

Introducción

La rapidez en la identificación de microorganismos patógenos es fundamental en el diagnóstico clínico y la espectrometría de masas proporciona identificaciones de especies en pocos minutos a partir de colonias cultivadas en medios sólidos. Los resultados de la identificación de un agente etiológico, en un proceso infeccioso en corto tiempo, resulta muy beneficioso en la orientación del tratamiento antimicrobiano para el paciente. Este estudio propone estandarizar en el laboratorio de microbiología de FVL la identificación por MALDI –TOF-MS de bacterias y levaduras a partir de colonias cultivadas en medios sólidos a las 18 horas de incubación, comparando con los métodos automatizados utilizados en el laboratorio, tales como Vitek® 2 y MicroScan Walk-Away® en la identificación de microorganismos en la Fundación Valle del Lili.

Objetivos

Medir la concordancia del sistema MALDI-TOF-MS y los sistemas automatizados: VITEK2 y MicroScan, en la identificación rutinaria de bacterias y levaduras en el laboratorio de Microbiología en la Fundación Valle del Lili.

Métodos

Se realizó un estudio prospectivo donde se incluyeron 939 aislamientos de bacterias y levaduras, procesados entre octubre de 2013 y febrero 2014, provenientes de muestras clínicas, se les realizó identificación fenotípica a través de Vitek® 2 (bioMérieux) y MicroScan Walk-Away® (Siemens), e identificación proteómica utilizando Vitek® MS 1.42 B (bioMérieux).

Algunas de las discrepancias entre los sistemas se confirmaron con secuenciación de rRNA 16S y pruebas bioquímicas.

Se aplicó estadística descriptiva y la concordancia se realizó a través del kappa de Cohen, se analizaron los grupos taxonómicos Familia Enterobacteriaceae, bacilos Gram negativos no fermentadores de glucosa, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, levaduras y varios (cocos Gram negativos, anaerobios y bacilos Gram positivos)

Bibliografía

- Seng P; 2013 Volume 26 Number 1 Clinical Microbiology Reviews p. 103–114 .
- Rolain J-M, et al; 2010 Future Microbiol. 5:1733–1754
- Wieser A et al 2012. Appl. Microbiol. Biotechnol. 93:965–974
- Bessede et al, 2010 Clin. Microbiol. Infect. 17 (4), 533–538
- Seng P et al 2009. Clin. Infect. Dis. 49, 543–551
- Van Veen SQ, Claas EC, Kuijper EJ. J Clin Microbiol 2010;48:900-7.

Resultados

Se identificaron 931 (99,1%) aislamientos por las plataformas automatizadas (Vitek® 2, MicroScan®) y 937 (99,7%) por Vitek® MS.

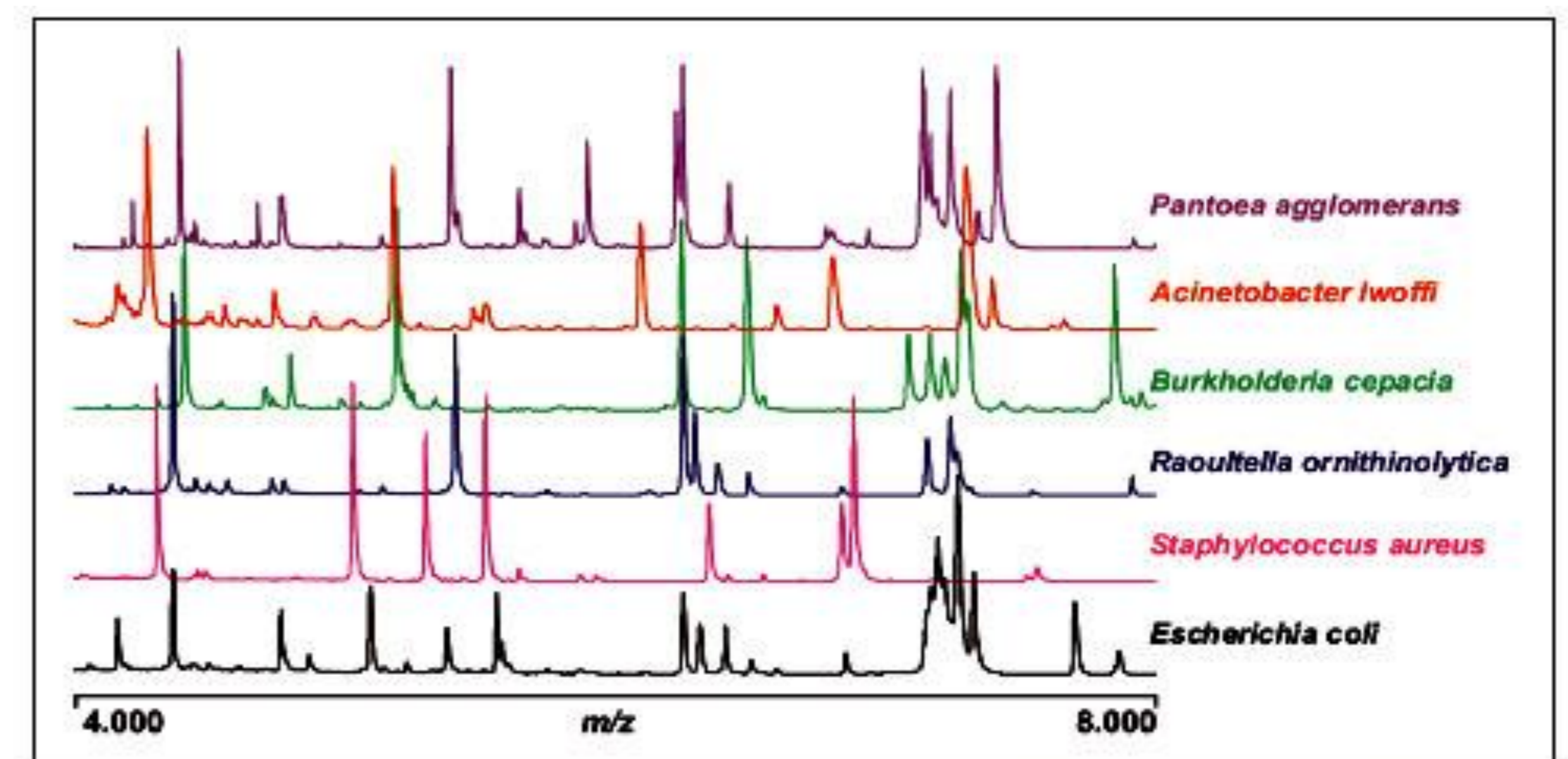
La correlación global entre los resultados obtenidos con el Vitek® MS y la identificación convencional fue del 99,53% (kappa de 0,9933) y por grupos taxonómicos esta en un rango de 95,2% y 88,2%, que corresponde a la Familia Enterobacteriaceae y el grupo denominado “varios” (bacilos Gram positivos, anaerobios y bacilos Gram negativos exigentes) respectivamente (Tabla 1).

Vitek® MS tuvo limitaciones para diferenciar a nivel de género entre *Shigella/ Escherichia coli*, como también diferenciar entre las siguientes especies: *Enterobacter cloacae/ascurbiae*, *Proteus penneri/vulgaris*.

Se definió como error menor el resultado no concordante a nivel de especie y error mayor el resultado no concordante a nivel de género o la no identificación. Del total de 20 resultados no concordantes que se confirmaron por secuenciación de rRNA 16S y pruebas bioquímicas, los métodos convencionales tuvieron 11 errores menores y 8 errores mayores, mientras que Vitek® MS tuvo 4 errores menores y 3 mayores.

Tabla 1

Concordancia entre la identificación por plataforma convencional (Vitek® 2, MicroScan®) y Vitek MS utilizando el índice kappa.			
Grupo taxonómico	Aislamientos identificados por plataforma convencional n	Aislamientos identificados por Vitek® MS n	Valor Kappa
Familia Enterobacteriaceae	484	484	0.9263
Bacilos Gram-Negativos no fermentadores	101	101	0.9493
<i>Staphylococcus spp.</i>	115	115	0.9335
<i>Streptococcus spp.</i>	56	56	0.9491
<i>Enterococcus spp.</i>	39	38	0.9279
Levaduras	115	115	0.952
“Varios”	21	21	0.9263



Diferentes perfiles de proteínas obtenidas para diferentes bacterias por MALDI-TOF-MS (Tomado del manual de bioMérieux)

Conclusiones

El Vitek® MS es un sistema importante por ser rápido, fácil, preciso y costo efectivo para identificar microorganismos de interés clínico que puede utilizarse en la rutina diaria del laboratorio de microbiología. Este sistema proporciona identificaciones de especies en pocos minutos, lo que en un proceso infeccioso resulta muy beneficioso en la orientación del tratamiento antimicrobiano para el paciente.

La concordancia del Vitek® MS con los métodos automatizados fue excelente, aunque se destaca en la familia Enterobacteriaceae, bacilos Gram negativos no fermentadores, *Staphylococcus* y *Enterococcus*. Se reconoce que Vitek® MS tiene limitaciones con algunos géneros y especies bacterianas, los cuales no logra identificar.

El Vitek® MS es un sistema prometedor para identificar diversos mecanismos de resistencia a distintos agentes antimicrobianos en el laboratorio.