

ALGORITMO DIAGNOSTICO NELLE INFEZIONI DA C. DIFFICILE

L. La Vergata³, S. Dodaro³, D. Perugini¹, M.V. Mauro³, F. La Cava³, L. Varisano¹, R. Bruno², C. Giraldi³

¹ UOC Microbiologia e Virologia, AO "SS Annunziata" Cosenza

² Dipartimento di Farmacia e Scienze della Salute e della Nutrizione, Università della Calabria, Cosenza

³ UOC Microbiologia e Virologia, AO "SS Annunziata" Cosenza

INTRODUZIONE

L'infezione da C. difficile (CDI) rappresenta la principale causa di malattia gastrointestinale ospedaliera e di diarrea associata all'uso degli antibiotici. Considerata la diffusione e la gravità della malattia, appare evidente la necessità di una diagnostica affidabile e rapida al fine di garantire al paziente una terapia appropriata ed alla comunità adeguate misure assistenziali per diminuire la diffusione dell'infezione. Lo scopo del nostro lavoro è analizzare i miglioramenti ottenuti, in termini di sensibilità e di turnaround time (TAT), con l'introduzione, nell'algoritmo diagnostico delle infezioni da CD, del test molecolare.

METODI

Nell'anno 2014, n.400 campioni di feci non formate, corrispondenti ai valori da 5 a 7 della Scala Bristol, sono stati testati per la ricerca di C.difficile (CD), secondo un algoritmo a 3 step costituito da:

I° step: test di screening per la rilevazione dell'Ag GDH (C.difficile GDH-Beta Diagnostici ME);

II° step: test per la rilevazione delle tossine A/B (C.difficile tossina A+B -Beta Diagnostici ME) solo in caso di positività del GDH;

III° step: esame colturale su terreno solido dopo shock alcolico e arricchimento in terreno liquido; rilevazione delle tossine A/B mediante test EIA (Vidas C. difficile Toxin A&B - Biomerieux), solo nei casi Ag GDH + e tossine A/B -.

Da gennaio 2015, il III° step è stato sostituito con un test molecolare rapido che rileva, mediante NAAT, il DNA di CD tossinogenico e di ceppi ipervirulenti (ribotipi 027/NAP/B1), in base al riconoscimento delle sequenze nei geni per la tossina B (tcdB), tossina binaria(cdt) e delezione del tcdC nt 117 (Cepheid Gene Xpert Instrument System), il cui tempo di refertazione è di un'ora.

RISULTATI

Nell'anno 2014 sono stati analizzati n.400 campioni con i primi tre step diagnostici. N.274 sono risultati negativi per Ag GDH, n.85 positivi per Ag GDH e tossine A/B (tempo di refertazione 30 minuti), n.41 campioni positivi solo per Ag GDH. In questi ultimi campioni, il III° step diagnostico, rilevava positività per le tossine A/B in n.11 (27%) campioni, con un tempo di refertazione medio di 72 ore.

N. 239 campioni sono stati valutati con il nuovo algoritmo diagnostico, in particolare n.192 campioni sono risultati negativi per Ag GDH, n.24 positivi per entrambi: Ag GDH e tossine A/B, con un tempo medio di refertazione di 30 minuti e n.23 positivi solo per Ag GDH. Quest'ultimi, valutati con saggio NAAT, n.12 (52%) dimostravano la presenza nelle feci di C.difficile tossinogenico, ma, assenza in tutti i campioni di ceppi ipervirulenti 027/NAP1/B1 (tempo di refertazione medio di 90 minuti).

Complessivamente sono stati diagnosticati 132 casi di CDI, 39 provenienti dalla comunità e 93 ospedalieri.

CONCLUSIONI

L'inserimento del test molecolare nell'algoritmo diagnostico delle infezioni da CD ha consentito soprattutto nei casi Ag GDH + e tossine A/B -, di aumentare la sensibilità diagnostica per CD e di ridurre il TAT, consentendo un rapido intervento terapeutico e l'isolamento del paziente e garantendo norme adeguate e sicure di assistenza sanitaria.