P015

Batteriologia

RILEVAZIONE ISTANTANEA DI MARKERS DI ANTIBIOTICO-RESISTENZA MEDIANTE MALDI-TOF MS

M. Cordovana [3], A.B. Pranada [2], M. Bienia [2], S. Ambretti [3], M. Kostrzewa [1]
[1]*Bruker Daltonik GmbH, Bremen (DE)*
[2]*MVZ Dr. Eberhard & Partner Dortmund - Laboratory of Medical Microbiology, Dortmund (DE)*
[3]*UO Microbiologia - AOU Policlininico Sant'Orsola-Malpighi, Bologna*

INTRODUZIONE

L'aumento della diffusione delle antibiotico resistenze a livello globale richiede sempre più urgentemente dei rapidi metodi per la loro identificazione. Le nuove applicazione di subtyping mediante MALDI-TOF MS si adattano bene a questo scopo, consentendo un approccio innovativo ed estremamente rapido basato sulla rilevazione di specifici picchi nello spettro di massa batterico, corrispondenti a markers di antibiotico-resistenza.
In questo studio, è stato investigato l'utilizzo di MALDI Biotyper (Bruker Daltonik) per la rilevazione automatica di K. pneumoniae produttrice di KPC (Kp-KPC), S. aureus meticillino-resistente (MRSA) e B. fragilis produttore di carbapenemasi, in "real time" durante il processo di identificazione di specie di routine.

METODI

N=4725 ceppi di K. pneumoniae (n=1329 KPC e n=3282 sensibili ai carbapenemi), n=1304 isolati clinici di S. aureus (n=211 MRSA e n=1093 MSSA), e n=401 isolati clinici di B. fragilis sono stati analizzati mediante uno specifico algoritmo automatico associato al sistema MALDI Biotyper, processando lo stesso spettro di massa generato per l'identificazione di specie durante i processi di routine.
Per K. pneumoniae è stato ricercato il picco KPC-specifico a 11109 m/z (Lau, 2014), per S. aureus il picco specifico del peptide PSM-mec a 2411-2419 m/z (Josten, 2014), e per B. fragilis le modificazioni del pattern spettrale correlate alla presenza del gene cfiA, codificante per una carbapenemasi di classe B (Nagy, 2011).

RISULTATI

- K. pneumoniae. Il picco KPC-specifico è stato rilevato in 1050/1329 (79.0%) ceppi Kp-KPC , e in 0/3396 ceppi sensibili ai carbapenemi (specificità 100%). E' stato inoltre osservato un trend in aumento dei ceppi che presentano il picco specifico nel corso degli anni (dal 60.2% del 2010 al 92.6% del 2016).
- B. fragilis. 41/401 (10.2%) isolati clinici di B. fragilis sono stati classificati dal software Biotyper come cfiA-positivi, tutti confermati mediante PCR.
- S. aureus. Il picco specifico correlato al peptide PSM-mec è stato rilevato in 49/211 isolati MRSA (23.2%), e in nessuno dei ceppi MSSA (specificità 100%).

CONCLUSIONI

In questo studio, la rilevazione di markers batterici di alcune importanti antibiotico-resistenze mediante MALDI-TOF MS subtyping si è rivelato un metodo valido ed innovativo per un'identificazione istantanea ed estremamente semplice di tali ceppi durante il processo di identificazione batterica di routine. Sebbene i tre gruppi di batteri in studio abbiano una valenza clinica ed epidemiologica molto diversa, i questi risultati suggeriscono che l'adozione in routine di questo approccio potrebbe dare il suo contributo all'adozione di misure terapeutiche e di controllo delle infezioni sempre più efficaci.