



Kommentar zum Ringversuch B9 Mikrobiologie 2018-4

Probe A: Dauerkatheterurin / Harnwegsinfekt

Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies) + Resistenzprüfung

Die Diagnose *Klebsiella pneumoniae* wurde von fast allen Teilnehmern gestellt. *K. pneumoniae* konnte mit Maldi-TOF, Vitek2, Api20E und hausgener Biochemie sehr gut identifiziert werden.

Bei diesem *K. pneumoniae* Isolat konnte phänotypisch eine AmpC- β -Laktamase (molekularbiologisch eine plasmid kodierte AmpC- β -Laktamase vom Typ DHA) nachgewiesen werden. Mittels Synergie-Test bestand auf Müller-Hinton-Agar eine Differenz von ≥ 5 mm im Hemmhofdurchmesser zwischen Cefoxitin mit/ohne Cloxacillin.

Wie schon in der Besprechung 2018-2 bei Probe A erwähnt, wird die Konsequenz des Vorliegens einer plasmid-kodierten AmpC- β -Laktamase von EUCAST noch nicht explizit erwähnt; es ist, wie damals schon erwähnt sicher ratsam, ähnlich wie beim Vorliegen einer chromosomalen AmpC β -Laktamase bei *Enterobacter cloacae* etc. bei der Therapie mit Cephalosporinen vorsichtig zu sein. Wir haben für Cefotaxim und Ceftriaxon sowie für Piperacillin / Tazobactam alle Resultate gelten lassen.

Unser Stamm war für Nalidixinsäure intermediär. Unter Therapie mit Chinolonen kann es bei einer Nalidixinsäure-Resistenz zu einer Resistenzentwicklung kommen. Wir haben im vorliegenden Fall alle Werte für Chinolone akzeptiert. Für Fosfomycin musste die MHK bestimmt werden. Mit einer MHK von 12mg/l war der Stamm für Fosfomycin sensibel. Nitrofurantoin haben wir gemäss früheren Informationen nicht berücksichtigt, weil Nitrofurantoin nur bei unkomplizierten Harnwegsinfektionen mit *Escherichia coli* vorgesehen ist.

Identifikation	Anzahl
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	63
<i>Klebsiella pneumoniae/variicola</i>	1
Gram negative Stäbchen	1

Probe B: Trachealsekret / ventilatorassoziierte Pneumonie

Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies) + Resistenzprüfung

In diesem Trachealsekret bei ventilatorassoziiierter Pneumonie konnte *Serratia marcescens* isoliert werden. Die Identifikation auf Genusebene stellte mittels Maldi-TOF, Api 20E und hausgener Bio kein Problem dar. Maldi-TOF zeigte mit einem sehr guten Score auch noch *Serratia ureilytica*, welche aber im Gegensatz zu unserem Stamm Urease positiv sein sollte. *S. marcescens* kann mit der OF-Xylose von *S. liquefaciens* unterschieden werden. *S. marcescens* baut die OF-Xylose oxidativ ab, wohingegen *S. liquefaciens* OF-Xylose fermentativ verwertet. Dies zeigt sich mit einer Gelbfärbung nach 24h Bebrütung im OF-Xylose-Röhrchen mit und ohne Paraffin-Öl Beschichtung.

S. marcescens besitzt eine β -Laktamase vom Typ AmpC, was bei einer Behandlung mit Piperacillin/Tazobactam oder Cephalosporinen (ausser Cefepim) trotz in vitro Empfindlichkeit zu einem Therapieversagen führen kann.

Für Augmentin, Ampicillin, Cefuroxim, Colistin und Nitrofurantoin besteht bei *S. marcescens* eine intrinsische Resistenz. Früher wurde gemäss EUCAST expert rules (Version 2.0) auch bei Aminoglycosiden (ausser Streptomycin und Gentamicin) empfohlen, diese wegen des Vorhandenseins des AAC(6') Ic-Enzyms resistent zu berichten. In den aktuellen EUCAST Expert rules ist davon nichts mehr erwähnt; wir haben für Amikacin und Tobramycin alle Werte akzeptiert.

Identifikation	Anzahl
<i>Serratia marcescens</i>	62
<i>Serratia liquefaciens</i>	1
<i>Rothia dentocariosa</i>	1
Gram negative Stäbchen	1

Probe C: Gewebe / Fasziiitis
Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies)

Es handelte sich um einen Stamm von *Streptococcus dysgalactiae* subsp. *equisimilis*: Grosse (>0.5 mm) beta-haemolytische Kolonien, welche gegen Bacitracin resistent, PYR und Hippurat negativ waren. Vitek2 ergab die korrekte Diagnose. Maldi-TOF erzielte mit einem Score von 2.07 ein gutes Resultat, hatte aber auch eine sehr gute Identifikation für *Streptococcus canis* (Score 2.01). Die Identifikation darf deshalb nur auf Genus-Ebene als *Streptococcus* species erfolgen. Zusätzlich muss in diesem Fall agglutiniert werden.

S. dysgalactiae subsp. *equisimilis* trägt üblicherweise das Lancefield-Antigen der Gruppe C oder G. Es wurde festgestellt, dass *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis* (sowie auch die *S. anginosus*-Gruppe) aber auch das A-Antigen tragen können (Brandt CM et al. 1999. Characterization of blood culture isolates of *Streptococcus dysgalactiae* subsp. *equisimilis* possessing Lancefield's group A antigen. J. Clin. Microbiol. 37:4194-4197). In unserem Fall lag ein solcher Stamm vor. Mit dem negativen PYR-Test konnte *S. pyogenes* aber ausgeschlossen werden.

Identifikation	Anzahl
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	22
<i>Streptococcus dysgalactiae equisimilis</i>	29
<i>Streptococcus dysgalactiae</i> Gruppe A	2
Beta-häm. Streptokokken Gruppe A	6
<i>Streptococcus pyogenes</i>	2
<i>Streptococcus species</i>	1
<i>Streptococcus</i> Gruppe C	1
<i>Streptococcus</i> Gruppe G	1
Gram-positive Stäbchen	1

Probe D: Tiefer Wundabstrich / Wundheilungsstörung
Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies)

Bei diesem Stamm handelte es sich um *Corynebacterium amycolatum*, dem am häufigsten in klinischem Material gefundenen Corynebakterium. Es kann Endocarditiden, Katheter- und andere Infektionen hervorrufen und kommt auch gelegentlich auf der Haut vor und kann für Wundinfektionen verantwortlich sein.

Unser Stamm war Katalase und Nitrat positiv. Mit Maldi-TOF und Api Coryne konnte *C. amycolatum* gut identifiziert werden. *C. amycolatum* zeigt im Gegensatz zu *C. striatum* Wachstum auf Müller-Hinton-Agar. Im Grampräparat handelt es sich um typische coryneforme Stäbchen. Auf Schafblutagar wächst *C. amycolatum* mit weissen, trockenen Kolonien.

Identifikation	Anzahl
<i>Corynebacterium amycolatum</i>	48
<i>Corynebacterium amycolatum/striatum</i>	2
<i>Corynebacterium amycolatum/xerosis</i>	1
<i>Corynebacterium propinquum</i>	1
<i>Corynebacterium species</i>	7
<i>Corynebacterium striatum</i>	2
Coryneforme Bakterien	1
Gram-positive Stäbchen	3

Probe E: Punktat aus Kieferhöhle / Dentalabszess
Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies)

Aus diesem Kieferhöhlenpunktat konnte *Gordonia polyisoprenivorans* isoliert werden. *G. polyisoprenivorans* wurde 1999 erstmals aus abgestandenem Wasser in einem Autoreifen isoliert. (Linos A et al. 1999. *Gordonia polyisoprenivorans* sp. nov. a rubber-degrading actinocete isolated from an automobile tyre. Int. J. Syst. Bacteriol. 49:1785-1791). Sie ist in der Lage, Polyisopren-Kautschuk abzubauen. Diese Fähigkeit ist vielleicht der Grund, weshalb *G. polyisoprenivorans* schon häufiger bei immunsupprimierten Patienten mit eingebauten Kathetern isoliert werden konnten (Poornima R. 2013. *Gordonia* bacteremia. J. Clin. Microbiol. 51:3443-3446). Unser Stamm kommt ursprünglich aus einem Kieferhöhlenpunktat eines Dentalabszesses, was nicht so typisch ist.

Es handelt sich dabei um Gram-positive Stäbchen, welche im Gegensatz zu *Nocardia* aber nicht verzweigt sind und auch keine Fäden bilden. *Gordonia* sp. wächst langsam; die Kolonien sind nach 72 Stunden pigmentiert (rosa, orange, rot, braun), rau, gefaltet, haben jedoch kein Luftmyzel.

Die Spezies-Diagnose benötigt eine Sequenzierung; dort konnte *G. polyisoprenivorans* gut identifiziert werden. Mittels Maldi-TOF erzielte man mit einem eher schlechten Score *Arthrobacter polychromogenes* und Api Coryne identifizierte *Rhodococcus* sp., jedoch mit dem Hinweis, dass *Gordonia*, *Dietzia* oder *Nocardia* möglich sind. Wir danken Herrn Franco Müller für die Zusendung dieses Isolates. Wir wollten Ihnen diesen Stamm ohne Bewertung zeigen können.

Identifikation	Anzahl
<i>Gordonia polyisoprenivorans</i>	18
<i>Gordonia species</i>	6
<i>Gordonia sputi</i>	1
<i>Arthrobacter polychromogenes</i>	1
<i>Arthrobacter species</i>	2
<i>Brevibacterium species</i>	1
<i>Corynebacterium propinquum</i>	1
<i>Corynebacterium pseudodiphtheriticum</i>	1
<i>Microbacterium species</i>	1
<i>Oerskovia species</i>	1
<i>Paenibacillus durus</i>	1
<i>Pseudoarthrobacter species</i>	1
<i>Rhodococcus equi</i>	2
<i>Rhodococcus species</i>	8
<i>Turicella otitidis</i>	1
Gram-positive Stäbchen	18
Gram-negative Stäbchen	1

Stellungnahme des Schweizerischen Antibiogramm-Komitees (Swiss Antibiogram Committee – SAC) zu den neuen Definitionen von S I R bei EUCAST 2019

Am 22. 11. 2018 hat das SAC beschlossen, bei den Empfindlichkeits-prüfungen die neuen Definitionen für S, I und R zu übernehmen:

S = empfindlich

I / i = empfindlich bei erhöhter Exposition / Dosierung des Antibiotikums

R = resistent

Die EUCAST-Tabellen mit den klinischen Grenzwerten enthalten schon jetzt die Standarddosierung und die erhöhte Dosierung des Antibiotikums.

Auf der Berichterstattung bleibt der Buchstabe **i** (früher für intermediär, jetzt empfindlich bei erhöhter Exposition / Dosierung – englisch susceptible, increased exposure) bestehen, aber die Interpretation für **i** muss auf den Berichten an den Arzt neu beschrieben werden.

EUCAST hat schon früher intermediäre Zonen vermieden und so für das Labor die technische Pufferzone eliminiert. EUCAST hat aber erkannt, dass es Situationen mit unsicheren Messwerten gibt, z.B. Hemmzonen 25-27 mm von Cefoxitin bei *Staphylococcus epidermidis* oder Hemmzonen 19-20 mm bei Amoxicillin/Clavulansäure bei *Enterobacteriaceae* (*Enterobacterales*). Diese Unsicherheiten werden neu definiert als **ATU = Area of Technical Uncertainty**, Hemmzonen und MHKs mit einer technischen Unsicherheit.

Das SAC hat beschlossen, die ATU den Klinikern nicht als solche mitzuteilen, sondern bei unsicheren Messwerten (ATU) eine andere Methode anzuwenden, z.B. bei Messwerten 25-27 mm für Cefoxitin bei *S. epidermidis* die MHK für Oxacillin oder die PBP2' Agglutination oder die *mecA* Gen PCR durchzuführen und das Resultat gemäss diesen Untersuchungen anzupassen.

Das SAC hat früher empfohlen, bei Amoxicillin/Clavulansäure für *Enterobacteriaceae* eine intermediäre Zone 16-18 mm zu belassen. Bei Wegfall dieser Möglichkeit empfiehlt das SAC die Grenze für empfindlich auf 19 mm zu setzen und den Vorschlag von EUCAST (Grenzwert für Urine bei 16 mm und für systemische Infektionen bei 19 mm) nicht zu übernehmen, weil oft eine *Escherichia coli* aus dem Blut auch im Urin nachweisbar ist, und die unterschiedlichen Grenzwerte für Urin und Blut für die Kliniker irritierend wären.

Diese Informationen werden im Rahmen des Club de Pathologie am 6. Februar 2019 in Bern auch den Infektiologen vorgestellt und auch auf die SGM-Homepage gestellt.

Wir bitten alle Laboratorien, ab 2019 auf den Berichten die neue Interpretation für **i** anzubringen. Es bleibt dem Labor freigestellt, ihren Kunden individuell detailliertere Informationen über diesen Wechsel der Interpretation von **i** – aber unter Berücksichtigung unserer Beschlüsse – zur Verfügung zu stellen.

Reinhard Zbinden für SAC, Dezember 2018

Mit freundlichen Grüssen

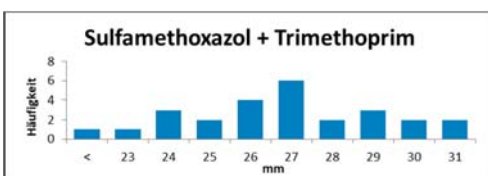
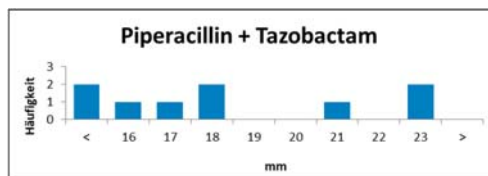
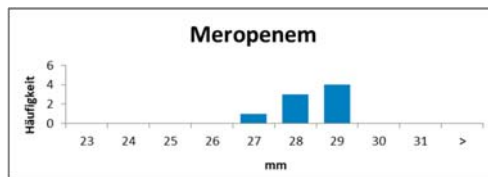
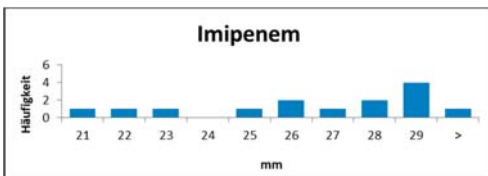
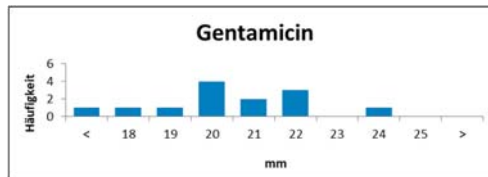
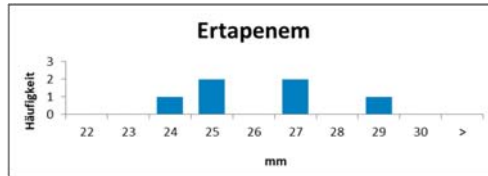
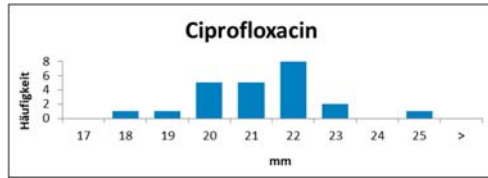
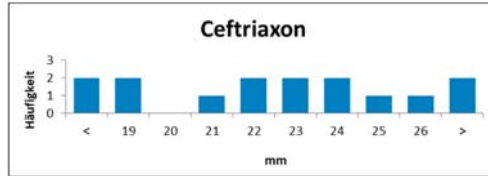
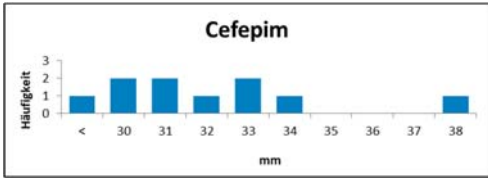


Prof. Dr. R. Zbinden



F.S. Hufschmid-Lim

Resistenzprüfung der Probe A



Resistenzprüfung der Probe B

