



PCR BATTERICA AD AMPIO SPETTRO

Autore

PD Dr. rer. nat. Guido Bloemberg, Responsabile della diagnostica molecolare, Unilabs Dübendorf

Redazione

Dr. med. Matthias Kaelin, Responsabile della direzione medica, Unilabs Svizzera

Di che cosa si tratta ?

La PCR batterica ad ampio spettro consente di rilevare e identificare batteri d'importanza clinica. Quest'analisi è contraddistinta dall'ampio approccio analitico che permette d'individuare tutte le possibili specie batteriche presenti in un campione. Questa caratteristica è di grande utilità soprattutto nell'identificazione di batteri biologicamente complessi e difficilmente coltivabili, oppure nell'identificazione di batteri già eliminati da una profilassi antibiotica.

Introduzione generale e indicazioni

La PCR batterica ad ampio spettro è utilizzata per rilevare e identificare batteri in base alla sequenza genica altamente conservata 16S-rRNA e rappresenta quindi un'importante analisi complementare al metodo classico di coltura (e identificazione mediante MALDI-TOF). Oltre all'identificazione dei batteri in coltura, la PCR batterica ad ampio spettro ha un ruolo importante nell'analisi di campioni prelevati da zone corporee normalmente sterili, dove, in condizioni patologiche, si sviluppano in genere delle infezioni monobatteriche (riferimenti 1-4). La PCR batterica ad ampio spettro è utilizzata in modo mirato se si sospetta un'infezione batterica e la coltura rimane negativa, oppure se alla base dell'infezione batterica si sospetta una specie non coltivabile o difficilmente coltivabile. Dato l'approccio metodologico aspecifico, è importante sottolineare che quest'analisi ha una sensibilità analitica inferiore ad una PCR convenzionale e comporta delle condizioni preanalitiche molto rigide al fine di evitare contaminazioni da reagenti e materiale di trasporto. La specificità analitica è invece ottimale grazie al sequenziamento e al confronto con banche dati genomiche.

Disponibilità

La PCR batterica ad ampio spettro è disponibile dal dicembre 2016 presso la sede Unilabs di Dübendorf.

Interpretazione

Per una corretta interpretazione dell'analisi è importante considerare sempre il quadro clinico, in modo da poter distinguere tra batteri clinicamente rilevanti e contaminazioni preanalitiche.

Materiale e TAT

(Turn-around time, durata dell'analisi)

Principalmente materiali sterili, tra cui paracentesi, tessuti, biopsie, liquido cerebrospinale, sangue (sangue EDTA), corpi estranei ecc. Inoltre, sono adatte le sospensioni batteriche isolate da colture pure.

La PCR batterica ad ampio spettro implica diversi passaggi in laboratorio (Figura 1). Il TAT è di 2-3 giorni lavorativi (a seconda del risultato "negativo" o "positivo").

Prezzi

Analisi	Risultato	Prezzo
PCR batterica ad ampio spettro	Negativo	CHF 180.-
PCR batterica ad ampio spettro	Positivo (incl. identificazione dei patogeni)	CHF 360.-

Bibliografia

1. Clarridge JE 3rd. 2004. Impact of 16S rRNA gene sequence analysis for identification of bacteria on clinical microbiology and infectious diseases. Clin Microbiol Rev. 17:840-62.
2. Sontakke S, Cadenas MB, Maggi RG, Diniz PP, Breitschwerdt EB. Use of broad range 16S rDNA PCR in clinical microbiology. J Microbiol Methods. 76:217-25.
3. Keller, Hombach und Bloemberg. 2010. 16S-rRNA-Genbasierte Identifikation bakterieller Infektionen. Biospektrum, 16. Jahrgang. 07.10 Speziell Ausgabe Molekulare Diagnostik.
4. Fehr JS, Bloemberg GV, Ritter C, Hombach M, Lüscher TF, Weber R, Keller PM 2010. Septicemia caused by tick-borne bacterial pathogen Candidatus Neoehrlichia mikurensis. Emerg Infect Dis. Jul;16(7):1127-9.

Informazioni

PD Dr. rer. nat. Guido Bloemberg

- 📍 Unilabs Dübendorf
- ☎ 058 864 58 37
- ✉ guido.bloemberg@unilabs.com

Dr. sc. nat. Adriano Guetg

- 📍 Unilabs Dübendorf/Lausanne,
- ☎ 058 864 58 12
- ✉ adriano.guetg@unilabs.com

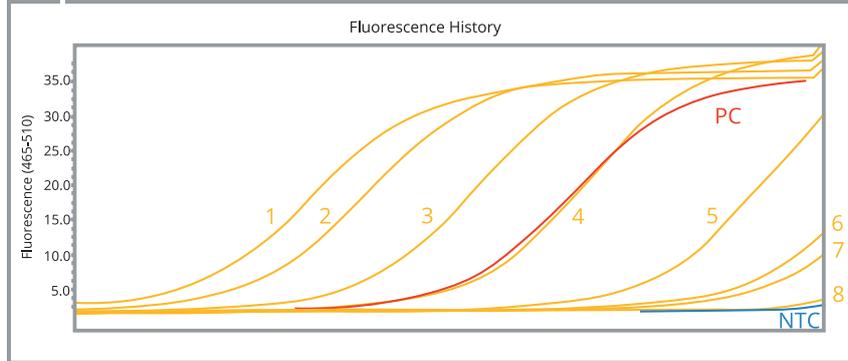
Dr. sc. ETH Marcel Eugster

- 📍 Unilabs Dübendorf,
- ☎ 058 864 56 44
- ✉ marcel.eugster@unilabs.com

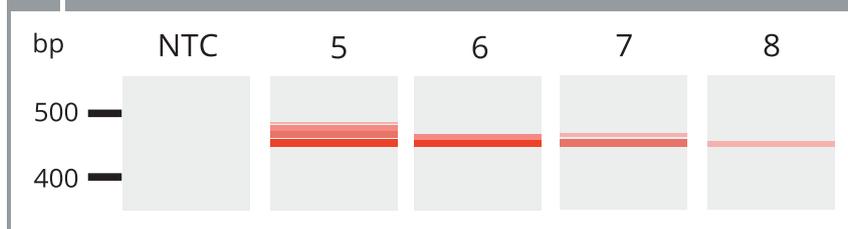
LA PCR BATTERICA AD AMPIO SPETTRO IMPLICA DIVERSI PASSAGGI

PCR batterica ad ampio spettro in laboratorio

1 Amplificazione mediante PCR della regione genica 16S

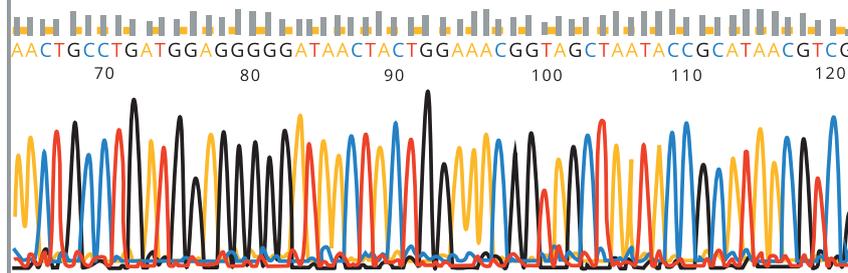


2 Elettroforesi su gel dell'amplicone PCR 16S



3 Sequenziamento dell'amplicone PCR 16S

La sequenza viene mappata con l'ausilio di banche dati genomiche e viene identificata a livello di specie, genere o famiglia.



4 La PCR batterica ad ampio spettro ha permesso di identificare correttamente una diluzione seriale di *E. coli* fino ad una concentrazione di 10 batteri/ml.

