

UN ANTIBIOGRAMME RAPIDE OPTIMISE-T-IL LA PRISE EN CHARGE THÉRAPEUTIQUE DES PATIENTS PRÉSENTANT UNE BACTÉRIÉMIE ?

FONTAINE C (1), LAYIOS N (2), GIOT J-B (3), MEEX C (1), DESCY J (1)

RÉSUMÉ : *Contexte :* Nous avons évalué la contribution d'un antibiogramme rapide réalisé directement à partir d'une hémoculture positive (HP), le dRAST™, dans la prise en charge des patients présentant une bactériémie. *Méthodes :* Nous avons comparé, rétrospectivement, le délai entre le prélèvement et la disponibilité des résultats d'antibiogramme («temps-pour-résultats», TPR) entre le dRAST™ et l'antibiogramme classique (Vitek®2), auprès de 150 patients présentant une bactériémie. Les antibiothérapies de ces 150 patients ont été classées en trois catégories (optimale, suboptimale, inefficace) en fonction du moment d'obtention des résultats de l'antibiogramme. *Résultats :* L'adaptation du traitement antibiotique en thérapie optimale suite au résultat de l'antibiogramme est survenue chez 46/100 (46 %) des HP à Gram négatif et chez 4/50 (2 %) des HP à Gram positif. Le TPR était significativement plus faible avec le dRAST™ par rapport à l'antibiogramme classique (29:35 (± 08:48) heures versus 50:55 (± 12:45) heures, $p < 0,001$). *Conclusion :* Pour les patients avec bactériémie nécessitant une adaptation de l'antibiothérapie empirique basée sur l'antibiogramme, le dRAST™ permettrait une administration plus rapide du traitement optimal.

MOTS-CLÉS : dRAST™ - Antibiogramme rapide - Antibiothérapie - Bactériémie

DOES A RAPID ANTIBIOTIC SUSCEPTIBILITY TEST OPTIMIZE ANTIBIOTIC THERAPY OF PATIENTS WITH BACTEREMIA ?

SUMMARY : *Background:* We evaluated the contribution of a rapid antibiotic susceptibility test performed directly from a positive blood culture (PBC), the dRAST™, in the management of patients with bacteremia. *Methods:* We retrospectively compared the time from sampling to availability of antibiotic susceptibility test (AST) results («time-to-result», TTR) between dRAST™ and classic AST (Vitek®2), in 150 patients with bacteremia. The antibiotic treatment of these 150 patients was classified into three categories (optimal, suboptimal, ineffective) according to the time of availability of AST results. *Results:* Adaptation of antibiotic treatment to optimal therapy following AST results occurred in 46/100 (46 %) of Gram-negative PBC and in 4/50 (2 %) of Gram-positive HP. TTR was significantly lower with dRAST™ compared with classic AST (29:35 (± 08:48) hours versus 50:55 (± 12:45) hours, $p < 0,001$). *Conclusion:* For patients with bacteremia requiring adjustment of empirical antibiotic therapy based on AST, dRAST™ could allow a faster administration of optimal therapy.

KEYWORDS : dRAST™ - Antibiotic therapy - Rapid antimicrobial susceptibility testing - Bloodstream infection

INTRODUCTION

Les bactériémies constituent un problème majeur de santé publique. Elles peuvent déclencher un syndrome de libération de cytokines associé à un dysfonctionnement d'organes appelé sepsis, entraînant une augmentation de la mortalité et de la morbidité, des hospitalisations prolongées et des coûts élevés pour les systèmes de soins de santé (1-4). De nombreuses études ont montré que l'administration rapide d'une antibiothérapie efficace est un facteur déterminant pour diminuer la mortalité; en effet, celle-ci augmente de 9 % par heure de retard de l'administration d'un antibiotique efficace (1-3, 5-8). Il est important de noter qu'environ 30 % des patients présentant une bactériémie ont une antibiothérapie empirique inappropriée, en particulier à l'ère des bactéries multirésistantes (2, 6, 7). À côté de la nécessité d'administrer un antibiotique efficace le plus

rapidement possible, il est primordial de veiller à réduire le spectre de l'antibiothérapie empirique dès que possible afin de prévenir l'émergence de résistance bactérienne (3, 6, 7). L'adaptation d'un traitement antimicrobien empirique en un traitement optimal (TO) a donc deux objectifs principaux : garantir le traitement le plus efficace, tout en veillant à choisir la molécule avec le spectre le plus étroit.

Afin de diagnostiquer une bactériémie et de connaître le microorganisme en cause, il est nécessaire de prélever des hémocultures. Chaque hémoculture est composée de deux flacons contenant du milieu de culture (l'un aérobie, et l'autre anaérobie) qui, une fois inoculés, sont incubés dans un automate à $35 \pm 1^\circ\text{C}$. La croissance bactérienne est détectée de manière automatisée. Les hémocultures positives (HP) sont alors cultivées sur milieux gélosés et un examen microscopique de Gram est réalisé. C'est après croissance sur gélose que l'identification par MALDI-TOF MS peut être réalisée et qu'un antibiogramme peut être ensemencé. Les modalités de prise en charge d'une hémoculture au laboratoire sont schématisées sur la **Figure 1**.

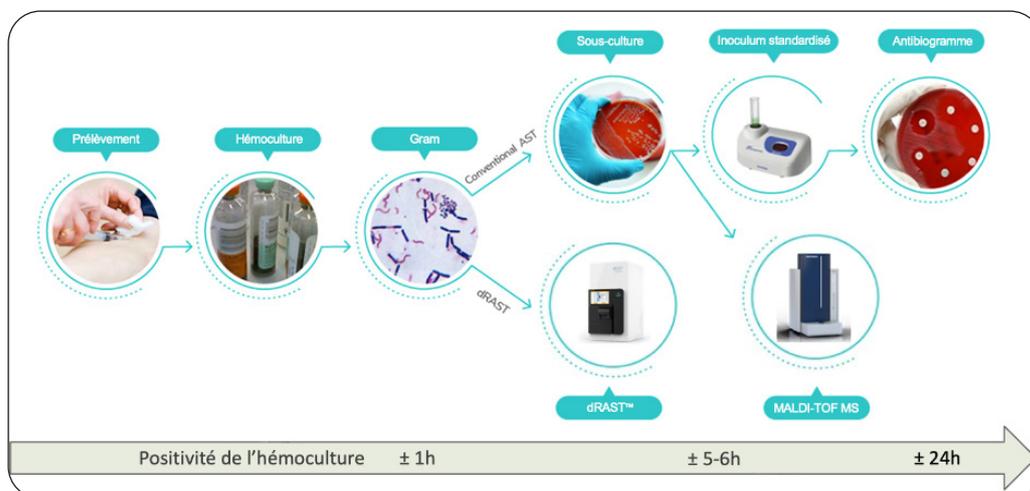
Le résultat de l'antibiogramme conventionnel est, au plus tôt, disponible le lendemain matin de la positivité de l'hémoculture car une étape de sous-culture est nécessaire. En effet, les

(1) Service de Microbiologie clinique, et Centre Interdisciplinaire de Recherche sur le Médicament (CIRM), CHU Liège, Belgique.

(2) Service des Soins intensifs, CHU Liège, Belgique.

(3) Service d'Infectiologie, CHU Liège, Belgique.

Figure 1. Prise en charge d'une hémoculture au Laboratoire de Microbiologie clinique du CHU de Liège



méthodes conventionnelles d'antibiogrammes nécessitent un inoculum bactérien pur et standardisé et ils ne peuvent donc pas être réalisés directement sur une HP contenant un inoculum bactérien variable. Par conséquent, des antibiogrammes rapides phénotypiques basés sur la croissance bactérienne en présence d'un antibiotique (par exemple : diffusion sur disque Kirby-Bauer ou dRAST™) ou sur la détection génotypique d'un mécanisme de résistance (par exemple : PCR multiplex), directement à partir d'HP, ont été développés afin de réduire le délai d'obtention des résultats microbiologiques (9, 10). Outre ces méthodes d'antibiogrammes rapides, d'autres techniques sont également utiles, notamment l'identification rapide des pathogènes par MALDI-TOF MS ou la détection rapide de marqueurs de résistance telle que la détection de la résistance à la méthicilline chez *Staphylococcus aureus* (11, 12).

Le dRAST™ est une nouvelle technique d'antibiogramme qui fournit, en six heures, des concentrations minimales inhibitrices (CMI) directement à partir d'une HP. L'instrument analyse les changements morphologiques des bactéries sous des conditions variables d'antibiotiques (10).

Pour les HP à Gram positif, dans la plupart des cas, l'identification du microorganisme par spectrométrie de masse MALDI-TOF suffit pour adapter l'antibiothérapie empirique. En effet, les staphylocoques, les streptocoques et les entérocoques présentent des profils de résistance aux antibiotiques prédictibles. En cas de bactériémie, il est donc assez aisé de choisir l'antibiothérapie appropriée (basée sur l'épidémiologie locale) une fois que l'identification est confirmée.

Par contre, pour les HP à Gram négatif, un antibiogramme est nécessaire : en effet, avec des profils de résistance beaucoup plus variables, la coloration de Gram et l'identification ne permettent généralement pas de sélectionner l'antibiotique optimal (13). Par conséquent, pour permettre une adaptation rapide de l'antibiothérapie empirique, une identification et un antibiogramme rapides sont nécessaires (14-17).

MATÉRIELS ET MÉTHODES

POPULATION

Cette étude rétrospective inclut 150 patients avec HP hospitalisés au Centre Hospitalier Universitaire de Liège (CHU de Liège). Nous avons sélectionné les patients avec HP pour tous les bacilles Gram négatif, *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus spp.*, ou les staphylocoques coagulase négative pour lesquels un antibiotique a été poursuivi au moins 48 heures après identification afin d'exclure les HP avec des germes contaminants (18). Seule la première HP de chaque patient a été incluse. L'antibiogramme a été réalisé sur le dRAST™ (QuantaMatrix, Corée du Sud) et sur notre antibiogramme classique (Vitek®2, bioMérieux, France).

PRISE EN CHARGE DES HP AU LABORATOIRE

Toutes les hémocultures sont inoculées en bouteilles aérobie et anaérobie (BacT/Alert® FA/FN Plus, bioMérieux, France) et incubées cinq jours dans l'automate BacT/Alert® (bioMérieux, France). Cet instrument permet une détection

automatisée de la positivité des hémocultures, et émet un signal sonore et lumineux dès qu'une croissance est détectée. Au Laboratoire de Microbiologie clinique du CHU de Liège, les HP sont prises en charge de 8 heures à 21 heures. Cette prise en charge consiste en la réalisation d'un examen direct après coloration de Gram et d'une sous-culture sur boîtes de Pétri. Pour l'identification et l'antibiogramme, trois situations sont possibles, selon l'heure de positivité du flacon :

- Pour les HP se positivant entre 8 heures et 10 heures, les microorganismes sont identifiés par MALDI-TOF MS (après 5 heures d'incubation à 35 ± 2 °C) et un Vitek®2 est réalisé le jour même de la positivité du flacon. Les résultats de l'antibiogramme seront alors disponibles le lendemain matin.

- Pour les HP se positivant entre 10 heures et 21 heures, l'identification et le Vitek®2 sont réalisés le lendemain matin. L'antibiogramme (qui nécessite une incubation de plusieurs heures) est alors disponible deux jours après positivité de l'hémoculture.

- Les hémocultures se positivant durant la nuit (entre 21 heures et 8 heures) sont prises en charge à 8 heures du matin le lendemain.

Lors de cette évaluation, le dRAST™ a été uniquement réalisé sur les hémocultures positives à 8 heures du matin. En effet, comme la durée d'incubation du dRAST™ est de 6 heures, seule l'inclusion des hémocultures positives à 8 heures du matin permettait de mettre à disposition les résultats de l'antibiogramme pour l'heure du «tour des hémocultures», une initia-

tive de l'équipe de gestion des antibiotiques de l'hôpital qui vise à promouvoir une antibiothérapie optimale pour les patients avec bactériémie.

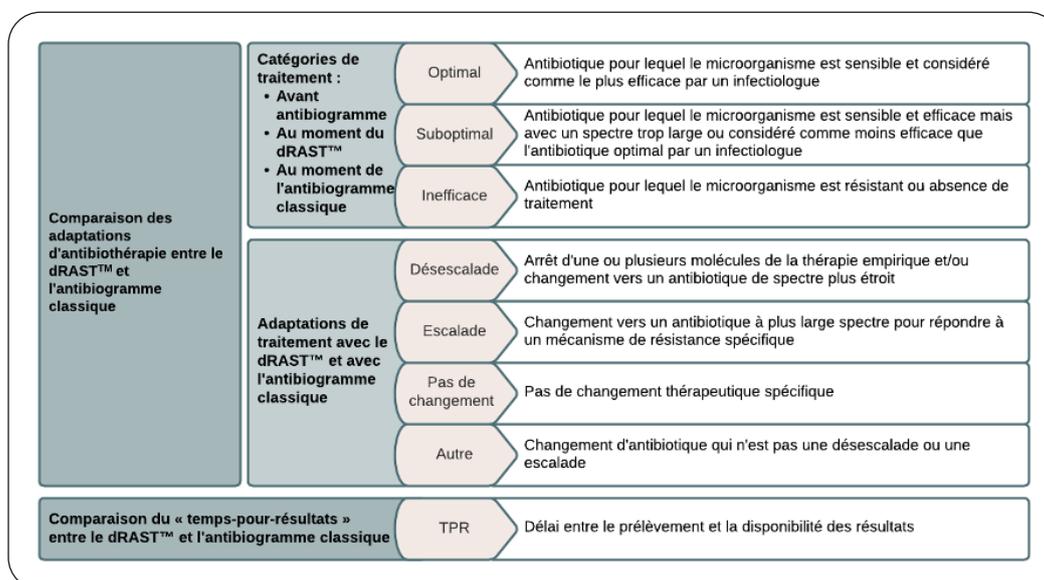
ÉVALUATION DE L'IMPACT CLINIQUE

Afin d'évaluer l'impact clinique d'un antibiogramme rapide sur les patients présentant une bactériémie, nous avons évalué deux aspects : les adaptations de traitement en fonction de l'antibiogramme et le temps nécessaire pour la disponibilité des résultats («temps-pour-résultats», TPR) en comparant le dRAST™ et l'antibiogramme classique.

Nous avons examiné et classé les antibiothérapies en trois catégories (optimale, suboptimale et inefficace) avant le résultat de l'antibiogramme, au moment du résultat dRAST™ et au moment du résultat de l'antibiogramme classique. Pour évaluer l'antibiothérapie qui aurait été administrée en fonction du dRAST™, nous avons vérifié que l'antibiotique choisi par le clinicien sur base de l'antibiogramme classique aurait été le même, suite au résultat du dRAST™.

Les catégories de traitement ont été définies comme mentionné dans la Figure 2. À partir de ces catégories de traitement, nous avons déterminé le nombre de «désescalades», d'«escalades», de «pas de changement» ou «autres», tels que définis dans la Figure 2. Il est à noter qu'une adaptation d'antibiothérapie ne conduit pas nécessairement à un changement de catégorie de traitement. En effet, il est possible de réduire le spectre de l'antibiotique et, ainsi, de réaliser une désescalade tout en res-

Figure 2. Figure récapitulative et définitions de l'évaluation de l'impact clinique



tant dans la même catégorie de traitement car les deux traitements sont considérés comme suboptimaux.

Nous avons aussi comparé le TPR, défini comme le temps entre le prélèvement et la disponibilité du résultat, entre le dRAST™ et l'antibiogramme classique. Le temps gagné a été calculé.

ANALYSES STATISTIQUES

Toutes les données ont été saisies dans le logiciel Excel. Nous avons utilisé des statistiques descriptives et les résultats sont présentés sous forme de valeurs médianes avec écart-type. Les différences calculées dans le TPR ont été analysées à l'aide du test de Student après une transformation logarithmique pour respecter la distribution normale. Les valeurs de $p < 0,05$ ont été considérées comme statistiquement significatives. Les analyses statistiques ont été réalisées avec le logiciel JMP Statistical Software.

RÉSULTATS

Comme le montre la **Figure 3**, le résultat de l'antibiogramme a permis une adaptation du traitement antibiotique en thérapie optimale chez 46/100 (46 %) d'HP à Gram négatif et chez 4/50 (8 %) d'HP à Gram positif. Les traitements empiriques

étaient déjà optimaux avant les résultats d'antibiogramme pour 37 % des HP à Gram négatif et 88 % des HP à Gram positif.

Au total, en incluant toutes les HP à Gram négatif et à Gram positif, le dRAST™ permettrait une adaptation rapide des traitements initiaux suboptimaux vers la thérapie optimale dans 61,7 % des cas (29/47), tandis que l'antibiogramme classique permettrait un passage des traitements suboptimaux à la thérapie optimale dans 70,2 % des cas (33/47). Par ailleurs, 81,8 % (18/22) des traitements empiriques seraient ajustés vers la thérapie optimale par les deux méthodes d'antibiogramme.

Concernant le TPR, comme le montre le **Tableau I**, pour les patients dont le traitement a été adapté en fonction du résultat de l'antibiogramme vers la thérapie optimale ($n = 50$; 46 pour les HP à Gram négatif, 4 pour les HP à Gram positif), le TPR était significativement plus court avec le dRAST™ ($p < 0,001$). De plus, nous avons observé que le gain de temps entre l'antibiogramme classique et le dRAST™ était plus important pour les HP à Gram positif (40 h 18 min \pm 12 h 33 min) que pour les HP à Gram négatif (18 h 08 min \pm 08 h 18 min) (la valeur de p n'a pas pu être calculée spécifiquement pour les HP à Gram positif en raison du faible nombre d'adaptations de traitement vers la thérapie optimale basées sur l'antibiogramme ($n = 4$)).

Figure 3. Catégories de traitement avant antibiogramme, au moment du dRAST™, et au moment de l'antibiogramme classique, ainsi que les adaptations de traitement en fonction du dRAST™ et en fonction de l'antibiogramme classique

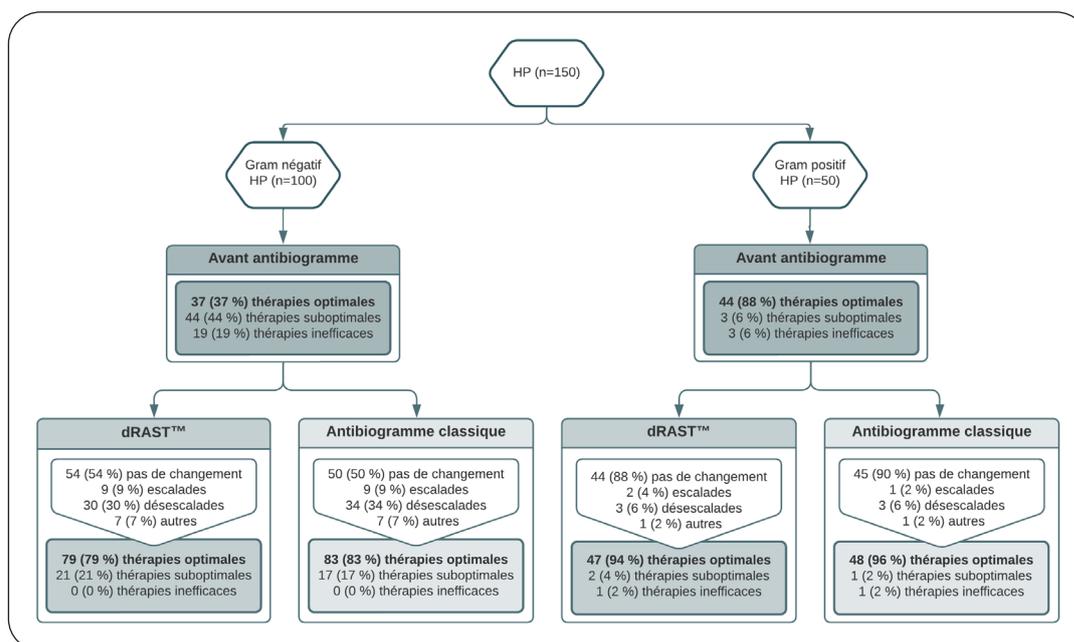


Tableau I. Comparaison des médianes (\pm écart-type) du « temps-pour-résultats » et du temps gagné exprimé en heures et minutes entre le dRAST™ et l'antibiogramme classique

	« Temps-pour-résultats » (heures:minutes)			p-valeur
	dRAST™	Vitek®2	Temps gagné	
Gram négatif HP (n=46)	29:33 (\pm 08:42)	50:43 (\pm 11:17)	18:13 (\pm 07:25)	< 0.001
Gram positif HP (n=4)	33:05 (\pm 11:11)	73:23 (\pm 22:20)	40:18 (\pm 12:33)	-
Total (n=50)	29:35 (\pm 08:48)	50:55 (\pm 12:45)	18:15 (\pm 08:29)	< 0.001

DISCUSSION

Kim et coll. ont rapporté que l'identification bactérienne par MALDI-TOF MS permet d'administrer une thérapie optimale dans 70 % des cas (14). Dans notre étude, 54 % des thérapies étaient optimales, 31,3 % étaient suboptimales et 14,7 % étaient inefficaces à cette étape. La prévalence croissante de l'antibiorésistance et/ou la mauvaise connaissance de l'épidémiologie locale ne permettent toujours pas de prédire l'efficacité du traitement sur base de l'identification bactérienne.

En incluant toutes les HP à Gram négatif et à Gram positif, les résultats de l'antibiogramme (dRAST™ et antibiogramme classique) ont permis l'adaptation de 36 % des thérapies suboptimales et inefficaces en une thérapie optimale. Pour les HP à Gram positif, nous avons observé que l'antibiogramme rapide et l'antibiogramme classique étaient utiles pour 8 % des HP à Gram positif. Cependant, pour les HP à Gram négatif, le dRAST™ a permis 43 adaptations de traitement et a donc été utile pour 43 % des HP. L'antibiogramme rapide semble donc plus utile pour les HP à Gram négatif que pour les HP à Gram positif, qui ont un profil de résistance plus prédictible. Le dRAST™ a donc une grande utilité, tout comme l'antibiogramme classique, afin de modifier un traitement inefficace (ou suboptimal) en un traitement optimal. Les résultats sont légèrement meilleurs pour l'antibiogramme classique à cause d'antibiotiques manquants dans le panel de l'antibiogramme du dRAST™.

Nous avons montré, comme d'autres études (16, 17), que le TPR était significativement plus court avec le dRAST™ et pourrait donc permettre une adaptation plus rapide de la thérapie empirique par rapport à l'antibiogramme classique. Ce gain de temps pourrait être encore plus important si le dRAST™ était évalué dans un flux de travail continu (24 heures/7 jours), et pas uniquement sur les HP à 8 heures du matin. Nous remarquons aussi une différence entre le temps gagné pour les HP à Gram négatif et les

HP à Gram positif; en effet, le délai pour obtenir une croissance suffisante à partir de la sous-culture afin d'effectuer l'identification et l'antibiogramme est plus élevé pour ces derniers.

Il serait intéressant de comparer le dRAST™, technique coûteuse, avec d'autres techniques moins chères telles que l'antibiogramme rapide de l'EUCAST, consistant en une diffusion en disques avec une lecture après incubation courte (6h au lieu de 18h) (9). Cependant, le dRAST™ offre les avantages de donner des concentrations minimales inhibitrices (CMI), d'avoir un panel plus large d'antibiotiques, de ne pas nécessiter d'autres vérifications, et d'être simple d'utilisation.

Notre étude visait à évaluer l'impact clinique du dRAST™. Nous concluons que dans la majorité des HP à Gram positif, la coloration de Gram et l'identification par MALDI-TOF MS (combinée à une détection rapide de la résistance à la méthicilline des *Staphylococcus aureus*) sont efficaces pour permettre l'adaptation en thérapie optimale. En revanche, le dRAST™ a montré une utilité importante dans les HP à Gram négatif (17, 19), permettant d'éviter plusieurs heures d'antibiothérapie inefficace ou suboptimale. Des rapports antérieurs ont démontré la fiabilité des résultats du dRAST™ (10, 18, 20, 21). Certaines études ont également démontré l'aide potentielle du dRAST™ dans l'administration plus rapide d'un traitement antibiotique optimal (14, 19). Cependant, des études prospectives évaluant le dRAST™ en tant qu'outil dans la gestion des antibiotiques font encore défaut.

Notre étude présente certaines limitations. Tout d'abord, cette évaluation rétrospective comprenait un nombre limité de patients et nous ne pouvons qu'évaluer un impact potentiel du dRAST™. Seule une étude prospective dans un contexte réel pourrait démontrer une plus grande efficacité clinique par rapport à l'antibiogramme classique. De plus, seuls les HP monomicrobiennes ont été analysées, alors que Kim et coll. ont rapporté que le dRAST™ pourrait également avoir un impact important dans l'adaptation de

l'antibiothérapie en cas d'HP polymicrobiennes (14). Enfin, nous tenons à souligner que l'antibiothérapie empirique est très étudiée dans notre institution grâce à la mise en œuvre de dépistages fréquents des organismes multirésistants et à l'enregistrement des données épidémiologiques locales. Cela est illustré par les 14,7 % (22/150) de traitements empiriques inefficaces, ce qui est inférieur aux résultats rapportés dans des études similaires (environ 30 %) (2, 6, 7). Cela conduit, à son tour, à une sous-estimation de l'impact potentiel du dRAST™ dans l'administration d'un traitement efficace.

CONCLUSION

Pour les HP à coques Gram positif, le dRAST™, comme toute autre méthode d'antibiogramme rapide, semble avoir une utilité limitée. Au contraire, pour les HP à bacilles Gram négatif, une plus grande proportion de traitements a été adaptée en fonction de l'antibiogramme. Ces adaptations ont été significativement plus rapides avec le dRAST™. Par conséquent, pour les patients avec bactériémie nécessitant une adaptation de l'antibiothérapie empirique basée sur l'antibiogramme, le dRAST™ permettrait une administration plus rapide du traitement optimal et pourrait ainsi contribuer à une meilleure prise en charge thérapeutique.

BIBLIOGRAPHIE

- Kumar A, Roberts D, Wood KE, et al. Duration of hypotension before initiation of effective antimicrobial therapy is the critical determinant of survival in human septic shock. *Crit Care Med* 2006;**34**:1589-96.
- Shorr AF, Micek ST, Welch EC, et al. Inappropriate antibiotic therapy in Gram-negative sepsis increases hospital length of stay. *Crit Care Med* 2011;**39**:46-51.
- Paul M, Shani V, Muchtar E, et al. Systematic review and meta-analysis of the efficacy of appropriate empiric antibiotic therapy for sepsis. *Antimicrob Agents Chemother* 2010;**54**:4851-63.
- Singer M, Deutschman CS, Seymour C, et al. The third international consensus definitions for sepsis and septic shock (sepsis-3). *JAMA* 2016;**315**:801-10.
- Pien BC, Sundaram P, Raof N, et al. The clinical and prognostic importance of positive blood cultures in adults. *Am J Med* 2010;**123**:819-28.
- Garnacho-Montero J, Aldabo-Pallas T, Garnacho-Montero C, et al. Timing of adequate antibiotic therapy is a greater determinant of outcome than are TNF and IL-10 polymorphisms in patients with sepsis. *Crit Care* 2006;**10**: R111.
- Retamar P, Portillo MM, López-Prieto MD, et al. Impact of inadequate empirical therapy on the mortality of patients with bloodstream infections: a propensity score-based analysis. *Antimicrob Agents Chemother* 2012;**56**:472-8.
- Evans L, Rhodes A, Alhazzani W, et al. Surviving sepsis campaign: international guidelines for management of sepsis and septic shock 2021. *Intensive Care Med* 2021;**47**:1181-1247.
- Périllaud C, Pilms B, Diep J, et al. Prospective evaluation of rapid antimicrobial susceptibility testing by disk diffusion on Mueller-Hinton rapid-SIR directly on blood cultures. *Diagn Microbiol Infect Dis* 2019;**93**:14-21.
- Choi J, Jeong HY, Lee GY, et al. Direct, rapid antimicrobial susceptibility test from positive blood cultures based on microscopic imaging analysis. *Sci Rep* 2017;**7**:1-13.
- Vlek AL, Bonten MJ, Boel CH. Direct matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry improves appropriateness of antibiotic treatment of bacteraemia. *PLoS One* 2012;**7**:e32589.
- Heraud S, Freydiere AM, Doleans-Jordheim A, et al. Direct identification of Staphylococcus aureus and determination of methicillin susceptibility from positive blood-culture bottles in a Bact/Alert system using Binax Now S. aureus and PBP2a tests. *Ann Lab Med* 2015;**35**:454-7.
- Meda M, Clayton J, Varghese R, et al. What are the critical steps in processing blood cultures? A prospective audit evaluating current practice of reporting blood cultures in a centralised laboratory serving secondary care hospitals. *J Clin Pathol* 2017;**70**:361-6.
- Kim JH, Kim TS, Jung HG, et al. Prospective evaluation of a rapid antimicrobial susceptibility test (QMAC-dRAST) for selecting optimal targeted antibiotics in positive blood culture. *J Antimicrob Chemother* 2019;**74**:2255-60.
- Galar A, Leiva J, Espinosa M, et al. Clinical and economic evaluation of the impact of rapid microbiological diagnostic testing. *J Infect* 2012;**5**:302-9.
- Perez KK, Olsen RJ, Musick WL, et al. Integrating rapid pathogen identification and antimicrobial stewardship significantly decreases hospital costs. *Arch Pathol Lab Med* 2013;**137**:1247-54.
- Wilke M, Heinlein W, Stiefenhofer L, et al. Clinical and economical improvements after introducing rapid identification of bacteria and early antibiotic susceptibility testing in sepsis and bloodstream infections. Results of the PHENOMENON study. *GMS Infect Dis* 2020;**8**:Doc25.
- Kim H, Jeong HY, Han S, et al. Correction: Clinical evaluation of QMAC-dRAST for direct and rapid antimicrobial susceptibility test with Gram-Positive Cocci from positive blood Culture Bottles. *Ann Clin Microbiol* 2018;**21**:45.
- Kim JH, Kim TS, Song SH, et al. Direct rapid antibiotic susceptibility test (dRAST) for blood culture and its potential usefulness in clinical practice. *J Med Microbiol* 2018;**67**:325-31.
- Grohs P, Picard S, Mainardi J-L, et al. Assessment of version 2.5 of QMAC-dRAST for rapid antimicrobial susceptibility testing with reduced sample-to-answer turnaround time and an integrated expert system. *Infect Dis Now* 2021;**51**:470-6.
- Huh HJ, Song DJ, Shim HJ, et al. Performance evaluation of the QMAC-dRAST for staphylococci and enterococci isolated from blood culture: a comparative study of performance with the VITEK-2 system. *J Antimicrob Chemother* 2018;**73**:1267-71.

Les demandes de tirés à part doivent être adressées au Dr Fontaine C. Service de Microbiologie clinique, et Centre Interdisciplinaire de Recherche sur le Médicament (CIRM), CHU Liège, Belgique.
Email : c.fontaine@chba.be