

INFEKTIONSVECKAN
OCH MIKROBIOLOGISKT
VÅRMÖTE I HALMSTAD

2023



23 – 26 maj 2023

Abstractbok

Muntliga presentationer: O1-O19	4
O1 - EHEC i Skåne hösten 2021	4
O2 - Evolution towards small colony variants of pandemic multidrug resistant ST131 Escherichia coli isolates from a 10-year bone infection	5
O3 - Dags att lämna anrikning bakom oss – bättre och snabbare detektion av MRSA vid direktodling	6
O4 - Förbättrad identifiering av S. bovis-gruppens arter och subarter med MALDI-TOF MS	8
O5 - Digital point-of-care culture for urinary tract infections	10
O6 - Förstår vi rektala klamydiainfektioner hos kvinnor? En studie inkluderande olika anatomiska lokaler, kvantifiering och viabilitet av Chlamydia trachomatis vid två svenska STI- kliniker	12
O7 - Ny Realtids PCR för differentiering av högrisktyper av Humant papillomvirus ger möjlighet att följa det nationella vårprogrammet även vid mRNA-baserad screening.	13
O8 - Automatiserad extraktion för long-read sekvensering	14
O9 - Campylobacter - med eller utan bakteriemi – en retrospektiv observationell studie.....	15
O10 - Virus infections as the cause of miscarriages and malformations.	16
O11 - Tas ytliga sårodlingar på rätt indikation och leder sårodlingsresultat till förändringar av klinisk handläggning?	17
O12 - Hög känslighet och specificitet av djupa pinnodlingar vid akuta protesinfektioner.....	18
O13 - Utveckling av provtagningskriterier för Fusobacterium necrophorum vid tonsillit	20
O14 - Relative abundance of gyrA S83L mutation in patients undergoing TRUSPB in a double blinded randomized controlled trial comparing ciprofloxacin and trimethoprim-sulfamethoxazole prophylaxis	22
O15 - Resistensutveckling i samband med piperacillin/tazobactam-behandling – regionala skillnader inom Sydöstra sjukvårdsregionen.....	24
O16 - Positiv eller negativ blododling vid sepsis – spelar det någon roll?	25
O17 - Digitalt smittspårningsverktyg.....	26
O18 - Sjuksköterskors beskrivning av omvårdnad för patienter med endokardit.....	28
O19 - Kompetensbeskrivning för specialistsjuksköterskor inom infektionssjukvård.....	30
Posters Infektion: I1-I18.....	32
I1 - Antibiotika under graviditet och amning - ny behandlingsrekommendation	32
I2 - Antibiotikasmart® Sverige.....	33
I3 - Antibiotikasmarta sjukhus	35
I4 - En multicenterstudie av ett nytt mikroflödesbaserat snabb-AST system för sepsisorsakande Gramnegativa bakterier	37
I5 - Ett snabbt arbetsflöde som halverar tiden till resultat genom isolering av bakterier och fenotypisk AST direkt från helblod.....	39

I6 - SARS-CoV-2 variants behind Swedish Covid19 waves as revealed by wastewater-based epidemiology.....	41
I7 - Hospital admission rates in patients with COPD throughout the COVID-19 pandemic.....	42
I8 - Association mellan <i>Fusobacterium necrophorum</i> och beta-hemolytiska streptokocker med komplikationer till tonsillit – en skånsk registerstudie.....	44
I9 - VIRALA LUFTVÄGSINFEKTIONER HOS VUXNA MED INVASIV PNEUMOKOCKSJUKDOM: EN PROSPEKTIV KOHORTSTUDIE	45
I10 - Diagnostik av bakteriella CNS-infektioner relaterade till externt ventrikeldränage med 16S Nanopore-sekvensering.....	46
I11 - Sepsishärmare bland patienter med misstänkt sepsis på intensivvårdsavdelningar	48
I12 - Bakteriemi och infektiös endokardit med <i>S. bovis</i> -gruppens subarter – en retrospektiv kohortstudie.....	50
I13 - Tanken som äntligen tog form - Sprututbytet i Göteborg	51
I14 - 35 år av sprutbytesverksamhet i Malmö - samsjuklighetsperspektivet i fokus	52
I15 - Klinisk bild vid bärarskap av malariaparasiter bland migranter från sub-Sahariska Afrika	54
I16 - <i>Borrelia valaisiana</i> – ny fästingburen humanpatogen?.....	55
I17 - Incidence of Lyme carditis and Lyme carditis as the cause of pacemaker implantation - a nationwide registry-based study.....	56
I18 - Clinical performance of a C6 and PepC10 peptide-based lateral flow immunoassay in Lyme borreliosis serology	57
Posters Mikrobiologi: M1-M22	59
M1 - Low conservation of antibiotic interaction patterns between and within Gram-negative bacterial species.....	59
M2 - Artificiell intelligens i klinisk mikrobiologisk diagnostik för att förutsäga bakteriell antibiotikaresistens	60
M3 - Jämförelsestudie ASTar vs diskdiffusion av kliniska gramnegativa bakterier	61
M4 - En ny LAMP-metod för artidentifiering av atypiska pneumokock- och pseudopneumokock-isolat	62
M5 - Utvärdering av QIAstat SARS-CoV-2 Respiratory Panel	63
M6 - Snabb typning av nya SARS-CoV-2 varianter i en klinisknära kontext.....	65
M7 - Artidentifiering av <i>Achromobacter</i> med hjälp av helgenomsekvensering.....	66
M8 - Utvärdering av helgenomsekvensering för artbestämning av icke-tuberkulösa mykobakterier – en retrospektiv uppföljning av klinisk relevansbedömning.....	67
M9 - Utvärdering av QIAstat Meningit/Encefalit Panel	68
M10 - Infektion eller kontamination med <i>Rothia</i> , <i>Kocuria</i> , <i>Arthrobacter</i> och <i>Pseudoglutamicibacter</i> - en retrospektiv observationell studie av Micrococcaceae i kliniken	70

M11 - Automatisk volymmätning vid blododling kan genomföras, men låga blodvolymmer vid blododling försvårar mikrobiologisk detektion av sepsis och når inte rekommenderade kvalitetskrav	72
M12 - HIV-1 sekvensering med next-generation sequencing (NGS) som grund för optimering av behandlingsstrategier och virus subtypning	73
M13 - Antibiotikaresistens och genomisk epidemiologi hos Neisseria gonorrhoeae i Stockholm	74
M14 - Utvärdering av snabb PCR-metod för detektion av Mycoplasma genitalium och makrolidresistens.....	76
M15 - THE 2022 GLOBAL HPV DNA TYPING AND HPV SCREENING PROFICIENCY STUDIES	77
M16 - KRAFTIG ÖKNING AV KARBAPENEMASPRODUCERANDE ENTEROBACTERALES I REGION STOCKHOLM EFTER PANDEMIN.....	78
M17 - Pilotprojekt för provtagning av avloppsvatten vid Arlanda flygplats	79
M18 - Fortsatt ökning av förekomst av ESBL-CARBA i Sverige 2022.....	81
M19 - Benämning av streptokocker och stafylokocker i svarsrapporter från kliniska mikrobiologiska laboratorier	82
M20 - Ett år med PCR-analys av tarmpatogena bakterier på Karolinska Universitetssjukhuset..	84
M21 - CCUG – en stamsamling i Göteborg.....	85
M22 - Optimizing freezing temperature for bacteria storage.....	86
Posters Omvårdnad: IFIS1-IFIS5	87
IFIS1 - Nationella rekommendationer Omvårdnad vid covid-19	87
IFIS2 - "Det tar aldrig slut" - Sjuksköterskors erfarenheter av att vårda ovaccinerade patienter med covid-19 inom slutenvården.	89
IFIS3 - Patienters upplevelse av att vårdas på sjukhus med endokardit: En kvalitativ intervjustudie.....	91
IFIS4 - Hepatit C behandling utanför sjukhus	92
IFIS5 - Riskfaktorer för att förvärva meticillinresistenta Staphylococcus aureus (MRSA) i vård och omsorg	93

Muntliga presentationer: O1-O19

O1 - EHEC i Skåne hösten 2021

Mikrobiologi

Eline Boesen¹

Torgny Sunnerhagen^{2,3}, Ann-Cathrine Petersson², Sara Karlsson Söbirk^{2,3}

¹ Klinisk Mikrobiologi, Region Kronoberg och Blekinge

² Klinisk Mikrobiologi och Vårdhygien, Region Skåne

³ Avdelningen för infektionsmedicin, Institutionen för kliniska vetenskaper Lund, Medicinska fakulteten, Lunds universitet

Introduktion/Introduction: I Region Skåne uppdaterades EHEC-diagnostiken 2021-06-10 med en ny verifierande PCR vilken detekterar samtliga kända subtyper av shigatoxin (*stx*). Sedan denna uppdatering av EHEC-diagnostiken har antalet hittade EHEC-fall i Skåne ökat drastiskt och EHEC som producerar shigatoxinsubtypen *stx2f* utgör en betydande andel. Syftet med denna studie var att kartlägga cirkulerande EHEC-stammar, patientkaraktäristika och symptom hos patienter i Skåne diagnostiserade med EHEC 2021-06-10 till 2021-12-10 kopplat till toxintyp och toxinsubtyp och därmed kartlägga den kliniska relevansen hos dessa EHEC-stammar som man sedan metodförändringen diagnostiserar.

Metod/Method: Studien är en deskriptiv fall-kontroll studie med retrospektivt inhämtande av data från laboratedatasystem och journalsystem tillhörande sjukhus och primärvård i Region Skåne. Patienter som var positiva för EPEC användes som kontrollgrupp

Resultat/Result: 126 patienter var positiva för EHEC under perioden. *Stx2* var den dominerande shigatoxintypen och *stx2f* var den dominerande subtypen. Som förväntat var det en högre andel med symptom (diarré, buksmärta, blodig avföring etcetera) hos patienter infekterade med EHEC jämfört med hos patienter infekterade med EPEC. Hos patienter infekterade med EHEC producerades *stx2f* var det dock en lägre andel med symptom jämfört med hos patienter infekterade med EHEC producerades övriga *stx2*-subtyper, bortsett från diarré vilket var lika vanligt i bägge grupperna. Ett fall av hemolytiskt uremiskt syndrom noterades i *stx2f*-gruppen, samma patient var dock även positiv för Salmonella.

Konklusion/Conclusion: *Stx2f* är således en vanlig shigatoxinsubtyp i södra Sverige och även om infektioner orsakade av EHEC producerandes *stx2f* verkar vara associerat med mildare symptom kan den potentiellt vara associerad med allvarlig sjukdom, ytterligare forskning krävs.

O2 - Evolution towards small colony variants of pandemic multidrug resistant ST131 *Escherichia coli* isolates from a 10-year bone infection

Mikrobiologi

Ute Römling¹

Fengyang LI¹, Petra Lühje², Sulman Shafeeq¹, Marcus Ahl³, Måns Ullberg², Volkan Özenci², Börje Åkerlund³

¹ Department of Microbiology, Tumor and Cell Biology, Karolinska Institutet, Stockholm, Sweden

² Division of Clinical Microbiology, Department of Laboratory Medicine, Karolinska Institutet and Karolinska University Hospital, Stockholm, Sweden

³ Department of Medicine, Unit of Infectious Diseases, Karolinska University Hospital, Stockholm, Sweden

Introduktion/Introduction: Chronic wounds are usually challenging to treat due to underlying medical conditions of the individual and as they readily become infected by microorganisms due to the failure of mechanical and physiological first line innate immune responses. We report here the characterization of host adaptation of five *Escherichia coli* genomes including three *E. coli* ST131 genomes that occurred concomitantly with *Enterococcus faecalis* from a 10-year chronic wound infection after a foot fracture during the 2004 tsunami.

Metod/Method: The five *E. coli* strains were characterized by various microbiological and genomic approaches. Microbiological methods were antimicrobial resistance profiling, growth in different media and biofilm formation. Genomic methods were determination of the genome sequence by PacBio RSII and Illumina sequencing. Phylogenetic analyses and genome alterations such as single nucleotide polymorphisms, deletion and rearrangements that led to pseudogenes and chromosomal inversions were documented. The integrity of relevant selected metabolic and physiological pathways was analyzed.

Resultat/Result: Strains of two initially present sequence types, including the highly antimicrobial resistant ST405 clone, were subsequently replaced by isolates of the ubiquitous ST131 clone. The three *E. coli* ST131 strains showed a heavily host-adapted genome with a high number of pseudogenes and a large chromosomal inversion compared to ST131 reference strains. Furthermore, two of three *E. coli* ST131 isolates were small colony variants with its genetic basis in multiple genome alterations including pseudogenes and deletions in the pathway for heme biosynthesis. Pseudogene analysis indicated also the three ST131 strains to be mutator strains. Although enhanced capability of biofilm formation of the ST131 isolates was indicated by the agar plate assay, the a liquid culture biofilm assay did not display pronounced biofilm formation suggesting unconventional modes of biofilm formation.

Konklusion/Conclusion: ST131 clone members, which originally evolved from commensal strains can cause urinary tract and blood stream infections and are ubiquitously found in the environment including waste water and in animals. ST131 strains have presumably been already acquired from the environment on occurrence of the initial foot fracture and can persist in wounds showing an outmost genome plasticity and adaptability which might aided in causing the chronic infection.

Referenser

Li et al., bioRxiv, doi: <https://doi.org/10.1101/2022.05.07.487787>

O3 - Dags att lämna anrikning bakom oss – bättre och snabbare detektion av MRSA vid direktodling

Mikrobiologi

Susanna Thyselius¹

Sofia Persson¹, **Christoffer Berner¹**

¹ Klinisk mikrobiologi och vårdhygien, Akademiska sjukhuset, Uppsala

Introduktion/Introduction: Detektion av Meticillinresistent *Staphylococcus aureus* (MRSA) sker ofta med molekylärbiologiska metoder efter anrikning i selektiv buljong. Nackdelen är den långa svarstiden, som kan bli uppemot 48 timmar även för negativa prover, då prover som är positiva för *S. aureus*-markörer odlas ut. För att korta svarstiderna utfördes en studie om anrikningsbuljong kan uteslutas till förmån för direktodling på selektiv platta. Vi utvärderade prestandan av CHROMagar MRSA jämfört med anrikning/qPCR som användes i Region Uppsala. Metodernas detektionsnivå i cfu/ml, påverkan av andra *mecA*-positiva bakterier samt svarstid utvärderades.

Metod/Method: Tre MRSA-stammar från CCUG och en känslig *S. aureus* stam valdes ut och odlades i spädningsserie på CHROMagar MRSA-platta, blodagar samt i anrikningsbuljong, med och utan tillsats av cefoxitinresistenta koagulasnegativa stafylokocker (KNS). Odling utfördes efter 0, 24 och 48 timmar. Framväxta kolonier på både blodagar och CHROMagar MRSA räknades efter 18 timmars inkubering och jämfördes med resultat från anrikning/qPCR. 442 konsekutiva prover från MRSA-screening i Region Uppsala analyserades under sommaren 2022 med anrikning/qPCR samt direktodling.

Resultat/Result: Spädningar ner till 10² kunde detekteras som MRSA av båda metoderna i 100% av de analyserade spädningsserierna när enbart MRSA fanns i provet. När MRSA utsattes för konkurrerande *mecA*-positiv KNS blev qPCR negativ för *nuc* och *sa442* i vissa prover medan *mecA* fortfarande påvisades. Vid utodling av dessa anrikningsbuljonger kunde enbart cefoxitinresistent KNS detekteras. Motsvarande inhibition av MRSA kunde inte ses vid direktodling på CHROMagar MRSA.

Av de 442 patientproverna var 35 patienter positiva för MRSA i totalt 58 prover. Av dessa kunde anrikning/qPCR detektera 91% medan direktodling detekterade 95%. Andelen patientunika fall med påvisad MRSA, oberoende provtagningslokal, uppgick till 100% för direktodling respektive 94% för anrikning/qPCR.

Konklusion/Conclusion: Våra resultat visar ett högre antal påvisade MRSA med direktodling jämfört med anrikning/qPCR. De visar också att konkurrerande flora av *mecA*-positiva KNS kan inhibera tillväxt av MRSA i anrikningsbuljong och därmed ge upphov till falskt negativa resultat. Dessa resultat, ihop med de förkortade svarstiderna, gjorde att screeningmetoden för MRSA i Region Uppsala kunde bytas hösten 2022. Idag har svarstiderna för negativa MRSA förkortats avsevärt samtidigt som tiden till ett första preliminärsvår för fynd av MRSA även det förkortats med upp till 1 dygn.

Referenser

MRSA-screening enligt Halmstadmodellen - Referensmetodik för laboratoriediagnostik (folkhälsomyndigheten.se)

Brakstad et al. 1992. Detection of *Staphylococcus aureus* by polymerase chain reaction amplification of the *nuc* gene. J Clin Microbiol. 30: 1654-1660

Nilsson, P., H. Alexandersson, and T. Ripa. 2005. Use of broth enrichment and real-time PCR to exclude the presence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in clinical samples: a sensitive screening approach. Clin Microbiol Infect. 11:1027-34

O4 - Förbättrad identifiering av *S. bovis*-gruppens arter och subarter med MALDI-TOF MS

Mikrobiologi

Jonas Öberg^{1,2}

Malin Inghammar^{1,3}, Bo Nilson^{1,4}

¹ Lunds universitet

² Infektionsenheten, Helsingborgs lasarett

³ VO Infektionssjukdomar, SUS Lund

⁴ Klinisk Mikrobiologi, Region Skåne

Introduktion/Introduction: *Streptococcus bovis*-gruppen består av sju arter och subarter. Dessa är olika vanliga vid *S. bovis*-bakteriemi hos människa, och fördelningen av dem skiljer sig åt i olika länder. Risken för infektiös endokardit, och associationen till kolorektalcancer, varierar beroende på art och subart. Tillgängliga MALDI-TOF MS-bibliotek kan idag inte särskilja mellan *S. bovis*-gruppens subarter. För säker subartbestämning krävs idag genotypiska metoder som är dyrare och mer tidskrävande, men inte heller den mest använda metoden, 16s rDNA, kan säkert särskilja mellan subarterna. I denna studie utvecklades och utvärderas ett nytt MALDI-TOF MS-bibliotek för förbättrad identifiering av *S. bovis*-gruppens arter och subarter.

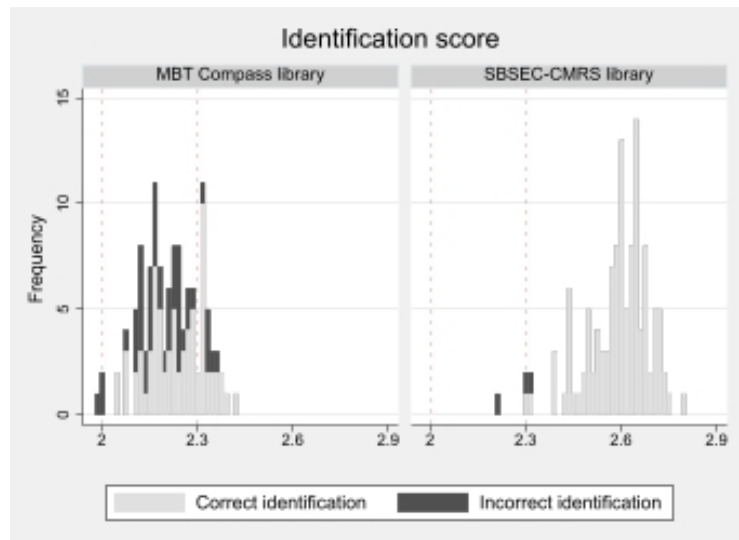
Metod/Method: 236 unika *S. bovis*-isolat från blododlingsfynd (2003-2018, Skåne) och bakteriestam-samlingar – som tidigare subartbestämts med helgenomsekvensering – odlades i BHI-buljong. Mass-spektra samlades med Bruker MALDI Biotyper systemet efter etanol-myrsyraextraktion. MSP (Main spectral profiles) från 117-isolat användes för skapandet det nya biblioteket ”*Streptococcus bovis*/*Streptococcus equinus*-complex-Clinical Microbiology Region Skåne library” (SBSEC-CMRS library). Spektra från resterande 119 isolat användes för utvärdering av ”Bruker MBT Compass Library Revision K (2022)” och SBSEC-CMRS-biblioteket.

Resultat/Result: Med Brukers bibliotek identifierades 71/119 (60 %) isolat med korrekt art och subart, medan SBSEC-CMRS-biblioteket identifierade 116/119 (97 %), med cutoff ≥ 2.0 . Brukers bibliotek kunde endast identifiera *S. gallolyticus* framgångsrikt på artnivå, och *S. gallolyticus* subsp. *macedonicus* på subartnivå – men inga andra arter eller subarter. SBSEC-CMRS-biblioteket identifierade rätt art och subart hos alla utom tre isolat av olika arter.

Konklusion/Conclusion: Det nya SBSEC-CMRS-biblioteket visade tillräcklig diagnostisk träffsäkerhet, med påtaglig förbättring jämfört med Brukers bibliotek. Identifikation av art och subart vid bakteriemi med *S. bovis*-gruppen kan ha betydelse för beslut om vidare utredning för endokardit och kolorektalcancer. SBSEC-CMRS-biblioteket kommer att göras tillgängligt inom kort.

Referenser

Improved identification of *Streptococcus bovis*-*Streptococcus equinus*-complex species and subspecies by MALDI-TOF MS using a novel library. Jonas Öberg, Malin Inghammar, Bo Nilson. *Manuskript under granskning.*



O5 - Digital point-of-care culture for urinary tract infections

Mikrobiologi

Emre Iseri^{1, 2}

Sara Nilsson³, Alex van Belkum⁴, Wouter van der Wijngaart¹, Volkan Özenci^{3, 5}

¹ KTH Royal Institute of Technology - Stockholm (Sweden)

² Utilizer AB - Stockholm (Sweden)

³ Karolinska University Hospital - Stockholm (Sweden)

⁴ BaseClear BV - Leiden (Netherlands)

⁵ Karolinska Institutet - Stockholm (Sweden)

Introduktion/Introduction: Digital dipsticks have been proposed as a method for point-of-care diagnosis of urinary tract infections (UTIs) by detecting and quantifying bacteria in miniaturized and digitized fashion (1,2). The objective of this study was to assess the clinical accuracy of the digital dipsticks by testing patient urine samples, in comparison with the current standard diagnostic practice employed in clinical microbiology laboratories.

Metod/Method: The study was conducted in two parts. The first part involved the retrospective collection of patient urine samples containing the five primary pathogens our test aims to detect, as well as urethral microbiota and no growth samples as negative controls. For each patient, one urine sample was tested simultaneously using digital dipsticks, standard urine culture (the gold standard), and Multistix 7 (Siemens). The findings were subsequently confirmed using MALDI-TOF-MS, with colonies from the standard urine culture serving as the source. In the second part of the study, patient urine samples from healthcare clinics were tested within the first 10 hours of culturing. The digital dipstick results were compared to clinical findings evaluated by laboratory personnel.

Resultat/Result: In the retrospective study involving 105 cases, digital dipsticks demonstrated a sensitivity and specificity of 100% in detecting bacteriuria and 98.6% sensitivity and 96.8% specificity in identifying five microorganisms when compared to clinical standards. Additionally, a combined nitrite- and esterase test was found to predict the presence of bacteriuria in 36% of cases. In the prospective study of 121 cases, digital dipsticks exhibited 100% sensitivity and 89.6% specificity in detecting significant bacteriuria within the intended scope of the test, which covered 88.3% of all samples (n=137).

Konklusion/Conclusion: The results obtained from digital dipsticks were found to be in agreement with clinical standards, with no significant statistical difference observed between digital dipsticks and the gold standard in the detection and identification of the main UTI pathogens in patient urine samples. This suggests that digital dipsticks hold potential as a tool for decentralized diagnosis and screening of UTIs at primary care or point-of-need settings due to their minimal test handling time, lack of requirement for any complex external equipment, and automated readout of test results.

Referenser

(1) Iseri, Emre, et al. "Digital dipstick: miniaturized bacteria detection and digital quantification for the point-of-care." *Lab on a Chip* 20.23 (2020): 4349-4356.

(2) Iseri, Emre, Angelos Valandis Miliadis, and Wouter van der Wijngaart. *In the conference of μ TAS 2021, 10-14 October 2021, Palm Springs, USA.*

The results of this study will be presented at the 33rd European Congress of Clinical Microbiology & Infectious Diseases (ECCMID 2023).

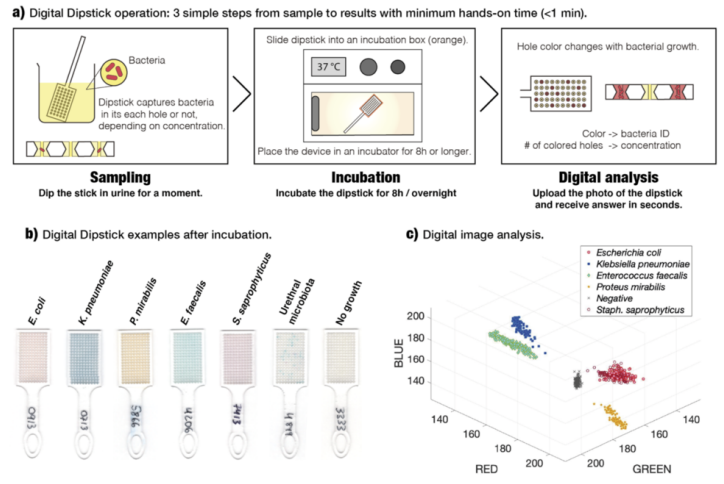


Figure 1. (a) Operation steps of Digital Dipstick on clinical urine samples. (b) Photographs of digital dipstick examples used on clinical urine samples containing different types of bacteria (or none). (c) Red-Green-Blue (RGB) color distribution of individual holes of digital dipsticks with different bacterial growth.

O6 - Förstår vi rektala klamydiainfektioner hos kvinnor? En studie inkluderande olika anatomiska lokaler, kvantifiering och viabilitet av *Chlamydia trachomatis* vid två svenska STI-kliniker

Mikrobiologi

Mimmi Wänn¹

Philip Karlsson², Helen Wang², Björn Herrmann¹, Lars Falk³

¹ Klinisk mikrobiologi, Akademiska sjukhuset, Uppsala

² Institutionen för medicinsk biokemi och mikrobiologi, Biomedicinskt centrum, Uppsala universitet, Uppsala

³ Hudkliniken, Universitetssjukhuset i Linköping, Linköping

Introduktion/Introduction: Förståelsen av rektala klamydiainfektioner hos kvinnor är begränsad. Tidigare studier rapporterar en oväntat hög prevalens av rektal klamydia även bland dem som uppger sig inte ha haft analsex. I dessa studier utfördes vaginal- och anal egenprovtagning, vilket kan innebära risk för kontamination. Denna studie undersökte prevalensen av cervikal och rektal klamydia bland kvinnor vid två svenska STI-kliniker under åren 2019–2022. Syftet var att förstå innebörden av rektal infektion genom att jämföra sexualpraktik i förhållande till fynd av rektal och anal klamydia, inkluderande bakteriekoncentration och viabilitet.

Metod/Method: Kvinnor med en förmodad högre risk för klamydia tillfrågades att delta. Från varje patient insamlades prover cervikalt, analt och rektalt. För att undvika vaginal och perineal kontamination användes ett barnproktoskop för rektal provtagning. Deltagarna besvarade ett frågeformulär inkluderande förekomst av receptivt analsex. *Chlamydia trachomatis* (CT) detekterades med Abbott Alinity-m STI systemet. Droplet Digital-PCR användes för att bestämma DNA-koncentrationen av klamydia och med samma system bedömdes även viabiliteten med hjälp av PCR-inhiberande färg.

Resultat/Result: Av 313 inkluderade kvinnor testade 55 patienter positivt för anogenital klamydia, varav 35 (63%) påvisade samtidig rektal- och cervikal infektion. Kvinnor som testade positivt cervikalt och negativt rektalt uppgick till 15 patienter, medan endast två kvinnor testade positivt rektalt och negativt cervikalt. Av 15 negativa rektalprover testade 7 (46%) tillhörande analprover positivt. Av de 38 patienter som testade positivt för rektal klamydia uppgav endast 15 (40%) att de haft analsex under de senaste 12 månaderna och 12 av dessa 15 (80%) uppgav att de haft oskyddat analsex. CT-koncentrationen var lägre i rektum jämfört med cervix och för rektalproverna var koncentrationen liknande för patienter som uppgav analsex jämfört med patienter som inte haft analsex. Viabla klamydiabakterier påvisades i 40% av CT-positiva cervikalprover och i 30% av CT-positiva rektalprover.

Konklusion/Conclusion: Den höga andelen fall med positivt analprov men negativt rektalprov (46%) indikerar urogenital kontamination. Detta stöds av det faktum att 60% av patienterna med positivt rektalprov uppgav ej ha haft analsex. Resultaten indikerar att fynd av anal/rektal klamydia vid egenprovtagning kan vara svårtolkade och kan påverka strategier för hemprovtagning.

O7 - Ny realtids PCR för differentiering av högrisktyper av Humant papillomvirus ger möjlighet att följa det nationella vårprogrammet även vid mRNA-baserad screening.

Mikrobiologi

Marit Hansen¹

Sara Thulin Hedberg¹, Martin Sundqvist¹

¹ Laboratoriemedicin, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro

Introduktion/Introduction: 2022 publicerades en uppdatering av det Nationella vårdprogrammet för Livmodehalscancerprevention. Genotypning av samtliga högrisktyper av Humant Papillomvirus (HPV) rekommenderas. 2016 introducerade Region Örebro Län (RÖL) HPV-baserad screening för livmoderhalscancer med Aptima® HPV (Hologic) som detekterar mRNA från onkgenerna E6/E7. Hologic erbjuder dock inte någon utvidgad genotypningsanalys och en uppföljande CE-märkt metod (Allplex™ HPV HR, (Seegene)) verifierades därför.

Metod/Method: Prover positiva för högrisk HPV med Aptima® HPV assay (n=50) samt en EQA-panel från 2022 (n=12) analyserades. Aptimarören laddades i STAR^{LET} (Seegene) där både DNA-extraktion med STARMag 96x4 Universal kit (Seegene) och PCR-sättning utfördes automatiserat. Proverna analyserades på CFX96 (BioRad) med Allplex™ HPV HR och Anyplex™ II HPV HR. EQA-panelen hade analyserats med Anyplex™ II HPV28 sedan tidigare. Andelen inhiberade prover, andelen prover positiva för en eller flera högrisk-HPV analyserades mellan Allplex™ HPV HR och Anyplex™ II HPV HR jämfördes.

Resultat/Result: Samtliga prover positiva för HPV16 eller 18/45 med Aptima® gtHPV 16 18/45 (n=10) kunde även påvisas med både Allplex™ HPV HR och Anyplex™ II HPV HR kit. Av övriga prover (n=40) som detekterats HPV non-16/18/45 var fem helt negativa med Allplex™ och Anyplex™. Vid upprepad analys med nytt Aptimarör kunde HPV68 påvisas i två av proverna med Allplex™, övriga tre var fortfarande negativa. I tre andra prover kunde HPV18 och HPV45 påvisas med Allplex™ men inte med Aptima gtHPV, resultaten kvarstod efter omanalys. EQA fick överensstämmande resultat med samtliga metoder.

Konklusion/Conclusion: Det fungerade bra att extrahera DNA för påvisning av HPV med Allplex™ HPV HR direkt ur Aptima-rör. Inga prover blev inhiberade och Allplex™ HPV HR uppvisade en något högre känslighet än Anyplex™ II HPV HR. Några prover (Non16/18/45) erhöll negativt resultat vilket sannolikt förklaras av de olika metodernas design. Vi bedömer att en efterföljande analys med Allplex™ HPV HR ger en möjlighet för laboratorier som använder initial screening med Aptima® HPV att uppfylla det uppdaterade vårdprogrammets krav på differentiering av högrisk-HPV.

O8 - Automatiserad extraktion för long-read sekvensering

Mikrobiologi

Noura Walai¹

Annelie Bjerkner¹, Jens Furuskog¹, Oskar Karlsson Lindsjö¹, Anna Risberg¹, Maria Lind Karlberg¹

¹ Avdelningen för Mikrobiologi, Folkhälsomyndigheten

Introduktion/Introduction: Folkhälsomyndigheten ansvarar för nationell mikrobiell övervakning av olika bakteriella agens. Hittills har vi utfört en tidskrävande manuell extraktion inför long-read sekvensering med Oxford Nanopore teknologin (ONT). Vi har testat automatiserad extraktion med två extraktionsplattformar, MagLEAD (PSS) och Maelstrom 4800 (TANBead), som alternativ till den manuella extraktionen.

Metod/Method: Automatiserad extraktion utfördes på referensstamisolaten *Clostridium difficile*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae* och *Legionella pneumophila*. Genomisk DNA koncentration bestämdes med Qubit fluorometer (Life Technologies) och fragmentanalyserades med Labchip GX Touch (Perkin Elmer). Bibliotekstillverkning genomfördes med Ligation sequencing gDNA (SQK-LSK109) (ONT) vilket möjliggjorde utvärdering av fragmentlängderna. Proverna barkodades med Native Barcoding Expansions (EXP-NBD104, EXP-NBD114) (ONT). Vid sekvenseringen användes GridION och FLO-MIN106 (R9.4.1) flödesceller. Guppy 6.4.6 användes med High Accuracy basecalling. Datan filtrerades genom nanoq, 600bp som kortaste läsning och Q12 för kvalitén. Sedan mappades läsningarna mot referensgenomen med minimap2 samt polerades med medaka för att få fram konsensussekvens. *De novo* assembly utfördes med Flye och polerades med medaka. Relevant statistik beräknades med samtools, seqkit och quast.

Resultat/Result: De fragmentlängder som erhöles vid automatiserad extraktion gav långa läslängder vilket överensstämde med resultaten från fragmentanalysen. De längsta läslängderna var 130 000 bp. Genomtäckningen var ~100 % för samtliga agens och extraktionsmetoder. Vid mappning mot referenssekvenserna varierade sekvenseringsdjupet mellan extraktionsmetoderna. Automatiserad extraktion med Maelstrom 4800 gav 150x-600x. MagLEAD extraktion gav betydligt lägre sekvenseringsdjup. *De novo* assembly gav långa, få contiger och höga N50 värden vilka varierade mellan 2000-16000 baspar.

Konklusion/Conclusion: Resultaten indikerar att den automatiserade extraktionen ger tillräckligt långa DNA fragment för komplett assembly av genomets struktur. Contiger från *de novo* assembly stämde ofta överens med förväntad genomtopologi. Sekvenseringsdata mappad mot referensgenomet gav komplett täckning för samtliga agens och sekvenseringsdjupet varierade mellan 8x-617x. Maelstrom 4800 gav bättre resultat jämfört med MagLEAD, men fler agens ska analyseras för att utreda extraktionsplattformarnas prestanda. Sammantaget visar resultaten att automatiserad extraktion ger bra förutsättningar för efterföljande bioinformatiska analyser såsom detektion av antibiotikaresistens och SNP analyser.

O9 - Campylobacter - med eller utan bakteriemi – en retrospektiv observationell studie

Infektion

Rasmus Grenthe¹

Sara Karlsson Söbirk^{1,2}, Torgny Sunnerhagen^{1,2,3}, **Anna Bläckberg**^{1,4}

¹ Avdelningen för infektionsmedicin, Institutionen för kliniska vetenskaper Lund, Lunds universitet

² Klinisk mikrobiologi och vårdhygien, Medicinsk Service, Lund, Region Skåne

³ Klinisk mikrobiologi, Rigshospitalet, Köpenhamn

⁴ Infektionskliniken, Skånes Universitetssjukhus, Lund, Region Skåne

Introduktion/Introduction: *Campylobacter* tillhör en av de vanligaste tarmpatogenerna som kan orsaka mag- och tarminfektioner runt om i världen. Bakterien kan även påträffas i blodbanan och orsaka sepsis^{1,2}. Kunskapen kring bakteriemi med *Campylobacter* är begränsad. I nuläget är detta den första och enda svenska studien som har undersökt kliniska karakteristika av patienter med *Campylobacter* i blodet jämfört med de som endast har bakterien i faeces i Sverige.

Metod/Method: Fall av *Campylobacter* i blodet och/eller faeces som inträffade mellan åren 2015–2021 identifierades utifrån registret från Klinisk mikrobiologi, Region Skåne. Alla med *Campylobacter* i blodet under studieperioden inkluderades och kontrollgruppen bestod av patienter med *Campylobacter* i faeces där det även tagits blododlingar utan växt av bakterier. Journaluppgifter från sluten- och öppenvården granskades retrospektivt utifrån ett pre-specifierat protokoll.

Resultat/Result: Totalt identifierades 538 patienter med *Campylobacter* infektion varav 129 patienter inkluderades i kontrollgruppen (faeces positiva för *Campylobacter* men blododlingsnegativa) och 25 patienter hade *Campylobacter* i blodet. *Campylobacter jejuni/coli*, ($n = 14$), var den vanligaste arten som isolerades hos patienter med bakteriemi, tätt följt av *Campylobacter ureolyticus*, ($n = 6$). Sjukhusmortaliteten var 8%. Femtioen (49%) patienter med *Campylobacter* i faeces erhöll antibiotika varav 50% erhöll fluorokinoloner. Patienter med *Campylobacter* i faeces hade en kortare behandlingslängd, 4 dagar (interkvartilavstånd (IQR) 3–7 dagar) jämfört med patienter med *Campylobacter* i blodet, 13 dagar (IQR 8–17 dagar). Patienter med *Campylobacter* i blodet var statistiskt signifikant äldre, 72 år (IQR 58–82 år) jämfört med patienter med endast *Campylobacter* i faeces, 50 år (IQR 32–67 år), $p < 0.0001$. En större andel av patienter med *Campylobacter* hade sepsis (20%) jämfört med patienter med *Campylobacter* i faeces (3%), $p < 0.01$ och 90-dagars mortaliteten var högre hos patienter med *Campylobacter* i blodet (16%) jämfört med patienter med endast *Campylobacter* i faeces (0%), $p < 0.0001$.

Konklusion/Conclusion: Bakteriemi med *Campylobacter* är ovanligt men inträffar hos äldre patienter med underliggande sjukdomar. Ett mer allvarligt sjukdomsförlopp och frånvaro av mag- och tarmsymtom var associerat med *Campylobacter* bakteriemi jämfört med patienter med endast *Campylobacter* i faeces.

Referenser

1. Pacanowski J, Lalande V, Lacombe K, Boudraa C, Lesprit P, Legrand P, et al. *Campylobacter* bacteremia: clinical features and factors associated with fatal outcome. Clin Infect Dis. 2008;47(6):790-6.
2. Feodoroff B, Lauhio A, Ellström P, Rautelin H. A nationwide study of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* bacteremia in Finland over a 10-year period, 1998-2007, with special reference to clinical characteristics and antimicrobial susceptibility. Clin Infect Dis. 2011;53(8):e99-e106.

O10 - Virus infections as the cause of miscarriages and malformations.

Mikrobiologi

Magnus Evander¹

Yongdae Gwon¹, Ivan Nagaev¹, SA Nematollahi Mahani¹, Lucia Mincheva Nilsson¹

¹ Department of Clinical Microbiology, Umeå University, Umeå, Sweden

Introduktion/Introduction: The mosquito-borne Rift Valley fever (RVF) has been listed by the WHO for urgent research and development of counteraction. RVF virus (RVFV) cause a cytopathogenic effect in the infected cell and induce hyperimmune responses that contribute to pathogenesis. In livestock, RVFV infection vary from mild symptoms to abortion. In humans, 1%–3% of patients develop severe disease, e.g. haemorrhagic fever, encephalitis or blindness. RVFV infection has also been associated with miscarriage in humans. During pregnancy, there should be a balance between pro-inflammatory and anti-inflammatory mediators to create a protective environment for the placenta and foetus. Whether it is the viral infection per se, the immune response, or both that contribute to the pathogenesis of miscarriage remains unknown. Our aim is to study the infection process, antiviral and cytokine response in early-stage and late-stage trophoblasts.

Metod/Method: We first infected two human trophoblast cell lines, representing normal and transformed human villous trophoblasts, respectively. They were infected with two RVFV variants, and the infection kinetics and 15 different cytokines were analysed. We also infected human placental stem cell cultures from placental tissues, and characterized tropism and inflammatory cytokine response.

Resultat/Result: The trophoblast cell lines were infected by both RVFV variants and infection caused upregulation of messenger RNA (mRNA) expression for interferon (IFN) types I–III and inflammatory cytokines, combined with cell line-specific mRNA expression of transforming growth factor (TGF)- β 1 and interleukin (IL)-10. When comparing the two RVFV variants, we found that infection with RVFV lacking NSs function caused a hyper-IFN response and inflammatory response, while the wild-type RVFV suppressed the IFN and inflammatory response. The 2D and 3D-human stem cell cultures from placental tissues were established, and we show that trophoblast cell lines and human placental stem cells are infected by RVFV, as well as causing a cytokine response that was measured.

Konklusion/Conclusion: The induction of certain cytokines by RVFV infection could potentially lead to teratogenic effects that disrupt foetal and placental developmental pathways, leading to birth defects and other pregnancy complications, such as miscarriage. The research provides novel information on pathogenesis of vertically transmitted RVFV and add to the general understanding of fetal infections for other viruses.

O11 - Tas ytliga sårodlingar på rätt indikation och leder sårodlingsresultat till förändringar av klinisk handläggning?

Infektion

Maria Chebotaeva¹

Thomas Schön^{1,2}

¹ Infektionskliniken, Länssjukhuset i Kalmar

² Linköpings Universitet

Introduktion/Introduction: Ytliga sårodlingar bör framför allt tas om kliniska infektionstecken finns och om bakterieart eller resistensbestämning förväntas påverka handläggning och antibiotikaval. En tveksam indikation för sårodding och tolkning av odlingsfynd kan leda till överförskrivning av antibiotika, läkemedelsbiverkningar och ökade samhällskostnader. Det saknas till stor del uppföljande studier kring hur sårodlingsresultat påverkar klinisk handläggning. Syftet med denna studie var därför att undersöka om sårodlingar tas på korrekt indikation och om det leder till någon förändring av klinisk handläggning.

Metod/Method: En retrospektiv journalgenomgång genomfördes av samtliga konsekutiva ytliga sårodlingar under 13 slumpmässigt utvalda dagar ifrån slutenvård och öppenvård inom region Kalmar län. Odlings svar och resistensbestämning inhämtades från laboratoriedatasystemet. Vid journaluppföljning registrerades indikation för sårodding, journaldokumentation av infektionstecken, antibiotikabehandling, om antibiotikabyte skedde efter odlings svar, om antibiotikavalet stämde med art- och resistensbestämning samt genomsnittstiden för vidimering av odlings svar. Två infektionsläkare utvärderade oberoende om behandling och indikation var korrekt och vid diskrepans togs konsensusbeslut.

Resultat/Result: Totalt inkluderades 72 sårodlingar varav ingen växt (19%, n=13) eller normalflora (9%, n=6) registrerades i ca 1/3 av fallen. Den vanligaste patogen var *Staphylococcus aureus*/*Staphylococcus lugdunensis* (35%, n=25), följt av blandflora inkluderande anaerober (13%) medan streptokocker (grupp A, C, G) och gramnegativer i renkultur var mer ovanliga. Av odlingarna togs 42% (n=30) via hälsocentral och resten via slutenvård. Majoriteten (60%) stod på antibiotika vid eller innan odling varav ca en tredjedel vardera på isoxazolylpenicillin och klindamycin. Infektionstecken beskrevs i 68% av fallen (n=49). Med ledning av journalgranskning bedömdes att korrekt klinisk indikation för sårodding fanns i 75% (n=54) av fallen och att antibiotikabehandlingen påverkades av svaren hos 24% (n=18). I 8% (n=6) av fallen bedömdes odlings svaret leda till felaktig handläggning varav 4 fick onödig antibiotikabehandling. Medeltid till vidimering av sårodlingsresultat var 3 dygn.

Konklusion/Conclusion: Sammanfattningsvis fann vi att 25% av sårodlingarna saknade klinisk indikation och att detta bidrog till onödig antibiotikabehandling. Denna pilotstudie bekräftar att fler kliniska uppföljningsstudier av ytliga sårinfektioner behövs för att kunna utvärdera och förbättra rutiner för klinisk och mikrobiologisk diagnostik i syfte att undvika onödig provtagning och antibiotikaförskrivning.

O12 - Hög känslighet och specificitet av djupa pinnodlingar vid akuta protesinfektioner.

Mikrobiologi

Håkan Janson¹

Oskar Ekelund¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Region Kronoberg

Introduktion/Introduction: Biopsiodling enligt Kamme/Lindberg beskrevs ursprungligen som en metod för att skilja mellan infektiös och icke-infektiös orsak till proteslossning¹. Med tiden har metoden kommit att användas för diagnostik även av akuta protesinfektioner samt vid andra ortopediska infektioner. Eftersom Kamme/Lindberg-odling kräver fem biopsibitar och tio buljonger är metoden arbetskrävande och man riskerar att fördröja diagnosen jämfört med exempelvis pinnodling.

Metod/Method: En sökning efter Kamme/Lindberg-odlingar från regionerna Blekinge och Kronoberg under 2021 gjordes i det lokala labdatasystemet. Övriga ortopediska odlingar, oavsett provtagningsdatum eller år, som var relaterade till de aktuella Kamme/Lindberg-odlingarna inkluderades också. Datum för provtagning i förhållande till senaste operation, fynd vid aktuella och tidigare provtagningar samt anamnestiska uppgifter användes för att klassificera anledningen till provtagningen som tydlig, oklar eller avsaknad av infektionsmisstanke. Odlingsfynd från biopsier relevansbedömdes utifrån antal biopsier med växt medan tolkningen vid pinn- och ledvätskeodling var kvalitativ.

Resultat/Result: Totalt identifierades 453 odlingar från 118 patienter (56 kvinnor och 62 män). Av de sammanlagt 189 Kamme/Lindberg-odlingarna togs det samtidigt djupa pinnodlingar i 26 fall. Av de 18 Kamme-Lindbergodlingar med växt av bakterier kunde samma fynd påvisas i 15 av de djupa pinnodlingarna, vilket gav en sensitivitet på 83%. I de 8 fall där Kamme/Lindbergodling utföll negativ och där samtidigt tagen djup pinnodling fanns var de sistnämnda negativa i samtliga fall (specificitet 100%). De tre negativa djupa pinnodlingarna som var positiva i motsvarande Kamme/Lindbergodlingar kom i ett fall efter renspolning av sårhåla från en antibiotikabehandlad patient med känd protesinfektion, i ett fall från en patient med långdragen vätskeansamling i lår invid höftprotes där Kamme/Lindbergodlingen var positiv i 2 av 5 tagställen för *Cutibacterium acnes* samt i ett fall av en misstänkt protesinfektion där det växte *Staphylococcus aureus* i 3 tagställen och *Staphylococcus epidermidis* i 2 tagställen.

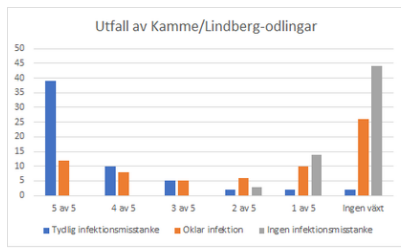
Utfallet av Kamme/Lindberg-odlingar vid olika grad av infektionsmisstanke redovisas i bifogad figur.

Konklusion/Conclusion: Djupa pinnodlingar i samband med revisionsoperationer av protesleder korrelerar väl till fynd i biopsiodlingar enligt Kamme/Lindberg och möjliggör snabbare artdiagnos varför de bör användas som ett komplement till biopsiodling.

Vid tydlig infektionsmisstanke är det tveksamt om Kamme/Lindberg-odling tillför något diagnostiskt utöver enstaka biopsiodling.

Referenser

1. Kamme, C. and L. Lindberg. 1981. Aerobic and anaerobic bacteria in deep infections after total hip arthroplasty. Differential diagnosis between infectious and non-infectious loosening. Clin. Orthopaedica Related Res. **154**:201-207



O13 - Utveckling av provtagningskriterier för *Fusobacterium necrophorum* vid tonsillit

Infektion

Josefina Pagels¹

Gustav Torisson², Lisa Wasserstrom³, Katarina Hedin⁴, Karin Holm¹, David Nygren¹

¹ Division of Infection Medicine, Lund University, Lund, Sweden

² Clinical Infection Medicine, Lund University, Malmö, Sweden

³ Clinical Microbiology Laboratory, Skåne University Hospital, Lund, Sweden

⁴ Department of Clinical Sciences in Malmö, Family Medicine, Lund University, Malmö, Sweden

Introduktion/Introduction: *Fusobacterium necrophorum* ses allt mer som en relevant patogen vid tonsillit, särskilt hos ungdomar och unga vuxna. I samma åldersgrupp är det också vanligt förekommande med tonsillärt bärarskap, vilket komplicerar diagnostiken. Det finns i dagsläget inga riktlinjer som styr provtagning för *F. necrophorum* vid tonsillit, motsvarande Centor-kriterierna eller FeverPAIN-score vilka är etablerade för att styra provtagning gällande beta-hemolytiska streptokocker. Denna studies mål var att undersöka associationerna mellan pre-specificerade variabler och *F. necrophorum*-positivitet vid tonsillit och utveckla ett poängsystem för att vägleda provtagning.

Metod/Method: Patienter som besökt sjukhus i region Skåne, Sverige och där diagnostiserats med tonsillit (ICD-10-kod J02-03) och provtagits för *F. necrophorum* (PCR) under 2013-2020 inkluderades. Patienter med komplikationer eller antibiotikabehandling de föregående 30 dagarna exkluderades. Datainsamling skedde manuellt i elektroniska journaler samt via registersökningar. Med logistisk regression undersöktes associationerna mellan *F. necrophorum*-positivitet och sju pre-specificerade variabler: ålder 13-30, symptomduration ≤ 3 dagar, CRP >80 , tonsillhypertrofi/beläggningar, frånvaro av virala symptom (hosta, snuva), feber och lymfadenit. Associerade variabler ($p < 0.05$) viktades efter associationens styrka. Det nya poängsystemets förmåga att förutsäga *F. necrophorum*-positivitet jämfördes med etablerade poängsystem för diagnostik av patienter med tonsillit. Associationerna, och eventuell förändring av dess konfidensintervall, utvärderades med bootstrap-analys (1000 reiterationer).

Resultat/Result: Av de 618 inkluderade fallen identifierades *F. necrophorum* hos 198 (32%). Av de pre-specificerade variablerna var ålder (OR 5.4, 95%KI 3.6-8.1), tonsillhypertrofi/beläggningar (2.9, 1.6-5.3), CRP >80 (2.4, 1.7-3.5), symptomduration ≤ 3 dagar (1.6, 1.2-2.3) och frånvaro av virala symptom (2.2, 1.3-3.7) associerade med förekomst av *F. necrophorum*. Genom viktning skapades ett poängsystem med dessa fem variabler där ålder 13-30 tilldelades tre poäng och övriga ett poäng vardera. Feber och lymfadenit var inte associerade med *F. necrophorum*-fynd och inkluderades inte. Poängsystemet presterade bättre än Centorkriterierna och FeverPAIN-score vid direkt jämförelse. Bland patienter med sex eller fler av sju poäng var *F. necrophorum*-positiviteten 53% och 65% av alla positiva fall identifierades.

Konklusion/Conclusion: Vi utvecklade ett enkelt, kriteriebaserat poängsystem för att vägleda testning av *F. necrophorum* vid misstänkt tonsillit, där ålderskriteriet 13-30 år hade starkast association. Vårt poängsystem presenterade bättre än etablerade kriterier utvecklade för identifiering av beta-hemolytiska streptokocker (Centor-kriterierna, FeverPAIN-score), men kräver vidare validering, helst i primärvårdsmiljö, innan implementering.

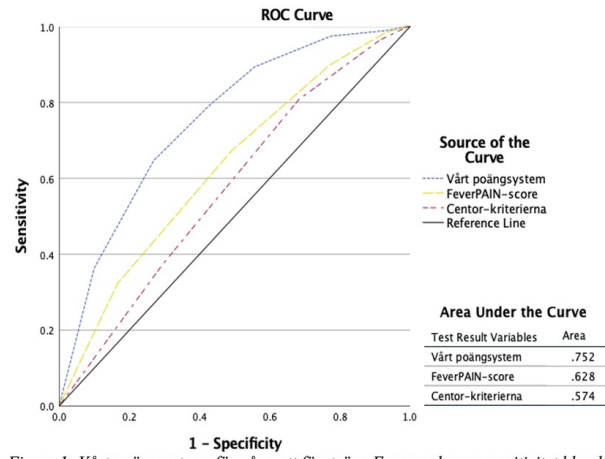


Figure 1: Vårt poängsystems förmåga att förutsäga *F. necrophorum*-positivitet bland patienter med tonsillit, jämfört med Centor-kriterierna och FeverPAIN-score. Areal under kurvan är högre för vårt poängsystem än för Centor-kriterierna och FeverPAIN-score ($p < 0.0001$ vid bägge jämförelser).

O14 - Relative abundance of *gyrA* S83L mutation in patients undergoing TRUSPB in a double blinded randomized controlled trial comparing ciprofloxacin and trimethoprim-sulfamethoxazole prophylaxis

Mikrobiologi

Daniel Schröder¹

Anna Fagerström¹, Johan Styrke², **Martin Sundqvist**¹

¹ Department of Laboratory Medicine, Clinical Microbiology, Faculty of Medicine and Health, Örebro University, Örebro, Sweden

² Department of Surgical and Perioperative Science, Urology and Andrology, Umeå University, Umeå, Sweden.

Introduktion/Introduction: Resistance to fluoroquinolones (FQ) is increasing in patients undergoing trans-rectal biopsy of the prostate (TRUSPB). The risk for development of FQ-resistance due to FQ prophylaxis is not clear. The aim of this study was to assess if patients receiving Ciprofloxacin (CIP) prophylaxis in association with TRUSPB showed a higher increase of the S83L mutation in *gyrA* (associated with first step quinolone resistance) in rectal samples compared to those receiving trimethoprim-sulfamethoxazole (TMP-SMX).

Metod/Method: As a part of a large double blind, randomized study, patients received a single dose of CIP or TMP-SMX as antibiotic prophylaxis just before TRUSPB. Rectal swabs from 71 study patients were collected before and 2-4 weeks after a TRUSPB. After DNA extraction quantification of the *gyrA* gene was performed with a digital droplet PCR assay targeting both S83L and wild type as previously described (Fagerström A, ECCMID 2022).

Resultat/Result: 34 patients had received CIP and 37 TMP-SMX prophylaxis. The S83L was more abundant (>50% of copies/mL) than WT *gyrA* in 1/71 patients before prophylaxis and 4/71 after (ns). All four patients had received ciprofloxacin prophylaxis. The median (min-max) presence (copies/mL) of WT was before prophylaxis 3×10^8 ($1 \times 10^5 - 9 \times 10^8$) in the CIP group as compared to 4×10^8 ($9 \times 10^6 - 1 \times 10^9$) in the TMP-SMX group (ns). The concentration of S83L in the same groups was 5×10^4 ($0-9 \times 10^7$) and 7×10^4 ($0-4 \times 10^8$) (ns). The relative abundance of S83L mutation did not increase significantly independent on antibiotics administered (Fig. 1).

Konklusion/Conclusion: The absolute and relative abundance of S83L mutation in *gyrA* causing first step mutation to FQ were in most patients small and did not change significantly due to a single dose of antibiotic prophylaxis in patients undergoing TRUSPB.

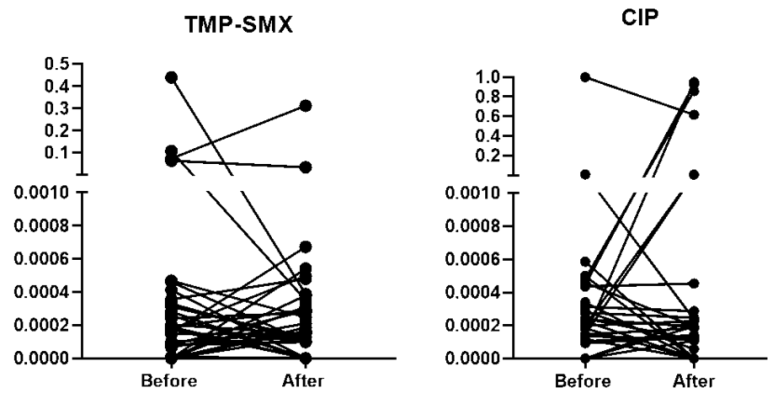


Fig 1. Difference in relative abundance of S83L mutation in *gyrA* in TRUSPB patients receiving one dose prophylaxis of Trimethoprim-Sulfamethoxazole (TMP-SMX) or Ciprofloxacin (CIP) .

O15 - Resistensutveckling i samband med piperacillin/tazobactam-behandling – regionala skillnader inom Sydöstra sjukvårdsregionen

Mikrobiologi

Sofia Somajo^{1,2}

Matilda Lindström³, Jorge Hernandez⁴, Oskar Ekelund², Jonas Bonnedahl³, Thomas Schön^{3,5}

¹ Institutionen för Kemi och Biomedicin (KOB), Linnéuniversitetet

² Klinisk Mikrobiologi, region Kronberg

³ Institutionen för Biomedicin och Klinisk medicin (BKV), Linköpings Universitet

⁴ Diagnostiskt centrum, Klinisk Mikrobiologi, Region Kalmar

⁵ Infektionsklinikerna i Region Kalmar och Östergötland

Introduktion/Introduction: Resistens mot piperacillin-tazobactam (PTZ) utan samtidig resistens mot cefotaxim (CTX) (PTZ-R/nonESBL) har rapporterats förekomma hos 5% av *Escherichia coli* från kliniska prover. Tidigare studier har visat att behandling med PTZ kan leda till ökat uttryck av *bla*_{TEM-1} och därmed resistens mot PTZ. Syftet med den aktuella studien var att analysera förskrivning av PTZ inom Sydöstra sjukvårdsregionen i relation till förekomst av resistent *E. coli* i kliniska prover, för att därigenom undersöka om hög PTZ-användning kan leda till ökad förekomst av PTZ-R/nonESBL.

Metod/Method: Antibiotikaanvändning i slutenvården 2000-2022 (definierad dygnsdos/tusen invånare (DDD/TIN)) erhöles från eHälsomyndigheten. Rapporterad PTZ-fenotyp (SIR) hos samtliga *E. coli* isolerade från kliniska prover i regionerna Kalmar och Kronoberg inhämtades från respektive laboratedatasystem. PTZ-R/nonESBL definierades som isolat rapporterade som PTZ I eller R och samtidigt CTX S enligt EUCAST brytpunktstabell för respektive år. På ett urval av stammarna (Kalmar (n=28), Kronoberg (n=37)) utfördes upprepad resistensbestämning för PTZ med referensmetod (MIC-buljongspädning).

Resultat/Result: Nationell användning av PTZ ökade under studerad period och 2020 uppmättes den högsta DDD/TIN. Av regionerna i Sydöstra sjukvårdsregionen följde Jönköping och Östergötland den nationella förskrivningen. I Region Kronoberg var användningen lägre än rikssnittet 2000-2011, men därefter i samma nivå. Region Kalmars DDD/TIN för PTZ var högre än i övriga studerade regioner vid samtliga mätpunkter. Under åren 2013–2016 var förskrivningen av PTZ nästan dubbelt så hög som rikssnittet ($p=0,001$), samtidigt som användningen av CTX var signifikant lägre ($p=0,004$). Antalet isolat testade för PTZ var generellt högre i Kronoberg än i Kalmar, vilket avspeglade absolutantalet PTZ-R/nonESBL i respektive region. Högst förekomst i Kalmar sågs 2016, då 152 av 1595 CTX-känsliga *E. coli* som testats för PTZ var PTZ-R. Motsvarande siffra för Kronoberg var 191/4958 (år 2015). Under åren 2015-2018 var det procentuella medeltalet PTZ-R av CTX-känsliga *E. coli* signifikant högre i Kalmar ($7,8\pm 1,2\%$) än i Kronoberg ($3,5\pm 0,3\%$) ($p<0,001$). Median-MIC för PTZ vid upprepad resistensbestämning var 64 ($4^{-3}1024$) mg/l, och PTZ-resistent fenotyp bekräftades hos 56 av 65 testade stammar.

Konklusion/Conclusion: Studien styrker hypotesen att hög PTZ-användning kan medverka till ökad resistensförekomst och det är därför av fortsatt intresse att studera vilka resistensmekanismer som bidrar till detta.

O16 - Positiv eller negativ blododling vid sepsis – spelar det någon roll?

Infektion

Viktor Karlsson Werther¹

Maria Andersson^{1, 2}, Thomas Karlsson³, Karin Fröderberg Schooner⁴, Åse Östholm Balkhed^{1, 2}

¹ Infektionskliniken i Östergötland, Region Östergötland

² Institutionen för biomedicinska och kliniska vetenskaper, Linköpings Universitet

³ Akutkliniken, Vrinnevisjukhuset i Norrköping, Region Östergötland

⁴ AT-läkare, Universitetssjukhuset i Linköping och Lasarettet i Motala, Region Östergötland

Introduktion/Introduction: Tidigare studier som jämfört kliniskt utfall för sepsispatienter med och utan bakteremi har inte varit entydiga. Sannolikt beror detta delvis på skillnader i studiedesign och vilka patienter som därmed har inkluderats. Syftet med denna undersökning var att jämföra sepsispatienter med positiv respektive negativ blododling avseende karakteristika, infektionsfokus och utfall.

Metod/Method: Retrospektiv kohortstudie av patienter som inkommit enligt ”Sepsisalarm i ambulansen” i Region Östergötland under juli 2017 till maj 2018. Kriterier för sepsisalarm var ≥ 18 år med misstänkt infektion kombinerat med något av: röd/orange triagering enligt RETTS, positiv qSOFA eller klinisk misstanke om sepsis. Patienter som vid journalgranskning uppfyllde sepsiskriterier enligt Sepsis-3 och som under det första vård dygnet hade Δ -SOFA ≥ 4 inkluderades.

Resultat/Result: Av de 762 patienter som inkommit som sepsisalarm hade 493 sepsis enligt Sepsis-3. Av dessa inkluderades 191 patienter med Δ -SOFA ≥ 4 .

Enbart 74 av 191 patienter (39%) hade en positiv blododling. Det vanligaste blododlingsfyndet var *Escherichia coli* (31%), följt av *Staphylococcus aureus* (15%).

Patienterna med positiv respektive negativ blododling skilde sig inte åt vad gäller ålder (78 resp. 77 år), kön (37% resp. 33% kvinnor) eller beslut om vårdnivåbegränsning (30% resp. 29%). Vid ankomst till akutmottagningen var det ingen skillnad mellan grupperna avseende NEWS2, RETTS eller Δ -SOFA. Positiv blododling var dock förenat med signifikant högre CRP, laktat och prokalcitonin på akutmottagningen.

Urosepsis var signifikant vanligare som infektionsfokus bland blododlingspositiva patienter (45% resp. 18%), medan pneumoni var vanligare bland de blododlingsnegativa (50% resp. 15%).

Positiv blododling var associerat med att första vård dygnet utveckla septisk chock (26% resp. 12%), att IVA-vårdas (19% resp. 9%) samt att behandlas med vasopressor (20% resp. 9%) och CRRT (7% resp. 0%). Patienter med positiv blododling hade signifikant längre vårdtid (13 resp. 10 dagar) men det var ingen skillnad i 30-dagarsmortalitet (18% resp. 25%).

Konklusion/Conclusion: Positiv blododling vid sepsis är kopplat till svårare sjukdom och ett mer komplicerat vårdförlopp. Vid ankomst till akuten var detta inte möjligt att förutse med befintligt triage (NEWS2, RETTS). Infektionsfokus skilde sig mellan blododlingspositiva och blododlingsnegativa patienter. Sepsisstudier som utgår från positiv blododling riskerar därför att inte ge en representativ bild.

O17 - Digitalt smittspårningsverktyg

Infektionssjuksköterskor

Martina Sönerbrandt¹

Karin Karlsson¹, Maria Wahlberg¹, Karin Sundelin²

¹ Sjuksköterska Infektionskliniken Östergötland, Universitetssjukhuset Linköping

² Överläkare Infektionskliniken Östergötland, Vrinnevisjukhuset Norrköping &

Universitetssjukhuset Linköping

Introduktion/Introduction: Tuberkulos (TB) lyder under smittskyddslagen och varje nytt fall ska smittspåras. Det är en viktig förebyggande åtgärd att söka efter nya aktiva fall, identifiera individer som ännu inte utvecklats aktiv TB men eventuellt behöver förebyggande behandling samt att finna högriskindivider som behöver postexpositionspylax (1).

Dokumentation av smittspårningen har historiskt sett förts i pappersjournal som förvarats inlåst utom räckhåll för obehöriga.

Då Infektionskliniken i Östergötland tillsammans med barnklinikerna i regionen fick ansvaret för smittspårningen av TB år 2016 kom tankar på att digitalisera smittspårningshandlingarna. Detta förväntades underlätta det länsövergripande samarbetet mellan de fyra enheterna, där patienter ibland påbörjat smittspårning på en enhet för att sedan fortsätta vårdkontakten vid en annan.

Syftet var att skapa ett digitalt, patientsäkert och användarvänligt smittspårningsverktyg.

Metod/Method: Kvalitetsarbete

Resultat/Result: Tidigare pappersdokument som utgjort smittspårningsjournal är grunden till de nya digitala "arken" i programmet. Det finns två olika vyer i systemet. Varje ny smittspårning får automatiskt ett nummer i systemet och en "indexvy" skapas. Här dokumenteras uppgifter om sjukdomslokal, odlingsvar och smittsamhetsbedömning mm. Till indexvyn kopplas sedan de kontakter som uppges. Kontakterna får alla en egen "kontaktvy" där riskfaktorer uppges och här dokumenteras svar på utförda provtagningar. I indexvyn samlas alla kontakter och resultat av deras provtagningar, vilket ger en sammanställning över utfallet av smittspårningen.

Smittspårningsverktyget för TB har anmälts till och godkänts av Personuppgiftsombudet. Från 2018 finns alla smittspårningar i Region Östergötland med i systemet. Data som sedan dess är inlagd är sökbar vilket bl. a innebär att om en person skulle finnas med i tidigare smittspårningar så uppmärksammar systemet detta. Databasen ligger på en intern server inom Region Östergötland och garanterar personuppgiftsintegriteten och att det alltid finns backup. Endast de som arbetar med smittspårningen har behörighet till systemet och kan dokumentera och följa pågående ärenden.

Konklusion/Conclusion: Smittspårningsverktyget har gjort dokumentationen mer säker och hanterbar. Även själva arbetet med smittspårningen har underlättats. Allt som hör till smittspårningen dokumenteras i databasen, informationen finns samlad och lätt att hitta. Statistikrapport kan enkelt dras ut från databasen.

Referenser

1. Folkhälsomyndigheten. Rekommendationer för preventiva insatser mot tuberkulos Hälsokontroll, smittspårning och vaccination [Internet]. Stockholm: Folkhälsomyndigheten; 2022. Hämtad från: <https://www.folkhalsomyndigheten.se/contentassets/92e06754e3464636b1bdbb980378bcf3/rekommendationer-for-preventiva-insatser-mot-tuberkulos.pdf>

O18 - Sjuksköterskors beskrivning av omvårdnad för patienter med endokardit

Infektionssjuksköterskor

Anna Magdalena Junghage¹

Alexander Weman¹

¹ magdalena.junghage@gmail.com

Introduktion/Introduction: Endokardit är en infektionssjukdom som drabbar hjärtat och främst hjärtklaffarna. Utan adekvat behandling är mortaliteten 100 % och med adekvat behandling kvarstår en mortalitet på cirka 10-20 %. Diagnostiken är komplex och tillsammans med behandlingstiden medför detta en lång tid på sjukhus för den drabbade. Vi har observerat att omvårdnaden för denna patientgrupp varierat mycket beroende på hur erfarna sjuksköterskorna är samt vilken läkare som är ansvarig.

Vi har även sett hur teamarbete och samverkan spelar en stor roll för hur snabbt diagnosen ställts, ställningstagande till eventuell operation samt hur patienten blir delaktig i sin egenvård. Vikten av att skapa en god vårdrelation och hålla en god kommunikation under vårdtiden är något som vi upplever som ostrukturerat för denna patientgrupp.

Metod/Method: En kvalitativ metod med beskrivande design valdes för att besvara syftet med studien. Intervjuer genomfördes på tre större sjukhus i mellan Sverige. Totalt intervjuades sex informanter med hjälp av en intervjuguide med semistrukturerade frågor. Datan analyserades genom en kvalitativ innehållsanalys med huvudsakligen manifest inriktningen då vi till det yttersta inte ville tolka resultatet utan beskriva det som informanterna berättat.

Resultat/Result: Presenteras genom de tre stora kategorier som framkom efter dataanalysen: Patientens, Organisationens och Sjuksköterskans förutsättningar.

Patientens förutsättningar – Beroende på allvarlighetsgraden vid endokardit så skiljer sig vårdtiden åt från patient till patient. Tidigare sjukdomar samt eventuella missbruk påverkade i stor grad vårdtiden.

Organisationens förutsättningar – Olika sjukhus hade olika förutsättningar för att skapa en bra vårdtid för patienten då utformningen av vården varierade stort.

Sjuksköterskans förutsättningar – Erfarenheten hos sjuksköterskan som vårdar patienten har stor betydelse då pm eller riktlinjer för patientkategorin till stor del saknas inom området omvårdnad. Sjuksköterskans erfarenhet kan till stor del påverka vårdtiden för patientkategorin.

Konklusion/Conclusion: Organisationens förutsättningar styr till stor del hur vårdtiden för patienterna

blir, vilka förutsättningar som finns för eftervård samt vilka möjligheter som finns för att korta vårdtiden. Sjuksköterskans kompetens och erfarenhet spelar en stor roll i hur omvårdnaden för denna patienten kategori blir under vårdtiden. I dagsläget finns det mycket medicinsk evidens gällande behandlings metod samt diagnostik medans omvårdnaden mestadels

utförs genom erfarenheter. Genom strukturerade pm och riktlinjer kan möjligen omvårdande förbättras för patient kategorin.

O19 - Kompetensbeskrivning för specialistsjuksköterskor inom infektionssjukvård

Infektionssjuksköterskor

Sara Adolfsson¹

Helene Christiansen², Sandra Egergren³, **Emelie Härlin**⁴, Magdalena Junghage⁵, Amelie Lidén³

¹ VO Infektionssjukdomar Skånes universitetssjukhus

² VO infektionssjukdomar Sahlgrenska universitetssjukhuset och IFIS

³ VO infektionssjukdomar Akademiska sjukhuset

⁴ VO infektionssjukdomar Akademiska sjukhuset och IFIS

⁵ Smittskyddsenheten Uppsala och IFIS

Introduktion/Introduction: Det finns i nuläget ingen kompetensbeskrivning för specialistsjuksköterskor inom infektionssjukdomar. Detta innebär att den kunskap en specialistsjuksköterska besitter riskerar att inte utnyttjas optimalt vilket kan bidra till en minskad vinning för såväl patienter, övrig personal eller organisationer i sin helhet. Det här är ett problem för de sjuksköterskor som faktiskt besitter specialiserad kunskap då det stöd en kompetensbeskrivning kan ge för utvecklandet av en specialistroll på sin arbetsplats inte finns.

Syftet är att tydliggöra professionens kunnande på avancerad nivå och beskriva aktuell specialistkompetens inom området infektion.

Metod/Method: Arbetet sker genom en arbetsgrupp som vid grundandet gett sitt intresse utifrån annonseringar via IFIS kanaler. Gruppen består idag av en projektledare, som utför uppdraget för IFIS, tillsammans med fem andra sjuksköterskespecialister inom infektionssjukvård. Gruppens medlemmar är verksamma i Göteborg, Skåne, Uppsala och Stockholm. Arbetet sker med stöd av IFIS och i samarbete med Svensk sjuksköterskeförening. Det färdiga utkastet planeras att skickas på remiss till lämpliga granskare innan publicering. Kompetensbeskrivningen utformas utifrån Svensk sjuksköterskeförenings befintliga guide för kompetensbeskrivning inom avancerad nivå och utgår från kärnkompetenserna samt ICNs etiska koder. Inspiration tas även av befintliga kompetensbeskrivningar inom sjuksköterskors övriga specialistområden.

Resultat/Result: I dagsläget har arbetsgruppen presenterat ett andra utkast över kompetensbeskrivningen för Svensk sjuksköterskeförenings sakkunniga för feedback.

Arbetsgruppen anser dock att vidare arbete kring själva spetskompetensen infektion behöver en tyngre vetenskaplig grund och vidare arbete kommer därför fokuseras på att finna ytterligare relevant litteratur inom området samt att involvera Sveriges befintliga sjuksköterskespecialister inom infektionssjukvård med hjälp av Delfi-metoden.

Konklusion/Conclusion: Då kompetensbeskrivningen för specialistsjuksköterskor är ett stort och viktigt arbete med global anknytning och som behöver ett hållbart format fortsätter arbetet med tyngd på den vetenskapliga grunden.

Referenser

Svensk sjuksköterskeförening (2021). ICN:s etiska kod för sjuksköterskor. Hämtad den 27 februari 2023 från:

<https://swenurse.se/download/18.7104a0bd1817fce0092f0132/1656659417909/A4%20ICN%20Etiska%20kod%20enkelsidor.pdf>

Samtliga kompetensbeskrivningar finns att läsa på <https://swenurse.se/publikationer>

Posters Infektion: I1-I18

I1 - Antibiotika under graviditet och amning - ny behandlingsrekommendation

Infektion

Maria Furberg¹

Gustaf Beijer², Maria Forslund³, Katarina Hedin⁴, Elisabet Hentz⁵, Gustaf Rejnö⁶, Anders Ternhag⁷, Ingrid Wikström⁸

¹ Läkemedelsverket

² Klinisk farmakologi, Karolinska sjukhuset och KI

³ Obstetrik/gynekologi, Sahlgrenska och GU

⁴ Allmänmedicin, Region Jönköping och LiU

⁵ Neonatologi, Sahlgrenska och GU

⁶ Obstetrik/gynekologi, Södersjukhuset och KI

⁷ Folkhälsomyndigheten

⁸ Obstetrik/gynekologi, Ekeby gyn samt UU

Introduktion/Introduction: Bakteriella infektionstillstånd utgör en av de vanligaste orsakerna till läkemedelsbehandling under graviditet.

En studie av alla svenska graviditeter mellan 2006 och 2019 visar att omkring en femtedel av alla kvinnor behandlas med antibiotika under graviditeten. De vanligaste preparaten är penicillinV samt urinvägpreparaten pivmecillinam och nitrofurantoin, vilket speglar god följsamheten till rådande behandlingsrekommendationer för vanliga infektioner i öppenvård i Sverige. Behandling av mer allvarliga infektioner förekommer också.

Då inga randomiserade, kontrollerade studier utförs på gravida kvinnor utgör evidensläget en utmaning vid framtagande av rekommendationer.

Metod/Method: Vintern 2022/2023 genomförde Läkemedelsverket ett digitalt expertmöte om antibiotikabehandling vid graviditet och amning, för att uppdatera de tidigare rekommendationerna från 2006. Rekommendationerna baseras främst på informationen i produktresuméer, SmPC, men tar även hänsyn till samlad klinisk beprövad erfarenhet, tillgängliga epidemiologiska studier och internationella guidelines.

De nya rekommendationerna innehåller även ett avsnitt om rekommendationer vid amning.

Antibiotika överförs till bröstmjölken i varierande utsträckning och de främsta effekterna hos barnet utgörs av risk för påverkan på tarmens normalflora med diarréer som följd, samt en ökad risk för svampinfektion. Antibiotikabehandling av modern utgör endast i sällsynta fall ett hinder mot fortsatt amning.

Resultat/Result: Den nya behandlingsrekommendationen planeras att publiceras i juni 2023.

Konklusion/Conclusion: Rekommendationer rörande lämpliga läkemedel och doser för behandling underlättar det kliniska beslutet vid omhändertagande av en infekterad gravid kvinna.

I2 - Antibiotikasmart® Sverige

Infektion

Anna Wimmerstedt¹

Gunilla Skoog Ståhlgren², Camilla Björn³, Inga Zetterqvist², Åsa Olsson⁴, Carl Fridolfsson⁵

¹ NAG Strama

² Folkhälsomyndigheten

³ RISE Research Institutes of Sweden

⁴ Processledare NAG Strama

⁵ Strama-koordinator Region Jönköpings län

Introduktion/Introduction: Antibiotikasmart Sverige är en nationell kraftsamling där vi arbetar mot en gemensam vision om ett antibiotikasmart Sverige – ett samhälle där alla bidrar till att antibiotika fungerar och fortsätter rädda liv.

Antibiotika är en förutsättning för människors och djurs hälsa och för en modern medicinsk vård. Antibiotikaresistens är inte bara en medicinsk fråga utan också en komplex samhällsutmaning som kopplar samman människa, djur, livsmedel och miljö. Konsekvensen av antibiotikaresistens påverkar flera de globala hållbarhetsmålen. För att ta oss an denna utmaning och skapa hållbar förändring måste hela samhället hjälpas åt.

Metod/Method: Antibiotikasmart Sverige startade 2019 som en av fem innovationsmiljöer inom Vinnovas program för visionsdriven hälsa. Innovationsmiljön leds av ett kärnteam som utgörs av Folkhälsomyndigheten, RISE Research Institutes of Sweden, Nationell arbetsgrupp Strama och ReAct. I miljön ingår även fyra regioner och tre kommuner.

Resultat/Result: Antibiotikasmart Sverige vänder sig till flera målgrupper i samhället. Målsättningen är att sprida vikten av att kraftsamla på alla nivåer i samhället och visa att det finns metoder för att driva en positiv utveckling.

Vi vill sprida kunskap och bidra till beteendeförändring hos allmänheten. Med hjälp av beteendeinsikter arbetar vi för att nå olika målgrupper i befolkningen.

Vi vänder oss också till kommuner och regioner för ett strukturerat implementeringsarbete på olika nivåer; kommunledningsnivå, skola, förskola, äldre- och funktionshinderomsorg, vatten och avlopp, samt regionledningsnivå, primärvård och slutenvård. För att vägleda och fortsätta utveckla arbetet har ett antal kriterier tagits fram tillsammans med profession, myndigheter och andra relevanta aktörer. Kriterierna handlar om olika former av samverkan, arbetssätt, mätningar och kompetensutveckling.

Dessutom vill vi skapa en bred långsiktig samverkan mellan både befintliga och nya aktörer som arbetar med att motverka antibiotikaresistens.

Genom internationellt utbyte inspireras vi av andra länder och fortsätter att utveckla och dela våra metoder.

Konklusion/Conclusion: Sammanfattningsvis vill Antibiotikasmart Sverige engagera hela samhället att hjälpas åt att skapa en hållbar utveckling där verksamma antibiotika ska finnas tillgängliga både för oss och för framtida generationer.

Referenser

Antibiotikasmart® är ett registrerat varumärke som ägs av Strama Stockholm.

Antibiotikasmart® Sverige genomförs med finansiering från Vinnova.

Mer information finns på hemsidan www.antibiotikasmartsverige.se



I3 - Antibiotikasmarta sjukhus

Infektion

Anna Wimmerstedt¹

Åsa Olsson², Carl Fridolfsson³, Inga Zetterqvist⁴, Gunilla Skoog Ståhlgren⁴, Camilla Björn⁵

¹ NAG Strama

² Processledare NAG Strama

³ Strama-koordinator Region Jönköpings län

⁴ Folkhälsomyndigheten

⁵ RISE Research Institutes of Sweden

Introduktion/Introduction: Antibiotikasmart Sverige är en nationell kraftsamling som leds av Folkhälsomyndigheten, RISE Research Institutes of Sweden, Nationell arbetsgrupp Strama och React och finansieras av Vinnova. Visionen är ett samhälle där alla bidrar till antibiotika fungerar och fortsätter rädda liv.

I arbetet med att nå visionen om ett Antibiotikasmart Sverige har sjukhusen en nyckelroll. På sjukhusen vårdas patienter i en miljö där risken för uppkomst och spridning är hög, vilket innebär en stor patientsäkerhetsrisk. Det finns ett stort engagemang i frågan på många sjukhus och mycket bra arbete genomförs redan. Målsättningen med Antibiotikasmarta sjukhus är att stimulera till ett fortsatt arbete med ett mer strukturerat och bredare angreppssätt.

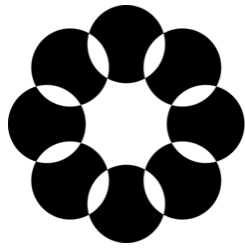
Metod/Method: Antibiotikasmart Sverige har i dialog med yrkesverksamma tagit fram kriterier som belyser vad det innebär att vara antibiotikasmart för olika kommunala och regionala verksamheter och som led i det även för sjukhus. Kriterierna är tänkta att stimulera arbetet med att minska uppkomst av infektioner, motverka smittspridning i samhället och inom vården samt bidra till en klok antibiotikaanvändning.

Kriterierna för Antibiotikasmarta sjukhus kompletterar det befintliga arbetet mot antibiotikaresistens och förebyggande av infektioner som redan pågår via Strama och vårdhygieniska enheter för att skapa bättre förutsättningar och en struktur för detta. Arbetet med Antibiotikasmarta sjukhus har synkroniserats med Stramas 10-punktsprogram mot antibiotikaresistens inom vård och omsorg och de nya Nationella slutenvårdsindikatorerna för antibiotika.

Resultat/Result: För närvarande pågår pilottestning av kriterierna och utvärdering av arbetssättet på elva svenska sjukhus med olika storlek och god geografisk spridning. Under pilotfasen kommer den nya vägledningen för vårdhygieniskt arbete att integreras med kriterierna. Syftet med pilotfasen är att testa, utvärdera och påverka kriteriernas utformning för att kunna erbjuda breddinförande av utvärderade kriterier för Antibiotikasmarta sjukhus under 2024.

Parallellt med arbetet med Antibiotikasmarta sjukhus planeras även kriterier för Antibiotikasmarta kliniker. Redan idag används detta i form av ett lokalt utvecklat arbetssätt i Region Jönköpings län. På initiativ från lokala Stramagruppern deltar 11 kliniker i ett pilotprojekt för Antibiotikasmarta kliniker. Målsättningen är att kunna erbjuda pilottestning för motsvarande nationellt koncept under 2024.

Konklusion/Conclusion: Genom perspektivförskjutning blir arbetet mot antibiotikaresistens allas ansvar i ett samhälle där alla bidrar till att antibiotika fungerar och fortsätter rädda liv.



Antibiotikasmart[®]
Sverige

I4 - En multicenterstudie av ett nytt mikroflödesbaserat snabb-AST system för sepsisorsakande Gramnegativa bakterier

Infektion

Emma Davies¹

Jessie Torpnér¹, Linnea Flinkfeldt¹, Jenny Fernberg¹, Amanda Åman¹, Johan Bergqvist¹, Håkan Öhrn¹, Jonas Ångström¹, Cecilia Johansson¹, Teresa Fernandez Zafra¹, Klara Jäder², Helena Andersson², Ehsan Ghaderi², Maria Rolf³, Martin Sundqvist³, Benjamin Berinson⁴, Holger Rohde⁴, **Christer Malmberg**^{1, 5}

¹ Gradientech AB

² Avdelningen för Klinisk mikrobiologi och Vårdhygien, Akademiska sjukhuset, Uppsala

³ Avdelningen för laboratoriemedicin, Klinisk mikrobiologi, Universitetssjukhuset Örebro, Örebro

⁴ Institutet för Medicinsk Mikrobiologi, Virologi och Hygien, University Medical Center Hamburg-Eppendorf, Hamburg

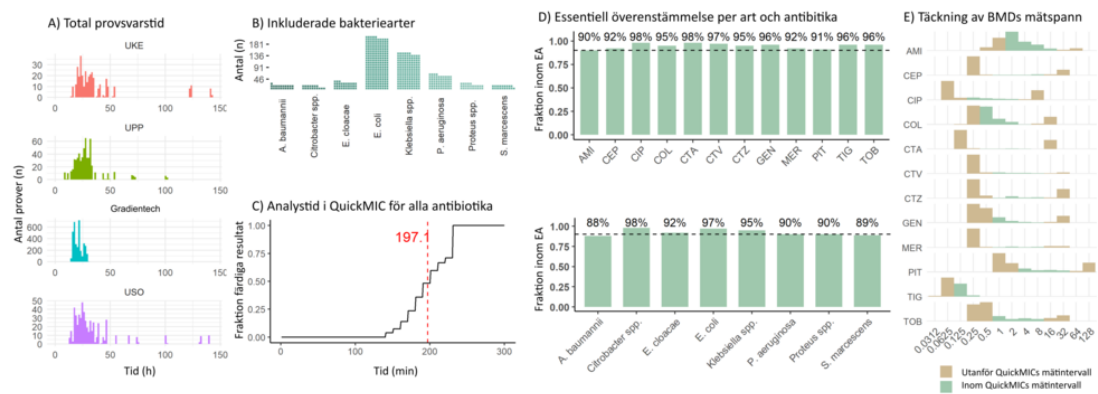
⁵ Institutionen för Medicinska Vetenskaper, Uppsala Universitet, Uppsala

Introduktion/Introduction: Klassiska fenotypiska metoder för antibiotikakänslighetstestning (AST) av bakterier är långsamma och kan ge oprecisa resultat beroende på metodtekniska svårigheter. QuickMIC är ett ”lab-on-a-chip”-system för snabb-AST och MIC-bestämning som använder en precis, linjär antibiotikagradiant. I den här studien utvärderades QuickMICs prestanda i fyra olika laboratorier, med avseende på snabbhet, precision, noggrannhet och reproducerbarhet jämfört med buljongspädning (BMD).

Metod/Method: Totalt 566 blodkulturer, varav 153 var kliniska patientprover och 413 spikade med Gramnegativa isolat från kliniska prover, testades med QuickMICs Gram-negativa panel och resultaten jämfördes med BMD i minst två biologiska replikat (Figur 1). Logistisk regressionsanalys tillämpades för att utforska faktorer som påverkar systemets prestanda. För att studera systemets reproducerbarhet användes en referenskollektion av 10 isolat med bakgrund från kliniska blodkulturer, vilka kördes i triplikat på varje studieplats.

Resultat/Result: Av den samlade stamkollektionen var 51.1% vildtyp för alla antibiotika på panelen, 48.9% resistenta mot åtminstone en antibiotika, och 26.9% resistenta mot åtminstone tre klasser av antibiotika (multiresistens). Medelvärdet av QuickMICs totala provsvarstid (från start av blodkultur till slutsvar, spikade prover uteslutna) var 33.9h (SD: 23.1h) och medelvärdet av analys tiden i instrumentet för alla körningar var 3h 17min (SD: 27.5min). Den essentiella och kategoriska överensstämmelsen mellan QuickMIC och BMD var 94.6% respektive 95.0%, där 31.5% av alla resultat i QuickMIC var inom mätområdet (59.0% för BMD). Frekvensen av VMD, MD och mD var 1.2%, 0.9% respektive 2.9%. Reproducerbarheten mellan laboratorier var hög, där 99.1% av alla provsvar låg inom den allmänt accepterade gränsen på ± 1 log₂-enheter. Regressionsanalysen visade att QuickMIC är robust med avseende på initial inokulatkoncentration och väntetid efter larm i blodskåpet.

Konklusion/Conclusion: Sammanfattningsvis drar vi slutsatsen att QuickMIC kan användas till att snabbt mäta MIC direkt från positiva blodkulturer i kliniska laboratorier, med hög reproducerbarhet, precision och noggrannhet mellan laboratorier. Den mikroflödesgenererade linjära gradienten ger låg teknisk variation och hög precision hos MIC-värdet. Detta möjliggör ett ökat förtroende för MIC-värden från enskilda mätningar, men med bekostnad av ett mindre mätspann i jämförelse med BMD.



Figur 1: A) Total provsvarstid från start av blodkultur till färdigt QuickMIC-resultat för de fyra deltagande laboratorerna (UKE: Universitetsklinikum Eppendorf, UPP: Akademiska Sjukhuset, Uppsala, USO: Universitetssjukhuset Örebro) B) Antal isolat och arter som ingick i studien. C) Instrumentalanslystid i QuickMIC för alla antibiotika på panelen. Linjen visar medelvärdet. D) Översikt av essentiell och kategorisk överensstämmelse per antibiotika och art inkluderad i studien. E) Distribution av BMD-referens MIC och täckning inom QuickMICs linjära mätningsintervall (grönt).

I5 - Ett snabbt arbetsflöde som halverar tiden till resultat genom isolering av bakterier och fenotypisk AST direkt från helblod

Infektion

Julia Pärssinen^{1,2}

Aram Kadoom³, Cyrine Mestiri³, Emma Davies², Amanda Åman², Jenny Fernberg², Linnea Flinkfeldt², Jessie Torpnér², Johan Bergqvist², Håkan Öhrn², Jonas Ångström², Daniel Lockhart³, Cecilia Johansson², William Mullen³, Pernilla Lagerbäck¹, Thomas Tängdén¹, **Christer Malmberg**^{1,2}

¹ Institutionen för Medicinska Vetenskaper, Uppsala Universitet, Uppsala

² Gradientech AB, Uppsala

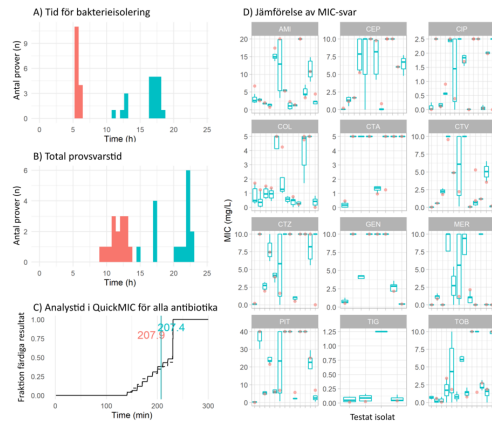
³ Momentum Bioscience Ltd, Oxford

Introduktion/Introduction: Snabbare diagnostik kan förbättra behandlingen av patienter med bakteriell sepsis. Den låga koncentrationen av bakterier i blodet gör det nödvändigt att sätta blodkulturer för anrikning innan artidentifiering och fenotypisk antibiotikakänslighetstestning (AST). Dock är blododling både långsamt och har låg känslighet. SepsiPURE (Momentum Bioscience Ltd) är en ny metod som extraherar och anrikar bakterier direkt från helblod. I den här studien utvärderar vi ett arbetsflöde där SepsiPURE används tillsammans med QuickMIC (Gradientech AB), ett nytt, snabbt AST system, och jämför det med ett arbetsflöde där QuickMIC används efter klassisk blododling.

Metod/Method: Fjorton Gramnegativa isolat (en *A. baumannii*, fyra *E. coli*, fyra *K. pneumoniae* och fem *P. aeruginosa*) användes för att spika humanblod till en koncentration som motsvarar ett kliniskt blodprov (~20 CFU/mL). Blodproven preparerades med SepsiPURE-metoden och kördes sedan med QuickMICs Gramnegativa (GN) antibiotikapanel. Känslighet (Minimum Inhibitory Concentration, MIC), analysid och total svarstid för arbetsflödet jämfördes med de från QuickMIC i kombination med blododling (BD BACTEC Plus Aerobic) där replikaten var spikade med samma isolat och motsvarande inokulat (n=78). Regressionsanalys tillämpades för att identifiera signifikanta skillnader i MIC mellan de två arbetsflödena.

Resultat/Result: Tiden för bakterieextraktion med SepsiPURE var 110 min följt av upp till 5h anrikning efter extraktionen (Figur 1). Arbetsflödet med SepsiPURE var signifikant snabbare än standardarbetsflödet för QuickMIC där prov tas från positiva blodkulturer (total svarstid $11,6 \pm 1,1$ h respektive $21,8 \pm 3,6$ h, $p < 0.001$). 53% av SepsiPURE-proverna gav färdiga AST-provsvar innan motsvarande positiva blodkultur larmat. Medelvärde av tiden till färdigt QuickMIC-resultat var 208 ± 31 min när SepsiPURE-beredda prover kördes respektive 207 ± 29 min när prover från blodkulturer kördes. Den linjära regressionsanalysen med Tukeys post-test kunde inte påvisa signifikanta skillnader i MIC-värden mellan de två arbetsflödena ($p > 0.05$, $R^2 = 0.99$).

Konklusion/Conclusion: SepsiPURE levererar ett bakterieinokulat som är kompatibelt med QuickMIC, vilket ger möjligheten att utföra fenotypisk AST avsevärt mycket tidigare än med klassisk blododling. AST på helblodprover skulle potentiellt sett kunna minska både sjuktal, dödlighet och kostnad för behandling samt reducera utvecklingen av antibiotikaresistens i världen. SepsiPURE i kombination med QuickMIC är lovande, studier med patientprover behöver dock genomföras för att kunna påvisa den praktiska nyttan.



Figur 1: A) Tid för bakterieisolering med SepsisPURE (rött) och blodkultur (blått). B) Total provsvarstid från simulerad bloddragning till färdigt QuickMIC-resultat. C) Analystid i QuickMIC för alla antibiotika på panelen för prover från SepsisPURE (rött) och från blodkultur (blått), linjen visar medelvärdet. D) Jämförelse av MIC-resultat mellan prov från SepsisPURE (röda punkter) och prov från blodkultur (blå lådogram). De röda punkterna visar enskilda MIC från SepsisPURE-prover, och de blå lådogrammen visar medel och kvartilavstånd från multipla blodkulturkörningar. AMI = amikacin, CEP = cefepim, CIP = ciprofloxacin, COL = colistin, CTA = cefotaxim, CTV = ceftazidim-avibactam, CTZ = ceftazidim, GEN = gentamicin, MER = meropenem, PIT = piperacillin-tazobactam, TIG = tigecyklin, TOB = tobramycin

I6 - SARS-CoV-2 variants behind Swedish Covid19 waves as revealed by wastewater-based epidemiology

Infektion

Anna Székely¹

Maja Malmberg¹, Javier Vargas¹

¹ SLU – SEEC (Swedish Environmental Epidemiology Center)

Introduktion/Introduction: The continuous emergence of new SARS-CoV-2 variants has highlighted the need for effective population-based surveillance and monitoring systems. One promising method is wastewater-based monitoring, which can provide valuable information not only about the prevalence of the virus in a community but about the ratio of different variants. In this study, we used this approach to detect and track SARS-CoV-2 variants behind subsequent Covid-19 waves in Sweden.

Metod/Method: Flow-compensated daily composite untreated wastewater samples were collected from various major Swedish cities from autumn 2021 until February 2023. Viral RNA was concentrated using the Maxwell RSC Enviro TNA kit (Promega) and the copy number of SARS-CoV-2 genomes was quantified by RT-qPCR. The RNA was also used for sequence analyses using the Ion AmpliSeq SARS-CoV-2 Insight Research Assay, the Ion S5 XL System and the Torrent Suite Software (Thermo Fisher). The resulting mutation frequency tables were combined with the quantitative data and compared with available epidemiological data.

Resultat/Result: The results allowed us to follow the population level succession of SARS-CoV-2 variants including the rapid change from delta variant to the dominance of omicron in the beginning of 2022. We were also able to follow the prevalence of different omicron subvariants and reveal how the emergence of new subvariants drove new unexpected Covid-19 waves such as the 2022 summer wave caused by the BA.5 omicron subvariant. From autumn 2023 the dominance of single omicron variants became less common. Instead, the coexistence of various subvariants became characteristic suggesting potentially the end of the pandemic phase of Covid-19 and indicating the start of true endemicity.

Konklusion/Conclusion: Our results show that wastewater-based genomic virus monitoring can be an effective and unbiased tool to better understand the epidemiology of emerging and endemic respiratory virus such as SARS-CoV-2.

I7 - Hospital admission rates in patients with COPD throughout the COVID-19 pandemic

Infektion

Niklas Andreen^{1,2}

Johan Westin^{1,2}, Lowie Vanfleteren^{3,4}

¹ Department of Infectious Diseases, Institute of Biomedicine, Sahlgrenska Academy, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

² Region Västra Götaland, Sahlgrenska University Hospital, Department of Infectious Diseases, Gothenburg, Sweden

³ Region Västra Götaland, Sahlgrenska University Hospital, Department of Respiratory Medicine and Allergology, COPD Center, Gothenburg, Sweden

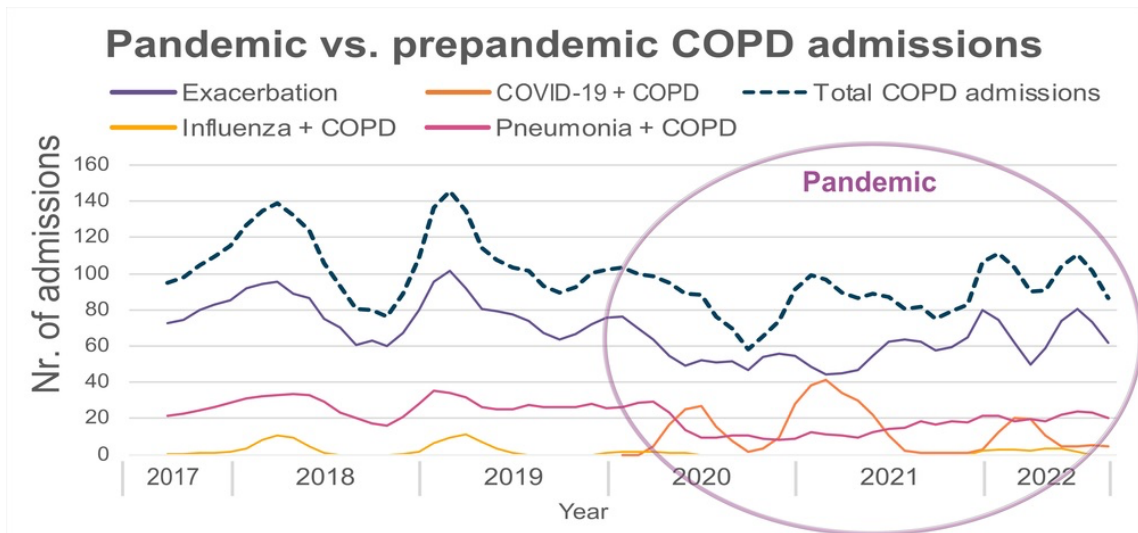
⁴ Department of Internal Medicine and Clinical Nutrition, Institute of Medicine, Sahlgrenska Academy, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

Introduktion/Introduction: Reduced hospital admissions for exacerbations of chronic obstructive pulmonary disease (COPD) have been reported during the COVID-19 pandemic. However, there is no data comparing pandemic COPD admissions for exacerbations with admissions for respiratory infections, including COVID-19, during a prolonged observation time. We wanted to examine admission rates for exacerbations and respiratory infections among COPD patients, before and during the COVID-19 pandemic.

Metod/Method: A retrospective cohort study was performed, obtaining anonymized data on hospital admissions of patients with COPD from the register of discharge diagnoses at a large Swedish hospital. 6166 admissions with a primary diagnosis code for exacerbation, pneumonia, influenza or COVID-19 during a five-year period, were included. Two different pandemic periods, with and without COVID-19 restrictions (February 2020 - March 2022 and April – August 2022, respectively) was compared to a period prior to the pandemic (June 2017 - January 2020). We used Poisson regression to compare monthly admission rates, controlling for admission month.

Resultat/Result: Hospital admission rates decreased during the period with restrictions, with incidence rates ratios of 0.72 for exacerbations (95%CI 0.67-0.77; $p < 0.001$), 0.56 for pneumonia (95%CI 0.49-0.62; $p < 0.001$), 0.18 for influenza during the winter period (95%CI 0.10-0.30; $p < 0.001$) and 0.79 for total COPD admissions (95%CI 0.75-0.84; $p < 0.001$). No significant effect on admissions were seen during the period without COVID-19 restrictions.

Konklusion/Conclusion: Thus, the overall pandemic rate of hospital admissions among COPD patients for exacerbation or respiratory infections was, despite COVID-19 admissions, significantly reduced during this prolonged observation period. Prepandemic levels returned after withdrawal of COVID-19 restrictions. The results support that COVID-19 restrictions reduced severe respiratory infections in COPD patients.



I8 - Association mellan *Fusobacterium necrophorum* och beta-hemolytiska streptokocker med komplikationer till tonsillit – en skånsk registerstudie

Infektion

David Nygren^{1,2}

Lisa Wasserstrom³, Karin Holm^{1,2}, Gustav Torisson^{2,4}

¹ Division for Infection Medicine, Lund University, Lund, Sweden

² VO Infektionsjukdomar SUS Lund/Malmö

³ Clinical Microbiology Laboratory, Skåne University Hospital, Lund, Sweden

⁴ Clinical Infection Medicine, Lund University, Malmö, Sweden

Introduktion/Introduction: Riktlinjer för handläggning av tonsillit är fokuserade på identifiering av grupp A streptokocker (GAS) och styr vem som ska testas och behandlas utifrån patientnära antigenest (Strep A). Trots dessa riktlinjer, så behandlas eller utreds många Strep A-negativa tonsillitpatienter för andra agens, såsom Grupp C eller G streptokocker (GCS/GGS) eller *F. necrophorum*. Denna studies syfte var att undersöka association mellan komplikationer och fynd av *F. necrophorum*, GAS eller GCS/GGS hos patienter med tonsillit, och dess resultat har nyligen publicerats¹.

Metod/Method: Detta var en retrospektiv, registerbaserad studie av tonsillitfall, definierat som ICD-10-diagnos J02-03, vilka testats för *F. necrophorum* (PCR) och beta-hemolytiska streptokocker (odling) i Skåne, Sverige mellan Juni 2013 och December 2020. Patienter med tidigare komplikation eller antibiotikabehandling (30 dagar) exkluderades. Data hämtades från register och elektroniska journaler. Logistisk regressionsanalys utfördes, med primärt utfallsmått bestående av ett kompositmått för komplikationer inom 30 dagar. Fall med negativa mikrobiologiska fynd utgjorde referenskategori i regressionsanalyser. Komplikationer definierades utifrån ICD-10-koder för peritonsillär eller annan faryngeal abscess, otit, sinuit, sepsis eller septisk komplikation, recidiverande tonsillit (efter 15-30 dagar) eller sjukhusvård.

Resultat/Result: Bland 3700 inkluderade fall, identifierades *F. necrophorum* hos 28%, GCS/GGS hos 13% och GAS hos 10%. 54% hade negativa resultat. Komplikationsfrekvensen inom 30 dagar var hög (20%). Fynd av *F. necrophorum* (odds kvot 1.8; 95% konfidensintervall, 1.5-2.1) eller GAS (1.9; 1.5-2.5) var associerade med fler komplikationer, medan fynd av GCS/GGS var associerat med färre komplikationer (0.7; 0.4-0.98).

Konklusion/Conclusion: Våra resultat indikerar att *F. necrophorum* är en relevant patogen vid tonsillit, medan rollen för odling av beta-hemolytiska streptokocker, och då främst GCS/GGS, ifrågasätts. Vilka patienter som ska testas och behandlas för *F. necrophorum* kvarstår att definiera.

Referenser

1. David Nygren, Lisa Wasserstrom, Karin Holm, Gustav Torisson, Associations Between Findings of *Fusobacterium necrophorum* or β -Hemolytic Streptococci and Complications in Pharyngotonsillitis—A Registry-Based Study in Southern Sweden, *Clinical Infectious Diseases* 2022; ciac736, <https://doi.org/10.1093/cid/ciac736>

19 - VIRALA LUFTVÄGSINFEKTIONER HOS VUXNA MED INVASIV PNEUMOKOCKSJUKDOM: EN PROSPEKTIV KOHORTSTUDIE

Infektion

Karin Bergman^{1, 2, 3}

Tor Härnqvist^{1, 4}, Henriette Højgaard⁵, Magnus Brink^{1, 6}, Rune Andersson^{1, 7}, Rickard Nordén¹, Ebba Samuelsson¹, Johanna Karlsson^{1, 4}, Åsa Mellgren^{1, 6}, Susann Skovbjerg^{1, 7}

¹ Avdelningen för infektionssjukdomar, Institutionen för biomedicin, Sahlgrenska akademien, Göteborgs universitet, Göteborg, Sverige

² Västra Götalandsregionen, Södra Älvsborgs sjukhus, VO Hud, infektion, vårdhotell SÄS och ögon, Borås, Sverige

³ Västra Götalandsregionen, Södra Älvsborgs sjukhus, Enheten för Forskning, Utbildning och Innovation, Borås, Sverige

⁴ Västra Götalandsregionen, NU-sjukvården, VO Hematologi-hud-infektion, Trollhättan, Sverige

⁵ Västra Götalandsregionen, Kungälv's sjukhus, Ortopedkliniken, Kungälv, Sverige

⁶ Västra Götalandsregionen, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Infektionskliniken, Göteborg, Sverige

⁷ Västra Götalandsregionen, Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Göteborg, Sverige

Introduktion/Introduction: I en pågående prospektiv studie av invasiv pneumokocksjukdom (IPD) hos vuxna i Västra Götalandsregionen jämförs patienter med och utan samtidigt påvisat luftvägsvirus avseende ålder, bakomliggande riskfaktorer för IPD, sjukdomsmanifestationer och infektionens allvarlighetsgrad.

Metod/Method: Från mars 2018 till början av januari 2023 har 140 patienter över 18 år med pneumokocker påvisade i blododling och/eller i likvor med odling eller PCR inkluderats i studien. Patienterna har provtagits från svalg och nasofarynx för analys av luftvägsvirus och bakterier med multiplex real-tids qPCR på Klinisk Mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Göteborg. Kliniska data har inhämtats från patientjournaler och genom att intervjua patienterna.

Resultat/Result: Hos 34% (47/140) av IPD patienterna påvisades luftvägsvirus. Rhinovirus var det vanligaste förekommande viruset (n=16), följt av influensavirus A (n=9), humant metapneumovirus (n=6) och respiratoriskt syncytialvirus (n=6). Hos tre patienter kunde SARS-CoV-2 identifieras. Medianåldern hos de viruspositiva IPD patienterna var 67 år jämfört med 71 år hos de virusnegativa (p=0.09). En mindre andel med virusinfektion hade kända riskfaktorer för IPD (66 %, 31/47) jämfört med patienter utan virusinfektion (82 %, 78/93; p=0.04). Av patienter med virusinfektion hade 91 % (43/47) lunginflammation jämfört med 78 % (73/93) av de virusnegativa (p=0.05). Meningit var vanligare hos patienter utan virusinfektion (16 %, 15/93) än hos viruspositiva patienter (2 %, 1/47; p=0.01). Vidare påvisades pneumokocker oftare i nasofarynx hos viruspositiva (83 %, 31/38) än virusnegativa IPD patienter (47 %, 32/68; p<0.001). Ingen statistiskt signifikant skillnad sågs i andelen IVA-vårdade patienter eller dödlighet mellan grupperna.

Konklusion/Conclusion: Luftvägsvirus påvisades hos en hög andel av patienter med invasiv pneumokocksjukdom. Virusförekomsten var högre hos individer utan kända bakomliggande riskfaktorer för IPD vilket talar för att virusinfektion utgör en oberoende riskfaktor för IPD. Samtidig infektion med SARS-CoV-2 var ovanligt under de första tre åren av Covid-19-pandemin.

I10 - Diagnostik av bakteriella CNS-infektioner relaterade till externt ventrikeldränage med 16S Nanopore-sekvensering

Infektion

Johan Widén^{1, 2}

Jacob Morén^{3, 4, 5}, Anna Fagerström^{6, 7}, Paula Mölling^{6, 7}, Martin Sundqvist^{6, 7}, Adam Linder^{1, 2}, Gabriel Westman^{3, 5}

¹ Avdelningen för infektionsmedicin, Institutionen för kliniska vetenskaper Lund, Lunds universitet

² Infektionskliniken, Skånes Universitetssjukhus, Region Skåne

³ Enheten för infektionsmedicin, Institutionen för medicinska vetenskaper, Uppsala universitet

⁴ Sektionen för vårdhygien, Akademiska sjukhuset, Uppsala

⁵ Infektionskliniken, Akademiska sjukhuset, Uppsala

⁶ Institutionen för medicinska vetenskaper, Örebro universitet

⁷ VO laboratoriemedicin, Klinisk mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro

Introduktion/Introduction: Neurokirurgi samt förekomst av externt ventrikeldränage (EVD) medför en risk för vårdrelaterade infektioner i centrala nervsystemet (CNS) som riskerar att försämra utfallet för patienter på neurokirurgiska intensivvårdsavdelningar (NIVA)¹. Kliniska symtom samt biomarkörer och odlingsfynd i cerebrospinalvätska (CSV) är svårtolkade och ospecifika vid NIVA-vård för akuta neurokirurgiska tillstånd vilket leder till såväl överbehandling som fördröjd behandling av CNS-infektioner². I denna studie undersöktes den diagnostiska prestandan av 16S Nanopore-sekvensering³ för EVD-relaterade CNS-infektioner.

Metod/Method: 97 patienter vårdade på NIVA under perioden 2018–2021 där CSV-prov tagits via EVD på grund av misstanke om CNS-infektion inkluderades. 13 patienter exkluderades efter screening av journaler. Kvarvarande 84 patienter delades in i odlingsnegativa utan pågående antibiotikabehandling vid provtagning (n=18), odlingsnegativa med pågående antibiotikabehandling vid provtagning (n=44) samt odlingspositiva (n=22). CSV analyserades på laboratoriet i Örebro med med 16S Nanopore-sekvensering och realtids 16S PCR.

Resultat/Result: I gruppen odlingsnegativa utan antibiotika var samtliga prover negativa i konventionell 16S PCR och hade lågt antal 16S-sekvenser i Nanopore-sekvensering (median 1175). Bland odlingsnegativa med pågående antibiotika var 1 av 44 patienter positiva i konventionell 16S PCR. Medianantal 16S-sekvenser var 1300. Nanoporesekvensering på det positiva provet visade på medelhögt antal (30 258) 16S sekvenser som fördelades på ett stort antal olika bakteriearter (>10). I gruppen odlingspositiva var medianantal 16S-sekvenser 99861 och 17 av 22 positiva i konventionell 16S PCR. Utav dessa var artbestämning överensstämmande mellan odling och 16S-Nanoporesekvensering i 16 av 17 fall. I de odlingspositiva fall där konventionell 16S PCR var negativ kunde ett lägre antal (382–19 043) 16S sekvenser från den framodlade bakterien påvisas med Nanopore-sekvensering i 4 av 5 fall

Konklusion/Conclusion: Resultatet av konventionell realtids 16S PCR överensstämmer i de flesta fall med CSV-odling hos NIVA-patienter där provtagning skett via EVD, även vid pågående antibiotikabehandling. Detta ger stöd för att avstå från eller sätta ut antibiotikabehandling för misstänkt EVD-relaterad infektion vid negativ 16S-PCR. 16S Nanopore-sekvensering kan öka känsligheten för 16S PCR samt ge förbättrad möjlighet för artbestämning och påvisning av polymikrobiella infektioner men vid klinisk implementering av metoden kommer höga krav ställas på klinisk mikrobiolog och infektionsläkare vid tolkning av resultaten.

Referenser

1. Lyke KE, Obasanjo OO, Williams MA, O'Brien M, Chotani R, Perl TM. Ventriculitis complicating use of intraventricular catheters in adult neurosurgical patients. *Clin Infect Dis*. 2001 Jul;33(12):2028–33.
2. Muttaiyah S, Ritchie S, Upton A, Roberts S. Clinical parameters do not predict infection in patients with external ventricular drains: A retrospective observational study of daily cerebrospinal fluid analysis. *J Med Microbiol*. 2008 Feb;57(2):207–9.
3. Sun X, Song L, Yang W, Zhang L, Liu M, Li X, Tian G, Wang W. Nanopore Sequencing and Its Clinical Applications. *Methods Mol Biol*. 2020;2204:13-32.

I11 - Sepsishärmare bland patienter med misstänkt sepsis på intensivvårdsavdelningar

Infektion

Maria Lengquist¹

Shiva Alestam¹, Attila Frigyesi¹, **Lisa Mellhammar**²

¹ Anestesi och Intensivvård, Skånes Universitetssjukhus

² Infektionskliniken, Skånes Universitetssjukhus

Introduktion/Introduction: Organsvikt förekommer hos en majoritet av patienterna på intensivvårdsavdelningar. Hos många föreligger en misstänkt infektion och därmed misstänkt sepsis. Det finns en risk att patienter falskt klassificeras som sepsispatienter s.k. sepsishärmare (1, 2). Syftet med studien var att undersöka andelen icke-infekterade patienter, sepsishärmare bland intensivvårdspatienter med misstänkt sepsis.

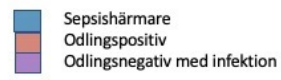
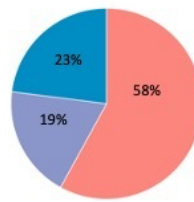
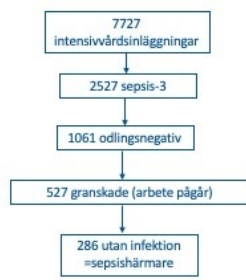
Metod/Method: Vi genomförde en retrospektiv observationsstudie av patienter med misstänkt sepsis inlagda på 4 allmänna intensivvårdsavdelningar under 3,5 års tid. För att misstänka sepsis användes proxy-kriterier: Δ SOFA >2 , blododling tagen och samtidigt given antibiotikabehandling. Odlingsnegativa patienters journaler granskades retrospektivt och klassificerades som sannolik infektion eller ej (3).

Resultat/Result: Av 7727 intensivvårdsinläggningar hade 2527 patienter misstänkt sepsis (Figur 1). Av dessa var 1061 (42 %) odlingsnegativa, d.v.s. hade inga signifikanta mikrobiologiska fynd i prover. Vid en interimanalys när 527 (50 %) av dessa odlingsnegativa sepsispatienters journaler granskats för infektion visade det sig att 286 patienter (54 %) inte uppfyller kriterierna för trolig infektion. Det vill säga att totalt 23 % av de med misstänkt sepsis utgörs av sepsishärmare. De vanligaste orsakerna till intensivvårdsinläggning bland dessa sepsishärmare var ospecifik eller blandad andningssvikt, massiv blödning samt hjärtstillestånd eller kardiogen chock.

Konklusion/Conclusion: Nästan en fjärdedel av patienter inom intensivvården med misstänkt sepsis utgörs av sepsishärmare. Sepsishärmare har både klinisk och akademisk relevans. De utgör risk för fördröjning av rätt diagnos och behandling. De kan även innebära en potentiell utspädningseffekt på den sanna sepsispopulationen och därmed hota validiteten av sepsisstudier.

Referenser

1. Contou D, Roux D, Jochmans S, Coudroy R, Guérot E, Grimaldi D, et al. Septicshock with no diagnosis at 24 hours: a pragmatic multicenter prospective cohort study. *Critical care* (London, England). 2016;20(1):360.
2. Heffner AC, Horton JM, Marchick MR, Jones AE. Etiology of illness in patients with severe sepsis admitted to the hospital from the emergency department. *Clinical infectious diseases* : an official publication of the Infectious Diseases Society of America. 2010;50(6):814-20.
3. Mellhammar L, Elén S, Ehrhard S, Bouma H, Ninck L, Muntjewerff E, et al. New, Useful Criteria for Assessing the Evidence of Infection in Sepsis Research. *Crit Care Explor*. 2022;4(5):e0697.



Figur 1.

I12 - Bakteriemi och infektiös endokardit med *S. bovis*-gruppens subarter – en retrospektiv kohortstudie

Infektion

Jonas Öberg^{1,2}

Bo Nilson^{1,3}, Patrik Gilje^{1,4}, Magnus Rasmussen^{1,5}, Malin Inghammar^{1,5}

¹ Lunds universitet

² Infektionsenheten, Helsingborgs lasarett

³ Klinisk Mikrobiologi, Region Skåne

⁴ VO Kardiologi, SUS Lund

⁵ VO Infektionssjukdomar, SUS Lund

Introduktion/Introduction: *Streptococcus bovis*-gruppen består av sju arter och subarter, varav den vanligaste vid bakteriemi i Skåne är *S. gallolyticus subsp. pasteurianus*. *S. gallolyticus subsp. gallolyticus* har i internationella studier befunnits orsaka de flesta fall av *S. bovis*-endokardit, men risken för endokardit med övriga subarter är till stor del okänd i Sverige och internationellt. Denna studie syftade till att undersöka klinisk presentation och risken för infektiös endokardit vid bakteriemi med *S. bovis*-gruppens vanligaste subarter.

Metod/Method: En retrospektiv kohortstudie av *S. bovis*-bakteriemier 2003-2018 i Skåne. Subart identifierades med helgenomsekvensering. Bakteriemi med *S. gallolyticus subsp. pasteurianus*, *S. gallolyticus subsp. gallolyticus*, *S. lutetiensis* och *S. infantarius subsp. infantarius* inkluderades. Journaler granskades retrospektivt, och vid osäker tolkning av fynd vid ekokardiografi utfördes eftergranskning. Definitiv endokardit definierades enligt 2015 ESC Guidelines for the management of infective endocarditis.

Resultat/Result: Totalt inkluderades 210 episoder med *S. bovis*-bakteriemi. Definitiv infektiös endokardit identifierades i 28/210 (13%) bakteriemi-episoder. Av dessa var 7/28 (25%) protesendokardit, 1/28 (4%) CIED-endokardit, och 10/28 (36%) genomgick klaffkirurgi. Antal som diagnosticerades med endokardit per subart var: *S. gallolyticus subsp. gallolyticus* 17/52 (33%), *S. infantarius subsp. infantarius* 5/31 (16%), *S. gallolyticus subsp. pasteurianus* 4/83 (5%) och *S. lutetiensis* 2/44 (5%) ($p < 0.001$). Bakteriemi med *S. gallolyticus subsp. pasteurianus* och *S. lutetiensis* var oftare associerade med bukinfektioner samt polymikrobiella bakteriemier.

Konklusion/Conclusion: Risken för infektiös endokardit vid *S. bovis*-bakteriemi varierar beroende på subart. Ekokardiografi bör alltid övervägas vid bakteriemi med *S. gallolyticus subsp. gallolyticus* och *S. infantarius subsp. infantarius*, men kan ibland avstås vid bakteriemi med *S. gallolyticus subsp. pasteurianus* och *S. lutetiensis*.

Referenser

Jonas Öberg, Bo Nilson, Patrik Gilje, Magnus Rasmussen & Malin Inghammar (2022) Bacteraemia and infective endocarditis with *Streptococcus bovis*-*Streptococcus equinus*-complex: a retrospective cohort study, *Infectious Diseases*, 54:10, 760-765, DOI: 10.1080/23744235.2022.2089730

I13 - Tanken som äntligen tog form - Sprututbytet i Göteborg

Infektion

Frida Asteberg¹

Panos Vasilakis¹, Magdalena Ydreborg²

¹ Infektionsmottagningen/Sprututbytet, Sahlgrenska Universitetssjukhuset/Östra, Göteborg

² Infektionskliniken/Sprututbytet, Sahlgrenska Universitetssjukhuset/Östra, Göteborg

Introduktion/Introduction: För personer som injicerar narkotika är risken för blodsmitta stor i samband med delning av injektionsverktyg. De är också mer utsatta för kringsjukdomar som sepsis och hudinfektioner. Finns starkt vetenskapligt stöd för skadebegränsande åtgärder för personer som injicerar (1). 1986 startades Sveriges första sprututbytesverksamhet i Region Skåne. Resultatet visade på en bibehållen låg HIV prevalens och incidens, effektiv vaccination mot hepatit B och kartläggning av Hepatit C-spridning (2). I Storgöteborg beräknades det 2012 finnas 900 individer som injicerade narkotika (3).

Projektets övergripande syfte: Alla som injicerar droger ska få bästa möjliga skydd mot sjukdomar och skador. Målet är att nå alla individer ≥ 18 år i Storgöteborg som injicerar narkotika.

Metod/Method: Våren 2018 fick Infektionskliniken uppdraget att, i samråd med Beroendekliniken, utforma verksamheten enligt Lag om utbyte av sprutor och kanyler (2006:323) och SOFS 2007:2. En lokal styrgrupp skapades. Studiebesök på sprututbytesverksamheter i Malmö och Stockholm genomfördes för att lära av deras arbets sätt och erfarenheter. Litteratur granskades. Verksamheten utformades som en lågtröskelverksamhet för att vara lättillgänglig. För att nå aktuell målgrupp spreds information via beroendevården, socialtjänsten, polisen, boenden för hemlösa samt massmedia. Verksamheten öppnade december 2018.

Resultat/Result: Ett år senare hade verksamheten 437 inskrivna individer. Nu är 1150 individer inskrivna. Prevalensen av individer med aktiv hepatit C i patientgruppen har minskat från 40% till 22% till följd av behandling samt tillgång till rena verktyg. I patientenkät från våren 2022 framkommer att 95 % erhållit information om risker i samband med injicering, 79 % av dem har minskat sitt risktagande. Verksamheten får höga poäng gällande bemötande, tillgänglighet och förtroende. Genom att ha flera funktioner samlade; sjuksköterska, undersköterska, barnmorska, kurator, infektion- samt beroendeläkare, kan stor del av målgruppens behov mötas under samma tak. Samverkan med externa enheter stöttar individen till vidare vård.

Konklusion/Conclusion: När patienter som vården haft svårt att nå och erbjuder vård på patientens villkor. Genom att få hjälp med infektioner och skador ökar individens motivation att förändra fler saker i livet. Individen kan erhålla stöd i kontakt med övrig somatisk vård, beroendevård, psykiatrisk vård och socialtjänst. Kunskap och förståelse för patientgruppen ökar vilket främjar kontinuerlig utveckling av verksamheten. Via samverkan, studiebesök och föreläsningar spreds kunskapen vidare.

Referenser

1.Folkhälsomyndigheten 2.Alanko, M. (2016). Blood Borne Viruses (HIV, HBV and HCV) among Participants of a Swedish Needle Exchange Program 3.Socialstyrelsens uppgifter från 2012

I14 - 35 år av sprutbytesverksamhet i Malmö - samsjuklighetsperspektivet i fokus

Infektion

Marianne Alanko Blomé^{1,2}

Katja Troberg³, Pernilla Isendahl¹, Martin Bråbäck³, Sara Alsterberg¹, Anna Jerkeman¹

¹ VO Infektionssjukdomar, Skånes Universitetssjukhus, Malmö.

² Smittskydd Skåne.

³ Beroendecentrum, Malmö, Region Skåne.

Introduktion/Introduction: Sprutbytet i Malmö öppnades 1987 som ett konkret sätt att förhindra spridning av hiv bland personer som injicerar droger. Under de 35 åren som gått har ca 5200 deltagare skrivit in sig i programmet. Prevalensen och incidensen av hiv har förblivit låga. Vaccination mot hepatit B (HBV) som infördes 1994 har haft god effekt. Den höga förekomsten och incidensen av hepatit C (HCV) har föranlett riktade åtgärder mot HCV, där effekt nu ses. Likaså har den höga opioidöverdosdödligheten i Sverige indicerat ett regionövergripande projekt för opioidöverdosprevention.

Metod/Method: Femtio aktiva deltagare vid Sprutbytet i Malmö med kronisk HCV-infektion inkluderades i Actionne-projektet från april 2018 till maj 2019. Deltagarna erhöll en fast kombination av glecaprevir/pibrentasvir under 8 veckor (eller 12 veckor för patienter med cirrhos) och monitorerades avseende följsamhet, biverkningar och virusnivåer. De träffar under studietiden specialister i såväl infektionssjukdomar som beroendemedicin. En 5-årig uppföljningsperiod pågår för detektion och handläggning av reinfektioner. Övriga deltagare kan numera också få HCV-behandling via Sprutbytet. Parallellt med HCV-arbetet infördes 2018 ett regionövergripande opioidöverdospreventionsprojekt, det första i Sverige. Vid starten omfattade det samtliga 4 skånska sprutbyten och > 25 LARO-mottagningar, antalet deltagande enheter har sedan ökat. Personer under risk för opioidöverdos utbildas i handläggning av en opioidöverdossituation och tilldelas kit innehållande antidoten naloxon som nässpray.

Resultat/Result: Majoriteten, 47/50 (94 %) av Actionne-deltagarna fullföljde HCV-behandlingen. Av dessa lämnade 45/50 prov för SVR12, samtliga utläkta. Två deltagare uppvisade omätbara virusnivåer redan efter 1 vecka, ytterligare sex efter 2 veckor. Totalt var 25/45 (56 %) HCV RNA negativa efter 4 veckors behandling. SVR12 per ITT var 90 % och per protokoll 96 %. Under uppföljningstidens 4 första år (2022) hade 8 reinfektioner observerats (alla män), motsvarande 9,5 fall/100 personår under risk. Överdospreventionsprojektet hade vid 30-mån uppföljningen (dec 2020) inkluderat 1,079 studiedeltagare, varav 22 % ($n = 235$) kommit för påfyllnad av naloxonkiten. Av dessa hade 60 % ($n = 140$) använts vid 229 överdossituationer.

Konklusion/Conclusion: Samsjuklighetsperspektivet är grundläggande vid utveckling av sprutbytesverksamhet. Ett helhetsgrepp riktat mot både infektionssjukdomar och beroenderelaterade risker är grundläggande för minskad morbiditet och mortalitet i målgruppen. Exempelvis har den kollektiva HCV-bördan i gruppen kunnat minskas samt konkret stöd för hantering av en överdossituation kunnat erbjudas.

Referenser

Blomé MA, Bråbäck M, Alsterberg S, Jerkeman A. Hepatitis C treatment at a Swedish needle exchange program, a successful model of care - the ACTIONNE study. *Int J Drug Policy*. 2021 Oct;96:103407.

Troberg K, Isendahl P, Blomé MA, Dahlman D, Håkansson A. Characteristics of and Experience Among People Who Use Take-Home Naloxone in Skåne County, Sweden. *Front Public Health*. 2022 Mar 10;10:811001.

Troberg K, Isendahl P, Blomé MA, Dahlman D, Håkansson A. Protocol for a multi-site study of the effects of overdose prevention education with naloxone distribution program in Skåne County, Sweden. *BMC Psychiatry*. 2020 Feb 7;20(1):49.

Alanko Blomé M, Björkman P, Flamholc L, Jacobsson H, Widell A. Vaccination against hepatitis B virus among people who inject drugs - A 20year experience from a Swedish needle exchange program. *Vaccine*. 2017 Jan 3;35(1):84-90.

I15 - Klinisk bild vid bärarskap av malariaparasiter bland migranter från sub-Sahariska Afrika

Infektion

Isabelle Eliasson¹

Katja Wyss^{1,2}, Rebecca Tafesse Bogale¹, Irene Nordling², Andreas Wångdahl³, Anna Färnert^{1,2}

¹ Avdelningen för infektionssjukdomar, Institutionen för medicin Solna, Karolinska Institutet

² Medicinsk enhet Infektion, Karolinska universitetssjukhuset, Stockholm

³ Infektionskliniken, Västerås sjukhus, Västerås

Introduktion/Introduction: *Plasmodium*-infektioner varierar i sin presentation beroende på värdfaktorer hos den infekterade personen. Invånare i högendemiska länder utvecklar delvis skyddande immunitet mot malaria vilket kan resultera i ett asymtomatiskt bärarskap. Den fulla signifikansen av bärarskapet är ej fastställt men asymtomatisk *Plasmodium*-infektion är associerad med anemi, graviditetskomplikationer, hyperreaktiv splenomegali och Burkitt's lymfom. I en nyligen publicerad screeningstudie i Sverige har vi påvisat en prevalens på 9% av *Plasmodium*-infektioner bland migranter från sub-Sahariska Afrika. Bland migranter från Uganda var 35% av barn och 20% av vuxna PCR-positiva för olika arter. Ett flertal av migranterna hade infektioner som varat i över ett år från ankomst till Sverige. Syftet med denna studie var att undersöka den kliniska bilden i dessa PCR-positiva individer för att klargöra huruvida bärarskap av parasiter påverkar individens hälsa.

Metod/Method: Studien är utformad som en retrospektiv tvärsnittsstudie med insamling av kliniska data från journaler från läkarbesöket för behandling.

Resultat/Result: Preliminära resultat visar att få deltagare rapporterade feber i närtid, en övervägande majoritet hade därför ett subkliniskt bärarskap. Bland de som lämnat blodprov i anslutning till behandlingstillfället hade en stor andel avvikande blodbild. Förhöjt LD och förhöjd SR sågs hos över hälften av de provtagna. Utöver detta fanns en hög prevalens av neutropeni. Av de som genomgått bukradiologi eller bukpalpation hade 30% splenomegali.

Konklusion/Conclusion: Vi fann således hög prevalens av både avvikande blodbild, förhöjda inflammationsparametrar och splenomegali i denna population av migranter från sub-Sahariska Afrika med PCR-detekterad *Plasmodium*-infektion. Mer systematisk forskning behövs för att ytterligare undersöka hälsoeffekterna av dessa avvikelser. Dessa preliminära data talar för att screening och behandling av asymtomatiskt bärarskap i migranter från högendemiska områden är av värde.

I16 - *Borrelia valaisiana* – ny fästingburen humanpatogen?

Infektion

Julia Levin¹

Malin Lager², Marika Nordberg^{3,4}, Dag Nyman⁴, Pia Forsberg⁵, Per-Eric Lindgren^{2,5,6}, Anna J Henningsson^{2,5}, Peter Wilhelmsson^{5,6}, Johanna Sjöwall^{1,5}

¹ Infektionskliniken i Östergötland, Vrinnevisjukhuset i Norrköping

² Nationellt referenslaboratorium för *Borrelia* and andra fästingburna bakterier, Klinisk mikrobiologi, Laboratoriemedicin, Region Jönköpings län

³ Ålands hälso- och sjukvård, Åland, Finland

⁴ Borreliagruppen på Åland, Mariehamn, Åland, Finland

⁵ Institutionen för biomedicinska och kliniska vetenskaper, avdelningen för inflammation och infektion, Linköpings universitet, Linköping

⁶ Avdelningen för Klinisk mikrobiologi, Länssjukhuset Ryhov, Region Jönköpings län, Jönköping

Introduktion/Introduction: *Borrelia valaisiana* är en fästingburen bakterie som tillhör *Borrelia burgdorferi sensu lato*-komplexet. Den förekommer i *Ixodes ricinus* fästingar i Sverige, men dess betydelse som humanpatogen är inte klarlagd. I en multicenterstudie (STING) som pågick under åren 2007–2015, i vilken fästingar och fästingbitna individer inkluderades, påvisades *B. valaisiana* i 34 av 2154 (1,6 %) fästingar från Sverige och Åland, Finland, under åren 2008–2009. I denna studie har vi undersökt om de individer som blivit fästingbitna av *B. valaisiana*-positiva fästingar utvecklat antikroppar och/eller uppvisat symtom på fästingburen infektion.

Metod/Method: Fästingbitna studiedeltagare >18 år tillfrågades om deltagande i STING-studien via primärvårdsinstanser i södra, mellersta och norra Sverige samt på Åland. Fästingar som bitit sig fast insamlades och formulär med frågor rörande hälsotillstånd och uppgifter om nytillkomna symtom besvarades vid inklusion respektive vid studieavslut efter 3 månader. Vid samma tillfällen togs även blodprover. Journaluppgifter inhämtades för de deltagare som sökt sjukvård. Fästingarna bedömdes avseende art och blodsugningstid och analyserades med hjälp av realtids-PCR på förekomst av bakterier i Borreliasläktet. Borreliaspecifika antikroppar analyserades hos studiedeltagare vid inklusion och efter 3 månader. Två grupper jämfördes: 1) studiedeltagare med *B. valaisiana* påvisad i fästing (VPOS, n=33) samt 2) studiedeltagare med fästing utan förekomst av *B. valaisiana* eller annan *Borrelia*-subtyp (VNEG, n=67). VNEG matchades mot VPOS avseende kön, geografiskt område och ålder ± 5 år.

Resultat/Result: Samtliga fästingar tillhörde arten *Ixodes ricinus*. Blodsugningstid skiljde sig inte signifikant mellan grupperna (median VPOS 32,5 h, VNEG 35 h). Medelåldern i VPOS var 66 år och andelen kvinnor var 58%. Ingen signifikant skillnad förelåg mellan VPOS och VNEG avseende nytillkomna symtom. De vanligaste symtomen i VPOS var nackvärk (7%), muskel- och ledvärk (10%), parestesier (10%) och huvudvärk (6%), men ingen sökte sjukvård. Serokonversion inträffade i signifikant högre utsträckning ($p < 0,001$) hos VPOS jämfört med VNEG, men serokonversion korrelerade inte med symtom.

Konklusion/Conclusion: Denna studie visar att bett av *B. valaisiana*-positiv fästing kan medföra utveckling av Borreliaspecifika antikroppar och ger möjligen upphov till asymtomatisk och även symptomgivande infektion. Fler studier behövs emellertid för att utröna *B. valaisianas* humanpatogena egenskaper, genom direktpåvisning i humana vävnadsprover.

I17 - Incidence of Lyme carditis and Lyme carditis as the cause of pacemaker implantation - a nationwide registry-based study

Infektion

Sanna Avellan^{1,2}

Kirsten Mehlig³, **Daniel Bremell**^{1,2}

¹ Department of Infectious Diseases, Sahlgrenska University Hospital, Gothenburg, Sweden

² Institute of Biomedicine, Sahlgrenska Academy, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

³ School of Public Health and Community Medicine, Institute of Medicine, Sahlgrenska Academy, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

Introduktion/Introduction: Lyme borreliosis (LB) affecting the heart is called Lyme carditis (LC). The most common manifestation of LC is atrioventricular (AV) block. If undiagnosed, LC can cause high-grade AV block requiring pacemaker implantation; fatal cases of LC are described. LC is treated with a short course of antibiotics and the majority of patients recover fully after treatment. The percentage of patients with LB that present with LC is estimated to 1,5-10% in the US, lower in Europe. The overall incidence of LC and LC as a cause of AV block has not previously been systematically studied.

Metod/Method: The study was a case control study based on linked nationwide data from Swedish national registries between 2001 and 2018 (2010-2018 for pacemaker data). Patients diagnosed with AV block were included in study population 1; patients who had received a pacemaker for AV block were included in study population 2. In these populations, patients diagnosed with Lyme borreliosis within a time period of 90 days before and 180 days after the AV block diagnosis or pacemaker implantation were identified. Two control groups, matched 1:1 according to age, sex and city of residence, and who had not been diagnosed with AV block or had received a pacemaker during the same time period, were selected from the general population.

Resultat/Result: Out of 81,063 patients with AV block, 102 were diagnosed with LB within the specified time frame. In the control group, 27 were diagnosed with LB. The calculated yearly incidence of LC was 0.056 (95%CI 0.039-0.072) per 100,000 adults and year. Out of 25,241 patients who had received a pacemaker for AV block, 31 were diagnosed with LB. In the control group, 8 were diagnosed with LB. The calculated yearly incidence of LC as a cause of pacemaker implantation was 0.034 (95%CI 0.010-0.059) per 100,000 adults and year. Combining data from both populations, the calculated risk for patients with Lyme carditis to receive a permanent pacemaker was 61%.

Konklusion/Conclusion: LC is a rare cause of AV block. Nevertheless, several patients each year receive a permanent pacemaker for a condition that can be cured with a short course of antibiotics.

I18 - Clinical performance of a C6 and PepC10 peptide-based lateral flow immunoassay in Lyme borreliosis serology

Mikrobiologi

Matilda Bjurenstedt¹

Anna J. Henningsson^{1,2}

¹ Division of Clinical Microbiology, Laboratory Medicine, Jönköping, Region Jönköping County and Department of Biomedical and Clinical Sciences, Linköping University, Sweden

² Division of Clinical Microbiology and Department of Biomedical and Clinical Sciences, Linköping University, Linköping, Sweden

Introduktion/Introduction: Lyme borreliosis (LB) is the most common tick-borne infection in Europe. The disease is caused by spirochetes in the *Borrelia burgdorferi* sensu lato complex which are transmitted by the bites of infected *Ixodes* ticks. Lyme neuroborreliosis (LNB) is the most common manifestation of disseminated borreliosis in Europe. Laboratory diagnostics of LB patients is normally based on detection of *B. burgdorferi* antibody response. The diagnosis of LNB is based on the patient's medical history, clinical findings, cerebrospinal fluid (CSF) pleocytosis and intrathecal *Borrelia*-specific antibody production, as mirrored by a positive antibody index (AI). ReaScan+ LYME IgM/IgG Combo (Reagen) test utilizes two synthetic peptide antigens: C6 and PepC10 in separate test lines. It detects both IgM and IgG antibodies against these antigens by immunochromatography in a lateral flow assay.

Metod/Method: The clinical evaluation was a retrospective case-control study including left-over LNB and non-LNB serum/CSF sample pairs from clinical routine diagnostics of patients investigated for suspected LNB in Jönköping County, Sweden 2019-2021. Classification of patients was based on CSF cell count and determination of *Borrelia*-specific AI analysed with LIAISON *Borrelia* IgG (DiaSorin).

The diagnostic sensitivity and specificity of the ReaScan+ LYME IgM/IgG combo was determined by analysing 190 paired serum and CSF samples from definite LNB patients, and 202 paired serum and CSF samples from non-LNB patients.

Resultat/Result: The diagnostic clinical sensitivity was 96 % with serum and 86 % with CSF samples. The clinical specificity was 91 % with serum and 100 % with CSF samples.

Konklusion/Conclusion: The clinical performance of ReaScan+ LYME IgM/IgG combo test is acceptable for both serum and CSF samples in LNB. For high specificity in diagnosis of LNB CSF analysis is required. The results should be interpreted in relation to the patient's medical history, as well as clinical signs and symptoms, for a correct diagnosis.

The test is easy to handle in the laboratory by trained personnel. A relevant area of use could be as a complement to standard diagnostics when in need of a fast result. However, calculation of AI is not possible under these circumstances since it also requires analysis of albumin and total-IgG in both serum and CSF.

Referenser

Henningsson, A. J., Christiansson, M., Tjernberg, I., S, L., & A, M. (n.d.). Laboratory diagnosis of Lyme neuroborreliosis: a comparison of three CSF anti-*Borrelia* antibody assays. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2014 May;33(5):797-803. doi: 10.1007/s10096-013-2014-6.

Pietikäinen, A., Backman, I., Henningsson, A. J., & Hytönen, J. (n.d.). Clinical performance and analytical accuracy of a C6 peptide-based point-of-care lateral flow immunoassay in Lyme

borreliosis serology. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 2022-05-01, Volyme 103, Issue 1, Article 115657.

Rouhiainen, M., Pietikäinen, A., Kortela, E., Kanerva, M. J., & Oksi, J. (n.d.). C6 peptide enzyme immunoassay in Lyme borreliosis serology. *J Microbiol Methods*. 2021 Jan;180:106122. doi: 10.1016/j.mimet.2020.106122.

van Gorkom, T., Voet, W., van Arkel, G. H., Heron, M., Hoeve-Bakker, B. J., Notermans, D. W., . . . Kremer, K. (n.d.). Retrospective Evaluation of Various Serological Assays and Multiple Parameters for Optimal Diagnosis of Lyme Neuroborreliosis in a Routine Clinical Setting. *Microbiol Spectr*. 2022 Jun 29;10(3):e0006122. doi: 10.1128/spectrum.00061-22.

Posters Mikrobiologi: M1-M22

M1 - Low conservation of antibiotic interaction patterns between and within Gram-negative bacterial species

Mikrobiologi

Po-Cheng Tang¹

Dione Sánchez-Hevia¹, Sanne Westhoff¹, Nikolaos Fatsis-Kavalopoulos¹, Dan I. Andersson¹

¹ Uppsala University, Uppsala

Introduktion/Introduction: Treatments with antibiotic combinations are becoming increasingly important even though the supposedly clinical benefits of combinations are in many cases unclear. Here, we systematically examined how several clinically used antibiotics interact and affect the antimicrobial efficacy against five especially problematic Gram-negative pathogens.

Metod/Method: A total of 232 bacterial isolates were tested against different pairwise antibiotic combinations spanning five classes, and the ability of all combinations in inhibiting growth was quantified using the CombiANT method.

Resultat/Result: Several important conclusions can be drawn from the 696 interaction patterns. Firstly, interaction profiles show low conservation between different Gram-negative species. Secondly, even within a species the interactions are often isolate-specific for a given combination, ranging from antagonistic to synergistic. Thirdly, additive and antagonistic interactions are the most common patterns observed across species and antibiotics, with 99.7 % of all isolate and antibiotic combinations belonging to either of these two types and with only 0.3 % showing synergy.

Konklusion/Conclusion: These findings suggest that to achieve the highest precision and efficacy of combination therapy, isolate-specific interaction analysis ought to be routinely performed to, in particular, avoid using drug combinations that show antagonistic interactions and an expected associated reduction in efficacy.

M2 - Artificiell intelligens i klinisk mikrobiologisk diagnostik för att förutsäga bakteriell antibiotikaresistens

Mikrobiologi

Magnus Hessel¹

Lisa Helldal¹, Martin Lagging¹, Juan Salvador Inda Diaz², Anders Sjöberg³, Lennart Svensson², Anna Lokranz³, Mats Jirstrand³, Susann Skovbjerg¹, Anna Johnning³, Erik Kristiansson²

¹ Klinisk Mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset

² Chalmers

³ Fraunhofer-Chalmers Centre

Introduktion/Introduction: Antimikrobiell resistens hotar själva kärnan av modern sjukvård. Felanvändning av dessa läkemedel i humanmedicin bidrar till detta globala hälsohot. Vårdgivare är i stort behov av nya, snabba och kostnadseffektiva diagnostiska metoder för att möta detta hot. Diagnostik är en del i WHO's globala handlingsplan mot antimikrobiell resistens.

Användande av artificiell intelligens (AI) inom medicinsk diagnostik har generellt stor potential. Inom radiologi används metoden för bildigenkänning.

Metod/Method: Ett pågående projekt är att förutsäga antibiotikaresistens baserat på partiella diagnostiska data. I ett första steg används patientens ålder, kön samt uppmätt resistens för aktuell bakterie med diskdiffusionstest enligt SIR som partiell data. Det som förutsägs av AI:n är huruvida bakterien är känslig eller resistent mot ANDRA antibiotika än de som testats. I ett andra steg kommer även gener att användas som partiell data. Projektet har godkännande av Etikprövningsmyndigheten beslutat 2022-08-10 med diarienummer 2022-05318-01.

AI:n byggs och tränas av Chalmers i samarbete med Fraunhofer-Chalmers Centre och evalueras på Klinisk Mikrobiologi, Sahlgrenska där den appliceras på 100 stammar av *E. coli* isolerade från urinodlingar. Dessa har samlats in under 2022-2023. Den data som AI:n baserar sina förutsägelser på kommer huvudsakligen från The European Surveillance System (TESSy) som är del av ECDC.

Resultat/Result: Preliminära resultat så här långt: 100 isolat från urinodlingar har samlats in från patienter i åldrarna 0 till 89 år. Dessa har analyserats med diskdiffusionstest för 21 olika antibiotika samt synnergitest för att detektera ESBL samt AmpC. För dessa finns fullständig och godkänd mätning för 89 stycken av de 100 isolaten. Dessa ska kompletteras.

Konklusion/Conclusion: Inga konklusioner finns ännu.

Referenser

World Health Organization: **Global action plan on antimicrobial resistance**. In.; 2015.

Hosny A, Parmar C, Quackenbush J, Schwartz LH, Aerts HJ: **Artificial intelligence in radiology**. *Nature Reviews Cancer* 2018, **18**(8):500-510.

Inda Díaz JS: **Data-Driven Methods for Surveillance and Diagnostics of Antibiotic-Resistant Bacteria**. 2022.

The European Surveillance System (TESSy) [<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/european-surveillance-system-tessy>]

Folkhälsomyndigheten: **ESBL-producerande tarmbakterier**. In., 2nd edn; 2014.

M3 - Jämförelsestudie ASTar vs diskdiffusion av kliniska gramnegativa bakterier

Mikrobiologi

Alisa Rizvanovic¹

Sharareh Sheikholeslami¹, Christian Giske¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Medicinsk Diagnostik Karolinska, Karolinska Universitetssjukhuset, Stockholm

Introduktion/Introduction: Gramnegativa bakterier från nedre luftvägsprov resistensbestäms idag med EUCAST standard diskdiffusion på avdelningen för Klinisk Mikrobiologi vid Karolinska Universitetssjukhuset. Företaget Q-linea har utvecklat ett automatiserat system för fenotypisk resistensbestämning av gramnegativa bakterier, kallat ASTar¹. Systemet levererar resultat för den minsta hämmande koncentrationen (MIC) i tillväxtmedium genom ett optiskt detektionssystem och bedöms vara resurs-/tidsbesparande samt ge diagnostiska laboratorium möjlighet att resistensbestämma mot en bred panel av antibiotika. I denna studie kommer ASTar-systemet att utvärderas för att bedöma om det kan användas för snabb resistensbestämning av kliniska isolat från nedre luftvägsprov.

Metod/Method: Blododlingsflaskor kommer att spikas med helblod och kliniska isolat från nedre luftvägsprov innehållande *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* eller *Acinetobacter baumannii*. Resistensbestämning med ASTar kommer att utföras och jämföras med EUCAST snabbresistensmetod (RAST) för piperacillin/tazobactam, cefotaxim, cefoxitin (diagnostisk lapp), ceftazidim, meropenem och ciprofloxacin samt EUCAST standard diskdiffusion för ceftazidim-avibaktam, ceftolozan-tazobactam, ertapenem, amikacin, gentamicin, trimetoprim/sulfametoxazol. Eventuella diskrepanser kommer att utvärderas med hjälp av EUCAST buljongspädningsmetod (BMD).

Resultat/Result: Studien har påbörjats och resultat kommer att presenteras under vårmötet.

Konklusion/Conclusion: Konklusion kommer att presenteras under vårmötet.

Referenser

¹ www.qlinea.se

M4 - En ny LAMP-metod för artidentifiering av atypiska pneumokock- och pseudopneumokock-isolat

Mikrobiologi

Geneviève Garriss¹

Mariam Basheer¹, Katarina Sasic¹, Karin Blomqvist¹

¹ Klinisk Mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhuset, Stockholm

Introduktion/Introduction: Att särskilja arter inom *Streptococcus mitis*-gruppen (SMG), där både den viktiga humanpatogenen, *Streptococcus pneumoniae* (*Spn*), och den nyligen identifierade patogenen, *Streptococcus pseudopneumoniae* (*Sppn*) ingår, är svårt på grund av arternas genetiska och fenotypiska likheter (1, 2, 3). Vi har utvecklat och utvärderat en loop-medierad isotermisk amplifierings-metod (LAMP) baserad på två nyligen publicerade molekylära markörer specifika för *Spn* (SPN0001) (4) och *Sppn* (SPPN_RS10375) (2).

Metod/Method: Atypiska SMG-isolat (n=54), samlades in i rutindiagnostiken och analyserades med LAMP. Samtliga isolat testades också för optokinkänslighet, gall-löslighet och med PCR för markörerna SPN0001 och SPPN_RS10375. Referensstammar (*Spn*, *Sppn* och *S. mitis*) inkluderades också.

Resultat/Result: Både sensitiviteten och specificiteten för LAMP-metoden var 100% jämfört med in-house PCR-identifiering. Totalt typades 25 isolat som *Sppn*, inklusive två isolat isolerade från blod. 13 isolat typades som *Spn* och de återstående 16 som ”andra SMG-arter”. En jämförelse mellan de fenotypiska metoderna och LAMP-resultaten visade diskrepans hos 22/54 isolat (40,7%). 61% av *Spn*-isolaten uppvisade en avvikande optochinkänslighet.

Konklusion/Conclusion: LAMP-metoden är lämplig för artidentifiering av svårtyperade kliniska pneumokock- och pseudopneumokock-isolat. *S. pseudopneumoniae* var vanligt förekommande bland de insamlade isolaten och kan orsaka invasiva infektioner.

Referenser

1. Rolo D, S Simões A, Domenech A, Fenoll A, Liñares J, de Lencastre H et al. Disease isolates of *Streptococcus pseudopneumoniae* and non-typeable *S. pneumoniae* presumptively identified as atypical *S. pneumoniae* in Spain. PLoS One. 2013; 8(2): e57047.
2. Garriss G et al. Genomic Characterization of the Emerging Pathogen *Streptococcus pseudopneumoniae*. mBio. 2019 Jun; 10(3):e01286-19.
3. Arbique JC, Poyart C, Trieu-Cuot P, Quesne G, Carvalho MS, Steigerwalt AG et al. Accuracy of Phenotypic and Genotypic Testing for Identification of *Streptococcus pneumoniae* and Description of *Streptococcus pseudopneumoniae* sp. nov. J Clin Microbiol. 2004 Oct; 42(10): 4686–4696.
4. Croxen MA, Lee TD, Azana R, Hoang LM. Use of genomics to design a diagnostic assay to discriminate between *Streptococcus pneumoniae* and *Streptococcus pseudopneumoniae*. Microb Genom. 2018 Jul; 4(7): e000175.

M5 - Utvärdering av QIAstat SARS-CoV-2 Respiratory Panel

Mikrobiologi

Mona-Lisa Strand¹

Lina Guerra blomqvist¹, Anders Jonsson¹, Christian Giske¹, Berit Hammas¹, Johan Brynedal Öckinger¹

¹ Medicinsk Diagnostik Karolinska, Klinisk Mikrobiologi

Introduktion/Introduction: Breda syndromiska paneler är väl lämpade för analys av luftvägspatogener, då många olika patogener kan ge upphov till liknande kliniska symtom. Från vården finns även en önskan om korta svarstider. En av de produkter som erbjuder kort analys tid (70 minuter) för en bred panel av respiratoriska virus och bakterier är QIAstat SARS-CoV-2 Respiratory Panel. Metoden är kassettbaserad och analysen utförs på instrumentet QIAstat Dx.

Metod/Method: Vi har jämfört QIAstat SARS-CoV-2 Respiratory Panel V2 (RP) med Seegene Allplex Respiratory Panels (RP) 2, 3 och 4 samt Xpert® Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV. För vissa agens har vi även jämfört QIAstat med egenutvecklade PCR-metoder. Jämförelsen har gjorts retrospektivt på patientprover, inklusive prover nära detektionsgränsen för jämförelsemetoderna, samt externa kvalitetspaneler.

Jämförelsen har gjorts på nasofarynxsekret i provtagningsset Transwab®, innehållande flytande Amies medium, i stället för det rekommenderade Universal Transport Media (UTM). Dessutom har vi utvärderat användningen av andra provmaterial som nasofarynxaspirat, trakealsekret, bronkaolveolärt lavage (BAL) och sputum.

Resultat/Result: Preliminära resultat visar god samstämmighet mellan QIAstat RP och Xpert Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV, för influensavirus A och B samt RSV (31/34). För SARS-CoV-2 visar QIAstat RP en lägre känslighet; endast 14/18 prov visade positivt resultat med den metoden.

För övriga luftvägsvirus inkluderades 135 prov i jämförelsen mellan QIAstat RP och Allplex RP. Av dessa visade 100 prov positivt resultat med båda metoderna, 27 positiva endast för Allplex RP, och 8 positiva endast med QIAstat RP. Känsligheten verkar högre för QIAstat RP vid analys av coronavirus NL63 och adenovirus, medan Allplex RP visar en högre känslighet för coronavirus 229E och parainfluenzavirus 1.

För utvärdering av luftvägsbakterier analyserades 49 prov, varav 40 prov visade positivt resultat med båda metoderna, 7 positiva endast vid analys med Allplex RP och 2 positiva endast vid analys med QIAstat RP.

Preliminära data visar också att provmaterial som nasofarynxaspirat, trakealsekret, BAL och sputum kan analyseras i kassetterna med samma känslighet som jämförelsemetoderna, efter sputolysinbehandling.

Konklusion/Conclusion: Instrumentet QIAstat DX och panelen QIAstat SARS-CoV-2 Respiratory Panel erbjuder en snabb analysmetod med minimal provhantering. Preliminära data visar att systemet kan användas för flera olika provmaterial, och att känsligheten för de flesta agens är jämförbar med andra multiplexpaneler.

QIAstat SARS-CoV-2 Respiratory Panel	Jämförelsemetod
Agens/analys	
Adenovirus	Seegene Allplex
Bocavirus	Seegene Allplex
Coronavirus 229E	Seegene Allplex
Coronavirus HKU1	Seegene Allplex/egenutvecklad metod
Coronavirus NL63	Seegene Allplex/egenutvecklad metod
Coronavirus OC43	Seegene Allplex
Coronavirus SARS-CoV-2	Xpert® Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV
Influensavirus A	Xpert® Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV
Influensavirus A subtyp H1	na
Influensavirus A subtyp H1N1/2009	na
Influensavirus A, subtyp H3	na
Influensavirus B	Xpert® Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV
Metapneumovirus A/B	Seegene Allplex
Parainfluensavirus 1	Seegene Allplex
Parainfluensavirus 2	Seegene Allplex
Parainfluensavirus 3	Seegene Allplex
Parainfluensavirus 4	Seegene Allplex
Respiratory Syncytial (RS) Virus A/B	Xpert® Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV
Rhinovirus/Enterovirus	Seegene Allplex
<i>Bordetella pertussis</i>	Seegene Allplex
<i>Chlamydia pneumoniae</i>	Seegene Allplex
<i>Legionella pneumophila</i>	Seegene Allplex
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	Seegene Allplex

M6 - Snabb typning av nya SARS-CoV-2 varianter i en klinisknära kontext

Mikrobiologi

Anders Bergqvist¹

Priya Devi¹, Naima Ali¹, Midori Kjellin¹, Christina Larsson¹, Saiedeh Berenjian¹, Justina Zigmantaviciute¹, Kåre Bondeson¹

¹ Akademiska Sjukhuset

Introduktion/Introduction: Under vintern 2020-2021 uppstod ett antal nya SARS-CoV-2 varianter av särskild betydelse: alfa, beta och gamma, som senare följdes av de ännu mer smittsamma varianterna delta och omicron inklusive undervarianter. Dessa kännetecknades av förhöjd smittsamhet, förändrad virulens eller förändrad känslighet för neutraliserande antikroppar. För att förbättra övervakning och underlätta riktade åtgärder såsom prioritering av specifika läkemedel och fokuserad smittspårning etablerades en klinisknära diagnostik för snabb typning med korta svarstider och hög kapacitet där samtliga positiva prover analyserades i ett egenutvecklat flöde för PCR-baserad typning.

Metod/Method: För påvisande av punktmutationer i S-genen associerade med specifika varianter (E484K, N501Y, L452R) användes allelspecifik typnings-PCR med dubbla prover. För påvisande av markörer i form av deletioner/insertioner i S genen (dl69-70, dl157-158, ins214EPE, dl24-26) eller substitution i N-genen (D3L) associerade med olika virusvarianter användes realtids RT-PCR med prover riktade mot respektive mutation. Den senare utfördes parallellt med ordinarie PCR-diagnostik, vilket gav en preliminär indikation redan när det positiva provsvaret för SARS-CoV-2 erhöles.

Resultat/Result: Kliniska prestanda för PCR-baserad typning av enskilda polymorfier jämfördes för respektive våg av nya virusvarianter med resultat från helgenomsekvensering via Nanopore. Den positiva överensstämmelsen för PCR-baserad typning var påfallande hög (95-100 %). Medan svarstiden för PCR-baserad typning var signifikant lägre än för helgenomsekvensering (medianvärde 1-3 dagar respektive 10-12 dagar) var andelen typbestämda av positiva svar signifikant högre (81-94 % respektive 12-68 %). Känsligheten för PCR-baserad typning var jämfört med helgenomsekvensering signifikant högre med lägre detektionsgräns (Ct 35 respektive Ct 30).

Konklusion/Conclusion: PCR-baserad typning jämfört med helgenomsekvensering karakteriserades av kortare svarstid, högre känslighet och högre kapacitet, där skillnaden i kapacitet var mest påtaglig vid hög prevalens då kapaciteten för sekvensering tenderade att överbelastas. Den prediktiva förmågan för PCR-baserad typningsdiagnostik varierar beroende på det epidemiologiska läget och vilka varianter som för tillfället är aktuella men medan upplösningen är lägre ger dess fokus på relevanta mutationer oftast tillräcklig information för att med hög träffsäkerhet fastställa den eftersökta genotypen i fråga. Sammantaget bidrar den korta svarstiden och den höga kapaciteten till att riktade åtgärder baserat på förekomst av specifika varianter underlättas.

M7 - Artidentifiering av *Achromobacter* med hjälp av helgenomsekvensering

Mikrobiologi

Anders Werner¹

Annika Nilsson Wallin¹, Marita Gilljam², Anders Lindblad³, Erika Tång Hallbäck¹, Bodil Jönsson¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska universitetssjukhuset, Göteborg

² Lungmedicin, Sahlgrenska universitetssjukhuset, Göteborg

³ Göteborg CF-center, Drottning Silvias barn- och ungdomssjukhus, Göteborg

Introduktion/Introduction: *Achromobacter* är Gramnegativa bakterier som normalt förekommer i jord och vatten. Bakterierna orsakar sällan infektioner hos människor men infektioner i luftvägarna är välbeskrivet hos patienter med cystisk fibros (CF). Förekomsten av *Achromobacter* ökar hos patienter med CF och närvaron av vissa *Achromobacter*-arter har visats korrelera med försämrad lungfunktion. Korrekt artidentifiering är därför viktig för rätt behandling.

Metod/Method: 29 luftvägsisolat av *Achromobacter* från 16 patienter insamlade mellan 2010–2022 valdes ut. DNA extraherades från isolaten (MagNA Pure Compact) och helgenomsekvenserades (Ion Torrent teknologi). Efter *de novo* assembly (CLC Genomics Workbench) utfördes artidentifiering med JSpecies Web Server (JSpeciesWS) och Type Strain Genome Server (TYGS). Resultaten av artbestämningen jämfördes sedan med resultaten från tidigare artbestämning med MALDI-TOF, bioMérieux VITEK MS samt de olika molekylärbiologiska och biokemiska metoder som används vid Culture Collection University of Gothenburg (CCUG) för artidentifiering.

Resultat/Result: JSpeciesWS identifierade 28 av isolaten till artnivå; 21 *A. xylosoxidans*, fyra *A. dolens* och ett isolat vardera av *A. insuavis*, *A. aegrifaciens* och *A. mucicolens*. Ett isolat kunde inte identifieras varken med JSpeciesWS eller TYGS och tillhör sannolikt en *Achromobacter*-art som inte beskrivits tidigare. Samtliga 29 isolat var tidigare identifierade som *A. xylosoxidans/denti* i Maldi-Tof. För 21 isolat jämfördes artidentifieringen även med resultat från artidentifiering vid CCUG. Resultat för artidentifiering vid CCUG resulterade i nio *A. xylosoxidans*, fyra *A. dolens* samt ett isolat vardera av *A. anxifer*, *A. aegrifaciens*, *A. insuavis*. Fem isolat kunde inte identifieras till artnivå. I 12 fall av 21 överensstämde artidentifieringen från helgenomdata med tidigare resultat.

Konklusion/Conclusion: Artidentifiering inom släktet *Achromobacter* är svårt och precisionen hos de metoder som används rutinmässigt idag är inte tillräckligt god för en korrekt artidentifiering. För patientgrupper där identifiering till art-nivå inom släktet *Achromobacter* är viktigt bör isolat skickas till laboratorium med specialkunskap inom området. Inte ens de nuvarande bästa tillgängliga metoderna på CCUG kan säkert skilja ut alla arter inom släktet. Analys av helgenomdata har stor potential att förbättra identifieringen, vilket kommer att bli nödvändigt för fortsatta studier av olika *Achromobacter*-arters påverkan på exempelvis lungfunktionen hos patienter med CF.

M8 - Utvärdering av helgenomsekvensering för artbestämning av icke-tuberkulösa mykobakterier – en retrospektiv uppföljning av klinisk relevansbedömning

Mikrobiologi

Matilda Persson¹

Kalle Fredman², Clara Braian^{1,3}, Betty Andersson¹, Jenny Welander¹, Michaela Jonsson Nordvall^{1,3}, Thomas Schön^{1,3,4,5}

¹ Klinisk mikrobiologi, Universitetssjukhuset i Linköping.

² Lungmedicinska kliniken, Universitetssjukhuset i Linköping.

³ Institutionen för biomedicinska och kliniska vetenskaper, Linköpings universitet.

⁴ Infektionskliniken, Länssjukhuset i Kalmar.

⁵ Infektionskliniken, Universitetssjukhuset i Linköping.

Introduktion/Introduction: Icke-tuberkulösa mykobakterier (NTM) består av > 200 arter av mycket varierande patogenicitet. Kommersiella analyser kan inte särskilja alla arter av NTM, exempelvis inom *Mycobacterium avium*-komplexet. I september 2020 infördes helgenomsekvensering (WGS) i rutindiagnostik för alla nya positiva mykobakterieodlingar vid mykobakterielaboratoriet i Linköping. Syftet med studien var att utvärdera resultaten av WGS-baserad artidentifiering samt undersöka den kliniska relevansen av fynden.

Metod/Method: Under valideringsfasen jämfördes NTM-isolat som artbestämts med tidigare rutinmetod (line probe assay, LPA; HAIN CM, AS och NTM-DR+) med resultat från WGS. Provmaterial odlades i BACTEC 960 MGIT-rör samt på Löwenstein-Jensen-agar (LJ). Vid växt i MGIT-rör tvättades isolaten medan kolonier från LJ slammades direkt. DNA-extraktion (EZ1/2, Qiagen) skedde efter avdödning följt av WGS (Miseq, Illumina). Bioinformatisk analys utfördes i CLC genomics workbench (Qiagen) mot en databas baserad på referensgenom från NCBI. Kvalitetskriterier inkluderade > 90 % täckningsgrad samt > 30 x medelsekvenseringsdjup. En retrospektiv journalgranskning gjordes för patienter inom Region Östergötland (RÖ) med fynd av NTM under 2020-22, med avseende på behandling och klinisk relevansbedömning av ansvarig läkare samt enligt internationella diagnostiska kriterier baserat på kliniska symptom, radiologiska fynd och upprepade förekomst av NTM.

Resultat/Result: I valideringen som innefattade de vanligaste NTM-arterna (n=40), fanns 95 % överensstämmelse på artkomplexnivå och 88 % på speciesnivå jämfört med LPA och/eller 16S rRNA/HSP65-sekvensering. Under de två första åren efter implementering av WGS identifierades 178 NTM från 134 patienter. I 73 % av fallen utfördes WGS direkt från positiva MGIT-rör. I den retrospektiva journalgranskningen av 83 patienter inom RÖ bedömdes 36 % ha kliniskt relevant infektion av behandlande läkare och 17 % erhöll behandling. Majoriteten av odlingarna (94 %, 78/83) togs från patienter med misstänkt NTM-orsakad lungsjukdom (NTMPD) och av dem erhöll 17 % (13/78) behandling. Totalt 33 % bedömdes relevanta av behandlande läkare jämfört med 31 % enligt internationella riktlinjer.

Konklusion/Conclusion: WGS-baserad artidentifiering av NTM direkt från positiv mykobakterieodling gav tillförlitliga resultat i klinisk rutin. Knappt en tredjedel av NTM-fynd bedömdes kliniskt relevanta och endast 17 % insattes på behandling vilket illustrerar den kliniska utmaningen i relevansbedömning av NTM.

M9 - Utvärdering av QIAstat Meningit/Encefalit Panel

Mikrobiologi

Emily Ross¹

Annika Hellberg¹, Muhammad Kabir¹, Zahra Hasson¹, Johan Brynedal Öckinger¹, Zhibing Yun¹, Berit Hammas¹, Christin Sisowath¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhuset, Stockholm

Introduktion/Introduction: Snabb diagnostik och behandling kan vara livsavgörande för patienter med symptom på meningit och/eller encefalit. Att finna orsaken till sjukdomen genom identifiering av en specifik organism är nödvändig för rätt behandling.

QIAstat-Dx Meningit/Encefalit (ME) panel erbjuder en snabb (80 minuter) kassettbaserad multiplexpanel som simultant detekterar nukleinsyra från 15 patogener (se Tabell 1) i cerebrospinalvätska (CSV). Analysen utförs på instrumentet QIAstat-Dx®.

Metod/Method: I denna studie har kliniska prov från CSV analyserats på QIAstat-Dx ME panel. Resultat har jämförts med erhållna resultat från våra rutinmetoder Eazyplex® CSF direkt M, direct-PCR på Simplexa, egenutvecklade PCR-metoder, Allplex respiratory panel 4, RealStar® HHV-6 PCR kit och odling.

Riktigheten kontrollerades med externa kontrollpaneler från QCMD och reproducerbarheten utvärderades med interna kontroller (odlade stammar eller poolat patientmaterial).

Resultat/Result: Preliminära resultat för bakteriella agens i CSV visar en samstämmighet mellan QIAstat-Dx ME panel och Eazyplex® CSF direkt M på 91 % (n=34). 3 prov som visades vara positiva för *E. coli* med Eazyplex, blev negativa på QIAstat-Dx. Varför proverna blev negativa kan förklaras av att QIAstat-Dx är specifik för *E.coli* K1.

Preliminära resultat för virala agens i CSV visar en samstämmighet mellan QIAstat-Dx ME panel, Liaison MDX och egenutvecklad PCR på 93% (n=56). Ett kliniskt prov som visades vara positiv för enterovirus med egenutvecklat PCR-metod, blev negativ på QIAstat-Dx. Ett kliniskt prov som var positiv för HHV-6 med RealStar® HHV-6 blev negativ på QIAstat-Dx.

Preliminära resultat för QCMD panelprov har visat förväntat resultat bortsett från ett panelprov innehållandes enterovirus (echovirus 18), vilket blev negativt på QIAstat-Dx.

Konklusion/Conclusion: För både bakterier och virus visar våra preliminära resultat i denna studie i princip att QIAstat-Dx är likvärdig med våra rutinmetoder, förutom specificiteten för *E. coli* K1 i QIAstat-Dx ME panel. Orsaken till det avvikande QCMD panelprovet för enterovirus är under utredning. QIAstat-Dx är ett användarvänligt system och panelen QIAstat Meningit/Encefalit Panel

erbjuder en snabb analysmetod med minimal provhantering.

Tabell 1

Agens/analys i QIAstat Meningit/encefalit panel	Jämförelsemetod
<i>Escherichia coli</i> K1	Eazyplex® CSF direkt M
<i>Haemophilus influenzae</i>	Eazyplex® CSF direkt M
<i>Listeria monocytogenes</i>	Eazyplex® CSF direkt M
<i>Neisseria meningitidis</i>	Eazyplex® CSF direkt M
<i>Streptococcus agalactiae</i>	Eazyplex® CSF direkt M
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	Eazyplex® CSF direkt M
<i>Streptococcus pyogenes</i>	Odling
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	Seegene Allplex respiratory panel 4
Herpes simplex-virus 1	Direkt-PCR på Liaison MDX (Simplexa)
Herpes simplex-virus 2	Direkt-PCR på Liaison MDX (Simplexa)
Humant herpesvirus 6	RealStar® HHV-6 PCR kit
Enterovirus	Egenutvecklad PCR-metod
Humant parechovirus	Egenutvecklad PCR-metod
Varicella-Zoster-virus	Egenutvecklad PCR-metod
<i>Cryptococcus neoformans/gattii</i>	Odling

M10 - Infektion eller kontamination med *Rothia*, *Kocuria*, *Arthrobacter* och *Pseudoglutamicibacter* - en retrospektiv observationell studie av Micrococccaceae i kliniken

Mikrobiologi

Görel Odeberg¹

Anna Bläckberg^{1,2}, **Torgny Sunnerhagen**^{1,3,4}

¹ Avdelningen för infektionsmedicin, Institutionen för kliniska vetenskaper Lund, Lunds universitet

² Infektionskliniken, Skånes Universitetssjukhus, Lund, Region Skåne

³ Klinisk mikrobiologi och vårdhygien, Medicinsk Service, Lund, Region Skåne

⁴ Klinisk mikrobiologi, Rigshospitalet, Köpenhamn

Introduktion/Introduction: *Rothia*, *Kocuria*, *Arthrobacter* och *Pseudoglutamicibacter* är bakteriearter i familjen Micrococccaceae. Kunskapen om infektioner hos människor med dessa bakterier är begränsad. Den här studien syftade till att utforska kliniska karakteristika av infektioner orsakade av Micrococccaceae andra än *Micrococcus*, non-Micrococcus Micrococccaceae (NMM)

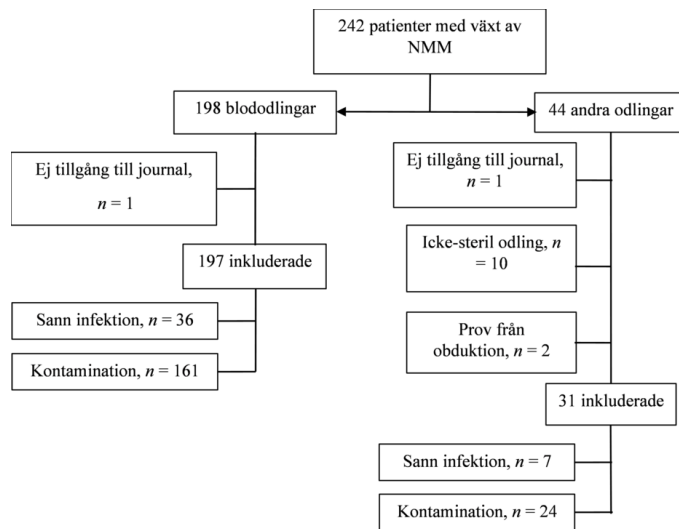
Metod/Method: Fynd av NMM från blododlingar och andra sterila odlingar från 2012-2021 identifierades i laboratedatasystemet hos Klinisk mikrobiologi i Region Skåne. Patientjournaler granskades retrospektivt. Sann infektion definierades, i fall av fynd i blodet, om det fanns tecken på infektion, avsaknad av annan mer sannolik patogen som orsak till symptomen, ingen annan fokal infektion, samt antingen två positiva blododlingar eller en positiv blododling och närvaro av en intravaskulär främmande kropp. Definitionn baserades på tidigare studier om bedömning av infektion kontra kontamination med *Corynebacterium* och *Cutibacterium*^{1,2}.

Resultat/Result: Totalt inkluderades 197 patienter med fynd av NMM i blodet. Bland vuxna patienter med blododlingsfynd bedömdes 29 patienter (22%) vara en sann NMM-infektion. Vuxna med sann infektion var statistiskt signifikant mer benägna att ha en malignitet (69%), leukopeni (62%) samt att ha behandlats med kemoterapi (66%) jämfört med patienter vars blododlingsfynd bedömdes som kontamination (24%), (3%) respektive (9%), ($p < 0,001$). Trettioen patienter hade fynd av NMM i andra sterila kulturer, där sann infektion bedömdes vara fallet i leder ($n=4$), pacemaker ($n=1$) samt peritonealdialysvätska ($n=1$).

Konklusion/Conclusion: Sanna infektioner (till skillnad från kontamination) med NMM förekommer men är ovanligt. Vid fynd av NMM i blododlingar hos patienter med immunsuppression bör sann infektion misstänkas.

Referenser

1. Rasmussen M, Mohlin AW, Nilson B. From contamination to infective endocarditis-a population-based retrospective study of *Corynebacterium* isolated from blood cultures. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2020;39(1):113-9.
2. Boman J, Nilson B, Sunnerhagen T, Rasmussen M. True infection or contamination in patients with positive *Cutibacterium* blood cultures-a retrospective cohort study. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2022;41(7):1029-37.



M11 - Automatisk volymmätning vid blododling kan genomföras, men låga blodvolymen vid blododling försvårar mikrobiologisk detektion av sepsis och når inte rekommenderade kvalitetskrav

Mikrobiologi

Linn Stenson¹

Claes Henning²

¹ Klinisk mikrobiologi Borås Regionlaboratoriet Sahlgrenska Universitetssjukhuset

² Klinisk mikrobiologi Sundsvall Region Västernorrland

Introduktion/Introduction: Blododlingar har en låg sensitivitet på grund av otillräckliga blodvolymen. Sannolikheten för signifikant bakterieväxt ökar med 13 % för varje undersökt mL blod. Blodvolymen rekommenderas vara 40-60 mL. Kvalitetsindikatorer är: Blodvolym ≥ 8 mL per flaska i 95% eller ≥ 35 mL i ett set av fyra flaskor i 95%. För att kunna nå kvalitén behöver blodvolymen vara lätt att mäta.

Metod/Method: Automatisk volymskattning (BACT/ALERT® VIRTUO®) validerades (Bland Altman) mot referenstekniken vägning. Vid inregistrering i VIRTUO uppskattades blodvolymen av en laser som mäter vätskeytan i förhållande till referensstrecket på flasketiketten och värdet överfördes till LIS. Mätningen upprepades efter 1 h om det första försöket störs av bubblor/skumbildning. Retrospektivt undersöktes i LIS andelen flaskor med volymangivelse och ≥ 8 mL. Prospektivt undersöktes flaskor med volymangivelse till LIS och rotfelsanalys utfördes vid utebliven volymangivelse.

Resultat/Result: Vid retrospektiv analys av 3690 flaskor angavs volym i LIS för 2844 (77 %) varav 1394 (49 %) ≥ 8 mL.

Vid prospektiv analys av 353 flaskor från 124 patienter angavs volym ≥ 8 mL för 184 (52 %) flaskor och ≥ 35 mL i 56 (45 %) set om fyra flaskor per patient.

Rotfelsanalysen visade att volymen efter 1 h inte överfördes till LIS. Efter 1 h kunde lasern fortfarande inte mäta ytan. Volym > 20 mL i anaerobflaskan angavs ibland som 0 mL. Felaktigt påsatta etiketter, huvudsakligen mellan 17:00-07:00, förhindrade lasermätningen.

Mellanprogrammet MYLA® kunde visa volym per flaska och totalvolym för 2,3 eller 4 flaskor vid samma laboratorienummer. Efter information och korrigerande av etiketter som täckt mätspalten förlängdes andra mätning i VIRTUO till 3 h och först därefter överfördes information till LIS. VIRTUO erhöll volym för 98 % av flaskorna.

Konklusion/Conclusion: Automatisk mätning av undersökt blodvolym fungerar bra i VIRTUO om inga etiketter sätts över mätspalten, samt en andra mätning och överföring till LIS sker först efter 3 h. I MYLA kan såväl enskilda volymer som totalvolym registreras, om samtliga flaskor i ett set får samma laboratorienummer. Låga blodvolymen förekommer i blododlingsflaskor, vilket gör att kvalitetsindikatorer inte uppnås.

M12 - HIV-1 sekvensering med next-generation sequencing (NGS) som grund för optimering av behandlingsstrategier och virus subtypning

Mikrobiologi

Annelie Strålfors¹

Shambhu Prasad Ganeshappa Aralaguppe¹, Hamzah Safari¹, Alexandros Petropoulos¹, Anders Sönnerborg¹

¹ Karolinska universitetssjukhuset, klinisk mikrobiologi

Introduktion/Introduction: Idag behandlas 98,5% av Sveriges hiv-patienter och 94,8% når behandlingsmålet icke detekterbart virus. Vi ser dock en ökning av nydiagnostiserade patienter med läkemedelsresistent virus. Därför rekommenderas att rutinemässigt utföra resistensbestämning vid diagnostillfället samt vid terapivikt.

Sedan 1993 har resistensbestämning utförts med Sangersekvensering av virusets *pol*-gen. Här presenterar vi vår validering av en Next-generation sequencing (NGS)-metod.

Metod/Method: Tre regioner av HIV-1 virusets *pol*-gen (proteas, reverse transcriptas och integras) amplifieras med två PCR kit från Advanced Biological Laboratories (ABL). Amplikonen poolas och ett bibliotek tillverkas med COVIDSeq Assay (Illumina) och sekvenseras med MiSeqDx (Illumina).

Resultaten jämförs mot externa kontrollpaneler och mot vår Sangers-baserade metod (Viroseq, Abbott).

Resultat/Result: Vi kommer att presentera resultat från valideringen av NGS-metoden. Panelprov och patientprov innehållande s.k. drug resistans mutations i olika nivåer har analyserats med Sanger och NGS med god överensstämmelse. Spädningsserie av prov visar likvärdig känslighet mellan de två metoderna.

Konklusion/Conclusion: NGS kan ersätta Sangersekvensering för resistensbestämning och subtypning av HIV-1 vid analys av *pol*-genen. Sedan november 2022 använder Karolinska universitetslaboratoriet den nya NGS metoden.

M13 - Antibiotikaresistens och genomisk epidemiologi hos *Neisseria gonorrhoeae* i Stockholm

Mikrobiologi

Nora Vestberg¹

Hong Fang¹, Karin Haij Bhattarai¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Karolinska universitetssjukhuset, Stockholm

Introduktion/Introduction: Gonorré är den näst vanligaste sexuellt överförbara infektionen globalt. Ökningen av antibiotikaresistenta *Neisseria gonorrhoeae* är ett växande hot mot folkhälsan. Under 2009 till 2019 ökade antalet fall av gonorré i Sverige från 7,8 till 31,4 per 100 000 invånare. I Stockholm identifierades majoriteten av fallen och under 2022 var där incidensen 77,4 per 100 000 invånare, högre än innan pandemin. Syftet med studien var att kartlägga resistensmönster, genomiska resistensmekanismer och epidemiologi hos *N. gonorrhoeae* isolerade i Stockholm.

Metod/Method: Helgenomsekvensering utfördes på två grupper av isolat: de som ingick i den epidemiologiska övervakningen samt de som var resistenta mot cefalosporiner eller isolat med höggradig azitromycin-resistens (HLAzi-R, MIC_≥256 mg/L). I den epidemiologiska övervakningen sekvenserades samtliga isolat var fjärde vecka från januari 2021 till september 2022 (*n*=396). Sekvenseringsdata analyserades genom multi-locus sequence typing (MLST), *Neisseria gonorrhoeae* antimicrobial sequence type (NG-STAR), core-genome MLST (cgMLST) och förekomst av genomisk resistens. Resistensbestämning utfördes på 1281 kliniska isolat under samma period med gradienttest (Etest) för cefixim, ceftriaxon, ciprofloxacin, azitromycin och spektinomycin enligt EUCASTs riktlinjer. För azitromycin användes ECOFF på 1 mg/L.

Resultat/Result: I den epidemiologiska övervakningen identifierades 44 stycken olika MLST. Den vanligaste sekvenstypen var ST9362 (23%) följt av ST11706 (9%), ST7359 (8%), ST10314 (7%) och ST11422 (6%). cgMLST-analys av isolaten tillhörande ST9362 (*n*=90) påvisade tio kluster med en skillnad på ≤5 alleler inom varje kluster. Andelen resistenta isolat bland de 1281 testade isolaten var för azitromycin 31,5%, cefixim och/eller ceftriaxon <1%, ciprofloxacin 68,5% samt ingen resistens mot spektinomycin. Sju isolat med höggradig resistens mot azitromycin identifierades och samtliga bar på en A2059G mutation i 23S rRNA-genen. Två isolat var resistenta mot cefixim varav det ena dessutom var resistent mot ceftriaxon och ciprofloxacin. Helgenomsekvensering visade att stammen tillhörde ST8130 och NG-STAR typ ST4859. Förutom *mtrR* A39T, *parC* S87N och *gyrA* S91F och D95A mutationer, bar stammen även på generna *bla*TEM-126 (ESBL), *bla*TEM-135, och *tetM*.

Konklusion/Conclusion: Den dominerande sekvenstypen i Stockholm under studieperioden var ST9362. En hög andel av de analyserade isolaten visade nedsatt känslighet för ciprofloxacin och azitromycin. Förekomsten av en ceftriaxon-resistent stam i Stockholm är alarmerande och stärkt övervakning av resistensläget är nödvändigt.

Referenser

Public Health Agency of Sweden [Folkhälsomyndigheten] 2021 Gonorré – sjukdomsstatistik. Available online at: Gonorré – sjukdomsstatistik — Folkhälsomyndigheten (fohm.se).

Tabell 1. Andel resistenta (%) kliniska isolat av *N. gonorrhoeae* isolerade på mikrobiologiska laboratoriet på Karolinska universitetssjukhuset, Stockholm, under januari 2016 till september 2022.

	2016 n = 799	2017 n = 1258	2018 n = 1200	2019 n = 1210	2020 n = 975	2021 n = 742	2022 (jan-sep) n = 539
Cefixim	1,7%	<1%	<1%	<1%	<1%	<1%	<1%
Ceftriaxon	0	0	0	0	0	0	<1%
Ciprofloxacin	43%	32%	52%	57%	54%	69%	68%
Azithromycin ^a	2.4%	4.4%	9%	16%	23%	34%	28%
Spectinomycin	0	0	0	0	0	0	0

^a Azithromycin MIC >1 mg/L

M14 - Utvärdering av snabb PCR-metod för detektion av *Mycoplasma genitalium* och makrolidresistens

Mikrobiologi

Anna Heydecke^{1,2}

Björn Herrmann³, Karolina Gullsby^{1,2}

¹ Centrum för forskning och utveckling, Uppsala Universitet/Region Gävleborg

² Enheten för klinisk mikrobiologi, Gävle sjukhus

³ Klinisk mikrobiologi, Akademiska sjukhuset, Uppsala

Introduktion/Introduction: *Mycoplasma genitalium* är en bakterie som orsakar sexuellt överförbara infektioner. Vid symtomgivande infektion är makrolider förstahandsval men resistensen är utbredd. Makrolidresistensen orsakas av punktmutationer i 23S rRNA-genen, där de vanligaste mutationerna är A2058G och A2059G. För att förhindra onödig antibiotikabehandling rekommenderas testning för makrolidresistens.

Syftet med studien var att utvärdera en snabb PCR-metod, *ResistancePlus*® MG FleXible (SpeeDx, anpassad för GeneXpert), som möjliggör detektion av både *M. genitalium* och makrolidresistens inom cirka 2 timmar.

Metod/Method: Studiematerialet utgjordes av 12 väl karakteriserade patientprover positiva för *M. genitalium* där makrolidresistens tidigare påvisats med sekvensering samt har analyserats med tre andra metoder för detektion av makrolidresistens: in-house PCR (Touati et al., 2014), *ResistancePlus*® MG (SpeeDx) och S-DiaMGRes™ (Diagenode Diagnostics). Analytisk sensitivitet utvärderades genom analys av spädningsserier av två patientprover med mutation i position A2058G respektive A2059G. Ett svagt positivt makrolidresistent prov testades upprepade gånger för att se hur förhållandet mellan sensitiviteten för detektion av *M. genitalium* samt detektion av resistensen förelåg. Även tre prover med bekräftad vildtyp analyserades.

Resultat/Result: Av de 12 makrolidresistenta proverna detekterades *M. genitalium* i samtliga prover men makrolidresistens endast för 10 av proverna med *ResistancePlus*® MG FleXible. Två prover svarades felaktigt som ”makrolidresistens ej påvisad”. Dessa två prover där resistensen bedömdes felaktigt var svagt positiva prover med Ct-värde 34,4 respektive 38,2 i rutinmetod för *M. genitalium* detektion (Jensen et al., 2004). Sensitiviteten för detektion av *M. genitalium* och makrolidresistens var likvärdig jämfört med tidigare tre analyserade metoder. Sensitiviteten var högre för detektion av *M. genitalium* än makrolidresistens-analysen vilket resulterade i att de svagaste detekterade proverna blev felaktigt svarade som ”makrolidresistens ej påvisad” enligt analysmetoden. Inga falskt positiva reaktioner för makrolidresistens detekterades när proverna med vildtyp *M. genitalium* analyserades.

Konklusion/Conclusion: *ResistancePlus*® MG FleXible är en snabb och smidig metod för detektion av *M. genitalium* och makrolidresistens. Sensitiviteten är jämförbar med de tidigare utvärderade metoderna. Det finns en risk för att felaktigt bedöma svagt positiva prover som makrolidkänsliga. En cut-off bör sättas där svagt positiva prover svaras som ”ej bedömbart” gällande resistensen för att minska risk för falskt negativa svar vilket kan påverka behandling

M15 - THE 2022 GLOBAL HPV DNA TYPING AND HPV SCREENING PROFICIENCY STUDIES

Mikrobiologi

Carina Eklund¹

Camilla Lagheden¹, Karin Dahlin Robertsson², Ola Forslund³, Sara Arroyo Mühr¹, Joakim Dillner¹

¹ Department of Clinical Science, Intervention and Technology, Karolinska Institutet, Stockholm, Sweden

² Equalis, Uppsala, Sweden

³ Skåne University Hospital, Lund, Sweden

Introduktion/Introduction: The International HPV Reference Center supports quality and order in HPV research and diagnostics. Notably, the center assigns HPV type numbers to novel HPV types, maintains a reference clone repository, and issues international proficiency panels for HPV genotyping and screening.

In 2022, we issued two different proficiency panels: The HPV DNA genotyping panel assesses the proficiency of the different HPV typing assays as used in different laboratories. The HPV DNA screening panel assesses the sensitivity and specificity of the various HPV screening assays, as used in different laboratories.

Metod/Method: Participating laboratories were asked to perform HPV testing using one or more of their usual assays on coded samples composed of purified whole genomic plasmids of sixteen HPV types (HPV 6, 11, 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 68a and 68b) in a background of human cellular DNA. Proficient genotyping requires detection in both single and multiple infections of 50 International Units of HPV 16 and HPV 18 DNA/ 5ml and 500 genome equivalents in 5 ml for the other types, with no false positive results.

The screening study has the same requirements for HPV 16 and HPV 18. HPV 31, 33, 45, 52 and 58 are also include as single infections, whereas HPV types rarely found in cancers are included only as pools.

Resultat/Result: The 2022 genotyping proficiency study was subscribed to by 73 different laboratories worldwide. The screening study had 92 panels distributed, particularly to laboratories from Latin America, Europe, and Asia. Both public health laboratories, research laboratories and diagnostic test manufacturers are participating.

Sweden reported 7 assays for screening panel from 5 laboratories. Abbott, BD, Cobas and Seegene being used. All proficient. The genotyping panel was reported by 5 laboratories, 6 assays, with Seegene being the most common assay.

Konklusion/Conclusion: A continuing global proficiency program will promote reliable laboratory services both for genotyping in HPV vaccine research and monitoring as well as for HPV-based cervical screening.

M16 - KRAFTIG ÖKNING AV KARBAPENEMASPRODUCERANDE ENTEROBACTERALES I REGION STOCKHOLM EFTER PANDEMIN

Mikrobiologi

Patrik Jonsson¹

Anna-Karin Smekal¹, Martin Vondracek¹, Christian Giske^{1,2}

¹ Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhuset, Stockholm

² Avdelningen för Klinisk mikrobiologi, Institutionen för Laboratoriemedicin, Karolinska Institutet, Stockholm

Introduktion/Introduction: Karbapenemasproducerande *Enterobacterales* (ESBL_{CARBA}) utgör ett stort problem för sjukvården då de i många fall kan orsaka svårbehandlade infektioner och spridas mellan patienter. Förekomsten av ESBL_{CARBA} har under de senaste åren ökat stadigt i region Stockholm, med undantag för 2020 till följd av pandemin, då antalet nya fall nästan halverades från 2019 (2019 n=99, 2020 n=56). Under 2021 när resandet kom igång ökade antalet nya fall till 80 för att under 2022 stiga kraftigt till totalt 143 nya fall av *Enterobacterales* med ESBL_{CARBA}.

Metod/Method: På samtliga nya fynd av *E. coli* och *K. pneumoniae* med ESBL_{CARBA} utförs rutinmässig helgenomsekvensering som en del av det epidemiologiska övervakningsprogrammet i Region Stockholm.

Resultat/Result: De två vanligast förekommande arterna är *E. coli* och *K. pneumoniae* som under 2021 stod för 83% (*E. coli* 45%, *K. pneumoniae* 38%) av fallen och under 2022 för 88% (*E. coli* 47%, *K. pneumoniae* 41%) av fallen. Bland övriga arter var *C. freundii* vanligast 2021 (4%) och *E. cloacae* var vanligast 2022 (4%). Tidigare har OXA-48 varit vanligaste ESBL_{CARBA}, men från och med 2021 är NDM den vanligaste (43% 2021, 48% 2022). Det har även varit en kraftig uppgång av isolat med dubbel uppsättning av ESBL_{CARBA}. Kombinationen OXA-48+NDM är vanligast (6.3% 2021, 9.1% 2022), följt av KPC+NDM (1.6% 2021, 2.1% 2022).

Under perioden 2021-2022 var de fem vanligast förekommande sekvenstyperna hos *E. coli* följande: ST10 (18.6%), ST38 (13.6%), ST405 (13.6%), ST23 (12.7%) och ST648 (7.6%). Hos *K. pneumoniae* var det främst ST147 (36.9%) som dominerade, följt av ST258/11 (13.1%) och ST307 (6%). Samtliga av varianterna som sågs hos *K. pneumoniae* är så kallade epidemiska kloner som beskrivs ofta i internationell litteratur, där förekomsten av NDM hos ST147 var klart dominerande (59% av isolaten enbart NDM och i 24% av isolaten i kombination med OXA-48 eller KPC).

Konklusion/Conclusion: Sammantaget har det skett en kraftig ökning av ESBL_{CARBA} hos *Enterobacterales* i Region Stockholm efter pandemin och nivån nu ligger mer än 40% över nivån innan pandemin. Den dominerande genotypen är NDM och det blir allt vanligare med kombinationer av flera ESBL_{CARBA}. Tre epidemiska kloner utgör tillsammans mer än 50% av fallen bland *K. pneumoniae*.

M17 - Pilotprojekt för provtagning av avloppsvatten vid Arlanda flygplats

Mikrobiologi

Helene Botnen¹

Neus Latorre-Margalef¹, Caroline Schönning¹, Carlo Berg¹, Zeynep Cetecioglu², Isaac Owusu-Agyeman², Lena Dillner¹, Alma Brolund¹

¹ Folkhälsomyndigheten

² Kungliga Tekniska Högskolan (Skolan för kemi, bioteknologi och hälsa, inst. för industriell bioteknologi)

Introduktion/Introduction: Vid årsskiftet 2022-2023 lättades restriktionerna för SARS-CoV-2 i Kina vilket möjliggjorde fler utrikesresor samtidigt som antalet fall ökade markant. Det förändrade epidemiologiska läget föranledde att EU och den europeiska smittskyddsmyndigheten, ECDC, bestämde om försiktighetsåtgärder och rekommendationer. Regeringen beslutade därmed om krav på uppvisande av intyg för negativt covid-19-test vid inresa från Kina och ECDC rekommenderade bl.a. slumpmässigt testning av resenärer (frivilligt) och avloppstestning direkt från flygplan och flygplatser.

Med anledning av detta startade Folkhälsomyndigheten i samarbete med en forskargrupp på Kungliga Tekniska Högskolan upp ett pilotprojekt för provtagning och analys av avloppsvatten från de flygplan som anlände direkt från Kina, samt från avloppsvatten från Arlanda flygplats. Syftet med pilotprojektet var att följa rekommendationerna från EU och samtidigt testa logistik, organisation och beredskap kring provtagning från flygplatser och flygplan.

Provtagning har gjorts en gång i veckan, med start den 13 januari 2023, vid tre punkter: från enskilda flygplan, från försörjningstunnel från en enskild terminal, samt från en anslutningspunkt utanför flygplatsen. Från enskilda flygplan har prov av praktiska skäl tagits ur den tömningsbil som tömmer planets avloppstank vid ankomst. En separat, tömd bil har då avsatts för ändamålet så att innehållet inte blandats med innehåll från andra flygplan. Från en försörjningstunnel inne på flygplatsen har prover tagits med avloppsvatten från Terminal 5, som är den terminal på flygplatsen som tar emot de flesta utrikesflygen. Från en anslutningspunkt i Måby utanför Arlanda har prover tagits från det utgående avloppsvattnet från hela flygplatsen.

Proverna från de tre punkterna analyseras för förekomst av SARS-CoV-2 och sekvenseras i syfte att undersöka mutationer kopplade till specifika virusvarianter av intresse. Avloppsvattnet ifrån flygplanens toalettsystem skiljer sig också från avloppsvatten från reningsverk (innehåller desinfektionsmedel, PCR-inhibitorer och hög pH) vilket kan påverka provkvalitet och kräver optimering av analysmetoder av denna typ av prover.

Projektet är intressant ur beredskapssynpunkt eftersom flygplatsen är ingång för internationella resenärer som kan introducera ny smitta i landet. Flygplatser omges av strikta säkerhetsregler som ställer krav på organisering och samarbete med flygplatsens personal, Det är därför värdefullt att kunna utvärdera fynden från avloppsvatten och testa logistiken kring provtagningen.

Metod/Method: Se ovan.

Resultat/Result: Se ovan.

Konklusion/Conclusion: Se ovan.

Referenser

European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Aviation Safety Agency. Guidelines in response to the worsening of the epidemiological situation – Addendum to the Aviation Health Safety Protocol. 10 January 2023. ECDC: Stockholm; 2023/EASA: Cologne; 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/guidelines-response-worsening-epidemiological-situation-addendum-aviation-health>

Hemställan att regeringen överväger en förlängning av tillfälligt krav på intyg om negativt test för pågående infektion av covid-19 vid inresa i Sverige för resande från Kina. Folkhälsomyndigheten 2023-01-24

<https://www.folkhalsomyndigheten.se/nyheter-och-press/nyhetsarkiv/2023/januari/folkhalsomyndigheten-hemstaller-att-regeringen-overvager-forlangt-krav-pa-negativt-covid-19-test-for-inresande-fran-kina/>

Uppdrag att analysera och utvärdera konsekvenserna för Sveriges del med anledning av Kinas epidemiologiska situation avseende covid-19. Socialdepartementet 2022-12-30

<https://www.regeringen.se/regeringsuppdrag/2022/12/uppdrag-att-analysera-och-utvardera-konsekvenserna-for-sveriges-del-med-anledning-av-kinas-epidemiologiska-situation-avseende-covid-19/>

M18 - Fortsatt ökning av förekomst av ESBL-CARBA i Sverige 2022

Mikrobiologi

Karin Westmo¹

Barbro Mäkitalo¹, Inga Fröding¹, Jens Furuskog¹, Alma Brolund¹, Petra Edquist¹

¹ Folkhälsomyndigheten, Solna, Stockholm

Introduktion/Introduction: Karbapenemasproducerande Enterobacterales (ESBL_{CARBA}) är ett ökande problem runt om i världen. År 2012 infördes anmälningsplikt för ESBL_{CARBA} i Sverige och man har sedan dess årligen sett en ökning av antalet anmälda fall, förutom under år 2021 då man såg en minskning av antalet fall som troligen var på grund av pandemi-relaterade orsaker.

Metod/Method: Samtliga isolat av ESBL_{CARBA} samlas in till Folkhälsomyndigheten via det nationella mikrobiella övervakningsprogrammet. Isolaten har analyseras med helgenomsekvensering (IonTorrent) för identifiering av resistensgener av typ ESBL_A, ESBL_M och ESBL_{CARBA}, sekvenstyp (ST) och släktskapsanalys (klusteranalys/SNP-analys).

Resultat/Result: År 2022 rapporterades 240 fall av ESBL_{CARBA} i Sverige vilket är det högsta antalet rapporterade fall sedan ESBL_{CARBA} blev anmälningspliktig. Överlag var *Escherichia coli* den vanligaste arten och påvisades hos 64 procent av fallen medan *Klebsiella pneumoniae* påvisades hos 35 procent av fallen. Hos flera av fallen kunde flera arter, resistensgener och/eller sekvenstyper identifieras, för de 240 fallen kunde 286 ESBL_{CARBA}-positiva isolat påvisas under 2022. De mest förekommande karbapenemasgenerna hos dessa isolat var varianter av NDM och OXA-48. Dessa resistensgener förekom även i kombinationer, dvs. OXA-48+NDM i samma isolat. Utöver dessa gener påvisades även KPC, VIM, IMP och IMI, men i en mindre omfattning. Fjorton kluster med 2-7 fall per kluster identifierades under 2022, av dessa hade sex kluster internationell koppling varav fem kluster hade Ukraina som troligt smittland.

De vanligaste smittländerna i anmälningarna under 2022 var Sverige (n=68), Ukraina (n=24), Turkiet (n=14), Grekland (n=10) och Spanien (n=9). Likt tidigare upptäcktes majoriteten av fallen smittade i Sverige vid undersökning av sjukdomssymtom medan för fallen smittade utanför Sverige var screening/provtagning i grupp med högre förväntad prevalens den vanligaste orsaken. Hos en majoritet av fallen smittade i Sverige påvisades *Escherichia coli* (82 %) med resistensgener inom OXA-48-gruppen (68 %). För fall smittade utanför Sverige hade nästan lika många en *Escherichia coli* (54 %) som en *Klebsiella pneumoniae* (47 %), där 58 procent respektive 53 procent bar på NDM.

Konklusion/Conclusion: Under 2022 påvisades rekordmånga fall av ESBL_{CARBA}. Även fler kluster än tidigare år identifierades men denna smittspridning skedde sannolikt framförallt internationellt medan den nationella smittspridningen fortfarande ligger på en låg nivå.

M19 - Benämning av streptokocker och stafylokocker i svarsrapporter från kliniska mikrobiologiska laboratorier

Mikrobiologi

Susann Skovbjerg¹

Annika Carlsson Wistedt², övriga medlemmar i³

¹ Klinisk Mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Göteborg

² Klinisk mikrobiologi och vårdhygien, Länssjukhuset i Kalmar, Kalmar

³ Referensgruppen för bakteriologi inom Föreningen för Klinisk mikrobiologi

Introduktion/Introduction: I dagsläget finns en uppsjö av olika benämningar på streptokocker och stafylokocker i svarsrapporter från svenska mikrobiologiska laboratorier, vilket bl.a. tydliggjorts i Svebars sammanställningar. Olika benämningar på samma agens kan försvåra tolkning av resultatet för remittenten och blir i förlängningen en patientsäkerhetsfråga. Statistisk redovisning och forskning underlättas också av en enhetlig nomenklatur mellan svenska laboratorier.

Metod/Method: Referensgruppen för bakteriologi inom Föreningen för Klinisk mikrobiologi (FKM) åtog sig att skapa en rekommendation för benämning av streptokocker och stafylokocker i svarsrapporter från kliniska mikrobiologiska laboratorier. Vid taxonomiska frågeställningar konsulterades Culture Collection University of Gothenburg, CCUG. Ett förslag gick ut på remiss till medlemmarna i FKM under hösten 2022 och en färdig rekommendation håller nu på att sammanställas.

Resultat/Result:

Rekommendationen bygger på följande principer:

- Bakteriens latinska namn utgör grundprincipen för hur svaret formuleras.
- Kliniskt viktiga fynd ska aldrig kunna missförstås. I de fall svenskt namn används allmänt inom vården och i medicinsk kurslitteratur kompletteras det latinska namnet med det svenska inom parentes, t.ex. *Streptococcus pneumoniae* (pneumokocker), eller med det svenska namnet som förklarande kommentar.
- Gruppbenämningar används i relevanta fall för att översätta komplicerad taxonomi till begripliga begrepp.
- Om typning utförts till species eller subspecies nivå kan det fullständiga namnet besvaras, antingen direkt eller som tillägg till föreslagen term eller grupp.
- Anpassning har gjorts till internationell nomenklatur.
- Rekommendationen ger förutsättningar för artbenämning oberoende av metod för identifiering. När flera alternativ finns väljer laboratoriet självt det som passar utifrån laboratoriets förutsättningar och metodik.
- Eventuell antibiotikaresistens anges inte i själva artnamnet.
- För ökad tydlighet används inga förkortningar, medan bindestreck och snedstreck används. Hänsyn har inte tagits till eventuella begränsningar i lokala IT-system, utan lokala anpassningar kan behöva göras.
- I rekommendationen används inte kursiv stil på latinska namn.

Konklusion/Conclusion: Rekommendationen kommer att kompletteras med Snomed CT termer enligt Socialstyrelsens terminologi och därefter publiceras på mikrobiologi.net under Rekommenderade metoder från FKM. Gruppen har därefter för avsikt att gå vidare med rekommendationer på benämningar av ytterligare agens och begrepp.

M20 - Ett år med PCR-analys av tarmpatogena bakterier på Karolinska Universitetssjukhuset

Mikrobiologi

Agnes Böhlin Wiener¹

Niklas Micski¹, Sodabeh Alavi¹

¹ Karolinska Universitetssjukhuset, MDK

Introduktion/Introduction: År 2022 infördes PCR-analys som en del av diagnostiken för tarmpatogena bakterier på Karolinska Universitetslaboratoriet. Givet det ökade antal prov, ca 20 000 st under 2022, var detta ett välkommet tillskott till de traditionella odlingsmetoderna. Det finns flera kit på marknaden med lite olika bakteriepanel. Vissa kit är instrumentbundna medan andra kan köras på flera plattformar. På Karolinska har man valt Amplidiag Bacterial GE panel som täcker EHEC, EPEC, ETEC, EAEC, C.jejuni/coli, Y.enterocolitica/pseudotuberculosis, Salmonella spp samt Shigella spp/EIEC. Vid Aeromonas, Plesiomonas samt Vibrio frågeställning måste proverna odlas. Även vissa PCR-positiva prov följs av odling och serotypning samt resistensbestämning i förekommande fall. EHEC-stammar isoleras för epidemiologisk typning på FoHM.

Metod/Method: Amplidiag-systemet består av Amplidiag Easy instrumentet som extraherar och förbereder PCR-plattan samt ett PCR-instrument som är kalibrerad till extraktorn. I metoden ingår, förutom reagenskit, även två interna kontroller: en extraktionskontroll, bestående av en syntetisk oligonucleotid, vars syfte är att fånga upp inhibition i provet samt PCR-kontroller för de olika målgenerna. Den egna driftkontrollen utgörs av en uppodlad Salmonella-stam.

Resultat/Result: Jämfört med odling har vi detekterat mer än 10% fler patogener mha PCR. Största ökningen består av tarmpatogena E.coli som inte kan påvisas med odling. Under 2022 hittade vi 1498 st EPEC, 291 st ETEC, 695 st EAEC. Merparten av dessa förefaller vara utlandssmittor och utgör ca 65% av de positiva proverna. Vi hittade också 150 st fler EHEC (410/260) och dessa utgör mellan 5-15% av de positiva proverna. För övriga patogener var inte skillnaden lika påtaglig: 9 st fler Salmonella (189/180) resp. Yersinia (41/32), 13 st fler Shigella (56/43) samt 20 st fler Campylobacter (1011/991). Saminfektioner var relativt vanliga, i 25-35% av de positiva proverna kunde två eller fler patogener påvisas. Kombinationen EAEC-EPEC, EAEC-EPEC-ETEC samt EPEC-ETEC var vanligast men EPEC förekommer ofta i saminfektioner.

Konklusion/Conclusion: Tack vare molekyläranalys kan många fler patogener påvisas i fecesprover, i synnerhet tarmpatogena E.coli, som är vanlig orsak till turistdiarré och som kan ge svårartade gastrointestinala symtom. Även om dessa inte i vanliga fall behandlas, kan det vara av värde för både vården och patienten att få förklaring på symtomen och eventuellt lugnande besked.

M21 - CCUG – en stamsamling i Göteborg

Mikrobiologi

Liselott Svensson Stadler¹

Elisabeth Inganäs¹, Maria Ohlén¹, Sofia Cardew¹, Susanne Jensie Markopoulou¹, Roger Karlsson¹, Fransisco Salvà-Serra¹, Daniel Jaén-Luchoro¹, Edward Moore¹

¹ CCUG - Culture collection University of Gothenburg, Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset och Sahlgrenska Akademin, Göteborgs universitet, Göteborg

Introduktion/Introduction: CCUG är Sveriges enda publika stamsamling som karakteriserar, identifierar, förvarar och distribuerar bakterier från framför allt sjukvården, men även från omgivningen.

Metod/Method: Vi förser laboratorier med referensstammar för kvalitetskontroller, forskare med intressanta stammar för sin forskning och företag med stammar för metod- och instrumentutveckling. Vi har nu påbörjat processen mot att ackreditera oss enligt ISO 17034 för att kunna utfärda internationella certifikat för vissa av våra stammar och som annars skulle behöva kontrolleras av de enskilda labben.

I samarbete med EUCAST har vi paneler av *S. pneumoniae* och *P. aeruginosa* med definierad antibiotikakänslighet, för validering av metoder. Vi är den publika samlingen i Europa som har flest kliniska isolat och vi har ofta många isolat av en och samma art och är därför populära vid utveckling av diagnostiska metoder och vaccintutveckling där variationen inom arter är viktig att ha med sig.

CCUG accepterar deponeringar av kända och nya arter av bakterier: när en ny bakterieart beskrivs och föreslås ska den avsedda typstammen av denna art deponeras i två offentliga samlingar i två olika länder. Vi förvarar typstammar av nära 4000 arter (>20% av alla beskrivna bakteriearter med ett giltigt publicerat namn).

Resultat/Result: Forskningen är en viktig del av CCUG och vi har EU-finansierade projekt och flera internationella samarbeten med Spanien, Chile, Norge, Frankrike, Israel, Kina, Iran och Korea. Forskningen är främst kopplad till utveckling av metoder för snabb diagnostik av bakterieinfektioner (art, antibiotikaresistens och virulens) genom genomik, proteomik, bioinformatik och molekylärbiologi, för att patienterna ska få bättre och mer korrekta behandlingar. Vi karakteriserar och beskriver också nya arter och släkten av bakterier som är kliniskt relevanta.

CCUG är populärt bland studenter som gör både praktik och examensarbeten inom bl a taxonomi och artbestämning. Vi deltar i Global Catalogue of Microorganisms 10K projektet, som syftar till att sekvensera typstammar. Vi samarbetar och har utbyten med andra stamsamlingar i Europa och i världen och vi är medlemmar i den Europeiska organisationen för stamsamlingar (ECCO) och i världssamfundet (WFCC).

På CCUG jobbar fyra BMA, en curator, en biträdande curator och forskare.

Konklusion/Conclusion: Följ CCUG på Twitter @CCUG_Sweden, LinkedIn (@ccug-sweden) och Instagram (@ccug_sweden)

Referenser

www.ccug.se

M22 - Optimizing freezing temperature for bacteria storage

Mikrobiologi

Ramona Santini¹

Jan Klingler², Linda Jervelius², Anna Ekwall-Larson¹, Volkan Özenci^{1,2}

¹ Division of Clinical Microbiology, Department of Laboratory Medicine, Karolinska Institutet, Stockholm, Sweden.

² Department of Clinical Microbiology, Karolinska University Hospital, Stockholm, Sweden.

Introduktion/Introduction: Global warming is a major problem. The use of unnecessary electricity in laboratories is likely to have important negative consequences. An average life science laboratory consumes three times the energy of an ordinary office. Specifically, ultra-low temperature freezers consume an average of 6935 kWh/year, more than a standard one-room apartment in Sweden. Raising the freezer temperature from -80 to -70 °C can save an average of 35 % energy. The purpose of the study was to compare the performance of three different freezers, set at three temperatures - 80, -70, and -20 °C, respectively, on bacterial viability after thawing.

Metod/Method: Each strain was stocked in 3 vials (0.5 Mc Farland, 0.5 ml) frozen at -80, -70, and -20 °C, respectively. The performance of different freezing settings was tested after two time periods namely after 3 (T1) and 17 (T2) days. The freezing suspension was diluted to obtain 30-300 CFU in 100 µL, cultured on relevant agar plates and incubated according to standard recommendations for each bacterium. Once the bacteria had grown, colonies were counted manually, and the results were analyzed as CFU/ml. The experiment is ongoing, and the cultures will be repeated after 90 days of storage in each freezer.

Resultat/Result: A total of 29 strains of bacteria from different clinical sample types were included. Preliminary results showed no difference in survival of the bacteria between -70 and -80 °C after 3 and 17 days. In contrast, the CFU/ml of some strains frozen in the freezer at -20 degrees decreased rapidly over time (table 1).

Konklusion/Conclusion: In conclusion, these preliminary results suggest that by increasing the recommended storage temperature by 10 degrees, the viability of bacteria is still preserved. However, storing microorganisms at -20 °C might result in decreased viability when thawing.

Table 1. Mean (SD) of Gram-positive and Gram-negative isolates expressed in $\times 10^3$ CFU/ml at three different temperatures.

		-80	-70	-20
Gram-positive	T1 (thawed after 3 days):	32000 (0)	32000 (0)	30777 (2958)
	T2 (thawed after 17 days):	27615 (8849)	28269 (8385)	25480 (12086)
Gram-negative	T1 (thawed after 3 days):	30444 (6225)	30450 (6200)	28425 (8225)
	T2 (thawed after 17 days):	28519 (9604)	28300 (10127)	28300 (10127)

Posters Omvårdnad: IFIS1-IFIS5

IFIS1 - Nationella rekommendationer Omvårdnad vid covid-19

Infektionssjuksköterskor

Sara Adolfsson¹

Lotta Kerrén¹

¹ IFIs

Introduktion/Introduction: Under pandemin blev det tydligt att omvårdnaden är en mycket viktig del av behandlingen för att tillfriskna och undvika försämring vid ineliggande vård för covid-19. Redan under våren 2020, efterfrågades nedskrivna riktlinjer för omvårdnaden av dessa patienter och arbetet med lokala riktlinjer tog sin början. Genom utvecklandet av nationella rekommendationer skapas förutsättningen för att ge en jämlik, säker och evidensbaserad omvårdnad till patienter med covid-19, oavsett vårdavdelning, specialitet, sjukhus eller region.

Metod/Method: De nationella rekommendationerna grundas på den samlade kliniska erfarenheten i Sverige av att vårda patienter med covid-19, men även en litteraturgenomgång av studier gjorda på omvårdnad och behandling vid covid-19. De kliniska erfarenheterna är en sammanställning av egna upplevelser och erfarenheter samt erfarenheter och tankar vi fått ta del under intervjuer av sjuksköterskor, undersköterskor och läkare på infektionskliniker runtom i Sverige under hösten 2021. Under våra besök har vi även fått ta del av lokala riktlinjer, rutiner och arbetssätt, och denna kunskap finns också integrerad i rekommendationerna.

Resultat/Result: Rekommendationerna består av en kunskapsöversikt samt en checklista tänkt att användas i det dagliga patientnära arbetet. Målgruppen för rekommendationen är sjuksköterskor och undersköterskor som vårdar vuxna personer med covid-19 på vårdavdelning och inkluderar därmed inte barn, gravida eller vård på IMA/IVA. Klinisk erfarenhet visar att rekommendationerna även är väl applicerbara på patienter med andra luftvägsinfektioner såsom pneumoni och influensa.

De omvårdnadsområden som är av vikt vid covid-19 är andning, syrgasbehandling (inklusive högflödesbehandling), cirkulation, feber, nutrition, elimination, hud & munhälsa, mobilisering, sömn, psykosocialt samt avveckling av högflödesbehandling i palliativt syfte. Den sista punkten var en av de viktigaste aspekterna som dök upp under resan runt i Sverige, det skilde enormt mycket hur man såg på detta och hur det var organiserat. I checklistan finns korta komihåg för dagliga ställningstaganden i teamet runt patienten.

Konklusion/Conclusion: Under pandemin lärde vi oss otroligt mycket nytt gällande omvårdnaden av patienter med luftvägsinfektioner och att använda högflödesbehandling tidigt och ofta. En annan slutsats är också att det finns ett enormt uppdämt behov av att få bearbeta det man som sjuksköterska varit med om under pandemin: alla dödsfall, alla nya riktlinjer, oro och rädsla men även en otrolig gemenskap och teamarbete.

Referenser

Ett urval:

Clinical management of COVID-19: living guideline, 15 September 2022. Geneva: World Health Organization; 2022 (WHO/2019-nCoV/Clinical/2022.2). Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO. Hämtad 28 november 2022 från Clinical management of COVID-19 (who.int)

Clinical care for severe acute respiratory infection: toolkit, update 2022. COVID-19 adaptation. Geneva: World Health Organization; 2022 (WHO/2019-nCoV/SARI_toolkit/2022.1). Licence: CC

BY-NC-SA 3.0 IGO. Hämtad 28 november 2022 från Clinical care of severe acute respiratory infections – Tool kit (who.int)

Zhu Y, Wang Z, Zhou Y, Onoda K, Maruyama H, Hu C, et al. Summary of respiratory rehabilitation and physical therapy guidelines for patients with COVID-19 based on recommendations of World Confederation for Physical Therapy and National Association of Physical Therapy. *J Phys Therapy Sci.* 2020 Aug 8;32(8):545–9.

SILF, Svenska infektionsläkarföreningen (2022). *Vårdprogrammet för covid-19*. Hämtad 25 september, 2022 från Svenska infektionsläkarföreningen, Nationellt vårdprogram covid19 | Infektion.net

IFIS2 - "Det tar aldrig slut" - Sjuksköterskors erfarenheter av att vårda ovaccinerade patienter med covid-19 inom slutenvården.

Infektionssjuksköterskor

Filippa Arvidsson¹

Petra Ahlroth Sjögren², Katri Manninen²

¹ Infektionskliniken, Danderyds sjukhus

² ME Infektionssjukdomar, Karolinska Universitetssjukhuset i Huddinge

Introduktion/Introduction: Covid-19 har sedan i början på mars 2020 kategoriserats som en pandemi och globalt hade viruset fram tills i mars 2022 kostat mer än sex miljoner människor deras liv och nära en halv miljard bekräftade fall. I början på 2021 fanns det tillgång till godkända vaccin mot SARS-Cov-2 i Sverige. Ett sätt att minska smittspridningen inom vården och i samhället är att genomföra vaccinering med effektiva och säkra vaccin.

Pandemin genererade en omställning och utmaning för sjuksköterskor. Omvårdnadsarbetet har varit tidskrävande, komplext och har skapat en etisk stress. När patienter som valt att inte vaccinera sig var i behov av inläggande vård innebar fortsatt ansträngd arbetssituation. Därför är det viktigt att undersöka svenska sjuksköterskors erfarenheter av pandemin och vaccinets påverkan eftersom detta ännu inte har undersökts.

Syftet med studien var att beskriva sjuksköterskors erfarenheter av att vårda ovaccinerade patienter med covid-19 inom slutenvården.

Metod/Method: En deskriptiv intervjustudie där nio semistrukturerade intervjuer genomfördes och analyserades med kvalitativ innehållsanalys.

Resultat/Result: Pandemin har givit en utmanande arbetssituation utifrån de förutsättningar som fanns. Innan och efter vaccin fanns att tillgå fanns en platsbrist samt resurs- och tidsbrist. Informanterna uppgav utmattning och missmod, utebliven återhämtning samt fysisk och psykisk påfrestning. Frustration gentemot patienter som valt att inte vaccinera sig men även acceptans. Behärskning behövdes ibland i mötet med patienterna men i vissa fall saknades det energi för det och inlyssnadet reducerades. Olika åsikter var samtidigt något som respekterades. Informanterna uppgav betydelsen av kollegialt samarbete och reflektion. Förberedelse inför liknande händelser, bland annat genom scenarioträning, är något som informanterna önskade. Möjlighet till att bearbeta de erfarenheter som ännu inte har vågats bearbeta efterfrågades.

Konklusion/Conclusion: Vårdandet av patienter med covid-19 som inte är vaccinerade har varit utmanande på olika vis och i vissa fall utmattande. Informanterna var tudelade kring vårdandet av dessa patienter, de kunde ibland uppleva en frustration samtidigt som alla patienter med covid-19 behövde vård oavsett. Informanterna upplevde ett kollegialt stöd där diskussion och reflektion kring arbetet skedde. Det efterfrågades kontinuerlig reflektion och utbildning dels för egen del men även

för att kunna bedriva personcentrerad omvårdnad.

Referenser

Andersson, L.-M., Sundqvist, M. & Johansson, A. (2021). Nationellt vårdprogram för misstänkt och bekräftad covid-19. Från <https://infektion.net/wp-content/uploads/2021/12/nationellt-varldprogram-covid-version-3-4.pdf>

Graneheim, U.H., & Lundman, B. (2004) Qualitative content analysis in nursing research: concept, procedures and measures to achieve trustworthiness. *Nurse Education Today*, 24, 105-112. doi:10.1016/j.nedt.2003.10.001

International Council of Nurses (2021) *The COVID-19 Effect: World's nurses facing mass trauma, an immediate danger to the profession and future of our health system*. Hämtad 22 mars 2022 från <https://www.icn.ch/sites/default/files/inline-files/ICN%20COVID19%20update%20report%20FINAL.pdf>

LoGiudice, J.-A. & Bartos, S. (2021) Experiences of Nurses During the COVID-19: A Mixed-Methods Study. *AACN Advanced Critical Care*, 32(1) 14-25. doi: <https://doi.org/10.4037/aacnacc2021816>

Liu, Q., Luo, D., Haase, J. E., Guo, Q., Wang, X. Q., Liu, S., Xia, L., Liu, Z., Yang, J., & Yang, B. X. (2020). The experiences of health-care providers during the COVID-19 crisis in China: a qualitative study. *The Lancet. Global health*, 8(6), e790–e798. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(20\)30204-7](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(20)30204-7)

Patton, M.Q. (2015) *Qualitative research & evaluation methods: integrating theory and practice* (4th ed.). SAGE Publications, Inc. ISBN 9781412972123

Sugg, H. V. R., Russell, A.-M., Morgan, L. M., Iles-Smith, H., Richards, D. A., Morley, N., Burnett, S., Cockcroft, E. J., Thompson Coon, J., Cruickshank, S., Doris, F. E., Hunt, H. A., Kent, M., Logan, P. A., Rafferty, A. M., Shepherd, M. H., Singh, S. J., Tooze, S. J., & Whear, R. (2021). Fundamental nursing care in patients with the SARS-CoV-2 virus: results from the “COVID-NURSE” mixed methods survey into nurses’ experiences of missed care and barriers to care. *BMC Nursing*, 20(1), 1–17. <https://doi-org.till.biblextern.sh.se/10.1186/s12912-021-00746-5>

World Health Organization (2020) WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 March 2020. Hämtad 12 December 2022, från <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19--11-march-2020>

IFIS3 - Patienters upplevelse av att vårdas på sjukhus med endokardit: En kvalitativ intervjustudie

Infektionssjuksköterskor

Anna Torpfält^{1,2}

Anna Hagman Mårs^{1,2}

¹ Anna Torpfält

² Anna Hagman Mårs

Introduktion/Introduction: Abstract

Bakgrund:

Infektiös endokardit [IE] är en allvarlig sjukdom som årligen drabbar cirka 600 personer i Sverige. Insjuknande kan vara akut eller subakut med långvariga ospecifika symtom. Vårdtiden är lång, minst fyra veckors behandling med intravenösa antibiotika. Patienterna drabbas ofta av komplikationer. Det finns begränsad kunskap om patienters upplevelse av sjukdomen och vården.

Metod/Method: Syfte:

Syftet var att undersöka hur patienter som vårdats för IE upplevde insjuknandet, vårdtiden och hemkomsten.

Metod:

Kvalitativ intervjustudie med semistrukturerade djupintervjuer av sju patienter som vårdats för IE. Kvalitativ innehållsanalys utfördes av insamlade data.

Resultat/Result: Resultat:

Resultatet presenteras i fyra huvudkategorier: Insjuknandet, Vårdtiden, Familj och vänner och Hemkomsten. Tre patienter hade akut insjuknande och fyra hade subakut. Patienterna med subakut insjuknande upplevde rädsla och oro för att bli utskrivna utan diagnos. Alla upplevde att tröttheten, orkeslösheten och ensamheten var påfrestande under vårdtiden. En del av patienterna upplevde flera bakslag, vilket påverkade dem negativt både fysiskt och psykiskt. Patienterna beskrev att de inte var mentalt förberedda på bakslagen. Endast ett fåtal blev erbjudna någon form av samtalskontakt. Flera genomgick en akut hjärtklaffsoperation, vilket innebar byte av sjukhus och avdelning under vårdtiden. Det skapade stor oro hos patienterna. Stödet från de närmaste anhöriga var viktigt. De flesta upplevde oro inför utskrivning och vid hemkomst. Flertalet besvärades av trötthet och orkeslöshet under lång tid efter hemkomst. Sjukdomens allvar gjorde att flera upplevde att döden kom närmare, men som också resulterade i en tacksamhet för livet.

Konklusion/Conclusion: Slutsats:

Vårdtiden påverkade informanterna både psykiskt och fysiskt. Det är av vikt att ge dessa patienter en personcentrerad vård efter som deras vårdbehov förändras under den långa vårdtiden. Ovissheten och vetskapen om att infektionen drabbade hjärtat skapade oro. Förbättrad information ger ökad trygghet för patienterna och därav minskad oro. Det kan vara av stor vikt inför operation och byte av sjukhus eller avdelning. Därför bör samarbetet mellan sjuksköterskorna på thoraxklinik och infektionsklinik ökas.

Oro och kvarvarande symtom efter hemgång visar att det finns behov för ett utökat psykiskt och fysiskt stöd efter hemkomst. Det kan vara i form av hemsjukvård eller genom att patienten får en kontaktsjuksköterska vid utskrivning som de kan vända sig till.

IFIS4 - Hepatit C behandling utanför sjukhus

Infektionssjuksköterskor

Annika Olsson¹

Katarina Rosén², Soo Aleman³

¹ Annika Olsson

² Katarina Rosén

³ Soo Aleman

Introduktion/Introduction: Patienter med hepatit C erbjuds vanligen utredning samt behandling på infektionskliniker. Många av dem kommer dock aldrig i kontakt med specialistkliniker eller har tappats bort efter diagnos. Orsaken kan vara att personen inte provtagits och att diagnosen därför är okänd, att personen inte kommit på inplanerade kontroller efter diagnos, till exempel pga. beroendesjukdom, psykiatrisk samsjuklighet eller hemlöshet. Här finns ett behov av att erbjuda hepatit C diagnostik, utreda, behandla och följa upp på platser där man lättare kan nå patienten, med stöd från infektionsklinik i linje med Nationell Elimineringsplan mot hepatit C. Ett av dessa prioriterade områden är att utarbeta verksamheter för att nå riskgrupper. Att identifiera och behandla denna grupp är viktigt, både för att undvika leverkomplikationer på sikt och för att minska smittspridningen. Syftet är att utveckla och utvärdera personcentrerad sjuksköterskeledd uppsökande verksamhet för att hitta och behandla personer med hepatit C i svåråtkomliga grupper.

Metod/Method: Vi är ett sjukskötersketeam som sedan mars 2022 bedriver uppsökande verksamhet en dag per vecka för att hitta personer som har eller kan ha utsatts för smitta med hepatit C. Vi besöker verksamheter där individer i riskgrupper finns, såsom stöd- och akutboenden, dagverksamheter för hemlösa och LVM-hem (lag om vård av missbrukare i vissa fall).

Resultat/Result: I den sjuksköterskeledda uppsökande verksamheten som implementerats på Karolinska Universitetssjukhuset tas hepatit B och C samt HIV prover. Vid känd diagnos tas anamnes, leverelasticitetsmätning görs samt ges smittskyddsinformation. Efter utredning tas patientfallet upp på rond med en infektionsläkare på sjukhuset varannan vecka. Behandlingar genomförs i majoritet utanför sjukhuset. Endast patienter med levercirros bokas för läkarbesök.

Från mars 2022 till februari 2023 har teamet besökt 16 olika verksamheter och där träffat 137 individer. Av dessa diagnostiserades 2 med kronisk hepatit B (1 nyupptäckt, 1 tidigare diagnostiserad men borttappad), 1 nyupptäckt HIV och 37 med hepatit C infektion har startat behandling.

Konklusion/Conclusion: Teamet har utvecklat behandlingsrutiner, ökat tillgängligheten för gruppen och visat att det går att behandla denna grupp utanför sjukhus.

Patienter som annars inte skulle kommit till behandling har behandlats och läkt ut sin hepatit C vilket sannolikt kommer att bidra till förbättrad överlevnad för dessa personer.

IFIS5 - Riskfaktorer för att förvärva meticillinresistent *Staphylococcus aureus* (MRSA) i vård och omsorg

Infektionssjuksköterskor

Roseli Sandbreck¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Vårdhygien, Sahlgrenska universitetssjukhuset

Introduktion/Introduction: Förekomst av meticillinresistent *Staphylococcus aureus* (MRSA) är ett folkhälso-problem som påverkar såväl samhället i stort som hälso- och sjukvården. Incidensen har kraftigt ökat under senaste 15 åren, men förbättrade rutiner avseende basala hygienrutiner har samtidigt gjort att smittspridning inom vård och omsorg minskat. Kunskap om faktorer som ökar risk för bärarskap/kolonisering kan leda till begränsning av en smittspårning. Det innebär också att förebyggande åtgärder kan fokuseras på de patienter med störst risk att bli koloniserad.

Syfte: Att utifrån MRSA-smittspårningar där sekundärfall upptäckts undersöka vilka individberoende riskfaktorer som ökar risken för en patient att koloniserar av MRSA i samband med vård.

Metod/Method: Retrospektiv fall-kontroll-studie baserad på smittspårningar utförda i Västra Götaland mellan 2017-01-01 och 2019-09-30 (urval n=62). Fallgrupp (n=21); MRSA-positiva patienter (index- och sekundärfall). Kontrollgrupp (n=41); MRSA-negativa patienter som testats negativt i motsvarande smittspårning. Med andra ord 140 smittspårningar varav 17 med sekundärfall. Av 889 patienter var 2,0 % odlingspositiva. Efter slumpmässigt urval blev studiepopulationen 62 st, 21 st i fallgrupp och 41 st i kontrollgrupp.

Möjliga individberoende riskfaktorer har först undersökts genom univariat analys. Vidare analyser, med Multivariat logistisk regression, har därefter utförts för variabler där signifikans för samband med utfallsvariabeln var $p < 0.10$.

Resultat/Result: Risken att förvärva MRSA ökade vid förekomst av sår OR 8.02 (95% CI 1.85–34.72; $p=0.005$), demens OR 4.17 (95% CI 1.21–14.30; $p=0.023$) eller antibiotikabehandling OR 4.50 (95% CI 1.03–19.62; $p=0.045$) efter justering för ålder. Atopiskt eksem, infart som penetrerar huden, infart via slemhinna eller mer än en grundsjukdom påvisade inte ökad risk att förvärva MRSA. Multivariat analys visade på ökad risk vid kombinerad förekomst av sår och demens eller samtidig antibiotikabehandling men större urval krävs för generaliserbarhet.

Konklusion/Conclusion: Patienter med sår, demens eller pågående antibiotika-behandling löper ökad risk att koloniserar av MRSA.

Referenser

Magisteruppsats_ diva portal.org_Riskfaktorer för att förvärva Meticillinresistent *Staphylococcus aureus* (MRSA) i vård och omsorg. Roseli Sandbreck_ Högsolan i Skövde

Risikfaktorer för att förvärva meticillinresistenta *Staphylococcus aureus* (MRSA) i vård och omsorg

Rosell Sandbreck, Vårdhygien, Klinisk mikrobiologi

Slutsats
 Ökad risk för MRSA kolonisering om mottagaren har
 > Sår
 > Demens
 > Pågående antibiotikabehandling



Bakgrund

MRSA har ökat senaste åren men förbättrad följsamhet till grundläggande vårdhygieniska rutiner har trots det lett till minskad smittspridning i vård och omsorg. Östsvenska smittspridning runt till är resurskrävande. Kunskap om faktorer som ökar risk för kolonisering/infektion kan bidra till begränsning av smittspridning. Det innebär också att förebyggande åtgärder kan fokuseras på de patienter med större risk att bli koloniserad.

Syfte

Undersöka vilka individuella riskfaktorer som innebär ökad risk för MRSA kolonisering i vård och omsorg.

Metod

Retrospektiv fall-kontroll studie av patienter öskade i samband med MRSA-smittspridning.
 > 160 smittspridningar erhöles 2017-01-01 till 2023-03-30 varav 17 med sekundärfall.
 Av 285 patienter var 2,0 % ostliggpositiva.

> Samband mellan individuella riskfaktorer och MRSA kolonisering för 21 MRSA-positiva och 41 MRSA-negativa patienter undersöktes med Likelihood-analys. För riskfaktorer med p-värde <0,10 utfördes Multivariat logistisk regressionsanalys.

Resultat

Risikfaktor	Prevalens	OR	95% CI	p-värde
Antagande sår	1,066	1,066	1,066	0,001
Sår	0,991	0,991	0,991	0,001
Infekt avse på patienter i sår	0,471	0,471	0,471	0,001
Infekt avse på omsorg	0,427	0,427	0,427	0,001
Mer än en gruppvisitation	0,742	0,742	0,742	0,001
Demens	1,025	1,025	1,025	0,001
Antibiotikabehandling	0,651	0,651	0,651	0,001

Risk att förvärva MRSA ökade vid följande faktorer:
 • Sår OR 1,066 (95% CI 1,059–1,072; p<0,001)
 • Demens OR 1,025 (95% CI 1,021–1,030; p<0,001)
 • Antibiotikabehandling OR 0,650 (95% CI 0,643–0,657; p<0,001)

Östsvenska smittspridning runt till patienter som öskade MRSA smittspridning (Rosell Sandbreck)

Infektioner för hälsotjänsten
 Smittskydd och vårdhygien - Magisterprogram
 Examensarbete inom Public Health Science

En registerundersökning
 Läs helhet här: [QR code]

A

Adolfsson, Sara	O19, IFIS1
Ahl, Marcus	O2
Ahlroth Sjögren, Petra	IFIS2
Alanko Blomé, Marianne	I14
Alavi, Sodabeh	M20
Aleman, Soo	IFIS4
Alestam, Shiva	I11
Ali, Naima	M6
Alsterberg, Sara	I14
Andersson, Betty	M8
Andersson, Helena	I4
Andersson, Maria	O16
Andersson, Rune	I9
Andreen, Niklas	I7
Arroyo Mühr, Sara	M15
Arvidsson, Filippa	IFIS2
Asteberg, Frida	I13
Avellan, Sanna	I17

B

Basheer, Mariam	M4
Beijer, Gustaf	I1
Berenjian, Saiedeh	M6
Berg, Carlo	M17
Bergman, Karin	I9
Bergqvist, Anders	M6
Bergqvist, Johan	I4, I5
Berinson, Benjamin	I4
Berner, Christoffer	O3
Bjerkner, Annelie	O8
Bjurenstedt, Matilda	I18
Björn, Camilla	I2, I3
Blomqvist, Karin	M4
Bläckberg, Anna	O9 , M10
Boesen, Eline	O1

Bondeson, Kåre	M6
Bonnedahl, Jonas	O15
Botnen, Helene	M17
Braian, Clara	M8
Bremell, Daniel	I17
Brink, Magnus	I9
Brolund, Alma	M18, M17
Brynedal Öckinger, Johan	M5, M9
Bråbäck, Martin	I14
Böhlin Wiener, Agnes	M20
C	
Cardew, Sofia	M21
Carlsson Wistedt, Annika	M19
Cetecioglu, Zeynep	M17
Chebotaeva, Maria	O11
Christiansen, Helene	O19
D	
Dahlin Robertsson, Karin	M15
Davies, Emma	I4, I5
Devi, Priya	M6
Dillner, Joakim	M15
Dillner, Lena	M17
E	
Edquist, Petra	M18
Egergren, Sandra	O19
Ekelund, Oskar	O12, O15
Eklund, Carina	M15
Ekwall-Larson, Anna	M22
Eliasson, Isabelle	I15
Evander, Magnus	O10
F	
Fagerström, Anna	O14, I10
Falk, Lars	O6
Fang, Hong	M13
Fatsis-Kavalopoulos, Nikolaos	M1

Fernandez Zafra, Teresa	I4
Fernberg, Jenny	I4, I5
Flinkfeldt, Linnea	I4, I5
Forsberg, Pia	I16
Forslund, Maria	I1
Forslund, Ola	M15
Fredman, Kalle	M8
Fridolfsson, Carl	I2, I3
Frigyesi, Attila	I11
Fröderberg Schooner, Karin	O16
Fröding, Inga	M18
Furberg, Maria	I1
Furuskog, Jens	M18, O8
Färnert, Anna	I15
G	
Ganeshappa Aralaguppe, Shambhu Prasad	M12
Garriss, Geneviève	M4
Ghaderi, Ehsan	I4
Gilje, Patrik	I12
Gilljam, Marita	M7
Giske, Christian	M5, M3, M16
Grenthe, Rasmus	O9
Guerra blomqvist, Lina	M5
Gullsby, Karolina	M14
Gwon, Yongdae	O10
H	
Hagman Mårs, Anna	IFIS3
Haij Bhattarai, Karin	M13
Hammas, Berit	M5, M9
Hansen, Marit	O7
Hasson, Zahra	M9
Hedin, Katarina	O13, I1
Hellberg, Annika	M9
Helldal, Lisa	M2
Henning, Claes	M11
Henningsson, Anna J.	I18

Hentz, Elisabet	I1
Hernandez, Jorge	O15
Herrmann, Björn	O6, M14
Hessel, Magnus	M2
Heydecke, Anna	M14
Holm, Karin	O13, I8
Härlin, Emelie	O19
Härnqvist, Tor	I9
Höjgaard, Henriette	I9
I	
i, övriga medlemmar	M19
I. Andersson, Dan	M1
Inda Diaz, Juan Salvador	M2
Inganäs, Elisabeth	M21
Inghammar, Malin	O4, I12
Isendahl, Pernilla	I14
Iseri, Emre	O5
J	
J Henningsson, Anna	I16
Janson, Håkan	O12
Jaén-Luchoro, Daniel	M21
Jensie Markopoulos, Susanne	M21
Jerkeman, Anna	I14
Jervelius, Linda	M22
Jirstrand, Mats	M2
Johansson, Cecilia	I4, I5
Johnning, Anna	M2
Jonsson Nordvall, Michaela	M8
Jonsson, Anders	M5
Jonsson, Patrik	M16
Junhage, Anna Magdalena	O18
Junhage, Magdalena	O19
Jäder, Klara	I4
Jönsson, Bodil	M7
K	
Kabir, Muhammad	M9

Kadoom, Aram	I5
Karlsson Lindsjö, Oskar	O8
Karlsson Söbirk, Sara	O9, O1
Karlsson Werther, Viktor	O16
Karlsson, Johanna	I9
Karlsson, Karin	O17
Karlsson, Philip	O6
Karlsson, Roger	M21
Karlsson, Thomas	O16
Kerrén, Lotta	IFIS1
Kjellin, Midori	M6
Klingler, Jan	M22
Kristiansson, Erik	M2
L	
Lager, Malin	I16
Lagerbäck, Pernilla	I5
Lagging, Martin	M2
Lagheden, Camilla	M15
Larsson, Christina	M6
Latorre-Margalef, Neus	M17
Lengquist, Maria	I11
Levin, Julia	I16
LI, Fengyang	O2
Lidén, Amelie	O19
Lind Karlberg, Maria	O8
Lindblad, Anders	M7
Linder, Adam	I10
Lindgren, Per-Eric	I16
Lindström, Matilda	O15
Lockhart, Daniel	I5
Lokranz, Anna	M2
Lüthje, Petra	O2
M	
Malmberg, Christer	I4, I5
Malmberg, Maja	I6
Manninen, Katri	IFIS2

Mehlig, Kirsten	I17
Mellgren, Åsa	I9
Mellhammar, Lisa	I11
Mestiri, Cyrine	I5
Micski, Niklas	M20
Mincheva Nilsson, Lucia	O10
Moore, Edward	M21
Morén, Jacob	I10
Mullen, William	I5
Mäkitalo, Barbro	M18
Mölling, Paula	I10
N	
Nagaev, Ivan	O10
Nematollahi Mahani, SA	O10
Nilson, Bo	O4, I12
Nilsson Wallin, Annika	M7
Nilsson, Sara	O5
Nordberg, Marika	I16
Nordling, Irene	I15
Nordén, Rickard	I9
Nygren, David	O13, I8
Nyman, Dag	I16
O	
Odeberg, Görel	M10
Ohlén, Maria	M21
Olsson, Annika	IFIS4
Olsson, Åsa	I2, I3
Owusu-Agyeman, Isaac	M17
P	
Pagels, Josefina	O13
Persson, Matilda	M8
Persson, Sofia	O3
Petersson, Ann-Cathrine	O1
Petropoulos, Alexandros	M12
Pärssinen, Julia	I5

R

Rasmussen, Magnus	I12
Rejnö, Gustaf	I1
Risberg, Anna	O8
Rizvanovic, Alisa	M3
Rohde, Holger	I4
Rolf, Maria	I4
Ross, Emily	M9
Rosén, Katarina	IFIS4
Römling, Ute	O2

S

Safari, Hamzah	M12
Salvà-Serra, Fransisco	M21
Samuelsson, Ebba	I9
Sandbreck, Roseli	IFIS5
Santini, Ramona	M22
Sasic, Katarina	M4
Schröder, Daniel	O14
Schön, Thomas	O11, O15, M8
Schönning, Caroline	M17
Shafeeq, Sulman	O2
Sheikholeslami, Sharareh	M3
Sisowath, Christin	M9
Sjöberg, Anders	M2
Sjöwall, Johanna	I16
Skoog Ståhlgren, Gunilla	I2, I3
Skovbjerg, Susann	I9, M2, M19
Smekal, Anna-Karin	M16
Somajo, Sofia	O15
Stenson, Linn	M11
Strand, Mona-Lisa	M5
Strålfors, Annelie	M12
Styrke, Johan	O14
Sundelin, Karin	O17
Sundqvist, Martin	O7, O14 , I4, I10
Sunnerhagen, Torgny	O9, O1, M10

Svensson Stadler, Liselott	M21
Svensson, Lennart	M2
Székely, Anna	I6
Sánchez-Hevia, Dione	M1
Sönnerborg, Anders	M12
Sönnerbrandt, Martina	O17
T	
Tafesse Bogale, Rebecca	I15
Tang, Po-Cheng	M1
Ternhag, Anders	I1
Thulin Hedberg, Sara	O7
Thyselius, Susanna	O3
Torisson, Gustav	O13, I8
Torpfält, Anna	IFIS3
Torpnér, Jessie	I4, I5
Troberg, Katja	I14
Tängdén, Thomas	I5
Tång Hallbäck, Erika	M7
U	
Ullberg, Måns	O2
V	
van Belkum, Alex	O5
van der Wijngaart, Wouter	O5
Vanfleteren, Lowie	I7
Vargas, Javier	I6
Vasilakis, Panos	I13
Vestberg, Nora	M13
Vondracek, Martin	M16
W	
Wahlberg, Maria	O17
Walai, Noura	O8
Wang, Helen	O6
Wasserstrom, Lisa	O13, I8
Welander, Jenny	M8
Weman, Alexander	O18

Werner, Anders	M7
Westhoff, Sanne	M1
Westin, Johan	I7
Westman, Gabriel	I10
Westmo, Karin	M18
Widén, Johan	I10
Wikström, Ingrid	I1
Wilhelmsson, Peter	I16
Wimmerstedt, Anna	I2, I3
Wyss, Katja	I15
Wänn, Mimmi	O6
Wängdahl, Andreas	I15
Y	
Ydreborg, Magdalena	I13
Yun, Zhibing	M9
Z	
Zetterqvist, Inga	I2, I3
Zigmantaviciute, Justina	M6
Å	
Åkerlund, Börje	O2
Åman, Amanda	I4, I5
Ångström, Jonas	I4, I5
Ö	
Öberg, Jonas	O4, I12
Öhrn, Håkan	I4, I5
Östholm Balkhed, Åse	O16
Özenci, Volkan	O2, O5, M22



Folkhälsomyndigheten

SLIM – svenskt laboratorienätverk inom mikrobiologi

Emmi Andersson¹, Chammiran Daniel¹, Tobias Allander², Susann Skovbjerg³, Sara Karlsson Söbirk⁴, Gunnar Kahlmeter⁵, Ulrika Lidén⁶, Tor Monsen⁷, Kenneth Nilsson⁸, Lena Serrander⁹, Martin Sundqvist¹⁰, Sara Byfors¹

¹Folkhälsomyndigheten, ²Karolinska Universitetslaboratoriet ³Sahlgrenska Universitetssjukhuset, ⁴Skånes Universitetssjukhus, ⁵Klinisk mikrobiologi Växjö/Karlskrona, ⁶Sunderby Sjukhus, ⁷Norrlands Universitetssjukhus Umeå, ⁸Akademiska Sjukhuset, ⁹Universitetssjukhuset Linköping, ¹⁰Universitetssjukhuset Örebro

Samtliga laboratorier med uppdrag för landets hälso- och sjukvård deltar i nätverket Svenskt laboratorienätverk inom mikrobiologi (SLIM). Syftet med nätverket är att uppnå en hållbar och jämlik mikrobiologisk verksamhet med hög kvalitet för hälso-och sjukvården. Nätverket som är en överenskommelse mellan Folkhälsomyndigheten och Sveriges 21 regioner har till uppgift att tillsätta och förvalta nationella referenslaboratorier (NRL) inom klinisk mikrobiologisk diagnostik, i syfte att upprätthålla en samlad expertis och resurs för ett särskilt område/smittämne som erbjuds till hela landet. NRL tillhandahåller och erbjuder analyser och expertis inom 37 olika områden.

Laboratorienätverket ägs och finansieras gemensamt av Folkhälsomyndigheten och regionerna och utgörs av de utsedda NRL och de av varje NRL utsedda ledarna för verksamheten. Folkhälsomyndigheten förvaltar centrum för nätverket och utser styrgruppens ordförande. Nätverkets styrgrupp består av ledamöter från alla kliniska mikrobiologiska laboratorier (KML) vid universitetskliniker i Sverige samt två ledamöter från icke-universitetskopplade laboratorier från södra respektive norra delen av Sverige. Styrgruppen utnämner NRL och ansvarar för fortlöpande beslut och översyn av nätverket för att det ska fylla sitt syfte. NRL kan utöver basanslaget söka extraanslag för aktiviteter inom laborativa projekt som adresserar uppkomna problem för hälso- och sjukvården inom ett NRLs område. Det kan till exempel röra sig om behov av kvalitetssäkring av diagnostiken vid nytillkomna genetiska varianter av ett smittämne.

Nuvarande avtalsperiod för nätverket pågår fram till och med 2024. Styrgruppen har påbörjat arbetet med att tillsammans med NRL och KML utvärdera avtalsperioden i syfte att se över behovet av justeringar eller förändringar av NRL-uppdragen.

I posterutställningen finns presentationer om SLIM och följande NRL samlade:

NRL Humant papillomvirus

NRL Rabies- och poxvirus

NRL Clostridioides difficile

NRL Bakteriella tarmpatogener

NRL Borrelia samt NRL Vissa fästingburna bakterier

NRL Antibiotikaresistens

NRL Parasiter

Information om SLIMs verksamhet samt information om enskilda NRL och tillgängliga analyser inom klinisk mikrobiologi i Sverige finns på SLIMs webportal:

<https://www.folkhalsomyndigheten.se/slim/>