

Performances et impact thérapeutique du BioFire Blood Culture Identification 2 (BCID2) Panel au cours du sepsis

François Caméléna

APHP, laboratoire de Bactériologie, Hôpital Saint-Louis - Lariboisière, Paris, France
Université de Paris, INSERM1137, IAME, Paris, France

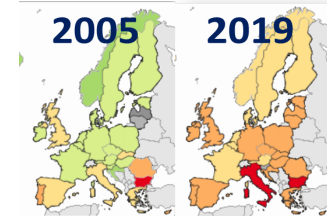
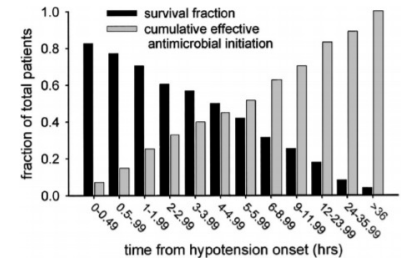
22ème JNI – BioMérieux symposium

Conflits d'intérêts

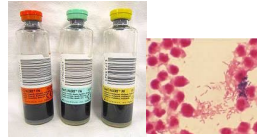
- Invitation à un séminaire de 2 jours: BioMérieux (2019)
- Invitation à présenter en congrès : BioMérieux (2021)

Introduction

- **Les bactériémies/fongémies sont associées à des risques importants de morbidité et de mortalité et à une augmentation significative de la durée du séjour.**
(Goto et al, CMI, 2013; Vrijens et al, JHI, 2010)
- **L'administration tardive d'une antibiothérapie efficace augmente le risque de mortalité.**
(Kumar et al, CCM, 2006; Rhodes et al, ICM, 2016)
- **La résistance aux antibiotiques augmente dans toutes les régions du monde.**
(CDC, WHO)
- **Jusqu'à 30 % des thérapies empiriques sont inappropriées en cas de bactériémie.**
(Cattoir et al, EJCMID, 2018; Honda et al, JIC, 2018)
- **Des informations plus précoces sur l'identification des agents pathogènes et la détection de résistance aux antibiotiques peuvent réduire les délais de mise sous traitement efficace/optimal et la consommation de carbapénèmes.**
(Garnier et al, BMJ, 2019)



Prise en charge des hémocultures - identification



H0

H14

H24

H36



Directement à partir de l'hémoculture (<4h)



A partir de culture précoce (4-6h)



A partir de culture (18-24h)

Prise en charge des hémocultures - identification

Direct MALDI-TOF MS identification
from positive blood cultures

ADVANTAGES

Very rapid
identification

Easy

Low additional cost

LIMITATIONS

Identification
difficulties with
some species

Confirmation might
be needed

Mixed cultures

MALDI-TOF MS identification
from positive blood cultures using
short sub-culture on solid medium

ADVANTAGES

Rapid identification

Very easy

Easy to integrate in
lab workflow

Confirmation
usually not needed

LIMITATIONS

Slow-growing
organisms

Mixed cultures

-24h)

Prise en charge des hémocultures - identification



H0



Contents lists available at ScienceDirect

Clinical Microbiology and Infection

journal homepage: www.clinicalmicrobiologyandinfection.com



Original article

Microbiological diagnostics of bloodstream infections in Europe—an ESGBIES survey^{*}

E.A. Idelevich¹, H. Seifert^{2,3}, M. Sundqvist⁴, L. Scudeller⁵, S. Amit⁶, A. Balode⁷, A. Bilozor⁸, P. Drevinek⁹, Z. Kocak Tufan¹⁰, A. Koraqi¹¹, B. Lamy¹², I. Mareković¹³, J. Miciulevičienė¹⁴, M. Müller Premru¹⁵, A. Pascual¹⁶, S. Pournaras¹⁷, V. Saegeman¹⁸, H.C. Schönheyder¹⁹, J. Schrenzel²⁰, T. Strateva²¹, R. Tilley²², W.J. Wiersinga²³, D. Zabicka²⁴, Y. Carmeli²⁵, K. Becker^{1,*}, on behalf of the ESCMID Study Group for Bloodstream Infections, Endocarditis and Sepsis (ESGBIES)

209 laboratoires issus de 25 pays européens

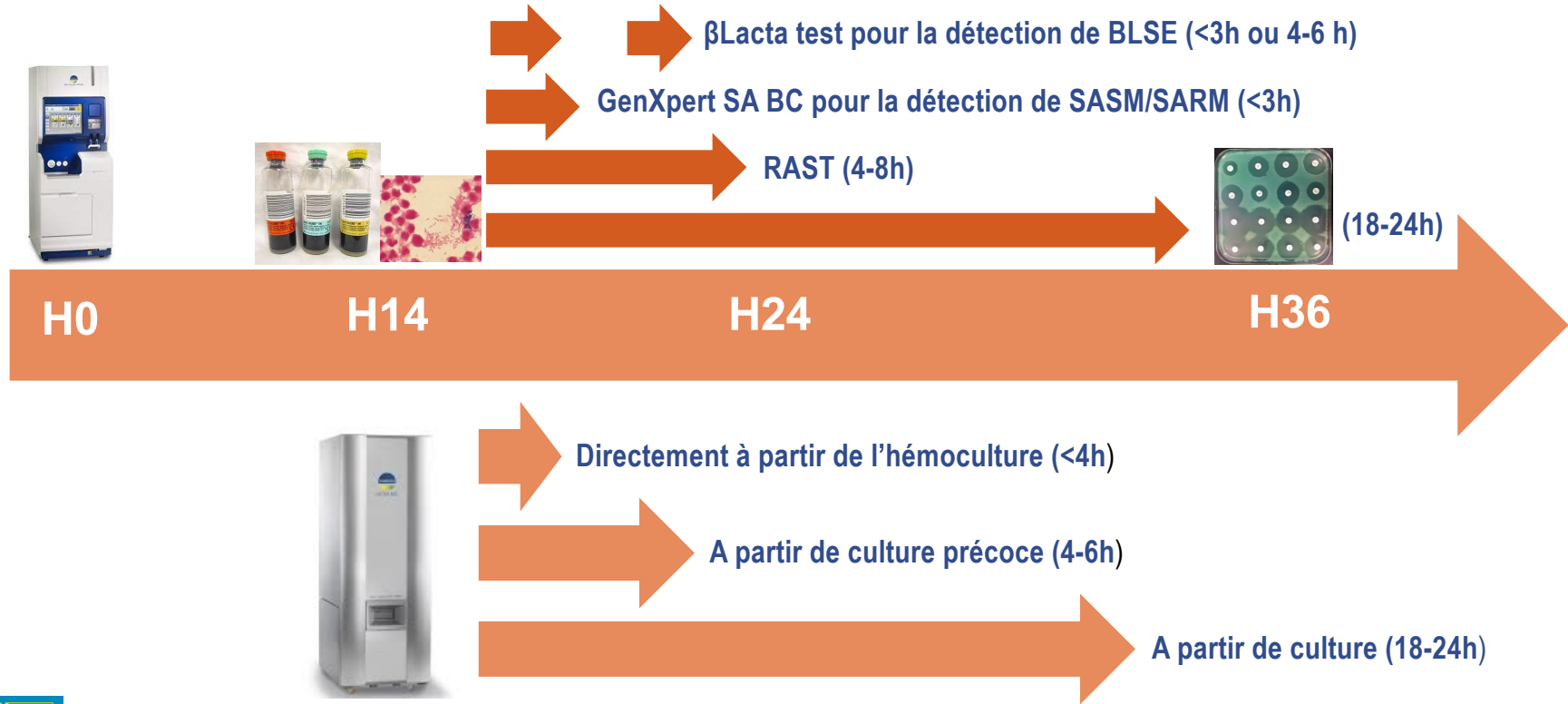
22% identification directement à partir de l'hémoculture

37% identification à partir de culture précoce

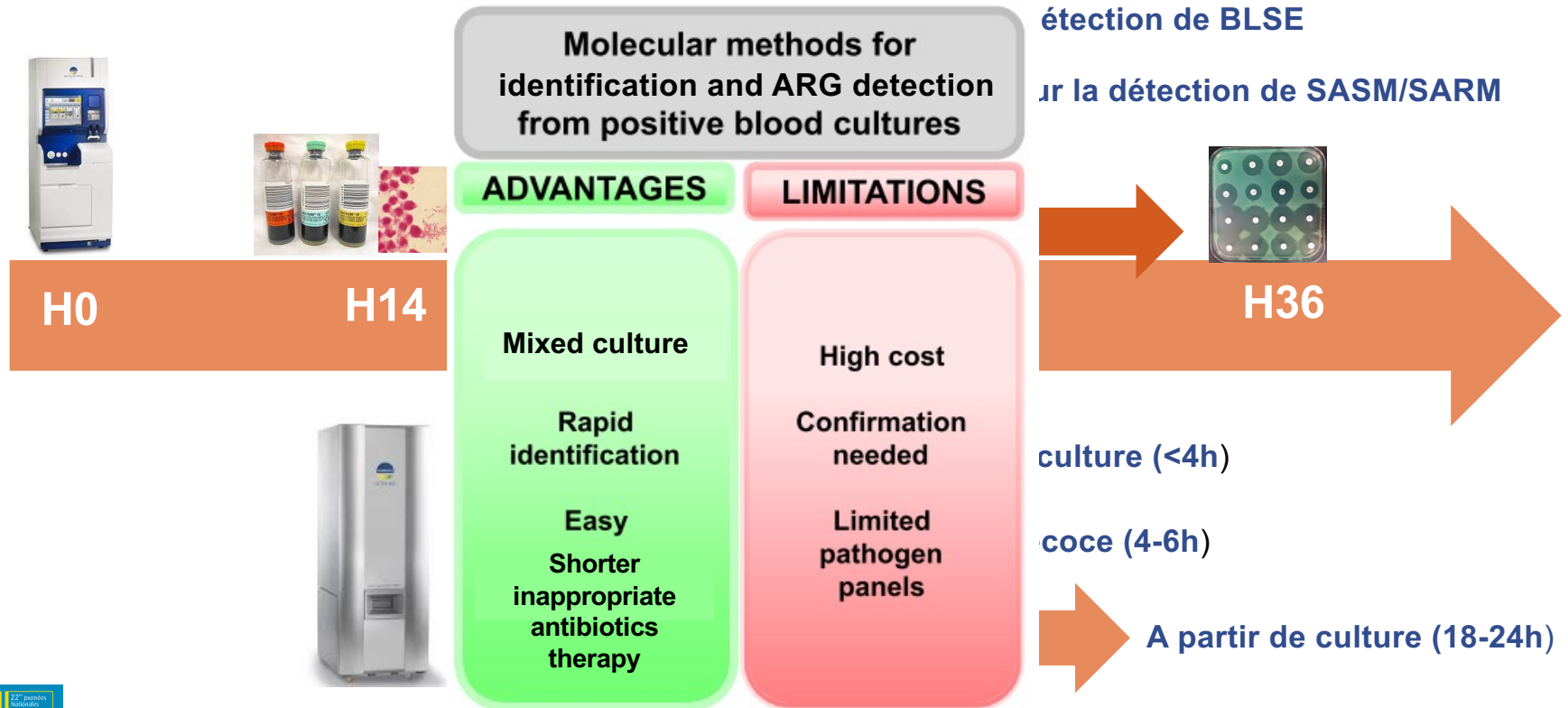
38% aucune identification rapide

ture (18-24h)

Prise en charge des hémocultures - antibiogramme



Prise en charge des hémocultures - antibiogramme



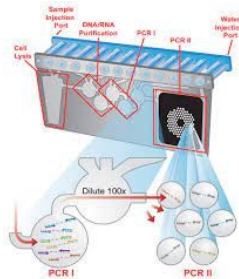
Adapté de Lamy et al, CMI, 2020



EVALUATION DES PERFORMANCES DU FILMARRAY BCID2 ET DE SON POTENTIEL IMPACT CLINIQUE SUR L'ANTIBIOTHERAPIE

FilmArray BCID2 panel

- Cible 33 pathogènes et 10 gènes de résistance (PCR nichées et courbes de fusion) en 60 min



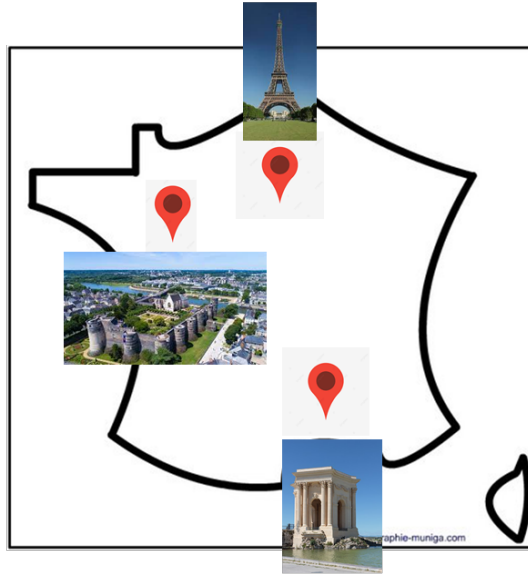
Gram Positive Bacteria				
<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Staphylococcus</i> spp.	<i>Streptococcus</i> spp.		
<i>Enterococcus faecium</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Streptococcus agalactiae</i> (Group B)		
<i>Listeria monocytogenes</i>	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>		
	<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	<i>Streptococcus pyogenes</i> (Group A)		
Gram Negative Bacteria				
<i>Acinetobacter calcoaceticus-baumannii</i> complex		<i>Enterobacteriales</i>		
<i>Bacteroides fragilis</i>		<i>Enterobacter cloacae</i> complex		
<i>Haemophilus influenzae</i>		<i>Escherichia coli</i>		
<i>Neisseria meningitidis</i> (encapsulated)		<i>Klebsiella aerogenes</i>		
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>		<i>Klebsiella oxytoca</i>		
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>		<i>Klebsiella pneumoniae</i> group		
		<i>Proteus</i> spp.		
		<i>Salmonella</i> spp.		
		<i>Serratia marcescens</i>		
Yeast				
<i>Candida albicans</i>	<i>Candida krusei</i>	<i>Cryptococcus neoformans/gattii</i>		
<i>Candida auris</i>	<i>Candida parapsilosis</i>			
<i>Candida glabrata</i>	<i>Candida tropicalis</i>			
Antimicrobial Resistance Genes				
CTX-M	KPC	<i>mecA/C</i>	NDM	<i>vanA/B</i>
IMP	<i>mcr-1</i>	<i>mecA/C</i> and MREJ (MRSA)	OXA-48-like	VIM

Matériels et Méthodes



➤ Etude Multicentrique

- GH Saint-Louis – Lariboisière (Paris)
- Hôpital Saint-Joseph (Paris)
- CHU d'Angers
- CHU de Montpellier



➤ De Mars à Octobre 2020

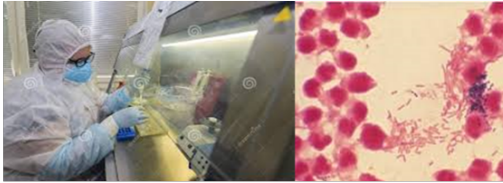


➤ Patients avec hémoculture positive

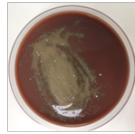
Matériels et Méthodes

Méthode standard

J-0



J-0 ou J-1

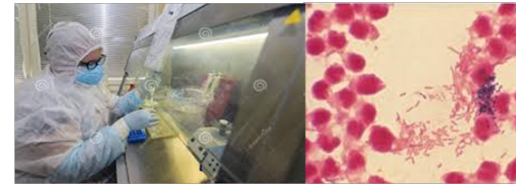


J-1 ou J-2



FilmArray BCID2

J-0



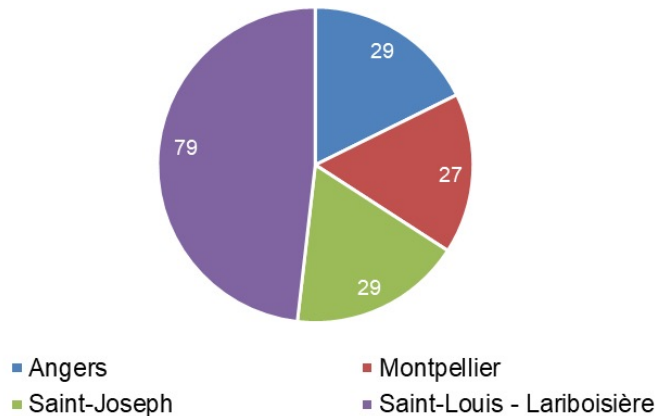
J-0



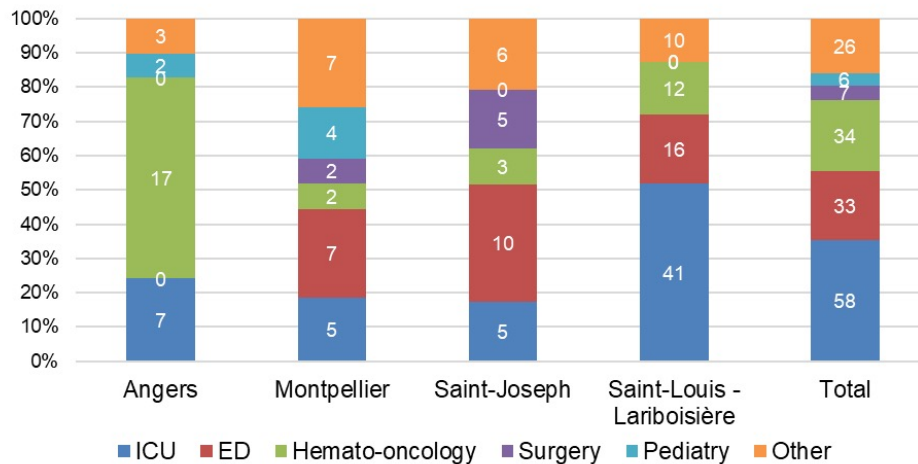
Caractéristiques des hémocultures

- 164 hémocultures positives ayant un résultat valide

Distribution of BSI by hospital



Distribution of BSI by medical department

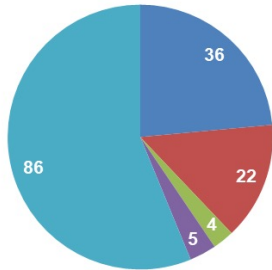


Caractéristiques des hémocultures

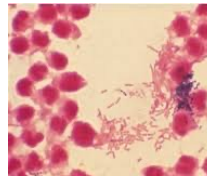
- **164 hémocultures positives :**
 - 72% (118/164) de flacons aérobies (FA plus)
 - 28% (46/164) de flacons anaérobies (FN plus)
 - 30% des flacons ont un volume optimal

- **Examen microscopique après coloration de Gram:**

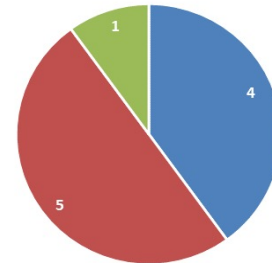
- Monomorphes ($n = 153$)



■ GPCCL ■ GPCCH ■ GPR ■ Yeast ■ GNR



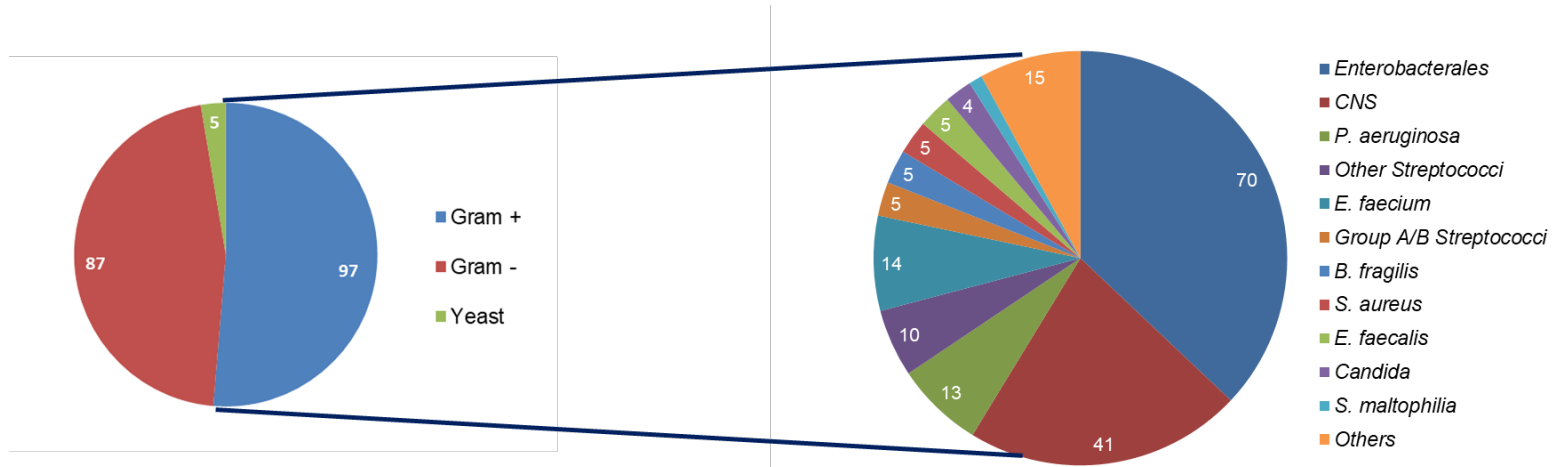
- Polymorphes ($n = 10$)



■ GNR + GPCCH ■ GNR + GPCCL ■ GPCCL + GPCCH

Identification des pathogènes

- 189 pathogènes identifiés par culture standard (MALDI-TOF MS)



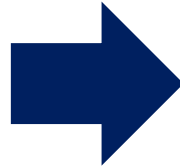
Pathogènes ciblés par le panel BCID2 mais non obtenus en culture :

A. baumannii, *K. oxytoca*, *H. influenzae*, *N. meningitidis*, *S. lugdunensis*, *S. pneumoniae* et des levures

➔ Plus de 92% des bactéries identifiées en culture étaient incluses dans le panel BCID2 (genre ou espèce)

Hors-panel : “vrai” pathogène ou contaminant ?

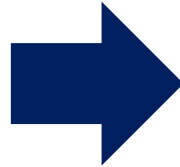
- **Pathogènes hors-panel (n=15):**
 - *Achromobacter* sp. (n=1)
 - *Sphingomonas* sp. (n=1)
 - *M. osloensis* (n=1)
 - *Paenibacillus* sp. (n=1)
 - *C. sputigena* (n=2)
 - *C. acnes* (n= 2)
 - *Corynebacterium* sp. (n=2)
 - *C. jejuni* (n=1)
 - *C. perfringens* (n=1)
 - *Fusarium* sp.(n=1)
 - *B. uniformis* (n=1)
 - *E. lenta* (n=1)



Hors-panel : “vrai” pathogène ou contaminant ?

- Pathogènes hors-panel (n=15):

- *Achromobacter* sp. (n=1)
- *Sphingomonas* sp. (n=1)
- *M. osloensis* (n=1)
- *Paenibacillus* sp. (n=1)
- *C. sputigena* (n=2)
- *C. acnes* (n= 2)
- *Corynebacterium* sp. (n=2)
- *C. jejuni* (n=1)
- *C. perfringens* (n=1)
- *Fusarium* sp.(n=1)
- *B. uniformis* (n=1)
- *E. lenta* (n=1)



➤ Contaminants

➤ Pathogènes
morphologiquement
reconnaisables

➤ “vrais” pathogènes manqués

Performances - panel BCID2

- Performance du panel BCID2 comparé à la culture standard

PPA: Positive Percent Agreement

$$TP/(TP+FN)*100$$

NPA: Negative Percent Agreement

$$TN/(TN+FP)*100$$

OPA: Overall Percent Agreement

$$(TP+TN)/(TP+TN+FP+FN)*100$$

Cohen's Kappa

$$(Po-Pe)/(1-Pe)$$

$$Po : (TN + TP)/N$$

$$Pe: [(TN+FN)*(TN+FP)+(FN + TP)*(FP + TP)]/N2$$

Performances - identification des BGN

Organisms	BCID2+ Culture+	BCID2+ Culture-	BCID2- Culture +	BCID2- Culture-	PPA (IC95%)	NPA (IC95%)	OPA (IC95%)	K (IC95%)
Enteric bacteria	64	0	3	96	96 (87 - 99)	100 (96 - 100)	98 (95 - 100)	0.96 (0.92 - 1)
• <i>Enterobacter cloacae</i> complex	13	0	0	150	100 (75 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
• <i>Escherichia coli</i>	31	0	1	131	97 (84 - 99)	100 (97 - 100)	99 (97 - 100)	0.96 (0.94 - 1)
• <i>Klebsiella aerogenes</i>	3	0	0	160	100 (29 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
• <i>Klebsiella pneumoniae</i> group	8	0	0	155	100 (63 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
• <i>Proteus</i> sp.	3	0	0	160	100 (29 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
• <i>Salmonella</i>	1	0	0	162	100 (0 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
• <i>Serratia marcescens</i>	5	0	0	158	100 (48 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	13	0	0	150	100 (75 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	2	0	0	161	100 (16 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
<i>Bacteroides fragilis</i>	5	0	0	158	100 (48 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)

Performances - identification des bactéries à Gram +

Organisms	BCID2+ Culture+	BCID2+ Culture-	BCID2- Culture +	BCID2- Culture-	PPA (IC95%)	NPA (IC95%)	OPA (IC95%)	K (IC95%)
<i>Staphylococcus sp.</i>	44	1	0	118	100 (92 - 100)	99 (95 - 100)	99 (97 - 100)	0.98 (0.95 - 0.98)
• <i>S. aureus</i>	4	0	1	158	80 (28 - 99)	100 (98 - 100)	99 (97 - 100)	0.89 (0.66 - 1)
• <i>S. epidermidis</i>	22	2	0	139	100 (85 - 100)	99 (95 - 100)	99 (96 - 100)	0.94 (0.88 - 0.98)
<i>Streptococcus</i>	14	1	1	147	93 (68 - 100)	99 (96 - 100)	99 (96 - 100)	0.93 (0.83 - 1)
• <i>S. agalactiae</i>	1	0	0	162	100 (0 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
• <i>S. pyogenes</i>	4	0	0	159	100 (40 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
<i>Enterococcus faecalis</i>	5	0	0	158	100 (48 - 99)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
<i>Enterococcus faecium</i>	13	0	1	149	93 (66 - 99)	100 (98 - 100)	99 (97 - 100)	0.96 (0.88 - 0.98)
<i>Listeria monocytogenes</i>	1	0	0	162	100 (0 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)

Performances - identification des bactéries à Gram +

Organisms	BCID2+ Culture+	BCID2+ Culture-	BCID2- Culture +	BCID2- Culture-	PPA (IC95%)	NPA (IC95%)	OPA (IC95%)	K (IC95%)
Staphylococcus sp.	44	1	0	118	100 (92 - 100)	99 (95 - 100)	99 (97 - 100)	0.98 (0.95 - 0.98)
• <i>S. aureus</i>	4	0	1	158	80 (28 - 99)	100 (98 - 100)	99 (97 - 100)	0.89 (0.66 - 1)
• <i>S. epidermidis</i>	22	2	0	139	100 (85 - 100)	99 (95 - 100)	99 (96 - 100)	0.94 (0.88 - 0.98)
Streptococcus	14	1	1	147	93 (68 - 100)	99 (96 - 100)	99 (96 - 100)	0.93 (0.83 - 1)
• <i>S. agalactiae</i>	1	0	0	162	100 (0 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
• <i>S. pyogenes</i>	4	0	0	159	100 (40 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
Enterococcus faecalis	5	0	0	158	100 (48 - 99)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)
Enterococcus faecium	13	0	1	149	93 (66 - 99)	100 (98 - 100)	99 (97 - 100)	0.96 (0.88 - 0.98)
Listeria monocytogenes	1	0	0	162	100 (0 - 100)	100 (98 - 100)	100 (98 - 100)	1 (1 - 1)

Performances - détection des gènes de résistance

- **Récupération des données en cours...**

- 7 *bla*_{CTX-M} détectés
- 19 *mecA/C* détectés
- Collecte des antibiogrammes en cours



- **Données sur les hémocultures positives du GH Saint-Louis - Lariboisière**

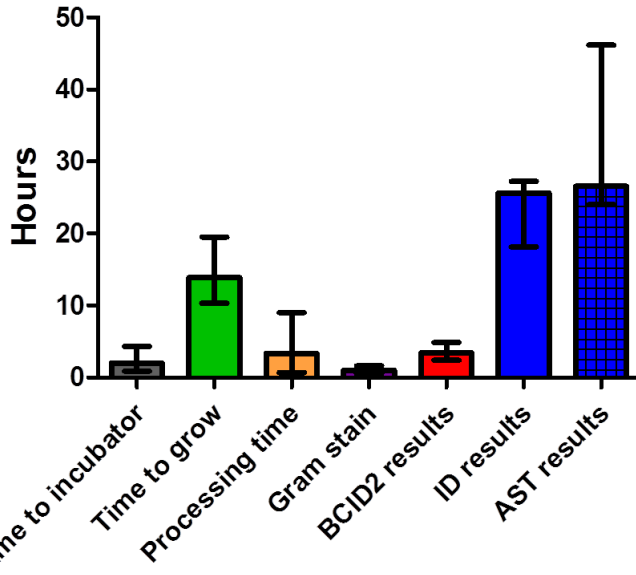
- 8 *mecA/C* chez *S. epidermidis* détectés → 8 *S. epidermidis* Meticillin-resistant en culture
- 1 *bla*_{CTX-M} chez *K. pneumoniae* détecté → 1 *K. pneumoniae* BLSE en culture
- 1 *bla*_{CTX-M} chez *S. marcescens* détecté → 1 *S. marcescens* WT and 1 *C. freundii* HCase



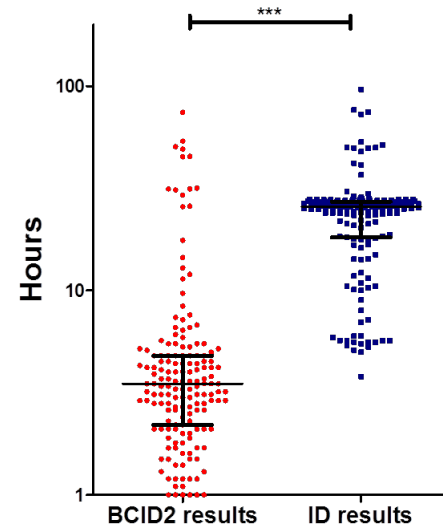
Evaluation à finaliser avec l'ensemble des données

Comparaison des délais de rendu (TAT)

Median processing and TAT



Median TAT for identification



*** $p < 0.001$, Student's test

Impact clinique potentiel sur l'antibiothérapie

- **Antibiothérapie empirique potentiel**

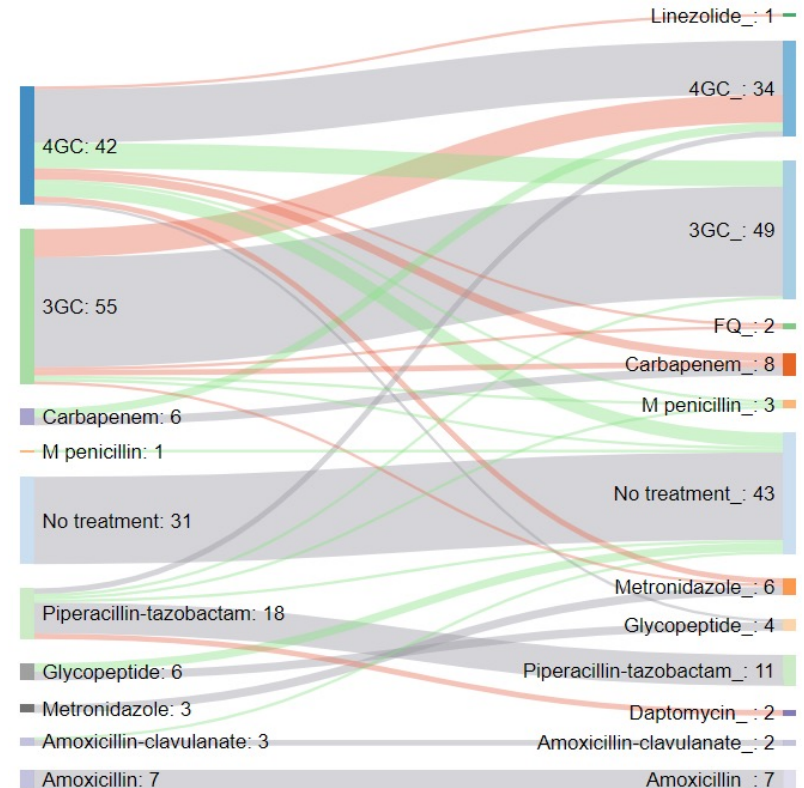
- Données médicales et microbiologiques disponibles
- Avec le résultat du BCID2

- **Comité multidisciplinaire:**

- Réanimateur (Dr F. Dépret),
- Infectiologue (Dr M. Lafaurie)
- Microbiologiste (Dr F. Caméléna)

- **133 bactériémies traitées :**

- 63% (84/133) Pas de changement
- 37% (49/133) Modifications :
 - ~50% escalade (rouge)
 - ~50% désescalade (vert)



BCID1 vs BCID2

- 90 hémocultures congelées incluant 35 polymicrobiennes (échantillons sélectionnés)
- 132 pathogènes détectés
- OPA de 100% pour l'identification des pathogènes et pour la détection des gènes de résistance (Pour BCID1 et BCID2)
- *mecA* non rapporté par le BCID2 quand *Staphylococcus* seul est détecté

Reference method (no. of results)	FilmArray BCID2 panel (no. of results)	FilmArray BCID panel (no. of results)
Gram-negative organisms (77)		
<i>Acinetobacter baumannii</i> (3)	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i> - <i>Acinetobacter baumannii</i> complex (3)	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i> - <i>Acinetobacter baumannii</i> complex (3)
<i>Bacteroides fragilis</i> (8)	<i>Bacteroides fragilis</i> (8)	–
<i>Citrobacter freundii</i> (1)	Enterobacterales (1)	Enterobacteriaceae (1)
Enterobacter cloacae complex (2)	Enterobacter cloacae complex (2)	Enterobacter cloacae complex (2)
<i>Escherichia coli</i> (11)	<i>Escherichia coli</i> (11)	<i>Escherichia coli</i> (11)
<i>Klebsiella aerogenes</i> (9)	<i>Klebsiella aerogenes</i> (9)	Enterobacteriaceae (9)
<i>Klebsiella oxytoca</i> (3)	<i>Klebsiella oxytoca</i> (3)	<i>Klebsiella oxytoca</i> (3)
<i>Klebsiella pneumoniae</i> (14)	<i>Klebsiella pneumoniae</i> group (14)	<i>Klebsiella pneumoniae</i> (14)
<i>Klebsiella variicola</i> (8)	<i>Klebsiella pneumoniae</i> group (8)	<i>Klebsiella pneumoniae</i> (8) ^b
<i>Ochrobactrum anthropi</i> (1)	–	–
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (1)	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (1)	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (1)
<i>Salmonella</i> spp. (8)	<i>Salmonella</i> (8)	Enterobacteriaceae (8)
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> (8)	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> (8)	–
Gram-positive organisms (54)		
<i>Brevibacterium casei</i> (1)	–	–
<i>Enterococcus faecalis</i> (9)	<i>Enterococcus faecalis</i> (9)	<i>Enterococcus</i> (9)
<i>Enterococcus faecium</i> (8)	<i>Enterococcus faecium</i> (8)	<i>Enterococcus</i> (8)
<i>Staphylococcus aureus</i> (9)	<i>Staphylococcus aureus</i> (9)	<i>Staphylococcus aureus</i> (9)
<i>Staphylococcus epidermidis</i> (11)	<i>Staphylococcus epidermidis</i> (11)	<i>Staphylococcus</i> (11)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i> (4)	<i>Staphylococcus</i> (4)	<i>Staphylococcus</i> (4)
<i>Staphylococcus lugdunensis</i> (9)	<i>Staphylococcus lugdunensis</i> (9)	<i>Staphylococcus</i> (9)
<i>Staphylococcus pasteurii</i> (1)	<i>Staphylococcus</i> (1)	<i>Staphylococcus</i> (1)
<i>Staphylococcus pettenkoferi</i> (1)	<i>Staphylococcus</i> (1)	<i>Staphylococcus</i> (1)
<i>Streptococcus salivarius</i> (1)	<i>Streptococcus</i> (1)	<i>Streptococcus</i> (1)
Total organisms (131)	Total organisms (129)	Total organisms (113)
Antimicrobial resistance genes (53)		
<i>bla</i>_{CTX-M-15} (11)	CTX-M (11)	–
<i>bla</i>_{CTX-M-27} (5)	CTX-M (5)	–
<i>bla</i>_{OXA-3} (6)	KPC (6)	KPC (6)
<i>bla</i>_{OXA-31} (2)	KPC (2)	KPC (2)
<i>bla</i>_{NDM-1} (3)	NDM (3)	–
–	–	–
<i>bla</i>_{OXA-23} (4)	OXA-48-like (4)	–
<i>bla</i>_{VIM-1} (4)	VIM (4)	–
<i>mecA</i> (12)	<i>mecA/C</i> (6), <i>mecA/C</i> , and MREJ (5)	<i>mecA</i> (10) ^d
<i>vanA</i> (4)	<i>vanA/B</i> (4)	<i>vanA/B</i> (4)
Total genes (53)	Total genes (50)	Total genes (22)

Cortazzo et al, JCM, 2021

Performances du panel BCID2

> J Clin Microbiol. 2021 May 12;JCM.00543-21. doi: 10.1128/JCM.00543-21. Online ahead of print.

Usefulness of Biofire FilmArray BCID2 for blood culture processing in clinical practice

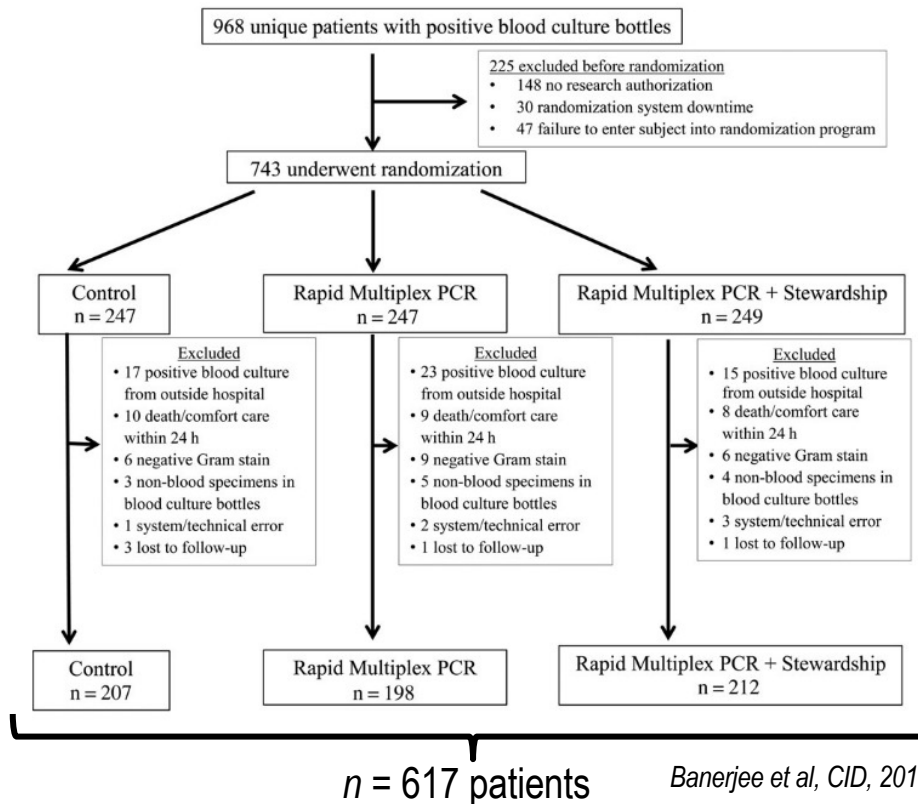
Benjamin Berinson ¹, Anna Both ¹, Laura Berneking ¹, Martin Christner ¹, Marc Lütgehetmann ¹, Martin Aepfelbacher ¹, Holger Rohde ²



- **Etude prospective monocentrique**
 - Critères d'inclusion : Réa/Urg, > 18 ans, absence d'hémoculture positive dans les 7 jours et un délai de positivité < 20 heures
- **180 hémocultures incluant 31 polymicrobiennes**
- **88% d'identifications correctes (154/180) pour les organismes du panel**
 - Discordants correspondant principalement à des SCN mal identifiés (polymicrobiens++)
- **Tous les gènes de résistance détectés (13 *bla*_{CTX-M} 1 *bla*_{OXA-48} 1 *bla*_{VIM})**
 - 1 *bla*_{CTX-M} détecté par BCID2 considéré comme un faux positif
- **Aucune évaluation de l'impact clinique**

Impact clinique du panel BCID1

- **Essai randomisé:**
 - 3 bras: Standard, BCID1, BCID1+Equipe Mobile (EM)
- **Objectif principal:**
 - Durée de l'antibiothérapie
- **Objectifs secondaires:**
 - Délais pour escalder / désescalader
 - Durée de séjour
 - Mortalité
 - Coûts
- **Laboratoire ouvert 24/7**



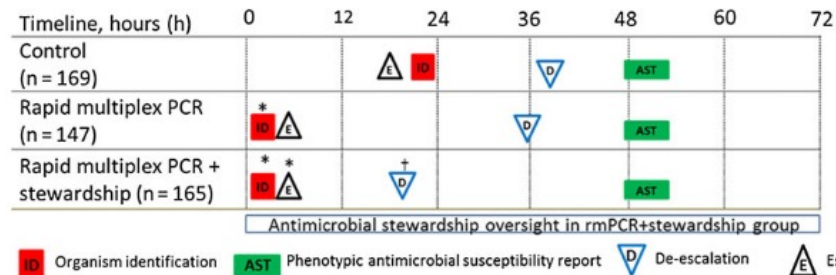
Banerjee et al, CID, 2015

Impact clinique du panel BCID1

- Diminution des délais :
 - Identification
 - Escalades
 - Désescalade (bras BCID1 + EM)

- Aucun effet sur la mortalité, la durée de séjour, ni les coûts

- Limites :
 - Pas de bras contrôle avec EM
 - 1/3 des patients en Réa
 - Pas d'identification rapide
 - EM 24/7!
 - BCID1 panel

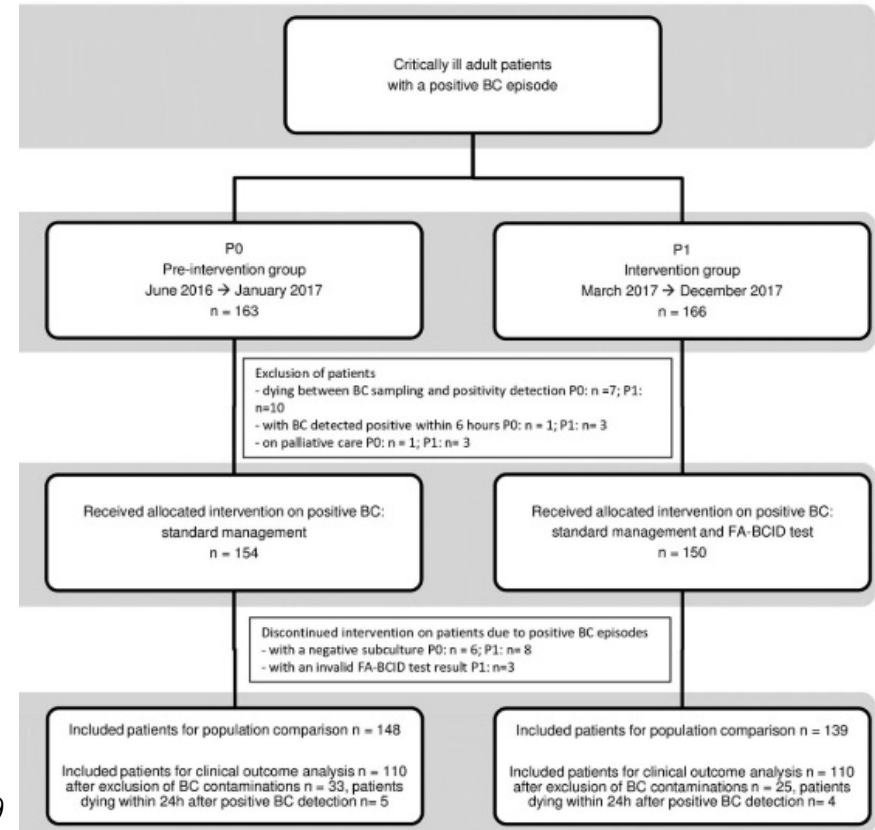


Outcome	Control	Rapid Multiplex PCR	Rapid Multiplex PCR + Stewardship	P Value Comparing 3 Groups
Antibiotic modifications				
Time to first appropriate de-escalation ^d (n = 344)	34 (21–55)	38 (22–66)	21 (7–37) ^{c,e}	<.0001
Time to first appropriate escalation ^f (n = 122)	24 (3–67)	6 (2–36)	5 (2–22) ^c	.04
Time to administration of active antibiotics (n = 123) ^g	11 (2–51)	6 (2–31)	4 (2–20)	.55
Contaminated blood cultures not treated or treated for <24 h, No. (%) ^h	47 (75)	49 (89) ^c	57 (92) ^c	.015
Microbiologic outcomes				
Length of stay (entire hospitalization), d, median (IQR)	8 (5–15)	8 (5–15)	8 (5–16)	.60
Length of stay (after enrollment), d, median (IQR)	7 (4–12)	6 (4–12)	7 (4–12)	.61
Intensive care unit admission within 14 d after enrollment	16 (7.7)	5 (2.5)	10 (4.7)	.06
Length of stay in intensive care unit (after enrollment), d, median (IQR)	3 (2–4)	2 (1–5)	3 (2–4)	.90
30-day mortality	22 (10.6)	20 (10.1)	18 (8.5)	.74
30-day attributable mortality	7 (3.4)	7 (3.5)	2 (0.9)	.42
30-day readmission for infection with same organism	6 (2.9)	6 (3)	8 (3.8)	.88
Toxicity/adverse drug reaction ^g	3 (1.4)	3 (1.5)	2 (0.9)	.82
Cost per hospitalized patient, mean (median)				
Overall hospitalization costs	\$65 450 (\$27 192)	\$66 887 (\$23 935)	\$68 729 (\$29 064)	.78

Banerjee et al, CID, 2015

Impact clinique du panel BCID1 en réanimation

- **Etude interventionnelle avant/après :**
 - 2 périodes : PEC conventionnelle et PEC conventionnelle + BCID1
 - 287 patients inclus
- **Objectif principal :**
 - Délais de mise sous antibiothérapie optimale (OAT)
- **Objectif secondaire :**
 - Délais d'identification
- **Labo ouvert 15 heures par jour, 7/7**
- **BCID1 réalisé 24/7**



Verroken et al, PlosOne, 2019

Impact clinique du panel BCID1 en réanimation

- **35 épisodes avec changement AB:**

- 26 => choix optimal
- 5 => spectre trop large
- 4 => spectre trop étroit

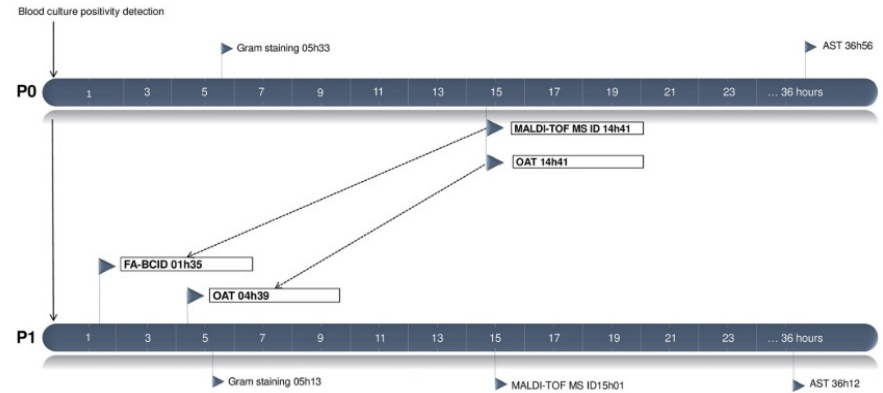
- **Diminution délais d'identification**

- 85% des organismes dans le panel
- 96% identifiés correctement par BCID1

- **Pas d'effet sur la mortalité à J-30**

- **Limites :**

- Pas d'évaluation sur la durée de séjour, les ICD, panel BCID1 ou le coût,



Verroken et al, PlosOne, 2019

- **BCID1 fait en 24/7**

- **Intérêts :** 80% changement d'AB en dehors des heures d'ouverture du laboratoire
- **Limites :** équipes formées et séniorisées

Conclusion – panel BCID2

- **Le panel FilmArray BCID2 montre de très bonnes performances pour identifier les pathogènes et les gènes de résistance.**
- **Outil pouvant faciliter le rendu des hémocultures positives en 24/7**
- **Impact clinique sur le délai d'administration d'une antibiothérapie effective / optimal....**
 - Utile chez les patients sévères : immunodéprimés, soins critiques
 - Plus adapté pour escalade que désescalade
- **....mais l'impact clinique sur la mortalité, la durée de séjour, et les coûts restent à démontrer**
- **Les améliorations importantes à développer dans le futur:**
 - Diminuer le délai entre le prélèvement et la positivité de l'hémoculture (pré-analytique)
 - Diminuer le délai entre le résultat de l'hémoculture et la modification de l'antibiothérapie (post-analytique)
 - Développer une méthode rapide, facile et accessible pour l'identification de pathogène directement à partir du sang (NGS, RMN... ?)

Remerciements

- **GH Saint-Louis - Lariboisière**
 - Laboratoire de Bactériologie
 - Prof. Béatrice Berçot
 - Dr. Gauthier Péan de Ponfily
 - Dr. Hervé Jacquier
 - Tous les technicien(ne)s
 - Unité Interventionnelle d'Infectiologie U21
 - Dr. Matthieu Lafaurie
 - Réanimation chirurgicale et brûlés
 - Dr. François Dépret
- **Hôpital Saint-Joseph**
 - Laboratoire de Microbiologie
 - Prof. Alban Le Monnier
 - Dr. Gauthier Péan de Ponfily
- **CHU d'Angers**
 - Laboratoire de Bactériologie
 - Prof. Marie Kempf
 - Dr. Hélène Pailhores



- **CHU de Montpellier**
 - Laboratoire de Bactériologie
 - Prof. Sylvain Godreuil
 - Dr. Lucas Bonzon
- **L'Equipe BioMérieux**