P037

Batteriologia

VALUTAZIONE DI SISTEMI DI IDENTIFICAZIONE DI BATTERI GRAM NEGATIVI NON FERMENTANTI ISOLATI DA CAMPIONI DELLE VIE AEREE DI PAZIENTI CON FIBROSI CISTICA.

P. Morelli [1], G. Repetto [1], L. Pescetto [1], C. Palmero [1], A. Pellettieri [1], A. Formiga [1], L. Fenu [1], V. Ventrella [1], R. Bandettini [1]
[1]*Laboratorio di Microbiologia- Istituto Giannina Gaslini-Genova-Italia*

INTRODUZIONE

L'infezione cronica polmonare in Fibrosi Cistica (FC) è caratterizzata da microrganismi peculiari come P.aeruginosa, S.aureus e B.cepacia complex, tuttavia nelle colture delle vie aeree di questi pazienti vengono spesso isolati altri bacilli gram negativi non fermentanti, tra cui S.maltophilia, A.xylosoxidans, Ralstonia spp., Cryseobacterium spp, la cui rilevanza clinica però non è del tutto chiara. Le caratteristiche di questi microrganismi rendono spesso difficile una loro corretta identificazione, portando in molti casi ad una misidentificazione con altri patogeni importanti. Risulta quindi cruciale avvalersi di metodiche che siano in grado di ottenere una buona identificazione di tali batteri. Quindi in questo studio abbiamo voluto valutare e comparare tre diversi sistemi di identificazione.

METODI

Durante il 2016 sono stati raccolti 50 ceppi di bacilli Gram negativi non fermentanti, isolati da campioni delle vie aeree di pazienti afferenti al Centro FC di Genova. Tutti i ceppi sono stati inizialmente caratterizzati a livello di specie con metodi molecolari (sequenziamento 16SrDNA) e poi identificati mediante 3 sistemi: uno biochimico manuale API®20NE (Biomèriéux), uno biochimico automatico VITEK®2Compact CARDGN (Biomèriéux) e uno di spettrometria di massa Maldi-Tof VITEK®MS (Biomèriéux). Si sono quindi valutati e comparati i risultati ottenuti tra i diversi sistemi.

RISULTATI

La percentuale di identificazioni (ID) Corrette è del 52% per API, 68% per VITEK2 e 82% per MALDI. Per quanto riguarda le ID Errate (48%, 32% e 18% rispettivamente) si è osservato che API ha il valore più alto di Nessuna ID (50%), mentre VITEK2 il più basso (32% circa). Le ID Incerte sono più frequenti nel sistema API (21%) che riporta una ID di genere corretta ma specie errata nel circa 17% degli isolati. MALDI ha il numero più basso di ID Errata (9) di cui 3 Nessuna ID e 1 sola ID Errata. Per quanto riguarda i patogeni peculiari FC, VITEK2 mostra una scarsa capacità discriminatoria a livello dei genomovar di B.cepacia complex.

CONCLUSIONI

Il sistema VITEK®MS si è dimostrato un sistema versatile ed affidabile nella corretta identificazione dei microrganismi peculiari e "non comuni", isolati in campioni FC, che spesso sono caratterizzati da limitate attività biochimiche che portano ad una errata identificazione con test convenzionali. Inoltre la semplicità di esecuzione e il costo effettivo del test contribuiscono a incrementare la performance di questo sistema. In fine la rapidità con il quale si ottiene un risultato, in spettrometria di massa, non è comparabile ai test convenzionali, e la riduzione del tempo di refertazione ha chiaramente un' elevata ricaduta sul trattamento antimicrobico e la gestione stessa del paziente FC.