pożywkach. W tym celu stosuje się hodowle klasyczne lub zautomatyzowane. Najpopularniejsze podłoża to zestalone pożywki wg Löwensteina-Jensena (L-J), Stonebrinka oraz Ogawy, lub płynne pożywki Middlebrooka. W odróżnieniu od hodowli klasycznej, która wymaga od 2 do nawet 10 tygodni inkubacji, systemy automatyczne pozwalają na detekcję wzrostu mykobakterii już w ciągu kilku dni od założenia hodowli. Hodowle zautomatyzowane wykorzystują do szybkiego wykrywania wzrostu prątków metody kolorymetryczne, fluorymetryczne lub radioizotopowe. Do najbardziej popularnych należą: (i) MB REDOX (Biotest, Niemcy), (ii) MB/BacT (Organon Teknika Corporation, USA) oraz (iii) BACTEC MGIT 960 (ang. mycobacteria growth indicator tube, Becton Dickson, USA) (Romaszko i Konrad 2021). Szczególnie często stosowany system BACTEC MGIT 960 pozwala, poza identyfikacją prątków, określić ich profil lekowrażliwości. Inną popularną metodą oznaczania lekowrażliwości prątków jest ustalenie minimalnych stężeń hamujących (ang. minimum inhibitory concentration, MIC) w pół-automatyzowanym systemie Sensititre (Thermo Fisher Scientific, USA). Sondy hybrydazyjne GenoType NTM-DR (Hain Lifescience, Niemcy) z kolei wykorzystują metodę PCR do szybkiego wykrywania i jednoczesnej identyfikacji genów oporności na antybiotyki pierwszego rzutu siedmiu gatunków NTM, należących do kompleksów *M. avium-intracellulare* i *M. abscessus-chelonae*.

Konwencjonalna diagnostyka prątków, dzisiaj mająca już niemal wyłącznie znaczenie historyczne, opierała się na analizie cech



**Ryc. 1.** Morfologia wybranych NTM na skosach L-J. Obraz mikroskopowy NTM AFB-dodatnich, wybarwionych metodą Ziehla-Neelsena. a) *M. kansasii*, b) *M. avium*, c) *M. chelonae*, d) *M. abscessus*, e) *M. riyadhense*, f) *M. szulgai*.

fenotypowych, w tym przede wszystkim charakterystyce właściwości biochemicznych. Techniki fenotypowania są czasochłonne (zajmują nawet do 2 miesięcy), a uzyskane wyniki identyfikacji gatunkowej nie zawsze są jednoznaczne. Przez wiele lat metodą referencyjną w identyfikacji gatunkowej NTM była wysokoprzepustowa chromatografia cieczowa (ang. high-performance liquid chromatography, HPLC). Otrzymywane tą drogą profile elucyjne kwasów mykologicznych cechuje wysoka specyficzność gatunkowa. Jednak, ze względu na stosowanie toksycznych rozpuszczalników organicznych i wysokie koszty utrzymania aparatury, technika HPLC w diagnostyce prątków stosowana jest coraz rzadziej (Antczak i współaut. 2017). W identyfikacji gatunkowej prątków, coraz więcej znaczenia zyskują metody molekularne, oparte na specyficznych sekwencjach DNA

(genach) markerowych. W funkcji markerów genetycznych służących identyfikacji NTM najczęściej stosuje się geny kodujące 16S rRNA, podjednostkę beta bakteryjnej polimerazy RNA (*rpoB*), czy mykobakteryjne białko szoku cieplnego (*hsp65*). Markery te wykrywa się techniką PCR, a powstałe produkty amplifikacji poddaje się dalszej analizie, głównie restrykcyjnej (ang. restriction fragment length polymorphism, RFLP) i sekwencyjnej. W identyfikacji NTM dużą popularność zyskały testy hybrydacyjne, takie jak INNO-LiPA Mycobacteria (Innogenetics, Belgium) i GenoType Mycobacterium CM/AS (ang. common mycobacteria/additional species, Hain Lifescience, Niemcy). Te komercyjnie dostępne testy umożliwiają szybką identyfikację odpowiednio 16, oraz 17 popularnych (CM) i 19 rzadszych (AS) gatunków o wysokim znaczeniu klinicznym, w tym także głównych

przedstawiciele kompleksu *M. tuberculosis* (*M. tuberculosis* complex, MTBC). Coraz częściej w diagnostyce mykobakteriologicznej zastosowanie znajdują także droższe, bardziej zaawansowane techniki, jak np. spektrometria mas (ang. matrix-assisted laser desorption and ionization time of flight – mass spectrometry, MALDI TOF-MS), czy sekwencjonowanie całych genomów (ang. whole genome sequencing, WGS) (Gupta i współaut. 2020). W oparciu o bibliotekę zawierającą widma referencyjne prątków, należąca do Bruker Daltonik, Niemcy, technologia MALDI-TOF pozwala obecnie na identyfikację co najmniej 182 gatunków NTM.

Techniki takie jak elektroforeza pulsacyjna (ang. pulsed-field gel electrophoresis, PFGE) oraz typowanie MIRU-VNTR (ang. mycobacterial interspersed repetitive units – variable number of tandem repeats) używane są do różnicowania wewnątrzgatunkowego szczepów (Jagielski i współaut. 2016). Wynik typowania uzyskuje się stosunkowo szybko, bo w ciągu kilku dni.

Dodatkowo, w profilaktyce zakażeń stosuje się klasyczne testy immunochemiczne. Próba tuberkulinowa stosowana jest głównie w diagnostyce gruźlicy. Jest ona obarczona niską specyficznością ze względu na wykrywanie antygenów wspólnych dla wszystkich prątków. Próba może być więc fałszywie dodatnia wskutek reakcji krzyżowej, zaś na występowanie fałszywie ujemnych wyników wpływają obniżona wraz z wiekiem odporność osoby badanej oraz występowanie chorób upośledzających odpowiedź immunologiczną (Krasilnikov i współaut. 2024). Test uwalniania interferonu gamma (ang. interferon-gamma release assay, IGRA) jest szczególnie cenny w przesiewowych badaniach osób z grupy ryzyka, w tym pracowników służby zdrowia narażonych na ekspozycję na MTBC i niektóre NTM (*M. kansasii*, *M. szulgai*, *M. marinum*). W odróżnieniu od próby tuberkulinowej, testy IGRA pozwalają ustalić, czy dana osoba miała kontakt z wybranymi antygenami prątkowymi, niezależnie od szczepienia przeciwko gruźlicy. Dodatkową zaletą testu jest zdolność wykrywania utajonej (latentnej) postaci zakażenia (Guan i współaut. 2023; Borkowska i współaut. 2011).

## MYKOBAKTERIOZY

W odróżnieniu od TB, zakażenia NTM mają pochodzenie niemal wyłącznie środowiskowe. Transmisje z człowieka na człowieka oraz od zwierzęce należą do rzadkości (Barandiaran i współaut. 2024). Większość gatunków NTM nie jest patogenna, choć niektóre wywołują zakażenia oportunistyczne, a nawet są obligatoryjnie chorobotwórcze. Choroby wywoływane przez NTM mają najczęściej przebieg podobny do TB, z niespecyficznymi objawami ze strony układu oddechowego i towarzyszącymi im gorączką i ogólnym osłabieniem. Klinicznie, mykobakteriozy to także infekcje skórne i innych tkanek miękkich, a także zapalenie węzłów chłonnych. Rzadziej obserwuje się infekcje kostne czy postać uogólnioną. Spośród 25 gatunków NTM o wysokim znaczeniu klinicznym warto wymienić prątki kompleksów *M. avium* complex (MAC, w tym *M. avium*, *M. intracellulare* i *M. chimaera*) i *M. kansasii* complex (MKC, w którym najbardziej patogenne gatunki to *M. kansasii* i *M. persicum*), a także *M. abscessus*, *M. chelonae*, *M. fortuitum*, *M. haemophilum*, *M. malmoense*, *M. marinum*, *M. scrofulaceum*, *M. ulcerans* i *M. xenopi* (Jagielski i współaut. 2020; van Ingen 2013). Zarówno częstość izolacji poszczególnych gatunków jak i ich potencjał patogenny wykazują duże zróżnicowanie geograficzne (Thomson i współaut. 2020).

Postać płucna (ang. NTM lung-disease, NTM-LD) stanowi około 90% diagnozowanych przypadków mykobakterioz. W USA odnotowuje się więcej przypadków NTM-LD niż gruźlicy (Winthrop i współaut. 2017). Warto jednak podkreślić, że w kraju tym częstość zachorowań na TB jest wyjątkowo niska (2.8/100 000 rocznie) (CDC 2018). Głównymi przedstawicielami mykobakterii wywołującymi NTM-LD są prątki kompleksów MAC i MKC, a także prątki *M. abscessus*, *M. malmoense* i *M. xenopi* (Primm i Falkinham 2017). Infekcje wywołwane przez prątki *M. abscessus* są szczególnie trudne w leczeniu, z uwagi na naturalną wielolekooporność gatunku (Gorzynski i współaut. 2021). Zazwyczaj, zakażenia płucne mają

niespecyficzny przebieg i wymagają różnicowania z TB. Ponadto, wykrycie NTM w materiale od chorego nie jest dowodem choroby, ponieważ może wynikać jedynie z kolonizacji dróg oddechowych, dlatego poza izolacją NTM muszą zostać spełnione dodatkowe kryteria kliniczne i radiologiczne. Według wytycznych światowych towarzystw naukowych, tj. ATS/ERS/ESCMID/IDSA (Amerykańskie Towarzystwo Chorób Klatki Piersiowej, ATS; Europejskie Towarzystwo Chorób Układu Oddechowego, ERS; Europejskie Towarzystwo Mikrobiologii Klinicznej i Chorób Zakaźnych, ESCMID; Amerykańskie Towarzystwo Chorób Zakaźnych, IDSA) z 2020 r., NTM-LD rozpoznaje się na podstawie szczegółowo opisanych kryteriów (Tabela 2). Ogólnie, diagnostyka mykobakterioz obejmuje: (i) ocenę objawów klinicznych, (ii) wynik obrazowania radiologicznego oraz (iii) wynik badania mikrobiologicznego.

kiewicz 2016). Prątki niegruźlicze izolowane z tkanki limfatycznej to zwykle przedstawiciele kompleksu MAC oraz gatunków *M. scrofulaceum*, *M. malmoense* i *M. haemophilum*.

Wśród zakażeń tkanek miękkich o etiologii NTM, najczęściej notuje się postać skórą. Owrzodzenie Buruli (ang. Buruli ulcer) to endemiczna choroba wrzodowa, występująca w krajach Afryki, Ameryki Południowej i Australii. Wywoływana jest przez prątki *M. ulcerans*, trzeciego najczęściej izolowanego gatunku NTM na świecie (WHO 2023). Owrzodzenie jest skutkiem działania produkowanej przez nie egzotoksyny o silnym działaniu nekrotycznym. Podobnie jak w przypadku postaci węzłowej, choroba ta najczęściej dotyka dzieci, a nieleczona może prowadzić do infekcji szpiku i konieczności amputacji zakażonych kończyn. Za łagodniejsze w przebiegu, ale równie trudne do wyleczenia infekcje skórne i tkanek miękkich,

**Tabela 2.** Kryteria rozpoznania mykobakteriozy wg ATS.

Objawy kliniczne wskazujące na infekcję NTM	Obraz radiologiczny wskazujący na infekcję NTM	Kryteria mikrobiologiczne niezbędne do stwierdzenia NTM jako źródła zakażenia
Duszności; Gorączka; Kaszel; Krwioplucie; Nocne poty; Utrata masy ciała; Zmęczenie	Guzkowe, naciekowe lub jamiste zmiany w radiogramie klatki piersiowej; lub Wieloogniskowe rozstrzenie oskrzeli z licznymi guzkami w tomografii komputerowej wysokiej rozdzielczości	Dwa niezależne NTM-dodatnie posiewy płwociny; lub Jeden NTM-dodatni posiew popłuczyn oskrzelowych; lub Biopsja wykazująca cechy histologiczne prątków (zapalenie ziarniniakowe lub obecność bakterii AFB-dodatnich w preparacie) i co najmniej jeden NTM-pozytywny posiew płwociny lub popłuczyn oskrzelowych; lub Biopsja przezoskrzelowa lub inna biopsja płuc z cechami histologicznymi prątków (zapalenie ziarniniakowe lub obecność bakterii AFB-dodatnich w preparacie) i NTM-dodatni posiew

AFB – prątki kwasooporne, ang. acid-fast bacilli

Prątkowe zapalenie węzłów chłonnych jest chorobą dotykającą głównie dzieci. Oprócz powiększonych węzłów chłonnych (limfadenopatia, głównie węzłów szyjnych) objawia się ona ogólnym zmęczeniem, brakiem apetytu i spadkiem masy ciała (Siemion-Szcześniak i Wyröst-

odpowiadają także prątki *M. fortuitum*, *M. abscessus*, *M. haemophilum* i *M. marinum* (Ford i współaut. 2023; Nogueira i współaut 2021).

Do osób szczególnie narażonych na wystąpienie mykobakteriozy rozsianej należą pacjenci z pierwotnymi lub nabytymi niedoborami

odporności. Dysfunkcje układu odpornościowego sprzyjają szerzeniu się infekcji prątkowej w organizmie i rozwoju zakażenia ogólnoustrojowego (Liu i współaut. 2021; Wu i Holland 2015). W zależności od zaburzenia immunologicznego występują różne gatunki NTM. Na przykład, od pacjentów z HIV/AIDS najczęściej izolowane są prątki wolnorosnące z gatunku *M. avium*, rzadziej – prątki szybko-rosnące (głównie z gatunku *M. fortuitum*). Prątki inne od należących do kompleksu MAC i wywołujące uogólnioną postać mykobakteriozy to *M. haemophilum*, a rzadziej także *M. genavense* i *M. simiae* (Sharma i Upadhyay 2020).

Ze względu na długotrwałość i uciążliwość terapii przeciwprątkowej, jej włączenie powinno być poprzedzone wnikliwą oceną kliniczną i prognostyczną, gotowością pacjenta do podjęcia leczenia, wraz z badaniem mikrobiologicznym patogenności i lekooporności szczepu. W przypadku gatunków o niskiej zjadliwości, takich jak *M. chelonae* czy *M. goodii*, chorobotwórczość szczepu stwierdza się na podstawie kilku powtarzalnych pozytywnych izolacji. Wynika to z faktu, że często są one jedynie kontaminacją, a nie źródłem choroby. Przeciwnie jest w przypadku prątków *M. kansasii*, dla których już pojedynczy dodatni wynik posiewu materiału pobranego podczas bronchoskopii, przy obecności objawów klinicznych i typowym obrazie radiologicznym, stanowi wystarczającą przesłankę mikrobiologiczną do rozpoczęcia leczenia (van Ingen i współaut. 2009; Arnov i współaut. 2000).

## GRUPY WYSOKIEGO RYZYKA

Poza wspomnianymi zaburzeniami odporności istnieje wiele innych czynników zwiększających ryzyko zachorowania na mykobakteriozy (Tabela 3). Zakażenia NTM rozwijają się zwykle u osób starszych, z przewlekłymi chorobami związanymi z uszkodzeniami strukturalnymi płuc. W odróżnieniu od gruźlicy, która częściej dotyka mężczyzn, mykobakteriozy diagnozowane są z tą samą częstością u obu płci. Wyjątek stanowią osoby starsze (powyżej 65. roku życia), u których obserwuje się nieco wyższy

odsetek zapadalności kobiet niż mężczyzn (Winthrop i współaut. 2020; Thomson 2010).

Zaburzenia strukturalne oraz przewlekłe choroby układu oddechowego tworzą sprzyjające warunki do kolonizacji mykobakteryjnej. Wśród chorób współistniejących z NTM-LD, wymienić można astmę, przewlekłą obturacyjną chorobę płuc (POChP), mukowiscydozę, sarkoidozę, pylicę płuc, przebytą gruźlicę, proteinozę pęcherzyków płucnych, zapalenie płuc, rozstrzenie oskrzeli oraz chorobę nowotworową. Do innych czynników zwiększających ryzyko rozwinięcia NTM-LD należą przyjmowanie wziewnych leków steroidowych, choroba refluksowa przełyku, czy też niska masa ciała (Wyrostkiewicz i współaut. 2022; Drummond i Kasperbauer 2019).

Wśród osób o obniżonej odporności, najbardziej podatnymi na mykobakteriozy są zakażeni HIV i chorzy na AIDS oraz osoby starsze i pacjenci poddawani chemioterapii lub immunosupresji. Do ostatniej grupy należą osoby po przeszczepieniu narządów litych (nerki, wątroba) i cierpiące na inne choroby – także wrodzone – zaburzające prawidłowe działanie układu odpornościowego. Są to m.in. zaburzenia genetyczne dotyczące receptora interferonu gamma czy funkcjonowania makrofagów, oraz pacjenci z chorobami układowymi, jak reumatoidalne zapalenie stawów, ciężki złożony niedobór odporności (ang. severe combined immunodeficiency, SCID) (Singh i współaut. 2022; Boisson-Dupuis i Bustamante 2021).

Nie tylko predyspozycje związane z wiekiem, czynnością układu immunologicznego i ogólnym stanem zdrowia zwiększają ryzyko rozwinięcia mykobakteriozy. Nierzadko zakażeniom NTM sprzyja charakter wykonywanego zawodu lub praktyk rekreacyjnych. Przebywanie w wilgotnych, słabo wentylowanych pomieszczeniach, czy też w stałym zapyleniu, mogą stwarzać korzystne warunki dla rozwoju NTM-LD (Lee i Myong 2019; Thomson i współaut. 2013). Osoby zajmujące się akwarystyką, rybołówstwem, rolnictwem, czy ogrodnictwem są szczególnie narażone na zakażenia skórne, ze względu na częsty i bezpośredni kontakt z wodą i glebą (Riccardi i współaut. 2022;

Nogueira i współaut. 2021). Ponadto, obserwuje się zależność między wykonywaniem zawodów związanych z ekspozycją na glebę a nadwrażliwością w teście skórnym przeciwko *M. avium* (Reed i współaut. 2006).

Wśród wymienianych w literaturze czynników ryzyka wystąpienia mykobakterioz wymienia się także środowisko geograficzne i związane z nim warunki klimatyczne (Thomson i współaut. 2020). Ze względu na sposób transmisji, szczególnie predysponowane do zakażeń NTM są osoby zamieszkujące obszary w sąsiedztwie naturalnych zbiorników wodnych, takich jak jeziora, morza i oceany. W ostatniej dekadzie obserwuje się rosnącą częstość infekcji wywołanych prątkami *M. abscessus* u chorych na mukowiscydozę, zwłaszcza na półkuli zachodniej. W USA, częstość występowania NTM w populacjach zamieszkujących stany nadbrzeżne (np. Kalifornia i Floryda), czy wyspiarskie (np. Hawaje), jest wyższa niż w głębi kontynentu. W Chinach, więcej przypadków NTM-LD obserwuje się na obszarach południowych i przybrzeżnych aniżeli w zachodniej i centralnej części kraju (Liu i współaut. 2021).

## EPIDEMIOLOGIA

Rosnące liczby diagnozowanych mykobakterioz i osób z grup ryzyka sprawiły, że choroby te otrzymały status „nowo pojawiających się” (ang. emerging diseases). Z kolei NTM zaczęto wymieniać wśród nowych „superbakterii” (ang. new uber-bugs) (Dartois i współaut. 2019). Dane dotyczące częstości zachorowań wywołanych przez NTM uważa się za istotnie niedoszacowane (Bhanushali i współaut. 2023; Hona i współaut. 2018). W odróżnieniu od TB, zakażenia NTM w większości krajów nie podlegają obowiązkowi rejestracji. Ponadto, w wielu ośrodkach diagnostyka przypadków mykobakterioz nie uwzględnia wcale lub uwzględnia tylko częściowo kryteria ATS (Dahl i współaut. 2022). Do obszarów podlegających ścisłemu nadzorowi lokalnych agencji zdrowia publicznego czy WHO zwykle należą regiony, w których zapadalność na mykobakteriozy jest kilkakrotnie wyższa niż w pozostałej części

kraju (np. Queensland w Australii, czy Oregon, Missouri, Wirginia i Utah w USA). Wiele badań nad NTM pochodzi z Hawajów, gdzie zapadalność na NTM-LD jest średnio czterokrotnie wyższa niż w innych stanach (Adjemian i współaut. 2018; Winthrop i współaut. 2017). W skali całego świata, częstość zachorowań na mykobakteriozy zwiększa się o ok. 4% rok do roku. W USA wzrost ten szacowany jest na nawet 7,5% (Dahl i współaut. 2022).

W przekroju globalnym, najczęstszym czynnikiem etiologicznym mykobakterioz są prątki należące do kompleksu MAC. Łącznie odpowiadają one za blisko połowę zachorowań. Ich częstość izolacji jest najwyższa w ciepłych, wilgotnych regionach tropikalnych i subtropikalnych. W Australii i USA wywołują ok. 2/3 przypadków mykobakterioz. Najmniej przypadków chorób wywołanych przez MAC notuje się w Afryce i Ameryce Południowej, gdzie prątki te stanowią trzecią część izolowanych NTM (Hoefsloot i współaut. 2013). Liczby te są jednak znacznie niedoszacowane ze względu na ograniczone dane (Hamed i Tillotson 2023). W Europie, prątki kompleksu MAC częściej izolowane są na północy (44%) niż południu (31%) kontynentu (Honda i współaut. 2018).

W Europie i na świecie, drugim najczęściej izolowanym gatunkiem NTM są prątki *M. goodnae* (Vongthilath-Moeung i współaut. 2022). Choć są one relatywnie mało wirulenne, odpowiadają za ok. 10% zakażeń u osób ze współistniejącym rozstrzeniem oskrzeli (Zhou i współaut. 2022). W ostatnich latach wzrasta znaczenie kliniczne *M. goodnae* we Włoszech, gdzie pod koniec zeszłej dekady prątki te były przyczyną ok. 10% rozpoznanych przypadków mykobakterioz (Giannoni i współaut. 2023).

W Ameryce Południowej, prątki MKC identyfikowane są wśród ok. 1/5 pacjentów z NTM-LD. W Europie zaś najwięcej szczepów *M. kansasii* izoluje się na Słowacji i w Polsce, gdzie powodują/są przyczyną/źródłem ok. 1/3 zakażeń NTM. W 2013 r., prątki te stanowiły 4% wszystkich izolacji NTM w skali globu. Jednak według najnowszej meta-analizy, częstość występowania *M. kansasii* wśród szczepów NTM jest ponad dwukrotnie wyższa i przekracza

**Tabela 3.** Choroby najczęściej wywoływane przez wybrane gatunki NTM.

Postać choroby	Czynniki ryzyka	Gatunki NTM
NTM-LD	POChP, mukowiscydoza, inne płucne choroby towarzyszące	MAC, MKC, <i>M. abscessus</i> , <i>M. xenopi</i> , <i>M. malmoense</i> , <i>M. chimaera</i>
Limfadenopatia	Wiek dziecięcy	MAC, <i>M. scrofulaceum</i> , <i>M. malmoense</i> , <i>M. haemophilum</i>
Infekcje skóry i innych tkanek miękkich	Wykonywany zawód, uszkodzenia ciągłości tkanek, iniekcje	RGM, <i>M. haemophilum</i> , <i>M. marinum</i> , <i>M. ulcerans</i> , <i>M. genavense</i> , <i>M. simiae</i>
Owrzodzenie Buruli	Przebywanie na obszarach endemicznych (Afryka, Ameryka Południowa, regiony zachodniego Pacyfiku), wiek dziecięcy	<i>M. ulcerans</i>
Zakażenia szpitalne	Zabiegi chirurgiczne i kosmetyczne, obłożny stan pacjenta, wszczepione implanty	MAC, RGM, <i>M. chimaera</i> , <i>M. simiae</i> , <i>M. xenopi</i>
Infekcja rozsiana	HIV/AIDS, zaburzenia odporności	MAC, <i>M. fortuitum</i> , <i>M. haemophilum</i> , <i>M. simiae</i> , <i>M. genavense</i>

NTM – non-tuberculous mycobacteria (prątki niegruźlicze)

NTM-LD – non-tuberculous mycobacteria lung disease (mykobakterioza płucna)

MAC – *M. avium* complex (kompleks *M. avium*)

RGM – rapidly growing mycobacteria (prątki szybkorosnące)

9% (Narimisa i współaut. 2024; Hoefsloot i współaut. 2013).

Prątki *M. xenopi* występują głównie w Europie i Kanadzie. Gatunek ten najczęściej izolowany jest na Węgrzech, bo od niemal połowy (49%) pacjentów mających infekcję płucną NTM. W przeciwieństwie do MAC, prątki *M. xenopi* częściej izolowane są na południu (21%), niż północy (6%) Europy (Wassilew i współaut. 2016).

Podobnie jak w przypadku *M. goodii*, izolacja prątków *M. fortuitum* często uważana jest za kontaminację. Niemniej jednak, prątki *M. abscessus* i *M. fortuitum* są najczęściej izolowanymi gatunkami RGM na świecie. Dominują w strukturze gatunkowej RGM w krajach azjatyckich (np. Arabia Saudyjska i Indie). W Azji Wschodniej, w tym na Tajwanie, stanowią blisko 1/3 (27%) wszystkich izolacji NTM (Hoefsloot i współaut. 2013). W południowo-

-zachodnich Chinach, w latach 2017–2022, prątki kompleksów *M. avium-intracellulare* i *M. abscessus-chelonae* odpowiadały za, odpowiednio połowę i czwartą część przypadków notowanych tam mykobakterioz. Z kolei w Japonii, gatunek *M. abscessus* zajmuje drugie miejsce po prątkach MAC jako czynnik etiologiczny NTM-LD (Furuuchi i współaut. 2019).

W Polsce, etiologia mykobakterioz jest zdominowana prątkami kompleksu MKC (35% wszystkich zakażeń). Wraz z prątkami MAC, *M. intracellulare*, *M. xenopi* i *M. goodii*, prątki MKC odpowiadają za ponad 85% wszystkich przypadków mykobakterioz (Kwiatkowska i współaut. 2018). Na podstawie danych epidemiologicznych Narodowego Instytutu Zdrowia Publicznego – Państwowego Zakładu Higieny (NIZP-PZH) z lat 2019–2023, zapadalność na mykobakteriozy w Polsce kształtuje się na poziomie ok. 4 przypadków na 1 000 000 osób.

Ponadto, w przeciwieństwie do globalnego trendu, w Polsce nie obserwuje się obecnie wyraźnego wzrostu zachorowań na mykobakteriozy (Przybylski i współaut. 2023; Antczak i współaut. 2017). Dane te prawdopodobnie jednak nie odzwierciedlają rzeczywistej skali problemu, głównie ze względu na wspomniany już brak obowiązku rejestracji przypadków NTM w Polsce.

## ŹRÓDŁA ZAKAŻEŃ I REZERWUAR ŚRODOWISKOWY NTM

Badania dotyczące związku między zachorowalnością a rozprzestrzenieniem NTM w środowisku rzadko podejmowane są w piśmiennictwie światowym, a w Polsce są niemal nieobecne. Brak jednoznacznych danych wskazujących na związek między występowaniem określonych gatunków NTM w środowisku a chorobą u ludzi. Skażone NTM woda i gleba, pochodzące zarówno ze środowisk naturalnych jak i zurbanizowanych, uważane są za główny rezerwuar zakażeń (Nelson i współaut. 2021; Velayati i współaut. 2014; Aboagye i współaut. 2012). W Tabeli 4 zestawiono typy rezerwuarów z występującymi w nich gatunkami NTM. Główną przyczyną postaci płucnej mykobakterioz jest inhalacja wodnego aerozolu, kurzu lub pyłu glebowego, zawierających prątki. Do infekcji ran, oczu, skóry i innych tkanek dochodzi zwykle przez naruszenie ich ciągłości (np. zranienie, zastrzyk) lub bezpośredni kontakt ze źródłem prątków, tj. wodą lub glebą (Falkinham 2021; Bakuła i współaut. 2017). W przypadku osób z zaburzeniami odporności, zwykle wskutek rozprzestrzenienia się prątków drogą krwiopochodną, dochodzi do powstania postaci uogólnionej zakażenia. Zakażenie rozsiane może być także następstwem spożycia skażonego prątkami jedzenia. Pokarm, w szczególności pakowany lub pochodzenia zwierzęcego, ale także biofilmy powstające w systemach dystrybucji wody, stanowią alternatywne wobec naturalnych źródła NTM (Sevilla i współaut. 2017; Dziedzińska i współaut. 2016). Wraz ze wzrostem świadomości o rozprzestrzenieniu NTM w przyrodzie, coraz więcej uwagi poświęca się także tematowi występowania prąt-

ków wśród zwierząt, zarówno domowych, jak i dzikich (Pavlik i współaut. 2022; Biet i Boschi-rola 2014).

Prątki niegruźlicze izolowane są często w placówkach opieki zdrowotnej, odpowiadając za zakażenia szpitalne (Desai i Hurtado 2018). Do infekcji NTM dochodzi w wyniku uszkodzenia skóry w trakcie zabiegów chirurgicznych i estetycznych, jak i poprzez rany pooperacyjne (Khan i Khan 2024; Ford i współaut. 2023). Za główne źródła infekcji uważa się sprzęty i aparaturę medyczną wielorazowego użytku, a w szczególności: bronchoskopy, cewniki, respiratory i urządzenia grzewczo-chłodzące (Kakoullis i współaut. 2024; Hua i współaut. 2023; Kasperbauer i Daley 2019; Paniz-Mondolfi i współaut. 2014). Mimo powszechnego stosowania jednorazowych plastikowych materiałów zużywalnych, dalej dochodzi do przypadków zakażeń wynikających z tworzenia się biofilmu na urządzeniach medycznych, czy też ich kontaktu ze skażoną wodą. Najczęściej identyfikowane szpitalne gatunki NTM to prątki szybko-rosnące (IV grupa Runyona), m.in. *M. abscessus*, *M. chelonae* i *M. fortuitum*, ale także *M. chimaera*, *M. haemophilum*, *M. kansasii* (Pavlik i współaut. 2022; Nogueira i współaut. 2021).

Wyniki typowania molekularnego nierzadko wskazują, że szczepy izolowane od pacjentów są genetycznie tożsame (mają jednakowy profil genetyczny) ze szczepami środowiskowymi pochodzącymi z mieszkań osób zakażonych (Keen i współaut. 2021; De Groot i współaut. 2006). Z tego względu występowanie NTM w miejscach użyteczności publicznej (parki, place zabaw, szkoły, itp.) i gospodarstwach domowych stanowi jeden z głównych nurtów badań nad ekologią prątków (Kostecki i współaut. 2024; Choi i współaut. 2022; Castellano Realpe i współaut. 2020). Prątki NTM, dzięki specyficznej strukturze i właściwościom (obecność grubej, hydrofobowej ściany komórkowej, wolny metabolizm, wytwarzanie biofilmu) umożliwiającym przetrwanie i namnażanie się w niekorzystnych warunkach środowiskowych, są zdolne do zasiedlania ubogich ekosystemów wodnych, w tym nawet uzdatnianej wody miejskich systemów wodno-kanalizacyjnych

(Blanc i współaut. 2021, Falkinham 2021; Taylor i współaut. 2000). Aeroszol wodny pochodzący z pryszniców, nawilżaczy powietrza, wani z hydromasażem i wytwarzany w saunach jest potencjalnym źródłem zakażeń NTM (Choi i współaut. 2022). Częstość izolacji NTM z wody wodociągowej waha się od 16% do nawet 98% (Donohue i współaut. 2015; Perez-Martinez i współaut. 2013). Jeszcze więcej NTM izolowano w gospodarstwach domowych, w których średnia temperatura podgrzewacza wody wynosiła nie więcej niż 50°C (Adjemian i współaut. 2012). Najczęściej identyfikowanymi gatunkami NTM w próbach wody kranowej są *M. avium*, *M. chelonae*, *M. fortuitum*, *M. gordonae*, *M. kansasii*, *M. marinum* i *M. xenopi*. (Nishiuchi i współaut. 2017; Vaerewijck i współaut. 2005).

Naturalne wody stojące, jak morza i oceany, jeziora i stawy, a także wody płynące, tj. strumienie i rzeki, stanowią naturalne środowisko występowania prątków niegruźliczych (Roguet i współaut. 2016). Sugeruje się, że mimo szerokiego rozpowszechnienia w wodach powierzchniowych, NTM raczej nie występują w wodach podziemnych. Do kontaminacji prątkami wody źródlanej i strumieni dochodzi dopiero na powierzchni, m. in. poprzez kontakt z glebą, której ok. 0,5–3% mikrobiomu stanowią NTM (Nelson i współaut. 2021; Walsh i współaut. 2019; Roguet i współaut. 2016, Martin i współaut. 1987).

Poza wodą, prątki niegruźlicze podobnie często wykrywa się w glebie, osadach rzecznych, torfie, a także komercyjnie pakowanej ziemi doniczkowej (Walsh i współaut. 2019). Najliczniej występującymi w glebie NTM są te należące do kompleksu MAC, będące również najczęstszą przyczyną NTM-LD. W aerozolu wytwarzanym z gleby doniczkowej obecnej w gospodarstwach domowych pacjentów ze stwierdzoną mykobakteriozą wykrywano patogenne gatunki NTM, takie jak *M. avium*, *M. intracellulare* i *M. kansasii* (De Groote i współaut. 2006). Ponadto, jako źródło NTM wskazywano naturalne nawozy (Pavlik 2022).

Obserwuje się zróżnicowanie występowania gatunków NTM w określonych środowiskach. Na przykład, prątki *M. avium* częściej izoluje

się ze środowisk wodnych, podczas gdy prątki *M. intracellulare* – z gleby. Częstość izolacji NTM różni się także w zależności od właściwości fizykochemicznych środowisk. Więcej NTM identyfikuje się z prób wody i gleby o kwaśnym pH, niskiej zawartości tlenu, wysokiej wilgotności, dostępności żelaza i cynku (Adjemian i współaut. 2018; Falkinham 2013). Szczepy *M. avium* i *M. intracellulare* występują zarówno w wodach słodkich, jak i w ujściach rzek, gdzie zasolenie waha się od 1 do prawie 3%. Prątki te nie występują jednak w wodach słonych, z których izolowane są z kolei szczepy *M. marinum* (Falkinham 2021). Obserwuje się wreszcie różnice występowania poszczególnych gatunków NTM w zależności od temperatury. Ogólnie, optymalne warunki wzrostu NTM mieszczą się w zakresie między 26°C a 42°C. Do prątków termofilnych zalicza się *M. avium*, *M. chelonae* oraz *M. xenopi*. Potrafią one przetrwać w temperaturach powyżej 55°C, które są już letalne dla *M. kansasii*, *M. marinum*, czy *M. terrae* (WHO 2004). W siedliskach naturalnych, NTM są także identyfikowane w środowiskach ekstremalnych, np. mikroaerobowych (<21% tlenu), wodach o wysokiej kwasowości, jak jeziora dystroficzne (pH między 4.0 a 6.0), oraz w zanieczyszczonych m.in. metalami ciężkimi glebach i osadach (Honda i współaut. 2018; Roguet i współaut. 2016).

Niektóre prątki środowiskowe mogą kolonizować lub infekować jednokomórkowe organizmy, takie jak wolnożyjące pierwotniaki (ameby, orzęski, wiciowce) (Lambert i współaut. 2012). Sugeruje się, że może to być strategia adaptacyjna w odpowiedzi na niekorzystnie zmieniające się warunki środowiskowe. Wykazano, że bytowanie MAC wewnątrz *Acanthamoeba castellanii* zapewnia prątkom ochronę przed antybiotykami i środkami biobójczymi (Ben Salah i Drancourt 2010; Miltner i Bermudez 2000). Pierwotniaki mogły także odegrać istotną rolę w nabyciu zdolności do przeżywania wewnątrzkomórkowego i rozwoju patogenności prątków. Na modelu mysim udowodniono, że szczepy *M. avium*, które kolonizowały pierwotniaki, wykazują wyższą zjadliwość od prątków wolnożyjących (Lambert i współaut. 2012; Cirillo i współaut. 1997).

Nie tylko pierwotniaki mogą odgrywać rolę swoistych rezerwuarów NTM. Coraz więcej zainteresowania poświęca się występowaniu NTM wśród zwierząt. W literaturze kazuistycznej nierzadko opisywane są przypadki mykobakterioz z historią podrapań lub ugryzień przez zwierzęta (Shah i współaut. 2023; So-

ją zasięg rozprzestrzenienia NTM w hodowli i środowisku (Duarte i współaut. 2024). Poza narażeniem hodowców na infekcje wynikające z kontaktu z zakażonymi zwierzętami i ich odchodami, prątki obecne m.in. w mleku mogą stanowić źródło zakażeń ludzi poza gospodarstwem (Pickup i współaut. 2006).

**Tabela 4.** Wybrane środowiska bytowania i gatunki NTM najczęściej z nich izolowane.

Rodzaj rezerwuaru	Najczęściej izolowane gatunki NTM
Placówki opieki zdrowotnej	MAC, MKC, <i>M. abscessus</i> , <i>M. chelonae</i> , <i>M. fortuitum</i> , <i>M. haemophilum</i> , <i>M. xenopi</i>
Woda	MAC, MKC, <i>M. abscessus</i> , <i>M. chelonae</i> , <i>M. fortuitum</i> , <i>M. gordonae</i> , <i>M. marinum</i> , <i>M. scrofulaceum</i> , <i>M. ulcerans</i> , <i>M. xenopi</i>
Biofilm	MAC, <i>M. abscessus</i> , <i>M. chelonae</i> , <i>M. fortuitum</i> , <i>M. smegmatis</i> , <i>M. ulcerans</i> , <i>M. xenopi</i>
Gleba	MAC, <i>M. abscessus</i> , <i>M. chelonae</i> , <i>M. gordonae</i> , <i>M. fortuitum</i> , <i>M. scrofulaceum</i> , <i>M. smegmatis</i> , <i>M. terrae</i> , <i>M. ulcerans</i>
Zwierzęta	MAC, <i>M. avium</i> subsp. <i>paratuberculosis</i> , MKC, <i>M. fortuitum</i> , <i>M. gordonae</i> , <i>M. marinum</i> , <i>M. phlei</i> , <i>M. scrofulaceum</i> , <i>M. ulcerans</i> , MTBC

uthern 2004). Niektóre gatunki NTM są ekologicznie ściśle powiązane z przedstawicielami wodnej fauny. Na przykład, prątki *M. marinum* i *M. ulcerans* nie tylko kolonizują, ale i odpowiadają za choroby żab, ryb, wodnych ślimaków i skorupiaków (Honda i współaut. 2018; Aboagye i współaut. 2016). Rzadkim przykładem odzwierzęcego zakażenia człowieka jest rozwój ziarniniaków akwariowych (ang. fish tank/swimming pool granuloma), będących skórą postacią zakażenia *M. marinum* w następstwie ugryzienia przez rybę (Kijowski i współaut. 2008). Od zwierząt hodowlanych, takich jak krowy, świnie, owce i kozy, często izoluje się prątki *M. avium* subsp. *paratuberculosis*, których rozprzestrzenienie wśród bydła szacuje się na 16–50% (Pavlik 2022; Biet i Boschioli 2014). Prątki niegruźlicze identyfikuje się także u zwierząt dzikich. W prowadzonych w Afryce badaniach przesiewowych wskazano *M. intracellulare*, *M. lentiflavum*, *M. fortuitum*, *M. chelonae* i *M. abscessus* jako najczęściej izolowane gatunki odzwierzęce (Katale i współaut. 2014). Bezpośrednie interakcje zwierząt gospodarskich z dzikimi (m.in. gryzoniami, lisami, dzikami), a także ich fekaliami, zwiększa-

## PODSUMOWANIE

Rozprzestrzenienie, ekologia i epidemiologia prątków niegruźliczych wciąż rzadko stanowią obszar naukowych dociekań. Mimo, że obserwuje się globalny wzrost liczby przypadków zakażeń NTM, nie podlegają one obowiązkowi rejestracyjnemu, przez co dane epidemiologiczne dotyczące mykobakterioz są bardzo ograniczone. Jednak coraz większe zainteresowanie tą grupą bakterii, zarówno w kontekście epidemiologicznym, jak i klinicznym sprawia, że podejmowanych jest coraz więcej badań mających na celu nakreślenie różnych aspektów biologii NTM, w tym także epidemiologii zakażeń NTM u człowieka i zwierząt. Służyć ma temu nowoczesna i stale doskonalona metodyka badawcza. W erze zaawansowanych technik diagnostycznych, chemotaksonomii i metagenomiki, rozpoznanie rezerwuaru i źródeł zakażeń prątkowych będzie coraz dokładniejsze i szybsze.

## FINANSOWANIE

Artykuł powstał w ramach projektu badawczego «SONATA» realizowanego ze środków

przyznanych przez Narodowe Centrum Nauki (Nr: 2021/43/D/NZ6/01250).

## BIBLIOGRAFIA

Aboagye S. Y., Danso E., Ampah K. A., Nakuibu Z., Asare P. i współaut., 2016. *Isolation of nontuberculous mycobacteria from the environment of ghanian communities where buruli ulcer is endemic*. Appl Environ Microbiol. 82(14), 4320–4329. doi.org/10.1128/AEM.01002-16

Adjemian J., Daniel-Wayman S., Ricotta E., Prevots D. R., 2018. *Epidemiology of nontuberculous mycobacteriosis*. Semin Respir Crit Care Med. 39(3), 325–335. doi.org/10.1055/s-0038-1651491

Adjemian J., Olivier K. N., Seitz A. E., Holland S. M., Prevots D. R., 2012. *Prevalence of nontuberculous mycobacterial lung disease in U.S. Medicare beneficiaries*. Am J Respir Crit Care Med. 185(8), 881–886. doi.org/10.1164/rccm.201111-2016OC

Antczak M., Dadura K., Lewandowska K., Działdek J., 2017. *Prątki niegruźlicze – dlaczego tak trudno leczyć mykobakteriozy?* Kosmos 66(1), 31–40.

Arnou P. M., Bakir M., Thompson K., Bova J. L., 2000. *Endemic contamination of clinical specimens by Mycobacterium gordonae*. Clin Infect Dis. 31(2), 472–476. doi.org/10.1086/313940

Bakula Z., Safianowska A., Nowacka-Mazurek M., Bielecki J., Jagielski T., *Mycobacterium kansasii: Biologia patogenu oraz cechy kliniczne i epidemiologiczne zakażeń*. Post Mikrobiol. 53(3), 241–254.

Barandiaran S., Ponce L., Piras I., Rosas A. C., Peña Martinez J. i współaut., 2024. *Detection of non-tuberculous mycobacteria in native wildlife species at conservation risk of Argentina*. Front Vet Sci. 11:1346514. doi.org/10.3389/fvets.2024.1346514

Ben Salah I. i Drancourt M., 2010. *Surviving within the amoebal exocyst: the Mycobacterium avium complex paradigm*. BMC Microbiol. 10:99. doi.org/10.1186/1471-2180-10-99

Bhanushali J., Jadhav U., Ghewade B., Wagh P., 2023. *Unveiling the clinical diversity in nontuberculous mycobacteria (NTM) infections: a comprehensive review*. Cureus. 15(11):e48270. doi.org/10.7759/cureus.48270

Biet F. i Boschirolu M. L., 2014. *Non-tuberculous mycobacterial infections of veterinary relevance*. Res Vet Sci. 97, 69–77. doi.org/10.1016/j.rvsc.2014.08.007

Blanc S., Robinson D., Fahrenfeld N., 2021. *Potential for nontuberculous mycobacteria proliferation in natural and engineered water systems due to climate change: a literature review*. City Environ Interact. 11:100070. doi.org/10.1016/j.cacint.2021.100070

Boisson-Dupuis S. i Bustamante J., 2021. *Mycobacterial diseases in patients with inborn errors of immunity*. Curr Opin Immunol. 72, 262–271. doi.org/10.1016/j.coi.2021.07.001

Borkowska D., Zwolska Z., Broniarek-Samson B., Michałowska-Mitczuk D., Augustynowicz-Kopec E., 2011. *Porównanie testów IGRA i próby tuberkulinowej w rozpoznaniu utajonego zakażenia prątkiem gruźlicy*. Postępy Nauk Medycznych 10, 836–841.

Brown-Elliott B. A., Wallace R. J. Jr, 2002. *Clinical and taxonomic status of pathogenic nonpigmented or late-pigmenting rapidly growing mycobacteria*. Clin Microbiol Rev. 15(4), 716–746. doi.org/10.1128/CMR.15.4.716-746.2002

Castellano Realpe O. J., Gutiérrez J. C., Sierra D. A., Pazmiño Martínez L. A., Prado Palacios Y. Y. i współaut., 2020. *Dental unit waterlines in Quito and Caracas contaminated with nontuberculous mycobacteria: a potential health risk in dental practice*. Int J Environ Res Public Health. 17(7):2348. doi.org/10.3390/ijerph17072348

Centers for Disease Control and Prevention (CDC). *Reported tuberculosis in the United States, 2017*. Atlanta, GA: US Department of Health and Human Services, CDC; 2018.

Cirillo J. D., Falkow S., Tompkins L. S., Bermudez L. E., 1997. *Interaction of Mycobacterium avium with environmental amoebae enhances virulence*. Infect Immun. 65(9), 3759–3767.

- doi.org/10.1128/iai.65.9.3759-3767.1997
- Choi J. Y., Sim B. R., Park Y., Yong S. H., Shin S. J., Kang Y. A., 2022. *Identification of nontuberculous mycobacteria isolated from household showerheads of patients with nontuberculous mycobacteria*. *Sci Rep*. 12(1):8648.  
doi.org/10.1038/s41598-022-12703-6
- Dahl V. N., Mølhavne M., Fløe A., van Ingen J., Schön T. i współaut., 2022. *Global trends of pulmonary infections with nontuberculous mycobacteria: a systematic review*. *Int J Infect Dis*. 125, 120–131.  
doi.org/10.1016/j.ijid.2022.10.013
- Dartois V., Sizemore C., Dick T., 2019. *Editorial: NTM - the new uber-bugs*. *Front Microbiol*. 10:1299. doi: 10.3389/fmicb.2019.01299
- De Groote M.A., Norman R.P., Kayte F., Falkinham J.O. 3rd, 2006. *Relationships between Mycobacterium isolates from patients with pulmonary mycobacterial infection and potting soils*. *Appl Environ Microbiol*. 72, 7602–7606. doi.org/10.1128/AEM.00930-06
- Desai A. N., Hurtado R. M., 2018. *Infections and outbreaks of nontuberculous mycobacteria in hospital settings*. *Curr Treat Options Infect Dis*. 10(2), 169–181.  
doi.org/10.1007/s40506-018-0165-9
- Donohue M. J., Mistry J. H., Donohue J. M., O'Connell K., King D. i współaut., 2015. *Increased frequency of nontuberculous mycobacteria detection at potable water taps within the United States*. *Environ Sci Technol*. 49(10), 6127–6133.  
doi.org/10.1021/acs.est.5b00496
- Drummond W. K. i Kasperbauer S. H., 2019. *Nontuberculous mycobacteria. Epidemiology and the impact on pulmonary and cardiac disease*. *Thorac Surg Clin*. 29(1), 59–64.  
doi.org/10.1016/j.thorsurg.2018.09.006
- Duarte L., Santos-Reis M., Cunha M. V., 2024. *Widespread circulation and transmission risk of Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis at the livestock-wildlife-environment interface in a Mediterranean agro-forestry farmstead*. *Environ Pollut*. 343:123272.  
doi.org/10.1016/j.envpol.2023.123272
- Dziedzinska R., Makovcova J., Kaevska M., Slany M., Babak V. i współaut., 2016. *Nontuberculous mycobacteria on ready-to-eat, raw and frozen fruits and vegetables*. *J Food Prot*. 79(8), 1452–1456.  
doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-16-030
- Falkinham J. O. 3rd, 2021. *Ecology of nontuberculous mycobacteria*. *Microorganisms*. 9(11):2262.  
doi.org/10.3390/microorganisms9112262
- Falkinham J. O. 3rd, 2013. *Ecology of nontuberculous mycobacteria – where do human infections come from?* *Semin Respir Crit Care Med*. 34(1), 95–102.  
doi.org/10.1055/s-0033-1333568.
- Ford M. B., Okulicz J. F., Salinas J. R., Kiley J. L., 2023. *Epidemiology, clinical characteristics, and outcomes of nontuberculous mycobacterial skin, soft tissue, and bone infections from a single center over a 10-year period*. *J Clin Tuberc Other Mycobact Dis*. 33:100403.  
doi.org/10.1016/j.jctube.2023.100403
- Furuuchi K., Morimoto K., Yoshiyama T., Tanaka Y., Fujiwara K. i współaut., 2019. *Interrelational changes in the epidemiology and clinical features of nontuberculous mycobacterial pulmonary disease and tuberculosis in a referral hospital in Japan*. *Respir Med*. 152, 74–80.  
doi.org/10.1016/j.rmed.2019.05.001
- Giannoni F., Lanni A., Iacobino A., Fattorini L. I współaut., 2023. *Epidemiology and drug susceptibility of nontuberculous mycobacteria (NTM) in Italy in 2016–2020*. *Ann Ist Super Sanita*. 59(2), 132–138.  
doi.org/10.4415/ANN\_23\_02\_06
- Gorzynski M., Week T., Jaramillo T., Dzalamidze E., Danelishvili L., 2021. *Mycobacterium abscessus genetic determinants associated with the intrinsic resistance to antibiotics*. *Microorganisms*. 9(12):2527.  
doi.org/10.3390/microorganisms9122527
- Grubek-Jaworska H., Walkiewicz R., Safianowska A., Nowacka-Mazurek M., Krenke R. i współaut., 2009. *Nontuberculous mycobacterial infections among patients suspected of pulmonary tuberculosis*. *Eur J Clin*

- Microbiol Infect Dis. 28(7), 739–744.  
doi.org/10.1007/s10096-008-0694-0
- Guan C. P., Wu Y. H., Wang X. F., He Y., Zhang Y. A. i współaut. 2023. *The performance of interferon gamma release assays in patients with nontuberculous mycobacterial infection: a systematic review and meta-analysis*. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 42(10): 1251–1262.  
doi.org/10.1007/s10096-023-04662-1
- Gupta R. S., Lo B., Son J., 2018. *Phylogenomics and comparative genomic studies robustly support division of the genus Mycobacterium into an emended genus Mycobacterium and four novel genera*. Front Microbiol. 9:67. doi.org/10.3389/fmicb.2018.00067
- Gupta N., Mittal A., Niyas V. K. M., Banerjee S., Ray Y. i współaut., 2020. *Nontuberculous mycobacteria: a report of eighteen cases from a tertiary care center in India*. Lung India. 37(6), 495–500.  
doi.org/10.4103/lungindia.lungindia\_365\_19
- Hamed K. A., Tillotson G., 2023. *A narrative review of nontuberculous mycobacterial pulmonary disease: microbiology, epidemiology, diagnosis, and management challenges*. Expert Rev Respir Med. 17(11), 973–988.  
doi.org/10.1080/17476348.2023.2283135
- El Helou G., Hachem R., Viola G. M., El Zakhem A., Chaftari A. M. i współaut., 2013. *Management of rapidly growing mycobacterial bacteremia in cancer patients*. Clin Infect Dis. 56(6), 843–846.  
doi.org/10.1093/cid/cis1032.
- Hoefsloot W., van Ingen J., Andrejak C., Angeby K., Bauriaud R. i współaut., 2013. *The geographic diversity of nontuberculous mycobacteria isolated from pulmonary samples: an NTM-NET collaborative study*. Eur Respir J. 42(6), 1604–1613.  
doi.org/10.1183/09031936.00149212
- Honda J. R., Viridi R., Chan E. D., 2018. *Global environmental nontuberculous mycobacteria and their contemporaneous man-made and natural niches*. Front Microbiol. 9:2029.  
doi.org/10.3389/fmicb.2018.02029
- Hua W., Wu K., Zhu Y., Liu Z., Zhang Y. i współaut., 2023. *Investigating a pulmonary Mycobacterium abscessus infection outbreak among elderly inpatients in the intensive care ward*. J Infect Dev Ctries. 17(12), 1732–1739. doi.org/10.3855/jidc.17395
- Jagielski T., Minias A., van Ingen J., Rastogi N., Brzostek A. i współaut., 2016. *Methodological and clinical aspects of the molecular epidemiology of Mycobacterium tuberculosis and other mycobacteria*. Clin Microbiol Rev. 29(2), 239–290.  
doi.org/10.1128/CMR.00055-15
- Jagielski T., Borówka P., Bakula Z., Lach J., Marciniak B. i współaut., 2020. *Genomic insights into the Mycobacterium kansasii complex: an update*. Front in Microbiol. 10:2918.  
doi.org/10.3389/fmicb.2019.02918
- Jhun B. W., Moon S. M., Jeon K., Kwon O. J., Yoo H. i współaut., 2020. *Prognostic factors associated with long-term mortality in 1445 patients with nontuberculous mycobacterial pulmonary disease: a 15-year follow-up study*. Eur Respir J. 55(1):1900798.  
doi.org/10.1183/13993003.00798-2019
- Kakoullis L., Economidou S., Mehrotra P., Panos G., Karampitsakos T. i współaut., 2024. *Bronchoscopy-related outbreaks and pseudo-outbreaks: A systematic review*. Infect Control Hosp Epidemiol. 45(4), 509–519. doi.org/10.1017/ice.2023.250
- Kasperbauer S. H., Daley C. L., 2019. *Mycobacterium chimaera infections related to the heater-cooler unit outbreak: a guide to diagnosis and management*. Clin Infect Dis. 68(7), 1244–1250. doi.org/10.1093/cid/ciy789
- Katale B. Z., Mbugi E. V., Botha L., Keyyu J. D., Kendall S. i współaut., 2014. *Species diversity of non-tuberculous mycobacteria isolated from humans, livestock and wildlife in the Serengeti ecosystem, Tanzania*. BMC Infect Dis. 14:616.  
doi.org/10.1186/s12879-014-0616-y
- Keen E.C., Choi J., Wallace M.A., Azar M., Mejia-Chew C.R. i współaut., 2021. *Comparative genomics of Mycobacterium avium complex reveals signatures of environment-specific adaptation and community acquisition*. mSystems. 6(5):e0119421.  
doi.org/10.1128/mSystems.01194-21

- Khan M., Khan S., 2024. *Risk of potential invasive non-tuberculous mycobacterial infection in major cardiothoracic surgeries*. J Coll Physicians Surg Pak. 34(3), 364–367. doi.org/10.29271/jcpsp.2024.03.364
- Kijowski R., Wróblewska J., Kaszuba A., 2008. *Ziarniniak akwariowy – postać sporotrichoidalna w wyniku ugryzienia przez hodowlaną rybę akwariową*. Post Dermatol Alergol. 25(3), 129–134.
- Koh W. J., 2017. *Nontuberculous mycobacteria – overview*. Microbiol Spectr. 5(1). doi.org/10.1128/microbiolspec.TNMI7-0024-2016
- Kostecki M. X., Chan Y. L., Honda J. R., 2024. *Shower dehumidification to reduce nontuberculous mycobacteria aerosolization*. BMC Res Notes. 17(1):91. doi.org/10.1186/s13104-024-06751-6
- Krasilnikov I., Lehnerr-Ilyina T., Djonovic M., Artamonova I., Nikitin M. i współaut., 2024. *Cracking the antigenic code of mycobacteria: CFP-10/ESAT-6 tuberculosis skin test and misleading results*. J Clin Tuberc Other Mycobact Dis. 36:100436. doi.org/10.1016/j.jctube.2024.100436
- Kwiatkowska S., Augustynowicz-Kopeć E., Korzeniewska-Koseła M., Filipczak D., Gruszczyński P. i współaut., 2018. *Nontuberculous mycobacteria strains isolated from patients between 2013 and 2017 in Poland. Our data with respect to the global trends*. Adv Respir Med. 10.5603/ARM.a2018.0047. doi.org/10.5603/ARM.a2018.0047
- Lamrabet O., Mba Medie F. i Drancourt M., 2012. *Acanthamoeba polyphaga-enhanced growth of Mycobacterium smegmatis*. PLoS One. 7(1):e29833. doi.org/10.1371/journal.pone.0029833
- Lamrabet O., Merhej V., Pontarotti P., Raoult D., Drancourt M., 2012. *The genealogic tree of mycobacteria reveals a long-standing sympatric life into free-living protozoa*. PLoS One. 7(4):e34754. doi.org/10.1371/journal.pone.0034754
- Lee J. W., Myong J. P., 2019. *Association between occupational and radiological factors and nontuberculous mycobacteria lung infection in workers with prior dust exposure*. Int J Environ Res Public Health. 16(11):1966. doi.org/10.3390/ijerph16111966
- Liu C. F., Song Y. M., He W. C., Liu D. X., He P., Bao J. J. i współaut., 2021. *Nontuberculous mycobacteria in China: incidence and antimicrobial resistance spectrum from a nationwide survey*. Infect Dis Poverty. 10(1):59. doi.org/10.1186/s40249-021-00844-1
- Liu L., Hu, J. J., Lu H. Z., 2021. *Disseminated nontuberculous mycobacteria infection in human immunodeficiency virus-infected patients*. Chin Med J. 134(23), 2838–2840. doi.org/10.1097/CM9.0000000000001820
- Martin E.C., Parker B.C., Falkinham J.O. 3rd, 1987. *Epidemiology of infection by nontuberculous mycobacteria. VII. Absence of mycobacteria in southeastern groundwaters*. Clin Microbiol Rev. 136, 344–348. doi.org/10.1128/cmr.9.2.177
- Miltner E. C. i Bermudez L. E., 2000. *Mycobacterium avium grown in Acanthamoeba castellanii is protected from the effects of antimicrobials*. Antimicrob Agents Chemother. 44(7), 1990–1994. doi.org/10.1128/AAC.44.7.1990-1994.2000
- Modrá H., Ulmann V., Caha J., Hübelová D., Konečný O. i współaut., 2019. *Socio-economic and environmental factors related to spatial differences in human non-tuberculous mycobacterial diseases in the Czech Republic*. Int J Environ Res Public Health. 16(20):3969. doi.org/10.3390/ijerph16203969
- Mourad A., Baker A. W., Stout J. E., 2021. *Reduction in expected survival associated with nontuberculous mycobacterial pulmonary disease*. Clin Infect Dis. 72(10), e552–e557. doi.org/10.1093/cid/ciaa1267
- Narimisa N., Bostanghadiri N., Goodarzi F., Razavi S., Jazi F. M., 2024. *Prevalence of Mycobacterium kansasii in clinical and environmental isolates, a systematic review and meta-analysis*. Front Microbiol. 15:1321273. doi.org/10.3389/fmicb.2024.1321273
- Nishiuchi Y., Iwamoto T., Maruyama F., 2017. *Infection sources of a common non-tuberculous mycobacterial pathogen, Mycobacterium avium complex*. Front Med. 4:27. doi.org/10.3389/fmed.2017.00027

- Nelson S. T., Robinson S., Rey K., Brown L., Jones N. i współaut., 2021. *Exposure pathways of nontuberculous mycobacteria through soil, streams, and groundwater, Hawai'i, USA*. *Geohealth*. 5(4):e2020GH000350. doi.org/10.1029/2020GH000350
- Nogueira L. B., Garcia C. N., Costa M. S. C. D., Moraes M. B., Kurizky P. S. i współaut., 2021. *Non-tuberculous cutaneous mycobacterioses*. *An Bras Dermatol*. 96(5), 527–538. doi.org/10.1016/j.abd.2021.04.005
- Paniz-Mondolfi A., Ladutko L., Brown-Elliott B. A., Vasireddy R., Vasireddy S. i współaut., 2014. *First report of Mycobacterium canariense catheter-related bacteremia in the Americas*. *J Clin Microbiol*. 52(6), 2265–2269. doi.org/10.1128/JCM.03103-13
- Parte A.C., Sardà Carbasse J., Meier-Kolthoff J.P., Reimer L.C. Göker M., 2020. *List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN) moves to the DSMZ*. *Int J Syst Evol Microbiol*. 70, 5607-5612. doi.org/10.1099/ijsem.0.004332
- Pavlik I., 2022. Current knowledge about soil-borne diseases in humans and animals (sapronoses). In Proceedings of the 20th Conference KWS OSIVA s.r.o., Brno, Czechy, p.30–57.
- Pavlik I., Ulmann V., Falkinham J. O. 3rd, 2022. *Nontuberculous mycobacteria: ecology and impact on animal and human health*. *Microorganisms*. 10(8):1516. doi.org/10.3390/microorganisms10081516
- Pickup RW, Rhodes G, Bull TJ, Arnott S, Sidi-Boumedine K, i współaut., 2006. *Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis in lake catchments, in river water abstracted for domestic use, and in effluent from domestic sewage treatment works: diverse opportunities for environmental cycling and human exposure*. *Appl Environ Microbiol*. 72(6), 4067-4077. doi.org/10.1128/AEM.02490-05
- Pennington K. M., Vu A., Challener D., Rivera C. G., Shweta F. N. U. i współaut., 2021. *Approach to the diagnosis and treatment of non-tuberculous mycobacterial disease*. *J Clin Tuberc Other Mycobact Dis*. 24:100244. doi.org/10.1016/j.jctube.2021.100244
- Perez-Martinez I., Aguilar-Ayala D. A., Fernandez-Rendon E., Carrillo-Sanchez A. K., Helguera-Repetto A. C. i współaut., 2013. *Occurrence of potentially pathogenic nontuberculous mycobacteria in Mexican household potable water: a pilot study*. *BMC Res Notes*. 6:531. doi.org/10.1186/1756-0500-6-531
- Prevots D. R., Marshall J. E., Wagner D., Morimoto K., 2023. *Global epidemiology of non-tuberculous mycobacterial pulmonary disease: a review*. *Clin Chest Med*. 44(4), 675–721. doi.org/10.1016/j.ccm.2023.08.012
- Primm T. P., Falkinham J. O., 2017. *Nontuberculous mycobacteria*. [W:] *International Encyclopedia of Public Health*, 2nd edn. Quah S. R. (red.), Academic Press, Oxford, Wielka Brytania. p257–263.
- Przybylski G., Bukowski J., Kowalska W., Pilaczyńska-Cemel M., Krawiecka D., 2023. *Trends from the Last Decade with Nontuberculous Mycobacteria Lung Disease (NT-M-LD): Clinicians' Perspectives in Regional Center of Pulmonology in Bydgoszcz, Poland*. *Pathogens*. 12(8):988. doi.org/10.3390/pathogens12080988
- Reed C., von Reyn C. F., Chamblee S., Ellerbrock T. V., Johnson J. W. i współaut., 2006. *Environmental risk factors for infection with Mycobacterium avium complex*. *Am J Epidemiol*. 164(1), 32–40. doi.org/10.1093/aje/kwj159
- Riccardi N., Antonello R. M., Canetti D., Polidori M., 2022. *An octopus gift: Mycobacterium marinum multiple skin lesions*. *Infection*. 50(6), 1631–1632. doi.org/10.1007/s15010-022-01851-6
- Roguet A., Therial C., Saad M., Boudahmane L., Moulin L., i współaut., 2016. *High mycobacterial diversity in recreational lakes*. *Antonie Van Leeuwenhoek*. 109(5), 619–631. doi.org/10.1007/s10482-016-0665-x
- Romaszko J., Kondrad M., 2021. *Gruźlica w praktyce lekarza rodzinnego*. *Forum Medycyny Rodzinnej* 15(1), 6–13.
- Runyon E. H., 1965. *Typical Mycobacteria: their classification*. *Am Rev Respir Dis*. 91, 288–289. doi.org/0.1164/arrd.1965.91.2.288

- Sevilla I. A., Molina E., Tello M., Elguezabal N., Juste R. A. i współaut., 2017. *Detection of mycobacteria by culture and DNA-based methods in animal-derived food products purchased at Spanish supermarkets*. Front Microbiol. 8:1030. doi.org/10.3389/fmicb.2017.01030
- Shah R., Shah S., Lyon P.R., Parekh P., Plemmons R., 2023. *Nontuberculous mycobacterial infection following cat scratch in the setting of topical steroid use*. Cureus. 15(5):e38901. doi.org/10.7759/cureus.38901
- Sharma S. K., Upadhyay V., 2020. *Epidemiology, diagnosis & treatment of non-tuberculous mycobacterial diseases*. Indian J Med Res. 152(3), 185–226. doi.org/10.4103/ijmr.IJMR\_902\_20
- Siemion-Szcześniak I. i Wyrostkiewicz D., 2016. *Mykobakteriozy – rozpoznawanie i leczenie*. Post N Med. XXIX(1), 49–55.
- Singh M., Heincelman M., 2022. *Disseminated nontuberculous mycobacterium presenting as chronic diarrhea and wasting*. J Investig Med High Impact Case Rep. 10:23247096221101860. doi.org/10.1177/23247096221101860
- Southern P. M. Jr., 2004. *Tenosynovitis caused by Mycobacterium kansasii associated with a dog bite*. Am J Med Sci. 327(5), 258–261. doi.org/10.1097/00000441-200405000-00023
- Taylor R. H., Falkinham, J. O. 3rd, Norton C. D., LeChevallier M. W., 2000. *Chlorine, chloramine, chlorine dioxide, and ozone susceptibility of Mycobacterium avium*. Appl Environ Microbiol. 66(4), 1702–1705. doi.org/10.1128/AEM.66.4.1702-1705.2000
- Thomson R. M., Furuya-Kanamori L., Coffey C., Bell S. C., Knibbs L. D., Lau C. L., 2020. *Influence of climate variables on the rising incidence of nontuberculous mycobacterial (NTM) infections in Queensland, Australia 2001-2016*. Sci Total Environ. 740:139796. doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.139796
- Thomson R., Tolson C., Carter R., Coulter C., Huygens F., Hargreaves M., 2013. *Isolation of nontuberculous mycobacteria (NTM) from household water and shower aerosols in patients with pulmonary disease caused by NTM*. J Clin Microbiol. 51(9), 3006–3011. doi.org/10.1128/JCM.00899-13
- Thomson R. M., 2010. *Changing epidemiology of pulmonary nontuberculous mycobacteria infections*. Emerg Infect Dis. 16(10), 1576–1583. doi.org/10.3201/eid1610.091201
- Tortoli E., Brown-Elliott B. A., Chalmers J. D., Cirillo D. M., Daley C. L. i współaut., 2019. *Same meat, different gravy: ignore the new names of mycobacteria*. Eur Respir J. 54(1):1900795. doi.org/10.1183/13993003.00795-2019
- Turenne C. Y., 2019. *Nontuberculous mycobacteria: Insights on taxonomy and evolution*. Infect Genet Evol. 72, 159–168. doi.org/10.1016/j.meegid.2019.01.017
- Walsh C. M., Gebert M. J., Delgado-Baquerizo M., Maestre F. T., Fierer N., 2019. *A global survey of mycobacterial diversity in soil*. Appl Environ Microbiol. 85(17), e01180-19. doi.org/10.1128/AEM.01180-19
- Wassilew N., Hoffmann H., Andrejak C., Lange C., 2016. *Pulmonary disease caused by Non-tuberculous mycobacteria*. Respiration. 91, 386–402. doi.org/10.1159/000445906
- WHO, 2023. *Buruli ulcer (Mycobacterium ulcerans infection) fact sheet*. WHO, Geneva, Switzerland.
- WHO, 2004. [W:] *Pathogenic mycobacteria in water: a guide to public health consequences, monitoring and management*. Pedley S., Bartram J., Rees G., Dufour G. i Cotruvo J. (red.). IWA Publishing, Londyn, Wielka Brytania. p164.
- Winthrop K. L., Marras, T. K. Adjemian, J., Zhang H., Wang P., Zhang, Q., 2020. *Incidence and prevalence of nontuberculous mycobacterial lung disease in a large U.S. managed care health plan, 2008–2015*. Ann Am Thorac Soc. 17(2), 178–185. doi.org/10.1513/AnnalsATS.201804-236OC
- Winthrop K. L., Henkle E., Walker A., Cassidy M., Hedberg K., Schafer S., 2017. *On the reportability of nontuberculous mycobacterial disease to public health authorities*. Ann Am Thorac Soc. 14(3), 314–317. doi.org/10.1513/AnnalsATS.201610-802PS

- Wright P. W., Wallace R. J. Jr, Wright N. W., Brown B. A., Griffith D. E., 1998. *Sensitivity of fluorochrome microscopy for detection of Mycobacterium tuberculosis versus nontuberculous mycobacteria*. J Clin Microbiol. 36(4), 1046–1049.  
doi.org/10.1128/jcm.36.4.1046-1049.1998
- Wu U. I., Holland S. M., 2015. *Host susceptibility to non-tuberculous mycobacterial infections*. Lancet Infect Dis. 15(8), 968–980.  
doi.org/10.1016/S1473-3099(15)00089-4
- Wyrostkiewicz D., Opoka L., Filipczak D., Janowska E., Skorupa W. i współaut., 2022. *Nontuberculous mycobacterial lung disease in the patients with cystic fibrosis—a challenging diagnostic problem*. Diagnostics. 12(7):1514.  
doi.org/10.3390/diagnostics12071514
- Vaerewijck M. J. M., Huys G., Palomino J. C., Swings J., Portaels F., 2005. *Mycobacteria in drinking water distribution systems: ecology and significance for human health*. FEMS Microbiol Rev. 29(5), 911–934.  
doi.org/10.1016/j.femsre.2005.02.001
- van Ingen J., 2013. *Diagnosis of nontuberculous mycobacterial infections*. Semin Respir Crit Care Med. 34(1), 103–109.  
doi.org/10.1055/s-0033-1333569
- van Ingen J., Bendien S. A., de Lange W. C., Hoefsloot W., Dekhuijzen P. N. i współaut., 2009. *Clinical relevance of nontuberculous mycobacteria isolated in the Nijmegen-Arnhem region, The Netherlands*. Thorax. 64(6), 502–506.  
doi.org/10.1136/thx.2008.110957
- Velayati A. A., Farnia P., Mozafari M., Malekshahian D., Seif S., Rahideh S., Mirsaiedi M., 2014. *Molecular epidemiology of nontuberculous mycobacteria isolates from clinical and environmental sources of a metropolitan city*. PLoS One. 9(12):e114428.  
doi.org/10.1371/journal.pone.0114428
- Vongthilath-Moeung R., Plojoux J., Poncet A., Renzi G., Veziris N. i współaut., 2022. *Nontuberculous mycobacteria under scrutiny in the Geneva area (2015-2020)*. Respiration. 101(4), 367–375. doi.org/10.1159/000520033
- Zhou Y., Mu W., Zhang J., Wen S. W., Pakhale S., 2022. *Global prevalence of non-tuberculous mycobacteria in adults with non-cystic fibrosis bronchiectasis 2006-2021: a systematic review and meta-analysis*. BMJ Open. 12(8):e055672.  
doi.org/10.1136/bmjopen-2021-055672

## Streszczenie graficzne

