

# Le Spectromètre de masse « Mauditof MS » :

## Intérêt dans l'identification bactérienne au

### Service de Microbiologie de l'HPD



**Fall B<sup>1</sup>**; Ba Samb B<sup>1</sup>; Diawara S<sup>1</sup>; Geye M W<sup>1</sup>; Ndiaye K S<sup>1</sup>; Sokhna C. S<sup>2</sup> ;  
Fenollar F<sup>2</sup> ; Dieme Y<sup>1</sup>; Mbaye E<sup>3</sup>; Wade B<sup>3</sup> & Raoult D<sup>2</sup>

1- Fédération des Laboratoires    2- URMITE-IRD    3- Direction

# Introduction :



- ✦ Processus renforcement plateau technique et développement Recherche =>
- ✦ HPD → Collaborations scientifiques  
(URMITE, IRD, Méditerranée Infections, Pharo)
- ✦ Après Labo Chimiorésistance Plasmodium  
=> MALDI TOF (depuis Juillet 2012)
- ✦ Révolution technique utile → Identification pathogènes  
( bactéries, virus, champignons, arthropodes)
- ✦ Seul spécimen disponible → sous-région



# Objectifs :

- ✦ Décrire principales caractéristiques techniques plateforme
- ✦ Expérience accumulée après 9 mois utilisation



Le spectromètre de masse MALDI-TOF

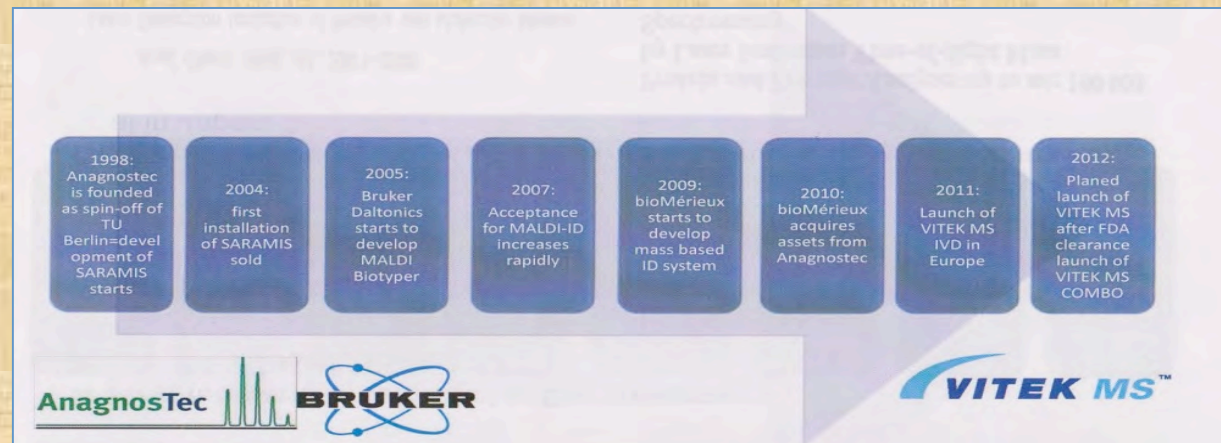


# Définition :

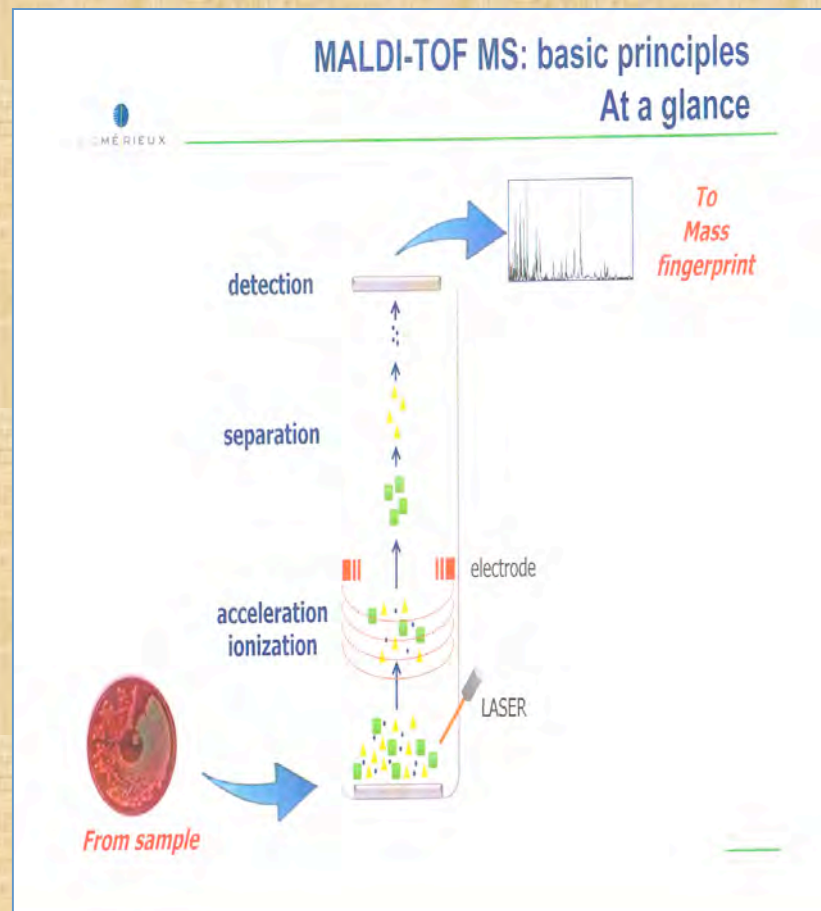
✦ MALDITOF MS= **M**atrix **A**ssisted **L**aser **D**esorption/**I**onization **T**ime **O**f **F**light **M**ass

Spectrometry

✦ Identification par mesure composition moléculaire pathogènes étudiés.



# Principe :



- \* Eclatement agent pathogène par rayons laser puissants
- \* Ionisation molécules produite avec matrice
- \* Accélération ions produits / champs électrique puissant
- \* Vitesse déplacement (TOF) fonction masse molécules
- \* Formation spectre dont chaque pic → masse ion donné
- \* Spectre confronté avec base de données spectres connus  
(> 40000 spectres)
- \* Identification précise pathogène avec taux concordance  
(généralement > 99%)

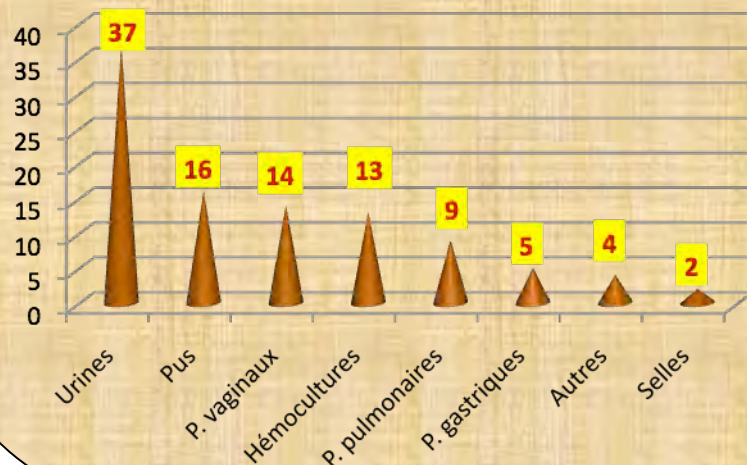
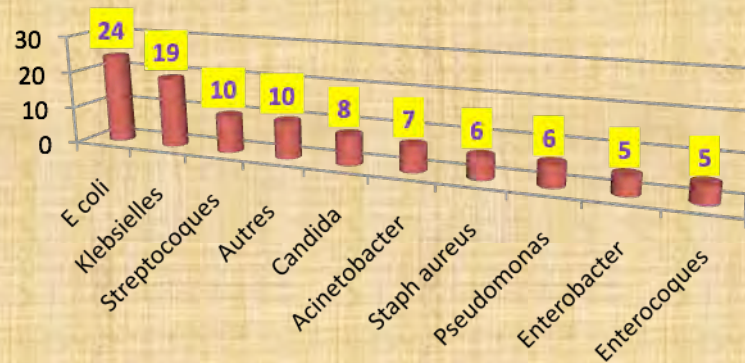




# Après 9 mois à HPD :

✳ Juillet 2012 – Mars 2013

Frequence d'isolement (en %)



- 1931 souches identifiées en routine (bactéries +++, champignons)

- Envoi souches particulières :

→ « **No matches** » :

- nouvelles découvertes potentielles !

- Examens plus spécialisés (Biomol+++)

→ Souches rares :





# Envoi souches & No Matches :

✱ 207 souches envoyées dont 13 « No Matches »

✱ 4 souches inhabituelles après confirmation:

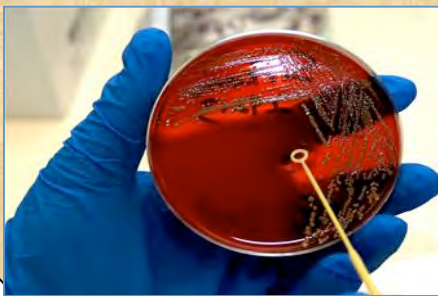
→ *Kytococcus schroeteri*

(Absès ORL récidivant avec ATB sensible!)

→ *Exiguobacterium aurantiacum*

→ *Exiguobacterium profundum*

→ *Bacillus nealsonii*



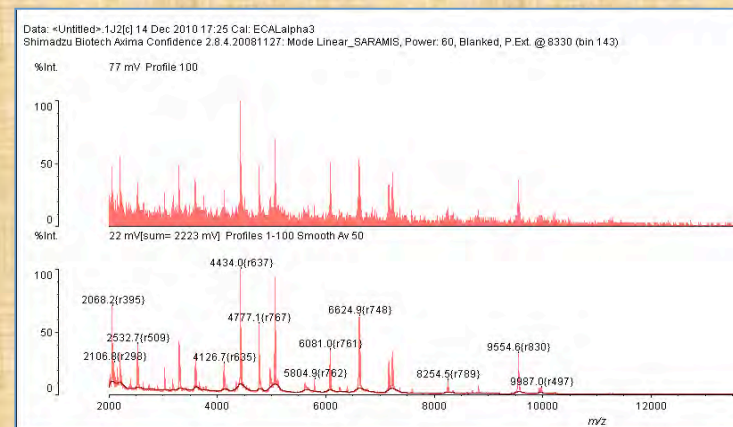


# Envoi souches & No Matches :

API	LAB ID	Identification Dakar (Saramis)	Identification Marseille (Bruker microflex)	=> Conclusion Marseille	Identification bioMérieux VITEK MS VD	=> Conclusion bmx
1301080	DAKAR 0020	No match	<i>Kytococcus schroeteri</i>	<i>Kytococcus schroeteri</i>	<i>Kytococcus sedentarius</i>	<i>Kytococcus schroeteri</i> (seq)
1301121	DAKAR 0007	No match	<i>Acinetobacter baumannii</i>	nx spectre/comparer à Dakar?	<i>Acinetobacter baumannii</i>	<i>Acinetobacter baumannii</i>
13 02 297	DAKAR 0015	No match	Not reliable identification	<i>R. mucilaginosa</i> PCR 16S:AP011540.1 (99,14%)	<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia mucilaginosa</i>
13 02 298	DAKAR 0016	No match	<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	<i>C. aurimucosum</i> PCR 16S:CP001601.1 (99,4%)	<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	<i>Corynebacterium aurimucosum</i>
13 02 299	DAKAR 0021	No match	Not reliable identification	<i>Staph. Arlettae</i> PCR 16S:NR_024664.1 (99,8%)	<i>Staph.arlettae</i>	<i>Staph.arlettae</i>
13 02 303	DAKAR 0067	No match	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>
13 02 329	DAKAR 0094	No match	<i>Exiguobacterium aurantiacum</i>	<i>Exiguobacterium aurantiacum</i>	No identification (pas dans base de données)	<i>Exiguobacterium aurantiacum</i>
13 05 106	DAKAR 135	No match	<i>Bacillus anthracis</i>	<i>Bacillus cereus</i> PCR 16S:CP003187 (100%)	<i>Bacillus cereus/thuringensis/mycoides</i>	<i>Bacillus cereus</i>
13 05 120	DAKAR 150	No match	Not reliable identification	<i>Bacillus nealsonii</i> PCR 16S:JN644556 (99,80%)	No identification (pas dans base de données)	<i>Bacillus nealsonii</i>
13 05 137	DAKAR 167	No match	not reliable identification	<i>Exiguobacterium profundum</i> PCR 16S:JN644510 (99,78%)	No identification (pas dans base de données)	<i>Exiguobacterium profundum</i>
13 05 149	DAKAR 179	No match	<i>Bacillus flexus</i>	<i>Bacillus flexus</i>	<i>Proteus vulgaris/penneri-Cirto.werkmanii</i>	Morte
13 05 157	DAKAR 188	No match	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	<i>Acinetobacter lwoffii</i>
13 05 175	DAKAR 208	No match	<i>Paenibacillus barcinonensis</i>	<i>Paenibacillus amylolyticus</i> PCR 16S:KC355294 (99,93%)	<i>Paenibacillus pabuli/spp</i>	<i>Paenibacillus amylolyticus</i> ?? Séquence en cours
				5 ID OK/7 seq nécessaires/1?		
					7 id OK/ 4 not in KB/ 1 MORTE/ 1SEQ	

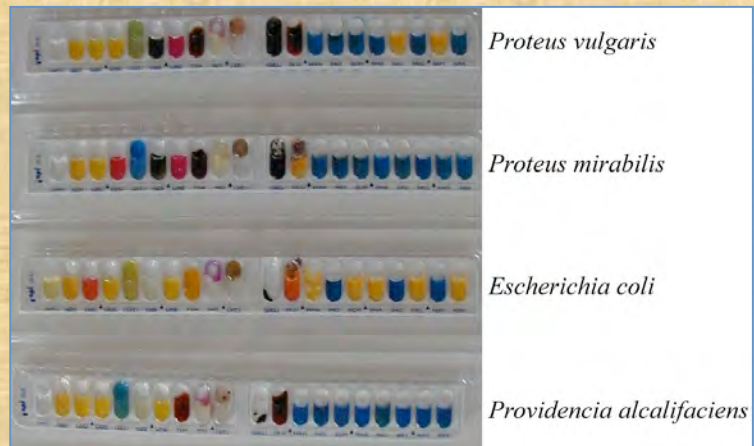
# Aspects techniques :

- ✦ En permanence sous tension et climatisation
- ✦ 2 pannes sérieuses ayant nécessité télémaintenance
- ✦ Quelques discontinuités électriques des Splits (redémarrage sans problème)
- ✦ Manipulations par Mme Ba, Dr Fall, Dr Diawara



# Avantages constatés :

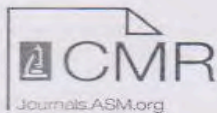
- ✦ **Rapidité & fiabilité d'identification** (Quelques mn Vs 24H)
- ✦ Réalisation plus ciblée ATB
- ✦ **Economie** en temps de travail et consommables
- ✦ Possibilité **découvertes nouvelles** (No matches+++)





# Perspectives:

- ✦ Identification **insectes vecteurs** de pathologies (IRD)
- ✦ Identification **colonies mycobactéries** (Tuberculose)
- ✦ Identification bactéries à partir **bouillons d'Hémoculture** suspects
- ✦ Identifications à partir **prélèvements d'origine** (urine, LCR...)
- ✦ **Détection des profils de résistance** selon spectre !



## Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight (MALDI-TOF) Mass Spectrometry for Detection of Antibiotic Resistance Mechanisms: from Research to Routine Diagnosis

Jaroslav Hrabák, Eva Chudáčková, Radka Walková

Department of Microbiology, Faculty of Medicine and University Hospital in Plzeň, Charles University in Prague, Plzeň, Czech Republic

# Conclusion:

## Spectromètre de masse MALDI-TOF

- ✦ **Méthode rapide & fiable** identification pathogènes d'intérêt médical
- ✦ **Economies substantielles** en temps et consommables
- ✦ Meilleure qualité et **délais de rendu résultats partiels**
- ✦ Prise en charge plus optimale patients
- ✦ Ouverture à la **Recherche** de pointe en Microbiologie

✦ **Invitation Collègues Chercheurs (UCAD, IPD...)**

**MERCI**

