



Place de la spectrométrie de masse MALDI TOF dans le diagnostic microbiologique et apport de la technique à l'optimisation du flux de travail

M.Chadli*, G.Elmoussadeq, M.Benaïssa, Y.Benlahlou

Hôpital Militaire d'Instruction Mohamed V- Rabat, Maroc

33^{eme} Congrès National de la société Tunisienne de Pathologie Infectieuse

9-10-11 Mai 2024

Objectifs d'un laboratoire de bactériologie

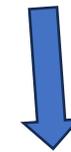
Prise en charge patient



Intervention service clinique/cliniciens/laboratoire de microbiologie



- Agent pathogène au site d'infection
- Sensibilité aux différentes molécules antimicrobiennes



- Adapter traitement probabiliste initié
- Limiter utilisation de molécules à large spectre



- Traitement antibiotique débuté précocement/adapté à la sensibilité
- Réduction morbidité/mortalité

Laboratoire microbiologie « gagner du temps »

Moyen le plus rapide et le moins couteux

Diagnostic bactériologique

Méthodes phénotypiques

- Caractères morphologiques et cultureux
- Tests biochimiques
- Identification de profils protéiques:
MALDI TOF

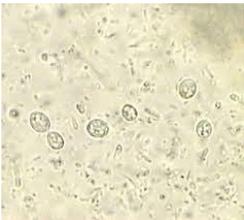
Méthodes génotypiques

- Amplification
- Séquençage des gènes codant pour
ARN 16 S
- *rpoB*, *sodA*....

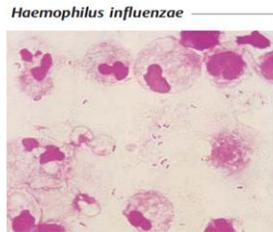
Identification bactérienne: caractères phénotypiques

Aspect microscopique

Etat frais



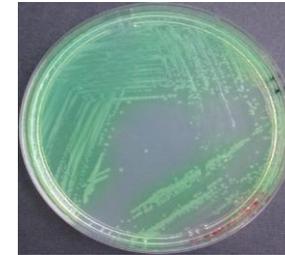
Colorations :
Gram/spéciales



Caractères cultureux



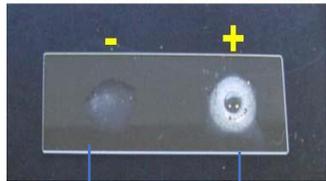
Aspect colonies



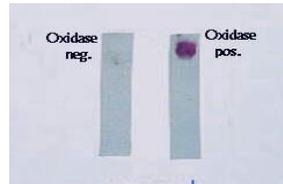
Identification bactérienne: caractères phénotypiques

Tests d'orientation

Catalase



Oxydase



Streptocoques

Staphylocoques

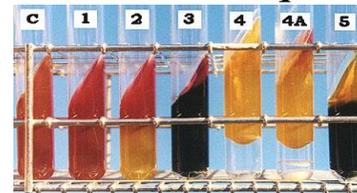
Entérobactéries

BGN non fermentaires

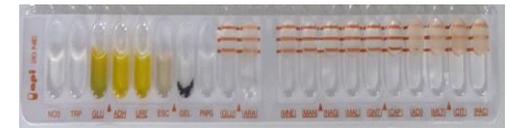
Tests biochimiques

Fermentation des sucres et activité enzymatique

Galleries classiques



Galleries Api



Identification automatisée



Bases de données

- Difficulté pour microorganismes fastidieux, croissance lente
- Résultats en 48 heures, 72 heures
- Pas de cohérence avec taxonomie microbiologique actuelle

Identification bactérienne : spectrométrie de masse

Technique MALDI TOF MS

Matrix **A**ssisted

Laser

Desorption **I**onization

Time of **F**light

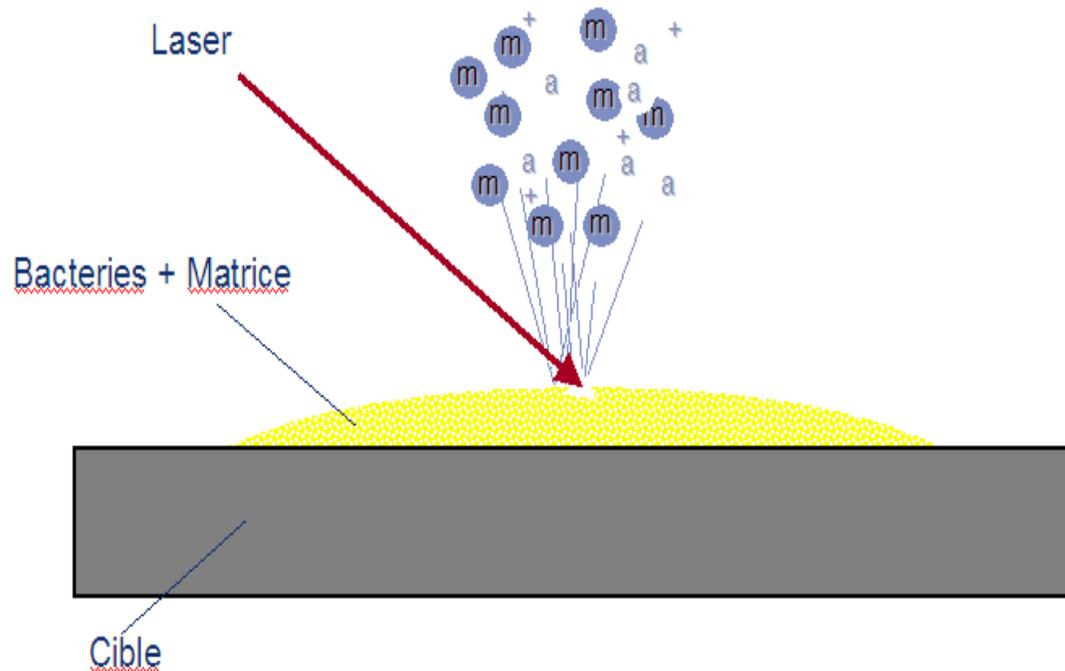
Mass **S**pectrometry

- Révolution technologique en microbiologie (depuis 2009)
- Performances supérieures aux techniques phénotypiques classiques
- Inoculum très faible
- Amélioration de la prise en charge des patients (résultat rapide antibiothérapie ciblée, préservation arsenal thérapeutique, lutte antibiorésistance)

MALDI-TOF MS : C'est quoi ? Comment ça marche ?

Principe : séparation en phase gazeuse de molécules bactériennes chargées (ions) en fonction de leur rapport Masse / Charge (m/z)

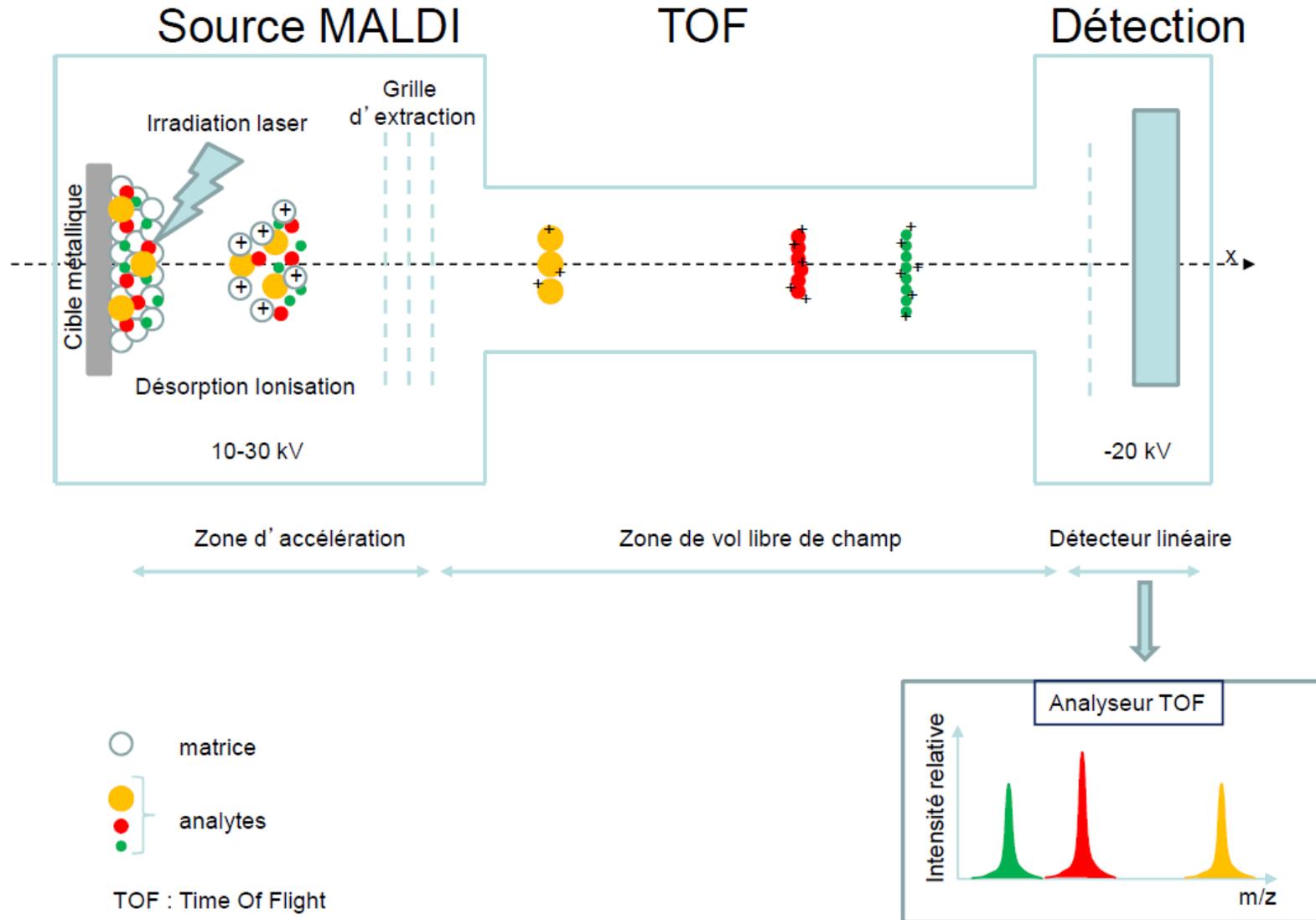
Préparation de la source d'ionisation



- L'échantillon est mélangé à de la matrice et séché sur la cible MALDI
- Un faisceau Laser ionise les molécules de la matrice
- Les molécules d'échantillon sont ionisés par transfert de protons à partir de la matrice

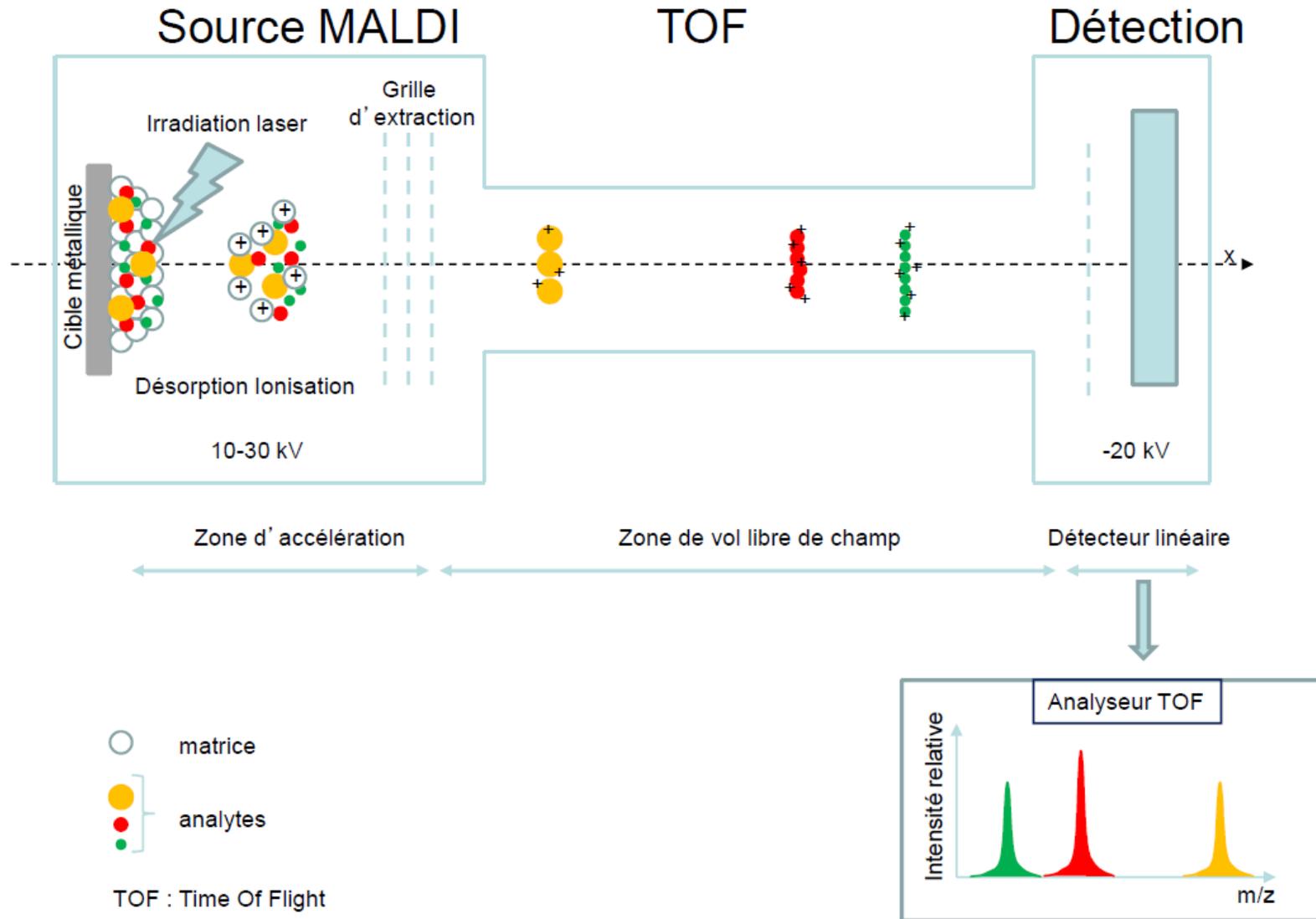


MALDI-TOF MS : C'est quoi ? Comment ça marche ?



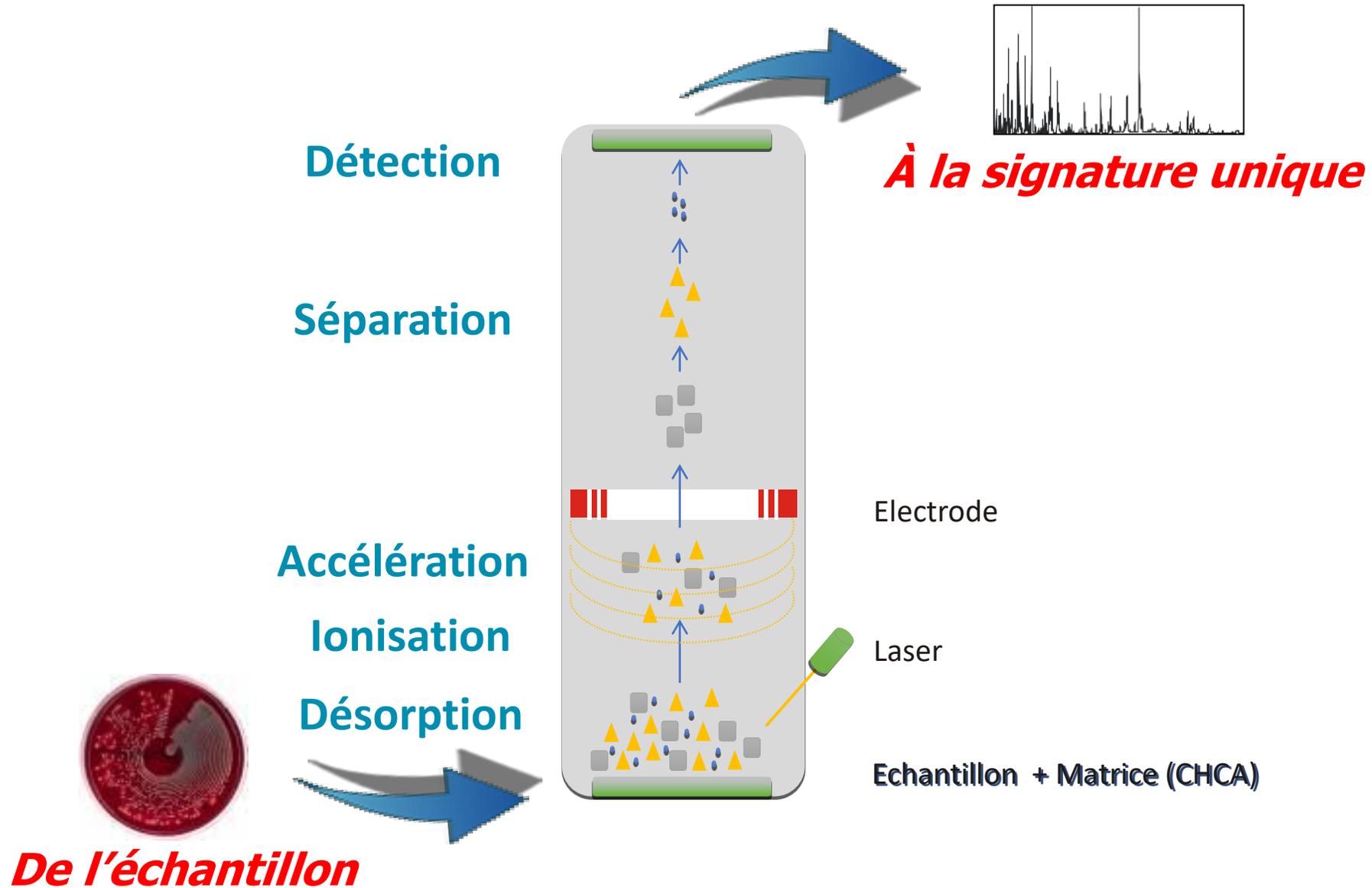
D'après les feuillets de Biologie
VOL N° 295 - JUILLET 2010

MALDI-TOF MS : C'est quoi ? Comment ça marche ?



D'après les feuillets de Biologie
VOL N° 295 - JUILLET 2010

MALDI-TOF MS : C'est quoi ? Comment ça marche ?



Que détecte le MALDI TOF ?

- **Composants cellulaires détectés ?**

Les protéines mais aussi les lipides et les polysaccharides

- **Protéines détectées ?**

Les protéines extractibles, solubles , modérément hydrophiliques, stables et abondantes

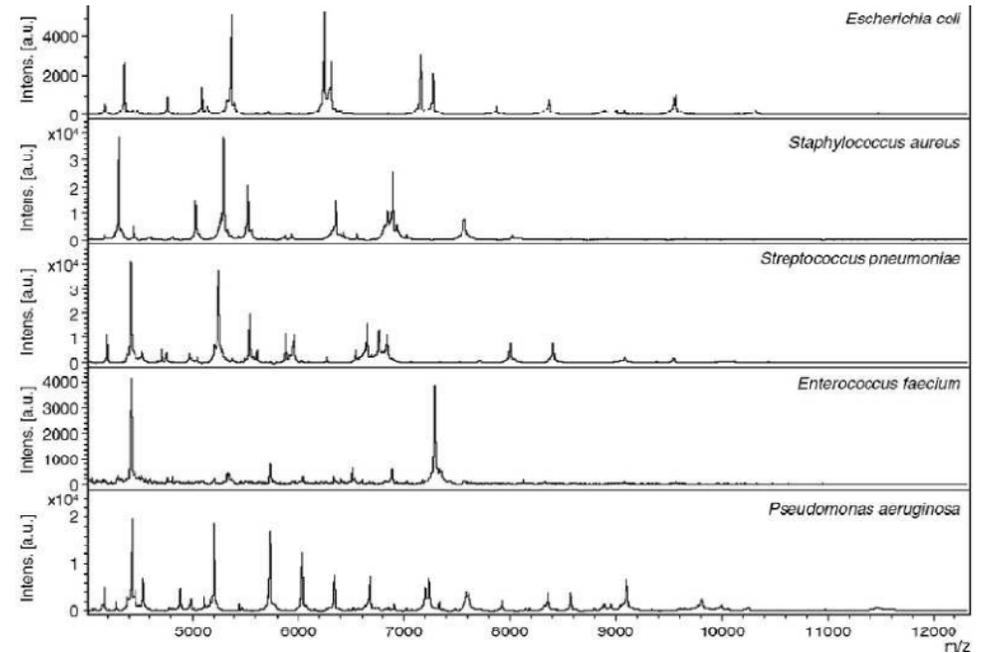
- **Intensité du signal :**

Un signal de haute intensité est favorisé par l'abondance de la protéine, sa stabilité et sa composition en acides aminés

Principe de l'identification

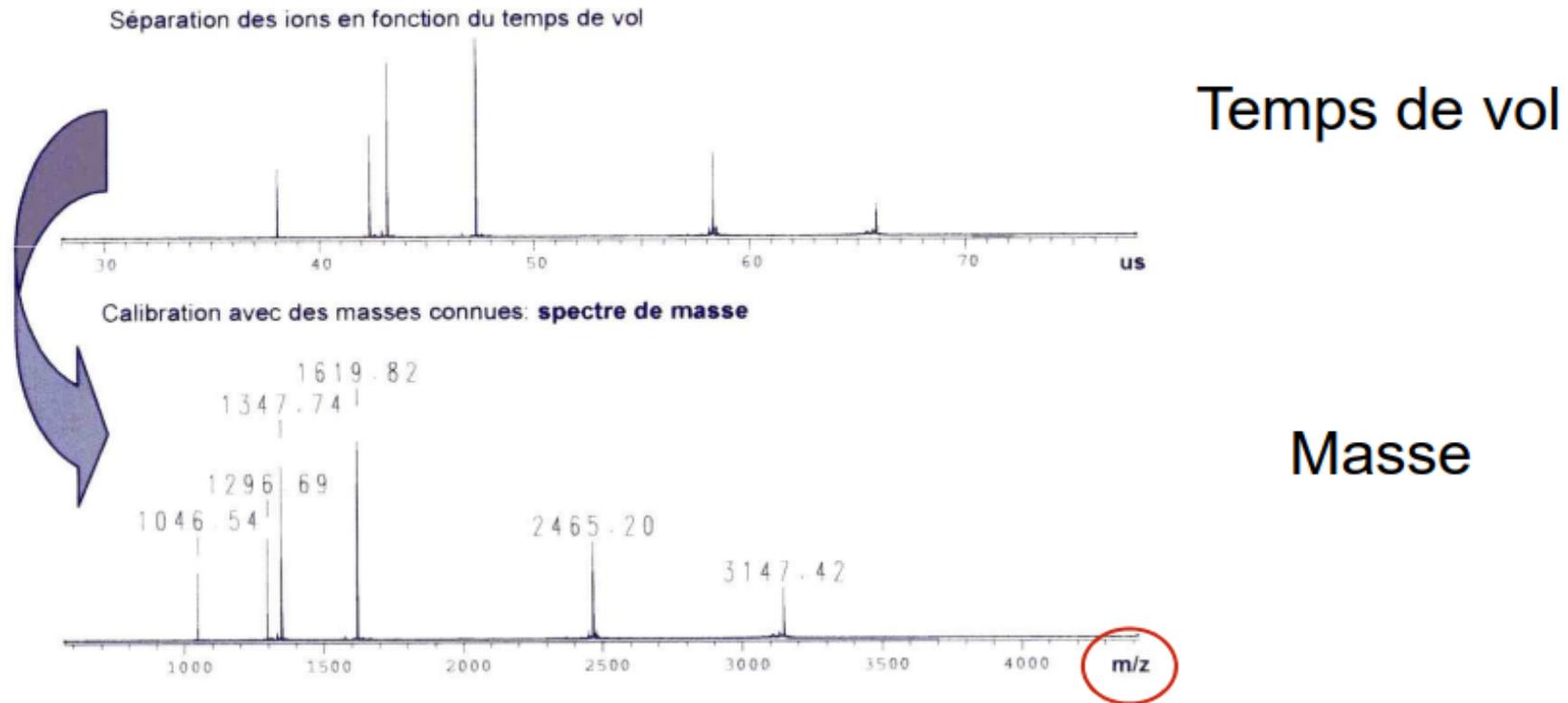
Détection de larges molécules (1000 – 300000 Da)

- Empreinte spectrale variable entre les microorganismes
- Spectres reproductibles
- Pics spécifiques de genre, d'espèce ou de sous-espèces



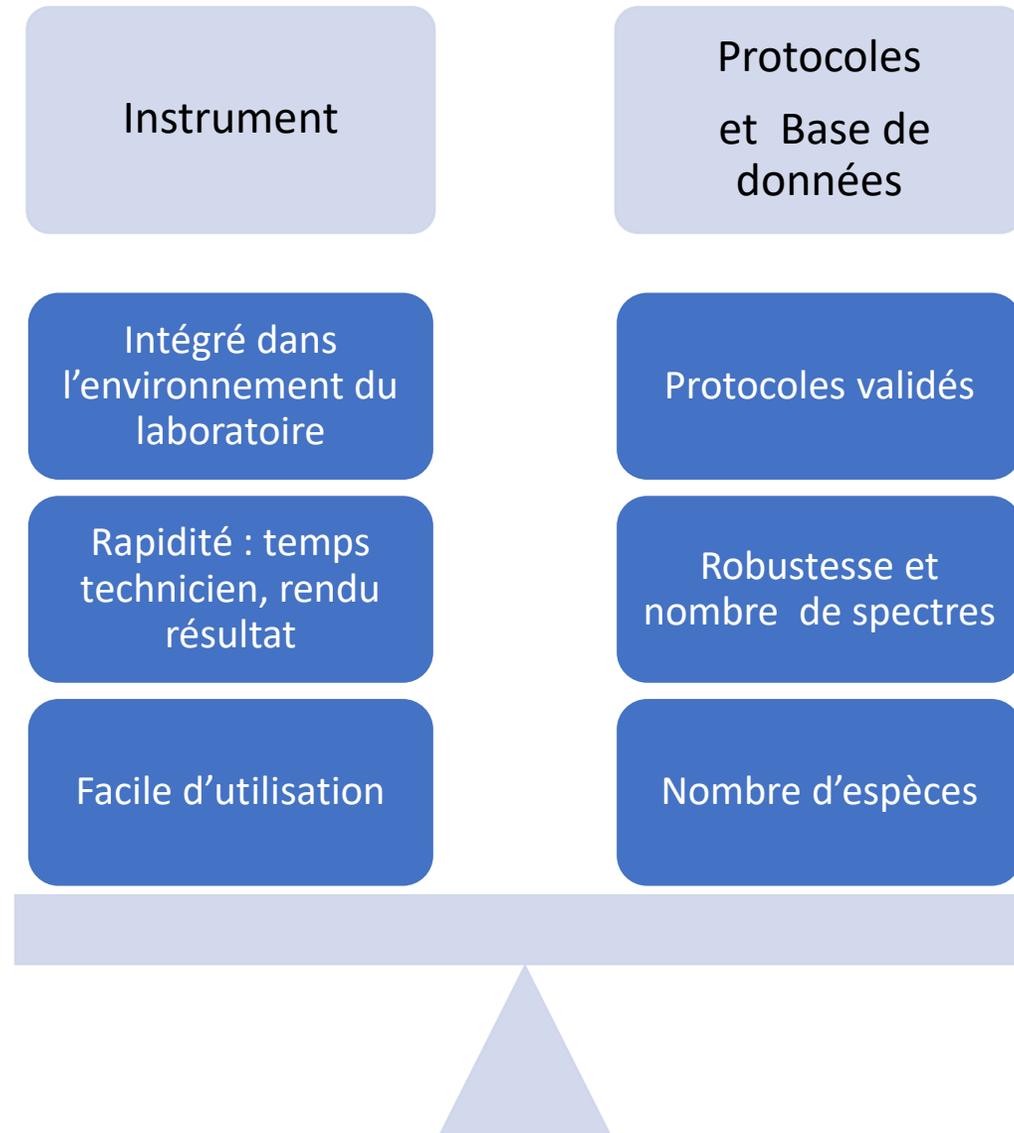
Le spectre obtenu en TOF est converti en spectre de masse par calibration avec des masses connues

Passage de l'échelle TEMPS à l'échelle MASSE



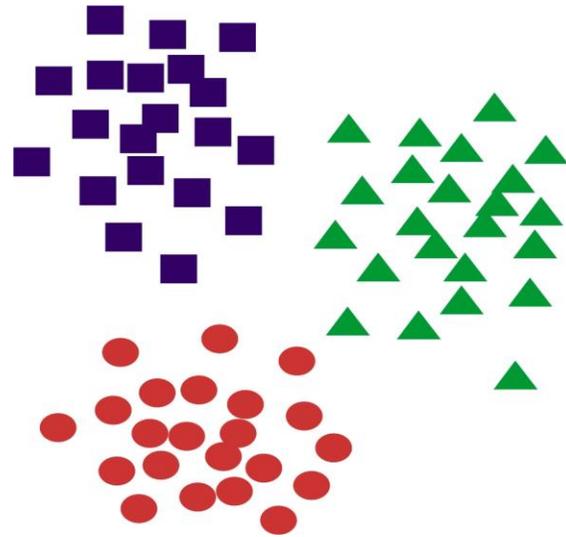
Le TOF de chaque molécule est caractéristique de cette molécule

Sur quelle base choisir une technologie MALDI TOF MS?



Concept base de données

● Basée sur la population



● Espèces représentées par des populations

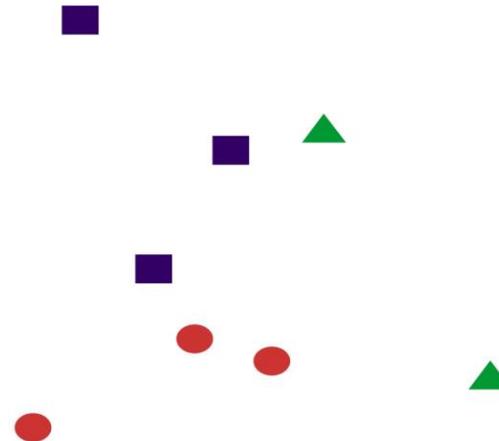


- Caractéristiques spécifiques d'espèces peuvent être révélées



- Beaucoup de souches de référence nécessaires.

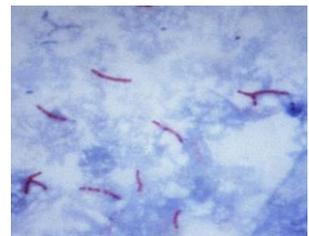
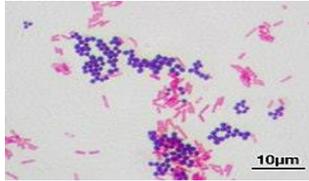
● Basée sur la souche



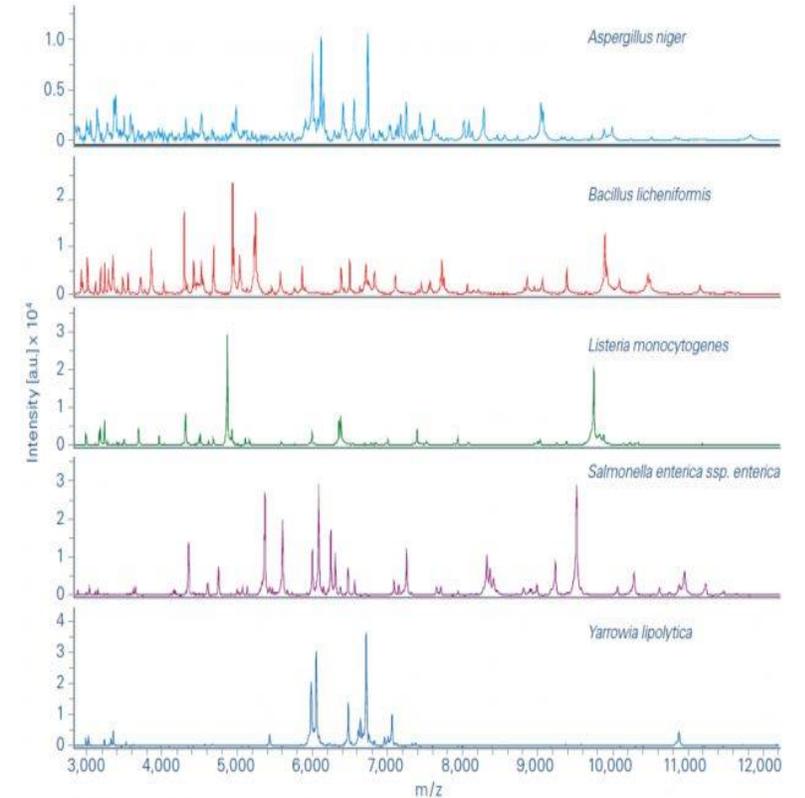
● Espèces représentées par des souches individuelles

- Construction rapide de la BDD
- Souches pas nécessairement représentatives de l'isolat.

Types de bibliothèques disponibles



MALDI
TOF MS



Performance technique MALDI TOF

Tableau 1. Etudes comparatives de MALDI-TOF/MS lors de l'identification de bactéries

Auteurs (années)	MALDI-TOF/MS	Comparaison	Bactéries	Exactitude
Moon et coll. (2013) ¹²	VITEK MS	Vitek 2	424 souches de <i>Staphylococcus</i> , <i>Streptococcus</i> , <i>Enterococcus</i>	Identification à l'espèce: 97,9%
Dubois et coll. (2012) ¹³	VITEK MS	Vitek 2	767 souches: 50 genres et 124 espèces	Identification à l'espèce: 86,7%
Bessède et coll. (2011) ⁹	Bruker Daltonik, Ultraflex III TOF/TOF	API, Phoenix	1013 souches, > 20 genres	Identification à l'espèce: 97,3% Identification au genre: 99%
Cherkaoui et coll. (2011) ¹⁶	Bruker Daltonik Microflex LT	Vitek 2	52 souches de <i>S. pyogenes</i> , 306 souches de <i>S. agalactiae</i> et 28 souches de <i>S. dysgalactiae</i>	Identification à l'espèce: 100%
Dupont et coll. (2010) ¹⁰	Bruker Daltonik Autoflex	Phoenix, Vitek	234 souches de <i>Staphylococcus coagulase négative</i> : 20 espèces	Identification: 93,2% Mauvaise identification: 1,7% Absence de résultat: 5,1%
Martiny et coll. (2010) ¹¹	Bruker Daltonik Microflex LT	API Campy	1689 souches de <i>Campylobacter</i> sp.	<i>Campylobacter jejuni</i> : 100% <i>Campylobacter coli</i> : 100%
van Veen et coll. (2010) ²⁷	Bruker Daltonik Microflex	Vitek, API	980 souches: 42 genres et 92 espèces (incluant <i>Enterobacteriaceae</i> , bactéries Gram négatif non fermentatives, coques Gram positif, bactéries anaérobies et levures)	Identification à l'espèce: 92% Identification au genre: 98,8%
Nagy et coll. (2009) ¹⁸	Bruker Daltonik Microflex LT ou Ultraflex TOF/TOF	API Rapid ID 32A, API20	277 souches de <i>Bacteroides</i> sp.	Identification correcte: 97,5%
Cherkaoui et coll. (2009) ⁶	Bruker Daltonik Microflex LT et Shimadzu	API et Vitek 2	720 isolats de 33 genres (incluant <i>Enterobacteriaceae</i> , bactéries Gram négatif non fermentatives, coques Gram positif et bactéries anaérobies)	Bruker: 680/720 souches (94,4%) Shimadzu: 639/720 (88,8%)
Friedrichs et coll. (2007) ¹⁹	Bruker Daltonik Autoflex	API Rapid ID 32 STREP	99 souches de <i>Streptococcus viridans</i>	Identification à l'espèce: 100%

Bonne intégration de la solution MALDI TOF MS dans le flux de travail d'un laboratoire de Microbiologie

Excellents taux d'identification des isolats **bactériens** de routine

Pourcentage d'identification correcte au niveau de l'espèce

Eur J Clin Microbiol Infect Dis, 2023 Nov; 42(11):1355-1363

A side-by-side comparison of the new VITEK MS PRIME and the MALDI Biotyper sirius in the clinical microbiology laboratory

[Philipp Thelen](#)^{1,2}, [Sandra Graeber](#)^{3,4}, [Erika Schmidt](#)⁴, [Axel Hamprecht](#)^{3,4}

Original Article
Clinical Microbiology

Ann Lab Med 2023;43:1-11
<https://doi.org/10.3343/alm.2023.43.6.1>
ISSN 2234-3806 eISSN 2234-3814

ANNALS OF
LABORATORY
MEDICINE

Comparison of the New VITEK MS PRIME System with the Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization Biotyper Microflex LT for the Identification of Microorganisms

Patrick Grohs , Ph.D.¹, Elodie Renaud , B.S.^{1,2}, Cybill Lath , B.S.¹, Kim Vuong , B.S.¹, Marie-Lize Parolini , B.S.¹, Eric Dannaoui , M.D., Ph.D.^{2,3}, and Isabelle Podglajen , Pharm., Ph.D.¹

¹Bacteriology Department, Microbiology Service, Assistance Publique-Hôpitaux de Paris, Hôpital Européen Georges Pompidou, Paris, France; ²Parasite and Mycology Department, Microbiology Service, Assistance Publique-Hôpitaux de Paris, Hôpital Européen Georges Pompidou, Paris, France; ³Mycology Department, Université de Paris, France

Identification des champignons par MALDI TOF

Spectrométrie de masse MALDI-TOF, un nouvel outil que la mycologie médicale ne peut contourner. Exploration préliminaire d'une application concernant l'identification de levures dans un CHU français

Mass spectrometry MALDI-TOF, a new tool which cannot be bypassed by medical mycology. Preliminary exploration of an application concerning the identification of yeasts isolated in a French University Hospital

Comparison of MALDI-TOF MS instruments and databases for identification of uncommon yeasts, *Aspergillus* spp and rare filamentous fungi

G. Desoubieux^a, N. François^b, B. Sendid^{b,*}

^aInserm U618, parasitologie-mycologie, Hôpital Saint-Louis, APHP, Paris, France
^bInserm U995, parasitologie-mycologie, Hôpital Saint-Louis, APHP, Paris, France

Manon Dukiewicz¹, Maëva Garros¹, Julie Bui¹, Véronique Charlier¹, Elodie Da Silva¹, Mayline Lemarec¹, Samia Hamane¹, Théo Ghallemain-Ferreux^{1,2}, Alexandre Alamo^{1,2}

¹Laboratoire de Parasitologie-Mycologie, Hôpital Saint-Louis, APHP
²Institut Pasteur, Université Paris Cité

Institut Pasteur

AP-HP, Nord Université Paris Cité

Identification des bactéries rares

43^e RÉUNION INTERDISCIPLINAIRE DE CHIMIOTHÉRAPIE ANTI-INFECTIEUSE

LUNDI 18 & MARDI 19 DÉCEMBRE 2023

palaisdescongrès deparis

P-056

VITEK[®] MS PRIME versus Biotyper[®] sirius pour l'identification des bactéries rares/difficiles à identifier

Marie Joanny-Flinois³, Axelle Sornet³, Brune Joannard³, Khadija Kallel³, Feriel Garrouche³, Béatrice Berçot^{3,5}, Jean-Philippe Barnier^{3,5}, Patrick Grohs³, Isabelle Podglajen^{3,5}, Amira Jomli³

³Service de Microbiologie, Hôpital Européen Georges Pompidou, AP-HP, Paris, France ; ⁴Service de Bactériologie, Hôpital Saint Louis, AP-HP, Paris, France ; ⁵Université Paris Cité, Faculté de Santé, UFR de Médecine, Paris, France
marie.joanny@aphp.fr / 01-56-09-23-25

Identification des Mycobactéries

Original article

Utility of the MALDI-TOF MS method to identify nontuberculous mycobacteria



Masahiro Kodana^{a,1}, Norihito Tatumoto^{b,*-1}, Tohru Kawamura^a, Taeko Saito^a, Hideaki Ohno^c, Shigefumi Maesaki^b, Kenji Ikebuchi^a

^aClinical Laboratory Medicine, Saitama Medical University Hospital, Japan

^bDepartment of Infectious Disease and Infection Control, Saitama Medical University, Japan

^cDepartment of Infectious Disease and Infection Control, Saitama Medical Center, Saitama Medical University, Japan

Evolution du diagnostic microbiologique à l'Hôpital militaire de Rabat



Capacité : 943 lits

Services « à haut risque » : 5 réanimations, brûlés, oncologie, hématologie clinique.....greffe

Laboratoire bactériologie : H24

Laboratoire de bactériologie : 2 unités

• Unité 1 : Bactéries de routine

3 unités: divers (2 paillasses),
urines/coprocultures (2 paillasses),
hémocultures (2 paillasses), **IST**

Total de germes dénombrés : **11473/2023**

• Identification:

- Méthodes phénotypiques : Gram, tests d'orientation, tests biochimiques, galeries...
- Techniques de biologie moléculaire sur prélèvements

• Unité 2 : Mycobactéries

5300 demandes /2023

• Identification:

- Techniques classiques : fastidieuses
- Techniques de biologie moléculaire : détection uniquement complexe MTB, mycobactéries atypiques !!!!

Notre équipement : VITEK MS PRIME



- Système de paillasse
- Gain de place
- Bien adapté au flux de travail

Réactifs et consommables prêts à l'emploi

Cibles jetables à usage unique
Pas de nettoyage, réduction d'erreurs potentielles



Matrice prête à l'emploi sans préparation requise



Acide formique prêt à l'emploi sans dilution requise

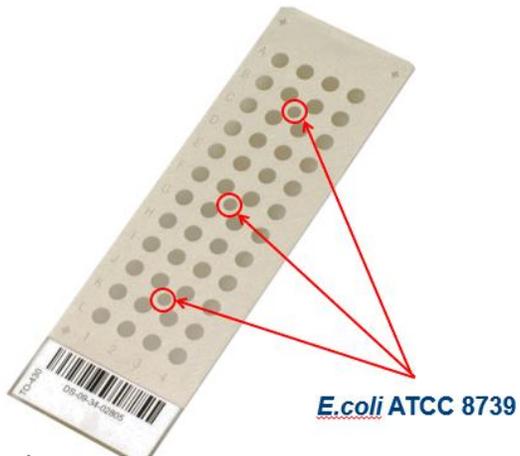


Procédé d'inactivation permettant la manipulation des échantillons en dehors d'un Poste de Sécurité Microbiologique de niveau 3.



Inactivation et extraction de protéines pour l'identification des moisissures

Consommable : souche étalon



- Souche standardisée de *E.coli* ATCC 8739 à utiliser quotidiennement à partir d'une culture sur Gélose Colombia + 5% sang de mouton
- Caractéristiques connues
- Calibration : appliquée à chaque échantillon d'un groupe d'acquisition, résultat des masses étalon comparées à celles de la base de données

Accessoires



Stylo VITEK PICKME Outil innovant de préparation des échantillons

1 PROTOCOLE VALIDE PAR GROUPE



BACTERIE



LEVURES

DEPOT DIRECT + REACTIFS
PRETS A L'EMPLOI



MYCOBACTERIA



NOCARDIA



MOISSISSURES

EXTRACTION + REACTIFS PRETS A L'EMPLOI
+ CERTIFICATS D'INACTIVATION



MYCOPLASMA



BRUCELLA

EXTRACTION



MISE EN ŒUVRE FACILE
ET UTILISATION
QUOTIDIENNE

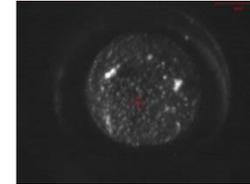
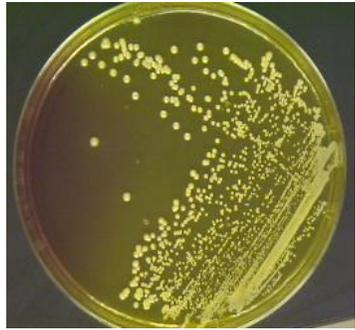


ÉCONOMIES DE TEMPS ET
DE COÛTS
MOINS D'ISOLATS RETESTÉS



CONFIANCE ACCRUE DES
LABORATOIRES

Au laboratoire



Acquisition ~1 min

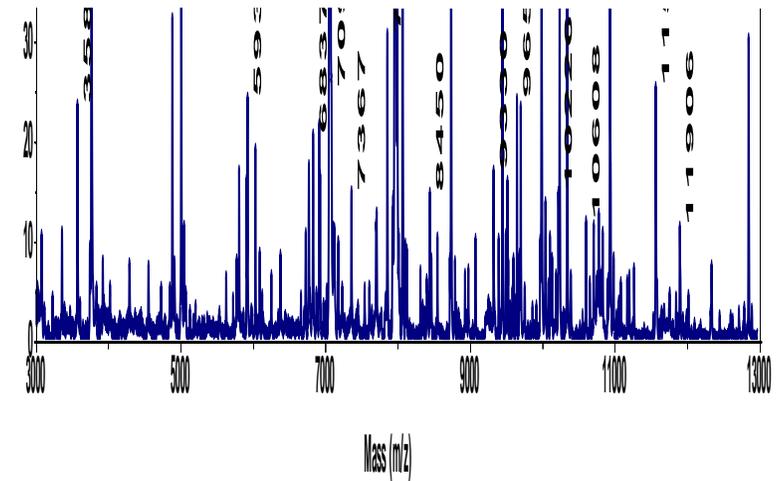


Ionisation des proteines et mesure du poids moleculaire



- Dépôt direct sur la cible
- Ajout de la matrice
- Séchage
- Introduction dans le spectromètre

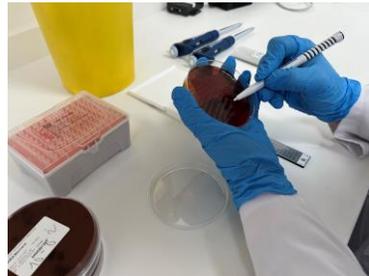
Identification en moins 20 mn



3 PHASES : Préparation/acquisition de spectres/Résultat d'identification

Flux de travail : 3 étapes

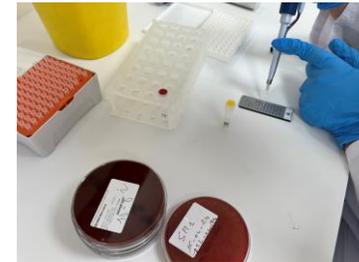
- **Etape 1** : préparation de l'échantillon



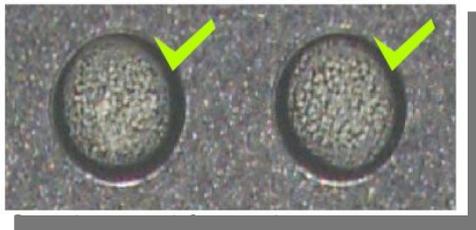
Spot calibrant *E.coli* 8739



Spot échantillon



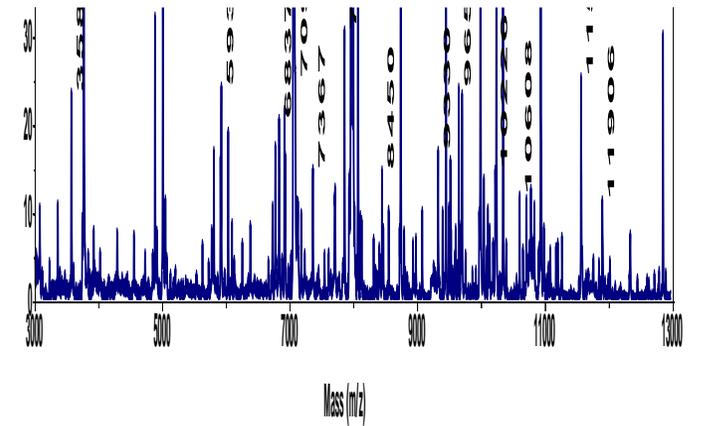
Ajout matrice 1 μ l
Si levure précédé par 0,5 μ l
d'acide formique



Cristallisation du spot

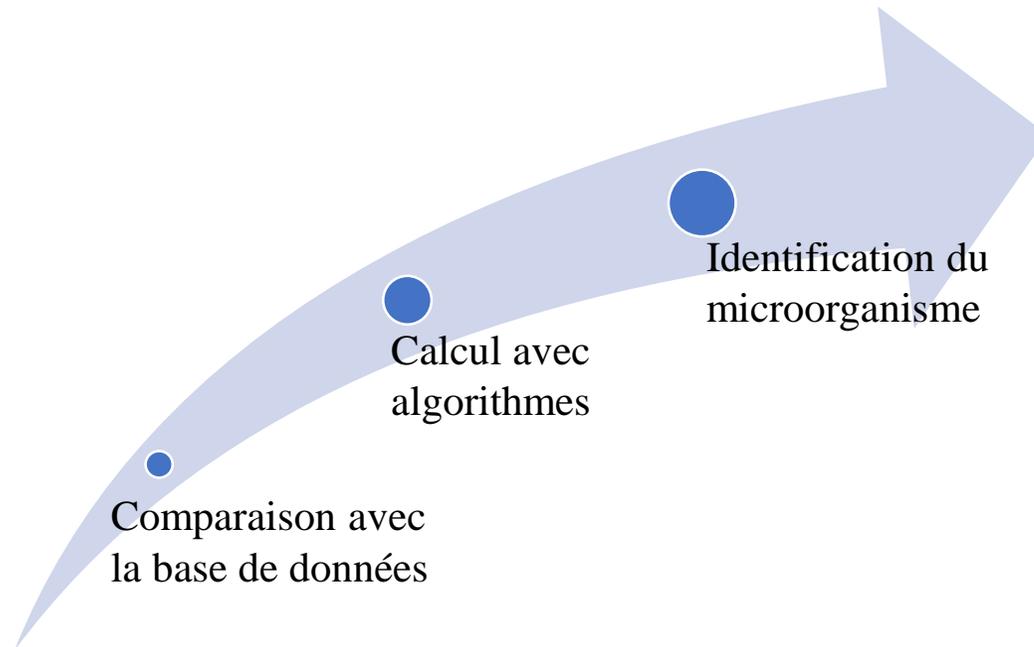
Flux de travail : 3 étapes

- **Etape 2** : acquisition des spectres



Flux de travail : 3 étapes

- **Etape 3** : résultat d'identification



Accession ID	Hit ID	Digested Name	Confidence Level	Confidence Value
<input type="checkbox"/> N40376_121524_738875-6	N40376_121524_80802 (E1)		▲	
<input type="checkbox"/> N40376_121524_738875-6	N40376_121524_80802 (E2)		▲	
<input type="checkbox"/> N40376_121524_738875-1	N40376_121524_80802 (A1)	<i>Paenibacillus multistis</i>	■	42.0
<input type="checkbox"/> N40376_121524_738875-5	N40376_121524_80802 (A2)	<i>Mycobacterium fortuitum</i>	■	24.0
<input type="checkbox"/> N40376_121524_738875-3	N40376_121524_80802 (A3)	<i>Rothia muscigena</i>	■	40.0
<input type="checkbox"/> N40376_121524_738875-4	N40376_121524_80802 (A4)	<i>Moraxella kerfi</i>	■	12.0
<input type="checkbox"/> 121524_738875-1	121524_80802 (K1)	<i>Sphingomonas paucimobis</i>	■	88.0
<input type="checkbox"/> 121524_738871-1	121524_80802 (A2)		●	
<input type="checkbox"/> 121524_738869-1	121524_80802 (A2)		●	
<input type="checkbox"/> 121524_738867-1	121524_80807 (A1)	<i>Lactobacillus reuteri</i>	●	75.0
<input type="checkbox"/> 121524_738865-1	121524_80802 (A1)	<i>Bacteriophage vst1</i>	■	70.0
<input type="checkbox"/> 121524_738865-1	121524_80802 (A1)		●	
<input type="checkbox"/> 121524_738864-1	121524_80804 (A1)	<i>Prevotella distalis</i>	■	75.0

Résultat d'identification visible sur logiciel

Flux de travail : 3 étapes

- Validation des résultats : simplicité

Score de confiance (%)	Interprétation
60-99,9	Bonne identification
50/50 33,3/33,3/33,3	Faible discrimination entre 2 espèces Faible discrimination entre 3 espèces
/	Pas d'identification

La conclusion de la consolidation des résultats est affichée sous forme graphique :

- **Bonne identification**, le résultat consolidé peut être envoyé tel quel.
- ▲ **Faible discrimination** entre 2 ou 4 germes, valider l'identification en choisissant un résultat
- **Non identifié**. Pas de correspondance ou plus de 4 germes. Validation impossible. A refaire.

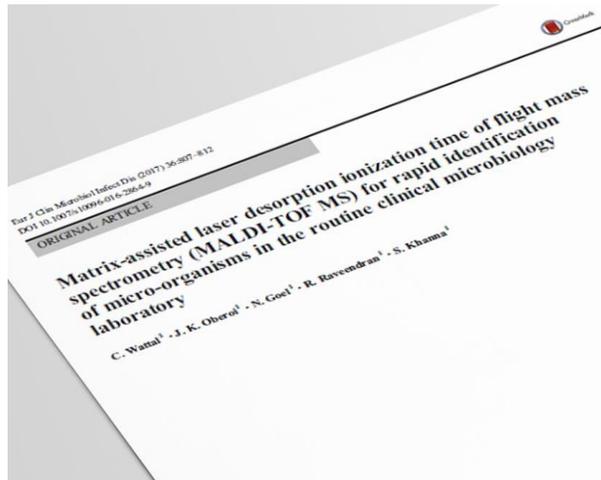
Bases de données

- Base de données **robuste**, en constante **évolution** :
 - 15 556 souches**
 - 1316 espèces**
 - 12 souches/espèces**
- Identification > 95% des microorganismes de routine du laboratoire de microbiologie. Nouveaux taxons, germes émergents.
- Résultat d'identification en 1 seul choix, haut niveau de confiance

*Les performances reposent sur l'équivalence de VITEK® MS PRIME, en comparaison à VITEK® MS

** Matrix-assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) for rapid identification of micro-organisms in the routine clinical microbiology laboratory. Watal C, Oberoi JK, Goel N, Raveendran R, Khanna S. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2017

Routine d'utilisation



10 000 isolats prospectifs
évalués sur un an dans un
service spécialisé

95,8% identification au niveau de l'espèce
1,11% identification en faible discrimination
dans le même genre bactérien ou fongique
2,93% non identification
0,16% erreur d'identification

Espèces proches difficiles à distinguer



98% de taux de
précision pour les
streptocoques

93,4% des isolats de *Candida auris*
correctement identifiés

Notre expérience

1. Acquisition du VITEK MS PRIME mi-novembre 2023
2. Formation du personnel du laboratoire (2 biologistes et 3 techniciens)
Formation dispensée par la suite en autonomie



Notre expérience

3. Evaluation de la base de données en comparaison avec les méthodes classiques pendant moins de 2 mois, passage en 2 spots/isolat
4. Fin février 2024, identification de première ligne avec passage en 1 seul spot/isolat

Notre expérience

Organisation du travail au niveau des pailles

Méthodes conventionnelles rapides pour certains microorganismes :

- Milieux chromogènes au poste des urines permettant l'identification directe de la majorité des isolats d'*Escherichia. coli*.
Meilleure distinction des colonies isolées.
- Identification des *Staphylococcus aureus* par agglutination latex pour les souches isolées de pus superficiels plurimicrobiens
- Identification de *Streptococcus pneumoniae* par disque d'optochine

Technique MALDI TOF

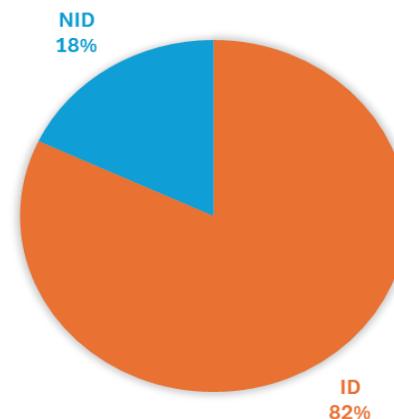
- Toutes les autres bactéries et levures
- Prochainement Mycobactéries et champignons

Résultats

Résultats globaux

1056 prélèvements traités durant la période : 22/01/2024 - 26/04/2024

Identification	Nombre
ID	866
NID	190
Total	1056



Micro-organismes	ID (%)	NID (%)	Total
Bactéries	737 (84%)	137 (16%)	874
Levures	129 (71%)	53 (29%)	182
Total	866 (82%)	190 (18%)	1056

Résultats : Janvier - Février

Micro-organismes	ID	NID	Total
Bactéries	264	61	325
Levures	56	30	86
Total	320 (78%)	91 (22%)	411

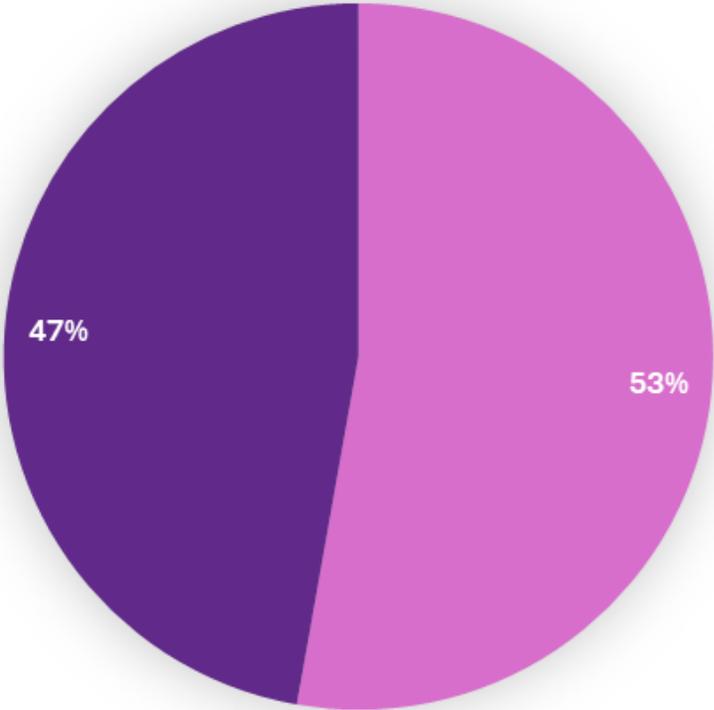
Résultats : Mars - Avril

Micro-organismes	ID	NID	Total
Bactéries	473	76	549
Levures	73	23	96
Total	546 (85%)	99 (15%)	645

Résultats en bactériologie

Micro-organismes	ID	NID
Gram -	389	40
Gram +	348	97
Total	737	137

■ Gram -
■ Gram +



Résultats en bactériologie

Groupe de bactérie	ID
<i>Entérobactérales</i>	212
<i>Staphylocoques</i>	183
<i>Non fermentant</i>	114
<i>Entérocoques</i>	73
<i>Streptocoques</i>	70
<i>Haemophilus/Moraxella</i>	47
<i>Neisseria</i>	14
<i>Anaérobies</i>	8
<i>Autres</i>	16
Total	737

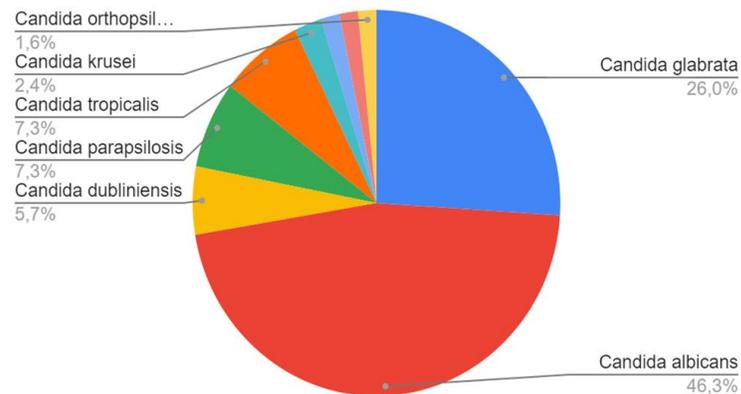
Résultats en bactériologie

	Genre	Nombre d'ID
Entérobactérales	<i>Escherichia</i>	68
	<i>Klebsiella</i>	60
	<i>Enterobacter</i>	32
	<i>Citrobacter</i>	21
	<i>Morganella</i>	14
	<i>Proteus</i>	9
	<i>Serratia</i>	5
	<i>Cronobacter</i>	2
	<i>Salmonella</i>	1
	<i>Providencia</i>	1
	<i>Raoultella</i>	2
Non fermentants	<i>Pseudomonas</i>	54
	<i>Acinetobacter</i>	40
	<i>Stenotrophomonas</i>	7
	<i>Achromobacter</i>	6
	<i>Burkholderia</i>	5

Autres	<i>Staphylococcus</i>	183
	<i>Enterococcus</i>	73
	<i>Streptococcus</i>	70
	<i>Haemophilus</i>	41
	<i>Neisseria/Moraxella</i>	14/6
	<i>Peptostreptococcus (non fermentant)</i>	2
	<i>Paenibacillus</i>	1
	<i>Leuconostoc</i>	1
	<i>Rothia</i>	1
	<i>Corynebacterium</i>	10
	<i>Lactobacillus</i>	2
	<i>Dermabacter</i>	1
	<i>Pseudoglutamicibacter</i>	1
	<i>Lactiplantibacillus</i>	1
	<i>Mammalicoccus</i>	1
	<i>Bacillus</i>	1
<i>Globicatella</i>	1	
Total	737	

Résultats levures

Genre	ID
Candida	122
Saccharomyces	6
Saprochaete	1
Total	129



Espèces de Candida	ID
<i>Candida albicans</i>	57
<i>Candida glabrata</i>	32
<i>Candida tropicalis</i>	9
<i>Candida parapsilosis</i>	8
<i>Candida dubliniensis</i>	7
<i>Candida krusei</i>	3
<i>Candida kefir</i>	2
<i>Candida lusitanae</i>	2
<i>Candida orthopsilosis</i>	2
Total	122

Avantages /limites technique MALDI TOF

Avantages :

Efficienc e du flux de travail :

- Bonne adéquation dans la routine du laboratoire
- Préparation des échantillons simple et rapide
- Chargement continu **load and go** (cibles faciles à charger dans l'instrument) et priorisation des cibles urgentes

Qualité des résultats :

- Meilleure identification que techniques classiques (exemples: SCN dans hémocultures: infection? contamination ?, germes de l'environnement : infection/colonisation/contamination ?)
- Identification rapide (slide en **19 mn**), en temps réel. Validation facile. Test de sensibilité aux antibiotiques adapté au germe identifié (exemples: colonies Entérobactéries/*Acinetobacter*)
- Environnement : *Legionella*

Avantages /limites technique MALDI TOF

Avantages :

Utilisateurs/techniciens :

- Adoption rapide de la solution MALDI TOF par rapport aux autres méthodes
- Adaptation à leurs flux de travail
- Appréciation de la flexibilité depuis la préparation des échantillons jusqu'à l'enregistrement
- Formation aisée, simple. Autoformation

Consommables :

- Facile à stocker, non encombrant
- Sécurité : pas de protocoles de nettoyage à valider et à contrôler, pas de hotte chimique
- Meilleure gestion des déchets

Avantages /limites technique MALDI TOF

Avantages :

Coût :

- Consommables : faible coût (coût de l'appareil)

- Selon des études, réduction :

D'un facteur 5 à 10 pour les coûts par rapport aux analyses conventionnelles

D'un facteur 90 par rapport aux analyses de biologie moléculaire.

D'un facteur 55 pour le facteur temps !

- Gain/utilisation galleries (de moitié)

Temps et performance

MALDI-TOF MS Andromas strategy for the routine identification of bacteria, mycobacteria, yeasts, *Aspergillus* spp. and positive blood cultures

[E. Bille](#)^{a b}, [B. Dauphin](#)^c, [J. Leto](#)^o, [M.-E. Bougnoux](#)^{a b}, [J.-L. Beretti](#)^o, [A. Lotz](#)^b, [S. Suarez](#), [J. Meyer](#)^b, [O. Join-Lambert](#)^{a b}, [P. Descamps](#)^{a b}, [N. Grall](#)^o, [E. Mory](#)^d, [L. Dubreuil](#)^o, [P. Berche](#)^{a b}, [X. Nassif](#)^{a b}, [A. Ferroni](#)^o

Avantages /limites technique MALDI TOF

Limites :

Inconvénients.....pouvant être contournés

- Mauvaise qualité du dépôt, spectre faussé
- Nécessité d'une culture sur milieu solide. (pas d'utilisation de la technique pour germes non cultivables)
- Caractéristiques intrinsèques de certaines colonies (sèches, muqueuses, incrustées) = problème d'identification(Pseudomonas, germes capsulés...)
- Souches appartenant à des taxons proches, exemple: *Streptococcus pneumoniae* / Streptocoques oraux
- Absence d'identification des profils de résistance : nécessité de poursuivre les analyses par des antibiogrammes (Mais données épidémiologiques locales et de l'hôpital)

Conclusion

- Spectrométrie de masse MALDI TOF technique adaptée à l'identification des microorganismes
- MALDI TOF MS s'est rapidement imposée comme un outil indispensable dans notre laboratoire de bactériologie médicale
- MALDI TOFélever encore le niveau de qualité de notre laboratoire
- Sa facilité d'utilisation et sa rapidité d'exécution en font une technique d'identification incontournable dans un laboratoire de bactériologie