

Porównanie metody konwencjonalnej z multiplex PCR w diagnostyce zakażeń krwi u pacjentów chorych na nowotwory złośliwe.

Anita Bzowska, Adriana Garleja, Nadia Chochlińska, Katarzyna Bojarska*, Agnieszka Vogel, Katarzyna Pietrzak, Jolanta Mrochem-Kwarciak

Zakład Analityki i Biochemii Klinicznej, Narodowy Instytut Onkologii im. MSC – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział Gliwice

Zakażenia krwi to poważny problem pacjentów onkologicznych narażonych na ryzyko ciężkich infekcji. Szybkie wykrycie przyczyny zakażenia oraz rozpoczęcie leczenia celowanego zwiększa skuteczność terapii i ogranicza selekcję wielolekoopornych szczepów. Uzyskanie wyniku dodatniego posiewu krwi metodą konwencjonalną wymaga min. 48h. Zastosowanie metod biologii molekularnej skraca ten czas do 2h.

Celem pracy była ocena przydatności metody multiplex PCR z wykorzystaniem panelu Blood Culture Identification 2 Panel (BCID2) w porównaniu z metodą hodowli mikrobiologicznej w diagnostyce zakażeń krwi u pacjentów chorych na nowotwory złośliwe.

Materiał do badań stanowiło 36 dodatnich posiewów krwi uzyskanych w okresie 01.01-10.11.2022r., opracowanych: konwencjonalnie oraz molekularnie z użyciem paneli BCID2. Identyfikację i lekowrażliwość wyhodowanych patogenów wykonano metodą automatyczną. Mechanizmy oporności wykryto metodą dyfuzyjno-krażkową na podłożu MH, a potwierdzono testem immunochromatograficznym.

Spośród 36 wyników, 2 wykluczono z analizy poprzez wyhodowanie drobnoustrojów niewchodzących w skład panelu. W badaniu multiplex PCR zidentyfikowano 100% patogenów, w 32,4% dodatkowo wykazano obecność mechanizmów oporności. W porównaniu z metodą konwencjonalną zgodność wyników panelu BCID2 uzyskano w 91,2%. Wyniki niezgodne z hodowlą stanowiły 8,8%. Spośród nich w 1 przypadku wykryto DNA patogenu bez jego wzrostu (2,9%), w 2 przypadkach oznaczono materiał genetyczny kilku patogenów, nie uzyskując wzrostu wszystkich w posiewie (5,9%).

Metoda multiplex PCR przyspiesza diagnostykę zakażeń krwi, pozwalając szybciej wdrożyć terapię celowaną. Ogranicza to stosowanie antybiotyków o szerokim spektrum i zmniejsza ryzyko selekcji szczepów wielolekoopornych. W przypadku drobnoustrojów niewchodzących w skład panelu niezbędne jest wykonanie posiewu i preparatu dodatniej butelki krwi. Ekspansywny wzrost dominującego patogenu może hamować lub maskować wzrost pozostałych, możliwych do wykrycia jedynie z zastosowaniem biologii molekularnej. Wydaje się, że diagnostyka molekularna to doskonałe uzupełnienie metody konwencjonalnej.