



## Kommentar zum Ringversuch B9 Mikrobiologie 2022-1

**Probe A:                    Tiefer Wundabstrich / Wundinfektion**  
**Anforderung:            Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies) + Resistenzprüfung**

Der in diesem tiefen Wundabstrich bei Wundinfektion isolierte *Staphylococcus aureus* konnte von allen Teilnehmern identifiziert werden.

*S. aureus* zeigte eine induzierbare Makrolid/Lincosamid/Streptogamin (MLS)-Resistenz; Makrolide sind unwirksam. Clindamycin zeigte einen empfindlichen Hemmhof, aber einen Antagonismus (induzierbare MLS-Resistenz) auf der Seite des Makrolids. Gemäss EUCAST muss aber Clindamycin resistent berichtet werden, allenfalls mit dem Hinweis, dass Clindamycin für eine Kurzzeit-Therapie von leichten Haut- und Weichteilinfektionen wirksam sein kann. Wir haben bei Clindamycin die Angabe empfindlich auch akzeptiert, weil ja bereits bei fehlender Angabe des MLS-Mechanismus ein Abzug erfolgt ist.

Bei unserem Stamm handelte es sich ausserdem um einen Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA). Viele Teilnehmer konnten die Diagnose 'MRSA' leider nicht stellen und hatten dadurch bei der Angabe empfindlicher Beta-Laktam-Antibiotika einen Folgefehler. Aus diesem Grund haben wir bei dieser Antibiotika-Gruppe alle Resultate akzeptiert, damit nur einmal ein Abzug erfolgte, wenn MRSA nicht angegeben wurde. Der Stamm, welchen wir von einem Privatlabor erhalten haben, war Beta-Laktamase negativ und Penicillin zeigte einen „sensiblen“ Hemmdurchmesser (26mm, auslaufender Hof). Oxacillin war sensibel (26mm und MHK 0.75mg/l), jedoch Cefoxitin mit 19 mm resistent. Die Angabe von Oxacillin ist nur bei *Staphylococcus pseudintermedius*, *Staphylococcus schleiferi* und *Staphylococcus coagulans* vorgesehen. Für *S. aureus* wird Cefoxitin für das MRSA-Screening verwendet.

Die Agglutination für PBP2' war positiv. Unser Stamm besitzt das *mecA*-Gen, weshalb alle Beta-Laktam-Antibiotika (mit Ausnahme der 5-Generation-Cephalosporine Ceftarolin und Ceftobiprol) als 'resistent' berichtet werden müssen. Die Angabe der Resistenzmechanismen MLS und MRSA musste zwingend erfolgen, um die volle Punktzahl zu erreichen.

Norfloxacin kann für das Screening der Chinolone verwendet werden. Ist es sensibel, so bedeutet dies für Ciprofloxacin und Levofloxacin, dass sie als 'sensibel bei erhöhter Dosierung' bewertet werden. Moxifloxacin war bei unserem Stamm sensibel.

| Identifikation               | Anzahl |
|------------------------------|--------|
| <i>Staphylococcus aureus</i> | 57     |

**Probe B:                    Dauerkatheterurin / Harnwegsinfekt**  
**Anforderung:            Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies) + Resistenzprüfung**

*Citrobacter amalonaticus* war der gesuchte Erreger aus diesem Dauerkatheterurin bei Harnwegsinfekt. Die Diagnose ist den meisten Teilnehmern gelungen. Alle angegebenen *Citrobacter* species erzielten die volle Punktzahl.

Unser Stamm besitzt eine Extended-Spectrum Beta-Lactamase (ESBL) vom Typ CTX-M. Eine Synergie bestand auf Müller-Hinton-Agar mit der Differenz von  $\geq 5$ mm im Hemmhofdurchmesser zwischen Ceftazidim mit/ohne Clavulansäure sowie zwischen Cefotaxim mit/ohne Clavulansäure.

Die typische ESBL-Synergie war zwischen Amoxicillin+Clavulansäure/Cefepim und zwischen Amoxicillin+Clavulansäure/Ceftriaxon schwach erkennbar.

Zu beachten ist, dass *C. amalonaticus* im Gegensatz zu *Citrobacter freundii* nicht im Besitz des chromosomalen induzierbaren *ampC*-Gens ist, weshalb die Angabe von AmpC einen Abzug zur Folge hatte.

Nitrofurantoin wurde nicht bewertet, da die EUCAST-Grenzwerte nur für unkomplizierte Harnwegsinfektionen mit *Escherichia coli* bestimmt sind.

| Identifikation                         | Anzahl |
|--|--------|
| <i>Citrobacter amalonaticus</i>        | 53     |
| <i>Citrobacter koseri</i>              | 1      |
| <i>Citrobacter koseri/amalonaticus</i> | 1      |
| <i>Pasteurella multocida</i>           | 1      |
| <i>Serratia marcescens</i>             | 1      |

**Probe C: Sputum / Respiratorischer Infekt**  
**Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies)**

Es handelte sich um einen Stamm von *Moraxella* (früher *Branhamella*) *catarrhalis*, die bei respiratorischen Infekten, häufig bei COPD, isoliert wird. Erwachsene sind zu 1-5% kolonisiert. Die Kolonisation bei Kleinkindern hingegen beträgt bis zu 75%. Das klinische Bild einer Infektion ist meist eine Tracheobronchitis, aus der sich aber eine Pneumonie und sogar eine Bakteriämie entwickeln kann.

Die Diagnose wurde von fast allen Teilnehmern korrekt gestellt. Im API NH ergab sich eine Wahrscheinlichkeit von 99.9% mit T = 1.0 für *M. catarrhalis*; der MALDI-TOF-Score (Bruker) war 2.37 für *M. catarrhalis*.

Mikroskopisch zeigt sich *M. catarrhalis* mit intra- und extrazellulären, in der Regel grossen Gram-negativen Diplokokken, die manchmal der Entfärbung widerstehen und sich dann als Gram-positive Diplokokken zeigen können.

Die Kolonien sind grauweiss, anhaemolytisch, rund und lassen sich mit einer Öse auf dem Agar verschieben. Katalase, Oxidase, DNase sowie Nitrat- und Nitritreduktion sind positiv. Aus Zuckern werden keine Säuren gebildet. Die Nitritreduktion unterscheidet *M. catarrhalis* von anderen Moraxellen. Auf Thayer-Martin-Agar zeigt sich kein Wachstum.

Eine Resistenztestung ist nicht immer notwendig. Die meisten Stämme sind Beta-Laktamase (BRO-1 und BRO-2) positiv, so dass Ampicillin und Amoxicillin resistent sind. Gemäss EUCAST sollen Penicilline und Aminopenicilline ohne Testung der Beta-Laktamase resistent angegeben werden, weil die *in vitro* Testung der Beta-Laktamase unzuverlässig sei. Wir werden dies im Schweizerischen Antibiogramm-Komitee besprechen. Die Testung kann an sich mittels Nitrocefin erfolgen; unser Stamm war Beta-Laktamase negativ.

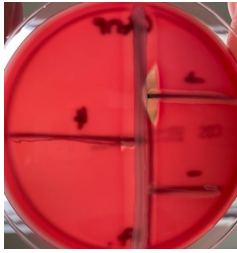
| Identifikation               | Anzahl |
|------------------------------|--------|
| <i>Moraxella catarrhalis</i> | 55     |
| Gram-negative Kokken         | 2      |

**Probe D: Ohrabstrich / Mittelohrentzündung**  
**Anforderung: Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies)**

In dieser Probe konnte *Turicella otitidis* isoliert werden. Die Diagnose wurde von fast allen Teilnehmern gestellt.

*T. otitidis* bildet im Gram-Präparat lange, unverzweigte Gram-positive Stäbchen. Sie hat einen oxidativen Stoffwechsel, ist unbeweglich, Katalase und CAMP positiv. Die Differenzierung mittels Api Coryne ist nicht eindeutig. Eine Unterscheidung zwischen *T. otitidis*, *Corynebacterium auris* und *Corynebacterium afermentans* kann aber auf der Grundlage relativ einfacher morphologischer und metabolischer Merkmale getroffen werden.

Bei unserem Stamm war es unerlässlich, beim Ansatz des CAMP, den Impfstich möglichst nah an *Staphylococcus aureus* zu setzen, da die Verstärkung der Hämolyse bei zu grossem Abstand nur ganz schwach sichtbar war.

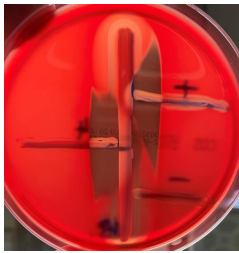


senkrecht: Impfstrich mit *Staphylococcus aureus*

rechts oben: positive Kontrolle mit *Streptococcus agalactiae*

rechts unten: negative Kontrolle mit *Enterococcus faecalis*

links: unser Stamm mit sehr schwacher Hämolyse-Verstärkung



senkrecht, rechts oben/unten: wie im ersten Bild

links: unser Stamm mit näherem Impfstrich, eine deutliche Hämolyse-Verstärkung ist sichtbar

Mittels MALDI-TOF (Bruker) konnte *T. otitidis* gut identifiziert werden. In der CTA-Bio zeigt *T. otitidis* bei keinem Zucker Säurebildung.

Im Jahr 2014 schrieben Professor em. Dr. A. von Graevenitz und Professor Dr. G. Funke über *T. otitidis* und *C. auris* eine Übersicht der letzten 20 Jahre.

<https://link.springer.com/article/10.1007/s15010-013-0488-x>

*T. otitidis* wird oft aus Ohrabstrichen (Aussenohr) und bei Otitis media isoliert. Der Genusname *Turicella* stammt von Turicum ab, dem neueren lateinischen Namen für Zürich, wo 1994 die ersten Isolate beschrieben wurden.

| Identifikation            | Anzahl |
|---------------------------|--------|
| <i>Turicella otitidis</i> | 55     |
| Gram-positive Stäbchen    | 2      |

**Probe E:** Blutkultur / Sepsis mit Frage nach ESBL  
**Anforderung:** Potentiell pathogene Bakterien (Genus + Spezies)

Die in unserer Probe einer Blutkultur bei Sepsis enthaltene *Shigella sonnei* konnte nur schwer identifiziert werden. Dies liegt womöglich daran, dass *S. sonnei* durch MALDI-TOF als *Escherichia coli* identifiziert wird. Die Lactose negativen Kolonien auf MacConkey-Agar sollten aber weitere Abklärungen folgen lassen. Mittels Api20E und Vitek2 konnte die Diagnose gut gestellt werden.

Bei unserem Stamm handelte es sich um einen ESBL-Bildner. Dies war an den typischen ESBL-Phänomenen zwischen Amoxicillin+Clavulansäure/Cefepim und zwischen Amoxicillin+Clavulansäure/Ceftriaxon deutlich erkennbar.

**Anzahl**

| Identifikation          | Anzahl |
|-------------------------|--------|
| <i>Shigella sonnei</i>  | 24     |
| <i>Shigella species</i> | 1      |
| <i>Escherichia coli</i> | 31     |
| Keine Angabe            | 1      |

Mit freundlichen Grüßen

Prof. Dr. R. Zbinden

F.S. Hufschmid-Lim

