



Verein für **medizinische Qualitätskontrolle**  
Association **pour le contrôle de Qualité medical**  
Associazione **per il controllo di qualità medico**

## Kommentar zum Ringversuch B9 Mikrobiologie 2021-2

**Probe A: Mittelstrahlurin / Harnwegsinfekt**  
**Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies) + Resistenzprüfung**

Bei *Klebsiella pneumoniae* als Erreger dieses Harnwegsinfekts handelt es sich um einen Extended Spectrum Beta-Lactamase (ESBL) - Bildner. *K. pneumoniae* konnte von allen Teilnehmern gut identifiziert werden.

Es waren die für ESBL typischen Synergien zwischen den Hemmhöfen zu erkennen, was die Angabe des Resistenzmechanismus vereinfachte. Das ESBL-Phänomen war zwischen Augmentin/Cefepim, Augmentin/Cefpodoxim und Augmentin/Ceftriaxon deutlich sichtbar. Die ESBL-Abklärung zeigte eine Differenz von >5mm bei den Hemmhöfen von Ceftazidim mit/ohne Clavulansäure und Cefotaxim mit/ohne Clavulansäure, was den ESBL-Mechanismus somit bestätigte. Molekularbiologisch konnte bei unserem Stamm der bei uns am häufigsten vorkommende ESBL Typ CTX-M nachgewiesen werden. Für Amoxicillin/Clavulansäure haben wir alle Resultate akzeptiert.

Die Empfindlichkeit für Fosfomycin musste durch die MHK bestimmt worden sein, um Punkte zu erzielen, andernfalls gab es einen Abzug.

Alle Teilnehmer haben 'ESBL' bei den Resistenzmechanismen korrekt angegeben und dafür die entsprechenden Punkte erhalten. Das Fehlen der Verneinung von 'AmpC' und 'Carbapenemase' wurde dieses Mal nicht bewertet, gehörte allerdings auch zur richtigen Angabe der Resistenzmechanismen.

Bitte kreuzen Sie jeweils alle zutreffenden Punkte für das entsprechende Isolat an, d.h. bei *Enterobacteriaceae* ESBL, AmpC und Carbapenemase, bei *Staphylococcus aureus* MRSA und MLS, bei Koagulase-negativen Staphylokokken MLS, bei Enterokokken VRE und Gentamicin high level, bei Streptokokken MLS und Gentamicin high level. Bei Nonfermentern, Corynebakterien und weiteren Bakterien werden wir die Angaben nicht bewerten.

Identifikation	Anzahl
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	38
<i>Klebsiella pneumoniae</i> complex	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i> ESBL	17
<i>Klebsiella pneumoniae/variicola</i>	1

**Probe B: Fremdkörper / Protheseninfekt**  
**Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies) + Resistenzprüfung**

*Staphylococcus epidermidis* als Erreger eines Protheseninfektes bereitete keine Schwierigkeiten bei der Identifikation.

Unser Stamm war mit Ausnahme von Erythromycin voll empfindlich. Bei den Chinolonen existieren trotz grosser Hemmhofdurchmesser bei EUSAST keine «sensiblen» Werte mehr, sondern nur noch «empfindlich bei hoher Dosierung». Die Angabe 'sensibel' ergab deshalb nur die Hälfte der Punktezahl.

Penicillin und Ampicillin waren ebenfalls sensibel und hatten einen auslaufenden Hemmhof. Das Schweizerische Antibiogramm Komitee (SAC) hat vor Jahren beschlossen, dass wir in Abweichung von EUCAST für Koagulase-negative Staphylokokken weiterhin Penicillin und Ampicillin mit dem Blättchentest austesten und die Grenzwerte von *Staphylococcus aureus* anwenden. Wir werden diesen Sachverhalt im SAC noch einmal thematisieren.

Für Ceftriaxon haben wir die Angabe von 'sensibel' und 'i' (entspricht sensibel bei erhöhter Dosierung) als korrekt bewertet. Laut EUCAST sollen Cefotaxim und Ceftriaxon bei Methicillinempfindlichen Staphylokokken als sensibel bei erhöhter Dosierung (increased exposure) angegeben werden.

Seit EUCAST 2020 sollte bei *Staphylococcus pseudintermedius* und *Staphylococcus schleiferi* zur Diagnose einer Methicillin-Resistenz Oxacillin 1µg anstelle von Cefoxitin als Screening verwendet werden. Die Breakpoints für Oxacillin 1µg liegen bei  $\geq 20$ mm (sensibel) und  $< 20$ mm (resistent).

Fosfomycin und Vancomycin müssen mittels MHK getestet werden.

Unser Stamm besitzt – trotz Resistenz gegenüber Erythromycin - keine induzierbare MLS-Resistenz, welche mit einem Antagonismus zwischen Erythromycin und Clindamycin (Abflachung des Hemmhofes von Clindamycin auf der Seite gegenüber von Erythromycin) sichtbar wäre. Viele Teilnehmer haben korrekt 'MLS nein' angekreuzt. Keine Angabe oder 'MLS ja' wurden mit einem Abzug bewertet.

Bitte kreuzen Sie in Zukunft auch die Abwesenheit der induzierbaren oder konstitutiven MLS – Resistenz an. Im vorliegenden Fall mit einer Erythromycin-Resistenz, welche nicht auf dem MLS-Mechanismus beruht, sollte die Information der fehlenden induzierbaren MLS-Resistenz auf dem Bericht an den Arzt ersichtlich sein, da Clindamycin weiterhin eine therapeutische Option sein könnte.

Bei der MLS-Resistenz können die MLS-Antibiotika (MLS<sub>B</sub> = Makrolide, Lincosamide, Streptogramin B) nicht mehr an die 23S-Untereinheit der Ribosomen binden, weil das *erm*-Gen die 23S rRNA methyliert; bei der induzierbaren MLS-Resistenz allerdings erst nach Induktion durch Makrolide. Clindamycin induziert die MLS-Resistenz zwar nicht, aber die induzierbare MLS-Resistenz kann durch eine zusätzliche Mutation im Regulatorteil des *erm*-Gens konstitutiv werden, so dass die Methylase auch ohne Induktion wirksam ist.

Bei Vorhandensein einer induzierbaren MLS-Resistenz sollte Clindamycin gemäss EUCAST resistent gesetzt werden, aber mit dem Hinweis auf dem Bericht, dass eine kurzfristige Therapie von unkritischen Haut- und Weichteilinfektionen doch möglich sei, weil das Auftreten einer konstitutiven MLS-Resistenz bei Vorliegen einer induzierbaren MLS-Resistenz bei einer kurzfristigen Therapie unwahrscheinlich ist.

Identifikation	Anzahl
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	57

**Probe C: Blutkultur / Neutropenie**

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

*Clostridium tertium* wächst – trotz des Namens – auch aerob und kommt typischerweise im Blut von Patienten mit hämatologisch-onkologischen Krankheiten vor. Es kann die Ursache für neutropenische Enterocolitis darstellen.

*Lactobacillus* species kann eine typische Fehldiagnose sein; die starke Gasbildung von *C. tertium* wie auch dessen gute Beweglichkeit erlauben die Unterscheidung. Die Diagnose Neutropenie sollte den Mikrobiologen an *C. tertium* denken lassen. Von *Clostridium difficile* ist *C. tertium* durch die Koloniemorphologie und den Geruch zu unterscheiden. *C. difficile* besitzt den typischen Geruch nach Pferdemist und bildet grössere Kolonien.

*C. tertium* zeigte eine Ansäuerung des ganzen TSI-Röhrchens (Gruppe 1); folgende Zucker wurden fermentiert: Glucose, Saccharose, Maltose, Xylose, Mannose, Fructose. Aeskulin und Nitrat waren positiv; die Katalase, Urease und der CAMP-Test waren negativ. Es war eine Gasbildung vorhanden und die Beweglichkeit war positiv (trüb im MIO-Röhrchen).

*C. tertium* ist in der Datenbank von Api Coryne nicht enthalten, weshalb dort auch kein gutes Resultat zu erwarten war; in den Datenbanken der anaeroben Systeme Rapid ID 32A und Api 20A ist *C. tertium* enthalten. Die Identifizierung mittels MALDI-TOF gelang problemlos.

Identifikation	Anzahl
<i>Clostridium tertium</i>	52
<i>Clostridium difficile</i>	2
<i>Sphingomonas paucimobilis</i>	1
Gram-negative Stäbchen	1
Gram-positive Stäbchen	1

**Probe D: Blutkultur / Endocarditis**  
**Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies)**

*Cardiobacterium hominis* kann neben *C. valvarum* ein Erreger der HACEK-Endocarditis sein. *C. hominis* konnte selten auch schon aus anderen Materialien isoliert werden. Ist *C. valvarum* der Erreger einer Endocarditis, so ist der Ursprung der Infektion meistens odontogen.

*Cardiobacterium* spp. wächst auf Schafblutagar sehr pleomorph. Auf Kochblutagar ist die Koloniemorphologie hingegen etwas homogener. Es handelt sich um Gram-negative Stäbchen, welche Katalase negativ, Oxidase und Indol positiv sind. Beim Gram-Präparat aus der Blutkultur kann man die Gram-negativen Stäbchen oft als Rosetten erkennen.

Mittels MALDI-TOF konnte eine Identifikation auf Genusebene erzielt werden. *C. hominis* ist in der Datenbank von VITEK2 ID-NH enthalten. Die Sequenzierung unseres Stammes ergab mit 1/584 Mismatches eine 99.8%ige Identifikation von *C. hominis*.

Durch die Empfindlichkeit für viele Antibiotika kann *C. hominis* gut behandelt werden.

Identifikation	Anzahl
<i>Cardiobacterium hominis</i>	49
<i>Cardiobacterium hominis/valvarum</i>	1
HACEK Gruppe	1
<i>Methylobacterium</i> species	1
<i>Sphingomonas paucimobilis</i>	2
Gram-negative Stäbchen	3


**Probe E: Mittelstrahlurin / HWI**  
**Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies)**

Die Diagnose *Corynebacterium phoceense* konnte nur mittels Sequenzierung gestellt werden. Die Analyse ergab mit 0/734 Mismatches eine 100%ige Wahrscheinlichkeit der Identifikation. *C. phoceense* ist weder in der Datenbank von VITEK2 noch in jener von ApiCoryne. MALDI-TOF erzielt eine Identifikation auf Genusebene. Die Beschreibung finden Sie unter diesem Link: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2052297516300919?via%3Dihub> oder: Cresci M. et al. 2016. *Corynebacterium phoceense* sp. nov., strain MC1<sup>T</sup> a new bacterial species isolated from human urine. *New Microbes and New Infections* 14:73-82.

Unser Stamm war Katalase, Aeskulin und Nitrit (schwach) positiv. Glucose, Saccharose, Maltose und Fructose wurden fermentiert. TSI zeigte die Gruppe 1 Fermentation. *C. phoceense* wurde erstmals im Urin eines nierentransplantierten Patienten in Marseille (Phoceen ist der alte lateinische Name der Stadt Marseille) isoliert. Wir konnten inzwischen auch ein Isolat aus dem Vaginalabstrich isolieren. Wir wollten Ihnen dieses Corynebakterium vorstellen, obwohl wir nicht wissen, wie oft dieses isoliert wird und ob es pathogen ist.

Identifikation	Anzahl
<i>Corynebacterium phoceense</i>	19
<i>Corynebacterium glucuronolyticum</i>	1
<i>Corynebacterium minutissimum</i>	1
<i>Corynebacterium striatum</i>	1
<i>Corynebacterium tuberculostearicum</i>	1
<i>Corynebacterium</i> species	23
<i>Dietzia cinnamomea</i>	1
<i>Kocuria kristinae</i>	5
Coryneforme Bakterien	1
Gram-positive Stäbchen	4

Mit freundlichen Grüßen

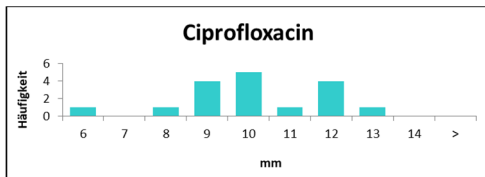
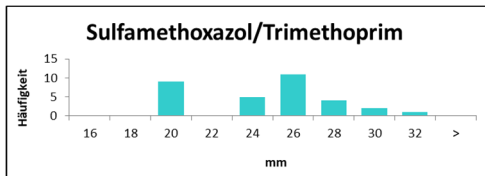
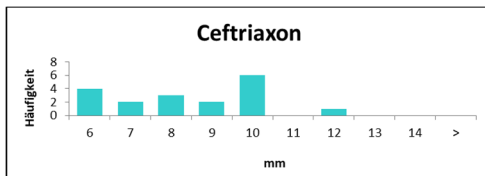
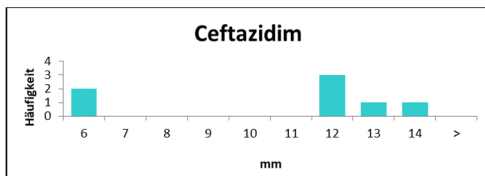
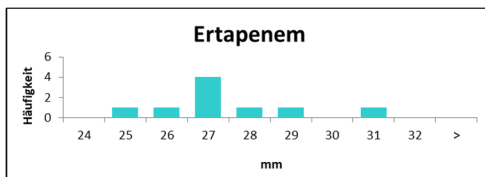
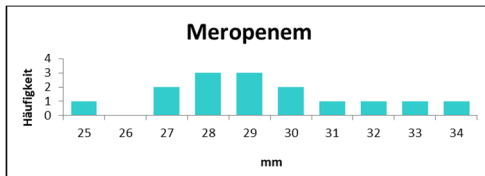
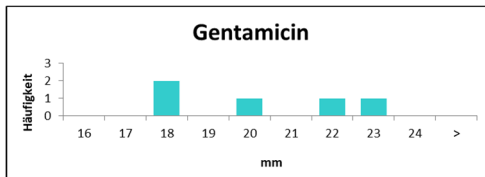
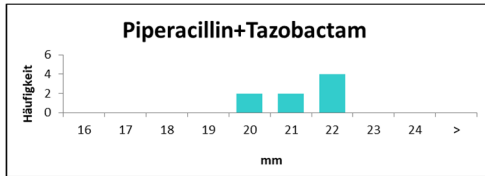
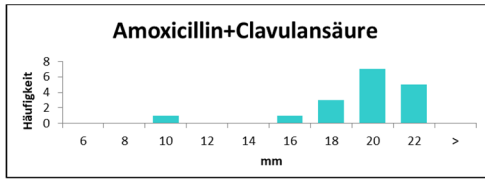


Prof. Dr. R. Zbinden



F.S. Hufschmid-Lim

**Resistenzprüfung Probe A**



**Resistenzprüfung Probe B**

