

## Accepterade mikrobiologiska abstracts infektionsveckan/mikrobiologiskt vårmöte 2018

När ordinarie deadline passerat hade 24 abstracts inkommit. Under den förlängda anmälningstiden har 7 tillkommit. Efter deadline inkom ytterligare 3 abstracts, som även de accepterades.

Inkomna abstracts har bedömts av en grupp bestående av representanter från de mikrobiologiska föreningarna FKM, RFM och SFM. Vid förslag på redovisningsform har hänsyn tagits till författarnas önskemål om presentationsform men framförallt är det studiens inriktning samt kvalitet som är avgörande.

Följande bedömningsmall har använts:

Abstract no	Kvalitet	Presentationsform	Infektionssession
Löpande nummer	Har angetts som en femgradig betygsskala från 1 som är icke acceptabel till 5 som är toppklass.	Har angetts som ett av tre alternativ: P; för poster, O för muntlig (oral) och PO för muntlig eller poster.	Har angetts som Ja eller Nej beroende på om innehållet lämpar sig för presentation på session tillsammans med SILF på onsdagseftermiddagen

### Tabell över abstracts som valts ut till fria föredrag, mikrobiologi. onsdagen den 30/5 kl 08.30-10.00

Abstract nr	Titel	Förstanamn / kontakt
<a href="#">MI-O1</a>	Nationwide Comprehensive Human Papillomavirus (HPV) Genotyping Of Invasive Cervical Cancer	Camilla Lagheden <a href="mailto:Camilla.Lagheden@ki.se">Camilla.Lagheden@ki.se</a>
<a href="#">MI-O2</a>	A novel antibacterial compound with antibiotic effect in Chlamydia infected mice	Åsa Gylfe <a href="mailto:asa.gylfe@umu.se">asa.gylfe@umu.se</a>
<a href="#">MI-O3</a>	Prevalence of <i>Staphylococcus aureus</i> , including methicillin-resistant <i>S. aureus</i> , in Armenia	Sara Mernelius <a href="mailto:sara.mernelius@rjl.se">sara.mernelius@rjl.se</a>
<a href="#">MI-O4</a>	<i>Yersinia enterocolitica</i> - en ovälkommen gäst på folktandvårdens möte	Martin Sundqvist <a href="mailto:martin.sundqvist@regionorebrolan.se">martin.sundqvist@regionorebrolan.se</a>
<a href="#">MI-O5</a>	Helgenomsekvensering för kontinuerlig övervakning av MRSA ger mer information än <i>spa</i> -typning	Johanna Furberg <a href="mailto:johanna.furberg@regionorebrolan.se">johanna.furberg@regionorebrolan.se</a>
<a href="#">MI-O10</a>	Evaluation and comparison of two assays for CXCL13 analysis in cerebrospinal fluid in Lyme neuroborreliosis – the ReaScan CXCL13 rapid test and the recomBead CXCL13 assay	Anna J Henningsson <a href="mailto:anna.jonsson.henningsson@rjl.se">anna.jonsson.henningsson@rjl.se</a>

**Tabell över abstracts som valts ut till gemensamma fria föredrag. onsdagen den 30/5 kl 13.15-14.45**

Abstract nr	Titel	Förstanamn / kontakt
<a href="#">MI-06</a>	Preoperativ förberedelse med benzoylperoxidkräm på axeln reducerar förekomsten av <i>Propionibacterium acnes</i> : en randomiserad studie	Vendela Scheer <a href="mailto:vendela.scheer@regionostergotland.se">vendela.scheer@regionostergotland.se</a>
<a href="#">MI-07</a>	Epidemiology, risk assessment and prevalence of tick-borne pathogens in Northern Europe – the Tick-Borne Diseases STING-study	Peter Wilhelmsson <a href="mailto:peter.wilhelmsson@liu.se">peter.wilhelmsson@liu.se</a>
<a href="#">MI-08</a>	Investigation and Pathogenomic Analysis of Shiga toxin-producing <i>Escherichia coli</i> (STEC) from Patients in Region Jönköping County	Andreas Matussek <a href="mailto:andreas.matussek@sll.se">andreas.matussek@sll.se</a>
<a href="#">MI-09</a>	Change of bacterial species and ESBL-plasmid migration in patients with recurrent EPE-infection is uncommon	Anna Lindblom <a href="mailto:anna.u.lindblom@vgregion.se">anna.u.lindblom@vgregion.se</a>

**Tabell över abstracts som valts ut till Posterpresentation, tisdagen den 29/5 med start kl 18.00**

<i>Posters för art- och resistensbestämning samt multiresistenta bakterier</i>		
Abstract nr	Titel	Förstanamn / kontakt
<a href="#">MI-P1</a>	Flow cytometry-assisted antimicrobial susceptibility testing (FAST) - adaptation towards a clinically applicable method for rapid MIC determination	Sofia Somajo <a href="mailto:sofia.somajo@kronoberg.se">sofia.somajo@kronoberg.se</a>
<a href="#">MI-P2</a>	CCUG	Elisabeth Inganäs <a href="mailto:liselott.svensson.stadler@vgregion.se">liselott.svensson.stadler@vgregion.se</a>
<a href="#">MI-P3</a>	Screening prior to prostatic biopsy - a disk diffusion based method for detection of fluoroquinolone resistant Enterobacteriaceae in rectal swabs	Simon Hintze <a href="mailto:simon.hintze@kronoberg.se">simon.hintze@kronoberg.se</a>
<a href="#">MI-P4</a>	Screening för colistinresistens med agarplattor - är det möjligt?!	Rozita Rezaei <a href="mailto:agnes.bohlin-wiener@sll.se">agnes.bohlin-wiener@sll.se</a>
<a href="#">MI-P5</a>	Snabb identifiering av bakteriearter direkt från anrikningsbuljong med MALDI-TOF masspektrometri	Malin Jaworski <a href="mailto:malin.jaworski@sll.se">malin.jaworski@sll.se</a>
<a href="#">MI-P6</a>	Addition of disk diffusion-based screening on chromogenic Mueller-Hinton agar adds value to traditional cephalosporin based screening for multiresistant Gram-negative bacteria	Håkan Janson <a href="mailto:hakan.janson@kronoberg.se">hakan.janson@kronoberg.se</a>
<a href="#">MI-P7</a>	Epidemiologisk typning av MRSA, VRE och ESBL med helgenomsekvensering	Karolina Ininbergs <a href="mailto:karolina.ininbergs@sll.se">karolina.ininbergs@sll.se</a>
<a href="#">MI-P8</a>	Methicillin-resistenta <i>Staphylococcus argenteus</i> i Västra Götalandsregionen- Tidigare identifierade som MRSA	Erika Tång Hallbäck <a href="mailto:erika.hallback@vgregion.se">erika.hallback@vgregion.se</a>
<i>Posters för Borrelia och andra CNS-infektioner</i>		
<a href="#">MI-P9</a>	Förbättrat provflöde för neuroborreliaprover efter analysbyte på Karolinska Universitetslaboratoriet i Solna	Anette Bergman <a href="mailto:anette.m.bergman@sll.se">anette.m.bergman@sll.se</a>
<a href="#">MI-P11</a>	Introduktion av Film Array™ ME panel vid misstanke om infektion i centrala nervsystemet	Jesper Karlsson <a href="mailto:martin.sundqvist@regionorebrolan.se">martin.sundqvist@regionorebrolan.se</a>
<a href="#">MI-P12</a>	CXCL-13 analys-ett värdefullt tillskott i neuroborreliadiagnostiken	Hatiham Baqir <a href="mailto:lena.serrander@regionostergotland.se">lena.serrander@regionostergotland.se</a>

Posters för Gastroenteriter		
Abstract nr	Titel	Förstanamn / kontakt
<a href="#">MI-P14</a>	Utvärdering av BDMax Enteric viral panel för detektion av Noro-, Rota-, Sapovirus-, Astro- och Adenovirus	Theresa Ennefors <a href="mailto:martin.sundqvist@regionorebrolan.se">martin.sundqvist@regionorebrolan.se</a>
<a href="#">MI-P15</a>	Optimering av Next Generation Sequencing (NGS) för analys av human tarmflora i kliniska prover	Malin Bergman-Jungeström <a href="mailto:malin.bergman.jungestrom@regionostergotland.se">malin.bergman.jungestrom@regionostergotland.se</a>
<a href="#">MI-P16</a>	Utvärdering av Liaison®XL HpSA för detektion av <i>Helicobacter pylori</i> antigen i faeces	Karin Amilon <a href="mailto:karin.amilon@sll.se">karin.amilon@sll.se</a>
<a href="#">MI-P17</a>	Utvärdering av AmpliDiag Bacterial GE mot BD MAX EBP/xEBP för detektion av faecespatogener	Paula Mölling <a href="mailto:paula.molling@regionorebrolan.se">paula.molling@regionorebrolan.se</a>
Posters för Luftvägsinfektioner		
<a href="#">MI-P18</a>	Effektivare flöde med kommersiell multiplex-PCR för luftvägsvirus	Therese Nilsson <a href="mailto:therese.l.nilsson@sll.se">therese.l.nilsson@sll.se</a>
<a href="#">MI-P19</a>	Validering av kommersiell multiplex-PCR för diagnostik av luftvägsvirus	Malin Grabbe <a href="mailto:malin.grabbe@sll.se">malin.grabbe@sll.se</a>
<a href="#">MI-P20</a>	Införande av dygnet-runt-diagnostik för influensa-, RS- och norovirus på Karolinska Universitetslaboratoriet	Anders Jonsson <a href="mailto:anders.m.jonsson@sll.se">anders.m.jonsson@sll.se</a>
Posters för Hepatit och HIV		
<a href="#">MI-P13</a>	Advia Centaur XPT för screening av blodgivare avseende Hepatit B, Hepatit C, HIV och Syfilis	Kerstin Malm <a href="mailto:kerstin.malm@regionorebrolan.se">kerstin.malm@regionorebrolan.se</a>
Posters för sepsis/malaria		
<a href="#">MI-P25</a>	<i>Plasmodium knowlesi</i> fastnar i flödescytometern. Nytt sätt att fånga upp och diagnostisera malaria?	Sara Karlsson Söbirk <a href="mailto:sara.karlsson_sobirk@med.lu.se">sara.karlsson_sobirk@med.lu.se</a>
Posters för STRAMA, patientsäkerhet, kvalitet och flödesförbättringar		
<a href="#">MI-P21</a>	Ökad spårbarhet och förenklat handhavande efter införande av digitalt kvalitetssäkringssystem för kontrollhantering	Ida Lindström <a href="mailto:ida.lindstrom@sll.se">ida.lindstrom@sll.se</a>
<a href="#">MI-P22</a>	Hemprovtagning klamydia – Funkar det?	Joakim Söderqvist <a href="mailto:Joakim-soderqvist@hotmail.com">Joakim-soderqvist@hotmail.com</a>
<a href="#">MI-P23</a>	Case study evaluating the use of collaborative robots as support in a microbiological laboratory	Adalbjörg Adalbjörnsdóttir <a href="mailto:adalbjorg.adalbjornsdottir@sll.se">adalbjorg.adalbjornsdottir@sll.se</a>
<a href="#">MI-P24</a>	Andon funktionen	Inger Petterson <a href="mailto:inger.e.petterson@sll.se">inger.e.petterson@sll.se</a>

## **(MI-01) Nationwide Comprehensive Human Papillomavirus (HPV) Genotyping of Invasive Cervical Cancer**

Camilla Lagheden (1), Carina Eklund (1), Helena Lamin (2), Sara Nordqvist Kleppe (1), Jiayao Lei (3), K Miriam Elfström (1), Karin Sundström (1,2), Bengt Andrae (3), Pär Sparén (3) och Joakim Dillner (1,2).

*(1) Laboratoriemedicin, Karolinska institutet (2) Karolinska Univeritetslaboratoriet (KUL), Karolinska Universitetssjukhuset (3) Medicinsk Epidemiologi och Biostatistik, Karolinska Institutet*

**Background:** The Swedish National Cervical Screening Registry collects and evaluates comprehensive, nationwide health data to optimize organized cervical cancer prevention. Since all cervical cancer specimens are saved in biobanks, population-based data from the specimens should be available for analysis and linkage with other health information.

**Methods:** We identified all cervical cancers diagnosed in Sweden during 2002-2011 (4254 confirmed cases) and requested the tissue blocks to retrieve human papillomavirus (HPV) genotype data using general primer PCR with Luminex genotyping and real-time PCR targeting the E6/E7 regions of HPV16/18.

**Results:** We obtained blocks from 2932/4254 (69%) of cases. Valid HPV genotyping data was retrieved for 2850 cases (97%). The most common type was HPV16 (60%), followed by HPV18 (19%), HPV45 (7%), HPV 31 (3%), HPV 33 (2%), HPV52 (2%), HPV39 (1%), HPV70 (1%), HPV56 (1%), HPV35 (1%), HPV58 (1%) and HPV59 (1%). Ninety-six percent of all HPV-positive cases had a single infection. Eighty-nine cases were HPV-positive only when testing for the HPV16/18-E6/E7 region.

**Conclusions:** We present one of the largest series of HPV-genotyped cervical cancers to date. The systematic collection of cervical cancer HPV genotyping data by the screening registry will facilitate prevention and monitoring of HPV type-specific disease burden.

Korrespondens: [Camilla.Lagheden@ki.se](mailto:Camilla.Lagheden@ki.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-27, 09:11 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-02) A novel antibacterial compound with antibiotic effect in Chlamydia infected mice

Åsa Gylfe (1), Emma Wede (1), Maria Backlund (2), Annika Lindqvist (2), Mikael Elofsson(3).  
(1) Institutionen för Klinisk Mikrobiologi, Umeå Universitetet, Umeå, (2) Uppsala University Drug Optimization and Pharmaceutical Profiling, Institutionen för Farmaci, Uppsala Universitet, Uppsala(3) Kemiska Institutionen, Umeå Universitetet, Umeå

Novel antibiotic targets are important for combating infections. *Chlamydia trachomatis* is a significant human pathogen, causing infertility, blindness and infections in the newborn. Antibiotic treatment options are limited and novel compounds with anti-chlamydial activity may be developed for treatment and prevention of Chlamydia infections. We have previously shown that acylated sulfonamides inhibit bacterial fatty acid synthesis (FAS II), an interesting target for novel antibiotics. The current study investigated the efficacy of this compound class *in vivo*. Drug profiling of the acylated sulfonamides including chemical and metabolic stability in liver microsomes predicted good drug-like properties. Pharmacokinetics in mice showed high exposure after parenteral administration of compound ME0619. In mice, ME0619 was metabolized to sulfamethoxazole and thus functioned as a prodrug of the folate synthesis inhibitor in addition to the inhibition of FAS II. Sulfamethoxazole inhibits Chlamydia growth *in vitro* but the effect *in vivo* is not known. We determined pharmacokinetics of sulfamethoxazole in mice and confirmed that a dose of 3 mg/kg resulted in a slightly higher exposure compared to the amount of sulfamethoxazole formed after administration of 10 mg/kg ME0619. Mice vaginally infected with *C. trachomatis* were thereafter treated with either 10 mg/kg ME0619, 3 mg/kg sulfamethoxazole or vehicle by intraperitoneal injections for 7 days. ME0619-treatment was effective with significantly more mice clearing the infection during treatment (16/19 mice), while there was no significant difference between sulfamethoxazole treatment (5/19) and vehicle (1/19). Our data show that ME0619 was effective for treatment of vaginal *C. trachomatis* infection *in vivo* and validates fatty acid synthesis as an interesting antibiotic target in Chlamydia.

Korrespondens: [asa.gylfe@umu.se](mailto:asa.gylfe@umu.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 23:41 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-03) Prevalence of *Staphylococcus aureus*, including methicillin-resistant *S. aureus*, in Armenia

Sara Mernelius (1), Karine Poghosyan (2), Rima Mikayelyan (2), Armine Mazmanyanyan (3), Sofia Lundin (1), Ing-Marie Einemo (4), Peter Iveroth (4).

(1) Laboratory medicine, Region Jönköping County (2) Hygienic and epidemiological department, Heratsi Medical State University (3) Muracan laboratory department, Muracan Hospital (4) Infection Control, Region Jönköping County

Background: The prevalence of *Staphylococcus aureus*, including resistant *S. aureus*, in Armenia is largely unknown.

Materials/methods: Study subjects were recruited from Heratsi University Hospital and Muratsan Hospital in Yerevan, Armenia. From each hospital 250 admitted patients (in-patients) and 250 visitors or persons seeking care at the emergency room (out-patients) were sampled from the anterior nares, after written informed consent was collected. Samples were inoculated on CHROMagar™ *Staph aureus* (CHROMagar, Paris, France) and incubated at 37°C for 24h. Antibiotic susceptibility testing was performed on all *S. aureus*, using Muller-Hinton agar and the discs: fusidic acid (10µg), erythromycin (15µg), cefoxitin (30µg), clindamycin (2µg) and tobramycin (10µg), (Oxoid, Basingstoke, UK). To describe the clonality of *S. aureus*, *spa* typing has been initiated.

Results: Samples were collected from 1000 individuals, of which 139 were colonized with *S. aureus* (13.9 %, 95 % CI 11.8 %-16.2 %). Among in-patients and out-patients, 58 (11.4 %, 95 % CI 13.1 %-19.8 %) and 81 patients (16.2 %, 95 % CI 9.0 %-14.8 %), respectively, were colonized. The prevalence of MRSA was 22.4 % (95 % CI 12.9 %-35.6 %) among the colonized in-patients and 6.2 % (95 % CI 2.3 %-14.4 %) among the colonized out-patients ( $p=0.005$ ). *spa* typing of six MRSA isolates revealed one isolate of *spa* type t130 and t223 each and four isolates of *spa* type t021.

Conclusions: The overall prevalence of *S. aureus* in Armenia was quite low compared to many European countries. The prevalence of *S. aureus* in Hungary has, however, previously been shown to be 14.1 %. Studies have suggested differences in host-genetics to explain differences in prevalence. The lower prevalence of *S. aureus* among in-patients, compared to out-patients, could be explained by more extensive use of antibiotics in the hospitalized population compared to the non-hospitalized population. All the patients colonized with MRSA of *spa* type t021 were admitted to the same ward at approximately the same time, indicating pathogen transmission within the hospital. In general, to decrease the prevalence of resistant bacteria in Armenia we need to decrease the use of antibiotics and increase the compliance with hygiene guidelines.

Korrespondens: [sara.mernelius@rjl.se](mailto:sara.mernelius@rjl.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-01-03, 16:22 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-04) *Yersinia enterocolitica* - en ovälkommen gäst på folktandvårdens möte

Martin Sundqvist (1), Theresa Ennefors (1), Anne Lenell (2), Ellinor Rapp (1) Anna Pääjärvi(3), Cecilia Jernberg (3), Hans Fredlund (2) .

(1) Laboratoriemedicinska kliniken, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro (2) Smittskyddsenheten, Region Örebro Län, Örebro (3) Avdelningen för Mikrobiologi, Folkhälsomyndigheten, Solna

**Bakgrund:** *Yersinia enterocolitica* är en ovanlig orsak till matburen smitta i Sverige och smitta brukar vanligen hänföras till intag av dåligt tillagat fläskkött alternativt kontakt med grisar. I februari 2017 så insjuknade flera personer i Örebro län med diarré och/eller ledbesvär. Inom en veckas tid så hade 3 fall av *Yersinia enterocolitica* typ 3 identifierats på Laboratoriemedicinska kliniken, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro vilket var långt fler än förväntat.

**Material/Metod:** Via smittskyddsanmälningarna kartlades att de tre individerna hade koppling till folktandvården i länet chefen för folktandvården kontaktades. En gemensam utbildningsdag hade genomförts med gemensam 8 februari. En mindre epidemiologisk undersökning genomfördes från Smittskyddsenheten och fortsatt analys av kliniska prover från patienter som sökt vård för gastroenteritbesvär och eller ledbesvär utfördes. Alla *Y. enterocolitica* typ 3 som isolerats sedan 2015 i Region Örebro län (n=16) skickades till Folkhälsomyndigheten för vidare karakterisering med helgenomsekvensering.

**Resultat:** 17 av 48 deltagare hade inom loppet av 8 dagar efter den gemensamma utbildningsaktiviteten insjuknat med gastroenteritsymtom (n=17) och/eller ont i leder (n=4). Fem av dessa kunde verifieras som odlingspositiva för *Y. enterocolitica* typ 3 och en uppvisade antikroppar mot *Y. enterocolitica* typ 3. Helgenomsekvensering visade att alla fem isolat som epidemiologiskt associerats med tandvårdsmötet var identiska och att dessa skiljde sig med över 200 SNPs (single nucleotide polymorphism) från det närmast besläktade isolatet (från 2016). Vid utbildningsaktiviteten hade man ätit en inte helt genomstekt nötfärsbiff. Inga fall av sekundärsmitta kom till Smittskyddsenhetens kännedom.

**Slutsats:** Ett misstänkt matburet utbrott av *Y. enterocolitica* typ 3 upptäcktes genom kontinuerlig vaksamhet på ”fler än vanligt” förekommande fall från laboratoriet, nära kontakt mellan laboratoriet och smittskyddsenheten tillsammans med den information om yrke som medföljde smittskyddsanmälningarna. Utbrottet visar på betydelsen av att kunna odla fram orsakande agens och att inte glömma bort betydelsen av serologisk diagnostik av *Y. enterocolitica*. Helgenomsekvensering vid Folkhälsomyndigheten verifierade att samtliga epidemiologiskt associerade bakteriestammar var identiska och tydligt skiljde sig från andra *Y. enterocolitica* isolerade i Örebro län de senaste åren.

Korrespondens: [martin.sundqvist@regionorebrolan.se](mailto:martin.sundqvist@regionorebrolan.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 17:02 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)



## (MI-05) Helgenomsekvensering för kontinuerlig övervakning av MRSA ger mer information än *spa*-typning

Johanna Furberg (1,2), Paula Mölling (3,4), Birgitta Sjöberg (3), Annethe Thegel (1), Charlotta Hellbacher (2), Bo Söderquist (3,4), Martin Sundqvist (3,4).

(1) Enheten för Vårdhygien, Universitetssjukhuset, Örebro (2) Infektionskliniken, Universitetssjukhuset, Örebro (3) Laboratoriemedicinska kliniken, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro (4) Institutionen för medicinska vetenskaper, Örebro Universitet

**Bakgrund:** De senaste åren har antalet fall av MRSA ökat med ca 13% i Sverige. Helgenomsekvensering av alla MRSA-isolat utförs rutinmässigt sedan 2016 i Region Örebro län. En ansamling av isolat där de flesta hamnar inom *spa*-typ t002 har noterats vilket inte är förvånande då denna *spa*-typ är vanligt förekommande (bland de 10 vanligaste *spa*-typerna i Sverige under 2016). Det kan vara svårt att uttala sig om genetiskt samband inom vanliga *spa*-typer. Vårt syfte var att undersöka hur helgenomsekvensering kan ge ytterligare information och ställa resultatet i relation till den epidemiologiska information som fanns runt isolaten.

**Material/metod:** Alla nyupptäckta fall av MRSA i Örebro län under 2016-2017 (n=288) inkluderades. Isolaten helgenomsekvenserades med Illumina MiSeq (NexteraXT Library preparation, MiSeq v3 600 cycles) och sekvenserings data analyserades med två databaser SeqSphere+ (Ridom GmbH) och ALEX (1928diagnostics, Göteborg). Helgenomdata ger förutom MLST, PVL, SCCmec och *spa*-typ även en klustertyp baserad på core genome MLST (cgMLST) där 1861 core gener från *Staphylococcus aureus* genomet ingår. I den genetiska analysen har vi här fokuserat på klustret med *spa*-typ t002 och närliggande isolat och värderat epidemiologiska samband.

**Resultat:** 77 olika *spa*-typer kunde identifieras och 11% av isolaten tillhörde *spa* typ t002. Helgenomsekvenseringen visade att det fanns upp till 213 skillnader i coregenomet inom t002. Inom denna grupp fanns två isolat med andra *spa*-typer (t214 och t010). Isolaten var uppdelade i flera mindre kluster där ett kluster med genetiskt mycket närliggande isolat dominerade. Epidemiologiskt såg vi att det dominerade klustret innehöll fyra närliggande isolat från vårdtagare och personal på ett vårdboende. Dessa fyra var även identiska med två ytterligare isolat som hittades hos vårdtagare som var hemmahörande på ett annat vårdboende. Känd epidemiologisk koppling mellan dessa två vårdboenden saknas. Inom detta kluster återfanns även familjemedlemmar som upptäcktes i samband med smittspårning, totalt fem personer.

**Slutsats:** Helgenomsekvensering gav i detta fall en mycket hög upplösning i en vanlig *spa*-typ och vi kunde i detta fall se en tydlig spridning i samhället kopplat till två vårdhem i länet. Att notera är också att några isolat hade en annan *spa*-typ men ändå klustrade tillsammans med t002 isolaten baserat på core genome MLST. *Spa*-typ kan således både överskatta genetisk likhet men också underskatta densamma.

Korrespondens: [johanna.furberg@regionorebrolan.se](mailto:johanna.furberg@regionorebrolan.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 17:05 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-010) Evaluation and comparison of two assays for CXCL13 analysis in cerebrospinal fluid in Lyme neuroborreliosis – the ReaScan CXCL13 rapid test and the recomBead CXCL13 assay**

Anna J Henningsson (1,2), Malin Lager (3), Paula Gyllemark (4), Oskar Ekelund (5), Martin Sundqvist (6).

*(1) Clinical Microbiology, Region Jönköping County, Sweden; (2) Department of Clinical and Experimental Medicine, Linköping University, Sweden; (3) Laboratory Medicine, Region Jönköping County, Sweden; (4) Infectious Diseases, Region Jönköping County, Sweden; (5) Clinical Microbiology, Region Kronoberg, Växjö/Karlskrona, Sweden; (6) Clinical Microbiology, Örebro University Hospital, Sweden*

**Introduction:** According to European guidelines [1], the diagnosis of definite Lyme neuroborreliosis (LNB) requires neurological symptoms, pleocytosis in the cerebrospinal fluid (CSF) and intrathecal production of *Borrelia*-specific antibodies; i.e. an elevated antibody index (AI). However, in early disease, *Borrelia*-specific antibodies may be absent and the sensitivity of AI may thus be limited. The B cell-attracting chemokine CXCL13 has in previous studies been shown to be reliably elevated in the CSF of patients with early LNB, and to decrease rapidly after antibiotic treatment [2-6]. Thus, analysis of CXCL13 in the CSF may be helpful in AI-negative patients with possible early LNB, as well as a marker for active disease and in control of therapeutic response in AI-positive patients. Furthermore, CXCL13 has been proven to be useful for discriminating acute LNB from other CNS disorders [7-9]. We evaluated the diagnostic performance of two assays, one bead-based assay and one immunochromatographic test, for the determination of CXCL13 levels in CSF from patients with suspected LNB.

**Materials and methods:** Patients investigated for LNB were retrospectively included (n=121): 32 with definite LNB, 11 with possible LNB with CSF pleocytosis but normal *Borrelia*-specific AI, 6 with possible LNB with elevated AI but no CSF pleocytosis, and 73 non-LNB patients. CSF samples had been drawn before antibiotic treatment was initiated and were analysed for CXCL13 by ReaScan CXCL13 (Reagen Ltd, Toivala, Finland) and recomBead CXCL13 (Mikrogen Diagnostik GmbH, Neuried, Germany). Cut-off levels suggested by the manufacturers were applied (for the ReaScan test the cut-off is lot-specific), and borderline results were regarded as positive in the assessment of test performance.

**Results:** The sensitivity and specificity of the ReaScan CXCL13 test was 77% and 100%, respectively. For the recomBead CXCL13 assay, the sensitivity was 86% and the specificity 99%. In the group of patients with CSF pleocytosis but normal AI, the majority of whom were children with short duration of symptoms, the ReaScan CXCL13 test detected elevated levels in 3/11 patients, whereas the recomBead assay detected elevated levels in 5/11.

**Discussion:** The diagnostic performance of the two assays was comparable with a high specificity for both assays, but with a higher sensitivity for the recomBead assay. The ReaScan test is rapid and easy to use and requires only a small ReaScan reader for analysis. However, the test requires 100 µL of CSF and gives only a semi-quantitative result (<250 pg/mL, 250-500 pg/mL or >500 pg/mL). The recomBead CXCL13 assay is a bit more laborious and requires a Luminex instrument, but the advantages are that 50µL of CSF is sufficient for analysis, continuous quantification of CXCL13 from 0-1000 pg/mL is obtained, and a higher sensitivity is seen in the group of patients with possible early LNB.

### References:

1. Mygland Å et al, Eur J Neurol 2010;17:8-16.
2. Ljøstad U et al, J Neurol 2008;255:732-7.
3. Rupprecht TA et al, Neurology 2005;65:448-50.

4. Sillanpää H et al, J Infect Dis 2013;45:526-30.
5. Bremell D et al, BMC Neurology 2013;13:2.
6. Henningsson AJ et al, 2016;124:985-90.
7. Schmidt C et al, Neurology 2011;76:1051-8.
8. van Burgel ND et al, J Clin Microbiol 2011;49:2027-30.
9. Hytönen J et al, J Neuroinflam 2014;11:103.

Korrespondens: [anna.jonsson.henningsson@rjl.se](mailto:anna.jonsson.henningsson@rjl.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-23, 14:20 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-06) Preoperativ förberedelse med benzoylperoxidkräm på axeln reducerar förekomsten av *Propionibacterium acnes*: en randomiserad studie

Vendela Scheer(1), Malin Berman Jungeström (2) Maria Lerm (1) Lena Serrander (2) Anders Kalén (3).

(1) Institutionen f Klinisk och Experimentell Medicin (IKE) Linköpings Universitet (2) Avd f Klinisk Mikrobiologi, Institutionen f Klinisk och Experimentell Medicin (IKE) Linköpings Universitet (3) Avd f Ortopedi, Institutionen f Klinisk och Experimentell Medicin (IKE) Linköpings Universitet

Bakgrund: *Propionibacterium acnes* (*P.acnes*) är en vanlig orsak till infektion efter axeloperation. Studier har visat att standard kirurgisk förberedelse inte får ned antalet *P.acnes*. Syftet med denna studie var att undersöka om det fanns någon skillnad i närvaro av *P.acnes* på huden efter applikation av antingen bensoylperoxidgel (BPO) eller klorhexidintvål (CHS). Vi undersökte också rekolonisation av huden efter kirurgisk förberedelse och prekirurgisk drapering.

Metoder: En enkelblindad icke-kirurgisk studie med fyrtio frivilliga – (24 män och 16 kvinnor) randomiserades till preoperativ behandling hemma med antingen 5% BPO eller 4% CHS deltopektoralt på vänster axel. Fyra hudodlingar från området togs på ett standardiserat sätt vid olika tidpunkter: Före och efter behandling, efter desinfektion och steril drapering och 120 minuter efter drapering.

Resultat: Behandling med BPO reducerade avsevärt förekomsten av *P.acnes* mätt som CFU på huden efter kirurgisk beredning. *P.acnes* hittades hos 1/20 patienter av BPO-gruppen och 7/20 i CHS-gruppen (p <0,044). Resultaten kvarstår efter två timmar (p <0,048).

Slutsats: Preoperativ behandling med BPO före axelkirurgi kan vara effektiv för att minska *P.acnes* på huden och förhindra rekolonisation.

Korrespondens: [vendela.scheer@regionostergotland.se](mailto:vendela.scheer@regionostergotland.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-05, 10:36 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-07) Epidemiology, risk assessment and prevalence of tick-borne pathogens in Northern Europe – the Tick-Borne Diseases STING-study

Peter Wilhelmsson (1,2), The Tick-Borne Diseases STING-study group\*.

(1) Division of Medical Microbiology, Department of Clinical and Experimental Medicine, Linköping University, Linköping, Sweden (2) Department of Clinical Microbiology, Division of Medical Services, Ryhov County Hospital, Jönköping, Sweden \* Numerous of co-authors from with different affiliations

**Introduction:** The distributions of ticks and tick-borne pathogens have increased the last decades, likely due to effects of climate change. This has resulted in fear among the population and increasing demand of medical care. To obtain a covering approach to investigate the risk of contracting a disease from a bite of an infected tick, the prevalence, temporal and spatial distribution of the tick *Ixodes ricinus* and its tick-borne pathogens as well as related questions we carried out the Tick-Borne Diseases (TBD) STING-study.

**Material and methods:** The general outline of the TBD STING study is that tick-bitten volunteers are recruited and asked to detach the tick, deliver it to a health care centre together with a blood sample and a questionnaire. Three months later they are called back for a follow up including new blood delivery and to fill in another questionnaire. Between 2007 and 2016 we recruited 5 500 persons that delivered more than 10 000 ticks and 12 000 blood samples and the same number of questionnaires from more than 60 health care centres in Sweden and Finland. The ticks were analyzed by molecular methods for the contents of tick-borne bacteria, viruses and parasites; *Borrelia* sp, *Anaplasma phagocytophilum*, *Rickettsia* spp., Candidatus *Neoehrlichia mikurensis*, *Toxoplasma gondii*, *Francisella* spp., *Bartonella* spp., the TBE-virus and the protozoan parasite *Babesia* spp. The blood and serum samples were analyzed by serological and immunological methods for antibodies and immune markers as well as by PCR for direct detection of the microorganism. From the questionnaires in some cases with access to medical records, we obtained important information about the health status of the person as well as the clinical picture, eventually associated to a pathogen.

**Results:** We investigated the presence of different tick-borne pathogens in ticks that had bitten humans and examined the serological and clinical outcome of the tick-bitten humans. The results have shown that there is a very low risk to contract a tick-borne disease after a bite by an infected tick. The results have also shown links between the tick feeding duration and the risk of an infection. Besides mapping the prevalence and distribution of tick-borne pathogens in ticks that have bitten humans we also noted spatial and temporal differences in exposure to different developmental stages of *I. ricinus*.

**Discussion/Conclusions:** This study has improved our understanding of the epidemiology of different tick-borne pathogens, the ecology of *I. ricinus* ticks, and the risk of contracting tick-borne diseases after a tick bite. Data derived from the TBD STING-study is valuable for risk assessment analysis and to increase the awareness of ticks, tick-borne pathogens, and tick-borne infections among the population. Data can also be useful when new prophylactic methods against ticks and tick-borne diseases needs to be developed.

Korrespondens: [peter.wilhelmsson@liu.se](mailto:peter.wilhelmsson@liu.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-12, 18:33 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-08) Investigation and Pathogenomic Analysis of Shiga toxin–producing *Escherichia coli* (STEC) from Patients in Region Jönköping County

Andreas Matussek (1,2,3), Cecilia Jernberg (4), Sara Mernelius (2), Erik Alm (5), Xiangning Bai(1).  
(1)Division of Clinical Microbiology, Department of Laboratory Medicine, Karolinska Institute, Karolinska University Hospital, Huddinge, Sweden, (2)Karolinska University Laboratory, Stockholm, Sweden, (3)Department of Laboratory Medicine, Region Jönköping County, (4)Department of Communicable Disease Control, Region Jönköping County, Jönköping, Sweden, (5)The European Centre for Disease Prevention and Control, Solna, Sweden

**Introduction:** STEC are widely spread and associated with gastrointestinal symptoms and HUS in the Nordic countries, among which Sweden showed highest STEC prevalence rate with the largest outbreak occurred in 2005. The objective of this work is to depict the prevalence and molecular characteristics of STEC in patients with diarrhea in Region Jönköping County, Sweden over 12 years from 2003 to 2015, and illustrate the correlation of molecular factors to clinical symptoms and duration of STEC shedding.

**Methods:** Diarrheal stool samples were detected for the presence of *stx* by real-time PCR. PCR positive specimens were then inoculated onto plates for strain isolation. All isolates were confirmed and further characterized whole genome sequencing analysis to understand serogenotypes, *stx* subtypes, virulence spectrums, and antimicrobial resistance gene contents. Comparative genomic analysis was undertaken to assess phylogenetic relationships and find unique genetic markers that can predict high pathogenicity and long duration of *stx* shedding.

**Results:** In total, specimens from 26382 patients were analyzed in the 12-years investigation. *stx* was positive in 391 patients (?%), including 13 HUS cases. 171 isolates were recovered, among which 8 were from HUS cases. The most prevalent serotypes were O157:H7, O26:H11, O121:H19 and O103:H2. Isolates causing HUS were assigned as O157:H7, O121:H19, O104:H4, and O98: H21 serotypes, which harbored *stx2a*, *stx1a* subtypes. Notably, two HUS O104:H4 isolates exhibited similar genetic trait with the 2011 Germany outbreak strains in terms of virulence spectrum and sequences type. The correlation of virulence factors with clinical symptoms and Stx shedding were observed, including genes encode toxins, adhesions, and secretion factors. Phylogenetic analysis reveals that our strains were highly diverse, and a number of strains shows close relatedness to HUS-associated EHEC collection, further emphasizing high pathogenicity.

**Conclusions:** Here, we systematically investigate STEC prevalence and molecular features in Swedish patients in a large scale. Our study reveals the predominant and pathogenic serotypes, and molecular traits of high virulent human STECs, and find genetic markers that might be used to predict severe clinical symptoms and long duration of Stx shedding.

Korrespondens: [andreas.matussek@sll.se](mailto:andreas.matussek@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-19, 10:35 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-09) Change of bacterial species and ESBL-plasmid migration in patients with recurrent EPE-infection is uncommon**

Anna Lindblom (1), Nahid Karami (1), Vilhelm Müller (2), Fredrik Westerlund (2) and Christina Åhrén (1).

(1) Institutionen för biomedicin, avdelningen för infektionssjukdomar, Sahlgrenska Akademin (2) Institutionen för biologi och bioteknik, Chalmers tekniska högskola

**Purpose/aim:** Transmission of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase (ESBL)-encoding resistance genes via plasmids is known to occur between Enterobacteriaceae in the gut flora as well as in outbreak situations. The aim of this study was to investigate the extent to which transmission of ESBL-carrying plasmids occurs in patients with recurrent infections with a change of species from ESBL-*E.coli* and *K.pneumoniae* or vice versa, and the clinical usefulness of plasmid characterization in these patients.

**Methods:** From a cohort of all patients with recurrent infection with ESBL-producing Enterobacteriaceae (EPE) at Sahlgrenska University Hospital 2004-2014, patients with a culture-verified change of species (ESBL-*E.coli* to ESBL-*K.pneumoniae* or vice versa) were identified. A multiplex PCR-assay for detecting  $\beta$ -lactamase genes was used both on the total DNA content and after plasmid extraction. Isolates with the CTX-M gene were analysed for CTX-M phylogroups, followed by amplification and sequencing of isolates belonging to the CTX-M 1 group. Following plasmid extraction, comparison of plasmid homogeneity was carried out with the fluorescence-based nanotechnology Optical DNA Mapping developed at Chalmers Tekniska Högskola, Gothenburg. To confirm the presence of the CTX-M gene on the particular plasmid, additional analysis with the CRISPR/cas9 technique was carried out.

**Results:** Of 513 patients with recurrent EPE-infection, 10 patients (1,9%) with a change of species between two infection episodes were identified. Of these, isolates from 6 patients (of which 5 patients with recurrent UTI:s) were available for analysis. In 3 of these patients CTX-M 15 was present. Plasmid transfer was only concluded in 2 of the patients.

**Conclusion:** In patients with recurrent EPE-infection, a change of species from ESBL-producing *E.coli* to *K.pneumoniae* as well as transmission of resistance plasmids was uncommon. Even though we could demonstrate plasmid migration in a few cases, the clinical value of plasmid analysis to precede recurrent infection seems low.

Korrespondens: [anna.u.lindblom@vgregion.se](mailto:anna.u.lindblom@vgregion.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 18:22 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P1) Flow cytometry-assisted antimicrobial susceptibility testing (FAST) - adaptation towards a clinically applicable method for rapid MIC determination**

Sofia Somajo (1), Timothy Inglis (2), Kieran Mulroney (3), Oskar Ekelund (1).

(1) *Klinisk Mikrobiologi för Kronoberg och Blekinge, Karlskrona.* (2) *University of Western Australia and PathWest Laboratory Medicine, Western Australia* (3) *School of Medicine and Pharmacology, University of Western Australia, Crawley, Western Australia*

**Background:** The dramatic rise in antimicrobial resistance calls for new and rapid methods for susceptibility testing (AST) of bacteria. The recently described flow cytometry-assisted AST (FAST) method was further developed to meet the demands for high throughput validation and applicability in clinical laboratories (1). Driven by the global increase in carbapenem resistance, meropenem testing in *Klebsiella pneumoniae* was chosen as the primary model of FAST.

**Materials/methods:** Seven isolates of *K. pneumoniae* were chosen for evaluation after modification of the original FAST assay. Briefly, colonies from agar plates were suspended and preincubated ( $0.5 \times 10^5$  bacteria/mL, 90 min, 35°C) in Mueller-Hinton broth to reach early logarithmic phase, followed by dispersion in 96-well plates containing meropenem (0.03-64 mg/L). After 30 min incubation (agitation, 35°C), the fluorescent dye Syto9 was added and the cells were analysed by flow cytometry. Data were analysed according to the original FAST method and the minimum inhibitory concentration (MICFAST) was determined as previously described. In parallel all isolates were subjected to broth microdilution (BMD). The FAST assay was performed using different MH-broths and meropenem sources.

**Results:** The performance of the assay was challenged by altering time-, broth- and meropenem-parameters to find the optimal protocol for future large-scale validation. FAST provided SIR categorization in concordance with conventional BMD in all isolates except for one isolate straddling the I/R breakpoint (=minor error). The estimated MICFAST did not deviate more than one dilution step in any of the tested isolates (repeated up to 10 times). All five susceptible isolates were correctly classified as being wild type ( $MIC \leq 0.125$  mg/L), however there was a tendency that highly resistant isolates had MICFAST lower than expected, which is in agreement with other phenotypic methods upon shortening the incubation time.

**Conclusions:** FAST has the potential to be a clinically applicable and robust method for AST that in less than three hours could deliver MICs in up to 12 bacterial isolates, even before further automation. The assay can be run directly from colonies in 96-well plates, which greatly facilitates multicenter large scale validation

Korrespondens: [sofia.somajo@kronoberg.se](mailto:sofia.somajo@kronoberg.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-07, 10:25 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)



## (MI-P2) CCUG

Elisabeth Inganäs (1) och Maria Ohlén (1), Liselott Svensson Stadler (1) Sofia Cardew (1) Susanne Jensie Marcopoulos (1) Edward Moore(!).

(1) Culture collection University of Gothenburg, Molekylär bakteriediagnostik, Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset

CCUG – Culture Collection University Göteborg startades i april 1968 av Enevold Falsen, biokemist, som då var chef för Substratavdelning på Sahlgrenska Mikrobiolog. Han var före sin tid i många saker och insåg behovet att ha kontrollstammar för substratberedning och såg att runt om ute i världen fanns stamsamlingar med olika inriktning och kom då att starta CCUG. Han erbjöd också en identifieringsservice till framförallt Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska men även andra som hade svåridentifierade stammar var välkomna att skicka in isolat. Enevold kontaktade även andra stamsamlingar och bad att få/köpa viktiga typstammar eller referensstammar som används inom klinisk mikrobiologi. Sakta byggdes samlingen upp. Vi har den största samlingen av kliniska, unika isolat i världen. CCUG har också ca 3400 typstammar i samlingen. Den interna databasen innehåller ca 63000 unika poster och ca 22000 stammar ligger på vår websida, [www.ccug.se](http://www.ccug.se). Vi har många delar av samlingen av särskilt värde t ex alla MRSA-isolat från patienter i VGR har samlats sedan 1988 (sedan 2017 görs SPA-typning på dessa på CCUG); *Legionella pneumophila* från Göteborg; de flesta serotyperna av *Streptococcus pneumoniae* samt gamla samlingar som vi fått ärva från diverse mikrobiologer med taxonomiskt intresse, t ex Mannheim/Bisgaards veterinärmedicinska *Haemophilus*-liknande stammar som nu på senaste blivit publicerade och fått namn. På CCUG jobbar vi med både traditionella och nya tekniker, vi gör en del biokemisk typning men också genotypning och då i första hand 16S rRNA men också art-specifika in-house gener. Vi hittar hela tiden stammar som bedöms vara nya arter, arter som ännu inte publicerats, men sällan är de nya genus. Vi tar emot deponeringar av nya arters typstam och andra stammar och vi lämnar certifikat som krävs om man vill publicera en ny bakterie. Och vi säljer och distribuerar stammar över hela världen. Sedan 2017 är Klinisk mikrobiologi referenslaboratorium för patogener från patienter med cystisk fibros. Där har CCUG viktig roll i artidentifiering av t ex *Burkholderia* sp och *Achromobacter* sp m fl arter men vi typar också atypiska mykobakterier samt *Pseudomonas aeruginosa*. Vi jobbar även med Next Generation Sequencing (NGS) för stamtypning och har en forskargrupp knuten till verksamheten som använder CCUGs stammar för olika projekt.

Korrespondens: [liselott.svensson.stadler@vgregion.se](mailto:liselott.svensson.stadler@vgregion.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-10, 05:12 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P3) Screening prior to prostatic biopsy - a disk diffusion based method for detection of fluoroquinolone resistant Enterobacteriaceae in rectal swabs**

Simon Hintze (1), Håkan Janson (1), Oskar Ekelund(1).  
(1) *Klinisk Mikrobiologi Kronoberg/Blekinge*

**Background:** The increasing prevalence of antimicrobial resistance is challenging not only our guidelines for empirical therapy, but also those for antibiotic prophylaxis. This is particularly valid for transrectal prostatic biopsy, where an increasing frequency of post-operative bacteremia due to fluoroquinolone resistant Enterobacteriaceae has been reported (1). Here we present a disk diffusion based screening method for fluoroquinolone resistant bacteria prior to prostatic biopsy.

**Materials/methods:** Prior to the biopsy, rectal swabs were obtained from the patients. The samples were spread onto chromogenic Mueller-Hinton agar (CHROMagar MH Orientation) supplemented with 8 mg/L vancomycin (CMH-V). Disks with ciprofloxacin 5 µg and pefloxacin 5 µg were applied onto the agar. The plates were incubated at 35°C over night. The CMH-V medium enabled differentiation between Enterobacteriaceae and non-fermenters. Inhibition zones for Enterobacteriaceae were registered. Susceptibility testing of all Enterobacteriaceae was subsequently performed using disk diffusion and EUCAST breakpoints. Isolates close to the breakpoints were furthermore MIC tested using Etest (bioMérieux).

**Results:** 59 of the samples exhibited no growth on CMH-V. In the remaining samples a total of 236 isolates of Gram-negative bacteria were identified, with *Escherichia coli* being the most frequent species (n=171). On CMH-V, both ciprofloxacin and pefloxacin gave a high degree of separation of susceptible from resistant isolates if breakpoints of 31 and 26 mm were used, respectively. For separating wild type from non-wild type isolates, pefloxacin was superior to ciprofloxacin using the same breakpoints.

**Conclusions:** Disk diffusion using pefloxacin 5 µg on CMH-V is a simple and robust method for the screening of carriage of fluoroquinolone resistant Enterobacteriaceae. What degree of fluoroquinolone resistance that predisposes for post-biopsy complications is not known, why a disk diffusion based approach allows for adjustment of the screening breakpoint depending on outcome data from ongoing clinical studies.

**Reference:** 1. Prostate Biopsy Rectal Culture and Postbiopsy Sepsis, Taylor et al., Urol Clin North Am, 2015.

Korrespondens: [simon.hintze@kronoberg.se](mailto:simon.hintze@kronoberg.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-07, 11:42 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P4) Screening för colistinresistens med agarplattor - är det möjligt?!

Rozita Rezaei, Baharak Saeedi, Inga Fröding, Agnes Böhlin Wiener.

Avdelningen för Klinisk Mikrobiologi Karolinska Universitetssjukhuset Huddinge

Bakgrund: Colistin (polymyxin E) är ett antimikrobiellt läkemedel som används för att behandla livshotande infektioner orsakade av multiresistenta gram-negativa bakterier. Gradienttester, som tidigare använts i rutinverksamheten, är inte en tillförlitlig metod, enligt varning från EUCAST. Buljongspädningsmetoden är den internationella referensmetoden som används för MIC bestämning mot colistin. Vid planerad behandling med colistin bör alltid MIC-bestämning utföras. Det finns i nuläget ett behov av kontinuerlig övervakning av colistinresistens hos *Pseudomonas aeruginosa*, inte minst hos CF-patienter som rutinodlas regelbundet.

Syfte: För att möjliggöra en bred screening av colistinresistens i rutinverksamheten har vi tagit fram en metod baserat på agarplattor innehållande colistin. Syftet är att enkelt kunna välja ut stammar med misstänkt colistinresistens och endast på dessa isolat utföra MIC-bestämning.

Material och metod: I ett första steg har vi validerat metodens sensitivitet och specificitet. I denna ingick totalt 38 isolat av *P. aeruginosa* (n=25), *A. xylosoxidans* (n=9), *E. coli* (n=1) och *K. pneumoniae* (n=1). Samtliga har MIC-bestämts med referensmetod. 12 isolat var colistinresistenta. Vi har använt oss av MHF-agar med två olika colistin-koncentrationer, 1mg/L respektive 2mg/L, som inkuberades i luft. Spridning gjordes från 0,5 McFarland-suspensioner, direkt från koloni samt positiva och negativa kontroller.

Resultat: Tre av isolaten växte inte på MHF utan colistin med 0,5 McFarland, varför dessa exkluderades. Kvar fanns 35 utvärderingsbara isolat. Vid direkt-utstryk med koloni på agar växte nästan alla isolat på båda koncentrationer. Med användning av 0,5 McFarland-suspension gav MHF med colistin 1 mg/L högre sensitivitet än 2 mg/L (100% respektive 64%). Specificiteten var dock relativt låg (58% respektive 79%).

Diskussion: Valideringen visade mest lovande resultat med MHF med colistin 1 mg/L med inokulat av 0,5 McFarland suspension, vilken har valts ut för fortsatt validering med 50 isolat. Eftersom denna enkla screeningmetod kan ge en indikation på misstänkt colistinresistens kommer färre isolat att behöva MIC-bestämmas. Detta innebär besparingar av både personella och materiella resurser. Dock är observandum den relativt låga specificiteten, vilket medför att många isolat ändå kommer behöva MIC-bestämmas. Valideringen visar att det är viktigt att alltid ha en kontrollplatta med vanlig MHF. Annars finns det risk att man missar resistenta isolat.

Korrespondens: [agnes.bohlin-wiener@sll.se](mailto:agnes.bohlin-wiener@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 20:29 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P5) Snabb identifiering av bakteriearter direkt från anrikningsbuljong med MALDI-TOF masspektrometri

Malin Jaworski (1), Baharak Saeedi (1), Johanna Haiko (1).  
(1) Karolinska Universitetslaboratoriet, Solna

**Bakgrund:** Snabb identifiering av bakteriearter som orsakar en infektion har visat sig ha positiv inverkan på det kliniska resultatet. MALDI-TOF MS är en praktisk och snabb metod för identifiering av bakteriearter, inte bara på agarplattor, men också direkt från positiva blodkultur-flaskor och kan därmed förkorta handläggningstiden avsevärt. Syftet med denna studie var att utvärdera MALDI-TOF MS på flytande anrikningsmedium som en möjlig metod för snabb identifiering av bakteriearter.

**Material/metod:** Prover som användes i denna studie härstammade från djupa infektioner och vävnadsprover, dränering-rör och proteser. Alla prover odlades till en anrikande anaerob buljong (FAB, LabM) enligt rutinförfaranden. Proverna analyserades när tillväxt (grumlighet) misstänktes efter visuell inspektion. 1 ml av FAB skördades, centrifugerades och tvättades. 2 µl av pelleten överfördes till MALDI-platta av rostfritt stål (Bruker Daltonics GmbH) och identifieras med MALDI-TOF MS (Bruker Daltonics). Den rutinmässiga odlingen användes som referensmetod: misstänkt tillväxt i FAB inokulerades på agarplattor och kolonier identifierades med MALDI-TOF MS.

**Resultat:** Totalt 228 bakteriella och *Candida* arter identifierades hos dem rutinmässigt odlade och analyserade kliniska. Alla dessa prover analyserades också via direkt MALDI-TOF MS på FAB, och resultaten visade 53,3% överensstämmelse gällande gramnegativa stavar och 59,3% överensstämmelse gällande grampositiva kocker. Bland grampositiva stavar och *Candida* arter uppnåddes endast 27,3% och 10,5% överensstämmelse, respektive. Inga falska positiva identifierades. En övergripande känslighet på 70,7% uppnåddes vid jämförelse mellan direkt MALDI-TOF MS och rutinförfaranden.

**Slutsats:** Totala beräknade känsligheten för samtliga prover var tillräckligt hög för att den studerade metoden kunde anses vara ett tillförlitligt komplement till rutinförfaranden. Ytterligare kunde det ges ett preliminärt resultat ca 1 dag innan rutinmässigt hanterade prov, så att lämplig behandling kunde börja.

Korrespondens: [malin.jaworski@sll.se](mailto:malin.jaworski@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-25, 10:07 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P6) Addition of disk diffusion-based screening on chromogenic Mueller-Hinton agar adds value to traditional cephalosporin based screening for multiresistant Gram-negative bacteria

Håkan Janson(1), Viktor Wretström (1), Cecilia Alexandersson (1), Simon Hintze (1), Oskar Ekelund (1).

(1) *Klinisk Mikrobiologi, Kronoberg/Blekinge*

**Background:** Screening for carriage of ESBL and carbapenemase producing (CPO) Gram-negatives is an increasing challenge. OXA-48 like enzymes puts the sensitivity of CPO screening methods to the test and poor specificity is a problem in low prevalent settings. We examined the added value of disk diffusion based screening using EUCAST zone diameter breakpoints and chromogenic Mueller-Hinton agar supplemented with vancomycin, in addition to a cephalosporin based screening plate for ESBLs.

**Materials/methods:** Chromogenic Mueller-Hinton agar plates (CHROMagar MH Orientation) supplemented with 8 mg/L of vancomycin (CMH-V) were validated against Mueller-Hinton plates applying the EUCAST standard. Swabs (mainly rectal) from 558 patients undergoing screening for multiresistant bacteria were plated onto CMH-V and CHROMagar ESBL plates. Meropenem (10 µg), ceftazidime (10 µg), temocillin (30 µg) and piperacillin/tazobactam (30/6 µg) disks were added to the CMH-V plates before overnight incubation. Colonies on the ESBL plate or within the anticipated susceptibility diameters defined by EUCAST on CMH-V were subject to species identification and susceptibility testing, as were 83 randomly chosen, apparently susceptible isolates growing on CMH-V.

**Results:** Zone-sizes on CMH-V and MH correlated well with a <0.5 mm average difference for all tested antibiotics. 127 samples exhibited no growth, while in the remaining 431, a total of 506 isolates were detected. Among 88 isolates on ESBL plates, 77 consisted of species potentially harbouring ESBLs, plasmid-mediated AmpC or carbapenemases. Susceptibility testing proved all 59 *Escherichia coli* and 6 *Klebsiella pneumoniae* from the ESBL-plates as having ESBLs and/or AmpC, while 11 of the 12 of the remaining isolates consisting of 8 naturally AmpC producing Enterobacteriaceae, 3 *Pseudomonas aeruginosa* and 1 *Klebsiella oxytoca* could be ruled out as CPOs. These 11 isolates could also have been ruled out as CPOs already from zone diameters on CMH-V. Reading of zone diameters on CMH-V enabled detection of 4 additional ESBL/AmpC producing *E. coli*, one *Salmonella enterica* with ESBL and one OXA-48 positive *K. pneumoniae* that would have remained undetected, using only ESBL-plates for screening.

**Conclusions:** Disk diffusion based screening using CMH-V agar enabled detection of CPOs otherwise not found and added both sensitivity and specificity to traditional ESBL plate-based screening.

Korrespondens: [hakan.janson@kronoberg.se](mailto:hakan.janson@kronoberg.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-07, 16:08 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P7) Epidemiologisk typning av MRSA, VRE och ESBL med helgenomsekvensering**

Karolina Ininbergs (1), Nadja Karamemedovic (1), Isak Sylvin (1,2), Gustaf Sandh (1), Hong Fang (1), Aina Iversen (1), Christian G. Giske (1).

*(1) Klinisk Mikrobiologi, Karolinska Universitetslaboratoriet, Stockholm (2) Genomic Medical Center Karolinska, Karolinska Universitetslaboratoriet, Stockholm*

Epidemiologisk typning av multiresistenta bakterier är ett viktigt verktyg för smittspårning vid utbrott och i kampen mot den snabba spridningen av antibiotikaresistens. Epidemiologisk typning utförs på uppdrag av Vårdhygien, Smittskydd och i vissa fall avdelningen, i syftet att utreda smittspridning. Äldre metoder för typning är ofta tidsödande, resurskrävande och kan ge resultat av varierande kvalitet. I takt med att kostnader för next-generation sekvenseringsteknologi har minskat har helgenomsekvensering gjorts tillgänglig som ett alternativ för epidemiologisk typning inom klinisk diagnostik. Vid Klinisk mikrobiologi på Karolinska Universitetslaboratoriet har genotypning tidigare utförts med hjälp av gelelektroforesbaserad pulsfältsanalys, men nyligen infördes ett nytt NGS-baserat flöde för typning av MRSA, VRE och ESBL, med fokus på MLST (multilocus sequence typing) analys, inom ramen för Genomic Medicine Center Karolinska (GMC K), i samarbete med faciliteten för klinisk genomik på SciLife Lab. Genom ett in-house utvecklat automatiserat bioinformatiskt flöde, microSALT (<https://github.com/Clinical-Genomics/microSALT>), levereras rapporter från MLST analysen, och vid behov utförs fördjupad analys med hjälp av Microbial Genomics modulen i CLC Genomics Workbench. Den fördjupade analysen består av identifiering av resistensgener, samt i särskilda fall av single nucleotide polymorphism (SNP) analys. Vidare är ett automatiserat flöde med core genome (cg) MLST under utveckling med syfte att förenkla arbetet med fördjupade analyser. Som en del av utvecklingsarbetet sekvenseras även ett antal historiska isolat från tidigare kända utbrott och införandet av helgenomsekvensering kommer på sikt att leda till en förbättrad smittspårning och förhoppningsvis en ökad möjlighet till nationell samordning av epidemiologiska typningsdata.

Korrespondens: [karolina.ininbergs@sll.se](mailto:karolina.ininbergs@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 15:38 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P8) Methicillin-resistenta *Staphylococcus argenteus* i Västra Götalandsregionen- Tidigare identifierade som MRSA

Erika Tång Hallbäck (1), Nahid Karami (2), Ingegerd Adlerberth (3), Sofia Cardew (4), Maria Ohlén (5), Hedvig Engstöm Jakobsson (6), Liselott Svensson Stadler (7).

(1)Klinisk Mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset (2)Culture Collection University Gothenburg, CCUG

I ett helgenomsekvenseringsprojekt (NGS) sekvenserades ett 80-tal MRSA stammar. Två av stammarna visade sig dock vara *Staphylococcus argenteus* efter analysering med det bioinformatiska mjukvaruprogrammet ALEX ([www.1928diagnostics.com](http://www.1928diagnostics.com), Göteborg, Sverige). Båda stammarna var tidigare identifierade som MRSA då de var positiva för *nuc*- och *mecA* generna, men vid sekvensering av *sodA* genen visade de sig vara *S. argenteus*. Detta är en relativt nyligen beskriven Stafylokock-art och som förekommer främst i Australien och Sydostasien. Västra Götalands stamsamling för MRSA letades igenom efter ytterligare *S. argenteus* isolat. Hittills har 18 stammar mellan 2011-2018 identifierats. Isolaten representerar fyra olika *spa*-typer, typade med artspecifika *spa*-primrar. Då MRSA är en anmälningspliktig bakterie kan det vara av vikt att enas om huruvida *S. argenteus* skall inkluderas i definitionen av MRSA eller inte. Vi kommer försöka öka vår förståelse om epidemiologi och klinisk relevans av *S. argenteus* på Klinisk Mikrobiologi, Sahlgrenska, bland annat genom konsekvent artidentifikation av MRSA samt genom att undersöka om vi kan identifiera några *S. argenteus* bland känsliga blododlingsisolat.

Korrespondens: [erika.hallback@vgregion.se](mailto:erika.hallback@vgregion.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-26, 10:29 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P9) Förbättrat provflöde för neuroborreliaprover efter analysbyte på Karolinska Universitetslaboratoriet i Solna**

Anette Bergman (1), Sandra Almeflo (1), Jenny Ahlqvist (1), Marta Granström (1), Karin Jung (1), Catarina Palm Rosén (2), Åsa Sandin (2), Magnus Hansson (2) och Gordana Bogdanovic (1) .

*(1) Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetslaboratoriet, Stockholm (2) Klinisk kemi, Karolinska Universitetslaboratoriet, Stockholm*

Klinisk mikrobiologi på Karolinska Universitetslaboratoriet i Solna utför årligen ca 7000 analyser med frågeställningen neuroborrelios. Under 2017 ersattes den manuellt utförda ELISA metoden med DiaSorin test på LIASION XL i samarbete med klinisk kemi i Solna. LIAISON Borrelia IgG/Borrelia IgM Quant är en CLIA-teknik (kemiluminiscens immunoassay) för kvantitativ bestämning av specifika antikroppar av IgG/IgM mot Borrelia spp i humant serum, plasma eller cerebrospinalvätska (csv). Vid reaktivt utfall (positivt eller gränsvärde) av borreliaantikroppar i csv, genererade på klinisk mikrobiologi, beräknas antikropsindex enligt Reiber för slutbedömning. Alla reaktiva prover analyseras ytterligare på Klinisk kemi avseende totalalbumin, total IgG och/eller total IgM. Erhållna provresultat av kemi- och mikrobiologianalyserna hämtas i respektive LIS (Flexlab och wwLab) för indexberäkning i ett beräkningsprogram enligt Reiber. Trots initiala svårigheter med två olika LIS har övergång till det nya flödet inneburit flera förbättringar. Med den manuella metoden samanalyserades patientens csv- med serumprov, vilket resulterade i att prover fick vänta i avvaktan på csv eller serum. Med den nya metoden analyseras proverna direkt när de anländer till laboratoriet. För majoriteten (>80%) av patientprover som erhåller negativa resultat har svarstiden minskat från ca 24 till ca 10 timmar. Med LIAISON XL kan man använda originalrör och förspädning av prover utförs instrumentellt vilket ökar spårbarheten och minskar risken för patientförväxling. Arbetsmiljön på laboratoriet har dessutom förbättrats eftersom repetitiva moment som pipettering inte längre utförs samt öppen hantering av toxiska reagens.

Korrespondens: [anette.m.bergman@sll.se](mailto:anette.m.bergman@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-05, 12:30 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)



## (MI-P11) Introduktion av Film Array™ ME panel vid misstanke om infektion i centrala nervsystemet

Jesper Karlsson (1), Pernilla Kihlberg (2), Anna Andersson (3), Marita Ekström (3), Paula Mölling (3,4), Sara Thulin-Hedberg (3,4), Martin Sundqvist (3,4).

*(1) Läkarutbildningen, Örebro Universitet (2) Infektionskliniken, Universitetssjukhuset, Örebro (3) Laboratoriemedicinska kliniken, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro (4) Institutionen för Medicinska vetenskaper, Örebro Universitet, Örebro*

**Introduktion:** Många infektiösa sjukdomar i centrala nervsystemet (CNS) kräver snabb handläggning. Film Array™ ME panel (BioMerieux) analyserar 14 patogener i en multiplex PCR och metoden infördes i Region Örebro län i december 2016. Denna studie utvärderade de första 10 månadernas användning med fokus på patienter med  $\geq 4 \times 10^6$ /l leukocyter i likvor och negativt resultat i Film Array™ ME.

**Metod:** I Laboratoriets datasystem identifierades 188 beställningar av Film Array™ ME från Region Örebro Län från december 2016 till oktober 2017. Resultaten av samtliga analyser på likvor noterades. På de fall som saknade mikrobiologisk diagnos genomfördes en retrospektiv journalgranskning. I 7 fall kompletterades likvoranalysen med analys av förekomst av HSV 1 och 2 med annan metod (Simplexa, Focus diagnostics).

**Resultat:** 81 prov som ej analyserats pga av celltal  $< 4 \times 10^6$ /l och 22 dubbletter exkluderades från analysen. Av de återstående 85 proverna var 15 positiva i Film Array™ ME och 11 hade fått annan mikrobiologisk orsak fastställd. De övriga 59 patienternas journaler granskades och bedömdes. Bedömningen delade upp patienterna i grupperna: icke-infektiös neurologisk sjukdom (n=21), kliniskt misstänkt CNS infektion (n=15), annan systemisk infektion (n=16) och andra diagnoser (n=7). 7 av de 15 misstänkta CNS infektionerna bedömdes ha en hög risk för HSV 1 eller 2. Kompletterande analys kunde inte påvisa HSV-1 eller 2 i något av de analyserade proverna.

**Slutsats:** Patientgruppen där Film Array™ ME beställdes var heterogen och endast 22% hade vid granskning en verifierad eller en trots den negativa analysen misstänkt CNS infektion. En förvånande stor grupp med celltal  $\geq 4 \times 10^6$ /l hade någon annan systemisk infektion som inte primärt involverade CNS men fortfarande gav cellstegring i likvor. Vi kunde utifrån denna studie inte påvisa några fall med misstänkt HSV-1/2 infektion som inte detekterats med Film Array™ ME.

Korrespondens: [martin.sundqvist@regionorebrolan.se](mailto:martin.sundqvist@regionorebrolan.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-09, 17:06 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P12) CXCL-13 analys-ett värdefullt tillskott i neuroborreliadiagnostiken**

Hatiham Baqir (1), Lena Serrander (1).

*(1) Avd f Klinisk Mikrobiologi, Linköpings universitetssjukhus*

Neuroborrelia är ett svårdiagnostiserat tillstånd ofta med inte helt typisk klinisk bild. Det tar tid för antikroppar att bildas, så kvoten mellan antikroppas i CNS och serum är inte sällan negativ 1-2 veckor efter sjukdomsdebut. Det finns studier som talar för att analys av CXCL13 i cerebrospinalvätska ska vara mer specifikt för CNS-infektion orsakat av *Borrelia* än andra kemokiner. Vi har nu haft CXCL13 som rutinanalys på akuta frågeställningar med Neuroborrelios sedan ca ett år. Journalgranskning av patienter med Borreliafrågeställning har utförts och preliminär analys ger att CXCL13 stiger snabbare än intratekala antikroppar mot *Borrelia* och ger diagnos i fler fall av akut neuroborrelia, samt kan fria flera fall där kliniken inte talar för *Borrelia*, men patienten har kvar intratekala antikroppar från en neuroborrelios av äldre datum

Korrespondens: [lena.serrander@regionostergotland.se](mailto:lena.serrander@regionostergotland.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-13, 08:51 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P13) Advia Centaur XPT för screening av blodgivare avseende Hepatit B, Hepatit C, HIV och Syfilis**

Kerstin Malm (1), Anna Maria Delis (2), Martin Sundqvist (1).

*(1) Fakulteten för Medicin och Hälsa, Örebro Universitet, Örebro (2) Laboratoriemedicinska kliniken, Universitetssjukhuset, Örebro*

Advia Centaur XPT Immunoassay system från Siemens Healthcare AB, är ett immunkemiinstrument som bygger på Chemiluminescenceteknik. I analysmenyn ingår förutom de fyra analyserna som krävs för screening av reguljära blodgivare även anti-HBc, men inte HTLV-1/2 antikroppar. Instrumentet är helautomatiskt, och kan kopplas till provbana, använder sig av engångspipetter för provupptagning, samt automatisk påfyllning av provkyvetter, spetsar och systemvätska. I dagsläget finns inget laboratorium i Sverige som använder detta testsystem för smittestning av blodgivare i stor skala. Vi har genomfört en utvärdering av analyserna på systemet för detektion av HBsAg, Hepatit C antikroppar, HIV Combotest (HIV- och HIV-2 antikroppar, HIV p24 antigen) samt Syfilisantikroppar (TP-antikroppar). Prover från 1000 reguljära blodgivare körs och resultaten jämförs med nuvarande analysmetod, Architect i2000SR (Abbott Diagnostics). I utvärderingen ingick även prover som varit positiva i både Architect och Liaison XL (DiaSorin S.p.a) avseende HBsAg (n=35), HCV-antikroppar (n=30), HIV (n=40 varav 10 HIV-2) och TP-antikroppar (n=30). Prover som tidigare har varit ospecifikt reaktiva för resp. analys (14 HBsAg, 18 HCV, 14 HIV och 19 TP) i Architect-systemet analyserades också. Till dags dato har 883 blodgivare analyserats på systemet. 881 av dessa utfaller negativt på båda systemen i samtliga fyra analyser. Två givare, som är helt negativa med Architect faller ut reaktiva med Advia Centaur i HCV-antikroppar, en reaktivitet som kvarstår även efter omcentrifugering och omtest i duplikat. Båda dessa prov har låga S/CO värden, och är negativa med en konfirmationstest (Fujirebio Inno-LIA) Samtliga tidigare positiva prover i de fyra analyserna utfaller positivt även med Advia Centaur. Av de tidigare ospecifikt reaktiva proverna, blev 2 HBsAg och 2 HCV reaktiva, övriga föll ut negativa. Advia Centaur XPT erbjuder ett enkelt system för blodgivarscreening. Baserat på vår begränsade utvärdering motsvarar den kliniska känsligheten den som ses med andra på marknaden förekommande testsystem (100% för alla fyra markörer) och testerna uppvisar hög specificitet (100% för HBsAg, HIV Kombo och TP-antikroppar, 99,8% för HCV-antikroppar). Nackdelen visavi tidigare använd screeningmetod (Abbott, Architect) är att HTLV-1/2 antikroppstest saknas, samt att två av analyserna, HIV Combo och HCV-antikroppar tar dubbelt så lång tid att analysera (1 timme respektive 30 minuter).

Korrespondens: [kerstin.malm@regionorebrolan.se](mailto:kerstin.malm@regionorebrolan.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 11:54 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P14) Utvärdering av BDMax Enteric viral panel för detektion av Noro-, Rota-, Sapo-, Astro- och Adenovirus**

Theresa Ennefors (1), Sara Thulin-Hedberg (1,2), Tina Falkeborn (3), Lena Serrander (3), Martin Sundqvist (1,2).

*(1) Laboriemedicinska kliniken, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro (2) Institutionen för medicinska vetenskaper, Örebro Universitet (3) 2. Avd för Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Linköping*

**Bakgrund:** Flera virus kan orsaka smittsam magsjuka. De flesta laboratorier detekterar förekomst av norovirus och rotavirus men allt fler testsystem erbjuder även analys av sapovirus, astrovirus och adenovirus. Laboriemedicinska kliniken, Universitetssjukhuset Örebro använder BD Max (BD) för molekylärbioologisk diagnostik av tarmpatogena bakterier och parasiter. En RoU version av BD Max Enteric viral panel (BDMaxEVP) innehållande norovirus (NoV), rotavirus (RoV), sapovirus (SaV), astrovirus (hAstV) och adenovirus (AdV) utvärderades därför. Syftet var att utvärdera prestandan mot andra i Sverige förekommande tester samt uppnå ett smidigare provflöde på laboratoriet.

**Material och metod:** Utvärderingen av BDMaxEVP utfördes i 5 delar: 1) 71 prover (nn feces och nn kräk) analyserades parallellt med rutinmetod för detektion av NoV och RoV (Enteric Viral Panel, Diagenode, BD Max) 2) 20 Eswab-prover som initialt analyserats positiva för SaV (n=10), hAstV (n=5) och AdV (n=5) med in-house metod (utvecklad i Halmstad), Linköping. 3) Spädningsserie i Eswab-medium av prov positiva för SaV, hAstV respektive AdV. 4) Spädningsserier av NoV och RoV positiva prover i slammad feces. 5) Analys av Equalispanel (Equalis 2017 för NoV/SaV respektive RoV/AdV). Prover med diskrepant resultat analyserades med Amplidiag® Easy system med AmpliDiag Viral GE (MobiDiag).

**Resultat:** BDMaxEVP identifierade samtliga kliniska prover som hittades med respektive jämförelsemetod (NoV1, n=2, NoV2 n=11, RoV n=1, SaV n=10, hAstV n=5, AdV n=5) och identifierade ytterligare 2 NoV 2 positiva prover (båda kräk) och RoV i ett tidigare verifierat SaV+ prov. Dessa reaktiviteter kunde verifieras med ytterligare metod (Amplidiag). I spädning kunde BDMaxEVP detektera SaV, hAstV och AdV i minst ett av 2 duplikat ner till en spädning på 1:1000. Detta gav en känsligare detektion än jämförelsemetoden (Linköping). I spädning i slammad feces av NoV och Rotavirus uppvisade BDMaxEVP dock 1-2 log lägre känslighet än Diagenodes test. Equalisutskick analyserades med förväntat resultat avseende NoV medan ett svagt positivt prov för RoV missades med BDMaxEVP.

**Diskussion:** BDMaxEVP uppvisade en något lägre analytisk känslighet än Diagenode testen avseendedetektion av NoV och RoV. Testen uppvisade dock jämförbar eller bättre känslighet i de kliniska proverna för alla fem ingående virus. Metoden erbjuder ett enkelt provflöde då testen kan köras samtidigt som andra paneler för gastroenteritersakande mikroorganismer.

Korrespondens: [martin.sundqvist@regionorebrolan.se](mailto:martin.sundqvist@regionorebrolan.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 16:56 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P15) Optimering av Next Generation Sequencing (NGS) för analys av human tarmflora i kliniska prover

Malin Bergman Jungeström (1), Jie Xu (2), Maria Jenmalm (2), Thomas Abrahamsson (3) och Lena Serrander (1),

(1) Klinisk mikrobiologi, Universitetssjukhuset i Linköping, (2) Inst. Klinisk och Experimentell Medicin, Linköpings universitet, (3) Barn- och kvinnocentrum, Universitetssjukhuset i Linköping

Introduktion: Next Generation sequencing (NGS) teknik har lett till helt nya möjligheter att studera diversiteten och artsammansättningen i människans tarmflora. Dock har flera studier visat på skillnader i resultat när de jämfört data som genereras med olika och preparationsmetoder och NGS-plattformar. Den experimentella processen innehåller många steg som alla bör optimeras för att ge så bra sekvenskvalitet och analysresultat som möjligt. Syftet med denna studie var att utveckla och optimera en NGS-pipeline, både för klinisk rutindiagnostik och forskning. Vi jämförde vi olika DNA-extraktioner, PCR-protokoll, inklusive primers, och mjukvaror för data-analys.

Metoder: Fecesprover från nyfödda spädbarn och vuxna (både friska och *Clostridium difficile* infekterade) användes. Total DNA extraherades med två olika protokoll; MO BIO PowerFecal automatiserad på QIAcube® (QP) eller manuellt med ZymoBIOMICS™ DNA Miniprep Kit (ZR), båda i kombination med 'bead beating'. Regionerna V1-V3 och V3-V4, i 16S rRNA genen, amplifierades och för bibliotekpreparation och sekvensering användes Illumina MiSeq-plattform. Dataanalyser utfördes med en kommersiell programvara (CLC Workbench) och gratis mjukvaran (QIIME2).

Resultat: DNA-extraktion med ZR gav i genomsnitt 6 gånger högre utbyte av totalt DNA än QP, och också verkade ZR gynna Gram-positiva bakterier, vilket resulterade i överrepresentation av Streptococcaceae och underrepresentation av Enterobacteriaceae, som vanligen är dominant hos patienter med *C. difficile* infektion. Valet av DNA-polymeras var avgörande för utbytet och därmed också på sekvensresultaten. När vi jämförde primers för olika variabla regioner misslyckades primers för V1-V3-regionen med att fånga *Bifidobacterium*. Primers för V3-V4-regionen gav en mer noggrann klassificering av mikrofloran. Dataanalyser av CLC och QIIME2 gav liknande resultat.

Slutsats: Vid design av NGS-pipeline för analys av human mikroflora är val av extraktionsmetoder/kit och primers avgörande faktorer för resultatet.

Korrespondens: [malin.bergman.jungestrom@regionostergotland.se](mailto:malin.bergman.jungestrom@regionostergotland.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-03-08, 15:45 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P16) Utvärdering av Liaison®XL HpSA för detektion av *Helicobacter pylori* antigen i faeces

Karin Amilon, Anette Bergman, Christian G. Giske.  
*Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetslaboratoriet, Stockholm*

*Helicobacter pylori* orsakar kronisk gastrit och peptiskt magsår och har associerats med mukosa-relaterad lymfvävnadslymfom samt gastriskt adenocarcinom. Diagnostiska tester finns både för invasiva och icke-invasiva prover. Vid invasiv provtagning tas en biopsi för odling från ventrikelslemhinnan med hjälp av endoskopi. Antigentest i faeces är ett icke-invasivt test som kan användas både före och efter behandling. Testresultatet är avsett som ett hjälpmedel vid diagnostik av *H. pylori*-infektion men även för att bekräfta effekten av behandling. Känsligheten och specificiteten för *H. pylori*-antigen (Hp-ag) faecestetester är lägre än för odling, men är enkla att utföra och kräver inte aktiv medverkan från patienten, vilket kan underlätta vid provtagning från t.ex. barn. Den nuvarande IMKR-metoden (ImmunoCard STAT! HpSA HD, Meridian Biosciences) för detektion av Hp-ag i faeces vid klinisk mikrobiologi på Karolinska Universitetssjukhuset i Solna är snabb och lätt att utföra, men har relativt låg känslighet (85%) och specificitet (88%) och kräver en subjektiv bedömning av resultatet. Antalet prov är även stadigt ökande och det är önskvärt att finna ett bättre alternativ till nuvarande analysmetod. Liaison®XL HpSA (DiaSorin) är en automatiserad CLIA-metod med rapporterad känslighet och specificitet >90% (Lazaro et al, 2016). Fördelar med denna metod är att den kan utföras i ett redan befintligt instrument på kliniken, är relativt billig, automatiserad och att ingen subjektiv bedömning av resultatet behövs. Under hösten 2017 har därför metodens lämplighet som ett alternativ till IMKR för detektion av Hp-ag i faeces utvärderats. För utvärderingen användes 78 kliniska prov, 4 spädningar av ett proteinextrakt från en *H. pylori*-kontrollstam samt 2 externa kvalitetspaneler (innehållande 3 prov vardera) från Labquality. Prov preparerades och analyserades enligt tillverkarens anvisningar och erhållna resultat jämfördes retrospektivt med IMKR. Liaison®XL HpSA-metoden kunde med enkelhet utföras och anpassas till flödet i rutindiagnostiken. Total överensstämmelse med IMKR var 94%. Vid spädning av positiv internkontroll detekterades antigen vid 1/10-dels spädningsslag lägre koncentration jämfört med IMKR, vilket indikerar en högre detektionskänslighet. Korrekt resultat erhöles även för externa kontrollpaneler. Tillsammans med Liaison®XL HpSA:s ovan nämnda fördelar, har det därför beslutats att denna metod kan ersätta IMKR i rutindiagnostiken.

Korrespondens: [karin.amilon@sll.se](mailto:karin.amilon@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 16:03 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P17) Utvärdering av AmpliDiag Bacterial GE mot BD MAX EBP/xEBP för detektion av faecespatogener

Paula Mölling (1,2), Theresa Ennefors (1), Sara Thulin-Hedberg (1,2), Martin Sundqvist (1,2).

1. Laboratoriemedicinska kliniken, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro

2. Institutionen för medicinska vetenskaper, Örebro Universitet

Molekylära tekniker för etiologisk diagnostik av gastroenterit är numera vanliga inom klinisk mikrobiologi. Sedan juni 2017 använder Laboratoriemedicinska kliniken, Universitetssjukhuset, Örebro ett helautomatiserat BD MAX™ System (BD), vilket här utvärderades mot ett semiautomatiserat AmpliDiag® Easy system (MobiDiag), med fokus på prestanda och provflöde. Båda panelerna detekterar *Campylobacter jejunii/coli*, Salmonella spp, Shigella/enteroinvasiva *Escherichia coli* (EIEC), enterohemorrhagisk *E. coli* (EHEC), enterotoxigenisk *E. coli* (ETEC) och *Yersinia enterocolitica*. BD MAX Enteric Bacterial Panel (EBP) / Extended EBP (xEBP) påvisar i tillägg *Pleisiomonas shigelloides* och *Vibrio cholera* medan AmpliDiag Bacterial GE (GE) inte påvisar dessa men däremot påvisar enteropathogenisk *E. coli* (EPEC), enteroaggregativ *E. coli* (EAEC) och kan dela upp EHEC *stx1* och *stx2*.

Material och metod: Totalt inkluderades 63 kliniska faecesprover tagna med flockad pinne Eswab (Copan), varav 54 var positiva och nio negativa med BD MAX EBP/xEBP. Ett extern kvalitetsutskick, GastroB17 (QCMD) samt spädningsserier analyserades i tillägg med de två systemen.

Resultat: Respektive panel (AmpliDiag GE / BD MAX EBP och xEBP) detekterade följande patogener; *Campylobacter* (15/16), EHEC (5/8), ETEC (7/7), Salmonella (9/10), Shigella/EIEC (7/8) *Yersinia* (2/4). Fem av åtta EHEC prov var positiva i AmpliDiag GE i *stx1* och/eller *stx2* och *eae*. De övriga tre var endast *eae* positiva och klassificerades därför som EPEC (*eae*). De två negativa *Yersinia* var ej humanpatogena. Ytterligare detekterade patogener som endast ingår i en av panelerna var 2 *P. shigelloides* och en *V. cholera* (BD MAX EBP/xEBP) respektive 6 EPEC och 13 EAEC (AmpliDiag GE).

Diskussion: Båda panelerna hade en bra känslighet och presterade likvärdigt för de detekterbara patogenerna i respektive panel. De positiva proven som missades med AmpliDiag GE var endast svagt positiva i BD MAX EBP/xEBP och hade stått i kyl i flera veckor innan analys vilket kan ha påverkat resultatet. De tre proverna som klassificerades som EPEC istället för EHEC var PCR positiva men inte positiva i odling. BD MAX EBP/xEBP ger ett effektivare provflöde då det är ett helautomatiserat system och tillåter snabbanalys av enstaka prover medan AmpliDiag GE är mer anpassat för att batcha större provmängder. En fördel med AmpliDiag GE är att panelen ger en direkt karaktärisering av EHEC *stx1* och *stx2* samt endast detekterar humanpatogena *Yersinia*.

Korrespondens: [paula.molling@regionorebrolan.se](mailto:paula.molling@regionorebrolan.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 22:42 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P18) Effektivare flöde med kommersiell multiplex-PCR för luftvägsvirus

Therese Nilsson, Malin Grabbe, Annelie Bjerkner, Anders Jonsson, Berit Hammas .  
*Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetslaboratoriet, Stockholm*

På Karolinska Universitetslaboratoriet har diagnostik av andra luftvägsvirus än RSV och influensa utförts med en in house-metod för 12 olika virus sedan 2007 (Tiveljung-Lindell et al, 2009). In house-metoden är uppdelad i olika paket för DNA- respektive RNA-virus, med detektion av som mest två olika virus per PCR-reaktion. Detta gör högsäsongen väldigt arbetskrävande då det kan vara mer än 6 PCR-körningar under en arbetsdag. Då antalet prover ökat markant varje säsong har en ny metod med effektivare provflöde och enklare utförande eftersökts. Efter upphandling föll valet på den kommersiella multiplex-PCR-metoden Allplex (Seegene). Metoden består av två delar: Allplex ”Respiratory Panel 2” (RP2) för detektion av adeno-, entero-, metapneumo (MPV)- och parainfluensavirus (PIV) 1-4, samt Allplex ”Respiratory Panel 3” (RP3) för detektion av boca-, rhino-, samt coronavirus (CoV) NL63, 229E och OC43. Metoden baseras på MuDTTm-teknik som möjliggör multipel detektion av flera olika virus i samma fluorecenskanal, vilket medför att det endast behövs två reaktionsbrunnar per prov. Varje körning rymmer 48 prover, till skillnad från tidigare metod där samma antal prov skulle resultera i fyra separata körningar. Handhavandet skiljer sig avsevärt mellan de två metoderna. För Allplex blandas endast en PCR-mix per kit, från färdiga primer/prob-mixar. I in house-metoden har varje virus sin egen uppsättning av primrar och prober som blandas i totalt 8 olika PCR-mixar. I Allplex ingår PCR-kontroller, en per kit, samt internkontroll, vilket ger en ökad säkerhet. Även resultatanalysen är till fördel för Allplex då den tillhörande mjukvaran ”Seegene Viewer” har automatiserad resultatolkning. Trots Allplex signifikanta fördelar när det gäller utförande och analys har metoden en del brister. Analystiden för en körning är längre med Allplex, ca 2 h 20 min, jämfört med 1 h 45 min för in house-metoden. Trots en lägre känslighet med Allplex, i synnerhet för MPV där vi valt att behålla vår in house-metod (se postern ”Validering av en kommersiell multiplex-PCR för Luftvägsvirus”), ansågs effektiviseringen av arbetsflödet vara avgörande. Med den högre kapaciteten körs nu som mest två PCR körningar per dag vilket är en drastisk minskning och svar kan oftast ges samma dag. Allplex-metoden möjliggör även framtida flödesförbättringar i form av ökat antal möjliga analysomgångar per dag och samkörning med befintlig diagnostik för luftvägsbakterier (Allplex RP4).

Korrespondens: [therese.l.nilsson@sl.se](mailto:therese.l.nilsson@sl.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 10:37 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)



## (MI-P19) Validering av kommersiell multiplex-PCR för diagnostik av luftvägsvirus

Malin Grabbe, Therese Nilsson, Annelie Bjerkner, Anders Jonsson, Berit Hammas .  
*Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetslaboratoriet, Stockholm*

Bakgrund: Utöver snabb dygnet-runt-diagnostik för influensa- och RS-virus, erbjuder Karolinska Universitetslaboratoriet in-house baserad diagnostik för 12 luftvägsvirus. Då arbetsflödet för luftvägsdiagnostiken börjat blir ohanterligt och antalet prover ökat markant varje säsong (se postern ”Effektivare flöde med kommersiell multiplex-PCR för luftvägsvirus”) har ett kommersiellt system med bättre provflöde för diagnostik av luftvägsvirus, Allplex™ Respiratory Panel 2 och 3 (RP2 och RP3) (Seegene), upphandlats och utvärderats.

Material och metod: I valideringen analyserades 137 st positiva patientprover retrospektivt, 146 st prospektiva eller slumpade patientprover, 66 st prover från kvalitetspaneler, 20 st typade entero-respektive rhinovirus-positiva prover. Patientproverna utgjordes av BAL, nasofarynxaspirat, nasofarynxsekret och trakealsekret. Proverna jämfördes mot tidigare rutindiagnostikresultat eller analyserades parallellt med befintlig in-house metod (Tiveljung-Lindell et al, 2009). De virus som analyserades var adenovirus, bocavirus, coronavirus (CoV) 229E, HKU1, NL63, OC43, enterovirus, metapneumovirus (MPV), parainfluensavirus (PIV) 1-4 och rhinovirus.

Resultat: De fyra deltesterna visade att Allplex har en bättre känslighet för rhinovirus och likvärdig känslighet för adeno-, boca-, enterovirus, PIV 1 och CoV 229E. Allplex har dock något sämre känslighet för PIV 2-3, CoV NL63 och CoV OC43 och markant sämre känslighet för MPV och CoV HKU1. Allplex uppvisar en mycket bättre specificitet för entero- och rhinovirus än in house-metoden, som har problem med korsreaktivitet för dessa. Förmågan att detektera PIV4 är också ett värdefullt tillskott. Allplex RP2 och RP3 påvisade generellt färre positiva fynd än befintlig metod, vilket tyder på att Allplex-metoden totalt sett har något sämre känslighet. Påvisning av MPV och i viss mån coronavirus, utmärkte sig negativt då Allplex uppvisade markant färre positiva fynd jämfört med befintlig in-house metod. Allplex-metoden påvisar inte heller CoV HKU1 specifikt, även om detektion i viss mån sker genom reaktivitet för CoV OC43.

Slutsats: Allplex RP2 och RP3 har för de flesta smittämnen uppvisat en god specificitet och godtagbar känslighet i jämförelse med befintlig metod. Även om metoden inte uppfyller initialt ställda krav på likvärdig eller bättre känslighet för alla ingående virus, bedöms känsligheten vara godtagbar, med undantag för MPV som inte bedömdes uppfylla de ställda acceptanskraven.

Korrespondens: [malin.grabbe@sll.se](mailto:malin.grabbe@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 10:33 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P20) Införande av dygnet-runt-diagnostik för influensa-, RS- och norovirus på Karolinska Universitetslaboratoriet**

Anders Jonsson, Berit Hammas, Caroline Sjöberg, Sussan Ziaberg, Mattias Karlsson.  
*Karolinska Universitetslaboratoriet, Klinisk mikrobiologi*

Karolinska Universitetslaboratoriet (KUL) har som målsättning att tillhandahålla kritisk diagnostik dygnet runt, vilket inkluderar påvisning av ovanstående smittämnen. Beställarna har under en längre tid önskat kortare omloppstiden för dessa analyser. Analysresultaten används för diagnostisering, ger underlag för eventuell behandling och är särskilt viktig för en effektiv vårdplanering och allokering av patienter. Under 2017 analyserade KUL 17 000 prover med frågeställningen influensavirus typ A, B och RS-virus samt 7 000 prover med frågeställningen norovirus. För påvisning av influensa- och RS-virus använder KUL Simplexa FluA/B & RSV Direct kit (Diasorin) medan påvisning av norovirus sker med Xpert Norovirus (Cepheid). Fram till 2016 analyserades influensa-, RS och norovirus på KUL:s två mikrobiologiska laboratorier i Huddinge och Solna under dagtid, måndag till söndag. I februari 2016 infördes även analyserna dygnet runt på Klinisk kemi Södersjukhuset vilket innebar kortare analysstider. Prover från andra sjukhus transporterades till laboratoriet under kvällar och nätter för analys. Våren 2017 påbörjades projektet med att utöka dygnet-runt-verksamheten inom KUL. Målet med arbetet var att korta omloppstiderna genom att utföra analyserna dygnet runt på Klinisk kemi och KUL 24Sju-sektionerna på Karolinska Universitetssjukhuset i Solna och Huddinge samt Danderyds sjukhus. Driftsättning har skett genom etappvis införande på Danderyds sjukhus och Karolinska Universitetssjukhuset i Solna i november 2017. Karolinska Universitetssjukhuset i Huddinge driftsattes i december 2017. Ett stort antal medarbetare på Klinisk kemi och KUL 24Sju har genomgått utbildning för att korrekt kunna hantera inkommande prover, analysinstrument, utbildning i virologi samt det laboratorieinformationssystem som används för mikrobiologiska analysvar. Lokalombyggnationer, installation av analysinstrument och mikrobiologiska säkerhetsbänkar genomfördes under projektiden. Tydliga arbetsbeskrivningar och rutiner publicerades för att säkra analyskvalitet och enkelhet i analysutförandet. En betydande andel av inkomna prov behöver analyseras för ytterligare smittämnen och biobankning. Samtliga prov som inkommer till Klinisk kemi och KUL 24Sju skickas därför vidare till Klinisk mikrobiologi i Huddinge eller Solna för eventuellt ytterligare analyser och biobankning. För att kontinuerligt följa upp kvalitet på utförda analyser, utveckla arbetsätten och diagnostiken samt utvärdera omloppstider och antalet inkomna beställningar har en förvaltning skapats bestående av medarbetare från både Klinisk mikrobiologi och Klinisk kemi och KUL24Sju.

Korrespondens: [anders.m.jonsson@sll.se](mailto:anders.m.jonsson@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 19:27 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P21) Ökad spårbarhet och förenklat handhavande efter införande av digitalt kvalitetssäkringssystem för kontrollhantering

Ida Lindström , Sandra Almeflo, Monica Lekerud, Jenny Ahlqvist och Gordana Bogdanovic.  
*Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetslaboratoriet, Stockholm*

Serologisektion på klinisk mikrobiologi på Karolinska Universitetssjukhuset i Solna har sedan 2015 registrerat internkontroller i QM (Quality Management) som är ett digitalt kvalitetssäkringssystem som används för Realtidsövervakning och långtidsuppföljning av kontroller. Tidigare övervakades samtliga internkontroller antingen genom att manuellt registrera värdet på Shewhart-diagram eller i excelblad. QM medförde många fördelar; ökad spårbarhet, förenklad helhetsbild och uppföljning, förenklat flöde av information, samt en möjlighet att få ut grafiska och statistiska sammanställningar. Kontrollresultaten registreras antingen manuellt direkt in i systemet eller genom automatisk överföring från instrumentet. Resultaten presenteras sedan grafiskt med hjälp av Levey-Jennings diagram. Grafer går att ta fram efter önskat tidsintervall och till varje graf visas statistik. Till varje stapel i grafen kan en kommentar skrivas, detta används för att kommentera avvikande resultat, åtgärder eller kommentar om en ny reagensbatch/kontrollbatch. Staplarna visas i tre olika färger, grön, gul och röd. Gul och röd visas när kontrollen avviker från de definierade gränserna för kontrollen. Operatören kommenterar det avvikande resultatet och hanterar det utefter bestämda riktlinjer. Metodansvarig för respektive analys har till uppgift att kontinuerligt övervaka analysen i QM samt att skriva in all information gällande internkontrollen i grafen, t.ex. skriva in när nya kontroll-loter tas i bruk, att alla reagens-loter ligger inne, värdera resultaten och se till att alla avvikande resultat är kommenterade och åtgärdade. Utöver metodansvariga finns det även en utsedd grupp som arbetar med konfigurering och utbildning i QM. Denna grupp har även till uppgift att tillsammans med ansvarig läkare och metodansvarig gå igenom analyserna minst två gånger per år, då ges tillfälle att se över internkontrollens resultat över tid och tillsammans se över eventuella problem.

Korrespondens: [ida.lindstrom@sll.se](mailto:ida.lindstrom@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 16:29 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P22) Hemprovtagning klamydia - Funkar det?

Joakim Söderqvist(1), Roger Karlsson(2), Björn Herrmann(1) och Studiegruppen för klamydiahemprovtagning.

(1)Sektionen för Klinisk mikrobiologi, Akademiska sjukhuset, Uppsala (2)Inst. för Folkhälsa och klinisk medicin, Umeå universitet.

**Bakgrund.** Klamydia är den vanligaste sexuellt överförbara bakteriesjukdomen i Sverige och i världen. Mellan 1998 och 2008 ökade antalet anmälda fall av klamydiainfektion med 176% i Sverige, därefter syns en minskning med 20% till 33720 fall 2017. Hemprovtagning för klamydia infördes först i Västerbotten 2004 och erbjuds nu i 19 landsting via klamydia.se och 1177. Hemprovtagning infördes för att öka tillgängligheten och speciellt nå män eftersom de provtas mindre än kvinnor. Fler påvisade fall och minskad smittspridning förväntas genom hemprovtagning.

**Metod.** Studien omfattar hitintills data på klamydia-hemprovtagning från 9 landsting/regioner för perioden 2011-2017. Fördjupad studie görs av klamydiatestning i Region Uppsala. Data från fler landsting är på ingång.

**Resultat.** För perioden 2011-2017 omfattar studien hitintills 260 764 hemprovtagna tester. Antalet analyserade hemtester ökade kontinuerligt med 4854/år i genomsnitt, 16% per år för kvinnor och 11% för män. Andelen tester från män utgjorde 42% 2011 och hade minskat till 35% 2017. Denna minskning visar att det initiala målet att nå fler män med hemprovtagning jämfört med ”vanlig” provtagning inte infriats. Åldrarna 20-29 år utgjorde 70% av alla prover under studieperioden. Gruppen 15-19 år utgjorde 7%, vilket är mindre jämfört med tester som tas i hälsovården (20%). Antalet påvisade klamydiafall via hemtest ökade från 1607 till 3191 mellan 2011 och 2017. Ökningstakten av antalet påvisade fall minskade över tid trots att antalet hemprovtagna tester ökade starkt, speciellt mellan 2015 – 2017. För män ökade antalet påvisade fall blygsamt från 1310 år 2014 till 1413 år 2017 (7,9%), detta trots en stor ökning av antalet prover (31%). Analys av 19 599 prover från Region Uppsala visade att antalet prover som beställts ökade mer än antalet individer som beställt. Detta förklaras av att andelen individer som beställer fler än ett prov ökade mellan 2012 och 2017 (män: från 11,4% till 21%; kvinnor från 16% till 29%).

**Slutsatser** - Hemprovtagning för klamydia är etablerat i nästan hela landet och har ökat starkt under senare år. - Män nås inte i ökad utsträckning jämfört med kvinnor genom hemprovtagning. - Upprepad provtagning hos en del av beställarna har ökat under senare år. - Fördjupad analys av provtagningsmönster och undersökning av beställarnas erfarenheter av hemprovtagning behövs för utvärdering.

Korrespondens: [Joakim-soderqvist@hotmail.com](mailto:Joakim-soderqvist@hotmail.com)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-27, 15:12 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## **(MI-P23) Case study evaluating the use of collaborative robots as support in a microbiological laboratory**

Adalbjörg Adalbjörnsdóttir (1), Guðmundur F. Hallgrímsson (2), Jeanette Melin (3) Gaetana Sapienza (4), Christian Smith (2), Aina Iversen (1).

*(1) Clinical microbiology, Karolinska University Hospital, (2)KTH Royal Institute of Technology, (3) Metrology, RISE Research Institute of Sweden, (4) ABB Corporate Research Sweden*

With an ever-increasing demand for quick diagnoses and more effective care for patients in an environment where resources are finite and the work-load on human workers is high, there is a need for automated solutions. Within AutoMed, a project that has the ultimate goal of increasing the effectiveness of specialized healthcare, the possible implementation of a collaborative robot (ABB YuMi) in the Microbiology department at Karolinska is examined. Out of several possible applications, stamping of agar plates with antibiotic disks was considered to be a suitable trial from a research point of view. The bacteriology unit at Karolinska in Solna receives about 1300 samples every day, with 25% urine samples. To speed up the turnaround time all urine samples are subjected to direct antimicrobial susceptibility testing (AST) in parallel with the primary culture. AST-results can be reported the day after the sample arrives at the lab. Needless to say, stamping hundreds of plates is a time-consuming task that does not require specialized personnel. Within this part of the project, an application for performing the plate stamping has been designed and the robot hands have been adapted for this specific task. The robot is equipped with a vision function that can identify the number of plates and verify the correct placement of all antibiotic disks. As part of this research work, basic functionality tests have been performed during 2017 and in April 2018 YuMi will perform antibiotic disk stamping experiments in the laboratory environment. In parallel, work satisfaction factor among the personnel will be investigated and compared to the baseline that already has been measured. The added value of this approach is that the robot can be moved around by ordinary staff and be used as an aid in multiple procedures around the lab without any requirement of special tools. Work satisfaction is also bound to increase for the laboratory personnel who will be free from the most repetitive tasks and can focus on other more meaningful ones.

Korrespondens: [adalbjorg.adalbjornsdottir@sll.se](mailto:adalbjorg.adalbjornsdottir@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-27, 20:32 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P24) Andon funktionen

Inger Petterson, Eva Rolleberg Zandrén, .  
*Karolinska universitetslaboratoriet klinisk mikrobiologi baktlab F72*

I ca 10 år har vi haft en Andonfunktion, här på baktlab. Vi var bland dom första med att starta denna funktion då vi påbörjade vårt förbättringsarbete, som hela Karolinska Universitetssjukhuset börjat införa. Genom studiebesök på Scania i Södertälje fick vi iden till införande av Andon, som betyder ljus på Japanska och ursprungligen kommer från den japanska Toyotamodellen Istället för att alla löser problem som uppstår på lab, så har vi avsatt en BMA för denna uppgift. Andon bemannar telefonen , löser preanalytiska problem,kontaktar våra kunder, tar emot ärenden från kundtjänst samt har kontakt med de övriga Andon på de olika sajterna. Andon kontaktar kunder, avvisar prov, håller pulsmöte med kvällspersonal,mm. Vi tänkte göra en poster som visar hur Andon jobbar hos oss. En funktion vi inte längre kan vara utan.

Korrespondens: [inger.e.pettersson@sll.se](mailto:inger.e.pettersson@sll.se), [eva.rolleberg-zandren@sll.se](mailto:eva.rolleberg-zandren@sll.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-27, 14:33 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

## (MI-P25) *Plasmodium knowlesi* fastnar i flödescytometern. Nytt sätt att fånga upp och diagnostisera malaria?

Sara Karlsson Söbirk (1,2), Lina Andersson (3), Anna-Karin Lindgren (2).

1) Klinisk mikrobiologi, Labmedicin Skåne, Region Skåne 2) Infektionsenheten, Helsingborgs lasarett, Region Skåne 3) Hematologisektionen, Klinisk kemi, Labmedicin Skåne, Region Skåne

Vi beskriver ett patientfall från sjukhuset i Helsingborg, där en man efter vistelse i Malaysia sökte akutmottagningen med en veckas anamnes på feber och frossa. Patienten hade dessutom huvudvärk, generell muskelvärk och ledvärk, under veckan minskad miktion och förstoppning, och hade enligt akutjournal kräkt. Infektionsprover togs av akutsköterska vid ankomst. Efterbeställning av anemiprover gjordes 5,5 h efter provtagning, vilket medförde en ny körning i flödescytometern, Sysmex XN, på hematologisektionen, klinisk kemi i Helsingborg. Det upptäcktes då, i instrumentets differentialräkning, en inaktiv flagga för erythrocyter med inklusioner som för patientens prov visade sig vara en betydande population. Flaggan infördes nyligen vid en uppgradering av instrumentets mjukvara och ses normalt inte hos friska patienter. En BMA på klinisk kemi misstänkte då malaria, utförde snabbtest, stryk och färgning och ringde till akutmottagningen och meddelade diagnosen innan man därifrån hunnit misstänka malaria. Mikroskopi följt av PCR bekräftade diagnosen malaria orsakad av *P.knowlesi*. Patienten behandlades framgångsrikt med artemeter/lumefantrin. Att erythrocyter infekterade med malariaparasiter kan synas i maskinell diff är sedan tidigare beskrivet. Oss veterligen har inte denna flagga används för att väcka misstanke om och gå vidare för diagnostik avseende malaria på något annat laboratorium i Sverige ännu, även om många använder Sysmex XN för flödescytometri. Prover där malariaparasiterna är få, eller mycket gracila (tidiga ringformer av t.ex. *P.falciparum*) fångas enligt vår erfarenhet inte upp i flödescytometerns differentialräkning, men äldre trophozoiter, schizonter och gametocyter kan synas i differentialräkningens scattergram. På samtliga laboratorier för klinisk kemi i Skåne ska denna flagga nu aktiveras. Patientprov där erythrocytinklusioner detekterats kommer att erfordra en manuell mikroskopering utförd av en legitimerad biomedicinsk analytiker. Detta kan ge möjlighet att upptäcka malaria i fall där patient och/eller anamnesupptagande läkare inte tänkt på diagnosen.

Korrespondens: [sara.karlsson\\_sobirk@med.lu.se](mailto:sara.karlsson_sobirk@med.lu.se)

Inskickat till Mikrobiologiskt vårmöte 2018-02-28, 14:05 via formulär på [mikrobiologi.net](http://mikrobiologi.net).

[Tillbaka till tabell](#)

