P028

Batteriologia

**IMPIEGO DELL'ENRICHMENT BROTH DI ALIFAX PER L'IDENTIFICAZIONE DIRETTA DA EMOCOLTURE MEDIANTE SPETTROMETRIA DI MASSA (MALDI-TOF)**

A. Altieri [2], M.C. Bossa [2], S. Minelli [2], C. Favalli [1], C. Fontana [1]

[1]*Dipartimento di Medicina Sperimentale e Scienze Biochimiche, Università Tor Vergata, Roma - Laboratorio di Microbiologia, Policlinico Tor Vergata, Roma*

[2]*Laboratorio di Microbiologia, Policlinico Tor Vergata, Roma*

**INTRODUZIONE**

Il punto focale che caratterizza la diagnosi microbiologica di sepsi è la riduzione dei tempi di refertazione. Si parla a tal proposito di riduzione del TAT (Turn Around Time), che inevitabilmente ha un impatto sui tempi necessari per impostare/correggere la terapia e quindi sull'outcome del paziente.
Tra le tecniche più innovative e rapide ha certamente un ruolo la spettrometria di massa (MALDI-TOF) che permette l'identificazione batterica e fungina direttamente dal flacone di emocoltura positiva.

**METODI**

Il presente studio confronta due approcci metodologici, entrambi basati sull'identificazione degli agenti eziologici della sepsi mediante tecnologia MALDI TOF e partendo da un'aliquota di brodocoltura da flacone positivo. Il primo approccio prevedeva estrazione diretta tramite Sepsityper® (Brucker); il secondo comportava una fase di pre-arricchimento in brodo con il sistema Alfred (Alifax), e poi attraverso passaggi di centrifugazione e lavaggio, il pellet batterico ottenuto si utilizzava per la deposizione sul target MALDI.

**RISULTATI**

Sono stati esaminati 204 campioni di emocolture positive, per 160 (78,4%) campioni l'identificazione è stata ottenuta con entrambi i metodi, mentre nei restanti 44 (21,6%) solo con l'uno o con l'altro metodo.
Dei 160 microrganismi identificati, 98 erano Gram - (48%), 54 Gram + (26,5%), 6 lieviti (2,9%), mentre 2 sepsi (1%) erano polimicrobiche. Per 44 campioni non è stato possibile ottenere l'identificazione, in particolare, 27 (61,4%) non sono stati identificati con l'estrazione diretta, 12 (27,3%) non sono stati identificati con il pre-arricchimento in brodo; infine, 5 (11,4%) campioni non sono stati identificati con nessuna delle due.
Dei 160 campioni identificati con entrambe le metodiche sono stati registrati i corrispondenti score MALDI-TOF; il confronto della media degli score non ha evidenziato differenze statisticamente significative.
Inoltre, per ogni campione è stato registrato il TAT dal momento della positivizzazione del flacone fino all'ottenimento dell'identificazione microbica. E', quindi, stato possibile calcolare una media in ore, che per i Gram+ era di 13h con estrazione diretta vs. 14.37h con pre-arricchimento, per i Gram- era di 9h vs. 11h e per i lieviti di 14.10h vs. 16h.
Riguardo i 2 campioni polimicrobici sono stati rilevati correttamente solo grazie al pre-arricchimento, che ha evidenziato le due specie microbiche diverse

**CONCLUSIONI**

L'identificazione delle specie è stata ottenuta con tempi medi inferiori mediante estrazione diretta rispetto alla metodica di pre-arricchimento in brodo per Gram+, Gram- e lieviti, rispettivamente.
Nonostante ciò, entrambe le metodiche sono un valido supporto al clinico per una diagnosi tempestiva ed una corretta impostazione della terapia antibiotica.