***Streptococcus agalactiae* (Lancefield gruppe B)**

Anbefaling:

Kan identificeres sikkert med MALDI-ToF ved brug af direkte metode.

Baggrund:

Flere studier har undersøgt MALDI-ToF´s evne til at identificere *S. agalactiae*[1–4]. Det er dog ikke alle der har angivet klare identifikationkriterier[2–4]. Men et stort studie, med klare identifikationskriterier, med 186 stammer angiver 100% identifikationsrate[1]. Studiet er dog lavet med myresyre, men det må forventes at resultaterne kan overføres direkte til den direkte metode.

***Streptococcus pyogenes* (Lancefield gruppe A)**

Anbefaling:

Identificeres med direkte metode. Hvis best og second best match er *S. pyogenes* med en score ≥ 2 er diagnosen tilstrækkelig sikker. Hvis best og second best match ikke begge er *S. pyogenes* må udføres yderligere undersøgelse, F.eks. gruppebestemmelse eller PYR (pyrrolidonyl arylamidase). Dette må dog forventes kun at ske yderst sjældent.

Baggrund:

Flere studier har undersøgt MALDI-ToFs evne til at identificere *S. pyogenes* [1–8]. I Nogle studier er det dog uklart hvilke identifikations kriterier der er brugt [2,5,8] og i et enkelt studie er kun brugt bedste match[7]. De resterende studier finder at størstedelen af *S. pyogenes* kan identificeres til artsniveau, men at der ved nogle stammer er problemer med at skelne mellem *S. pyogenes* og *S. dysgalactiae*[6,1], hvor både et *S. pyogenes* og et *S. dysgalactiae* reference spectra har en score ≥ 2 (”Consistency score B”). I et studie med 97 *S. pyogenes* har alle stammer dog haft mindst de 4 bedste match som *S. pyogenes*[6]. Med ovenstående identifikationskriterier forventes cirka 90% at blive identificeret ved første kørsel og fejlidentifikationer (*S. pyogenes* Identificeret som *S. dysgalactiae*) må forventes at være yderst sjældne.

***Streptococcus dysgalactiae* (Lancefield gruppe C & G, sjældent A)**

Anbefaling:

Identificeres med direkte metode. Hvis best og second best match er *S. dysgalactiae* og begge har en score ≥ 2 er fejldiagnosticeringer sjældne. Hvis dette ikke er tilfældet eller der er tale alvorlige infektioner hvor artbestemmelse skønnes vigtigt, anbefales at supplere med enten gruppebestemmelse eller PYR (pyrrolidonyl arylamidase).

Baggrund:

Sammenholdt med identifikationen af *S. pyogenes*, er MALDI-ToFs evne til at identificere *S. dysgalactiae* dårligere. Der er fundet problemer med at skelne mellem *S. dysgalactiae* og *S. pyogenes* (Consistency score B) [6,1]. Med ovenstående kriterier forventes det at > 80% af stammerne vil blive identificeret ved første kørsel og at fejlidentifikationer (*S. dysgalactiae* identificeret com som *S. pyogenes*) vil være yderst sjældne.

***Streptococcus canis* (Lancefield gruppe G)**

Anbefaling:

Grundet få publicerede tilfælde, anbefales det ved behov for species diagnose, at bekræfte diagnosen med fænotypi eller 16s rDNA sekventering.

Baggrund:

Der er publiceret enkelte artikler med MALDI-ToF identifikation af *S. canis*[1,6,8] og en enkelt har fundet problemer med at skelne mellem *S. canis* og *S. dysgalactiae*[1]. Der er ikke publiceret nogle egentlige fejlidentifikationer. *S. canis* udgør formentligt kun en mindre del af de hæmolytiske gruppe G streptokokker.

***Streptococcus equi* (Lancefield gruppe C)**

Anbefaling:

Grundet få publicerede tilfælde, anbefales det ved behov for species diagnose, at bekræfte diagnosen med fænotypi eller 16s rDNA sekventering.

Baggrund:

Der er kun kendskab til et isolat forsøgt isoleret med MALDI-ToF, hvilket lod sig gøre med extraktion men ikke med direkte metode[2]. *S. equi* udgør formentligt kun en mindre del af de hæmolytiske gruppe C streptokokker.

1. Schulthess B, Brodner K, Bloemberg G V, Zbinden R, Böttger EC, Hombach M. Identification of Gram-positive cocci by use of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry: comparison of different preparation methods and implementation of a practical algorithm for routine diagnostics. J. Clin. Microbiol. 2013;51:1834–40.

2. Alatoom A a, Cunningham S a, Ihde SM, Mandrekar J, Patel R. Comparison of direct colony method versus extraction method for identification of gram-positive cocci by use of Bruker Biotyper matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry. J. Clin. Microbiol. 2011;49:2868–73.

3. Bizzini A, Durussel C, Bille J, Greub G, Prod’hom G. Performance of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry for identification of bacterial strains routinely isolated in a clinical microbiology laboratory. J. Clin. Microbiol. 2010;48:1549–54.

4. Binghuai L, Yanli S, Shuchen Z, Fengxia Z, Dong L, Yanchao C. Use of MALDI-TOF mass spectrometry for rapid identification of group B Streptococcus on chromID Strepto B agar. Int. J. Infect. Dis. [Internet] 2014;27:44–8. Available from: http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1201971214015860

5. Cherkaoui A, Emonet S, Fernandez J, Schorderet D, Schrenzel J. Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry for rapid identification of Beta-hemolytic streptococci. J. Clin. Microbiol. 2011;49:3004–5.

6. Jensen CS, Dam-Nielsen C, Arpi M. Matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry identification of large colony beta-hemolytic streptococci containing Lancefield groups A, C, and G. Infect. Dis. (Auckl). [Internet] 2015;1–5. Available from: http://informahealthcare.com/doi/abs/10.3109/23744235.2015.1043940

7. van Veen SQ, Claas ECJ, Kuijper EJ. High-throughput identification of bacteria and yeast by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry in conventional medical microbiology laboratories. J. Clin. Microbiol. 2010;48:900–7.

8. Neville S a, Lecordier A, Ziochos H, Chater MJ, Gosbell IB, Maley MW, et al. Utility of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry following introduction for routine laboratory bacterial identification. J. Clin. Microbiol. 2011;49:2980–4.