

Performance da Espectrometria de Massas MALDI-TOF na identificação dos Bastonetes Gram-Positivos frente aos Bastonetes Gram-Negativos pelo VITEK®MS

AMARAL, D.¹; PRATES, F.D.¹; ABURJAILE, F.F.²; RODRIGUES, D.L.N.²; SANTOS, L.S.³; ARAÚJO, M.R.B.¹

¹Núcleo Técnico Operacional, Setor de Microbiologia, Instituto HermesPardini SA. ²Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais. ³Laboratório de Difteria e Corinebactérias de Relevância Clínica, Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade do Estado do Rio de Janeiro..

Introdução

Até recentemente, a identificação microbiana dependia principalmente de técnicas fenotípicas convencionais e sequenciamento genético. O desenvolvimento da Espectrometria de Massas MALDI-TOF (MALDI-TOF MS) revolucionou a rotina identificação de microrganismos em laboratórios de microbiologia clínica. Bastonetes Gram-positivos, incluindo alguns *Corynebacterium spp.*, vem sendo negligenciados e soma-se a isso o fato de não serem tão facilmente identificados por testes bioquímicos convencionais na maioria dos laboratórios, porém o emprego da MALDI-TOF MS tem modificado o cenário (Araújo, 2019; Araújo 2021; Croxatto 2012).

Objetivos

Avaliar a performance da MALDI-TOF MS, pelo aparelho VITEK®MS na identificação dos Bastonetes Gram-positivos (BGP) em comparação com os Bastonetes Gram-negativos (BGN).

Metodologia

Para os BGN, foram utilizadas 63 amostras submetidas à identificação por testes bioquímicos pelos cartões VITEK®II Compact e pelo meio Rugai Modificado. Para os BGP, foram empregadas 50 amostras com identificações a partir do sequenciamento do genoma completo na plataforma Illumina HiSeq 2500.

Resultados

Nos BGN a concordância foi de 90,8%, sendo que 06 amostras não foram identificadas pelo VITEK®II Compact. Todas as amostras foram identificadas pelo equipamento VITEK®MS, com exceção de 02 de *Shigella spp.*, incorretamente determinadas como *Escherichia coli*, limitação já observada em estudos prévios. Para os BGP, a concordância foi de 84%; 07 amostras foram equivocadamente identificadas, 01 não houve identificação e em 04 amostras o sequenciamento genômico permitiu a identificação de uma espécie recém descrita, sugerindo que uma atualização periódica do banco de dados do aparelho pode conferir melhor acurácia.

Amostras (Espécies)	Nº isolados
<i>Escherichia coli</i>	10
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	9
<i>Salmonella spp.</i>	3
<i>Morganella morganii</i>	5
<i>Enterobacter cloacae</i>	4
<i>Proteus mirabilis</i>	5
<i>Serratia marcescens</i>	5
<i>Klebsiella oxytoca</i>	4
<i>Citrobacter freundii</i>	1
<i>Enterobacter aerogenes</i>	3
<i>Salmonella enteritidis</i>	1
<i>Salmonella typhimurium</i>	1
<i>Citrobacter koseri</i>	1
<i>Providencia stuartii</i>	3
<i>Hafnia alvei</i>	1
<i>Providencia rettgeri</i>	1
Amostras sem correspondência	6
Total	63

Tabela 1: Relação de amostras de Batonetes Gram-negativos identificadas pelo VITEK®MS.

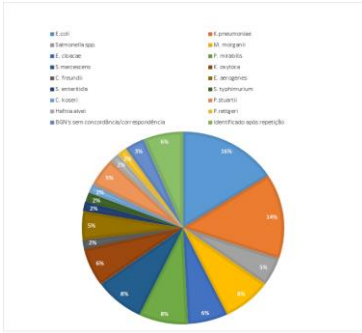


Gráfico 1: Concordância nas identificações de Bastonetes Gram-negativos.

Amostras (Espécies)	Nº isolados
<i>Corynebacterium striatum</i>	27
<i>Corynebacterium amycolatum</i>	3
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	5
<i>Corynebacterium mastitidis</i>	1
<i>Corynebacterium stationis</i>	1
<i>Corynebacterium ulcerans</i>	2
<i>Corynebacterium simulans</i>	1
<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	1
<i>Corynebacterium glucuronolyticum</i>	1
Amostras sem correspondência	8
Total	50

Tabela 2: Relação de amostras de Batonetes Gram-positivos identificadas pelo VITEK®MS.

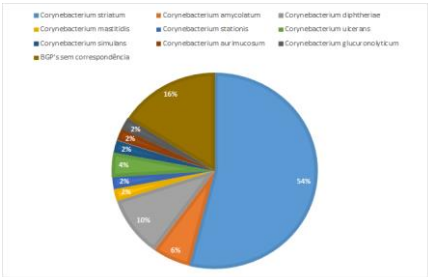


Gráfico 2: Concordância nas identificações de Bastonetes Gram-positivos.

Conclusão

A utilização da MALDI-TOF MS nos laboratórios clínicos possibilita a identificação rotineira de espécies bacterianas que antes dificilmente ocorreriam pelos métodos convencionais, melhorando não somente a qualidade dos diagnósticos como possibilitando que infecções antes negligenciadas não mais o sejam. Apesar de ser uma técnica inovadora e com ótima performance, ainda é necessária a expertise dos usuários com avaliações mais aprofundadas.

Referências

Araújo MRB, Lana LF, Seabra LF. Use of MALDI-TOF MS in diagnostic microbiology for identification of species that conventional methods usually fail to identify. Clin Biomed Res [Internet]. 20ª de agosto de 2019. DOI: 10.4322/2357-9730.90933.

Batista Araújo MR, Bernardes Sousa MÂ, Seabra LF, Caldeira LA, Faria CD, Bokermann S, Sant'Anna LO, Dos Santos LS, Mattos-Guaraldi AL. Cutaneous infection by non-diphtheria-toxin producing and penicillin-resistant *Corynebacterium diphtheriae* strain in a patient with diabetes mellitus. Access Microbiol. 2021 Nov 30;3(11):000284. DOI: 10.1099/acmi.0.000284. PMID: 35018328; PMCID: PMC8742586.

Croxatto A, Prod'hom G, Greub G. Applications of MALDI-TOF mass spectrometry in clinical diagnostic microbiology. FEMS Microbiol Rev. 2012;36(2):380-407. http://dx.doi.org/10.1111/j.1574-6976.2011.00298.x. PMID:22092265.