



Faculté de médecine

# Best of Microbiologie

Pr M-Frédérique LARTIGUE

[lartigue@univ-tours.fr](mailto:lartigue@univ-tours.fr)



13<sup>ème</sup>  
JOURNÉE  
ANNUELLE  
DU CRIOGO

Vendredi 26 janvier 2024

Tours - Hôtel de Ville (Salle des fêtes)



# Multicenter evaluation of the BIOFIRE Joint Infection Panel for the detection of bacteria, yeast, and AMR genes in synovial fluid samples

Jaime Esteban,<sup>1</sup> Llanos Salar-Vidal,<sup>1</sup> Bryan H. Schmitt,<sup>2</sup> Amy Waggoner,<sup>2</sup> Frédéric Laurent,<sup>3</sup> Lelia Abad,<sup>3</sup> Thomas W. Bauer,<sup>4</sup> Irving Mazariegos,<sup>4</sup> Joan-Miquel Balada-Llasat,<sup>5</sup> Jared Horn,<sup>5</sup> Donna M. Wolk,<sup>6</sup> Alexa Jefferis,<sup>6</sup> Mirjam Hermans,<sup>7</sup> Irma Verhoofstad,<sup>7</sup> Susan M. Butler-Wu,<sup>8</sup> Minette Umali-Wilcox,<sup>8</sup> Caitlin Murphy,<sup>9</sup> Barbara Cabrera,<sup>9</sup> David Craft,<sup>10</sup> Benjamin von Bredow,<sup>10</sup> Amy Leber,<sup>11</sup> Kathy Everhart,<sup>11</sup> Jennifer Dien Bard,<sup>12</sup> Irvin Ibarra Flores,<sup>12</sup> Judy Daly,<sup>13</sup> Rebecca Barr,<sup>13</sup> Kristen Holmberg,<sup>14</sup> Corrin Graue,<sup>14</sup> Bart Kensinger<sup>14</sup>

- Etude prospective, multicentrique: 13 centres (10 USA, 1 France, 1 Espagne, 1 Pays-Bas)
- **Sponsorisée par Biomérieux** (co-auteurs)
- 1544 prélèvements de liquide synovial (1/patient): 850 articulations natives (NJI), 442 prothèses (PJI)
- Comparaison:
  - Pathogènes: culture
  - Gènes de résistance : PCR-séquençage

# Multicenter evaluation of the BIOFIRE Joint Infection Panel for the detection of bacteria, yeast, and AMR genes in synovial fluid samples

Jaime Esteban,<sup>1</sup> Llanos Salar-Vidal,<sup>1</sup> Bryan H. Schmitt,<sup>2</sup> Amy Waggoner,<sup>2</sup> Frédéric Laurent,<sup>3</sup> Lelia Abad,<sup>3</sup> Thomas W. Bauer,<sup>4</sup> Irving Mazariegos,<sup>4</sup> Joan-Miquel Balada-Llasat,<sup>5</sup> Jared Horn,<sup>5</sup> Donna M. Wolk,<sup>6</sup> Alexa Jefferis,<sup>6</sup> Mirjam Hermans,<sup>7</sup> Irma Verhoofstad,<sup>7</sup> Susan M. Butler-Wu,<sup>8</sup> Minette Umali-Wilcox,<sup>8</sup> Caitlin Murphy,<sup>9</sup> Barbara Cabrera,<sup>9</sup> David Craft,<sup>10</sup> Benjamin von Bredow,<sup>10</sup> Amy Leber,<sup>11</sup> Kathy Everhart,<sup>11</sup> Jennifer Dien Bard,<sup>12</sup> Irvin Ibarra Flores,<sup>12</sup> Judy Daly,<sup>13</sup> Rebecca Barr,<sup>13</sup> Kristen Holmberg,<sup>14</sup> Corrin Graue,<sup>14</sup> Bart Kensing<sup>14</sup>

## Panel BIOFIRE Joint Infection (BioMérieux\*): PCR multiplexe sur liquide synovial en 1 h

TABLE 1 BIOFIRE JI Panel menu interpretations

Gram-positive bacteria		
<i>Anaerococcus prevotii/vaginalis</i>	<i>Parvimonas micra</i>	<i>Streptococcus</i> spp.
<i>Clostridium perfringens</i>	<i>Peptoniphilus</i>	<i>Streptococcus agalactiae</i>
<i>Cutibacterium avidum/granulosum</i>	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>
<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Streptococcus pyogenes</i>
<i>Enterococcus faecium</i>	<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	
<i>Fingoldia magna</i>		
Gram-negative bacteria		
<i>Bacteroides fragilis</i>	<i>Kingella kingae</i>	<i>Proteus</i> spp.
<i>Citrobacter</i>	<i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	<i>Klebsiella pneumoniae</i> group	<i>Salmonella</i> spp.
<i>Escherichia coli</i>	<i>Morganella morganii</i>	<i>Serratia marcescens</i>
<i>Haemophilus influenzae</i>	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	
Yeast		
<i>Candida</i>		
<i>Candida albicans</i>		
Antimicrobial resistance genes		
CTX-M	<i>mecA/C</i> and MREJ (MRSA)	<i>vanA/B</i>
IMP	NDM	VIM
KPC	OXA-48-like	

31 pathogènes

8 gènes de  
résistance

# Multicenter evaluation of the BIOFIRE Joint Infection Panel for the detection of bacteria, yeast, and AMR genes in synovial fluid samples

Jaime Esteban,<sup>1</sup> Llanos Salar-Vidal,<sup>1</sup> Bryan H. Schmitt,<sup>2</sup> Amy Waggoner,<sup>2</sup> Frédéric Laurent,<sup>3</sup> Lelia Abad,<sup>3</sup> Thomas W. Bauer,<sup>4</sup> Irving Mazariegos,<sup>4</sup> Joan-Miquel Balada-Llasat,<sup>5</sup> Jared Horn,<sup>5</sup> Donna M. Wolk,<sup>6</sup> Alexa Jefferis,<sup>6</sup> Mirjam Hermans,<sup>7</sup> Irma Verhoofstad,<sup>7</sup> Susan M. Butler-Wu,<sup>8</sup> Minette Umali-Wilcox,<sup>8</sup> Caitlin Murphy,<sup>9</sup> Barbara Cabrera,<sup>9</sup> David Craft,<sup>10</sup> Benjamin von Bredow,<sup>10</sup> Amy Leber,<sup>11</sup> Kathy Everhart,<sup>11</sup> Jennifer Dien Bard,<sup>12</sup> Irvin Ibarra Flores,<sup>12</sup> Judy Daly,<sup>13</sup> Rebecca Barr,<sup>13</sup> Kristen Holmberg,<sup>14</sup> Corrin Graue,<sup>14</sup> Bart Kensinger<sup>14</sup>

## Panel BIOFIRE Joint Infection (BioMérieux\*): PCR multiplexe sur liquide synovial

31 pathogènes  
Pathogènes communautaires

8 gènes de  
résistance

TABLE 1 BIOFIRE JI Panel menu interpretations

Gram-positive bacteria		
<i>Anaerococcus prevotii/vaginalis</i>	<i>Parvimonas micra</i>	<i>Streptococcus</i> spp.
<i>Clostridium perfringens</i>	<i>Peptoniphilus</i>	<i>Streptococcus agalactiae</i>
<i>Cutibacterium avidum/granulosum</i>	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>
<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Streptococcus pyogenes</i>
<i>Enterococcus faecium</i>	<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	
<i>Fingoldia magna</i>		
Gram-negative bacteria		
<i>Bacteroides fragilis</i>	<i>Kingella kingae</i>	<i>Proteus</i> spp.
<i>Citrobacter</i>	<i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	<i>Klebsiella pneumoniae</i> group	<i>Salmonella</i> spp.
<i>Escherichia coli</i>	<i>Morganella morganii</i>	<i>Serratia marcescens</i>
<i>Haemophilus influenzae</i>	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	
Yeast		
<i>Candida</i>		
<i>Candida albicans</i>		
Antimicrobial resistance genes		
CTX-M	<i>mecA/C</i> and MREJ (MRSA)	<i>vanA/B</i>
IMP	NDM	VIM
KPC	OXA-48-like	

# Multicenter evaluation of the BIOFIRE Joint Infection Panel for the detection of bacteria, yeast, and AMR genes in synovial fluid samples

Jaime Esteban,<sup>1</sup> Llanos Salar-Vidal,<sup>1</sup> Bryan H. Schmitt,<sup>2</sup> Amy Waggoner,<sup>2</sup> Frédéric Laurent,<sup>3</sup> Lelia Abad,<sup>3</sup> Thomas W. Bauer,<sup>4</sup> Irving Mazariegos,<sup>4</sup> Joan-Miquel Balada-Llasat,<sup>5</sup> Jared Horn,<sup>5</sup> Donna M. Wolk,<sup>6</sup> Alexa Jefferis,<sup>6</sup> Mirjam Hermans,<sup>7</sup> Irma Verhoofstad,<sup>7</sup> Susan M. Butler-Wu,<sup>8</sup> Minette Umali-Wilcox,<sup>8</sup> Caitlin Murphy,<sup>9</sup> Barbara Cabrera,<sup>9</sup> David Craft,<sup>10</sup> Benjamin von Bredow,<sup>10</sup> Amy Leber,<sup>11</sup> Kathy Everhart,<sup>11</sup> Jennifer Dien Bard,<sup>12</sup> Irvin Ibarra Flores,<sup>12</sup> Judy Daly,<sup>13</sup> Rebecca Barr,<sup>13</sup> Kristen Holmberg,<sup>14</sup> Corrin Graue,<sup>14</sup> Bart Kensinger<sup>14</sup>

## Panel BIOFIRE Joint Infection (BioMérieux\*): PCR multiplexe sur liquide synovial

TABLE 1 BIOFIRE JI Panel menu interpretations

Gram-positive bacteria		
<i>Anaerococcus prevotii/vaginalis</i>	<i>Parvimonas micra</i>	<i>Streptococcus</i> spp.
<i>Clostridium perfringens</i>	<i>Peptoniphilus</i>	<i>Streptococcus agalactiae</i>
<i>Cutibacterium avidum/granulosum</i>	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>
<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Streptococcus pyogenes</i>
<i>Enterococcus faecium</i>	<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	
<i>Fingoldia magna</i>		
Gram-negative bacteria		
<i>Bacteroides fragilis</i>	<i>Kingella kingae</i>	<i>Proteus</i> spp.
<i>Citrobacter</i>	<i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	<i>Klebsiella pneumoniae</i> group	<i>Salmonella</i> spp.
<i>Escherichia coli</i>	<i>Morganella morganii</i>	<i>Serratia marcescens</i>
<i>Haemophilus influenzae</i>	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	
Yeast		
<i>Candida</i>		
<i>Candida albicans</i>		
Antimicrobial resistance genes		
CTX-M	<i>mecA/C</i> and MREJ (MRSA)	<i>vanA/B</i>
IMP	NDM	VIM
KPC	OXA-48-like	

31 pathogènes

Pathogènes iatrogènes

8 gènes de résistance

Autres staphylocoques coagulase négative?  
*C. acnes*?

# Multicenter evaluation of the BIOFIRE Joint Infection Panel for the detection of bacteria, yeast, and AMR genes in synovial fluid samples

Jaime Esteban,<sup>1</sup> Llanos Salar-Vidal,<sup>1</sup> Bryan H. Schmitt,<sup>2</sup> Amy Waggoner,<sup>2</sup> Frédéric Laurent,<sup>3</sup> Lelia Abad,<sup>3</sup> Thomas W. Bauer,<sup>4</sup> Irving Mazariegos,<sup>4</sup> Joan-Miquel Balada-Llasat,<sup>5</sup> Jared Horn,<sup>5</sup> Donna M. Wolk,<sup>6</sup> Alexa Jefferis,<sup>6</sup> Mirjam Hermans,<sup>7</sup> Irma Verhoofstad,<sup>7</sup> Susan M. Butler-Wu,<sup>8</sup> Minette Umali-Wilcox,<sup>8</sup> Caitlin Murphy,<sup>9</sup> Barbara Cabrera,<sup>9</sup> David Craft,<sup>10</sup> Benjamin von Bredow,<sup>10</sup> Amy Leber,<sup>11</sup> Kathy Everhart,<sup>11</sup> Jennifer Dien Bard,<sup>12</sup> Irvin Ibarra Flores,<sup>12</sup> Judy Daly,<sup>13</sup> Rebecca Barr,<sup>13</sup> Kristen Holmberg,<sup>14</sup> Corrin Graue,<sup>14</sup> Bart Kensinger<sup>14</sup>

## Panel BIOFIRE Joint Infection (BioMérieux\*): PCR multiplexe sur liquide synovial

31 pathogènes  
Pathogènes iatrogènes

8 gènes de  
résistance

TABLE 1 BIOFIRE JI Panel menu interpretations

Gram-positive bacteria		
<i>Anaerococcus prevotii/vaginalis</i>	<i>Parvimonas micra</i>	<i>Streptococcus</i> spp.
<i>Clostridium perfringens</i>	<i>Peptoniphilus</i>	<i>Streptococcus agalactiae</i>
<i>Cutibacterium avidum/granulosum</i>	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>
<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Streptococcus pyogenes</i>
<i>Enterococcus faecium</i>	<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	
<i>Fingoldia magna</i>		
Gram-negative bacteria		
<i>Bacteroides fragilis</i>	<i>Kingella kingae</i>	<i>Proteus</i> spp.
<i>Citrobacter</i>	<i>Klebsiella aerogenes</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	<i>Klebsiella pneumoniae</i> group	<i>Salmonella</i> spp.
<i>Escherichia coli</i>	<i>Morganella morganii</i>	<i>Serratia marcescens</i>
<i>Haemophilus influenzae</i>	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	
Yeast		
<i>Candida</i>		
<i>Candida albicans</i>		
Antimicrobial resistance genes		
CTX-M	<i>mecA/C</i> and MREJ (MRSA)	<i>vanA/B</i>
IMP	NDM	VIM
KPC	OXA-48-like	

# Résultats

- Identification pathogènes :

- **202 culture +** vs 242 Biofire +

- Sensibilité > 90,9% sauf pour *S. aureus*, *S. agalactiae*, *S. pyogenes*, *E. cloacae complex*, *K. pneumoniae* group, *C. albicans*

- Spécificité > 98,5%

- **75 microorganismes isolés en culture et non inclus dans le panel**

Par rapport  
au panel  
testé

TABLE 5 Off-panel organisms identified by SOC culture (N = 70 specimens)

Off-Panel organism identified	Number identified
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	38
<i>Cutibacterium acnes</i>	8
<i>Staphylococcus capitis</i>	5
<i>Corynebacterium striatum</i>	3
<i>Staphylococcus hominis</i>	3
<i>Corynebacterium amycolatum</i>	2
<i>Staphylococcus caprae</i>	2
<i>Acinetobacter baumannii</i> complex	1
<i>Arthrobacter cumminsii</i>	1
<i>Bacillus licheniformis</i>	1
<i>Capnocytophaga canimorsus</i>	1
<i>Clostridium symbiosum</i>	1
<i>Enterococcus gallinarum</i>	1
<i>Enterococcus hirae</i>	1
<i>Klebsiella oxytoca</i>	1
<i>Granulicatella adiacens</i>	1
<i>Pasteurella multocida</i>	1
<i>Prevotella intermedia</i>	1
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	1
<i>Staphylococcus saccharolyticus</i>	1
<i>Staphylococcus warneri</i>	1
Total	75

# Conclusion

- amélioration par rapport à la culture (variable en fonction des labos: broyage? Enrichissement? Durée incubation?)
- Rapidité du rendu du résultat pour les microorganismes et les gènes de résistance,
- excellentes sensibilité et spécificité pour les microorganismes du panel





## A multicentre evaluation and expert recommendations of use of the newly developed BioFire Joint Infection polymerase chain reaction panel

Kordo Saeed<sup>1,2</sup> · Nusreen Ahmad-Saeed<sup>1</sup> · Rachel Annett<sup>3</sup> · Gavin Barlow<sup>4,5</sup> · Lucinda Barnett<sup>6</sup> · Sara E. Boyd<sup>7,8,9,10</sup> · Nicola Boran<sup>11</sup> · Peter Davies<sup>12</sup> · Harriet Hughes<sup>12</sup> · Gwennan Jones<sup>12</sup> · Laura Leach<sup>6</sup> · Maureen Lynch<sup>11</sup> · Deepa Nayar<sup>14</sup> · Robert J. Maloney<sup>4</sup> · Martin Marsh<sup>15</sup> · Olivia Milburn<sup>14</sup> · Shanine Mitchell<sup>12</sup> · Lynn Moffat<sup>12</sup> · Luke S. P. Moore<sup>7,8,9</sup> · Michael E. Murphy<sup>12,16</sup> · Shaan Ashik O'Shea<sup>1</sup> · Fionnuala O'Sullivan<sup>11</sup> · Teresa Peach<sup>17</sup> · Christina Petridou<sup>18</sup> · Niamh Reidy<sup>11</sup> · Mathyruban Selvaratnam<sup>6</sup> · Ben Talbot<sup>12</sup> · Vanessa Taylor<sup>12</sup> · Deborah Wearmouth<sup>4</sup> · Catherine Aldridge<sup>14</sup>

### • Mat/Meth:

- Etude multicentrique rétrospective, UK et Irlande
- 399 prélèvements de liquide synovial : 292 articulations natives (NJI), 107 prothèses (PJI)
- Comparaison: Culture standard



## A multicentre evaluation and expert recommendations of use of the newly developed BioFire Joint Infection polymerase chain reaction panel

Kordo Saeed<sup>1,2</sup> · Nusreen Ahmad-Saeed<sup>1</sup> · Rachel Annett<sup>3</sup> · Gavin Barlow<sup>4,5</sup> · Lucinda Barnett<sup>6</sup> · Sara E. Boyd<sup>7,8,9,10</sup> · Nicola Boran<sup>11</sup> · Peter Davies<sup>12</sup> · Harriet Hughes<sup>12</sup> · Gwennan Jones<sup>12</sup> · Laura Leach<sup>6</sup> · Maureen Lynch<sup>11</sup> · Deepa Nayar<sup>14</sup> · Robert J. Maloney<sup>4</sup> · Martin Marsh<sup>15</sup> · Olivia Milburn<sup>14</sup> · Shanine Mitchell<sup>12</sup> · Lynn Moffat<sup>12</sup> · Luke S. P. Moore<sup>7,8,9</sup> · Michael E. Murphy<sup>12,16</sup> · Shaan Ashik O'Shea<sup>1</sup> · Fionnuala O'Sullivan<sup>11</sup> · Teresa Peach<sup>17</sup> · Christina Petridou<sup>18</sup> · Niamh Reidy<sup>11</sup> · Mathyruban Selvaratnam<sup>6</sup> · Ban Talbot<sup>12</sup> · Vanessa Taylor<sup>12</sup> · Deborah Wearmouth<sup>4</sup> · Catherine Aldridge<sup>14</sup>



### • Résultats

- 98 Biofire + vs 83 culture +
- 24 Biofire + et culture - ( 21 NJI et 3 PJI): *S. aureus*, *S. pneumoniae*, *S. agalactiae*, *E. faecalis*, *Anaerococcus prevotii/vaginalis*, *N. gonorrhoeae*, *K. kingae*, *Parvimonas micra*, *F. magna*
- 16 Biofire – et culture + (8 NJI et 8 PJI ): *S. epidermidis*, *S. capitis*, *C. acnes*, *C. striatum*, *Demacoccus spp*, *Bacillus licheniformis*, *Moraxella osloensis*

# Conclusion

- Utile pour le diagnostic des pathogènes communautaires de culture fastidieuse: *K. kingae*, *N. gonorrhoeae*
- A utiliser en plus des méthodes standard, après discussion multidisciplinaire
- La rapidité des résultats pourrait avoir un impact clinique potentiel sur la prise en charge des patients
- Intérêt limité pour les PJI

# Performance and Hypothetical Impact on Joint Infection Management of the BioFire Joint Infection Panel: a Retrospective Analysis

 Benjamin Berinson,<sup>a</sup> Laura Spenke,<sup>a</sup> Lukas Krivec,<sup>b</sup> Konstantin Tanida,<sup>a</sup> Anna Both,<sup>a</sup> Johannes Keller,<sup>b</sup> Tim Rolvien,<sup>b</sup> Martin Christner,<sup>a</sup> Marc Lütgehetmann,<sup>a</sup> Martin Aepfelbacher,<sup>a</sup> Till Orla Klatte,<sup>b</sup>  Holger Rohde<sup>a</sup>

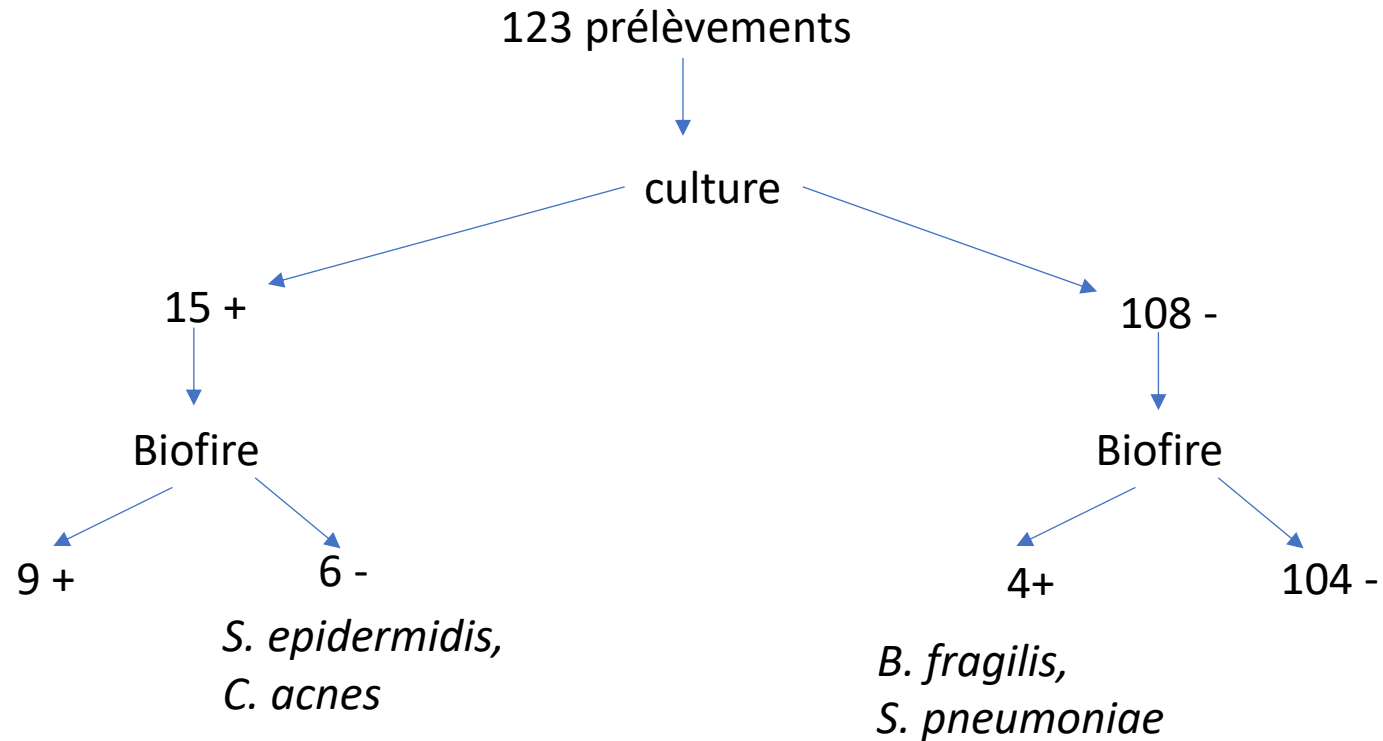
## Mat/Meth:

- Etude rétrospective, monocentrique (Allemagne)
- 123 échantillons congelés de liquide synovial (120 patients):
  - 17 arthrites sur articulations natives (NJI)
  - 18 prothèses infectées (PJI)
  - 25 arthrites inflammatoires non infectieuses
  - 60 arthropathies non inflammatoires non infectieuses
- Comparaison: culture sur milieu solide sans enrichissement

# Performance and Hypothetical Impact on Joint Infection Management of the BioFire Joint Infection Panel: a Retrospective Analysis



Benjamin Berinson,<sup>a</sup> Laura Spence,<sup>a</sup> Lukas Krivec,<sup>b</sup> Konstantin Tanida,<sup>a</sup> Anna Both,<sup>a</sup> Johannes Keller,<sup>b</sup> Tim Rolvien,<sup>b</sup> Martin Christner,<sup>a</sup> Marc Lütgehetmann,<sup>a</sup> Martin Aepfelbacher,<sup>a</sup> Till Orla Klatte,<sup>b</sup> Holger Rohde<sup>a</sup>

## Résultats



Sensibilité et spécificité : 100% pour les pathogènes présents dans le panel

# Performance and Hypothetical Impact on Joint Infection Management of the BioFire Joint Infection Panel: a Retrospective Analysis

 Benjamin Berinson,<sup>a</sup> Laura Spenke,<sup>a</sup> Lukas Krivec,<sup>b</sup> Konstantin Tanida,<sup>a</sup> Anna Both,<sup>a</sup> Johannes Keller,<sup>b</sup> Tim Rolvien,<sup>b</sup> Martin Christner,<sup>a</sup> Marc Lütgehetmann,<sup>a</sup> Martin Aepfelbacher,<sup>a</sup> Till Orla Klatte,<sup>b</sup>  Holger Rohde<sup>a</sup>

## Conclusion:

- Intérêt limité pour les infections sur prothèse
- Utile :
  - pour arthrites aiguës liées à des pathogènes fastidieux
  - pour les patients qui ont reçu des antibiotiques avant le prélèvement de l'échantillon.

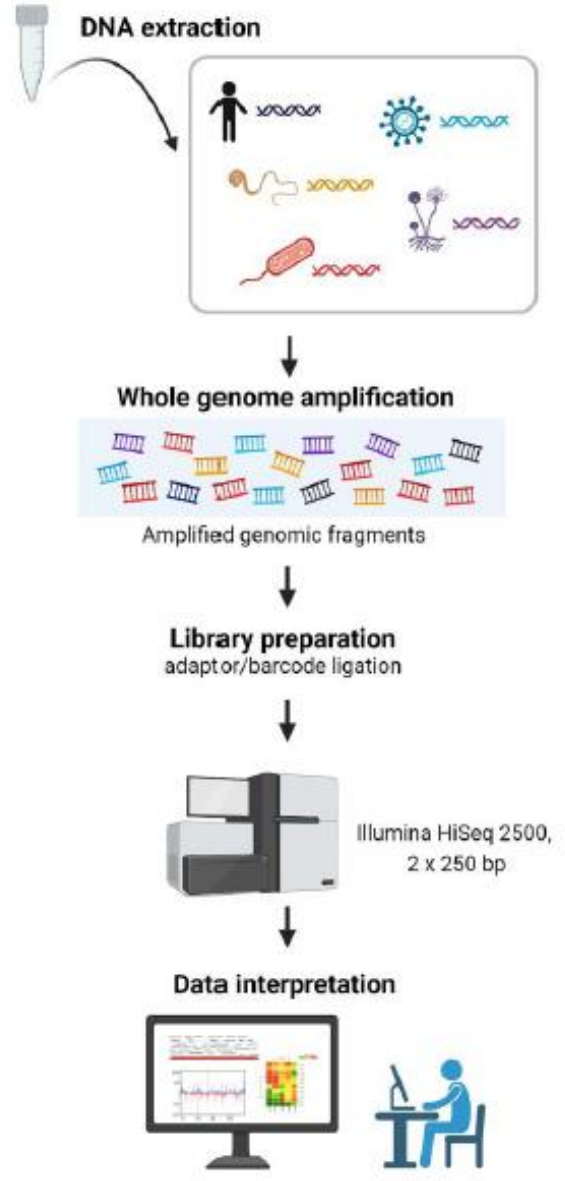
# Targeted Versus Shotgun Metagenomic Sequencing-based Detection of Microorganisms in Sonicate Fluid for Periprosthetic Joint Infection Diagnosis

Hyo-Lim Hong,<sup>1,2</sup> Laure Flurin,<sup>1,3</sup> Matthew J. Thoendel,<sup>4</sup> Matthew J. Wolf,<sup>1</sup> Matthew P. Abdel,<sup>5</sup> Kerryl E. Greenwood-Quaintance,<sup>1</sup> and Robin Patel<sup>1,4,6</sup>

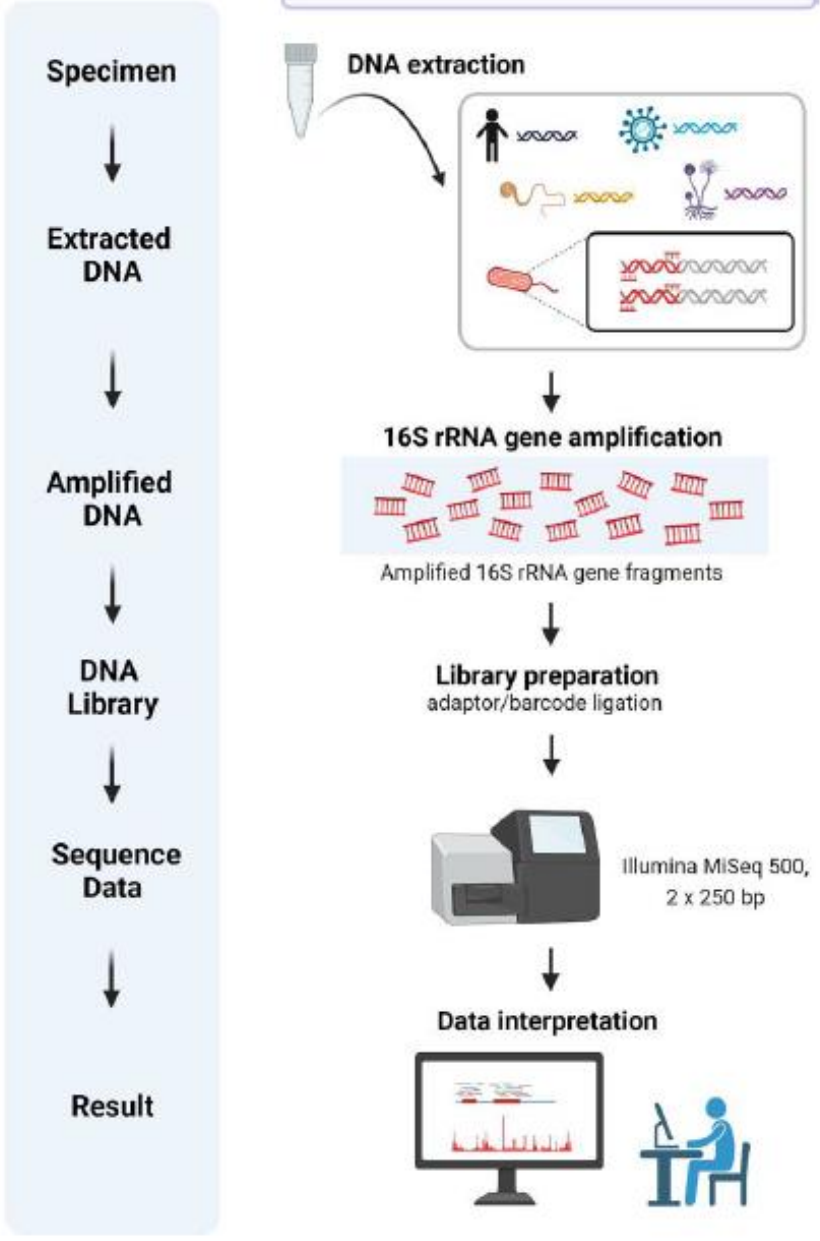
## • Mat/Meth

- Etude rétrospective monocentrique, Mayo Clinic
- 395 liquides de sonication:
  - 208 infections prothèse (genou, hanche),
  - 187 descellements aseptiques
- 2 approches NGS:
  - Métagénomique *shotgun*: séquençage de tous les génomes (bactéries, virus, champignons)
  - Métagénomique ciblée 16S rRNA: identification uniquement des bactéries
- **Objectif:** comparaison de la métagénomique 16S rRNA vs *shotgun*

### Shotgun metagenomic sequencing



### Targeted metagenomic sequencing



Hong et al, 2023

Figure 1. Workflow comparing shotgun and targeted metagenomic sequencing. This figure was created using BioRender.



# Shotgun vs 16S rRNA

	Shotgun NGS	16s rRNA NGS
Avantages	<ul style="list-style-type: none"><li>• Amplification de tous les ADN (y compris champignons, virus et parasites)</li><li>• Détection des microorganismes identifiés en culture, mais aussi non obtenus en culture</li><li>• Découverte d'une nouvelle cause de PJI: <i>Mycoplasma salivarium</i> (Thoendel et al, 2017)</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Enrichissement de la région 16S:<ul style="list-style-type: none"><li>▪ ↑ sensibilité</li><li>▪ ↘️ délais</li></ul></li><li>• Peu faux-positifs</li><li>• Bonne concordance avec culture (Flurin et al, 2021)</li></ul>
Inconvénients	<ul style="list-style-type: none"><li>• Séquençage de l'ADN humain et microbien contaminant</li><li>• Coût élevé</li><li>• Long</li><li>• Analyse des résultats complexe</li></ul>	Pas d'identification des champignons, virus et parasites

# 16S rRNA vs culture

**Table 3. Performance of Sonicate Fluid 16S Ribosomal RNA Gene-based Targeted Metagenomic Sequencing (tNGS) Versus Sonicate Fluid Culture**

Case Classification	Number of Samples	Identical Findings	New Microorganisms Detected by tNGS	Organisms not Identified by tNGS
NIAF	187	185 (98.9%)	2 (1.1%)	NA
Culture-positive PJI	110	90 (81.8%)	9 (8.2%)	12 (10.9%)
Culture-negative PJI	98	51 (52.0%)	47 (48.0%) <sup>a</sup>	NA

- Le séquençage métagénomique 16S rRNA a détecté des pathogènes dans 48% des infections de prothèse à culture négative
- Bactéries identifiées: *S. aureus* (26,5%), *S. agalactiae* (8,2%), *S. dysgalactiae* (8,2%)
- 12 bactéries présentes en culture dans prélèvements tissulaires
- 35% pathogènes responsables d'infections prothèse identifiés uniquement par métagénomique 16S rRNA

# Shotgun vs 16S rRNA

**Table 2. Comparison of Diagnostic Performance of Microbiologic Tests**

Methods	Positive Number		PPA (%) (95% CI)	NPA (%) (95% CI)
	PJI (n=208)	NIAF (n=187)		
SF culture	110	0	52.9 (46.1–59.6)	100 (98.0–100)
Tissue culture	107	0	51.4 (44.7–58.2)	100 (98.0–100)
SF tNGS	150	2	72.1 (65.7–77.8)	98.9 (96.2–99.8)
SF sNGS	152	7	73.1 (66.7–78.7)	96.3 (92.5–98.2)

- Pas de différence de pourcentage de concordance positive entre le shotgun NGS et le 16S rRNA NGS ( $p=0,083$ )

# Conclusion

## ➤ La métagénomique 16S rRNA:

- Potentiellement utile pour le diagnostic de PJI à partir des liquides de sonication quand la culture est négative
- Performances similaires à la métagénomique shotgun

RESEARCH

Open Access

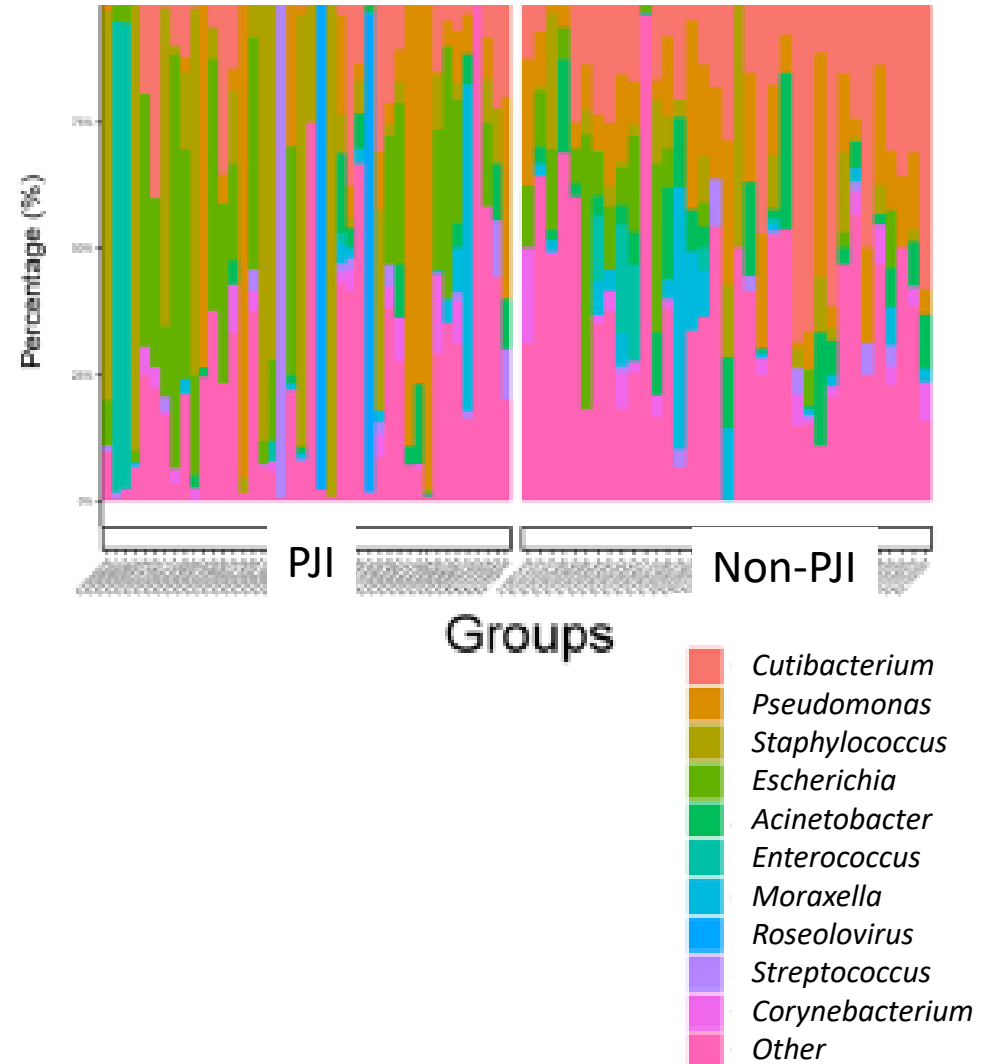
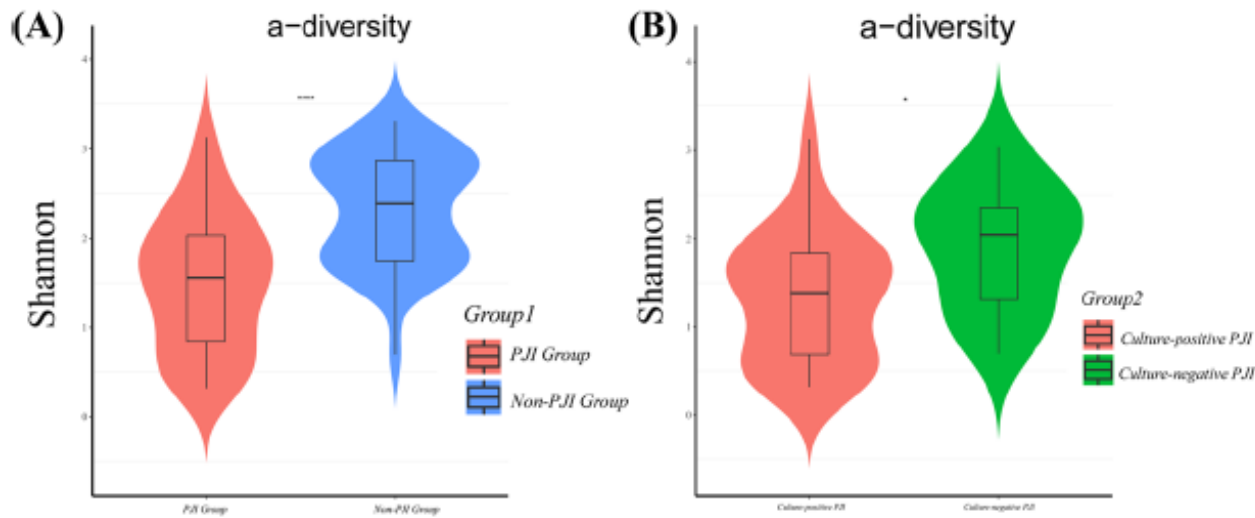
# Characterization of periprosthetic environment microbiome in patients after total joint arthroplasty and its potential correlation with inflammation



Hao Li<sup>1,2</sup>, Jun Fu<sup>2</sup>, Niu Erlong<sup>3</sup>, Rui Li<sup>4</sup>, Chi Xu<sup>2</sup>, Libo Hao<sup>2</sup>, Jiyong Chen<sup>2\*</sup> and Wei Chai<sup>2,4\*</sup>

- Etude prospective en Chine
- Liquides articulaires:
  - Infections de prothèse (PJI):
    - 28 infections-cultures +
    - 14 infections-cultures –
  - 35 sans infections (non-PJI)
- mNGS

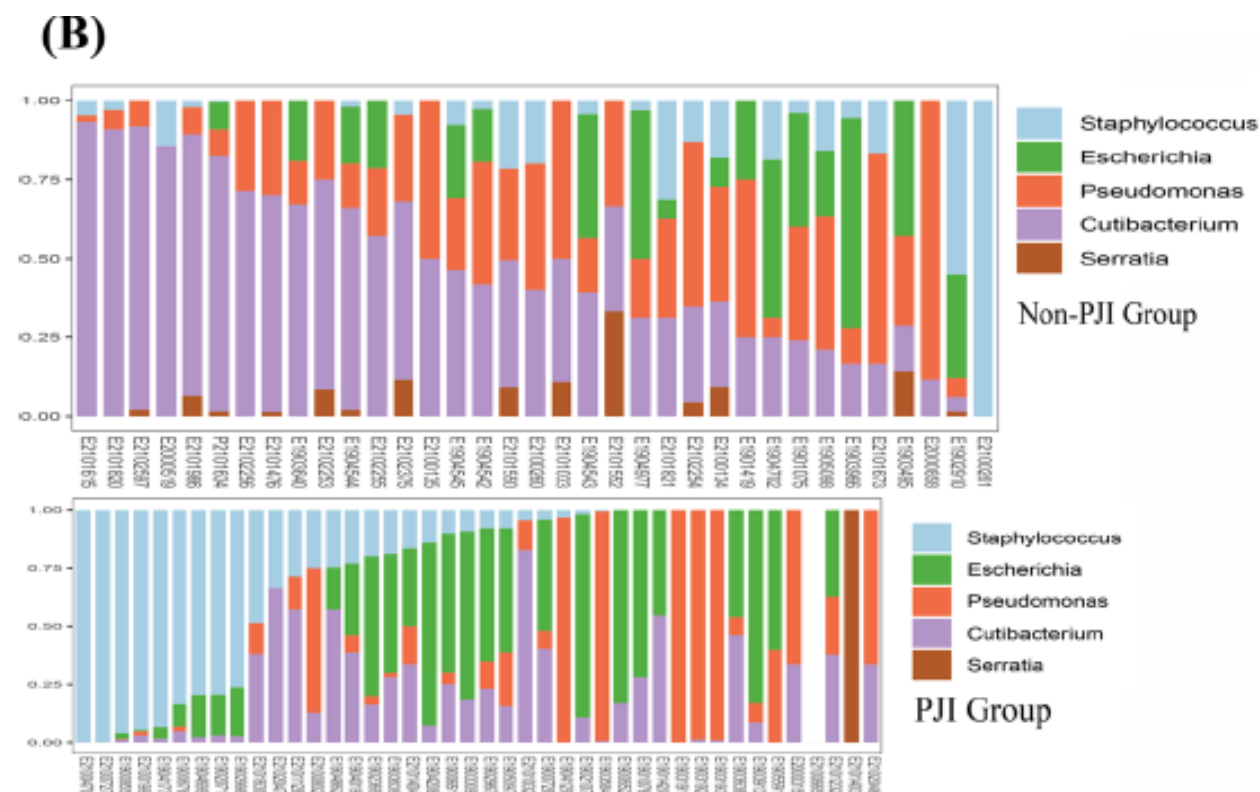
# Patients infectés (PJI) vs non infectés (non-PJI) hébergent un microbiote différent



- *S. aureus* + abondant dans PJI
- *C. acnes* + abondant dans non-PJI

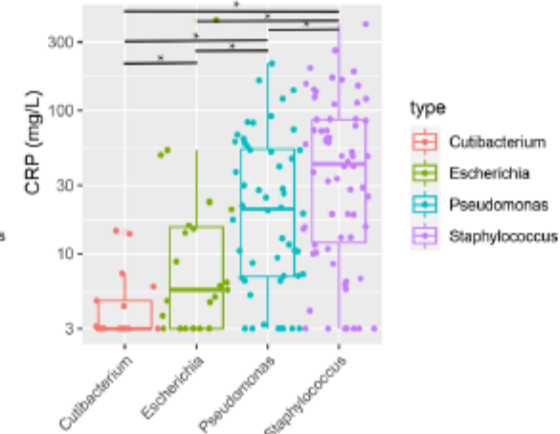
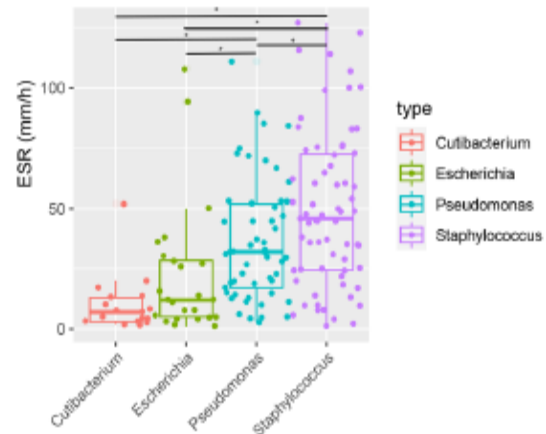
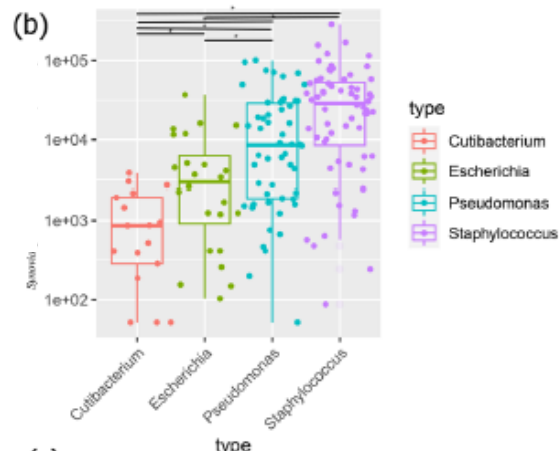
# Différents types de microbiotes

1. Type *Cutibacterium*: non-PJI
2. Type *Staphylococcus* : PJI (n=10)
3. Type *Escherichia* : PJI
4. Type *Pseudomonas* : PJI



# Microbiote et corrélation avec inflammation

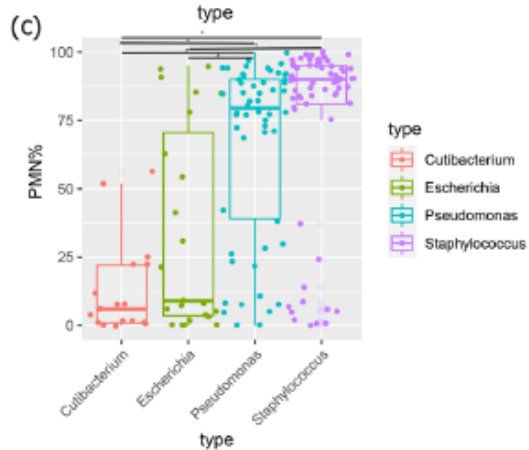
Liquide  
articulaire:  
Leuco/mm<sup>3</sup>



VS

CRP sérique

% PNN



- Les patients avec les microbiotes types *Staphylococcus* et *Pseudomonas* présentent une réponse inflammatoire!



# Conclusion

- Caractérisation du microbiome de l'environnement périprothétique chez les patients ayant subi une arthroplastie totale
- Identification de 4 types bactériens: *Staphylococcus*, *Pseudomonas*, *Escherichia*, *Cutibacterium*



## HHS Public Access

Author manuscript

*Proteomics Clin Appl.* Author manuscript; available in PMC 2023 September 28.

Published in final edited form as:

*Proteomics Clin Appl.* 2023 September ; 17(5): e2200071. doi:10.1002/prca.202200071.

### **Mass Spectrometry-Based Proteomic Profiling of Sonicate Fluid Differentiates *Staphylococcus aureus* Periprosthetic Joint Infection from Non-Infectious Failure: A pilot study**

Cody R. Fisher<sup>a,b</sup>, Kiran K. Mangalparthi<sup>c</sup>, Kerryl E. Greenwood-Quaintance<sup>b</sup>, Matthew P. Abdel<sup>e</sup>, Akhilesh Pandey<sup>c,d</sup>, Robin Patel<sup>b,f,#</sup>

- Etude pilote, Mayo Clinic
- Liquides de sonication: 4 infections de prothèses à *S. aureus*, 4 descellements aseptiques (hanches et genoux)
- LC-MS/MS
- Identification des protéines par le logiciel MaxQuant



# HHS Public Access

Author manuscript

*Proteomics Clin Appl.* Author manuscript; available in PMC 2023 September 28.

Published in final edited form as:

*Proteomics Clin Appl.* 2023 September ; 17(5): e2200071. doi:10.1002/prca.202200071.

## Mass Spectrometry-Based Proteomic Profiling of Sonicate Fluid Differentiates *Staphylococcus aureus* Periprosthetic Joint Infection from Non-Infectious Failure: A pilot study

Cody R. Fisher<sup>a,b</sup>, Kiran K. Mangalparthi<sup>c</sup>, Kerryl E. Greenwood-Quaintance<sup>b</sup>, Matthew P. Abdel<sup>e</sup>, Akhilesh Pandey<sup>c,d</sup>, Robin Patel<sup>b,f,#</sup>

- Résultats:



- **810 protéines** identifiées dans au moins 3 des 4 échantillons de chaque groupe
- Dont 35 étaient quantitativement différentes:
  - 15 ↑ dans infections à *S. aureus* dont la calprotectine
  - 20 ↓<sup>?</sup>
- Analyse par Gene Ontology: les processus biologiques liés à l'activité antimicrobienne des neutrophiles, tels que l'activation et la dégranulation, sont plus importants dans l'infection à *S. aureus* que dans les descellements aseptiques.

- Conclusion:

Les profils protéomiques obtenus en LC-MS/MS permettent de différencier les infections de prothèse à *S. aureus* des descellements septiques dans cette étude pilote.



# Clinical, Bacteriological, and Genetic Characterization of Bone and Joint Infections Involving Linezolid-Resistant *Staphylococcus epidermidis*: a Retrospective Multicenter Study in French Reference Centers

François Coustillères,<sup>a</sup> Victor Renault,<sup>b</sup>  Stéphane Corvec,<sup>b</sup> Céline Dupieux,<sup>c</sup> Patricia Martins Simões,<sup>c</sup> Marie Frédérique Lartigue,<sup>d</sup> Chloé Plouzeau-Jayle,<sup>e</sup> Didier Tande,<sup>f</sup> Claudie Lamoureux,<sup>f</sup> Carole Lemarié,<sup>g</sup> Rachel Chenouard,<sup>g</sup> Frédéric Laurent,<sup>c</sup> Adrien Lemaigen,<sup>a</sup>  Pascale Bémer,<sup>h</sup> the CRIOGO (Centre de Référence des Infections Ostéo-articulaires du Grand Ouest) Study Team

- Emergence de nouvelles populations clonales de *S. epidermidis* hautement résistant au linézolide



**Merci pour votre attention**