

Abstractbok

SVIM 20 – 23 maj 2025

Örebro



Table of content

Table of content	1
Muntlig	5
Short Oral	6
Infektion	7
INF001 - Inneliggande och poliklinisk behandling med kontinuerlig antibiotikainfusion via elastomerisk pump vid Sundsvalls Sjukhus. Behandlingsutfall och tidsbesparing.	8
INF006 - Prevalens och riskfaktorer för hematogen ledprotesinfektion vid Staphylococcus aureus bakteriemi	10
INF013 - Samband mellan thymusfunktion, mätt med T-cell receptor excision circles (TREC) i helblod via qPCR, och utfall vid Covid-19	12
INF014 - Patients, antibiotics and Clostridioides Difficile - when your best friend becomes your worst enemy	14
INF015 - Recidiverande Clostridioides difficile-infektion: relaps eller reinfektion?	16
INF018 - Utrymme för metagenomisk sekvensering i opartisk karakterisering av virus	18
INF020 - Antibiotikasmart Sverige – visionen om ett samhälle där alla bidrar till att antibiotika fungerar och fortsätter rädda liv	19
INF022 - Socioeconomic Burden of Tularemia Infection in Sweden: A 11-Year Cost Analysis of Healthcare Costs and Productivity Losses	21
Mikrobiologi	23
MIK105 - Artificiell intelligens i klinisk mikrobiologisk diagnostik för att förutsäga bakteriell antibiotikaresistens	24
MIK106 - Rapid AST for patients with suspected urosepsis – optimized sample management to reduce time to guide antibiotic therapy	25
MIK107 - Resistensbestämning med QuickMIC på blododlingar med gramnegativa bakterier i kliniskt flöde – jämförelse av tid till resultat med diskdiffusion	26
MIK121 - Encapsulated faecal microbiota transplantation: a comparison of three preparation protocols	28
MIK129 - Art-ID med hög upplösning baserat på helgenomsekvensering - Achromobacter	30
MIK130 - Helgenomsekvensering för resistensbestämning av Mycobacterium tuberculosis-komplexet vid Sahlgrenska Universitetssjukhuset.	31
MIK131 - Kort preinkubering av blododlingsflaskor för att öka känsligheten vid diagnostik av bakteriemi med 16S Nanopore sekvensering	32
MIK136 - Kartläggning av plastavfall baserad på metodbyten för fecesdiagnostik	33
Poster	35
Infektion	36
INF002 - Förekomst av amoxicillinresistens hos H. influenzae i luftvägsodlingar från primärvård och sjukhusvård- en registerbaserad studie	37
INF003 - Nya nationella rekommendationer för antibiotikabehandling av barn	39
INF004 - Invasiva grupp A-streptokockinfektioner föregås ofta av säsongsinfluensa	41

INF005 - Frequency of hematogenous periprosthetic joint infection due to bacteremia caused by gram-positive cocci A population and register based study on 2,392 episodes of bacteremia.	43
INF007 - Knowledge and perception of tick exposure and tick-borne diseases, and prevention attitude in Sweden	45
INF008 - Liver health project -prevalens och riskfaktorer för leversteatos och fibros hos personer som lever med hiv	46
INF009 - Covid-19 på äldreboenden i Göteborgsområdet	48
INF010 - Symptomkluster över tid vid postcovid - en prospektiv kohortstudie	49
INF011 - Sjukhusincidens för respiratoriskt syncytialvirus jämfört med influensa och SARS-CoV-2 bland vuxna i Västsverige baserat på ett kombinerat snabb-PCR-test	51
INF012 - Covid-19 - behandlingsrekommendation	53
INF016 - Evaluation of a novel antigen ELISA for the diagnostics of invasive pulmonary aspergillosis	54
INF017 - Metagenomisk analys av encefalit av okänd genes	55
INF019 - 10-punktsprogrammet i praktiken - antibiotikasmarta tips till dig som arbetar på sjukhus	57
INF021 - PREVALENCE OF HUMAN PEGIVIRUS IN CHILDREN WITH LEUKEMIA-RELATED DISEASE	59
Infektionssjuksköterskor	61
RFI201 - Hiv bland personer som injicerar droger i Stockholm – prevalens, incidens och behandlingsutfall	62
RFI202 - Vård av infektionskänsliga patienter - ett strukturerat förbättringsprojekt på en infektionsklinik	63
RFI203 - Projekt personcentrerad fallprevention på Infektion Karolinska	65
RFI204 - Utvecklingsarbete om omhändertagande och information till MRSA-bärare	66
RFI205 - På väg mot en personcentrerad vård för tuberkulos	67
RFI206 - En infektion i fingret visade sig vara syfilis	68
RFI207 - Patienters upplevelse av att vårdas för en oklar infektion	70
RFI208 - Kartläggning av handlagda incidenter med risk för blodsmitta, Infektionsmottagningen Linköping 2024.	71
Mikrobiologi	72
MIK101 - Makrolidresistens hos Mycoplasma pneumoniae i fyra regioner i Sverige 2023-2024	73
MIK102 - Bärarskap av antibiotikaresistenta Escherichia coli hos svenska småbarn – en nationell studie	75
MIK103 - Direkt resistensbestämning på urinodlingar ger minst lika snabbt resistensbesked som från samtidigt tagna blododlingar	76
MIK104 - Rutinmässig sekvensering av ESBL-producerande Klebsiella pneumoniae	77
MIK108 - Bakteriemi med Streptococcus agalactiae och analys av tid till positivitet	78
MIK109 - INVASIVE MENINGOCOCCAL DISEASE IN SWEDEN 2023-2024	79
MIK110 - Ny molekylärbiologisk diagnostik för TBE-virus på Klinisk Mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhuset	80
MIK111 - Borrelia burgdorferi sensu lato antibody dynamics in cerebrospinal fluid: Implications of antibody decay	81
MIK112 - Analytisk sensitivitet vid låga TBEV RNA koncentrationer hos in-	

house och kommersiella PCR-metoder.	82
MIK113 - Validering av Realtids-PCR för påvisning av Schistosoma spp. i feces- och urinprover	83
MIK114 - Duplex PCR-Nanopore sequencing assay for Cryptosporidium species and subtype determination	84
MIK115 - Genotypning av Hepatit delta virus (HDV)	86
MIK116 - Resistenstestning av proviralt HIV-1 DNA hos patienter med välbehandlad hiv	87
MIK117 - Utvärdering av blodprovstagning med standardiserad filterpapper för molekylärbiologisk och serologisk analys av hepatit B-, C och HIV	88
MIK118 - Utvärdering av 4 snabb-PCR instrument anpassade för akut luftvägsdiagnostik av virus	89
MIK119 - Utvärdering av faeces-PCR baserat på SOS-metoden för detektion av Mycobacterium tuberculosis-komplexet i direktprov med Xpert MTB/RIF Ultra	90
MIK120 - Time to positivity correlates with treatment initiation and disease severity in patients with Mycobacterium avium-complex in sputum culture	91
MIK122 - Utvärdering av en kommersiell PCR för påvisning av dermatofyter och jästsvampar på Klinisk Mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhuset	92
MIK123 - Pneumocystis jirovecii DNA in serum for the diagnosis of Pneumocystis pneumonia in patients with hematologic malignancies – a retrospective case control study	93
MIK124 - Förbättrad diagnostik av urinvägsinfektioner med odlingsoberoende masspektrometribaserad proteomikmetod	95
MIK125 - Utvärdering av LIAISON® Legionella Urinary Ag för detektion av Legionella-antigen i urinprover	97
MIK126 - Helgenomsekvansering för att utreda Serratia marcescens-utbrott på en neonatalvårdsavdelning	98
MIK127 - Targeted Metagenomic NGS for Viral Diagnostics and Pandemic Preparedness	99
MIK128 - En optimerad automatiserad extraktion av bakteriellt genomiskt DNA för long-read sekvensering	100
MIK132 - Implementering av EU4Health-projektet RAPID: Real-time Analysis of Public health Integrated Data	102
MIK133 - Detection sensitivity and dual colonization of Staphylococcus aureus in a Swedish Neonatal Intensive Care Unit during an outbreak of tobramycin resistant S. aureus	103
MIK134 - Whipples sjukdom -kan ökad kunskap och förbättrad diagnostik leda till tidigare diagnos?	104
MIK135 - Kan screeningen för livmoderhalscancer förbättras genom testning för metylering av FAM19A4/miR124-2?	105
Oral 1	107
Mikrobiologi	108
O09 - Artidentifiering med Nanopore-sekvensering av 16S rRNA - Validering av ett flöde för parallell sekvensering med SARS-CoV-2 och andra agens.	109
O10 - Typning av Shigella spp. med helgenomsekvansering (328 ord)	110
O11 - The Nasopharyngeal Microbiome in Relation to Neisseria meningitidis Carriage Dynamics	111
O12 - Ett ökat antal fall av legionellainfektioner orsakad av Legionella longbeachae i Sverige under 2024	112
O13 - Jämförelse av Micronaut-AM och Sensititre YeastOne med EUCAST	

referensmetod för resistensbestämning av jästsvamp.	114
O14 - Validering av Chlamydia trachomatis och Neisseria gonorrhoeae med Cobas 6800 - provlokal öga	115
O15 - Validering av PCR-metod för påvisande och artbestämning av Babesia spp. i blod	116
O16 - Kräkning kan användas som provmaterial vid analys med GeneXpert Xpert Norovirus assay	117
Oral 2	119
Infektion	120
O02 - Cefotaxim 1 eller 2 gram?	121
O04 - Alfastreptokockbakteriemi hos patienter med hjärklaffprotes - är det alltid infektiös endokardit?	122
O06 - Ökad cancerrisk efter svåra sjukhuskrävande infektioner: en nationell kohortstudie baserad på mönstringsregistret	123
O08 - Variation i svarstider och tillgång till mikrobiologiska analyser - en kartläggning av 65 sjukhus	124
Mikrobiologi	125
O01 - A hospital-wide outbreak of ESBL-producing Klebsiella oxytoca associated with contaminated sinks and associated plumbing: outbreak report, risk factor analysis and plasmid mapping	126
O03 - Probing Fosfomycin's Potential: A Study on Susceptibility Testing and Resistance in Staphylococcus epidermidis from Prosthetic Joint Infections	128
O05 - IL-12 is a key responsive element to corticosteroid treatment in COVID-19	129
O07 - Pneumocystispneumoni eller kolonisation? Kvantitativ PCR är ett värdefullt verktyg för att stärka diagnostiken	130

Muntlig

Short Oral

Infektion

INF001 - Inneliggande och poliklinisk behandling med kontinuerlig antibiotikainfusion via elastomerisk pump vid Sundsvalls Sjukhus. Behandlingsutfall och tidsbesparing.

Infektion

Torsten Kempe¹

¹ Torsten Kempe

Introduktion/Introduction

Kontinuerlig infusion av betalaktamantibiotika är ett etablerat men sparsamt använt alternativ till intermittent behandling. Det saknas entydig evidens för förbättrat kliniskt utfall men studier pekar mot behandlingsvinster vid svår sjukdom.^{1,2,3,4} Betalaktamer har baktericid effekt som styrs av tid över bakteriens "minsta hämmande koncentration" (MIC). Studier visar förlängd tid över MIC och bättre mikrobiologisk effekt vid kontinuerlig infusion^{5,1}. Det finns också indikationer på minskad resistensutveckling och resursoptimering.⁶ Intresset för att behandla patienter med intravenöst antibiotika i hemmet, ofta benämnt Outpatient Parenteral Antimicrobial Therapy (OPAT) ökar. En möjlighet är att administrera antibiotika kontinuerligt via elastomeriska pumpar som byts en gång per dygn.^{7,8,9,10} De har inga elektroniska komponenter och kan bytas av sjukvårdspersonal och i vissa fall av patienten själv.⁷

2023 implementerades en OPAT-enhet vid infektionskliniken i Sundsvall. I samband med detta infördes även elastomeriska pumpar till inneliggande patienter (benämnt IPAT). Bakgrunden var ovanstående fördelar med kontinuerlig infusion, en pressad bemanningssituation samt att underlätta övergången till OPAT.

Metod/Method

Syftet med den här rapporten är att sammanställa den litteratur som ligger bakom införandet av IPAT/OPAT samt beskriva vår pumpverksamhet avseende behandlingsutfall, komplikationsfrekvens, tidsbesparing och kostnad. Patienter som erhållit pumpbehandling har registrerats löpande och journalgranskning har genomförts retrospektivt. Patientkaraktäristika, komplikationer och utfall redovisas. Kostnadsberäkning och uppskattning av tidsbesparing baseras på lokala uppgifter om lönekostnad och tidsåtgång för intermittent administrering.

Resultat/Result

Under studieperioden registrerades 66 patienter som erhållit behandling med elastomerisk pump, varav 50 (76 %) uppfyllde kriterierna för lyckad behandling och 7 (11%) delvis lyckad. 4 OPAT-behandlingar initierades, 50 % bedömdes som helt lyckade. På 207 pumpdygn noterades 11 komplikationer (6 %). För inneliggande patienter beräknades en tidsbesparing på 237–356 timmar men en ökad kostnad på 243 - 483 kr per pumpdygn.

Konklusion/Conclusion

IPAT gav få komplikationer och god behandlingseffekt. Det är ej kostnadsneutralt men i en kontext med vårdplats- och sköterskebrist kan det uppvägas av minskad arbetsbörda. Det kan också underlätta övergång till OPAT-behandling eller vistelse på patienthotell.

Få OPAT-behandlingar initierades, 26 vårddygn sparades men 50 % av patienter blev återinlagda, ej orsakat av behandlingssvikt. Baserat på detta och tidigare studier är OPAT via elastomerisk pump en säker och effektiv behandlingsform ur patient- och ekonomiskt perspektiv men noggrann selektion krävs.

Referenser

- 1: Hughes DW, Frei CR, Maxwell PR, et al. Continuous versus intermittent infusion of oxacillin for treatment of infective endocarditis caused by methicillin-susceptible *Staphylococcus aureus*. *Antimicrob Agents Chemother*. 2009;53(5):2014-2019. doi:10.1128/AAC.01232-08
- 2: Abdul-Aziz MH, Hammond NE, Brett SJ, et al. Prolonged vs Intermittent Infusions of β -Lactam Antibiotics in Adults With Sepsis or Septic Shock: A Systematic Review and Meta-Analysis. *JAMA*. 2024;332(8):638-648. doi:10.1001/jama.2024.9803
- 3: Dulhunty JM, Brett SJ, De Waele JJ, et al. Continuous vs Intermittent β -Lactam Antibiotic Infusions in Critically Ill Patients With Sepsis: The BLING III Randomized Clinical Trial. *JAMA*. 2024;332(8):629-637. doi:10.1001/jama.2024.9779
- 4: Roberts JA, Abdul-Aziz MH, Davis JS, et al. Continuous versus Intermittent β -Lactam Infusion in Severe Sepsis. A Meta-analysis of Individual Patient Data from Randomized Trials. *Am J Respir Crit Care Med* 2016;194(6):681-691. doi:10.1164/rccm.201601-0024OC
- 5: Mouton RP, Vinks AA. Continuous infusion of beta-lactams. *Curr Opin Crit Care*. 2007;13(5):598-606

5: Mouton RP, Vinks AA. Continuous infusion of beta-lactams. *Curr Opin Crit Care*. 2007;13(3):250-255. doi:10.1097/MCC.0b013e3282e2a98f

6: Hong LT, Downes KJ, FakhriRavari A, et al. International consensus recommendations for the use of prolonged-infusion beta-lactam antibiotics: Endorsed by the American College of Clinical Pharmacy, British Society for Antimicrobial Chemotherapy, Cystic Fibrosis Foundation, European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases, Infectious Diseases Society of America, Society of Critical Care Medicine, and Society of Infectious Diseases Pharmacists [published correction appears in *Pharmacotherapy*. 2024 Sep;44(9):754. doi: 10.1002/phar.2876] [published correction appears in *Pharmacotherapy*. 2024 Sep;44(9):755-759. doi: 10.1002/phar.2905]. *Pharmacotherapy*. 2023;43(8):740-777. doi:10.1002/phar.2842

7: Norris AH, Shrestha NK, Allison GM, et al. 2018 Infectious Diseases Society of America Clinical Practice Guideline for the Management of Outpatient Parenteral Antimicrobial Therapy. *Clin Infect Dis*. 2019;68(1):e1-e35. doi:10.1093/cid/ciy745

8: Gardiol C, Voumard R, Cochet C, de Vallière S. Setting up an outpatient parenteral antimicrobial therapy (OPAT) unit in Switzerland: review of the first 18 months of activity. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 2016;35(5):839-845. doi:10.1007/s10096-016-2606-z

9: Hase R, Yokoyama Y, Suzuki H, et al. Review of the first comprehensive outpatient parenteral antimicrobial therapy program in a tertiary care hospital in Japan. *Int J Infect Dis* 2020;95:210-215. doi:10.1016/j.ijid.2020.03.033

10: Schmidt-Hellerau K, Baade N, Günther M, et al. Outpatient parenteral antimicrobial therapy (OPAT) in Germany: insights and clinical outcomes from the K-APAT cohort study. *Infection*. 2024;52(4):1407-1414. doi:10.1007/s15010-024-02199-9

INF006 - Prevalens och riskfaktorer för hematogen ledprotesinfektion vid *Staphylococcus aureus* bakteriemi

Infektion

Hanna Blank^{1, 2}, *Ebba Abdul Rahim*¹, *Olof Thompson*^{1, 3}, *Lisa Pålman*^{1, 3, 4}

¹ Infektionsmedicin, Medicinska fakulteten, Institutionen för kliniska vetenskaper, Lunds Universitet, Lund, Sverige

² Vårdhygien Skåne, Klinisk mikrobiologi och vårdhygien, Medicinsk service, Region Skåne, Lund, Sverige

³ Infektionsmedicin, Skånes Universitetssjukhus Lund, Sverige

⁴ Wallenberg centrum för molekylär medicinsk forskning, Lund, Sverige

Introduktion/Introduction

Staphylococcus aureus bakteriemi (SAB) kan definieras som komplicerad eller okomplicerad, vilket vägleder vidare utredning och behandling. *S. aureus* i blod kan leda till ledprotesinfektion genom hematogen spridning av bakterier till leden. Risken att få ledprotesinfektion vid SAB har beskrivits som hög, mellan 20-40% (1-2). SAB hos patienter som har ledprotes har därför klassificerats som komplicerad, och internationellt rekommenderas förlängd antibiotikabehandling i 4-6 veckor (3). I Skånes regionala riktlinjer ingår inte förekomst eller avsaknad av ledprotes i definitionen av komplicerad eller okomplicerad SAB. Patienter med ledprotes som har SAB kan, förutsatt att det inte finns kliniska tecken till ledprotesinfektion, behandlas som okomplicerad SAB, och erhålla 10-14 dagar intravenös behandling.

Syftet med vår studie var att undersöka risken för ledprotesinfektion vid SAB, genom att använda validerade registerbaserade data och databaser, för att i så stor utsträckning som möjligt inkludera all SAB och hematogen ledprotesinfektion hos patienter med ledprotes i höft eller knä. Vi ville också studera risken för ledprotesinfektion efter avslutad behandling, för att utvärdera om den förmodat kortare behandlingstiden påverkade risken för att drabbas av ledprotesinfektion under uppföljningstiden.

Metod/Method

Patienter med växt av *S. aureus* i blododling matchades med Svenska ledprotesregistret, för att identifiera patienter med höft eller knäledsprotes vid tiden för bakteriemin. Medicinska journaler granskades för att identifiera förekomst av ledprotesinfektion vid tiden för SAB, samt under en 6 månader lång uppföljningsperiod.

Resultat/Result

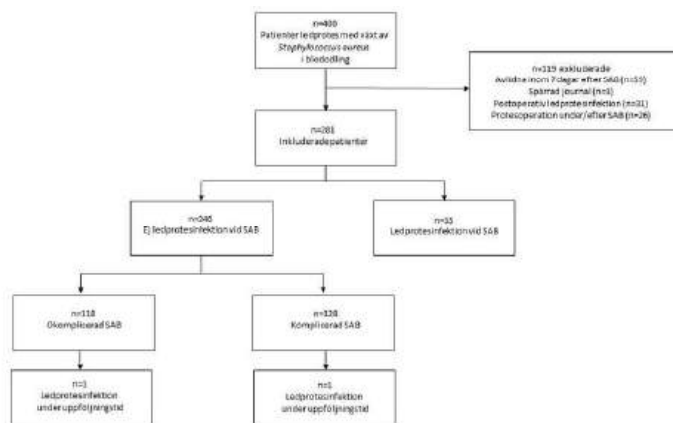
Av 400 patienter med SAB och ledprotes kunde 281 patienter inkluderas i studien. Av de inkluderade deltagarna hade 35 patienter (12%) hematogen ledprotesinfektion. Lägre ålder och förekomst av flera protesleder var associerat med ökad risk för ledprotesinfektion. Av de 246 patienter som inte hade ledprotesinfektion vid tiden för SAB, så hade 118 patienter (48%) okomplicerad infektion och erhöll kort antibiotikabehandling (median 15 dagar, IQR 13-17). Risken för ledprotesinfektion under uppföljningstiden var låg (<1%) och lika stor i gruppen med okomplicerad SAB som i gruppen med komplicerad SAB, som erhöll längre antibiotikabehandling (median 29 dagar, IQR 15-70).

Konklusion/Conclusion

Förekomst av hematogen ledprotesinfektion vid SAB var lägre än tidigare beskrivet (12 %). Våra data stöder inte behov av förlängd antibiotikabehandling till patienter med SAB och förekomst av ledprotes utan tecken till ledprotesinfektion.

Referenser

1. Tande AJ, Palraj BR, Osmon DR, et al. Clinical presentation, risk factors, and outcomes of hematogenous prosthetic joint infection in patients with *Staphylococcus aureus* bacteremia. *Am J Med*. 2016;129(2):221 e11-20-221.e20. doi:10.1016/j.amjmed.2015.09.006.
2. Sendi P, Banderet F, Graber P, et al. Periprosthetic joint infection following *Staphylococcus aureus* bacteremia. *J Infect*. 2011;63(1):17-22. doi:10.1016/j.jinf.2011.05.005.
3. Liu C, Bayer A, Cosgrove SE, et al. Clinical practice guidelines by the infectious diseases society of America for the treatment of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infections in adults and children. *Clin Infect Dis*. 2011;52(3):e18-55-e55. doi:10.1093/cid/ciq146.



Flödesschema avseende inkluderade och exkluderade patienter.
Förkortning: SAB: Staphylococcus aureus bakteriemid

INF013 - Samband mellan thymusfunktion, mätt med T-cell receptor excision circles (TREC) i helblod via qPCR, och utfall vid Covid-19

Infektion

Tarek Abdul Ghani¹, *Tove Grafström*^{1, 2}, *Alicia Lind*³, *Elisabet Tina*⁴, *Anna Lange*⁵, *Mats Lidén*¹, *Anders Bäckman*⁴, *Johan Normark*^{6, 7}, *Sara Cajander*^{1, 5}

¹ Institutionen för Medicinska vetenskaper, Örebro Universitet

² Infektionskliniken, Centralsjukhuset Karlstad

³ Institutionen för diagnostik och intervention, Umeå Universitet

⁴ Kliniskt forskningscentrum, Institutionen för Medicinska vetenskaper, Örebro Universitet

⁵ Infektionskliniken, Universitetssjukhuset Örebro

⁶ Infektionskliniken, Norrlands Universitetssjukhus

⁷ Institutionen för klinisk mikrobiologi, Umeå universitet

Introduktion/Introduction

Flera immunologiska mekanismer har föreslagits bidra till svår sjukdomsutveckling vid Covid-19, där T-lymfocyter och thymus spelar en central roll i det adaptiva immunsvaret mot SARS-CoV-2. Studier har visat att låga nivåer av T-lymfocyter är associerade med ökad sjukdomssvårighetsgrad och högre mortalitet. En etablerad metod för att bedöma thymus funktion och nybildning av T-lymfocyter är kvantifiering av T-cell receptor excision circles (TREC), vilka är cirkulära DNA-fragment som bildas under rekombinationen av T-cellreceptorgener vid T-lymfocyters mognad. Sambandet mellan TREC-nivåer och sjukdomsutfall vid Covid-19 har hittills undersökts i begränsad omfattning.

Syftet med denna studie var att undersöka om TREC-nivåer i blod är associerade med ett kombinerat utfall av respiratorisk svikt eller död inom 30 dagar samt om de korrelerar med lunginfiltratsutbredning enligt Örebro Covid-19 Scale (ÖCoS) hos inlagda Covid-19-patienter.

Metod/Method

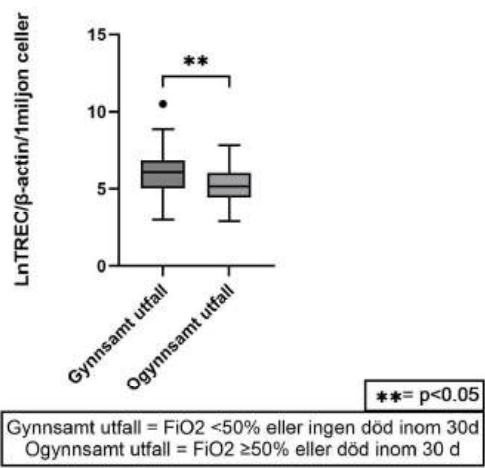
Denna prospektiva observationsstudie inkluderade vuxna patienter (n = 91) med laboratorieverifierad Covid-19-infektion, som vårdades vid Universitetssjukhuset Örebro och Norrlands Universitetssjukhus mellan juli 2020 och maj 2021. TREC-nivåer i relation till referensen β -Actin med qPCR från helblod provtaget inom 0-4 dagar efter sjukhusinläggning. Respiratorisk svikt definierades som behov av ≥ 50 % inandad syrgasfraktion (FiO_2) via höglödesbehandling eller invasiv ventilation. Lunginfiltrationsutbredning bedömdes med datortomografi (DT) enligt ÖCoS (n=83). Statistiska analyser inkluderade logistisk regression justerad för ålder, kön, site och Charlsons komorbiditetsindex (CCI), samt Spearman's rangkorrelation för samband med ÖCoS.

Resultat/Result

Patienter med respiratorisk svikt eller död inom 30 dagar uppvisade signifikant lägre TREC-nivåer i både ojusterad ($p=0.01$) och justerad analys (ålder, kön, site och CCI) ($p = 0.04$). En negativ korrelation observerades mellan TREC-nivåer och lunginfiltratsutbredning ($r_s = -0.359$, $p < 0.001$).

Konklusion/Conclusion

Låga TREC-nivåer var associerade med ett negativt utfall hos patienter med Covid-19. Dessutom observerades en negativ korrelation mellan TREC-nivåer och utbredningen av lunginfiltrat på datortomografi. Dessa fynd antyder att nedsatt thymusfunktion kan vara kopplad till ett allvarligare sjukdomsförlopp. Vidare forskning krävs för att utvärdera TREC:s potential som en prediktiv biomarkör för sjukdomsprogression och kliniskt utfall vid Covid-19.



INF014 - Patients, antibiotics and Clostridioides Difficile - when your best friend becomes your worst enemy

Infektion

Johan Karp^{1, 2, 3}, **Gunnar Jacobsson**^{1, 2, 3}, **Fredrika Sundberg**^{4, 5}

¹ Infektionskliniken, Skaraborgs sjukhus, Skövde

² CARE, Centre for antibiotic resistance research, Göteborg

³ Skaraborgsinstitutet, Skövde

⁴ FOUUI, Skaraborgs Sjukhus Skövde

⁵ Institutionen för hälsovetenskaper, Skövde Universitet

Introduktion/Introduction

Clostridioides difficile infection (CDI) is causing suffering for patients and costs for society as one of the most common healthcare related infections.¹ Patients who have endured recurrent CDI (rCDI) suffer long time after their illness is cured.² The two most common risk factors for acquiring CDI, in-hospital care³ and antibiotic treatment⁴, are familiar, to varying degrees, to the patients.⁵ A valid information process has been shown to be crucial for patients to gain health literacy⁶, good health and quality of life⁷, and to avoid sub-optimal use of health-care services.⁸

The aim of this study was to explore the perceptions of causes of disease, focusing on the information process and strategies for the future, in patients suffered from rCDI.

Metod/Method

Ten interviews were performed with former rCDI patients using open-ended questions and analysed with qualitative content analysis.⁹

Resultat/Result

The antibiotic treatment was perceived as a triggering factor for causing their CDI, richly described by all respondents. Other risk factors, such as the mechanism of a disrupted gut flora and the opportunistic behaviour of the bacteria, were also described by some respondents. The experiences of receiving information of the disease varied and they described an information process that often were absent or minimized due to a healthcare under great pressure, as well as other barriers that prevented successful information process. In lack of proper information, they described self-created prevention-like behaviours based on their own experiences. Some productive, like presenting CDI history when needing antibiotics. Some contra-productive or even harmful like avoiding healthcare completely when ill or don't collecting antibiotics prescribed out of phobic fear.

Konklusion/Conclusion

We suggest that the patient information needs to be both standardised and personalised (written and oral) to implement effective preventive behaviour, to avoid relapses and new episodes of CDI. Also to avoid misuse of healthcare and to enhance quality of life after CDI and foster a sound perspective on one the most important tools in modern medicine, antibiotics.

Referenser

1. Feuerstadt P, Theriault N, Tillotson G. The burden of CDI in the United States: a multifactorial challenge *BMC Infect Dis* 2023; **23**: 132.
2. Armstrong EP, Malone DC, Franic DM et al. Patient Experiences with Clostridioides difficile Infection and Its Treatment: A Systematic Literature Review. *Infect Dis Ther* 2023; **12**: 1775-95.
3. Magill SS, Edwards JR, Bamberg W et al. Multistate point-prevalence survey of health care-associated infections *N Engl J Med* 2014; **370**: 1198-208.
4. Slimings C, Riley TV. Antibiotics and hospital-acquired Clostridium difficile infection: update of systematic review and meta-analysis. *The Journal of antimicrobial chemotherapy* 2014; **69**: 881-91.
5. Lurienne L, Bandinelli PA, Galvain T et al. Perception of quality of life in people experiencing or having experienced a Clostridioides difficile infection: a US population survey. *J Patient Rep Outcomes* 2020; **4**: 14.
6. Nutbeam D. The evolving concept of health literacy. *Social science & medicine (1982)* 2008; **67**: 2072-8.
7. Sheard C, Garrud P. Evaluation of generic patient information: effects on health outcomes, knowledge and satisfaction *Patient education and counseling* 2006; **61**: 43-7.
8. de Bont EG, Alink M, Falkenberg FC et al. Patient information leaflets to reduce antibiotic use and reconsultation rates in general practice: a systematic review. *BMJ open* 2015; **5**: e007612.

Table 1.

Categories	Subcategories
Perceptions of factors causing CDI	The role of antibiotics
	Risk factors for CDI
Receiving information of the disease	Ways of receiving information
	Perceptions of information given
	Barriers that prevent successful information
	Suggestions for improving the process of information from healthcare staff
Thoughts about the future	Worries for future need of healthcare and antibiotics
	Strategies for future need of healthcare and antibiotics

INF015 - Recidiverande *Clostridioides difficile*-infektion: relaps eller reinfektion?

Infektion

Jon Edman Wallér^{1, 2}, **Gunnar Jacobsson**^{2, 3}

¹ Vårdhygien, Södra Älvsborgs Sjukhus, Borås

² Avdelningen för Infektionssjukdomar, Institutet för Biomedicin, Sahlgrenska Akademien, Göteborgs Universitet

³ Infektionskliniken, Skaraborgs Sjukhus, Skövde

Introduktion/Introduction

Clostridioides difficile-infektion (CDI) återkommer som recidiverande infektion i omkring 15-30 % av fallen (1). Recidivet orsakas oftast av samma bakteriestam som primärinfektionen (relaps), men kan också orsakas av en ny bakteriestam (reinfektion). Denna distinktion har dock sällan uppmärksamats, vare sig kliniskt eller i studier, trots att riskfaktorer eller prognos skulle kunna skilja sig åt. I studier används ofta en tidsgräns om maximalt åtta veckor från primärinsjuknandet för definition av recidiv. Denna gräns är dock framtagen för enhetliga övervakningsdata och ej vetenskapligt baserad (2).

Syftet med studien var att utvärdera hur olika tidsgränser presterar vad gäller att särskilja reinfektioner från relapser, och undersöka om riskfaktorer skiljer sig åt mellan relaps och reinfektion.

Metod/Method

Under två års tid (2020-2021) samlades samtliga positiva prover för CDI (faeces-PCR för toxin B, BDMax, n=426) från Södra Älvsborgs upptagningsområde in. Proverna vidarebefordrades till Unilabs laboratorium i Skövde där *C. difficile*-stammar från ursprungsproverna odlades fram och typades med High Molecular Weight (HMW)-typning (3) på MALDI-TOF (Bruker). Patienter med fler än ett positivt prov inom ett år identifierades och delades in i relapser (samma HMW-stam) respektive reinfektioner (olika HMW-stammar). Antalet dagar mellan positiva prover noterades, liksom potentiella riskfaktorer genom journalgranskning. Samma data samlades in på ett slumpmässigt urval av icke-recidiv som referensgrupp (n=60). Sensitivitet och specificitet för att särskilja reinfektion från relaps baserat på olika tidsgränser beräknades och sammanställdes i en receiver under the operating curve (ROC)-kurva. Statistisk signifikans avseende riskfaktorer beräknades med univariat logistisk regression.

Resultat/Result

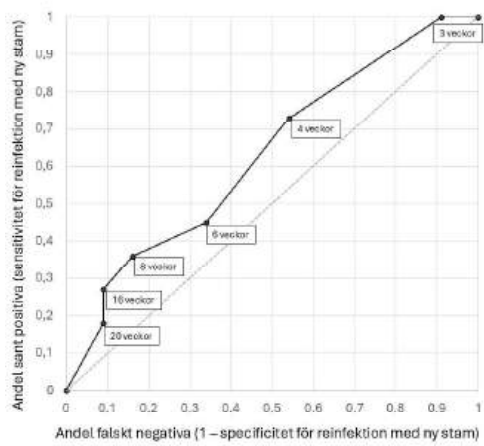
Vi identifierade 56 relapser och 11 reinfektioner. Sensitivitet för att särskilja relaps från recidiv baserat på en minsta tidsgräns om åtta veckor var 27 % (3/11) och specificiteten 91 % (51/56). Inga andra tidsgränser hade heller tillfredsställande förmåga att särskilja grupperna (Figur 1). Njursvikt och vårdtid efter primärinfektion var associerat med ökad risk för både relaps och reinfektion; för reinfektion var sambandet signifikant även för vårdtid före primärinfektion.

Konklusion/Conclusion

Åtta veckor, eller någon annan tidsgräns, är otillräckligt för att avgöra om ett CDI-recidiv är orsakat av samma eller en ny bakteriestam - för detta krävs typning. Riskfaktorer för relaps respektive reinfektion tycks vara likartade, men större patientmaterial behövs för att dra slutsatser om detta.

Referenser

1. Song JH, Kim YS. Recurrent *Clostridium difficile* Infection: Risk Factors, Treatment, and Prevention. Gut Liver. 2019 Jan 15;13(1):16-24. doi: 10.5009/gnl18071. PMID: 30400734; PMCID: PMC6346998.
2. McDonald LC, Coignard B, Dubberke E, Song X, Horan T, Kutty PK; Ad Hoc *Clostridium difficile* Surveillance Working Group. Recommendations for surveillance of *Clostridium difficile*-associated disease. Infect Control Hosp Epidemiol. 2007 Feb;28(2):140-5. doi: 10.1086/511798. Epub 2007 Jan 25. PMID: 17265394.
3. Rizzardi K, Åkerlund T. High Molecular Weight Typing with MALDI-TOF MS - A Novel Method for Rapid Typing of *Clostridium difficile*. PLoS One. 2015 Apr 29;10(4):e0122457. doi: 10.1371/journal.pone.0122457. PMID: 25923527; PMCID: PMC4414534.



INF018 - Utrymme för metagenomisk sekvensering i opartisk karakterisering av virus

Infektion

Gustaf Leijonhufvud^{1, 2}, *Tatiany Aparecida Teixeira Soratto*³, *Gabriel Machado Matos*⁴, *Amanj Bajalan*⁵, *Claudia Eichler-Jonsson*⁶, *Britt Gustafsson*², *Gordana Bogdanovic*⁶, *Tobias Allander*^{5, 6}, *Gustaf Ljungman*^{1, 2}, *Björn Andersson*⁴

¹ Department of Women's and Children's Health, Uppsala University, SE-75237 Uppsala, Sweden

² Department of Pediatric Hematology/Oncology, Children's University Hospital, SE-75185 Uppsala Sweden

³ Department of Microbiology, Immunology and Parasitology, Federal University of Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brazil

⁴ Department of Cell and Molecular Biology, Karolinska Institutet, SE-171 77 Stockholm, Sweden

⁵ Department of Microbiology, Tumor and Cell Biology, Karolinska Institutet, SE-171 77 Stockholm, Sweden

⁶ Department of Clinical Microbiology, Karolinska University Hospital, SE-171 76 Stockholm, Sweden

Introduktion/Introduction

För opartisk karakterisering av den virala floran är metagenomisk sekvensering ett kraftfullt verktyg (1). Denna metod innebär möjlighet att hitta alla virus inklusive virus som normalt inte testas för med vanliga diagnostiska analyser.

Metod/Method

Analys utfördes på totalt 476 pediatrika patientprover, insamlade i Uppsala mellan 1989 och 2018, representerande olika barn onkologiska diagnoser och en kontrollgrupp med icke-maligna diagnoser. Metagenomisk sekvensering utfördes på serumprover. Virus identifierades med hjälp av bioinformatiska metoder, följt av bekräftelse med hjälp av polymeraskedjereaktion (PCR).

Resultat/Result

Totalt 16 246 avläsningar av Parvovirus B19 upptäcktes i poolen med icke-maligna diagnoser. Två individuella prover bekräftades vara positiva för parvovirus B19 vid senare analys med PCR. Båda patienterna led vid provtagningstillfället av feber och lymfadenopati. En av patienterna hade även en svår anemi och diagnostiserades senare med ärftlig sfärocytos. Hos båda patienterna var parvovirusinfektionen den troliga orsaken till de akuta symtomen.

Konklusion/Conclusion

I dessa två fall av icke-malign sjukdom var den troliga orsaken till patienternas symptom en parvovirus B19-infektion. Denna infektion förbisågs både av barnläkare och barnonkolog, men upptäcktes i denna studie. Dessa exempel visar att metagenomisk sekvensering kan användas för att på ett effektivt och objektivt sätt studera virus. NextGeneration Sequencing (NGS) och förbättrade bioinformatiska metoder har ökat möjligheten till att använda denna teknik för opartisk karakterisering av den virala floran och skulle kunna utgöra ett förbättrat stöd i den kliniska bedömningen.

Referenser

1. M.R. Capobianchi, E. Giombini, G. Rozera, Next-generation sequencing technology in clinical virology, Clin. Microbiol. Infect. 19 (1) (2013) 15–22, <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12056>.

INF020 - Antibiotikasmart Sverige - visionen om ett samhälle där alla bidrar till att antibiotika fungerar och fortsätter rädda liv

Infektion

Anna Wimmerstedt^{1, 2}, *Inga Zetterqvist*³, *Madelene Danielsson*³, *Kerstin Stewart*³, *Åsa Olsson*¹, *Ulla Elofsson*⁴, *Katrin Skagert*⁴, *Maria Pränting*⁵, *Gunilla Skoog Ståhlgren*³

¹ NAG Strama

² Region Värmland

³ Folkhälsomyndigheten

⁴ RISE Research Institutes of Sweden

⁵ ReAct - Action on Antibiotic Resistance

Introduktion/Introduction

Antibiotikaresistens utgör en av världens största hälsoutmaningar där behovet av tvärprofessionellt samarbete och utökad samverkan över yrkes- och sektorsgränserna blir allt tydligare, liksom vikten av fokus på samspelet mellan människor, djur och natur, sk "one-health-approach"^{1,2}.

Antibiotikasmart Sverige³ är ett visionsdrivet samarbetsinitiativ som utgår från visionen "Ett samhälle där alla bidrar till att antibiotika fungerar och fortsätter rädda liv". Arbetet utgår från tre övergripande målområden: antibiotikasmarta invånare, antibiotikasmarta kommuner och regioner samt nationell och internationell samverkan.

Metod/Method

Antibiotikasmart Sverige utgår från ett personcentrerat arbetssätt och har fokus på beteendeförändring. Metoder och arbetssätt baseras på implementerings- och beteendekunskap, vilket ger struktur och ökar delaktigheten i arbetet. Modellen utgår från den erfarenhet och de arbetssätt som byggts upp i Sverige under många år.

Kriterier tas fram inom olika områden tillsammans med yrkesverksamma och pilottestas innan de lanseras i större skala. Verksamheter inom kommuner och regioner kan därefter arbeta med kriterierna och bli diplomerade som antibiotikasmarta. Kriterierna syftar till att skapa engagemang, ge inspiration och stimulera arbetet för att minska uppkomst av infektioner och bidra till ansvarsfull antibiotikaanvändning.

Resultat/Result

Antibiotikasmarta kriterier har tagits fram för regionala och kommunala verksamheter som förskolor, skolor, äldreboenden, vatten- och avloppsverksamheter, vårdcentraler och sjukhus samt på ledningsnivå. Hittills har 17 verksamheter uppfyllt kriterierna och blivit diplomerade, ytterligare ett 70-tal arbetar mot detta mål.

Intresse finns för kriterier inom fler områden såsom veterinärverksamheter och tandvården. Dialog pågår även med patientorganisationer, migrantnätverk och apotek för att gemensamt ta fram förslag på möjliga aktiviteter.

För att möjliggöra erfarenhetsutbyte mellan intressenter erbjuds mötesplatser för nätverkande.

Konklusion/Conclusion

Antibiotikasmart Sverige stödjer alla i samhället att agera antibiotikasmart – individer, verksamheter och beslutsfattare på olika nivåer. Visionen skapar en gemensam målbild som förstärker befintliga arbetssätt och underlättar för oss att nå nya aktörer.

Genom att skifta fokus på kommunikationen från hot till lösning kan vi öka medvetenheten och intresset för området.

Det vi alla gör varje dag spelar roll. När vi förstår varför och hur frågan berör just mig kan vårt engagemang öka. Genom att stödja beteenden som just jag kan bidra med kan vi underlätta förändring. Tillsammans kan vi bygga ett motståndskraftigt samhälle som motverkar utveckling av antibiotikaresistens.

Referenser

1. Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. Lancet. 2022 Feb 12;399(10325):629-655. doi: 10.1016/S0140-6736(21)02724-0. Epub 2022 Jan 19.
2. Demanding Immediate Action for Safeguarding Ability to Treat Disease, Enhance Food Security. United Nations. 7 October 2024, GA/1264
3. www.antibiotikasmartsverige.se



INF022 - Socioeconomic Burden of Tularemia Infection in Sweden: A 11-Year Cost Analysis of Healthcare Costs and Productivity Losses

Infektion

Martin Plymoth^{1, 2}, *Robert Lundquist*³, *Anders Nystedt*⁴, *Anders Sjöstedt*⁵, *Tomas N Gustafsson*¹

¹ Department of Clinical Microbiology, Sunderby Research Unit, Umeå University, Umeå, Sweden

² Westmead Hospital, Sydney, New South Wales, Australia

³ Department of Public Health and Clinical Medicine, Sunderby Research Unit, Umeå University, Umeå

⁴ Department of Communicable Disease Control, County Counsel of Norrbotten, Luleå, Sweden

⁵ Department of Clinical Microbiology, Umeå University, Umeå, Sweden

Introduktion/Introduction

Tularemia is a re-emerging disease in Sweden, frequently affecting working-age individuals and often resulting in prolonged recovery times. The disease-related economic impact has not previously been investigated outside bioterrorism scenarios. In this study we assess the economic burden associated with endemic tularemia in Sweden.

Metod/Method

Data on primary care visits, hospital admissions, and sick leaves were collected from participants with serology-confirmed tularemia through questionnaires and electronic medical records in Northern Sweden from 2011 to 2021. The dataset was enhanced with national cost-of-care data for tularemia in primary and specialist care from NordDRG (Diagnosis Related Group; 2021-2023), and sickness benefit data from the Social Insurance Agency (2011-2023). Total direct and indirect costs were estimated by integrating these data sources and adjusted for inflation to 2025 levels. Average salary and labor productivity (Gross Domestic Product [GDP] per person employed) was assumed.

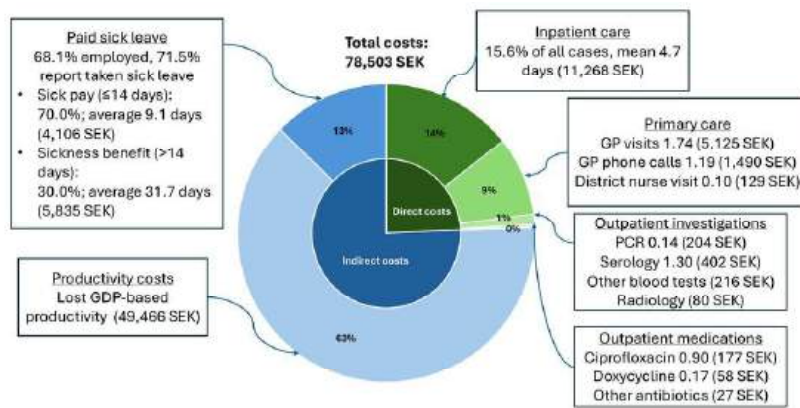
Resultat/Result

Among participants (n=294), the mean age was 52 years; 68.1% were employed or job-seeking, with 71.3% of these reporting sick leave during illness. Healthcare costs were primarily driven by general practitioner visits (mean 1.74 visits; 5,125 SEK per participant [p.p.]) and hospital admissions (15.6% of participants; mean 4.7 days; 11,268 SEK p.p.) with relatively low complexity (mean DRG weight 0.8), while antibiotic treatment and diagnostics were less costly (**figure 1**). Indirect costs included sick pay (≤ 14 days; 70.0%; 4,106 SEK p.p.), sickness benefit (> 14 days; 30.0%; 5,835 SEK p.p.), and lost GDP-based productivity, and made up 75.7% of total costs (78,503 SEK p.p.).

A mean of 394 (range 87-1,048) tularemia cases per year were reported to the Swedish Public Health Agency between 2011-2023. The estimated annual societal cost of human tularemia infection was 30.9 million SEK (range 6.8-82.3 million SEK).

Konklusion/Conclusion

Tularemia imposes a significant socioeconomic burden on society primarily through morbidity and prolonged recovery. Regional outbreaks could have detrimental effects on local economy and public services. Further evaluation of the cost-effectiveness of primary and secondary preventive measures is required.



Mikrobiologi

MIK105 - Artificiell intelligens i klinisk mikrobiologisk diagnostik för att förutsäga bakteriell antibiotikaresistens

Mikrobiologi

Magnus Hessel^{1, 2, 3}, *Francisco Salva Serra*^{1, 2}, *Lisa Helldal*^{1, 2}, *Juan Salvador Inda Diaz*^{3, 4}, *Anders Sjöberg*^{5, 6}, *Anna Johnning*^{3, 4, 5}, *Erik Kristiansson*^{3, 4}, *Susann Skovbjerg*^{1, 2, 3}

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

² Department of Clinical microbiology, Sahlgrenska University Hospital, Region Västra Götaland, Gothenburg, Sweden

³ Centre for Antibiotic Resistance Research (CARE), University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

⁴ Department of Mathematical Sciences, Chalmers University of Technology and University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

⁵ Department of Systems and Data Analysis, Fraunhofer-Chalmers Centre, Gothenburg, Sweden

⁶ Department of Electrical Engineering, Chalmers University of Technology, Gothenburg, Sweden

Introduktion/Introduction

Antimikrobiell resistens (AMR) hotar kärnan i modern sjukvård. Användning av antibiotika bidrar till detta globala hälsohot. Vårdpersonal behöver nya, snabba och kostnadseffektiva diagnostiska verktyg för att möta hotet. Användningen av artificiell intelligens (AI) inom medicinsk diagnostik har stor potential, men i mikrobiologi är användningen ännu begränsad.

Metod/Method

En ny AI-metod för att förutsäga antibiotikaresistens har utvecklats vid Chalmers Tekniska Högskola. Metoden använder patientdata och resultat från antibiotikaresistenstester för att förutsäga bakteriers känslighet för antibiotika, även för antibiotika som inte testats, och med möjlighet till begränsning vid för hög osäkerhet. I studien analyserades 99 *E. coli*-isolat från urinprov från patienter på sjukhus och vårdcentraler i Göteborg med omnejd. Antibiotikaresistens testades fenotypiskt enligt EUCAST diskdiffusionsmetod och AI-metoden tillämpades för att göra förutsägelser om antibiotikakänslighet för 14 antibiotika.

Resultat/Result

Andel korrekta förutsägelser för de kliniska isolaten var 72-80% med en osäkerhetsnivå på 10% för förutsägelser baserat på 4-8 antibiotika med känd antibiotikakänslighet. För enskilda antibiotika var 81-89% av förutsägelserna korrekta för 12 av de 14 ingående antibiotika. För gentamicin och amoxicillin/klavulansyra var andelen lägre, 75% respektive 64%.

Konklusion/Conclusion

Den kliniska utvärderingen var framgångsrik och visade liknande resultat som referensdata och presterade bra för 12 av 14 antibiotika. Den kliniska användbarheten som direkt beslutsstöd är begränsad utan förbättringar, såsom att inkludera genomiska eller proteomiska data, eller att direkt använda mätning av zondiameter enligt diskdiffusionsmetod.

Referenser

1. Inda-Diaz JS, Johnning A, Hessel M, Sjöberg A, Lokrantz A, Helldal L, Jirstrand M, Svensson L, Kristiansson E: Confidence-based Prediction of Antibiotic Resistance at the Patient-level Using Transformers. *bioRxiv* 2023:2023.2005.2009.539832.

MIK106 - Rapid AST for patients with suspected urosepsis - optimized sample management to reduce time to guide antibiotic therapy

Mikrobiologi

Maria Rolf¹, Emma Davies², Emma Lönn¹, Jenny Fernberg², Khayrun Nahar², Alexandra Rafeletou², Amanda Åmar², Håkan Öhrn², Jonas Ångström², Cecilia Johansson², Anna Olsson², Christer Malmberg^{2, 3}, Martin Sundqvist⁴

¹ Department of Laboratory Medicine, Clinical Microbiology, Örebro University Hospital, Örebro, Sweden

² Gradientech AB, Uppsala, Sweden

³ Department of Medical Sciences, Uppsala University, Uppsala, Sweden

⁴ Department of Laboratory Medicine, Clinical Microbiology, Faculty of Medicine and Health, Örebro University, Örebro, Sweden

Introduktion/Introduction

Rapid AST (rAST) methods are increasingly being adopted to reduce time to guided antibiotic treatment in critically ill patients. From these patients, both urine and blood cultures are usually obtained. In this study, we investigated to which sample rAST is best applied for optimizing turnaround time, by comparing the QuickMIC rAST system and the laboratory standard methods (open daytime 7 days per week with introduction of BC 24/7) for both sample-flows.

Metod/Method

Urine and blood cultures collected within ± 2 h from the same patient were tested using the QuickMIC rAST system and standard methods (direct disc-diffusion from urine and blood). The total turnaround-time (TTAT, time from patient sampling to actionable AST result) for QuickMIC and routine methods were compared. The QuickMIC result accuracy was tested using reference BMD.

Resultat/Result

A total of 149 out of 158 patient samples were monomicrobial, non-fastidious Gram-negative bacteria and thus included. Of these, 87 were isolates from urine and 62 were positive blood cultures (PBC). The QuickMIC overall categorical/essential agreement to BMD for bacterial isolates from urine and PBC was 98.6/96.1% and 98.2/96.1%, respectively. There were 40 patients with species-matched findings from blood and urine, for these the median TTAT from PBC was 26.1h (IQR:16.5h) for QuickMIC vs. 35.4h (IQR:15.8h) with standard method. For isolates from urine cultures the corresponding times were 44.4h (IQR:18.4h) using QuickMIC and 39.5h (IQR:13.9h) (direct disc-diffusion from urine, five antibiotics) and 57.7h (IQR:16.5h) (extended panel of antibiotics). Compared to the extended AST results, QuickMIC was faster than routine in 79.7% of samples from urine, and 100% of samples from PBC. QuickMIC results were available before first routine AST from urine/PBC in 19.0/88.5% of all tests.

Konklusion/Conclusion

Rapid AST results for patients with suspected sepsis can potentially be quicker from urine culture isolates compared to from PBC. It is important to investigate which patient subgroups benefit from rAST, considering the increased costs. Many new rAST methods are developed for blood culture only, but this study indicates that also other sample types associated with severe disease are of interest.

MIK107 - Resistensbestämning med QuickMIC på blododlingar med gramnegativa bakterier i kliniskt flöde - jämförelse av tid till resultat med diskdiffusion

Mikrobiologi

Sofia Persson¹, *Anna Olsson*², *Cecilia Johansson*², *Thomas Tängdén*^{3, 4}, *Christer Malmberg*^{2, 4}

¹ Avdelningen för klinisk mikrobiologi, Akademiska sjukhuset, Uppsala

² Gradientech AB, Uppsala

³ Infektionskliniken, Akademiska sjukhuset, Uppsala

⁴ Institutionen för medicinska vetenskaper, Uppsala universitet, Uppsala

Introduktion/Introduction

Korrekt antibiotikabehandling är avgörande vid sepsis. Ett snabbt resistensbesked bidrar till att patienten kan få korrekt behandling tidigare. Den vanligaste resistensbestämningen (AST) från blododling dröjer 16-24h, med undantag för snabbmetoden RAST direkt från blododlingsflaska som kan utläsas efter 4-8h. AST-systemet QuickMIC MIC-bestämmer 12 antibiotika på 2-4h. Här undersökte vi positiva blododlingar med gramnegativa bakterier med ordinarie resistensbestämningsmetod (inkl. RAST i förekommande fall) eller QuickMIC. Studien jämförde tiden till resultat för metoderna, samt om resistensbestämningen vägledde en ändring av den initiala behandlingen. Den teoretiska vinsten med QuickMIC med avseende på tidigare möjlighet till de-eskalering/eskalering uppskattades via retrospektiv analys.

Metod/Method

138 blododlingar med gramnegativa bakterier insamlades i tre perioder under 2021-2022 och resistensbestämdes parallellt. Svarstiderna jämfördes räknat utifrån provtagningstiden. Tidpunkten för rutinresultatet definierades utifrån svarstid i patientjournalssystemet, och tid till resultaten för QuickMIC inhämtades från QuickMIC Analyst mjukvara. Huruvida initial empirisk behandling varit korrekt eller krävde justering avseende preparat eller dos, samt tid för justeringen, undersöktes via retrospektiv journalgenomgång.

Resultat/Result

Av 138 prover gav 114 jämförbara resultat och 24 prover exkluderades, pga. tekniska (n=10) eller biologiska (polymikroba, anaeroba eller svårödlade prover, n=14) orsaker. Prestanda för QuickMIC gentemot rutindiagnostik var hög med en genomsnittlig kategorisk överensstämmelse på 95.8% (Tabell 1). Genomsnittlig analystid var 3h 9min, jämfört med 4-6h för RAST och 16-24h för diskdiffusion. Otillräcklig empirisk behandling gavs initialt i 15 fall (13.2%), och för 34 patienter (29.8%) justerades den empiriska behandlingen (Tabell 2), varav 17 efter tillgängligt AST-svar (10 de-eskalering, 6 eskalering, 1 okänt). RAST-svar förekom i 6/114 fall (5.2%), och ledde enbart till 1 (0.8%) förändrad behandling (de-eskalering). I alla 17 AST-vägledda fall fanns QuickMIC-svar tillgängliga innan rutindiagnostik, vilket hade möjliggjort en genomsnittlig minskning i tiden till definitiv behandling med 37.8h (4.9h-97.9h). I denna patientkohort hade QuickMIC teoretiskt kunnat optimera behandlingen i totalt 643 vårdtimmar (104h ej effektiv behandling, 492h onödigt bred behandling).

Konklusion/Conclusion

Snabba AST-system som QuickMIC är associerade med högre kostnad per test, men kan leda till minskad onödig användning av bredspektrumantibiotika och förkorta tiden till riktad mikrobiologiskt aktiv behandling även i en kontext med låg resistensnivå. Huruvida detta kan leda till förbättrat kliniskt utfall kommer att undersökas i prospektiva studier.

Tabell 1: QuickMIC-resultat jämfört med rutinmetod

AB	Fester	CA (%)	S	I	R	MSD (%)	MD (%)	VPMD (%)	Tid (min)
Amikacin	95	95 (100)	97	0	0	0 (0)	0 (0)	0 (0)	158
Ciprofloxacin	104	95 (91.3)	88	7	11	6 (5.8)	2 (1.9)	1 (1)	196
Cefotaxim	103	100 (97.1)	96	0	7	0 (0)	2 (1.9)	1 (1)	204
Ceftazidim	108	103 (95.4)	97	8	3	3 (2.8)	1 (0.9)	1 (0.9)	197
Piperacillin-tazobactam	110	105 (95.5)	101	4	6	1 (0.9)	0 (0)	4 (3.6)	195
Tobramycin	104	100 (96.2)	100	0	6	0 (0)	2 (1.9)	2 (1.9)	188
Totalt	624	698 (95.8)	579	19	35	10 (1.6)	7 (1.1)	9 (1.4)	190

AB: De 6 antibiotika av 12 på QuickMIC OM-panel som rutinmässigt testades. CA: kategorisk överensstämmelse, S: känslig, I: känslig vid lågt antibiotikaspörings, R: resistent, MD: mindre aktivt fel (S istället för I eller tvärtom), MSD: mer aktivt fel fel (R istället för S), VPMD: mycket aktivt fel (S istället för R)

Tabell 2: Justerade behandlingar

Orsak till justering	Alla	Efter AST- test ^a	Tidväntat QuickMIC jämfört med rutin
De-escalation ^b	14	19	492 h
Extension ^c	13	8	164 h
Li blockering av art	3	0	0
Arman	2	0	0
Ökad osäker teknisk	2	1	47 h
Totalt	34	17	643 h

^a downscaling, byte till mindre spektrum eller oral stop-down

^b downscaling eller byte till bredare spektrum

MIK121 - Encapsulated faecal microbiota transplantation: a comparison of three preparation protocols

Mikrobiologi

Anna Eringfält¹, Rasmus Persson², Lars-Ola Arvidsson¹, Marie-Louise Casse¹, **Emma Löfström¹**, Johan Undén^{3, 4}, Arne Kötz¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Hallands sjukhus Halmstad

² Linköpings universitet

³ Anestesi och Intensivvårdskliniken Hallands sjukhus Halmstad

⁴ Institutionen för kliniska vetenskaper Lund Universitet

Introduktion/Introduction

Faecal Microbiota Transplantation (FMT) from donors is successfully used to treat recurrent *Clostridioides difficile* infection and is discussed as treatment for other diagnoses¹. Due to shortages of FMT treatments in Europe there is a need to work with efficient methods for preparing and transplanting faecal microbiota². Capsules are easier to administer compared to FMT via endoscopy or enema. The aims of this study are to compare effectiveness of three protocols for FMT capsule preparation and quality of capsules produced.

Metod/Method

Preparation protocols were based on established methods for FMT capsule preparation, with some modifications³⁻⁵. Four individual donors donated faeces three times each. Capsules were prepared simultaneously according to protocols A-C. Volume of processed faeces solution was measured. Bacterial counts of unprocessed faeces and thawed frozen FMT capsules were analysed by bacterial culture and by 16S rRNA SYBR green qPCR. Propidium monoazide treatment (PMAxxTM) was performed prior to PCR analysis to eliminate non-viable bacteria. Using SPSS, data were analysed with Kruskal-Wallis test and significant results further analysed with multiple Mann-Whitney U test and Bonferroni correction.

Resultat/Result

Volume of processed faeces solution significantly differed between preparation protocols ($p < 0,05$), median ranging between 7-35 mL from 25 grams unprocessed faeces. Due to these differences in volume the number of capsules produced with each protocol varied. No differences were seen in concentration of living bacteria in capsules or concentration of living bacteria in capsules in proportion to unprocessed faeces ($p > 0,05$).

Konklusion/Conclusion

Number of capsules produced, but not bacterial concentration, significantly differed between the three FMT capsule preparation protocols compared. This suggests that a FMT treatment could consist of a fixed number of capsules, rather than the number of capsules equal to a certain weight of unprocessed faeces, with maintained quality. The A and B protocols could be more efficient than the C protocol considered the higher number of capsules produced from the same amount of faeces. Bacterial species in capsules compared to unprocessed faeces from the protocols will be analysed with 16S longread sequencing to further compare capsule quality

Referenser

1. Paaske SE, Baumwall SMD, Rubak T, Birn FH, Rågård N, Kelsen J, Hansen MM, Svenningsen L, Krarup AL, Fernis CMC, Neumann A, Lødrup AB, Glerup H, Vinter-Jensen L, Helms M, Erikstrup LT, Grosen AK, Mikkelsen S, Erikstrup C, Dahlerup JF, Hvas CL. Real-world Effectiveness of Fecal Microbiota Transplantation for First or Second *Clostridioides difficile* Infection. Clin Gastroenterol Hepatol. 2024 Jun 11:S1542-3565(24)00514-7. doi: 10.1016/j.cgh.2024.05.038. Epub ahead of print. PMID: 38871148.
2. Baunwall SMD, Terveer EM, Dahlerup JF, Erikstrup C, Arkkila P, Vehreschild MJ, Ianiro G, Gasbarrini A, Sokol H, Kump PK, Satokari R, De Looze D, Vermeire S, Nakov R, Brezina J, Helms M, Kjeldsen J, Rode AA, Kousgaard SJ, Alric L, Trang-Poisson C, Scanzi J, Link A, Stallmach A, Kupcinskis J, Johnsen PH, Garborg K, Rodríguez ES, Serrander L, Brummer RJ, Galpérine KT, Goldenberg SD, Mullish BH, Williams HR, Iqbal TH, Ponsioen C, Kuijper EJ, Cammarota G, Keller JJ, Hvas CL. The use of Faecal Microbiota Transplantation (FMT) in Europe: A Europe-wide survey. Lancet Reg Health Eur. 2021 Jul 19;9:100181. doi: 10.1016/j.lanepe.2021.100181. PMID: 34693388; PMCID: PMC8513118.
3. Personal communication
4. Stefansson M, Bladh O, Flink O, Skolling O, Ekre HP, Rombo L, Engstrand L, Ursing J. Safety and tolerability of frozen, capsulized autologous faecal microbiota transplantation. A randomized double blinded phase I clinical trial. PLoS One. 2023 Sep 27;18(9):e0292132. doi: 10.1371/journal.pone.0292132. PMID: 37756322; PMCID: PMC10529588.

5. Hansen MM, Rågård N, Andreassen PW, Paaske SE, Dahlerup JF, Mikkelsen S, Erikstrup C, Baunwall SMD, Hvas CL. Encapsulated donor faeces for faecal microbiota transplantation: the Glyprotect protocol. *Therap Adv Gastroenterol*. 2024 Oct 13;17:17562848241289065. doi: 10.1177/17562848241289065. PMID: 39421003; PMCID: PMC11483698.

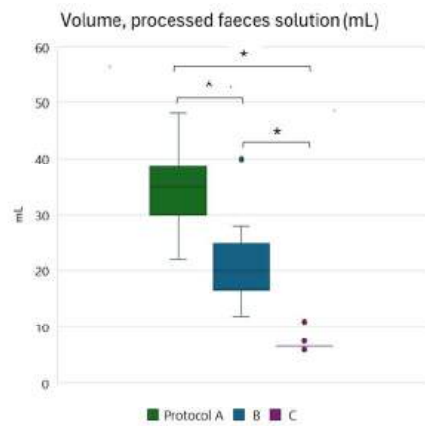


Figure 2. Volume of processed faeces solution from 25 grams unprocessed faeces.
* = $p < 0,05$.

MIK129 - Art-ID med hög upplösning baserat på helgenomsekvensering - *Achromobacter*

Mikrobiologi

Annika Nilsson Wallin^{1, 2}, Guillem Seguí Crespi^{1, 2}, Anders Werner^{1, 2}, Erika Tång Hallbäck^{1, 2}, Bodil Jönsson^{1, 2}, Liselott Svensson^{1, 2}, Edward RB Moore^{1, 2}

¹ Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska universitetssjukhuset, Göteborg

² Institutionen för biomedicin, avdelningen för infektionssjukdomar, Sahlgrenska akademien, Göteborgs universitet, Göteborg

Introduktion/Introduction

Achromobacter är gram-negativa bakterier i familjen *Alcaligenaceae* som förekommer naturligt i miljön och som kan orsaka opportunistiska infektioner hos mottagliga individer. Hos patienter med cystisk fibros förekommer *Achromobacter* som kolonisator/opportunistisk patogen och förvärvandet av vissa *Achromobacter*-arter korrelerar med försämrad lungfunktion. Korrekt art-ID inom genuset är därför viktigt men svårt. Metoder baserat på biokemisk profilering, MALDI-TOF eller jämförelse av 16SrDNA-sekvens ger inte tillräcklig upplösning. Sekvensering och analys av andra house-keeping gener (ex; *recA*) har förbättrat upplösningen men art-ID inom genuset *Achromobacter* är fortfarande utmanande.

Metod/Method

49 unika *Achromobacter*-isolat insamlade på klinisk mikrobiologi under 2012-2023 helgenomsekvenserades med IonTorrent-teknologi. Identifiering med MALDI-TOF vid tidpunkten för isolering identifierade samtliga isolat som *A. xylosoxidans/denti*. Analys av HGS-data med avseende på arttillhörighet gjordes med CLC Genomics Workbench samt de web-baserade verktygen JspeciesWS och TYGS. Art-ID jämfördes sedan med tidigare analysresultat från *recA*-sekvensering vid Culture Collection University of Gothenburg (CCUG).

Resultat/Result

43/49 sekvenserade isolat kunde identifieras ända till art-nivå vid analys av HGS-data. Majoriteten av isolaten tillhörde *Achromobacter xylosoxidans* (33). Övriga arter som identifierades var *A. mucicolens* (1), *A. insolitus* (1), *ruhlandii* (2), *insuavis* (2), *denitrificans* (1), *aegrifaciens* (1) och *dolens* (1). 6/49 isolat kunde endast identifieras till genus-nivå som *Achromobacter*-arter och är sannolikt nya arter. Analys av *recA* överensstämde med HGS-resultaten med ett undantag. Ett isolat som tidigare identifierats som *Achromobacter dolens* baserat på *recA*-sekvensen identifierades som *Achromobacter xylosoxidans* vid analys av HGS-data. Korrekt art-ID ska vara *Achromobacter xylosoxidans*. Fördjupad analys av *recA*-sekvenser från publikt tillgängliga *A. xylosoxidans*-stammar visar en variation inom arten där vissa stammar har *recA*-sekvenser som är mer lika sekvensen hos typstammen av *A. dolens* än typstammen av *A. xylosoxidans*. Detta förklarar det felaktiga art-ID som erhöles vid analys av *recA*-sekvensen.

Konklusion/Conclusion

Identifiering av *Achromobacter* isolat till art-nivå är svårt. Art-ID baserat på sekvensering av housekeeping-gener ger bra upplösning inom genuset *Achromobacter*, men vid analys av endast en gen kan resultatet bli missvisande. Art-ID vid analys av HGS-data jämför hela genom-sekvensen mot en referens (typ-stam). Resultatet är därför mer robust mot påverkan av lokala genetiska variationer, vilket är en stor fördel.

MIK130 - Helgenomsekvensering för resistensbestämning av *Mycobacterium tuberculosis*-komplexet vid Sahlgrenska Universitetssjukhuset.

Mikrobiologi

Gustav Svärd¹, Anders Werner¹, Erika Tång Hallbäck¹, Annika Nilsson Wallin¹, Bodil Jönsson¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Göteborg

Introduktion/Introduction

Resistensbestämning av *Mycobacterium tuberculosis*-komplexet (MTB) har på Sahlgrenska Universitetssjukhuset i Göteborg tidigare utförts med fenotypisk metod för förstahandspreparaten vid TB-behandling samt för kinoloner. Metoden använder BACTEC MGIT-systemet (BD) för att jämföra tillväxt i närvaro av antibiotika vid en definierad brytpunktskoncentration med tillväxt i frånvaro av antibiotika. Det tar ofta ca två veckor från identifiering av MTB till svar på resistensbestämning. Vid utebliven växt i kontrollen eller kontamination behöver förfarandet göras om och svarstiden förlängs avsevärt. Det är sedan tidigare visat att fenotypisk och genotypisk resistensbestämning med helgenomsekvensering (HGS) har god överensstämmelse för dessa preparat och metoden används internationellt. I strävan att minska hanteringen av framväxt MTB, samarbetar alla TB-laboratorium i Sverige med Folkhälsomyndigheten för övergång till genotypisk resistensbestämning. Hos isolat känsliga för förstahandspreparaten och kinoloner vid resistensbestämning med HGS ska detta räcka som enda metod. Metoden infördes som förstahandsmetod på Sahlgrenska Universitetssjukhuset november 2024.

Metod/Method

Framväxta isolat tillhörande MTB-komplexet helgenomsekvenserades 1 gång/vecka. Sekvenserna skickades elektroniskt till Folkhälsomyndigheten för tolkning av resistens utifrån kända resistensmutationer. Data gällande tidpunkt för artbestämning, genetisk resistensbestämning, komplett fenotypisk resistensbestämning samt resultat av fenotypisk respektive genotypisk resistensbestämning samlades in och jämfördes. Den fenotypiska och genetiska resistensbestämningen avser samma antibiotikaurval. Median och medelvärde gällande tid från artbestämning till respektive komplett resistensbestämning kalkylerades och jämfördes med motsvarande värden för alla isolat som resistensbestämde under 2023.

Resultat/Result

De 22 isolat som resistensbestämts med HGS under perioden november 2024 till februari 2025 utvärderades. Medelvärdet i antal dagar var 14,6 från typningsresultat MTB till svar på resistensbestämning (median 14,5). För isolat från 2023 (n=48) som resistensbestämts fenotypiskt var motsvarande medelvärde 14,1 dagar (median 13 dagar). Resultaten för fenotypisk respektive genotypisk resistensbestämning stämde överens.

Konklusion/Conclusion

Genotypisk resistensbestämning med HGS har jämförbara svarstider med fenotypisk resistensbestämning och en fördel är att man samtidigt erhåller epidemiologisk typning, artidentifiering och påvisning av eventuella kända resistensmutationer för övriga TB-preparat. Nu utförs HGS en gång/vecka. Trots detta är tiderna jämförbara då en fenotypisk resistensbestämning kan behöva upprepas eller kompletteras. Risken för försenade resistensbesked är låg med HGS, men vanligare med en fenotypisk metod. Införande av sekvensering oftare än 1 gång/vecka skulle förkorta svarstiderna ytterligare.

MIK131 - Kort preinkubering av blododlingsflaskor för att öka känsligheten vid diagnostik av bakteriemi med 16S Nanopore sekvensering

Mikrobiologi

David Nestor^{1, 2}, *Marita Ekström*¹, *Paula Mölling*^{1, 2}, *Martin Sundqvist*^{1, 2}

¹ Laboratoriemedicinska kliniken, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset Örebro

² Fakulteten för Medicin och Hälsa, Örebro Universitet

Introduktion/Introduction

Bred molekylärbioologisk diagnostik, som 16S metagenomisk analys med long read sekvensering, har potential att förkorta tiden till diagnos vid bakteriemi. Metoden begränsas huvudsakligen av den mycket låga bakteriemängden hos infekterade patienter, vanligen kring 1-10 CFU/mL. I denna pilotstudie undersökte vi om fyra timmars preinkubering av blododlingsflaskor innan DNA-extraktion kunde öka metodens känslighet.

Metod/Method

Prover från RISE-studien, en prospektiv kohort-studie om samhällsförvärd bakteriemi användes [1]. Från varje patient hade en extra blododlingsflaska (BACTEC® Plus Aerobic/F, BD, USA) inkuberats i 4 timmar, varefter subkultur utfördes över natt och resterande material frystes. Prover från 7 patienter med positiv blododling i rutinmässig diagnostik (*S. aureus* n=2, *E. coli* n=2 samt en vardera av *C. acnes*, *S. pneumoniae* och *Aerococcus urinae*) samt en negativ kontroll analyserades. Tre av de preinkuberade proverna uppvisade växt vid subkultur över natt, medan övriga prover var utan synlig växt. Proverna extraherades med tre olika metoder (In-house metod; MoYsis Complete5 (MolzYM, Tyskland) och QIAAmp Microbiome kit (QIAGEN, Tyskland) [2]). DNA-extraktionerna renades ett extra steg med AMPure XP beads (Beckman Coulter, USA) och bibliotekspreparation utfördes med ett optimerat 16S Nanopore Barcoding kit protokoll (24 v14, SQK-16S114.24 Oxford Nanopore Technologies, ONT, England). Proverna sekvenserades med R10 flödescell (ONT). Sekvenserna analyserades med 1928-diagnostics (<https://www.1928diagnostics.com/>) och resultaten jämfördes med odlingsresultaten.

Resultat/Result

MolzYM-protokollet för extraktion gav bäst resultat i form av flest påvisade 16S-sekvenser och redovisas här. I 6/7 (86%) blododlingspositiva prover kunde samma bakterie påvisas med 4h preinkubering och 16S-sekvensering. Samtliga tre prover med synlig växt efter 4h hade tydligt positiva 16S-resultat med högt antal 16S-sekvenser (68 302–100 000) och hög andel korrekta sekvenser (99.9–100%). Resterande tre 16S-positiva prover med ej påvisbar växt hade lägre totalt antal sekvenser (8–650) och lägre andel korrekta sekvenser (12.5–96.7%).

Konklusion/Conclusion

Fyra timmars preinkubering av blododlingsflaskor följt av 16S Nanopore-sekvensering kan möjliggöra snabbare diagnostik av samhällsförvärd bakteriemi. Metoden har potential att påvisa bakterier även i prover utan synlig växt vid subkultur över natt från samma flaskor. För prover med låg bakteriemängd finns dock en ökad risk för bakgrundskontamination och ospecifika sekvenser. En större studie med fler prover ur RISE-kohorten pågår.

Referenser

1. Nestor D, Andersson H, Kihlberg P, Olson S, Ziegler I, Rasmussen G, et al. Early prediction of blood stream infection in a prospectively collected cohort. BMC Infectious Diseases. 2021;21(1):316.
2. Liu YH, Xu YM, Xu XY, Chen XH, Chen HL, Zhang JJ, et al. Metagenomic identification of pathogens and antimicrobial-resistant genes in bacterial positive blood cultures by nanopore sequencing. Front Cell Infect Mi. 2023;13.

MIK136 - Kartläggning av plastavfall baserad på metodbyten för fecesdiagnostik

Mikrobiologi

Lynda Eneh^{1, 2}, **Özlem Dogan**^{2, 3}, **Sodabeh Alavi**¹, **Agnes Böhlin Wiener**¹, **Volkan Özenci**^{1, 2}

¹ Avdelningen för Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhuset, Stockholm, Sverige.

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

³ Koc University-Is Bank Center för Infektiösa sjukdomar.

Introduktion/Introduction

Plastavfall är ett växande problem i hela världen och hälso- och sjukvården är inget undantag [1]. Många innovativa diagnostiska metoder fokuserar på prestandaindikatorerna sensitivitet, specificitet och kostnadseffektivitet [2]. Däremot är nya metoders miljöpåverkan från plast ofta förbisedda. Vi anser att plastförbrukningen med nya metoder måste analyseras för att kunna beskriva metodens prestanda när det gäller miljöpåverkan. I denna studie analyserade vi plastavfall som genererats av tre olika diagnostiska metoder för mikrobiologisk diagnos av bakteriella gastrointestinala infektioner (GI).

Metod/Method

Vid Karolinska universitetssjukhusets mikrobiologiska laboratorium introducerades Amplidiag® multiplex PCR-metoden 2021 för diagnostik av bakteriella gastrointestinala (GI) patogener. År 2024 ersattes den av BD MAX® Multiplex PCR-assay. Vi jämförde dessa två metoder med avseende på plastavfall i relation till den traditionella odlingsmetoden. För detta ändamål beräknades mängden återvinningsbar och icke-återvinningsbar plast per prov och år (i kilo) för samtliga tre metoder. Därefter analyserade vi data från en tolvårsperiod (2011–2023) baserat på antalet prover som har testats vid vårt center.

Resultat/Result

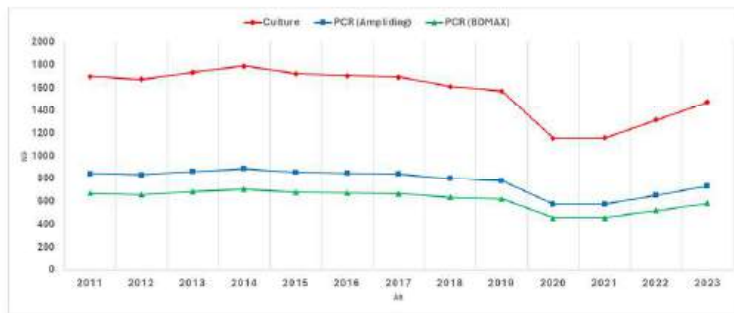
Resultaten visade en statistisk skillnad mellan de tre metoderna när det gäller plastavfall ($p < 0,0001$). Medan Amplidiag® PCR genererar nästan tre gånger mer återvinningsbar plast jämfört med BD MAX® PCR-metoden, hade BD MAX® PCR betydligt mindre plastavfall jämfört med Amplidiag® PCR ($p < 0,01$). Det uppskattas att cirka 13 000 kg plastavfall hade kunnat undvikas om PCR-baserade metoder hade använts från 2011 till 2023 (Figur 1). Det är viktigt att notera att övergången från standardodling till PCR-baserade metoder för bakteriell GI-diagnostik under 2021–2023 resulterade i en minskning av plastavfallet med 60%, vilket förhindrade cirka 3 000 kg plastavfall.

Konklusion/Conclusion

Även om analytisk prestanda prioriteras vid införande av nya diagnostiska metoder, visar denna studie att även miljöaspekter bör beaktas. Detta kan göras genom användning av mätbara och beräkningsbara metoder.

Referenser

1. Molero A, Calabrò M, Vignes M, Gouget B, Gruson D. 2021. Sustainability in healthcare: perspectives and reflections regarding laboratory medicine. *Ann Lab Med* 41(2):139–144. <https://doi.org/10.3343/alm.2021.41.2.139>.
2. Jhaveri TA, Weiss ZF, Winkler ML, Pyden AD, Basu SS, Pecora ND. 2024. A decade of clinical microbiology: top 10 advances in 10 years: what every infection preventionist and antimicrobial steward should know. *Antimicrob Steward Healthc Epidemiol* 4(1) <https://doi.org/10.1017/ash.2024.10>.



Figur 1. Den beräknade mängden av plast per metod vid diagnos av bakteriella gastrointestinala infektioner.

Poster

Infektion

INF002 - Förekomst av amoxicillinresistens hos *H. influenzae* i luftvägsodlingar från primärvård och sjukhusvård- en registerbaserad studie

Infektion

Rebecka Wahlberg¹, Cecilia Magnusson², Katarina Hedin³, Anna Åkerlund⁴

¹ ST-läkare infektionskliniken, Region Jönköpings län

² Överläkare infektionskliniken, Region Jönköpings län. Doktorand.

³ Specialist i allmänmedicin, Region Jönköpings län. PhD, adjungerad professor.

⁴ Överläkare mikrobiologen, Region Östergötland

Introduktion/Introduction

Majoriteten av patienter med luftvägsinfektioner handläggs i primärvård, där luftvägsodling sällan tas. Vid samhällsförvärd pneumoni är *S. pneumoniae* det vanligaste odlingsfyndet (1). Vid KOL-exacerbation är *H. influenzae* (HI) den vanligaste luftvägspatogenen (2), följt av *M. catarrhalis* och *S. pneumoniae* (3).

I luftvägsodlingar från Region Jönköpings län ses en ökande amoxicillinresistens, ca 30-40%, hos *H. influenzae* (HI), (Bilaga 1). Syftet med studien var att beskriva hur ofta och vilka luftvägspatogener som förekommer i luftvägsodlingar tagna i primärvård respektive sjukhusvård. Därtill studera eventuella skillnader i amoxicillin- och amoxicillin/klavulansyra-resistensen hos HI mellan odlingar tagna i primärvård respektive sjukhusvård.

Metod/Method

Denna retrospektiva registerstudie inkluderade alla nasopharynx- och sputumodlingar tagna i Region Jönköpings län åren 2014-2019. Förekomst av luftvägspatogener (*H. influenzae*, *S. pneumoniae*, *M. catarrhalis*) beräknades som andelar. Amoxicillin/amoxicillin-klavulansyrare Resistens hos *H. influenzae* beräknades som andelar.

Resultat/Result

Totalt togs 50341 luftvägsodlingar, varav 9% (4290/50341) av odlingarna var tagna i primärvård. Andelen luftvägsodlingar positiva för HI, *S. pneumoniae* eller *M. catarrhalis* var 16% (8145/50341), 27% (1140/4290) i primärvård och 15% (7005/46051) i sjukhusvård ($p < 0.001$).

I primärvården utgjorde HI 55% (663/1208) av luftvägspatogenerna jämfört med 40% (2959/7348) från sjukhusvården ($p < 0.001$). Amoxicillinresistensen hos HI var totalt 29% (1047/3610), utan signifikant skillnad mellan primärvård 28% (183/663) och sjukhusvård 29% (864/2947) ($p = 0.61$).

Andelen HI-isolat som var resistenta mot både amoxicillin och amoxicillin/klavulansyra var 10% (362/3608). Ingen signifikant skillnad sågs i resistens mellan primärvård, 9% (59/663) och sjukhusvård, 10% (303/2945) ($p = 0.43$).

Konklusion/Conclusion

Våra resultat visar att luftvägsodlingar sällan tas i primärvård och att HI utgör en större andel av fynden jämfört med i sjukhusvård. Detta kan tyda på att primärvården odlar på ett annat och mer selekterat patientmaterial. Givet en positiv odling är andelen amoxicillin- och amoxicillin/klavulansyra-resistenta HI lika i primär- och sjukhusvård. Fördjupade analyser

över vilka patienter som odlas i primärvård respektive sjukhusvård behöver göras innan betydelsen av resultaten kan värderas.

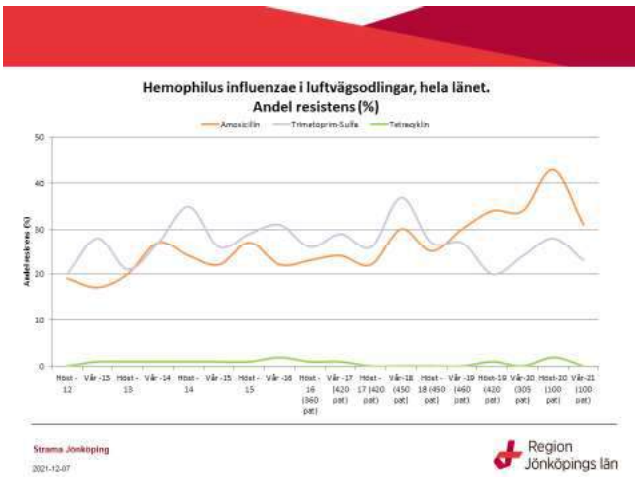
Referenser

1) Lanks, C. W., Musani, A. I., & Hsia, D. W. (2019). Community-acquired Pneumonia and Hospital-acquired Pneumonia *The Medical clinics of North America*, 103(3), 487-501.

2) Patel, I. S., Seemungal, T. A., Wilks, M., Lloyd-Owen, S. J., Donaldson, G. C., & Wedzicha, J. A. (2002). Relationship between bacterial colonisation and the frequency, character, and severity of COPD exacerbations. *Thorax*, 57(9), 759-764.

3) Monsó, E., Ruiz, J., Rosell, A., Manterola, J., Fiz, J., Morera, J., & Ausina, V. (1995). Bacterial infection in chronic obstructive pulmonary disease. A study of stable and exacerbated outpatients using the protected specimen brush. *American journal of respiratory and critical care medicine*, 152(4 Pt 1), 1316-1320.

Bilaga 1 Strama Jönköping, 2021-12-07.



INF003 - Nya nationella rekommendationer för antibiotikabehandling av barn

Infektion

Malin Vading^{1, 2}, *Anna Wimmerstedt*^{1, 3}, *Joachim Luthander*⁴, *Samuel Rhedin*⁵, *Susanne Sütterlin*⁶, *Annika Malmgren*⁷

¹ NAG Strama, redaktör app Strama Nationell

² Strama Stockholm, Infektionskliniken Danderyds sjukhus

³ Strama Värmland, Infektionskliniken, Centralsjukhuset Karlstad

⁴ Barnkliniken, Astrid Lindgrens barnsjukhus, Stockholm

⁵ Barnkliniken, Sachsska barnsjukhuset, Stockholm

⁶ Akademiska barnsjukhuset, Uppsala

⁷ Barnkliniken, Drottning Silvias barnsjukhus, Göteborg

Introduktion/Introduction

Infektionspanoramat hos barn varierar stort mellan självläkande virusinfektioner hos i övrigt friska barn till livshotande bakteriella tillstånd där antibiotikabehandling är avgörande. Barn med bakomliggande kroniska sjukdomstillstånd kan dessutom behöva antibiotikabehandling även vid lindrigare infektioner.

Det har fram tills nu funnits få nationella behandlingsrekommendationer för barn med allvarliga bakteriella infektionstillstånd, vilket medför en risk för både över- och underbehandling med antibiotika.

Antibiotikabehandling är resistensdrivande¹ och det är välbelagt att tidig exponering för bredspektrumantibiotika kan öka risken för atopi, utveckling av barnfetma eller debut av inflammatorisk tarmsjukdom under barnåren^{2, 3}. Det är därför av stor vikt både för individ och omvärld att använda antibiotika ansvarsfullt.

Metod/Method

App Strama Nationell är en plattform som presenterar behandlingsrekommendationer för bakteriella infektioner via mobiltelefon och webb⁴. Den är framtagen av professionen och flitigt använd. I appen finns sedan tidigare nationella behandlingsrekommendationer för barninfektioner i öppenvård⁵.

Svensk Barninfektionsförening har nu tagit fram kompletterande behandlingsrekommendationer för barn i slutenvård, som har implementerats i appen för att optimera tillgänglighet och spridning⁶.

Behandlingsrekommendationerna är evidensbaserade när så är möjligt. Vid kunskapsluckor har expertkonsensus mellan barn- och infektionsläkare tillämpats enligt så kallade best practice-principer.

För att främja implementering har lansering planerats i samband med Barnveckan 2025.

Resultat/Result

Rekommendationer för ett flertal infektionsdiagnoser har publicerats i ett pedagogiskt format i appen Strama Nationell. Grafiska hjälpmedel såsom checklistor och interaktiva länkar har integrerats för att underlätta användning.

Arbetet har främjat harmonisering av behandlingsprinciper, belyst kunskapsluckor och påskyndat utvecklingen av referensmaterial.

Tvärprofessionellt samarbete har varit avgörande för framtagande av dessa

behandlingsriktlinjer.

Konklusion/Conclusion

Målsättningen är att dessa rekommendationer ska bidra till ansvarsfull antibiotikaanvändning och förbättrat omhändertagande av barn med antibiotikakrävande infektioner.

Det finns ett kvarstående stort behov av att fortsätta fylla kunskapsluckor inom infektionsområdet både till barn och vuxna. För att möjliggöra ansvarsfull antibiotikaanvändning är det avgörande att forskrivare har tillgång till lättillgängliga behandlingsrekommendationer. För detta krävs finansiering vilket behöver tas höjd för inom nationella strategin mot antibiotikaresistens.

Denna satsning syftar till att optimera antibiotikaanvändning, så att varje barn får bästa möjliga behandling med minimal påverkan på mikrobiomet, i en tid då antibiotikaresistens utgör en växande global utmaning.

Referenser

1. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. Lancet. 2022 Feb 12;629-655
2. Baron R et al. The relationship of prenatal antibiotic exposure and infant antibiotic administration with childhood allergies: a systematic review. BMC Pediatr. 2020 June;20(1):312
3. Korpela K et al. Intestinal microbiome is related to lifetime antibiotic use in Finnish pre-school children. Nature Communications. 2016 Jan;7:10410
4. App Strama Nationell, www.strama.se
5. Behandlingsrekommendationer för vanliga infektioner i öppenvård, 2023
6. Vårdprogram - Svensk barninfektionsförening

INF004 - Invasiva grupp A-streptokockinfektioner föregås ofta av säsongsinfluensa

Infektion

Maria Nygren¹, **Lars Gustavsson^{1, 2}**, **Nicklas Sundell^{1, 2}**, **Ulrika Snygg-Martin^{1, 2}**, **Johan Westin^{1, 2}**

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

² Department of Infectious Diseases, Institute of Biomedicine, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

Introduktion/Introduction

Efter COVID-19 pandemin har ett ökat antal fall av invasiva grupp A streptokocker (iGAS) rapporterats (1,2,3). Både influensa och iGAS har en säsongsvariation med högre incidens under vintern. Samvariationen mellan dessa är dock fortsatt oklart. Denna studie syftar till att undersöka om det finns en samvariation mellan incidensen av iGAS och influensa i Västra Götalandsregionen samt undersöka om man kan förutspå när antalet fall av iGAS-infektioner förväntas öka i förhållande till säsong.

Metod/Method

Veckovisa data av rapporterade iGAS samt influensa A och B inhämtades från Smittskydd Västra Götaland mellan 151228-240331. Bivariat analys genomfördes och korrelationer räknades ut med hjälp av Pearson's korrelationskoefficient. Tidsintervallet som analyserades var vecka 47 till vecka 14 för varje säsong. iGAS var den beroende faktorn och influensa den oberoende faktorn. Data analyserades med fördröjningseffekter på 1,2,3 och 4 veckor.

Resultat/Result

Signifikanta korrelationer (r) sågs säsongen 2017-2018 mellan iGAS och influensa B ($r=0,505031$, $p=0,0231$), där korrelationen ökade med fördröjning på 1 och 2 veckor ($r=0,554492$, $p=0,0137$ respektive $r=0,645143$, $p=0,0038$). Liknade sågs 2022-2023 med signifikanta korrelationer mellan iGAS och influensa B vid fördröjning på 1 och 2 veckor ($r=0,643536$, $p=0,003$ respektive $r=0,66958$, $p=0,0024$). Säsongen 2018-2019 fanns korrelation mellan iGAS och influensa A ($r=0,590477$, $p=0,0061$) där korrelationen ökade vid fördröjning på 1 vecka ($r=0,711224$, $p=0,0006$).

Konklusion/Conclusion

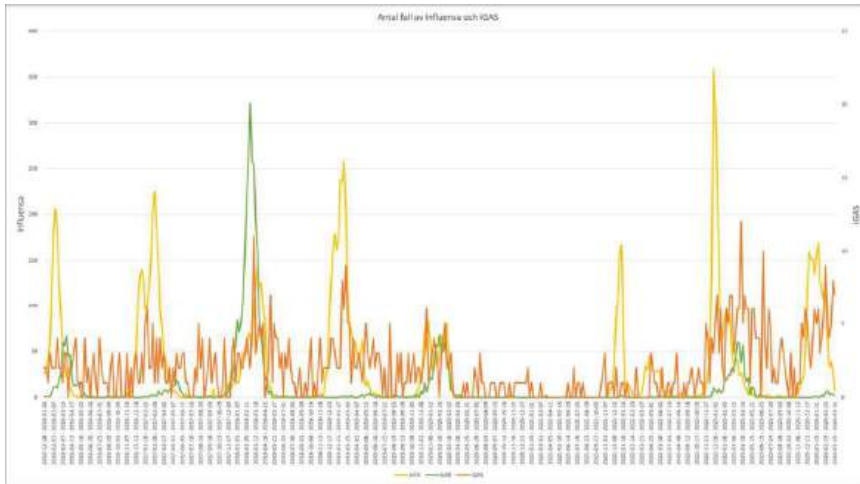
Vid flertalet säsonger ses en korrelation mellan iGAS och influensa. Korrelationen tycks öka vid fördröjning på 1 och 2 veckor. Således skulle en ökning av influensa delvis förklara en efterföljande ökning av antal fall av iGAS.

Referenser

(1) Folkhälsomyndigheten. *Betahemolytiska grupp A-streptokocker (GAS) (invasiv) - sjukdomsstatistik*. Available from: <https://www.folkhalsomyndigheten.se/folkhalsorapportering-statistik/statistik-a-o/sjukdomsstatistik/betahemolytiska-grupp-a-streptokocker-gas-invasiv/?tab=tab-report>

(2) CDC. *Increase in Invasive Group A Strep Infections, 2022-2023*. Available from: <https://archive.cdc.gov/#/details?url=https://www.cdc.gov/groupastrep/igas-infections-investigation.html>

(3) WHO. *Increased incidence of scarlet fever and invasive Group A Streptococcus infection - multi-country*. Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2022-DON429>



INF005 - Frequency of hematogenous periprosthetic joint infection due to bacteremia caused by gram-positive cocci A population and register based study on 2,392 episodes of bacteremia.

Infektion

Olof Thompson^{1, 2}, *Lisa Pålman*^{1, 2, 3}

¹ Department of Clinical Sciences Lund, Division of Infection Medicine, Lund University, Lund, Sweden;

² Division of Infectious Diseases, Skåne University Hospital, Lund, Sweden

³ Wallenberg Centre for Molecular Medicine, Lund University, Sweden

Introduktion/Introduction

Presence of a prosthetic joint entails a life-long risk of hematogenous periprosthetic joint infection (hPJI) during bacteremia. For bacteremia with *Staphylococcus aureus* the hPJI frequency has been described to be up to 40% and for streptococci up to 20%, with large variation among reported frequencies.

We aimed to investigate the hPJI frequency from bacteremia with virulent gram-positive cocci in patients with hip and/or knee prosthesis.

Metod/Method

A population and register based approach was used. Through cross-matching of blood cultures positive for virulent gram-positive cocci and data from the Swedish Arthroplasty Register, patients with at least one prosthesis in place during bacteremia were identified. Medical records were reviewed if patients had concordant microbiological cultures in blood and synovial fluid, tissue or bone, to determine if hPJI was present. Absence of concordant cultures was interpreted as absence of hPJI.

Resultat/Result

Of all 2,392 episodes of bacteremia identified during the study period, 143 (6%) caused at least one hPJI. The highest frequency of hPJI was observed for *S. aureus* (9.6%) and *Streptococcus agalactiae* (9.3%). Increasing number of prostheses in place, male sex and lower age were independently associated with hPJI. Bacteremia with other species than *S. aureus* or *S. agalactiae* was associated with a lower hPJI risk.

Konklusion/Conclusion

The observational risk of hPJI from bacteremia with virulent gram-positive cocci was much lower than in previous reports, especially for *S. aureus*, with an hPJI frequency of 9.6%.

Referenser

Honkanen M, Jämsen E, Karppelin M, Huttunen R, Eskelinen A, Syrjänen J. Periprosthetic Joint Infections as a Consequence of Bacteremia. Open Forum Infectious Diseases. 2019;6.

Tande AJ, Palraj BR, Osmon DR, Berbari EF, Baddour LM, Lohse CM, et al. Clinical Presentation, Risk Factors, and Outcomes of Hematogenous Prosthetic Joint Infection in Patients with *Staphylococcus aureus* Bacteremia. American Journal of Medicine. 2016;129:221e11-20.

Sendi P, Banderet F, Graber P, Zimmerli W. Periprosthetic joint infection following *Staphylococcus aureus* bacteremia. Journal of Infection. 2011;63:17-22.

Frequency of hematogenous periprosthetic joint infection (PJI) depending on bacterial species

Characteristic	Overall, N = 2,392 ¹	No PJI, N = 2,249 ²	Hematogenous PJI, N = 143 ²
Group of bacterial species			
<i>Staphylococcus aureus</i>	937 (100%)	847 (90%)	90 (9.6%)
Beta hemolytic streptococci, groups A/C/G	333 (100%)	317 (95%)	16 (4.8%)
Enterococci	383 (100%)	374 (98%)	9 (2.3%)
<i>Streptococcus agalactiae</i> , GBS	97 (100%)	88 (91%)	9 (9.3%)
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	29 (100%)	27 (93%)	2 (6.9%)
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	163 (100%)	160 (98%)	3 (1.8%)
Viridans group streptococci	450 (100%)	436 (97%)	14 (3.1%)

GBS = Group B streptococcus

¹n(%)

INF007 - Knowledge and perception of tick exposure and tick-borne diseases, and prevention attitude in Sweden

Infektion

Katherina Zakikhany-Gilg¹, Johan Sanmartin Berglund², Andreas Palmborg¹, Hannah Gould³, Emily Colby³, James H. Stark⁴, Charles Nuttens⁵, Andreas Pilz⁶

¹ Medical and Scientific Affairs Pfizer AB, Sweden

² Department of Health, Blekinge Institute of Technology, Karlskrona, Sweden

³ Medical & Scientific Affairs, Pfizer, New York, NY, USA

⁴ Medical & Scientific Affairs, Pfizer, Cambridge, MA, USA

⁵ Medical & Scientific Affairs, Pfizer, Paris, France

⁶ Medical and Scientific Affairs, Pfizer Austria

Introduktion/Introduction

Tick-borne diseases, particularly Lyme borreliosis (LB) and Tick-Borne Encephalitis (TBE), are public health concerns in Europe. Both diseases are transmitted to humans through the bite of infected *Ixodes* ticks. Over the past decades, the number of cases for both LB and TBE has steadily increased in Europe^{1,2}, with contributing factors including climate change, geographical expansion of ticks and changing human behavior. This study aimed to investigate awareness and perception of tick's exposure, LB and TBE, as well as TBE-vaccine utilization in Sweden.

Metod/Method

For LB, an online survey conducted by Ipsos GmbH in 2022 included 1821 adults aged 18-65 representative of the general population. The survey asked questions about LB perception, tick exposure, and outdoor activities. For TBE, a different online survey conducted by Ipsos GmbH in 2024 included 2475 respondents, representative of the general population, answering for a total of 4927 household members. The survey assessed TBE awareness, risk perception, and vaccine utilization. Descriptive analyses were conducted with weighting to adjust for the survey designs. Both studies were sponsored by Pfizer.

Resultat/Result

Awareness of ticks (98%), LB (89%), and TBE (87%) was high among the respectively surveyed populations aged 18-65. While 77% perceived TBE as severe and 69% of the study population aware of LB considered the disease severe, only 38% were very concerned about contracting LB, and 31% felt at high risk of contracting LB. The perceived risk for contracting TBE from a tick bite was medium in average: among those living in the endemic area, 30% do not think TBE is a risk in their region. In 2024, 54% of the total population reported being TBE-vaccinated at least once (versus 50% in 2022). Among the TBE-vaccinated population, compliance with the primary vaccination schedule was 50%, and 29% when including the first booster dose.

Konklusion/Conclusion

In Sweden, there is good knowledge of ticks, LB and TBE among the general population but vaccination coverage and compliance to the vaccination schedule for TBE are suboptimal. Since LB and TBE cases show rising trends in Sweden and Europe, improved strategies are needed to mitigate these important public health concerns.

Referenser

¹LYME: <https://climate-adapt.eea.europa.eu/en/metadata/publications/lyme-borreliosis-in-europe>

²TBE: <https://www.ecdc.europa.eu/en/tick-borne-encephalitis/facts/factsheet>

INF008 - Liver health project -prevalens och riskfaktorer för leversteatos och fibros hos personer som lever med hiv

Infektion

Katarina Stigsäter¹, *Douglas Carrick¹, Jan Vesterbacka¹, Piotr Nowak¹*

¹ ME Infektionssjukdomar, Karolinska Universitetssjukhuset Huddinge Institution for medicin, Huddinge, Karolinska Institutet

Introduktion/Introduction

Kronisk progressiv leversjukdom har blivit en av de vanligaste bakomliggande orsakerna till samsjuklighet och ej direkt hiv-relaterad dödlighet hos personer som lever med hiv (PLWH). Även hos välbehandlade patienter är metabolt orsakad leverförfettning (metabolic dysfunction associated steatotic liverdisease MASLD), inklusive steatos- och fibrosutveckling (ärrbildning) av levern en viktig bidragande orsak till terminal leversjukdom. PLWH delar samma riskfaktorer för MASLD (tidigare känd som Non alcoholic fatty liver disease, NAFLD) som den allmänna befolkningen, såsom övervikt och insulinresistens med metabolt syndrom.

Däremot är förekomsten av MASLD hos personer med hiv ungefär en tredjedel högre än i den övriga befolkningen. Dessutom har studier visat att fibros och steatos i större utsträckning även drabbar normalviktiga individer som lever med hiv.

Syftet med projektet är att kartlägga förekomst och utveckling över tid av fibros och steatos hos personer som lever med hiv. Dessutom syftar studien till att identifiera riskfaktorer för att i framtiden optimera behandling och erbjuda bättre rådgivning gällande livsstil och hälsa.

Metod/Method

Alla fastande patienter som kommer till mottagningen för sina besök erbjuds en leverundersökning med ultraljud: elastografi + ultrasound guided attenuation parameter (UGAP) liver steatosis grading, för att bedöma förekomst och grad av fibros och steatos. Undersökningen utförs av två sjuksköterskor på mottagningen. Patienten erbjuds att delta i studien och vid samtycke utförs förutom leverundersökningen mätning av vikt, midja/höftkvot och bukhöjd. Patienten får också besvara en enkät om alkoholvanor (AUDIT) samt bruk av tobak. Studien planerar att inkludera mer än 50% av mottagningens patienter ca 1200 individer.

Resultat/Result

Bland de första 150 deltagarna i studien visar resultaten att en tredjedel har någon form av steatos, medan 5 % har fibros.

Konklusion/Conclusion

AUDIT-enkäten erbjuder en möjlighet för vårdpersonal att på ett naturligt sätt samtala om alkoholvanor och livsstilsfaktorer.

Studien kan förutom att öka kunskapen om leverhälsa hos PLWH, konkretisera sjukdomsbilden för patienten och därmed motivera till livsstilsförändring avseende kost, motion och alkoholvanor.

Referenser

D. W. Yen and K. E. Sherman, "Causes and outcomes of hepatic fibrosis in persons living with HIV," *Current Opinion in HIV and AIDS*, vol. 17, no. 6. Lippincott Williams and Wilkins, pp. 359–367, Nov. 01, 2022. doi: 10.1097/COH.0000000000000760.

[2] J. B. Maurice, A. Patel, A. J. Scott, K. Patel, M. Thursz, and M. Lemoine, "Prevalence and risk factors of nonalcoholic fatty liver disease in HIV-monoinfection," *AIDS*, vol. 31, no. 11, pp. 1621–1632, Jul. 2017, doi: 10.1097/QAD.0000000000001504.

[3] C. G. Morse et al., "Nonalcoholic steatohepatitis and hepatic fibrosis in HIV-1-monoinfected adults with elevated aminotransferase levels on antiretroviral therapy," in *Clinical Infectious Diseases*, May 2015, vol. 60, no. 10, pp. 1569–1578. doi: 10.1093/cid/civ101.

[4] J. C. Price et al., "Risk factors for fatty liver in the multicenter AIDS cohort study," *American Journal of Gastroenterology*, vol. 109, no. 5, pp. 695–704, 2014, doi: 10.1038/ajg.2014.32.

[5] H. Hagström et al., "Fibrosis stage but not NASH predicts mortality and time to development of severe liver disease in biopsy-proven NAFLD," *J Hepatol*, vol. 67, no. 6, pp. 1265–1273, Dec. 2017, doi: 10.1016/j.jhep.2017.07.027.

[6] B. N. Limketkai et al., "Relationship of Liver Disease Stage and Antiviral Therapy With Liver-Related Events and Death in Adults Coinfected With HIV/HCV." [Online]. Available: <https://jamanetwork.com/>

[7] G. Guaraldi et al., "Nonalcoholic fatty liver disease in HIV-infected patients referred to a metabolic clinic: Prevalence, characteristics, and predictors," *Clinical Infectious Diseases*, vol. 47, no. 2, pp. 250–257, Jul. 2008, doi: 10.1086/589294.

INF009 - Covid-19 på äldreboenden i Göteborgsområdet

Infektion

Maria Jivegård¹, Magnus Lindh², Peter Hora²

¹ Infektionskliniken Södra Älvsborgs sjukhus

² Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhus

Introduktion/Introduction

Riskfaktorer för svår sjukdom/död i Covid-19 inkluderar hög ålder. Överdödligheten på svenska äldreboenden under pandemins första fas kunde dock inte enbart förklaras av hög ålder. Under våren 2020 rekommenderades äldre att isolera sig, men för äldreomsorgen fanns inga specifika rekommendationer eller åtgärdsplaner. Få epidemiologiska studier av covid-19 har inriktats på personal på äldreboenden i Sverige. Syftet med denna studie var att studera förekomst av covid-19 hos personal på äldreboenden samt faktorer hos dem av potentiell betydelse för smittspridning. Vidare undersöktes prestanda för snabbtest avseende SARS-CoV2-antigen och antikroppar.

Metod/Method

162 anställda från tre äldreboenden i Göteborgsområdet provtogs vid tre tillfällen juni-juli 2020: nasofarynxprov för antigensnabbtest (Biosensor SD) och PCR (SARS-CoV-2-RNA, Cobas 6800), kapillärt blodprov för antikroppssnabbtest (Egens diagnostics) och venöst blodprov på labb för antikroppstest (SARS-CoV-2-IgG, Abbott Architect). Vid provtagningen fick deltagarna besvara en enkät med frågor kring livssituation, arbetssituation och rutiner. Potentiella skillnader mellan grupper testades med Fishers exakta test alternativt Mann-Whitney-U-test.

Resultat/Result

Totalt fyra anställda testade positivt i PCR för SARS-CoV-2. I slutet av studieperioden hade 13 anställda (8%) SARS-CoV-2-antikroppar. Positiv serologi för Covid-19 var vanligare hos manliga anställda. Studien kunde inte påvisa något samband mellan positivt test för Covid-19 och livsstils-/arbetsrelaterade faktorer. Vid första provtillfället gick 87% av deltagarna som hade symptom som kunde tala för Covid-19 till jobbet (förlust smak eller lukt, hosta, halsont, feber, snuva, diarré, muskelvärk). Det fanns ett signifikant samband mellan utbildningsnivå och användning av skyddsutrustning. Ingen av dem som inte använde någon skyddsutrustning alls hade tre års utbildning eller mer. Vidare visade våra data att antigen-testets specificitet var 86% jämfört med PCR och dess kliniska sensitivitet var 67%. Kapillärtesterna för antikroppar visade 93% specificitet och 100% sensitivitet.

Konklusion/Conclusion

Våra data indikerade låg förekomst för Covid-19 bland äldreboendepersonal under pandemins första våg. Tidigt under studien gick många anställda till jobbet trots symptom som skulle kunna bero på Covid-19. Vårt resultat belyser att utbildning om hygienrutiner och smittskydd är viktigt. För dem med positivt Covid-19-test gick det inte att bedöma om källan till infektion var från samhälle eller arbete. Vidare presterade inte snabbtesterna för antigen och antikroppar i enlighet med Folkhälsomyndighetens krav.

INF010 - Symptomkluster över tid vid postcovid - en prospektiv kohortstudie

Infektion

Tove Grafström^{1, 2, 3}, *Guilherme W.F. Barros*⁴, *Ida-Lisa Persson*⁵, *Josefin Sundh*³, *Mattias N.E. Forsell*⁵, *Clas Ahlm*⁵, *Emeli Månsson*^{6, 7}, *Staffan Tevell*^{1, 2, 3}, *Alicia Lind*^{8, 9}, *Johan Normark*^{5, 9, 10}, *Sara Cajander*^{3, 11}

¹ Infektionskliniken, Centralsjukhuset Karlstad

² Centrum för klinisk forskning och utbildning, Region Värmland

³ Fakulteten för medicin och hälsa, Örebro universitet

⁴ Integrated Science Lab, Umeå universitet

⁵ Institutionen för klinisk mikrobiologi, Umeå universitet

⁶ Institutionen för medicinska vetenskaper, Uppsala universitet

⁷ Centrum för klinisk forskning Västmanland, Uppsala universitet

⁸ Institutionen för diagnostik och intervention, Umeå universitet

⁹ Umeå centrum för mikrobiell forskning, Umeå universitet

¹⁰ The Laboratory for Molecular Infection Medicine Sweden (MIMS), Umeå universitet

¹¹ Infektionskliniken, Universitetssjukhuset Örebro

Introduktion/Introduction

Befintlig forskning talar för att postcovid är ett syndrom med olika sjukdomsfenotyper. Tidigare studier har föreslagit ett flertal olika utmärkande symptomkluster, framför allt inom symptomen trötthet, luftvägssymptom och kognitiv påverkan. Någon tydlig konsensus saknas dock idag avseende vilka symptomkluster som ingår i de olika

fenotyperna.^{1,2} Dessutom saknas evidens för hur symptomkluster utvecklas över tid, särskilt bortom det första året efter den utlösande infektionen.

Metod/Method

Prospektiv kohortstudie utförd i Umeå, Örebro, Västerås och Karlstad. Såväl sjukhusvårdade som icke-sjukhusvårdade individer med positivt PCR-test för SARS-CoV-2 inkluderades mellan april 2020 och oktober 2021. Vid uppföljning efter 6 månader, 1 år, 2 år och 3 år fyllde studiedeltagarna i symptomformulär, information om arbetsförmåga och EQ-5D-5L formulär för att mäta hälsorelaterad livskvalitet (HRQoL). Hierarkisk klusteranalys på symptomformuläret vid 6 månader identifierade symptomkluster och deltagarna följdes över tid med en k-närmaste grannar-algoritm för att analysera klustertillhörighet.

Resultat/Result

Initialt inkluderades 579 individer, varav 458 personer deltog vid 6 månader, 415 vid 1 år, 381 vid 2 år och 338 vid 3 år. De vanligaste symptomen vid 6 månader var fysisk trötthet (33 %), andfåddhet (32 %), mental trötthet (30 %) och koncentrationssvårigheter (28 %). Fyra symptomkluster identifierades vid 6 månader: "Få symptom"-klustret (FS, n = 265, 57 %), "Luftvägssymptom"-klustret (RS, n = 66, 14 %), "Neurokognitiva symptom"-klustret (NS, n = 75, 16 %) och "Multisystemiska symptom"-klustret (MS, n = 52, 11 %). Individer i kluster med högre symptombörda (RS, NS och MS) var äldre, hade högre samsjuklighet och var oftare sjukhusvårdade under SARS-CoV-2-infektionen. Under uppföljningen förflyttade sig mer än hälften till ett kluster med färre eller inga symptom. Däremot hade kluster med hög symptombörda signifikant lägre HRQoL och här sågs ingen signifikant förbättring över tid.

Konklusion/Conclusion

Denna studie identifierade fyra symptomkluster 6 månader efter COVID-19-sjukdom, vilket belyser postcovidens komplexitet. Även om de flesta deltagare förbättrades över tid, upplevde en betydande andel kvarstående symptom och nedsatt hälsorelaterad livskvalitet tre år efter infektionen, särskilt bland dem med sjukhusvårdad COVID-19. Identifikation av symptomkluster är en värdefull metod för att förstå postcovidens olika fenotyper, vägleda patientvård och utgöra en grund för framtida forskning om de bakomliggande mekanismerna för detta mångfacetterade tillstånd.

Referenser

1. Whitaker M, Elliott J, Chadeau-Hyam M, et al. Persistent COVID-19 symptoms in a community study of 606,434 people in England. *Nat Commun* 2022; **13**(1): 1957. doi:10.1038/s41467-022-29521-z
2. Global Burden of Disease Long COVID Collaborators, Wulf Hanson S, Abbafati C, et al. Estimated Global Proportions of Individuals

With Persistent Fatigue, Cognitive, and Respiratory Symptom Clusters Following Symptomatic COVID-19 in 2020 and 2021. *JAMA* 2022; **328**(16): 1604-1615. doi:10.1001/jama.2022.18931

INF011 - Sjukhusincidens för respiratoriskt syncytialvirus jämfört med influensa och SARS-CoV-2 bland vuxna i Västsverige baserat på ett kombinerat snabb-PCR-test

Infektion

Niklas Andreen^{1, 2}, Lowie Vanfleteren^{3, 4}, Lars Gustavsson^{1, 2}, Lars-Magnus Andersson^{1, 2}, Magnus Lindh^{1, 5}, **Johan Westin**^{1, 2}

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

² Västra Götalandsregionen, Sahlgrenska universitetssjukhuset, Infektionskliniken, Göteborg

³ Avdelningen för invärtesmedicin och klinisk nutrition, Institutionen för medicin, Sahlgrenska akademien, Göteborgs universitet, Göteborg

⁴ Västra Götalandsregionen, Sahlgrenska universitetssjukhuset, Lungmedicin Allergologi och Palliativ medicin, KOL-centrum, Göteborg

⁵ Västra Götalandsregionen, Sahlgrenska universitetssjukhuset, Klinisk mikrobiologi, Göteborg

Introduktion/Introduction

Respiratoriskt syncytialvirus (RSV) orsakar allvarliga nedre luftvägsinfektioner bland små barn och äldre vuxna¹². EU-kommissionen har godkänt tre vacciner för att förebygga svår RSV-sjukdom hos äldre vuxna sedan 2023. I Västsverige har ett kombinerat snabb-PCR-test för RSV, influensa och SARS-CoV-2 använts flitigt på flera sjukhus sedan 2021. Vår målsättning var att undersöka sjukhusincidensen för RSV bland vuxna jämfört med influensa och covid-19, efter implementeringen av snabb-PCR-testet i klinisk praxis.

Metod/Method

Vi genomförde en retrospektiv deskriptiv studie baserad på provtagningar från tre sjukhus i Västsverige. Data inhämtades från klinisk mikrobiologi vid Sahlgrenska Universitetssjukhuset, baserat på utförda kombinerade snabb-PCR-test för RSV, influensa och SARS-CoV-2 (GeneXpert, Cepheid). Vi selekterade data från två epidemiska perioder mellan juni 2021 och juni 2023. Data om kön (endast tillgänglig för den andra perioden) och ålder extraherades.

Resultat/Result

Av totalt 26373 snabb-PCR-tester var 7404 (28%) positiva för något virus. Etthundrasjuttiofyra tester detekterade två virus, medan två tester detekterade tre virus. Antalet positiva tester från båda säsongerna var 1120 för influensa A, 1243 för RSV och 5061 för SARS-CoV-2. Totalt detekterades 1 227 virus bland barn och 6 348 bland vuxna. Det vanligaste fyndet bland barn var RSV (41 %) och bland vuxna covid-19 (72 %). Fall av influensa A var vanligare än RSV bland vuxna i åldern 18-59 men liknande i åldersgrupper från 60 års ålder. Totalt 744 RSV-positiva tester påvisades bland vuxna. Under den andra epidemiperioden stod kvinnor för en högre andel vuxna RSV-fall (58%). Vid jämförelse av fall stratifierade i tioåriga åldersgrupper ökade RSV-fallen med åldern bland individer från 60 år och äldre.

Konklusion/Conclusion

Bland vuxna på sjukhus var positivt test för RSV och influensa lika vanligt bland patienter 60 år och äldre. RSV var det vanligaste påvisade viruset bland barn, medan SARS-CoV-2 var betydligt vanligare än RSV bland vuxna.

Referenser

1. Mazur NI, Caballero MT, Nunes MC. Severe respiratory syncytial virus infection in children: burden, management, and emerging therapies. *The Lancet*. 2024 Sep;404(10458):1143–56.

2. Falsey AR, Hennessey PA, Formica MA, Cox C, Walsh EE. Respiratory syncytial virus infection in elderly and high-risk

Table 1. Total number of samples of influenza, RSV, and SARS-CoV-2 during two years (June 2021 - June 2023)

Age category	Influenza A	Influenza B*	RSV	SARS-CoV-2	Total cases
	n (%)	n (%)	n (%)	n (%)	n (%)
Children	212 (17)	38 (3)	499 (41)	478 (39)	1227
=<2	83 (10)	10 (1)	407 (50)	311 (38)	811
3-17	129 (31)	28 (7)	92 (22)	167 (40)	416
Adults	908 (14)	113 (2)	744 (12)	4583 (72)	6348
18-59	391 (17)	101 (4)	253 (11)	1516 (67)	2261
60-69	123 (14)	5 (1)	111 (13)	640 (73)	879
70-79	184 (13)	5 (0)	153 (11)	1087 (76)	1429
>=80	210 (12)	2 (0)	227 (13)	1340 (75)	1779

Notes: RSV, respiratory syncytial virus

* Data on influenza B was only available for the second epidemic period (July 2022 – June 2023), and frequencies and proportions should therefore be interpreted with caution

INF012 - Covid-19 - behandlingsrekommendation

Infektion

Maria Furberg¹ , *Katarina Niward²* , *Piotr Nowak³*

¹ Läkemedelsverket

² Infektionskliniken, Universitetssjukhuset i Linköping

³ Infektionskliniken, Karolinska Universitetssjukhuset

Introduktion/Introduction

Akut covid-19 har högre dödlighet än influensa och orsakar också fler sjukhusinläggningar. SARS-CoV-2 av omikrontyp utgör fortsatt ett hot mot liv och hälsa för vissa grupper i samhället, trots en hög vaccinationstäckning.

Metod/Method

Under 2024/2025 har Läkemedelsverket genomfört expertgruppsmöten och arbetat fram en ny behandlingsrekommendation för akut covid-19. Rekommendationen utgår i hög utsträckning från SILFs tidigare vårdprogram om covid-19 och flera experter har ingått i båda grupperingarna. Intensivvård och behandling av postcovid omfattas inte. Strukturerade riktade litteratursökningar har gjorts av informationssökningsspecialist. Den vetenskapliga evidensen utgör tillsammans med produktinformation och empiri basen för behandlingsrekommendationerna.

Resultat/Result

Hög ålder är en oberoende riskfaktor för svår sjukdom och död, oavsett vaccinationsstatus och annan samsjuklighet, där risken ökar för varje år och är särskilt hög för de allra äldsta. Vaccination är den viktigaste skyddande åtgärden där personer över 65 år bör vaccineras årligen och personer över 80 år två gånger per år. Även tungt immunsupprimerade patienter har en högre risk för svår sjukdom och död. Sammantaget innebär detta att gruppen där behandling med antivirala läkemedel bör övervägas blir stor och där krävs en selektion baserad på en individuell bedömning. Rekommendationen ger stöd i bedömningen av den enskilda patientens nytta av behandling, där även tillgång till korrekt diagnostik och risk för interaktioner med andra läkemedel behöver vägas in.

All antiviral behandling bör påbörjas så tidigt som möjligt, inom 5 dygn från symtomdebut för nirmatrelvir/ritonavir. Peroral behandling med nirmatrelvir/ritonavir rekommenderas som förstahandsbehandling för individer i hemmet där ett positivt antigentest kan räcka för diagnostik.

I vård- och omsorgsmiljöer krävs diagnostik med PCR. För individer som vårdas på sjukhus eller är knutna till enhet som kan ge intravenösa läkemedel är remdesivir ett alternativ inom 7 dagar från symtomdebut. Vid svårare sjukdom tillkommer behandling med syrgas, trombosprofylax, kortikosteroider och eventuellt annan immunmodulerande behandling.

Konklusion/Conclusion

Evidensen visar att individer som tillhör riskgrupper kan ha nytta av behandling med antiviraler. Risken för interaktioner och biverkningar behöver dock beaktas, vilket gör den individuella bedömningen helt central i urvalet.

Den nya behandlingsrekommendationen planeras för publicering under sommaren.

INF016 - Evaluation of a novel antigen ELISA for the diagnostics of invasive pulmonary aspergillosis

Infektion

Matthias Eggerer^{1, 2}, **Kersten Dieckmann**³, Samuel Penziner⁴, Karl Dichtl⁵, Max Gornicec¹, Lisa Kriegel¹, Robert Krause^{1, 2}, Ethan Khong⁴, Sanjay Mehta⁴, Milenka Vargas⁴, Sarah Gianella⁴, Magali Porrachia⁴, Jeffrey D. Jenks⁶, Martina Hoenigl^{1, 2, 4, 7}

¹ Division of Infectious Diseases, Department of Internal Medicine, Medical University of Graz, Graz, Austria

² BioTechMed-Graz, Graz, Austria

³ Institute of Experimental Immunology, affiliated to EUROIMMUN Medizinische Labordiagnostika AG, Lübeck, Germany

⁴ Division of Infectious Diseases and Global Public Health, University of California San Diego, San Diego, California, USA

⁵ Diagnostic and Research Institute of Hygiene, Microbiology and Environmental Medicine, Medical University of Graz, Graz, Austria

⁶ Durham County Department of Public Health, Durham, North Carolina, USA

⁷ Clinical and Translational Fungal-Working Group, University of California San Diego, San Diego, California, USA

Introduktion/Introduction

Invasive pulmonary aspergillosis (IPA) is a life-threatening fungal infectious disease that mainly affects immunocompromised patients. IPA is caused by inhaled conidia that germinate in the lower respiratory tract and invade the surrounding tissues. To identify the infection, galactomannan is determined in serum or bronchoalveolar fluid (BALF). Here, we assess the performance of a novel ELISA for the detection of the *Aspergillus*-specific galactomannoprotein in BALF.

Metod/Method

The performance of the Aspergillus Antigen ELISA (EUROIMMUN) was compared with the galactomannan-based Platelia Aspergillus Ag ELISA (Bio-Rad) using 115 BALF samples from patients categorized as proven/probable IPA (n=43), putative IPA (n=15), possible IPA (n=10), and no IPA (n=47). For both assays, receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was performed, and area under the curve (AUC) values were calculated. Optimal cutoff values were determined using Youden's index.

Resultat/Result

For the differentiation between IPA (possible-IPA panel excluded) and non-IPA patients, we determined a sensitivity of 74% at a specificity of 96% using the recommended cutoff for the Aspergillus Antigen ELISA. Using the calculated cutoff, the sensitivity increased to 90% at a specificity of 96%. For the Platelia ELISA, the sensitivity was 90% at a specificity of 96% using the recommended cutoff. ROC analysis yielded an AUC of 0.959 for the Aspergillus Antigen ELISA and of 0.960 for the Platelia ELISA.

Konklusion/Conclusion

The novel Aspergillus Antigen ELISA demonstrated similar diagnostic performance to the Platelia ELISA and is therefore a useful alternative in the analysis of BALF for IPA diagnostics.

INF017 - Metagenomisk analys av encefalit av okänd genes

Infektion

Erika Stentoft^{1, 2}, *Josefin Olausson*^{2, 3}, *Emilio Rudbeck*⁴, *Marie Studahl*^{1, 2}, *Hedvig Engström Jakobsson*²

¹ Västra Götalandsregionen, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Infektionskliniken

² Institutionen för Biomedicin, Göteborgs universitet

³ Västra Götalandsregionen, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Klinisk mikrobiologi

⁴ Bioinformatics and Data Centre, Göteborgs universitet

Introduktion/Introduction

Infektiös encefalit är ett sällsynt tillstånd med en incidens på cirka 5/100 000 [1], men det finns en risk för död och neurologiska och neurokognitiva sekvele vid långtidsuppföljning [2]. Trots framsteg inom molekylär diagnostik, såsom RT-PCR och multiplex PCR-paneler, är den mikrobiologiska orsaken fortfarande okänd hos cirka 50 % av misstänkta virala infektioner i centrala nervsystemet (CNS) [3, 4]. Syftet med studien var att undersöka om analys med metagenomisk sekvensering (mNGS) kunde detektera mikrobiologiska agens i likvor från patienter med encefalit av okänd orsak och därmed förbättra den kliniska diagnostiken.

Metod/Method

Retrospektivt analyserades likvorprover från välkaraktäriserade patienter (n=17) som vårdats på infektionskliniken Sahlgrenska Universitetssjukhuset och diagnostiserats med viral encefalit av okänd orsak i enlighet med International Encephalitis Consortium [5]. Proverna sekvenserades med mNGS med plattformen Ion Torrents och data analyserades med bioinformatiska plattformar. Likvorprover från patienter med kända virala CNS-infektioner (HSV-2 meningit (n=4), VZV CNS-infektion (n=3), enterovirusmeningit (n=2), JCV CNS-infektion (n=2) användes som metodkontroller (n=11).

Resultat/Result

Inga virala agens detekterades i 16/17 likvorprover från patienter med encefalit av okänd orsak. Majoriteten av patienterna (16/17) var immunokompetenta. 13/17 likvorprover analyserades för de vanligaste autoimmuna antikropparna och var negativa. I ett likvorprov från patienter med encefalit av okänd orsak detekterades humant pegivirus (HPgV). I 9/11 likvorprover från kontroller med kända CNS-infektioner detekterades RNA eller DNA från det tidigare kända viruset.

Konklusion/Conclusion

Inga kliniskt relevanta patogener upptäcktes med mNGS och resultatet bedömdes sannolikt bero på att majoriteten av de inkluderade patienterna var immunokompetenta. Indirekt stärker fynden den kliniska utredningsalgoritm som följs med stegvis utvidgad diagnostisk provtagning vid encefalit av okänd genes. Fyndet av HPgV hos en av patienterna bedöms som ett bifynd efter journalgranskning. Flera studier har publicerat fynd av HPgV, detekterat genom PCR eller mNGS, i prover såsom CSF, serum [6, 7] eller benbiopsi [8]. Det betraktas som ett icke-patogent lymfotropt virus och hittills har inget orsakssamband med klinisk sjukdom identifierats. I andra patientkohorter har mNGS kunnat detektera fler, både vanliga och ovanliga, patogener. Studien implikerar att ett nära samarbete mellan klinik och laboratorium är av stor vikt för att möjliggöra en säker implementering av metagenomisk analys vid diagnostik av CNS-infektioner.

Referenser

1. Collaborators, G.U.N.D., et al., *Burden of Neurological Disorders Across the US From 1990-2017: A Global Burden of Disease Study*. JAMA Neurol, 2021. **78**(2): p. 165-176.
2. Granerod, J., et al., *Global Landscape of Encephalitis: Key Priorities to Reduce Future Disease Burden*. Clin Infect Dis, 2023. **77**(11): p. 1552-1560.
3. Granerod, J., et al., *Causes of encephalitis and differences in their clinical presentations in England: a multicentre, population-based prospective study*. Lancet Infect Dis, 2010. **10**(12): p. 835-44.
4. Maillies, A., et al., *Infectious encephalitis in France in 2007: a national prospective study*. Clin Infect Dis, 2009. **49**(12): p. 1838-47.
5. Venkatesan, A., et al., *Case definitions, diagnostic algorithms, and priorities in encephalitis: consensus statement of the international encephalitis consortium*. Clin Infect Dis, 2013. **57**(8): p. 1114-28.
6. Bukowska-Osko, I., et al., *Human Pegivirus in Patients with Encephalitis of Unclear Etiology, Poland*. Emerg Infect Dis, 2018. **24**(10): p. 1785-1794.
7. Carmona, R.C.C., et al., *Pegivirus Detection in Cerebrospinal Fluid from Patients with Central Nervous System Infections of Unknown Etiology in Brazil by Viral Metagenomics*. Microorganisms, 2023. **12**(1).
8. Balcom, E.F., et al., *Human pegivirus-1 associated leukoencephalitis: Clinical and molecular features*. Ann Neurol, 2018. **84**(5): p. 781-787.

INF019 - 10-punktsprogrammet i praktiken - antibiotikasmarta tips till dig som arbetar på sjukhus

Infektion

Anna Wimmerstedt^{1, 2}, Åsa Olsson^{1, 3}, Malin Vading^{1, 4}

¹ NAG Strama

² Strama Värmland, Infektionskliniken, Centralsjukhuset Karlstad

³ Akademiska sjukhuset

⁴ Strama Stockholm, Infektionskliniken, Danderyds sjukhus

Introduktion/Introduction

Sjukhusmiljön utgör hög risk för uppkomst och spridning av antibiotikaresistens och vårdrelaterade infektioner, VRI¹. Detta innebär en stor patientsäkerhetsrisk inte minst med tanke på dagens vårdplatsbrist och höga personalomsättning.

Arbetet för att motverka antibiotikaresistens på sjukhus är komplext - behandlingsrekommendationer saknas inom många områden och det är svårt att mäta antibiotikaanvändningen på ett tillförlitligt sätt.

Under arbetet med antibiotikasmarta sjukhus för ett Antibiotikasmart Sverige², identifierades behov av att förtydliga konkreta åtgärder som kan genomföras i varje patient/vårdgivarmöte för att motverka antibiotikaresistens och VRI.

Att utgå från beteendevetenskap rekommenderas idag som ett grundläggande arbetssätt av WHO³.

Metod/Method

Som led i en uppsats i en kurs om nudging och beteendeförändring på Karlstad universitet genomfördes en analys utifrån COM-B-ramverket kring hur beteendevetenskap kan användas för att motverka utveckling av antibiotikaresistens⁴. Modellen tydliggör att ett beteende (behaviour) är ett samlat resultat av faktorerna förmåga (capability), möjlighet/förutsättningar (opportunity) och motivation (motivation)⁵.

Utifrån analysen förtydligades målbeteendet, det vill säga de åtgärder i den patientnära situationen som kan bidra till ett beteende som minskar uppkomst och spridning av antibiotikaresistens och vårdrelaterade infektioner på sjukhus och ett informationsmaterial togs fram.

Materialet har under utarbetandet diskuterats i fokusgrupper med relevanta aktörer från i syfte att förbättra materialet och underlätta implementeringen.

Resultat/Result

Strama har lanserat en broschyr med konkreta åtgärder som alla som arbetar på sjukhus kan göra i varje patientmöte för att bromsa utveckling av antibiotikaresistens⁶.

Arbetet visualiserar ett komplext område, skapar förutsättningar att engagera fler målgrupper och sprida budskapet mer effektivt.

Strukturerat arbete utifrån årshjul skapar synergistiska vinster och möjliggör för verksamheterna att arbeta med ett område i taget.

Konklusion/Conclusion

Beteendevetenskapligt arbetssätt bedöms ha stort värde för att bromsa utveckling av antibiotikaresistens på sjukhus. För att göra rätt måste vi förstå vad vi ska göra - ha förmåga, kunna göra rätt - ha förutsättningar och vilja göra rätt - ha motivation. Genom att

förtydliga vad vi kan göra, analysera och överbrygga de hinder som finns kan vi förändra.

Det är önskvärt att stimulera sjukhusen att arbeta med antibiotikasmarta kriterier och implementera budskapet i 10-punktsprogrammet i praktiken utifrån arbete med utgångspunkt i beteendeinsikter.

Referenser

1. Vårdrelaterade infektioner och antibiotikaanvändning på akutsjukhus i Sverige (ECDC PPM 2023), Folkhälsomyndigheten (folkhälsomyndigheten.se)
2. Bli ett antibiotikasmart sjukhus, www.antibiotikasmartsverige.se
3. Regional Committee for Europe, 72nd session. (2022). Seventy-second Regional Committee for Europe: Tel Aviv, 12–14 September 2022: resolution: European regional action framework for behavioural and cultural insights for equitable health, 2022–2027. World Health Organization. Regional Office for Europe
4. Wimmerstedt A 2023. Tillsammans för antibiotikasmarta sjukhus, Analys av arbete för att motverka uppkomst och spridning av antibiotikaresistens på sjukhus utifrån COM-B-ramverket, VG-arbete som led i kursen Nudging och Beteendeförändring vid Karlstad Universitet, Opublicerade data
5. Michie, S., van Stralen, M.M. & West, R. The behaviour change wheel: A new method for characterising and designing behaviour change interventions. *Implementation Sci* 6, 42 (2011).
6. Stramas 10-punktsprogram i praktiken, antibiotikasmarta tips för dig som arbetar på sjukhus, www.strama.se

INF021 - PREVALENCE OF HUMAN PEGIVIRUS IN CHILDREN WITH LEUKEMIA-RELATED DISEASE

Infektion

Gustaf Leijonhufvud^{1, 2}, *Tatiany Aparecida Teixeira Soratto*³, *Gabriel Machado Matos*⁴, *Amanj Bajalan*⁵, *Claudia Eichler-Jonsson*⁶, *Britt Gustafsson*², *Gordana Bogdanovic*⁶, *Tobias Allander*^{5, 6}, *Gustaf Ljungman*^{1, 2}, *Björn Andersson*⁴

¹ Department of Women's and Children's Health, Uppsala University, SE-75237 Uppsala, Sweden

² Department of Pediatric Hematology/Oncology, Children's University Hospital, SE-75185 Uppsala Sweden

³ Department of Microbiology, Immunology and Parasitology, Federal University of Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brazil

⁴ Department of Cell and Molecular Biology, Karolinska Institutet, SE-171 77 Stockholm, Sweden

⁵ Department of Microbiology, Tumor and Cell Biology, Karolinska Institutet, SE-171 77 Stockholm, Sweden

⁶ Department of Clinical Microbiology, Karolinska University Hospital, SE-171 76 Stockholm, Sweden

Introduktion/Introduction

Human pegivirus (HPgV) is a single-strand RNA virus belonging to the Flaviviridae family (1). In healthy children the prevalence of HPgV RNA is approximately 1% (2). After primary infection, the viremia is typically cleared within 1-2 years, but persisting infections are not uncommon. Although HPgV infection has not been linked to any specific disease, previous studies have noted an association between HPgV viremia and non-Hodgkin lymphoma in adults (3).

In a viral metagenomic study of children with various types of cancer, a high prevalence of HPgV-RNA was noted and we decided to investigate a possible connection between HPgV and patients with leukemia-related disease.

Metod/Method

Serum samples collected from 476 pediatric patients were investigated for the presence of viruses by shotgun metagenomic sequencing as well as specific PCR for HPgV.

Resultat/Result

Of a total of 476 individuals, 37 tested positive for HPgV. Patients with leukemia-related disease (acute lymphoblastic leukemia, acute myeloid leukemia and non-Hodgkin lymphoma) were compared with all other diagnoses (non-leukemia group). In the leukemia group 22/200 (11.0 %) of individuals were positive for HPgV. In the non-leukemia group 15/276 (5.4 %) were positive for HPgV. The higher frequency of HPgV infection among leukemia patients was significant by chi-squared test ($p < 0.05$). The highest proportions of HPgV positive patients were seen in pre-B- acute lymphoblastic leukemia (12.1 %) and non-Hodgkin lymphoma (13.7 %). In contrast, none of the Hodgkin's lymphoma patients were positive for HPgV.

Konklusion/Conclusion

There was a significant association between HPgV viremia and leukemia-related disease, similar to what has been observed in adults with lymphoma. The study illustrates the value of metagenomic sequencing for hypothesis formulation regarding the associations between virus infections and cancer.

Referenser

1. W.B. Supapol, R.S. Remis, J. Raboud, et al., Mother-to-child transmission of GB Virus C in a cohort of women coinfecting with GB Virus C and HIV in Bangkok, Thailand, *J. Infect. Dis.* 200 (2) (2009) 227–235, <https://doi.org/10.1086/599793>.

2. P.B. Christensen, N. Fisker, L.H. Mygind, et al., GB Virus C epidemiology in Denmark: Different routes of transmission in children and low- and high-risk adults, *J. Med. Virol.* 70 (1) (2003) 156–162, <https://doi.org/10.1002/jmv.10359>.

3. A. Fama, M.C. Larson, B.K. Link, et al., Human pegivirus infection and lymphoma risk: A systematic review and meta-analysis, *Clin. Infect. Dis.* 71 (5) (2019) 1221–1228, <https://doi.org/10.1093/cid/ciz940>.

Infektionssjuksköterskor

RFI201 - Hiv bland personer som injicerar droger i Stockholm - prevalens, incidens och behandlingsutfall

Infektionssjukvårdsköterskor

Erika Spångberg^{1, 2}, *Martin Kåberg*^{3, 4}

¹ Karolinska Universitetssjukhuset Huddinge, Infektion Mottagning 2

² Beroendecentrum Stockholm

³ Stockholm Sprututbyte, Beroendecentrum Stockholm

⁴ Karolinska Institutet, Institutionen för global folkhälsa

Introduktion/Introduction

Personer som injicerar droger (PWID) löper hög risk för hiv-smitta genom delning av injektionsutrustning. Sprututbytesprogram förhindrar spridning av hiv och är viktiga åtgärder för att uppnå UNAIDS 95-95-95-mål för personer som lever med hiv (PLWH) och injicerar droger. Hiv-prevalens, incidens och hiv-vård hos personer som injicerar droger har studerats sparsamt i Sverige.

Metod/Method

Deltagare vid Stockholms Sprututbyte testades för hiv vid sitt första besök och var tredje till sjätte månad under perioden 2013–2023. Demografiska data, information om drogbruk, hiv-behandling och dödsorsaker registrerades i det nationella kvalitetsregistret, InfCare Sprututbyte.

Resultat/Result

Mellan 2013 och 2023 testades 4,4 % (200/4513) av alla inskrivna vid Stockholms Sprututbyte positivt för hiv. 46 % injicerade amfetamin, 39 % heroin och 32 % hade vid något tillfälle LARO-behandling. Den årliga hiv-prevalensen minskade över tid från 8,6% till 5,7% ($p < 0,01$).

HIV-incidensen ($n=17$) bland sprututbytes-deltagare som testade negativt vid inskrivning var 0,15/100 personår (95 % CI 0,1-0,3). 92% av de hiv-positiva deltagarna fick behandling. Bland de som fick behandling och hade ett uppföljande HIV RNA-prov hade 84% HIV RNA < 50 kopior/mL vid sitt senaste sprututbytes-besök.

Under studieperioden dog 23,5% ($n=47$) av hiv-positiva deltagare jämfört med 14,4% av dem utan hiv ($p < 0,001$). Hiv-positiva deltagare avled vid en högre genomsnittsalder än de utan hiv, 53 år jämfört med 43 år. Tre deltagare dog med hiv som huvudsaklig dödsorsak, medan överdos var den vanligaste dödsorsaken.

Konklusion/Conclusion

Studien visar en fortsatt låg hivincidens och en hivprevalens som minskar över tid. Sprututbytet har varit viktigt för att identifiera nya hivfall bland PWID i Stockholm, både genom upptäckt av nya incidentfall och genom att nå personer med känd hiv som nyligen flyttat till Stockholm från utlandet. Sprututbytet har även förbättrat hivvården hos PWID i Stockholm genom tillgång till antiretroviral behandling och provtagning på sprututbytet samt vid behov, snabb länkning till infektionskliniken. Samverkan ökar förutsättningarna för följsamhet till hivbehandlingen, goda behandlingsresultat och kan vara en smittskyddsåtgärd av betydelse. Dödsfall var vanligare bland deltagare med hiv jämfört med de utan hiv, vilket behöver studeras vidare.

RFI202 - Vård av infektionskänsliga patienter - ett strukturerat förbättringsprojekt på en infektionsklinik

Infektionssjukvårdsköterskor

Rebecka Nilsson¹, *Stina Nydén¹*

¹ Sahlgrenska Universitetssjukhuset

Introduktion/Introduction

På Infektionskliniken (IK/SU) vårdas regelbundet patienter som av olika anledningar har ett hämrat immunförsvar; som har en vårdkontakt på hematologen, får neutropen feber eller har andra tillstånd/ immunsupprimerande behandlingar som gör dem infektionskänsliga. För att förebygga och skydda dem mot ytterligare infektioner är det viktigt att vårdpersonal arbetar enhetligt och evidensbaserat. På IK/SU har det inte funnits någon egen rutin. Information och arbetssätt har utgått från äldre rutiner från andra sjukhus/regioner. Detta har lett till otydlighet och osäkerhet kring hur denna patientgrupp vårdas kvalitetssäkert och evidensbaserat.

Syftet är att tydliggöra rutiner och ta fram ett evidensbaserat arbetssätt för medarbetare, som skapar trygghet och kvalitetssäkrad vård för infektionskänsliga patienter.

Metod/Method

Ett strukturerat förbättringsprojekt genomförs under våren 2025. Nulägesanalys och behovsanalys har gjorts genom utskick av enkät samt kartläggningsmöte med medarbetare från klinikens avdelningar. Granskning av andra hematolog- och infektionsklinikers rutiner samt aktuell forskning har skett fortlöpande. Detta sammanställs i en ny klinikövergripande rutin som planeras att implementeras i slutet av våren.

Resultat/Result

I nulägesanalysen framkom att medarbetare upplever stor osäkerhet kring patientgruppen samt vilka rutiner som ska användas. Vården av patientgruppen skiljde sig påtagligt åt mellan olika kliniker och det var svårt att hitta aktuell, relevant omvårdnadsforskning inom ämnet. Tidigare arbetssätt på IK/SU var daterat och stämde ej överens med den nyare forskningen vi fann.

I nyare studier framkommer att restriktioner som förespråkas i äldre rutiner kan ha haft negativ inverkan på patienternas livskvalitet, samtidigt som de inte har tillräcklig evidensbaserad grund för att öka patientsäkerhet.

Utifrån detta arbetas nu med att ta fram en tydligare och evidensbaserad rutin med tillhörande checklista att arbeta utifrån, samt tydlig patientinformation för att öka patientdelaktigheten.

Konklusion/Conclusion

Området är i behov av mer forskning utifrån patienters omvårdnad, exempelvis gällande de åtgärder och restriktioner som ofta rekommenderas samt effekterna av dessa.

Referenser

Alison G. Freifeld, Eric J. Bow, Kent A. Sepkowitz, Michael J. Boeckh, James I. Ito, Craig A. Mullen, Issam I. Raad, Kenneth V. Rolston, Jo-Anne H. Young, John R. Wingard, Clinical Practice Guideline for the Use of Antimicrobial Agents in Neutropenic Patients with Cancer: 2010 Update by the Infectious Diseases Society of America, Clinical Infectious Diseases, Volume 52, Issue 4, 15 February 2011, Pages e56–e93, <https://doi.org/10.1093/cid/cir073>

Kaplow R, Spinks R (2015). Neutropenia: A nursing perspective. Curr Probl Cancer 39 (2015) s297-308 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26566581/>

Stella F, Marasco V, Levati GV, Guidetti A, De Filippo A, Pennisi M, Vismara C, Miceli R, Ljevar S, Tecchio C, Mordini N, Gobbi G, Saracino L, Corradini P. Nonrestrictive diet does not increase infections during post-HSCT neutropenia: data from a multicenter randomized trial. Blood Adv. 2023 Oct 10;7(19):5996-6004. doi: 10.1182/bloodadvances.2023010348. PMID: 37450382; PMCID: PMC10580268. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37450382/>

RFI203 - Projekt personcentrerad fallprevention på Infektion Karolinska

Infektionssjuksköterskor

anna Torpfält^{1, 2, 3, 4, 5}

¹ Katri Manninen

² Anna Torpfält

³ Louise Åkesson

⁴ Mika Schueler

⁵ Kristina Dahmen

Introduktion/Introduction

Bakgrund:

Vid avvikelshantering under år 2023 framkom ökat antal fall inom slutenvård Infektion Karolinska vilket ledde till ett projekt om fallprevention. Journalgranskning genomfördes under år 2024 och 27 fall identifierade, varav fyra skadade sig. Det framkom att risk för fall hade identifierats men åtgärderna var inte personcentrerade och i många fall omöjliga att genomföra. Forskning visar att fall under vårdtiden orsakar stort lidande och död. Tidigare fall ökar oro och rädsla för att falla igen. En pågående infektion orsakar ofta feber, hypotoni, konfusion och i värsta fall delirium och kan medföra fallrisk.

Metod/Method

Syfte: Skapa en säker och personcentrerad vård för patienter med identifierad fallrisk.

Genomförande: Före projektstart granskades senaste forskning och under-och sjuksköterskorna utformade förslag på fallförbyggande åtgärder anpassade och möjliga att genomföra på avdelningarna. Inför start informerades och involverades personalgruppen och patienterna. Projektet startade i januari 2025 och följs upp kontinuerligt.

Resultat/Result

Resultat: Preliminära resultat visar en ökad medvetenhet hos personal och patienter om personcentrerat fallförebyggande. Exempel på åtgärder som används: Informera patienten om att hen har risk för fall och varför. Skriv gärna detta på patientens tavla.

- Dela ut ett informationshäfte till patienterna med fallförebyggande åtgärder.
- Personcentrerade åtgärder
- Placera ringklockan nära patienten.
- Hjälpa patienten med regelbundna toalettbesök. Lägg upp en plan i samråd med patienten, vilka tider är individuellt och förändras under vårdtiden.
- Antihalksockor, skor och anpassa byxor så att patienten inte fastnar i dem.
- Gånghjälpmedel placeras nära patienten och låses.
- Tidig kontakt med fysioterapeut för mobilisering.
- Kontroll av patientens närmiljö, tex låsa sängbordet.
- Observera patienten regelbundet: hur ligger patienten, är patienten orolig, försöker patienten ta sig upp och har patienten ringklockan inom räckhåll.
- Tänd lamporna inne hos patienterna.

En turkos markering ska sättas på dörren mot korridoren om patienten har fallrisk

Konklusion/Conclusion

För tidigt att dra någon slutsats med detta pågående projekt

RFI204 - Utvecklingsarbete om omhändertagande och information till MRSA-bärare

Infektionssjuksköterskor

Linus Jansson¹, *Thomas Schön*¹

¹ Region Kalmar

Introduktion/Introduction

MRSA (multiresistent *Staphylococcus aureus*) kan leda till svåra hud- och mjukdelsinfektioner och endokardit men den vanligaste orsaken till kontakt med infektionsklinik är asymtomatiskt bärarskap. I nuläget finns varierande handlägningsrutin mellan svenska regioner för MRSA-bärare efter att de fått diagnosen. Enligt smittskyddslagen ska patienten erhålla information och förhållningsregler men hur detta skall ske specificeras inte närmare och hur MRSA-bärarna tillgodogör sig den information de får är inte undersökt.

Metod/Method

Retrospektiva data från individer med positiva MRSA-odlingar som handlagts vid infektionskliniken i region Kalmar län mellan 2018 till 2023 erhöles via Sminet och journalsystemet Cosmic. Data insamlades avseende antal besök uppdelat på yrkesgrupp samt tolkbehov, smittspårning och resultat av denna samt MRSA-eradikering. Ett prospektivt utvecklingsprojekt har nyligen initierats där MRSA-bärare tillfrågas avseende informationen de får. Resultatet analyseras med kvalitativ metod.

Resultat/Result

Totalt registrerades 582 MRSA-bärare i region Kalmar län under 2018-2023 varav 291 remisser inkom till infektionsmottagningen i Kalmar. Dessa MRSA-bärare resulterade i 301 nybesök hos läkare och 61 besök hos sjuksköterska varav totalt 31% (114/362) var i behov av tolk. Över tid nära halverades antal MRSA-fall respektive de som handlades vid infektionskliniken i Kalmar från 129 respektive 56 individer under 2018 till 67 respektive 34 under 2020 i samband med COVID-19-pandemin. Antal smittspårade personer minskade drastiskt mellan 2019 (73%; 49/67) och 2023 (20%; 12/59) vilket till stor del berodde på förändrade riktlinjer 2023 att enbart familjer med riskfaktorer och riskyrke smittspåras. Totalt skedde MRSA-eradikeringsförsök hos 32 MRSA-bärare under 2018-2023 varav de flesta med riskyrke vilket resulterade i 44% (14/31) lyckade eradikeringar. I den prospektiva studien avseende hur informationen till MRSA-bärare uppfattas pågår datainsamling.

Konklusion/Conclusion

MRSA-bärarskap innebär en belastning för infektionsmottagningar och hur man individualiserar handläggning från ett patientperspektiv särskilt vad gäller information samtidigt som smittskyddslagen åtföljs behöver studeras vidare.

RFI205 - På väg mot en personcentrerad vård för tuberkulos

Infektionssjuksköterskor

Martina Sönerbrandt¹, *Thomas Schön*^{2, 3}, *Carina Hjelm*⁴, *Susanna Ågren*⁴

¹ Infektionskliniken i Östergötland

² Infektionskliniken i region Kalmar län

³ Institutionen för biomedicin och kliniska vetenskaper, Linköpings Universitet

⁴ Institutionen för hälsa, medicin och vård, Linköpings Universitet

Introduktion/Introduction

Introduktion: Tuberkulos (TB) orsakar 1,3 miljoner dödsfall årligen, trots att det idag finns bot. Att fullfölja behandlingen är avgörande för att bli frisk, men tidigare studier visar att detta ofta är utmanande och leder till både intermittenta och permanenta behandlingsavbrott. Sedan 2017 har Världshälsorganisationen (WHO) uppmanat till att kombinera "Direct Observed Therapy" (DOT) med personcentrerad vård och tillgodose patienters behov, för att förbättra följsamheten. En personcentrerad tuberkulosvård förväntas leda till att fler kan genomföra behandlingen då den sätter personen i centrum, tar hänsyn till patientens hela situation och inbjuder till samarbete.

Metod/Method

Syfte: Att undersöka patienters upplevelse av TB-behandling som ett underlag för att utveckla personcentrerad vård för TB.

Metod: En litteraturgenomgång med ett systematiskt tillvägagångssätt genomfördes. Kvalitativa intervjustudier publicerade mellan 2017 och 2022, med fokus på patienternas perspektiv och erfarenheter under TB-behandling, inkluderades. En kvalitetsbedömning av artiklarna gjordes före analys med hjälp av Graneheim och Lundmans innehållsanalys

Resultat/Result

Resultat: I de tio analyserade artiklarna rapporterade patienterna att DOT hade en betydande inverkan på deras liv, vilket gjorde vardagen svår att hantera då de saknade möjlighet att påverka situationen och var bundna till en behandlingsplan. Relationerna mellan patienter och vårdpersonal framstod som övervägande komplicerad. Patienterna uttryckte att deras behov inte tillgodosågs och att de inte inbjöds att dela med sig av sina problem eller bekymmer. När patienterna upplevde stöd var det kopplat till att bli sedda och hörda. Känslor av isolering och övergivenhet kunde mildras genom vårdpersonalens nära kontakt samt deras förmåga att aktivt lyssna och visa genuin omsorg och empati.

Konklusion/Conclusion

Konklusion: Att anta personcentrerad vård genom att säkerställa att patienten är delaktig i vården och känner sig sedd ochörd, kan mildra känslor av isolering och uppgivenhet vilket leder till bättre hälsoresultat och upplevelse av ett empatiskt bemötande.

RFI206 - En infektion i fingret visade sig vara syfilis

Infektionssjuksköterskor

Magdalena Junghage¹, *Jakob Morén*², *Dan Hammarström*¹, *Karin Sanner*³

¹ Smittskyddsenheten, Region Uppsala

² Vårdhygien, Region Uppsala

³ Venereologmottagningen, Akademiska sjukhuset

Introduktion/Introduction

Syfilis är en ovanlig sjukdom i Sverige med 500–600 fall/år, varav hälften diagnostiseras som tidig syfilis. Antalet fall av syfilis har mer än dubblats de senaste 10 åren. Tidig syfilis är anmälningspliktig och kan smitta sexuellt, via blod och placenta. Hudsymptom är vanliga och det första symptomet kan vara ett sår, en så kallad hård schanker som utvecklas där man blivit smittad, t ex genitalt, rektalt eller oralt. Såret är oömt och solitärt och har en inkubationstid på 10-90 dagar och brukar läka ut på ca 6-8 veckor.

Metod/Method

En läkare tog biopsi på en patient med hudsymptom i underlivet och stack sig på nålen, genom handsken. Blodsmitteprover togs på patient och läkare som var negativt. Efter ca 7 veckor fick läkaren en oöm svullnad i fingret. Efter några veckors försämring behandlas hen med flukloxacillin och utvecklar feber under ett dygn och får sedan ceftriaxon, men ingen effekt av antibiotikan. Efter ytterligare 3 veckor läker infektionen ut.

Patienten visade sig senare ha en syfilisinfektion. Läkaren ingick i smittspårningen och provtagning visade då att hen var smittad av syfilis.

Resultat/Result

En litteratursökning visade att syfilis i handen var en vanlig arbetsskada i början av 1900-talet. En schanker på fingret var då ett typiskt tecken på vårdrelaterad smitta hos sjukvårdspersonal och innebar en risk för smittspridning till patienter.

Direkt exposition, smitta till patient kunde inte uteslutas trots basala hygienrutiner. Beslut togs om att genomföra smittspårning av patienter då de exponerade var kvinnor i fertil ålder. Tidsperioden avgränsades baserat på en smittsamhetsbedömning.

- 286 personer ingick i smittspårningen.
- Informationsbrev skickades via 1177.
- Efter 4 veckor hade 70% lämnat prov. Samtliga negativa.

Konklusion/Conclusion

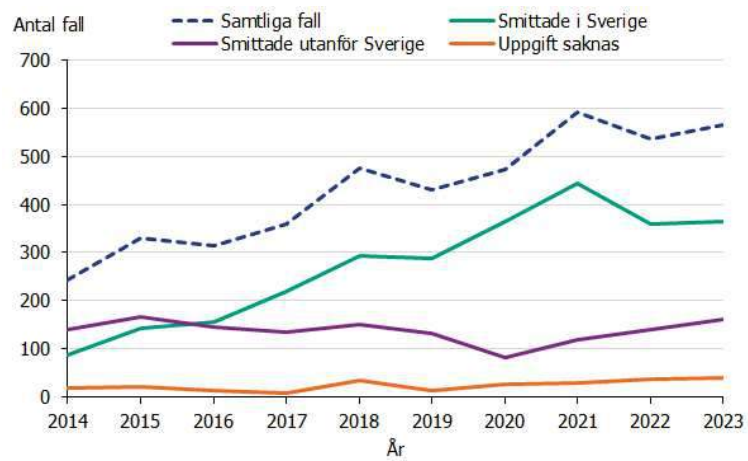
- Vanliga hygienrutiner inklusive sticksäkra produkter är ett viktigt skydd.
- En stickskada som senare leder till sår/svullnad bör väcka misstanke om syfilis.
- Ökningen av syfilis kan leda till att ovanliga manifestationer blir vanligare:
- Svårigheter för exponerade att få lämna sitt prov. Enligt smittskyddslagen ska man provtas oavsett vart man söker vård.
- Framgångsfaktor i smittspårningen var gott samarbete mellan smittskydd, vårdhygien och venereologmottagningen.

Referenser

Meyer, G. S. (1993). Occupational infection in health care: the century-old lessons from syphilis. Archives of internal medicine, 153(21), 2439-2447.

Syfilis – sjukdomsstatistik, Folkhälsomyndigheten (folkhalsomyndigheten.se).

Infektionsscreening av gravida kvinnor, InfPreg (medscinet.se)



RFI207 - Patienters upplevelse av att vårdas för en oklar infektion

Infektionssjuksköterskor

Linn Gustafsson¹, *Josefin Nilsson¹*, *Julia Christiansen¹*

¹ RFI - Riksföreningen för infektionssjuksköterskor

Introduktion/Introduction

Diagnostisk osäkerhet är vanligt förekommande vid infektionssjukdomar och kan ses hos 10-50 % av patienterna (Roger et al., 2023). Husain och Chalder (2021) belyser att en av fem patienter drabbas av oförklarliga symptom och att det påverkar dem negativt i form av stress och nedsatt funktion. Dreyer och Trettin (2015) menar att upplevelsen av att vara patient under utredning är ett sparsamt belyst område. Tiden fram till diagnos präglas av osäkerhet och ovisshet, samt en rädsla att belasta sjukvården.

Syftet med den här studien var att belysa patienters upplevelse av att vårdas för en oklar infektion.

Metod/Method

Studien har en kvalitativ metod. Semistrukturerade intervjuer genomfördes med åtta patienter på Infektionsavdelningarna i Lund och Helsingborg. Ett bekvämlighetsurval tillämpades, där alla patienter som vårdades för en oklar infektion vid intervjutillfällena inkluderades. Dataanalysen genomfördes som en integrerad analys. Svaren från intervjuerna sammanfattades och övergripande teman identifierades.

Resultat/Result

Utifrån intervjuerna kunde tre huvudteman identifieras; *känsla av frustration*, *känsla av ovisshet*, och *känsla av oro*. Patienterna uttryckte frustration över kvarvarande symptom, de talade om bristande kommunikation och information, och sju av åtta svarade att det var jobbigt att inte veta vad de drabbats av.

Konklusion/Conclusion

I enighet med tidigare forskning visar den här studien att patienter påverkas negativt av att vårdas för en oklar infektion. En patient som intervjuades besvärades emellertid inte av att inte veta vad hen drabbats av. Enligt Bhise et al. (2018) är patientens upplevelse beroende av läkarens sätt att uttrycka osäkerhet kring diagnosen. Förslag på vidare forskning kan vara att försöka finna faktorer som minskar den negativa påverkan av att vårdas för en oklar infektion.

Referenser

Bhise, V., Meyer, A., Menon, S., Singhal, G., Street, R., Giardina, T., & Singh, H. (2018) Patient perspectives on how physicians communicate diagnostic uncertainty: An experimental vignette study. *International Journal for Quality in Health Care*, 30(1), 2-8.. <https://doi.org/10.1093/intqhc/mzx170>

Dreyer, P., & Trettin, B. (2015). At være udredningspatient -- en overset patientgruppe. *Nordic Nursing Research / Nordisk Sygeplejeforskning*, 5(3), 253-265. <https://doi-org.ludwig.lub.lu.se/10.18261/issn1892-2686-2015-03-03>

Husain, M., & Chalder, T. (2021). Medically unexplained symptoms: assessment and management. *Clinical Medicine*, 21(1), 13-18. <https://doi.org/10.7861/clinmed.2020-0947>

Roger, P. M., Keita-Perse, O., & Mainardi, J-L. (2023). Diagnostic uncertainty in infectious diseases: Advocacy for a nosological framework. *Infectious Diseases Now*, 53(6). <https://doi.org/10.1016/j.idnow.2023.104751>

RFI208 - Kartläggning av handlagda incidenter med risk för blodsmitta, Infektionsmottagningen Linköping 2024.

Infektionssjuksköterskor

Martina Sönnerbrandt¹, Anna Bengtsson¹, Robin Jungmar Ridell¹, **Ramona Fust¹**

¹ Infektionskliniken, Universitetssjukhuset i Linköping

Introduktion/Introduction

Incidenter med risk för blodsmitta är en återkommande händelse inom vården och varje tillbud utgör en risk för personal att drabbas av en blodsmitta vilket kan leda till en kronisk och obotlig sjukdom. Hepatit B/C och hiv är de blodöverförda virus som utgör en potentiell risk för den som blivit exponerad. Enligt Socialstyrelsen är flertalet som skadar sig ovaccinerade eller ofullständigt vaccinerade mot hepatit B och dit hör bland annat personal som arbetar inom kommun. Arbetsmiljöverket (AFS 2005:1) har lagt det yttersta ansvaret på arbetsgivaren att se över att arbetstagarna har en säker arbetsmiljö samt bedöma om det kan finnas risk för olycksfall eller ohälsa som kan uppkomma efter exponering för biologiskt material. Arbetsgivaren bör därför identifiera faktorer som kan förebygga risken för blodsmitta genom att arbeta förebyggande med exempelvis handskar, sticksäkra kanyler och fakirer. Tillgodose rätt kompetens för uppdraget och erbjuda förebyggande vaccinationer mot hepatit B.

Syfte: Att kartlägga tillbudsorsaker för incidenter med risk för blodsmitta under 2024 och sammanställa vaccinationsstatus för inblandad personal anställd inom kommun jämfört med region.

Metod/Method

En deskriptiv retrospektiv studiedesign användes där avkodad data från alla incidenter handlagda på Infektionsmottagningen, Linköping tagits med. Data som samlades in var arbetsplats, tillbudsorsak och vaccinationsstatus.

Resultat/Result

Totalt handlades 183 incidenter under 2024 varav 103 personer var fullt hepatit B-vaccinerade och 58 personer var ovaccinerade. Övriga hade delvis/oklart skydd vid incidenten. Endast 27 % hade fullgott skydd inom kommun jämfört med 74 % i regionen. Fördelat på tillbudsorsak återfanns stickincidenter i 81,4 % av fallen följt av skärsincidenter 6,6 %, stänkincidenter 6 %, spottincidenter 2,1 %, bettincidenter 1,6 % och övriga 3,8 %. I kommunen var 59 % av tillbuden relaterade till tillbud från insulinnål eller blodsockerkontroller.

Konklusion/Conclusion

Förvåningsvärt få av sjukvårdspersonalen (103/183) var fullvaccinerade mot hepatit B och orsakerna till detta behöver ses över liksom möjliga interventioner för att öka vaccintäckningen. Majoriteten av incidenterna var stickincidenter och framförallt i kommunen relaterade till insulingivning. Resultatet visar att arbetsgivaren inte fullföljt sitt uppdrag enligt Arbetsmiljöverket. För att minska antalet tillbud behövs ett ökat ansvarstagande från arbetsgivaren vars uppgift är att skapa och säkerställa säkra rutiner vid riskmoment.

Mikrobiologi

MIK101 - Makrolidresistens hos *Mycoplasma pneumoniae* i fyra regioner i Sverige 2023-2024

Mikrobiologi

Karolina Gullsby^{1, 2}, *Johan Byrnedal Öckinger*³, *Björn Herrmann*⁴, *Lisa Wasserstrom*⁵, *Eleni Touriki*⁵, *Anna Heydecke*^{1, 2}

¹ Center för forskning och utveckling, Uppsala universitet, Region Gävleborg, Gävle

² Enheten för klinisk mikrobiologi, Region Gävleborg, Gävle sjukhus, Gävle

³ Enheten för klinisk mikrobiologi, Region Stockholm, Karolinska universitetslaboratoriet, Solna

⁴ Enheten för klinisk mikrobiologi, Region Uppsala, Akademiska laboratoriet, Uppsala

⁵ Klinisk mikrobiologi och vårdhygien, Medicinsk service, Region Skåne, Lund

Introduktion/Introduction

Mycoplasma pneumoniae kan ge upphov till luftvägsinfektioner, vilka oftast är milda men ibland utvecklas till allvarliga pneumonier.

Efter ovanligt låg förekomst av *M. pneumoniae*-fall under åren 2020-2022 har fallen ökat markant från hösten 2023.

Bakterien saknar cellvägg och är naturligt resistent mot flera antibiotikagrupper, inklusive betalaktamantibiotika. Makrolider, tetracykliner och fluorokionoloner kan användas för behandling men för barn anses ofta makrolider vara förstahandsval.

Makrolidresistensen har ökat dramatiskt i Asien sedan millennieskiftet, med upp till 100% resistens i vissa länder. I Europa är andelen resistent isolat mellan 0-10% (1). I Sverige undersöks ej makrolidresistens rutinmässigt men tidigare studier påvisade mutationer i 1 (0,2%) av 578 prov insamlade 1996-2017 (2,3).

Makrolidresistens orsakas av punktmutationer i 23S rRNA-genen som kan detekteras med PCR-baserad metod (4).

Syfte med studien var att kartlägga den aktuella prevalensen av makrolidresistens hos *M. pneumoniae* i Sverige genom analys av prover insamlade 2018-2024 från fyra regioner.

Metod/Method

Studiematerialet utgjordes av luftvägsprover eller eluat från extraherade luftvägsprover positiva för *M. pneumoniae*. PCR-baserad analys för detektion av mutationer associerade med makrolidresistens utfördes på mikrobiologen i Gävle. Prover med påvisad mutation samt ett slumpmässigt urval av prover utan påvisad mutation verifierades med sekvensering.

Totalt analyserades 809 luftvägsprover. Från säsongen 2023-2024 analyserades 750 prover, 376 från mellersta Sverige (Stockholm, Uppsala, Gävle) och 374 från Skåne. Därtill analyserades 59 prover insamlade 2018-2020 i Gävle.

Resultat/Result

Majoriteten (93%) av de 809 proverna utgjordes av övre luftvägsprover. Medianåldern för patienterna var 23 år och 418 (52%) var tagna från kvinnor och 391 (48%) från män. Cirka hälften av proverna (48%) var tagna i öppenvården och hälften (49%) var tagna inom slutenvården eller på akutmottagning.

Inga mutationer kopplade till makrolidresistens detekterades i proverna från 2018-2020. I proverna från 2023-2024 detekterades resistensmutationer i 22 (2,7%) prover, tillhörande mutation A2058G/A2059G. Andelen resistent prover var högre i Skåne (4,3%) jämfört med mellersta Sverige (1,6%).

Konklusion/Conclusion

Jämfört med tidigare studier förefaller andelen *M. pneumoniae* med mutationer kopplade till makrolidresistens ha ökat. Andelen positiva prover var högre i Skåne jämfört med de mellersta regionerna. Fortsatt övervakning av makrolidresistens är nödvändig för att följa utvecklingen och säkerställa relevanta behandlingsrekommendationer.

Referenser

1. Loconsole D, De Robertis AL, Sallustio A, Centrone F, Morcavallo C, Campanella S, m.fl. Update on the Epidemiology of Macrolide-Resistant *Mycoplasma pneumoniae* in Europe: A Systematic Review. *Infect Dis Rep.* 02 september 2021;13(3):811–20.
2. Gullsby K, Olsen B, Bondeson K. Molecular Typing of *Mycoplasma pneumoniae* Strains in Sweden from 1996 to 2017 and the Emergence of a New P1 Cytadhesin Gene, Variant 2e. *J Clin Microbiol.* 24 maj 2019;57(6):e00049-19.
3. Gullsby K, Bondeson K. No detection of macrolide-resistant *Mycoplasma pneumoniae* from Swedish patients, 1996-2013. *Infect Ecol Epidemiol.* 2016;6:31374.
4. Peuchant O, Menard A, Renaudin H, Morozumi M, Ubukata K, Bebear CM, m.fl. Increased macrolide resistance of *Mycoplasma pneumoniae* in France directly detected in clinical specimens by real-time PCR and melting curve analysis. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy.* 01 juli 2009;64(1):52–8.

MIK102 - Bärarskap av antibiotikaresistenta *Escherichia coli* hos svenska småbarn - en nationell studie

Mikrobiologi

Ellinor Berggren¹, Stefan Börjesson², Lotta Moraeus³, Helena Bjermo³, Jakob Ottosson³, **Martin Sundqvist^{1, 4}**

¹ Institutionen för Medicinska vetenskaper, Fakulteten för Medicin och hälsa, Örebro Universitet, Örebro

² Avdeling Dyrehelse, dyrevelferd og mattrygghet, Veterinærinstituttet, Ås, Norge

³ Avdelningen för risk- och nyttovärdering, Livsmedelsverket, Uppsala

⁴ VO Laboratoriemedicin, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro

Introduktion/Introduction

Antibiotikaresistens hos Enterobacterales ökar i många länder. *Escherichia coli* är den vanligaste orsaken till urinvägsinfektioner och bärarskap av resistenta bakterier i tarmfloran bidrar till ökad risk för infektion orsakad av resistenta bakterier och ökad spridning av dessa bakterier. Syftet med den aktuella studien var att, som en del i den nationella studien Riksmaten småbarn, studera förekomsten av resistenta *E.coli* i fecesprover hos svenska barn.

Metod/Method

Barn i tre åldersgrupper (9 mån, 18 mån, 4 år) identifierades via en randomiserad registerbaserad approach och bjöds in att delta i den rikstäckande studien Riksmaten småbarn som drivs av Livsmedelsverket. För denna delstudie var målet att inkludera 300 barn i varje åldersgrupp och föräldrarna ombads att ta fecesprov på barnen vid ett tillfälle och skicka proverna till Livsmedelsverket där prover sparades för att kunna odlas vid senare tillfälle. Proverna tinades och odlades på 5 olika odlingsplattor: chromogen agar (Uriselect 4, Bio-Rad), 2) Uriselect 4 med tillsats av vancomycin + nalidixinsyra (NAL) eller trimetoprim (TMP) och 3) CHROMagar ESBLE och CHROMagar SuperCarba (CHROMagar) och inkuberades över natt. Artbestämning utfördes med MALDI-TOF och samtliga fynd av *E.coli* resistensbestämdes med EUCAST-metod.

Resultat/Result

Från respektive åldersgrupp samlades 282 (9 månader), 305 (18 månader) och 290 (4 år) prover in och analyserades. Enterobacterales växte fram i 89%, 83% och 51% av proverna. Förekomsten av bakterier resistenta mot kinoloner, TMP och Cefotaxim redovisas i bifogad tabell. Inget prov uppvisade växt av karbapenemasproducerande bakterier.

Konklusion/Conclusion

Detta är den första nationella studien som studerar bärarskap av resistenta *E.coli* hos svenska barn. Resistensnivåerna var i linje med tidigare mindre kohortstudier och en nationell studie på vuxna. Detta antyder stabil och internationellt sett relativ låg förekomst av ESBLE-producerande *E.coli*. Förekomsten av resistens mot kinoloner och trimetoprim var i nivå med den rapporterad i kliniska odlingar och lika i de olika åldersgrupperna.

Barn med växt av coliforma bakterier	Nalidixinsyra % resistens 95%CI	Ciprofloxacin % resistens 95%CI	Trimetoprim % resistens 95%CI	Cefotaxim % resistens 95%CI
9 månader (n= 252)	13.1 9.2-17.9 (n=33)	7.1 4.3-11.1 (n=18)	16.2 11.9-21.4 (n=41)	3.6 1.7-6.7 (n=9)
18 månader (n=251)	13.5 9.3-17.8 (n=34)	5.2 2.4-7.9 (n=13)	18.3 13.7-23.7 (n=46)	4.0 1.9-7.2 (n=10)
4 år (n= 149)	12.8 7.9-19.7 (n=19)	8.7 4.7-14.5 (n=13)	12.1 7.3-18.4 (n=18)	4.0 1.5-8.6 (n=6)
Totalt alla åldersgrupper (n=652)	13.0 10.6-15.9 (n=85)	6.8 4.8-8.7 (n=44)	16.1 13.4-19.2 (n=105)	3.8 2.5-5.6 (n=25)

MIK103 - Direkt resistensbestämning på urinodlingar ger minst lika snabbt resistensbesked som från samtidigt tagna blododlingar

Mikrobiologi

Emma Lönn¹, *Birgitta Sjöberg*¹, *Maria Rolff*¹, *Paola Papadioti*¹, *Martin Sundqvist*^{1, 2}

¹ 1)VO Laboratoriemedicin, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro

² 2)Fakulteten för medicin och Hälsa, Örebro Universitet, Örebro

Introduktion/Introduction

De senaste åren har mycket fokus riktats mot hantering av blododlingar med både snabb art- och resistensbestämning. Det förekommer dock allvarliga urinvägsinfektioner där blododlingen inte är positiv och där den positiva urinodlingen blir den enda ledningen i behandlingen. Sedan många år utförs snabb inkubation av blododlingar och direkt resistensbestämning på samtliga urinprover som odlas vid VO Laboratoriemedicin, Klinisk mikrobiologi, Örebro. Vi önskade undersöka om direkt resistensbestämning av urinprover ger snabbare svar än blododlingar på prover tagna vid samma tillfälle på patienter handlagda på akutmottagningen.

Metod/Method

I laboratorieinformationssystemet (FlexlabMikro) identifierades från perioden juli-december 2023 alla patienter ≥ 18 år där urinodling och blododling tagits inom ± 2 h på akutmottagningen Universitetssjukhuset Örebro och där en eller båda odlingarna påvisat *E. coli* och/eller *K. pneumoniae*. Tid från provtagning till första svarsrapport med resistensbesked analyserades och jämfördes.

Resultat/Result

Totalt identifierades 242 urinodlingar och 64 blododlingar. Av urinodlingarna hade 176 (73%) negativ blododling, 45 (19%) positiv blododling för *E. coli* och/eller *K. pneumoniae* och 21 (9%) positiv blododling för annat agens. Motsvarande siffror för positiva blododlingar var 12 (19%) med negativ urinodling, 45 (70%) med positiv urinodling för *E. coli* och/eller *K. pneumoniae* och 7 (11%) med urinodling positiv för annat agens. Bland de 45 patienter med samma resultat i blod- och urinodling svarades resistensbestämningen från urinodlingen ut snabbare i 25 fall (56%). Mediantiden (IQR) från provtagning till första resistensbesked var i denna grupp 37h (26-42h) för urinodlingar och 40 h (34-51h) för blododlingar. I gruppen med enbart positiv urinodling för de aktuella bakterierna var mediantiden 38h (27-46h).

Konklusion/Conclusion

På patienter på akutmottagningen med samtidigt tagen blod- och urinodling resulterade direkt resistensbestämning av urinprover i att svar kunde lämnas minst lika snabbt från urinodlingar som från blododlingar. Studien understryker vikten av att snabbare mikrobiologisk diagnostik bör eftersträvas på fler odlingar än bara blododlingar.

MIK104 - Rutinmässig sekvensering av ESBL-producerande *Klebsiella pneumoniae*

Mikrobiologi

Åsa Beraki¹, Johanna Furberg¹, Lisa Vennberg^{1, 2}, Gunlög Rasmussen^{1, 3}, Martin Sundqvist^{2, 3}

¹ Enheten för Smittskydd och Vårdhygien, Region Örebro län

² VO Laboratoriemedicin, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro

³ Institutionen för medicinska vetenskaper, Fakulteten för Medicin och Hälsa, Örebro Universitet, Örebro

Introduktion/Introduction

Klebsiella pneumoniae är en gramnegativ tarmbakterie som regelbundet orsakar utbrott på sjukhus globalt och i Sverige. Ett exempel är när *K. pneumoniae* med produktion av Extended Spectrum Betalaktamas (ESBL) spreds till 320 patienter på ett svenskt universitetssjukhus i början av 2000-talet. Sedan januari 2023 har Region Örebro län rutinmässigt helgenomsekvenserat ESBL-producerande *K. pneumoniae*. Syftet med detta kvalitetsprojekt var att undersöka om rutinmässig sekvensering kan bidra i det vårdhygieniska arbetet genom att identifiera smittspridning som annars inte upptäcks.

Metod/Method

Samtliga ESBL-producerande *K. pneumoniae* som sekvenserats i Region Örebro län under perioden 2023-01-01 – 2024-12-31 inkluderades. Helgenomsekvensering har utförts med Illumina-sekvensering. Möjlig genetisk likhet definierades som <20 allelskillnader i cgMLST-analys (1928Diagnostics) och epidemiologiskt samband definierades som boende i samma hushåll, samvårdad på avdelning, boende på samma SÄBO eller att man besökt samma mottagning under året innan identifieringen av stammen.

Resultat/Result

Sammanlagt analyserades 91 sekvenser från 76 patienter. Tretton sekvenser (17%) uppfyllde definitionen för genetiskt samband. Dessa var uppdelade på 6 kluster med 2-3 patienter i varje kluster (0-10 allelskillnader). Epidemiologiskt samband kunde påvisas i 5 av 6 kluster varav 4 kunde härledas till sjukhusavdelning eller SÄBO.

Konklusion/Conclusion

Genom att rutinmässigt sekvensera samtliga ESBL-producerande *K. pneumoniae* identifierades i huvudsak fall utan genetisk likhet. Sannolik spridning i vården/på SÄBO kunde dock identifieras i några fall, och mer omfattande smittspridning på dessa enheter kan inte uteslutas. Rutinmässig sekvensering under aktuell period har dock inte kunnat påvisa att denna spridning orsakat hög förekomst av kliniska infektioner i vårdmiljön.

MIK108 - Bakteriemi med *Streptococcus agalactiae* och analys av tid till positivitet

Mikrobiologi

Torgny Sunnerhagen^{1, 2}, *Rima Mnajed*¹, *Alfred Törngren*¹, *Anna Bläckberg*^{1, 3}

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

² Klinisk mikrobiologi, Medicinsk service, Region Skåne

³ Infektionskliniken, Skånes universitetssjukhus, Region Skåne

Introduktion/Introduction

Streptococcus agalactiae kan orsaka en rad olika sjukdomar, inklusive infektiös endokardit, bakteriemi, och hud- och mjukdelsinfektioner. Även om *S. agalactiae* är känd för att orsaka infektioner hos nyfödda, kan den också orsaka allvarliga infektioner hos vuxna, vilket är fokus för denna studie.

Metod/Method

Episoder av *S. agalactiae*-bakteriemi hos vuxna som inträffade 2016-2023 i Skåne inkluderades. Blododlingsfynden och tid till positivitet identifierades genom sökning i databasen hos klinisk mikrobiologi, och studiepopulationen baserades på fynden där. Journalgenomgång gjordes för att bedöma klinisk presentation och utfall av bakteriemiepisoderna. Det primära utfallet sattes till 30-dagarsmortalitet och sekundära utfall till utveckling av sepsis inom 48 timmar från blododling, samt förekomst av infektiös endokardit.

Resultat/Result

Totalt inkluderades 450 vuxna patienter med en episod av *S. agalactiae*-bakteriemi i studien, varav 249 var män och 201 var kvinnor. Medianåldern var 72 år (interkvartilintervall (IQR 61-82)) och hud och mjukdelar var det vanligaste infektionsfokuset. 30-dagarsmortaliteten var 8,6%. 44,6% av patienterna uppfyllde kriterierna för sepsis, och 4,7% hade endokardit. Mediantiden till positivitet för blododlingar med *S. agalactiae* tagna från sjukhus med inkubator var 9,1 timmar (IQR 7,7-10,2). I materialet hittades ingen association mellan 30-dagarsmortalitet eller utveckling av sepsis och tid till positivitet. Patienter med endokardit hade dock som grupp en signifikant lägre tid till positivitet än patienter utan endokardit ($p < 0,01$).

Konklusion/Conclusion

Bedömning av tid till positivitet kan vara av värde vid fall av bakteriemi med *S. agalactiae*, för att indikera patienter där risken för infektiös endokardit är hög.

MIK109 - INVASIVE MENINGOCOCCAL DISEASE IN SWEDEN 2023-2024

Mikrobiologi

Sara Thulin Hedberg^{1, 2}, *Lorraine Eriksson*^{1, 2}, *Tiia Lepp*³, *Josefin Bengtsson*¹, *Bianca Stenmark*^{1, 4}, *Susanne Jacobsson*^{1, 2}, *Hans Fredlund*¹, *Olof Säll*^{1, 5}, *Martin Sundqvist*^{1, 2}, *Paula Mölling*^{1, 2}

¹ National Reference Laboratory for *Neisseria meningitidis*, Department of Laboratory Medicine, Clinical Microbiology, Örebro University Hospital, Örebro, Sweden

² Department of Laboratory Medicine, Faculty of Medicine and Health, Örebro University, Örebro, Sweden

³ The Public Health Agency of Sweden, Solna, Sweden

⁴ Clinical Genomics, Faculty of Medicine and Health, Örebro University, Örebro, Sweden

⁵ Department of Infectious Diseases, Örebro University Hospital, Örebro, Sweden

Introduktion/Introduction

Invasive meningococcal disease (IMD) is notifiable in Sweden. The reporting system comprises of mandatory clinical report and laboratory notification to the Public Health Agency of Sweden, Stockholm.

Metod/Method

Clinical samples were sent to the National Reference Laboratory (NRL) for *Neisseria meningitidis* (Men) in Örebro during 2023-2024 for typing and surveillance. Sero-/genogrouping, genosubtyping (on PCR positive samples) as well as whole genome sequencing and antibiogram on isolates was performed.

Resultat/Result

Compiled data shows 78 reported cases of clinical IMD during 2023 to 2024, of which 74 were laboratory confirmed at the NRL (62 culture- and 14 PCR-positive).

In 2023, 33 cases of IMD with an incidence of 0.31 (per 100 000 population) and case fatality rate 9.1% were reported. The group distribution was 36% MenB, 6% MenC, 27% MenY, 21% MenW. Among the patients 52% were females and 48% males, with median age of 26 years (mean 38 years). Two IMD cases had an epidemiological linkage.

In 2024, 45 IMD cases were reported with an incidence of 0.43 and case fatality rate 4.4%. The group distribution was 22% MenB, 9% MenC, 58% MenY, 4% MenW. The IMD cases represented 44% females and 56% males with median age of 49 years (mean 44 years) with no known epidemiological linkage.

Konklusion/Conclusion

The incidence of IMD in Sweden has almost reached the same level as before the COVID-19 pandemic. The epidemiology differs substantially between the two years with an increase of MenY (no clonal expansion) and mean age combined with lower case fatality rate in 2024.

MIK110 - Ny molekylärbiologisk diagnostik för TBE-virus på Klinisk Mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhuset

Mikrobiologi

Lina Guerra Blomqvist¹, *Tania Mparmpagianni*¹, *Gordana Bogdanovic*¹

¹ Klinisk Mikrobiologi, Medicinsk Diagnostik Karolinska, Karolinska Universitetssjukhuset

Introduktion/Introduction

TBE (tick-borne encephalitis) orsakas av ett virus tillhörandes gruppen flavivirus som sprids via fästingar och förekommer i stora delar av Europa och Asien. Varje år rapporteras 300–600 fall av TBE i Sverige. Viruset (TBEV) orsakar mildare influensaliknande symtom till allvarliga hjärninflammationer. Inkubationstiden är 1–2 veckor. Sjukdomen kallas även fästingburen encefalit. Det flesta som insjuknar med neurologiska symtom blir helt återställda men ungefär en tredjedel får långdragna eller bestående besvär.

Diagnostik av TBE baseras främst på serologi, med påvisning av IgG- och IgM-antikroppar i serum. I regel räcker påvisande av IgM-antikroppar i serumprov för diagnos av akut sjukdom.

PCR-analys för TBEV kan hjälpa diagnosen innan patienten utvecklat ett antikroppssvar. Detta gäller framför allt tidigt under den första, viremiska fasen av TBE, men även senare under förloppet för svårt sjuka patienter med utdraget förlopp eller dåligt immunsvär.

Metod/Method

Vi har verifierat två kommersiella kit; Tick-borne Encephalitis Virus Real Time PCR Kit (BioPerfectus technologies) och AlphaCube TBE PCR Kit (Mikrogen Diagnostik) och en in-house-mix på olika extraktions- och PCR-plattformar för TBEV-PCR. In-house-mixen innehåller primer och prob för att påvisa NS3 i polyproteinet och TBEV-komplexet tillsammans med en internkontroll. Metoden bygger på en tidigare publicerad metod.

För att kunna erbjuda en ännu snabbare analys, har kommersiella kit och In-house-mix validerats på den helautomatiserade och integrerade precisionsinstrumentet GeneLEAD VIII (Precision System Science) där extraktion och PCR integreras i samma analys.

På grund av begränsade tillgång till positiva patientprov, användes TBEV-stammar och kommersiell TBEV-standard i verifieringen.

Resultat/Result

TBEV-PCR med in-house-mixen har en högre analytisk känslighet och säkrare kontrollsystem i jämförelse med de två kommersiella kiten när patientprov, kommersiella kontroller och TBEV-stammar analyserades.

Jämförelsen av extraktion, känslighet och specificitet mellan de olika analysplattformarna för påvisning av TBEV med in-house-mixen visar på likvärdiga resultat. Det betyder att GeneLEAD VIII kan användas för påvisning av TBEV för ett snabbare provflöde och resultat

Konklusion/Conclusion

Snabb och korrekt diagnostik av TBE har en stor betydelse för vården, t.ex. för att tidigt diagnostisera allvarliga fall.

Införandet av en TBEV-PCR på ett helautomatiserade och integrerade precisionsinstrument (GeneLEAD VIII) förkortar svarstider genom att underlätta hela processen från beställningar, analysutförande och utsvarvande av provresultat.

Referenser

Michaela Schwaiger, Pascal Cassinotti, JCV, Volume 27, Issue 2, 2003, 136-145

MIK111 - *Borrelia burgdorferi* sensu lato antibody dynamics in cerebrospinal fluid: Implications of antibody decay

Mikrobiologi

Marc Westerholt¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Centralsjukhuset Karlstad, Karlstad

Introduktion/Introduction

Lyme borreliosis, caused by *Borrelia burgdorferi* sensu lato (*Bbsl*), is a tick-borne infection that can cause neuroborreliosis, the most common disseminated form of the disease. Diagnosis typically involves clinical evaluation, cerebrospinal fluid (CSF) pleocytosis and intrathecal *Bbsl*-specific antibody synthesis, but persistent antibodies from previous infection may complicate interpretation. This study aimed to investigate the decay and reactivity of *Bbsl*-specific IgM and IgG antibodies in CSF.

Metod/Method

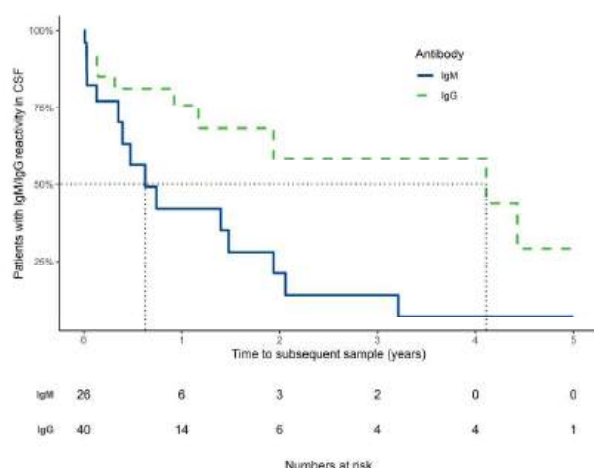
Data from 6232 consecutive patients tested for *Bbsl* antibodies in CSF and serum over 12 years were collected from Karlstad Hospital, Sweden. Time-to-event analysis (Kaplan-Meier, Cox regression) was conducted on patients with follow-up lumbar punctures (LP). Patients with initial isolated IgM in CSF were examined for subsequent IgG reactivity. Median time to CSF antibody negativity was calculated for patients displaying detectable antibodies at start of the analysis or at a specific time point.

Resultat/Result

A total of 918 samples from 398 patients with follow-up LP were included, of which 55 (13.8%) exhibited IgM (n=15), IgG (n=29) or both (n=11) antibody reactivity in the first CSF sample. The median time to CSF antibody negativity was 229 days and 1500 days for IgM and IgG, respectively. Cox regression analysis showed a significantly shorter duration of IgM antibodies (p=0.008). Nineteen patients demonstrated a positive intrathecal index for IgM and/or IgG with median time to CSF negativity of 174 and 413 days, respectively. No patients with initial isolated IgM reactivity later developed IgG reactivity. The median time to the first follow-up LP was 228.5 days.

Konklusion/Conclusion

Bbsl-specific IgM and IgG antibodies persisted in CSF for years with IgM decaying faster. *Bbsl*-specific antibody index positivity appeared transient compared to antibody reactivity. This underscores the importance of calculating the specific antibody index alongside clinical symptoms and CSF pleocytosis to prevent overdiagnosis and unnecessary treatment. No IgG following IgM reactivity in CSF was observed in this cohort.



MIK112 - Analytisk sensitivitet vid låga TBEV RNA koncentrationer hos in-house och kommersiella PCR-metoder.

Mikrobiologi

Midori Kjellin^{1, 2}, *John H-O Pettersson*^{3, 4, 5}, *Klara Sondén*⁵, *Kåre Bondeson*^{1, 2}

¹ Klinisk mikrobiologi, Akademiska Sjukhuset

² Institutionen för medicinska vetenskaper, Klinisk mikrobiologi, Uppsala Universitet

³ Zoonosis Science Center, Institutionen för medicinska vetenskaper, Uppsala universitet, Uppsala

⁴ Avdelningen för mikrobiologi, Statens Veterinärmedicinska Anstalt, Uppsala

⁵ Avdelningen för mikrobiologi, Folkhälsomyndigheten, Solna

Introduktion/Introduction

Tick borne encephalitis (TBE) är en virusorsakad infektion som kan leda till allt från milda symtom till svåra encefaliter med dödlig utgång. Diagnos ställs vanligtvis genom serologiska tester. Realtids-PCR är av värde främst för ineliggande patienter där serologi är negativ eller oklar. Även realtids-PCR är en metodologisk utmaning där falskt negativa resultat, mycket höga Ct-värden och risk för falska positiva resultat kan förväntas. Syftet med denna studie var att jämföra analytisk sensitivitet mellan tre olika PCR-metoder för TBEV RNA-detektion, inklusive en in-house-metod och två kommersiella tester, samt att fastställa deras relativa prestanda vid låga RNA-koncentrationer.

Metod/Method

Vi har fastställt den analytiska känsligheten (LLoD 95%) med PROBIT-analys för en modifierad version av en tidigare publicerad in-house PCR-metod ("metod K", Schwaiger). Den relativa detektionsfrekvensen (hit-rate) vid låga TBEV RNA- koncentrationer har sedan jämförts mot två kommersiella TBEV-tester: alphaCube TBE (metod T) och alphaCube TBEV/WNV (metod T+W), båda från Mikrogen Diagnostik. Kvantifierat TBEV RNA från Vircell Amplirun Tick-borne Encephalitis Virus RNA Control med 15 000 dkop/μL användes i testerna.

Resultat/Result

LLoD 95% för in-house metoden (metod K) fastställdes till 68,2 dkop/mL. Vid en RNA-koncentration på 41,3 dkop/mL visade sig risken för falskt negativa resultat vara 3%, 63% respektive 43% för metod K, T och T+W. Vid denna nivå var således risken för falskt negativa resultat 21 gånger högre för metod T och 14 gånger högre för metod T+W jämfört med metod K.

Konklusion/Conclusion

In-house-metoden (metod K) visade sig ha en högre analytisk sensitivitet än de två kommersiella metoderna. Denna studie belyser vikten av att noggrant välja diagnostiska verktyg för TBEV RNA-detektion och bidrar till bättre förståelse för metodernas prestanda i klinisk diagnostik.

Referenser

Schwaiger M, Cassinotti P. Development of a quantitative real-time RT-PCR assay with internal control for the laboratory detection of tick borne encephalitis virus (TBEV) RNA. J Clin Virol. 2003 Jul;27(2):136-45. doi: 10.1016/s1386-6532(02)00168-3. PMID: 12829035

Im, Jae Hyoung et al. "Geographic distribution of Tick-borne encephalitis virus complex." Journal of vector borne diseases vol. 57,1 (2020): 14-22. doi:10.4103/0972-9062.308794

MIK113 - Validering av Realtids-PCR för påvisning av *Schistosoma* spp. i feces- och urinprover

Mikrobiologi

Irina Dalmau^{1, 2}, *Therese Bergstrand*^{1, 2}, *Sandra Söderholm*^{1, 2}, *Ioana Bujila*^{1, 2}, *Caroline Rönnberg*^{1, 2}

¹ Enheten för parasitologi, Avdelningen för mikrobiologi, Folkhälsomyndigheten, Solna, Sverige

² Nationella referenslaboratorier för parasiter

Introduktion/Introduction

Schistosomiasis är en parasitinfektion som överförs genom hudkontakt med infekterat sötvatten, främst i tropiska Afrika samt delar av Sydamerika och Asien. Sjukdomen orsakas främst av *Schistosoma haematobium* och *Schistosoma mansoni*. Diagnosen baseras på epidemiologisk bakgrund, serologi och/eller påvisning av parasitägg med ljusmikroskopi i urin (*S. haematobium*) eller avföring (*S. mansoni*). Mikroskopi är guldstandard för diagnostik av schistosomiasis men metoden har låg sensitivitet. För att komplettera mikroskopi och öka känsligheten för att påvisa parasiten vid Folkhälsomyndigheten, validerades en kvalitativ realtids-PCR som riktar sig mot den nukleära ITS-2 (internal transcribed spacer-2) genen och är genus-specific. Realtids-PCR:en detekterar *Schistosoma* spp. i feces- och urinprover.

Metod/Method

Totalt testades 46 prover med en tidigare publicerad realtids-PCR som riktar sig mot *Schistosoma* ITS-2-genen. Proverna inkluderade: 25 etanolfixerade, 3 frysta ofixerade och 10 SAF-fixerade fecesprover samt 8 frysta, ofixerade urinprover. Specificiteten för analysen utvärderades med DNA från 10 icke-*Schistosoma*-parasiter.

Resultat/Result

PCR-analysen detekterade framgångsrikt *Schistosoma*-DNA i samtliga mikroskopipositiva etanolfixerade fecesprov (7/7), 2/3 frysta ofixerade fecesprov samt 6/10 av de SAF-fixerade fecesproverna. Dessutom detekterades *Schistosoma*-DNA i tre mikroskopinegativa fecesprov (3/11) från patienter som var serologipositiva. Samtliga urinprover som var mikroskopipositiva var även positiva med PCR (4/4) och 4/4 mikroskopinegativa var negativa med PCR. Metodens specificitet var 100 % för både feces och urin.

Metodenssensitivitet för urin var 100 % och 80 % för samtliga feces (ofixerade och fixerade). Sensitiviteten steg till 93% för fecesprov efter exklusion av SAF-fixerade fecesprover. Inget av de 10 proverna i exklusivitetspanelen med prover innehållande andra parasiter testade positivt med metoden, vilket bekräftar 100% specificitet. Metoden visade hög precision med en repeterbarhetskoefficient (CV%) på 8,8% och en intermediär precision (CV%) på 6,8%.

Konklusion/Conclusion

Sammanfattningsvis är den validerade realtids-PCR-metoden ett tillförlitligt verktyg som komplement till de metoder som används vid Folkhälsomyndigheten för diagnostik av schistosomiasis. SAF-fixerade fecesprover är olämpliga även efter tvättning på grund av inhibition av metoden, medan etanolfixerade och ofixerade fecesprover rekommenderas. Metoden förbättrar den diagnostiska sensitiviteten och kompletterar traditionell mikroskopi för detektion av *Schistosoma* spp.

MIK114 - Duplex PCR-Nanopore sequencing assay for *Cryptosporidium* species and subtype determination

Mikrobiologi

Georgina Isak¹, *Gustav Killander*², *Anna-Malin Linde*², *Abdolreza Advani*², *Caroline Rönnberg*¹, *Ioana Bujila*³

¹ Enheten för parasitologi, Folkhälsomyndigheten

² Enheten för laboratorieutveckling, Folkhälsomyndigheten

³ Enheten för laborativ virus- och vaccinnöversvakning, Folkhälsomyndigheten

Introduktion/Introduction

The parasite *Cryptosporidium* is a global cause of gastrointestinal disease.

Cryptosporidiosis can cause diarrheal disease in both humans and animals¹. In Sweden, several water- and foodborne cryptosporidiosis outbreaks as well as outbreaks associated with animal contact have been described^{2,3,4,5,6}. Widely used methods for *Cryptosporidium* species and subtype determination, i.e., analysis of the small subunit ribosomal RNA (ssu rRNA) and the 60 kDa glycoprotein (gp60) using Sanger sequencing. In this study, we describe the design of a new method for rapid simultaneous PCR-amplification of the ssu rRNA and gp60 loci followed by Nanopore sequencing.

Metod/Method

Cryptosporidium-positive human stool- ($n = 34$) and DNA ($n = 23$) samples, were included in the study. DNA from stool was extracted using magLEAD 12gC instrument⁸. Sanger sequencing was performed as described in Bujila et al.⁵. For the Nanopore method, a two-step PCR-barcoding protocol was used. First, a duplex PCR was used to amplify a ~ 1500 bp *ssu rRNA* amplicon and a ~ 900 bp *gp60* amplicon. A second PCR, for barcoding, was performed. The products were evaluated and pooled PCR-products were purified. The purified product was used for library construction. The final library was loaded on a flow cell and sequenced on a Promethion instrument⁹.

Resultat/Result

Species and subtypes assessed by Sanger sequencing, were successfully detected using Nanopore sequencing with 95 % concordance at species/subtype level between Sanger and Nanopore. Sequence similarity was assessed by comparing ssu rRNA and gp60 sequences attained from the two methods. Minor differences between the two methods in regards to ssu rRNA sequences were detected, however these differences did not affect species determination. In regards to the gp60 gene, all sequences were identical. Discordant results included three samples i.e., two samples which were undetected with Sanger, but successfully sequenced with Nanopore and one sample undetected with Nanopore, but successfully sequenced with Sanger.

Konklusion/Conclusion

Duplex PCR followed by Nanopore sequencing correlated well with Sanger sequencing, which is commonly used for *Cryptosporidium* species and subtype determination. This newly developed method will be particularly valuable for outbreak investigations and source tracing when rapid results are critical and will replace Sanger sequencing at the Public Health Agency of Sweden.

Referenser

¹ U. Ryan, *et al.*

An Update on Zoonotic *Cryptosporidium* Species and Genotypes in Humans and Animals (Basel), 11 (11) (2021)

² C. Alsmark, *et al.*

Two outbreaks of cryptosporidiosis associated with cattle spring pasture events
Vet. Parasitol. Reg. Stud. Report., 14 (2018), pp. 71-74

³ I. Bujila, *et al.*

Outbreak of the novel *Cryptosporidium parvum* IlgammaA11 linked to salad bars in Sweden, December 2023
Epidemiol. Infect., 152 (2024), Article e140

⁴ I. Bujila, *et al.*

Cryptosporidium chipmunk genotype I - An emerging cause of human cryptosporidiosis in Sweden
Infect. Genet. Evol., 92 (2021), Article 104895

⁵ I. Bujila, *et al.*

Cryptosporidium species and subtypes identified in human domestic cases through the national microbiological surveillance

programme in Sweden from 2018 to 2022

BMC Infect. Dis., 24 (1) (2024), p. 146

⁶ M. Widerström, *et al.*

Large outbreak of *Cryptosporidium hominis* infection transmitted through the public water supply Sweden. Emerg Infect Dis, 20 (4) (2014), pp. 581-589

⁷ Y. Feng, U.M. Ryan, L. Xiao

Genetic Diversity and Population Structure of *Cryptosporidium*
Trends Parasitol., 34 (11) (2018), pp. 997-1011

⁸ Precision System Science Co Ltd.

⁹ Oxford Nanopore Technologies

MIK115 - Genotypning av Hepatit delta virus (HDV)

Mikrobiologi

Gustaf Sandh^{1, 2}, *Sozanah Rashid*¹, *Hamzah Safari*¹, *Susanne Cederberg*³, *Annika Olsson*³, *Karin Lindahl*^{3, 4}, *Niklas Björkström*^{1, 4}, *Soo Aleman*^{3, 4}, *Alexandros Petropoulos*^{1, 5}

¹ Karolinska Universitetssjukhuset, Medicinsk Diagnostik Karolinska, Klinisk mikrobiologi

² Karolinska Institutet, Institutionen för Laboratoriemedicin

³ Karolinska Universitetssjukhuset, ME Infektionssjukdomar

⁴ Karolinska Institutet, Institutionen för Medicin, Huddinge

⁵ Karolinska Institutet, Institutionen för Mikrobiologi, Tumör- och Cellbiologi

Introduktion/Introduction

Hepatit delta virus (HDV) är ett inkomplett virus som behöver HBsAg från Hepatit B virus (HBV) för att bilda en komplett viruspartikel. Samtidig infektion med HDV och HBV orsakar den allvarligaste formen av viral hepatit med 4-6 gånger högre risk för levercellscancer och ett snabbare sjukdomsförlopp än vid enbart HBV infektion (1). WHO har satt ett mål att eliminera virala hepatiter som en samhällsburda till 2030 (2). Som en del i detta arbete pågår ett flertal studier på Karolinska Universitetssjukhuset / Karolinska Institutet för att hitta en optimal behandling för patienter med HBV- och HDV-infektioner. För att underlätta detta arbete har vi satt upp metoder lokalt för att kunna utvärdera resultaten av dessa behandlingsstudier. En av dessa metoder är Hepatit D genotyp.

Metod/Method

Sekvensering av HDV-RNA för att fastställa genotyp (1-8) utfördes efter amplifiering av R0-regionen (3) med hjälp av primrar designade av kollegor vid Hannover Medical School, Tyskland. Sekvenseringen utfördes på en Illumina MiSeqDx efter biblioteksprep med COVIDSeq Assay (Illumina). Fastställandet av genotyp utfördes både med hjälp av HDVdb (4) samt genom fylogenetisk analys med hjälp av MEGA (5).

Resultat/Result

En seriespädning av WHOs internationella standard för HDV-RNA (PEI 7657/12; genotyp 1) gav godkända resultat vid analys av prover med ≥ 25 IU/mL HDV-RNA. Prover från 41 HDV-RNA positiva patienter analyserades i verifieringen. 40/41 (97,5%) av patienterna bar på HDV genotyp 1. Enbart en patient (2,5%) bar på HDV genotyp 5.

Konklusion/Conclusion

Analysen "Hepatit D genotyp" kommer inom kort vara beställningsbar hos Karolinska Universitetssjukhuset. Dominansen av genotyp 1 bland resultaten för Hepatit D genotyp från våra svenska patienter är jämförbar med resultat från tidigare studier av HDV-RNA positiva patienter från flera andra europeiska länder (6).

Referenser

1. Ji et al. 2012. A Population-Based Study of Hepatitis D Virus as Potential Risk Factor for Hepatocellular Carcinoma. JNCI: Journal of the National Cancer Institute, Volume 104, Issue 10, 16 May 2012, Pages 790-792.
2. WHO 2022. Global health sector strategies on, respectively, HIV, viral hepatitis and sexually transmitted infections for the period 2022-2030.
3. Le Gal et al. 2006 Eighth Major Clade for Hepatitis Delta Virus. Emerg Infect Dis. 2006 Sep; 12(9): 1447-1450.
4. Usman et al. 2020 HDVdb: A Comprehensive Hepatitis D Virus Database. Viruses. 2020 May 14;12(5):538
5. Tamura et al. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) Software Version 4.0. Molecular Biology and Evolution 24:1596-1599.
6. Wedemeyer et al. 2023. A Phase 3, Randomized Trial of Bulevirtide in Chronic Hepatitis D. N Engl J Med 2023;389:22-32.

MIK116 - Resistenstestning av proviralt HIV-1 DNA hos patienter med välbehandlad hiv

Mikrobiologi

Niklas Micski¹, *Annie Hsieh*¹, *Alexandros Petropoulos*^{1, 2}, *Anders Sönnernborg*^{1, 3}, *Annelie Strålfors*^{1, 3}, *Anna Weibull*^{1, 3}

¹ Karolinska universitetssjukhuset, klinisk mikrobiologi

² Institutionen för Molekylär-, Tumör- och Cellbiologi, Karolinska institutet

³ Avdelningen för Klinisk mikrobiologi, Institutionen för Laboratoriemedicin, Karolinska institutet

Introduktion/Introduction

HIV-1 har en uttalad mutationsförmåga och vi har tidigare rapporterat en ökning av nydiagnostiserade patienter med läkemedelsresistent virus. Därför utförs idag resistensbestämning på alla nydiagnostiserade patienter genom sekvensering av plasma HIV RNA, när tekniskt möjligt.

Vår gräns för att utföra HIV RNA sekvensering är minst 100 viruskopior/mL. Dock har ca 20-25% av nydiagnostiserade patienter icke-mätbara HIV RNA nivåer p.g.a. pågående behandling vid ankomst till Sverige. Inte sällan är informationen om tidigare behandling bristfällig. Läkaren måste då påbörja behandling utan kunskap om latent resistens. Ytterligare en vanlig situation där resistensinformation behövs är att läkaren vill minska antalet läkemedel från 3 till 2.

Genom att sekvensera proviralt HIV-1 DNA kan viruset resistensbestämmas och patienten kan erbjudas en optimal behandling.

Här presenterar vi resultaten från en validering av en ny sekvenseringsmetod av HIV - 1 DNA.

Metod/Method

En modifierad metod av ABL DeepChek® Assay HIV-1 Full PR/RT/INT Drug Resistance assay validerades. I valideringen utvärderades:

- 6 PBMC-prov från patienter med påvisbart HIV-1 RNA i plasma (358 till 3,92E6 kopior/mL). PBMC-proven isolerades genom centrifugering i ficollrör, och HIV-1-DNA kunde extraheras från 2 miljoner celler (PBMC) per prov. Resultaten jämfördes mot sekvensen från HIV-1 RNA i plasma som provtogs vid samma tillfälle som PBMC.
- 35 prov från patienten som står på fungerande behandling, dvs viral load <20 kopior/mL. Sekvensen jämfördes med resultat från resistensbestämning av HIV-1 RNA som utfördes innan behandlingsstart.

Resultat/Result

Vår validering visar att HIV sekvenser genererade från HIV RNA och HIV DNA visar stor överensstämmelse, nucleotide identity var i medel 99%. Överensstämmande subtyp påvisades i alla prov.

Fler resistensmutationer påvisades i plasma RNA än i PBMC. Detta kan troligtvis förklaras med en långsam turnover av HIV reservoaren.

Konklusion/Conclusion

Resistensbestämning av HIV DNA kan användas för patienter som vill byta behandling och som har låga eller odetekterbara virusnivåer i plasma (<100kopior/mL). För patienter med högre virusnivåer i plasma rekommenderas resistensbestämning av HIV RNA.

MIK117 - Utvärdering av blodprovstagning med standardiserad filterpapper för molekylärbiologisk och serologisk analys av hepatit B-, C och HIV

Mikrobiologi

Anna Maria Delis¹, Lars Edling², Charlotte Lybeck^{2, 3}, **Martin Sundqvist**^{1, 3}

¹ VO Laboratoriemedicin, Klinisk Mikrobiologi, Universitetssjukhuset, Örebro

² VO Infektion, Universitetssjukhuset Örebro

³ Fakulteten för Medicin och hälsa, Örebro Universitet, Örebro

Introduktion/Introduction

Världshälsoorganisationens elimineringsmål 2030 omfattar 90% reduktion av nya hepatit B (HBV) och hepatit C (HCV)-infektioner. Trots framsteg krävs fortsatt arbete för att identifiera odiagnostiserade personer och erbjuda behandling för att minska smittspridning. Venös provtagning är ofta svår bland injektionsmissbrukare, vilket gör kapillärprovtagning, där blod appliceras på filterpapper (dried blood spot, DBS), till ett attraktivt alternativ. Capitainer®DBS-provtagningssystem erbjuder möjligheten till standardiserad provtagning, men få studier har tidigare utvärderat detta system för påvisning av HBV, HCV och HIV. Den aktuella studien har därför syftet att analysera om Capitainer® självprovtagningssystem ger jämförbara resultat med venös provtagning vid analys med standardmetoder för molekylär- och serologisk detektion av HBV, HCV och HIV.

Metod/Method

Historiska prover med känt resultat (6-8 prover/virus) samt spädningsserier av internationella standarder analyserades. Frysförvarade serum/plasma prover späddes 1:2 i negativt helblod, serologi-standard späddes i två-stegs- och molekylärbiologisk-standard späddes i tio-stegs-spädning. 2x50µL konstruerade prover applicerades på Capitainer®-provtagningsdiskar där båda diskarna, nästkommande dag, eluerades 1:10 i PBS innan serologisk analys på Advia Centaur XPT (Siemens) eller molekylärbiologisk analys på Panther (Hologic). Som referens användes resultat från serum/plasma.

Resultat/Result

Helblodsllysate kunde analyseras med både serologisk (CLIA) och molekylärbiologisk (realtids-PCR) metod utan att hämmande effekter uppstod. Baserat på standard i helblod, applicerad på Capitainer®, detekterades HBV-DNA ner till en nivå av 49 IU/mL, HCV-RNA 23 IU/mL och HIV-RNA 44 c/mL, vilket var 1-2 spädningsssteg (1:5) högre än i plasma. Motsvarande detektion av HBsAg visade på en nivå av 0,03 IU/mL och HIV p24-antigen 1,563 IU/mL, vilket var samma detektionsnivå som i serum. I DBS från simulerade kliniska prover noterades något lägre känslighet i prover med låg koncentration i både serologiska och molekylärbiologiska analyser. Den lägre känsligheten kunde relateras till lägre blodvolym och eluering vid användning av DBS.

Konklusion/Conclusion

Våra resultat visar att helblodsllysate från Capitainer® DBS-självprovtagningssystem kan analyseras med rutinmetoder för påvisning av HBV, HCV och HIV med serologiska- och molekylärbiologiska analyser. Känsligheten kommer dock att vara något lägre för samtliga testades virus då en mindre provvolym kan analyseras och att materialet behöver elueras innan analys. Resultaten är lovande och studien fortsätter med analys på patientprover för senare implementering i sprutbytesprogrammet.

MIK118 - Utvärdering av 4 snabb-PCR instrument anpassade för akut luftvägsdiagnostik av virus

Mikrobiologi

Annika Allard¹ , *Yvonne Lidgren¹*

¹ Klinisk Mikrobiologi, Norrlands Universitetssjukhus, Umeå

Introduktion/Introduction

Syftet med denna utvärdering är att jämföra fyra olika instrument anpassade för akutverksamhet alternativt patientnära verksamhet (PNA) gällande analys av Influenza A (H1pdm09 respektive H3), Influenza B, RSV samt SARS-CoV-2 i ett fyrplex-format.

Metod/Method

Instrumenten i utvärderingen har alla en kassettbaserad lösning för ett enkelt handhavande och jämförelsen skedde under identiska förhållanden. I utvärderingen ingick totalt 10 positiva prov per agens där 5 prov analyserades per dag och instrument. Provmaterial bestod av NPH och uppodlat cellmaterial varav 5 prov av varje agens var ett patientprov taget i e-swab medium och resterande 5 utgjordes av en spädningsserie av uppodlat material i 0.9% NaCl.

Verifieringen pågick i 10 arbetsdagar. Varje enskilt prov analyseras initialt med in-house realtids PCR för att ge vägledning om koncentrationer inför tillverkning av material till valideringen. En stocklösning av varje prov förvarades i -80°C efter tillverkning och tinades samt vortexades samma dag som analys utfördes för att slutligen fördelas till varje analysinstrument enligt tillverkarens instruktioner. Detta innebar att det var exakt samma ursprungs-batch som användes på varje enhet vid samma tidpunkt.

Resultat/Result

Sammanställningen av resultat kommer att utföras under vecka 10-12.

Konklusion/Conclusion

En fullständig dokumentation av data kommer att finnas med på den poster som skall presenteras där också förslag kommer att ingå för lämplig placering av de olika instrumenten. Det kan se olika ut beroende på vårdande enhet där specialistsjukhus, satellitsjukhus, hälsocentraler, akut-mottagningar eller sjukstugor har olika behov och krav på en fungerande verksamhet gällande snabba analyser för vanliga luftvägsagens.

Information gällande inkluderade instrument:

Instrument	Analystid	Provvoly	Teknik	Kommunikation	Företag
Bosch Vivalytic	63 min	300µl	PCR/ Microarray	2-vägs	EMMLife
Biosensor M10 system	59 min	300µl	Realtids-PCR	1-vägs	Aidian
Coyote Flash 10	36 min	600µl/300µl	Realtids-PCR	2-vägs	Diagen
Savanna	20 min	250µl	Realtids-PCR	2-vägs	Quidel-Ortho

MIK119 - Utvärdering av faeces-PCR baserat på SOS-metoden för detektion av *Mycobacterium tuberculosis*-komplexet i direktprov med Xpert MTB/RIF Ultra

Mikrobiologi

Ida Bergman¹, *Michaela Jonsson Nordvall*^{1, 2}, *Elin Bornefall*¹, *Clara Braian*^{1, 2}, *Thomas Schön*^{1, 2, 3, 4}

¹ Klinisk mikrobiologi, Universitetssjukhuset i Linköping

² Institutionen för biomedicinska och kliniska vetenskaper (BKV), Linköpings universitet

³ Infektionskliniken, Universitetssjukhuset i Linköping

⁴ Infektionskliniken, Länssjukhuset i Kalmar

Introduktion/Introduction

I WHO:s riktlinjer lyfts direkt-PCR på faeces som diagnostisk metod vid misstanke om lungtuberkulos, särskilt hos barn. Vid de flesta tuberkuloslaboratorier utförs PCR på faeces på prover som först förbehandlats, för att eliminera kontamination från normalflora, vilket kan påverka känsligheten i diagnostiken. I tidigare meta-analyser har det visat sig att känsligheten för detektion av *Mycobacterium tuberculosis*-komplexet (Mtb) i faeces varierar mellan 25%-85% vilket antas bero på patientselektion men också metoden som valts för provpreparation. Flera studier och WHO rekommenderar simple one-step (SOS)-metoden för faeces-PCR och syftet med studien var därför att jämföra SOS-metoden med nuvarande metod för detektion av Mtb i faecesprov.

Metod/Method

Under 2023-2025 undersöktes 38 konsekutiva faecesprover som inkom till mykobakterielaboratoriet (Tbc-lab) i region Östergötland med Xpert MTB/RIF Ultra (GX)-PCR där en del faeces förbehandlades direkt med SOS-metoden och den andra delen genomgick sedvanlig förbehandling med 1% NaOH och 3% SDS. I SOS-metoden tas 0.8g faeces till SR-reagens för GX, skakas i 30s och får stå i 10 minuter. Skakningen upprepas och provet inkuberas i ytterligare 10 min varefter 2ml av supernatanten analyseras i GX. Ct-värden i GX registrerades för SOS-metoden och efter sedvanlig förbehandling. Resultat av övrig Tbc-diagnostik inklusive luftvägsprover registrerades för jämförelse.

Resultat/Result

Totalt var 8 patienter (21%) positiva för Mtb i faecesprov med SOS-metoden vilket innefattade samtliga 8 patienter som var positiva för Mtb i ventrikelsköljvätska eller sputum. I tre av dessa 8 fall kunde faeces-PCR med SOS-metoden besvaras minst en dag tidigare jämfört med sedvanlig förbehandlingsmetod. I de 7 fall som var PCR-positiva i luftvägsprover och där både SOS-metoden och sedvanlig förbehandlingsmetod av faeces utförts var samtliga prov positiva i SOS-metoden med ett median-Ct-värde på 18.6 medan rutin-metoden var negativ i ett av de sju proverna och hade median Ct på 20.7.

Konklusion/Conclusion

Direktanlys av faeces i Xpert MTB/RIF Ultra med SOS-metoden är en välfungerande och snabbare metod än sedvanlig förbehandling, med fördelen att den kan utföras utanför Tbc-lab. SOS-metoden detekterade samtliga patienter som var positiva för *M. tuberculosis*-komplexet. Baserat på de begränsade data vi hittills har samlat in ger SOS-metoden generellt lägre Ct-värden och högre detektionsgrad men ytterligare utvärdering behövs.

MIK120 - Time to positivity correlates with treatment initiation and disease severity in patients with Mycobacterium avium-complex in sputum culture

Mikrobiologi

Alice Axinder¹, **Isabelle Bergkvist¹**, Torgny Sunnerhagen^{1, 2}, Thomas Schön^{3, 4}, John Waller^{1, 2}

¹ Department of Clinical Microbiology, Infection Control and Prevention, Skåne University Hospital Lund

² Department of Clinical Sciences, Lund University, Lund

³ Department of Biomedical and Clinical Sciences, Linköping University, Linköping, Sweden.

⁴ Department of Microbiology and Infectious Diseases, Kalmar County Hospital

Introduktion/Introduction

Mycobacterium avium-complex (MAC) lung disease is increasingly reported. Assessing the clinical relevance of MAC in sputum culture is challenging and relies on clinical, radiological and microbiological criteria. Novel tools are needed to aid the decision of commencing antimicrobial therapy, which is long, complex and associated with side effects. Time to positive culture (TTP) in automated liquid culture systems is a widely available laboratory variable shown to correlate with bacterial burden in sputum samples, and is emerging as a potential marker for relevance and disease severity in patients with MAC [1].

Here, we compared TTP with regard to treatment initiation and disease severity in patients with MAC in sputum culture.

Metod/Method

Individuals residing in Skåne, Sweden, with growth of MAC in sputum cultures 2017-2023 with available TTP measurements were eligible. Individuals with ongoing antimycobacterial therapy were excluded. Data on contemporary symptoms, thoracic radiological findings and decision to commence antimicrobial therapy was extracted from medical records. The Mann-Whitney U test was used to compare TTP distributions across groups.

Resultat/Result

Ninety patients were included of which 63 (70%) were aged >64 years, 52 (58%) were women and 36 (40%) received MAC treatment. Shorter TTP was associated treatment initiation (median 6.0 days, interquartile range 4.2–8.9 vs. median 8.1 days, interquartile range 6.4–10.7, $p=0.009$) and cavitary disease (median 4.5 days, interquartile range 3.2–7.6 vs. median 8.1 days, interquartile range 6.2–10.4, $p<0.001$). Among patients commencing antibiotic treatment, initial intensive phase including intravenous amikacin was associated with shorter TTP, albeit not reaching statistical significance (median 4.2 days, interquartile range 3.4 – 6.0 vs. median 6.5 days, interquartile range 4.7–9.2, $p=0.071$).

Konklusion/Conclusion

Shorter TTP was correlated to the clinicians' decision to treat MAC in sputum culture, as well as with cavitary disease. This further supports that TTP could be a useful addition to the sparse selection of tools in the evaluation of patients with growth of MAC in sputum. Further studies describing the TTP distribution with respect to clinical relevance as well as sputum decontamination strategies, which vary between laboratories, are motivated.

Referenser

1. Edwards BD, Brode SK, Mehrabi M, Marras TK. Time to Positive Culture Detection Predicts Mycobacterium avium Pulmonary Disease Severity and Treatment Initiation. Ann Am Thorac Soc 2022; 19:925–932.

MIK122 - Utvärdering av en kommersiell PCR för påvisning av dermatofyter och jästsvampar på Klinisk Mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhuset

Mikrobiologi

Gurinder Kaur Minhas¹, *Karina Hentrich*¹, *Erja Chryssanthou*¹, *Christine Stenström*¹, *Karin Amilon*¹, *Silvia Botero Kleiven*¹

¹ Klinisk Mikrobiologi, Medicinsk Diagnostik Karolinska, Karolinska Universitetssjukhuset

Introduktion/Introduction

Svampinfektioner i hud och naglar är vanliga och orsakas främst av dermatofyter eller jästsvampar. Dermatofyter är keratinofila trådsvampar som orsakar hud- och nagelinfektioner, även kända som tinea eller ringorm. I Sverige är *Trichophyton rubrum* och *T. interdigitale* de vanligaste dermatofytarter som påvisas i naglar och hudskrap från fötter. *Tinea corporis* kan orsakas av flera olika dermatofyter, såsom *T. tonsurans*, *T. rubrum* och *Microsporum canis*. Tinea capitis hos barn orsakas oftast av *T. violaceum* eller *T. soudanense*. *Candida albicans* och *C. parapsilosis* är en del av kroppens normalflora men kan ibland orsaka opportunistiska infektioner i hud och naglar. Den tidigare in-house PCR-metoden vid Klinisk Mikrobiologi kunde endast detektera *T. rubrum*, *T. interdigitale* samt pan-dermatofyt-genomet i nagelprov eller hudskrap från fötterna. Övriga prover odlades för jästsvampar och dermatofyter upp till 3 veckor.

Metod/Method

DermaGenius 3.0 (DG3.0, PathoNostics) är en multiplex-PCR-metod som möjliggör artbestämning av flera dermatofyt- och jästsvampsarter. DG3.0-kitet verifierades och resultaten jämfördes med vår in-house PCR-metod, odlingsmetoder samt externa kontrollpaneler.

Innan extraktion med MagNaPure 96 (Roche) förbehandlas proverna med Bacterial Lysis Buffer (BLB) och Proteinase K. Proverna inkuberas i ett värmeblock vid 65°C, 700 rpm i 30 minuter. En intern kontroll som ingår i kitet tillsätts före extraktionen. Resultaten tolkas genom avläsning av Ct-värde och respektive smältpunkt (Tm) efter analys på QuantStudio 5 (Thermo Fisher Scientific).

Resultat/Result

Det kommersiella PCR-kitet visade en sensitivitet på 92% och en specificitet på 100% jämfört med in-house PCR-metoden och odlingen. Avvikelse sågs framför allt vid svagt positiva prov. Ingen korsreaktivitet med andra relevanta svampar detekterades.

Konklusion/Conclusion

Genom införandet av DG3.0 följer vi EU-direktiv 2017/746 (European In Vitro Diagnostic Medical Device Regulation), som kräver IVDR-märkta analyser på kliniska laboratorier.

DG3.0 möjliggör detektion av flera dermatofyt- och jästsvampar med PCR, vilket ersätter tidskrävande analysmetoder som mikroskopi och odling som krävs mer erfarenhet med en snabbare PCR-metod. Detta kortar både analys- och svarstiden för prover, som annars kunde ta veckor att odla, till bara några dagar.

Trots att DG3.0 har något lägre känslighet än vår tidigare in-house-metod, erbjuder den möjligheten att detektera flera jäst- och dermatofytarter som inte ingick i den gamla metoden.

Referenser

DermaGenius® 3.0 Complete Multiplex real-time PCR kit (PathoNostics) v3.1 EN, PN-402, May 2023

MIK123 - *Pneumocystis jirovecii* DNA in serum for the diagnosis of *Pneumocystis pneumonia* in patients with hematologic malignancies - a retrospective case control study

Mikrobiologi

Caroline Ström Turesson^{1, 2}, *Anna Grankvist*^{1, 2}, *Helena Hammarström*^{1, 3}

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

² Region Västra Götaland, Sahlgrenska University Hospital, Department of Clinical Microbiology, Gothenburg, Sweden

³ Region Västra Götaland, Sahlgrenska University Hospital, Department of Infectious Diseases, Gothenburg, Sweden

Introduktion/Introduction

Pneumocystis jirovecii (*Pj*) causes *Pneumocystis pneumonia* (PCP) in immunocompromised patients. Gold standard diagnosis is PCR of lower airway specimens. Patients with PCP typically have non-productive cough and bronchoscopy to obtain representative samples for diagnosis is often required. In a previous study we found that *Pj* PCR in serum had very high sensitivity and specificity for PCP among patients with HIV, but the diagnostic accuracy in non-HIV patients is not known.

Metod/Method

This retrospective study included 41 patients with hematologic malignancies and a positive *Pj* PCR from a lower airway sample and 36 negative controls (patients with hematologic malignancies, suspected pneumonia and a negative *Pj* PCR in a bronchoalveolar lavage sample). Biobanked serum samples collected within 5 days from the airway samples were analyzed for *Pj* PCR.

Resultat/Result

29/41 cases were classified as PCP and the remaining were classified as colonized. 20/41 cases (49%) and 0/36 negative controls had detectable *Pj* DNA in serum (sensitivity 49% and specificity 100%). Patients with detectable *Pj* DNA in serum had a higher fungal load in the lower respiratory tract (lower Ct value) compared to those with a negative *Pj* PCR in serum. There was no correlation between the presence of PCP (compared to only colonization) and positive *Pj* PCR in serum. Among the 29 patients classified as PCP, there was no correlation between severity of pneumonia (defined by respiratory SOFA score) or CRP-level and the presence of *Pj* DNA in serum. The positive predictive value for *Pj* PCR in serum to detect the presence of *Pneumocystis* in the lower respiratory tract was 100%, regardless of pre-test probability. The negative predictive value ranged from 66% to 97%, depending on pre-test probability.

Konklusion/Conclusion

In hematologic patients, *Pj* PCR in serum has a moderate sensitivity but a high specificity for the diagnosis of PCP and a positive *Pj* PCR in serum can serve as a surrogate marker for the presence of *Pj* in the lower respiratory tract. In a patient with a high clinical suspicion of PCP and non-productive cough, *Pj* PCR in serum may serve as a first diagnostic test prior to a diagnostic bronchoscopy.

Referenser

1. Cordonnier C, Cesaro S, Maschmeyer G, Einsele H, Donnelly JP, Alanio A, et al. *Pneumocystis jirovecii* pneumonia: still a concern in patients with haematological malignancies and stem cell transplant recipients. *J Antimicrob Chemother.* 2016;71(9):2379-85.
2. Alanio A, Hauser PM, Lagrou K, Melchers WJ, Helweg-Larsen J, Matos O, et al. ECIL guidelines for the diagnosis of *Pneumocystis jirovecii* pneumonia in patients with haematological malignancies and stem cell transplant recipients. *J Antimicrob Chemother.* 2016;71(9):2386-96.
3. Hammarstrom H, Grankvist A, Broman I, Kondori N, Wenneras C, Gisslen M, et al. Serum-based diagnosis of *Pneumocystis pneumonia* by detection of *Pneumocystis jirovecii* DNA and 1,3-beta-D-glucan in HIV-infected patients: a retrospective case control study. *BMC Infect Dis.* 2019;19(1):658.
4. Damiani C, Le Gal S, Da Costa C, Virmaux M, Nevez G, Totet A. Combined quantification of pulmonary *Pneumocystis jirovecii* DNA and serum (1->3)-beta-D-glucan for differential diagnosis of pneumocystis pneumonia and *Pneumocystis* colonization. *J Clin Microbiol.* 2013;51(10):3380-8.
5. Donnelly JP, Chen SC, Kauffman CA, Steinbach WJ, Baddley JW, Verweij PE, et al. Revision and Update of the Consensus Definitions of Invasive Fungal Disease From the European Organization for Research and Treatment of Cancer and the Mycoses Study Group Education and Research Consortium. *Clin Infect Dis.* 2020;71(6):1367-76.
6. Lagrou K, Chen S, Masur H, Viscoli C, Decker CF, Pagano L, et al. *Pneumocystis jirovecii* Disease: Basis for the Revised EORTC/MSGERC Invasive Fungal Disease Definitions in Individuals Without Human Immunodeficiency Virus. *Clin Infect Dis.* 2021;72(Suppl 2):S114-s20.

MIK124 - Förbättrad diagnostik av urinvägsinfektioner med odlingsoberoende masspektrometribaserad proteomikmetod

Mikrobiologi

Sali El-Ali¹, Roger Karlsson^{1, 2, 3}, Leonarda Acha Alarcon^{2, 3}, Gelio Alves⁴

¹ Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Klinisk Mikrobiologi, Göteborg, Sverige

² Avdelningen för Infektionssjukdomar, Institutionen för Biomedicin, Sahlgrenska Akademien, Göteborgs universitet, Sverige

³ Centrum för Antibiotikaresistensforskning (CARE), Göteborgs universitet, Sverige

⁴ National Center for Biotechnology Information, National Library of Medicine, National Institutes of Health, Bethesda, Maryland 20894, USA

Introduktion/Introduction

Urinvägsinfektioner (UVI) är en av de vanligaste samhällsförvärvade och sjukhusförvärvade infektionerna och kan leda till allvarliga tillstånd, såsom sepsis. Globalt är sepsis en ledande dödsorsak bland sjukhusvårdade patienter. Den vanligaste patogenen som orsakar UVI är *Escherichia coli*, som är benägen att förvärva antibiotikaresistens, såsom Extended Spectrum Beta Lactamases (ESBL). Uppkomsten av ESBL och multiresistenta bakterier utmanar och begränsar behandlingen av allvarliga infektioner. Snabb diagnos är avgörande för att kunna administrera rätt behandling. Traditionella metoder för mikrobiell identifiering i kliniska mikrobiologilaboratorier är tidskrävande, eftersom de innebär odling av urinprover för att erhålla resultat. Denna tidsfördröjning leder ofta till att felaktiga antibiotika ordineras innan korrekt behandling påbörjas.

Metod/Method

För att förbättra diagnostik och minska onödig antibiotikaanvändning har en snabb, odlingsoberoende metod kallad proteotypning utvecklats. Metoden baseras på identifiering av biomarkörer med hjälp av nano-vätskekromatografi i kombination med tandem-masspektrometri (LC-MS/MS). I denna studie användes proteotypning för att analysera patienternas urinprover utan föregående odling. Tio urinprover från patienter med UVI, där ESBL *E. coli* identifierades som orsak till infektionen, bearbetades genom differentialcentrifugering. De rådata som genererades från LC-MS/MS analyserades med hjälp av den bioinformatiska pipelinen Microorganism Classification and Identification (MiCId), som söker mot en taxonomisk databas för artklassificering. Antibiotikaresistensidentifiering utfördes också genom användning av databaserna CARD och ResFinder.

Resultat/Result

Genom proteotypning detekterades biomarkörpeptider som var unika för *Escherichia coli*, ESBL-enzym och flera andra proteiner som bidrar till resistens mot antibiotika såsom β -laktamaser, kinoloner och aminoglykosider i urinproverna. De mest framträdande resistensmekanismerna som identifierades med traditionell fenotypisk resistensprofilering bekräftades på peptid- och proteinnivå.

Konklusion/Conclusion

Sammanfattningsvis visade resultaten att direkt, odlingsoberoende bakteriell identifiering och antibiotikaprofilering av patienternas urinprover var möjlig genom en LC-MS/MS-baserad proteotypningsmetod. Denna metod verkar kunna stödja snabbare och mer precisa behandlingsbeslut, vilket i sin tur kan bidra till att minska utvecklingen av antibiotikaresistens. Trots detta kan ytterligare utveckling och optimering av metoden uppnås, vilket skulle underlätta användningen av proteotypning i klinisk praxis

Referenser

1. Zhou Y, Zhou Z, Zheng L, Gong Z, Li Y, Jin Y, Huang Y, Chi M. Urinary Tract Infections Caused by Uropathogen *Escherichia coli*: Mechanisms of Infection and Treatment Options. *Int J Mol Sci*. 2023 Jun 23;24(13):10537.
2. Li X, Fan H, Zi H, Hu H, Li B, Huang J, Luo P, Zeng X. Global and Regional Burden of Bacterial Antimicrobial Resistance in Urinary Tract Infections in 2019. *J Clin Med*. 2022 May 17;11(10):2817.
3. Vachvanichsanong P, McNeil EB, Dissaneewate P. Extended-spectrum beta-lactamase *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* urinary tract infections. *Epidemiol Infect*. 2020 Dec 17;149:e12.
4. Kondori N, Kurtovic A, Piñeiro-Iglesias B, Salvà-Serra F, Jaén-Luchoro D, Andersson B, Alves G, Ogurtsov A, Thorsell A, Fuchs J, Tunovic T, Kamenska N, Karlsson A, Yu YK, Moore ERB, Karlsson R. Mass Spectrometry Proteotyping-Based Detection and Identification of *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, and *Candida albicans* in Blood. *Front Cell Infect Microbiol*. 2021 Jul 26;11:634215.
5. Sauget M, Bertrand X, Hocquet D. Rapid antibiotic susceptibility testing on blood cultures using MALDI-TOF MS. *PLoS One*. 2018 Oct 11;13(10):e0205603.

6. Birhanu AG. Mass spectrometry-based proteomics as an emerging tool in clinical laboratories. Clin Proteomics. 2023 Aug 26;20(1):32.

MIK125 - Utvärdering av LIAISON® Legionella Urinary Ag för detektion av Legionella-antigen i urinprover

Mikrobiologi

Vita Kholod¹, *Khadija Kertat*¹, *Haitham Baqir*¹, *Lena Serrander*^{1, 2}

¹ Klinisk mikrobiologi, Universitetssjukhuset i Linköping

² Infektionskliniken, Universitetssjukhuset i Linköping

Introduktion/Introduction

Legionella är ett släkte av gramnegativa, aeroba bakterier med över 50 arter och 70 serogrupper, där *L. pneumophila* (särskilt serogrupp1) är mest patogen. Legionellos är en underdiagnostiserad sjukdom med en mortalitet på 10–15 % vid svåra fall, vilket gör snabb och träffsäker diagnostik avgörande.

Den vanligaste diagnostiska metoden är urinantigentest (UAT) som detekterar lipopolysackaridantigen (LPS) specifikt från *L. pneumophila* serogrupp1. DiaSorin har utvecklat ett nytt test baserat på två *Legionella*-antigener: LPS och Peptidoglykan-Associated Lipoprotein (PAL) där PAL är konserverat hos samtliga *Legionella*-arter. Testet kan därmed detektera alla serogrupper av *L. pneumophila* samt antigen från andra *Legionella*-arter.

Syftet med studien var att utvärdera prestandan hos LIAISON® Legionella Urinary Ag för detektion av *Legionella*-antigen i urinprover.

Metod/Method

Under utvärderingen analyserades kliniska prover positiva (n=2) och negativa (n=8) för *L. pneumophila* sg1, panelprover från UKNEQAS (n=4) och urinprover (n=10) spikade med *Legionella*-stammar från CCUG/ATCC. Proverna analyserades med LIAISON® Legionella Urinary Ag och jämfördes med snabbtestet BinaxNOW Legionella UAT. Analytisk specificitet och sensitivitet utvärderades genom analys av prover positiva för andra mikrobiologiska agens respektive spädningsserier av 10 *Legionella*-stammar.

Resultat/Result

Resultaten visar full överensstämmelse mellan de två metoderna avseende påvisning av *L. pneumophila* sg1. Dessutom kunde LIAISON® Legionella Urinary Ag detektera icke-serogrupp1 *L. pneumophila* (sg2 *Togus*-1, sg4 *Fraseri*) samt andra testade arter inom *Legionella* species (*longbeachae*, *bozemanii*, *micdadei*, *birminghamensis*, *wadsworthii*).

Ingen potentiell korsreaktivitet detekterades när 8 patientprover, positiva för andra mikrobiologiska agens analyserades. Sensitiviteten för detektion av *L. pneumophila* sg1 var ett spädningsslag (10x) högre med LIAISON® Legionella Urinary Ag än med BinaxNOW Legionella UAT. För övriga testade arter och serogrupper, med undantag för *L. birminghamensis* och *L. micdadei* ATCC 33218, som uppvisade lägre känslighet, var sensitiviteten likvärdig med *L. longbeachae*.

Konklusion/Conclusion

LIAISON® Legionella Urinary Ag har jämförbar prestanda med BinaxNOW Legionella UAT för detektion av *L. pneumophila* sg1 och möjliggör detektion av andra icke-*L. pneumophila* sg1-arter, då framför allt *L. longbeachae*.

MIK126 - Helgenomsekvensering för att utreda *Serratia marcescens*-utbrott på en neonatalvårdsavdelning

Mikrobiologi

Sara Mernelius¹, Linda Berglind¹

¹ Laboratoriemedicin, Region Jönköpings län

Introduktion/Introduction

Serratia marcescens är en stavformad gramnegativ bakterie som trivs i fuktig miljö och kan orsaka svår sjukdom hos neonatalvårdade barn (1). När *S. marcescens* isoleras från barn som vårdas på neonatalvårdsavdelningen på Länssjukhuset Ryhov, Jönköping, vidtas därför strikta vårdhygieniska åtgärder och bakterien typas.

Metod/Method

Rutinmässiga screeningodlingar tas varje vecka på de barn som vårdas på neonatalvårdsavdelningen på Länssjukhuset Ryhov, Jönköping. Under loppet av två månader identifierades sju barn som var koloniserade med *S. marcescens*. Information om i vilket rum och i vilken säng barnen vårdats, samt 70 miljöprover (m.h.a. tryckplattor), samlades in.

EZ1 DNA Tissue kit (Qiagen, Hilden, Tyskland) användes för att extrahera DNA från *S. marcescens* på ett EZ1 Advanced XL instrument (Qiagen). Bibliotekspreparation utfördes med ett Nextera XT library prep kit (Illumina, San Diego, CA). Paired-end sekvensering (2*250 cykler) genomfördes på ett Miseq instrument (Illumina). Assembly och klusteranalys gjordes på 1928s plattform (1928 Diagnostics, Göteborg, Sverige).

Resultat/Result

Barn nr: 1 och 2 identifierades som koloniserade samma dag. Helgenomsekvensering (WGS) visade att barnen var koloniserade med *S. marcescens* av två olika core genome (cg)MLST-typer. Barn nr: 3 var koloniserad med samma cgMLST-typ som barn nr: 2. *S. marcescens* av denna cgMLST-typ isolerades även från ett miljöprov taget på det rum där barn nr: 2 och 3 vårdades.

Trots strikta vårdhygieniska insatser på neonatalvårdsavdelningen, koloniserades ytterligare fyra barn med *S. marcescens* under en månad, med början tre veckor efter det första fallet. Dessa fyra barn var alla koloniserade med *S. marcescens* av samma cgMLST-typ. Detta var dock en tredje typ, olik de två tidigare identifierade typerna.

Konklusion/Conclusion

WGS avslöjade tre olika introduktioner av *S. marcescens*, som resulterade i två transmissionskedjor mellan barnen, på neonatalvårdsavdelningen.

WGS kan klargöra transmissionskedjor i utbrottsutredningar och kan vara till hjälp avseende om och vilka vårdhygieniska insatser som ska användas, samt vilken effekt insatserna har på transmission.

1928s plattform är en bioinformatisk plattform som är enkel att hantera, även för någon med minimal erfarenhet av bioinformatiskt arbete.

Referenser

1. *Serratia marcescens* Infections and Outbreaks in Neonatal Intensive Care Units. Dessì et al. J Chemother 2009;21(5)493-9

MIK127 - Targeted Metagenomic NGS for Viral Diagnostics and Pandemic Preparedness

Mikrobiologi

Anne Tuiskunen Bäck¹, William Rosenbaum², Erik Bovinder Ylitalo³, Dominique André⁴, Andreas Sjödin⁵, Pär Larsson², **Lisa Pettersson**^{1, 4}

¹ Department of Clinical Microbiology, Umeå University

² Clinical Genomics, Umeå

³ Department of Diagnostics and Intervention, unit of Oncology, Umeå University

⁴ Department of Clinical Microbiology, Laboratory medicine, Umeå University Hospital

⁵ Swedish Defence Research Agency, Umeå

Introduktion/Introduction

Pandemics often arise from novel or unrecognized zoonotic viruses. The COVID-19 pandemic and the mpox outbreak highlight the need for improved tools to detect and monitor emerging viruses. When human or animal cases first appear, pathogen-specific diagnostic assays may be unavailable, delaying identification of the etiological agent and its source. Preparing for new viral threats remains a major challenge for both the scientific community and clinical laboratories.

Metagenomic Next Generation Sequencing (mNGS) testing can reveal the presence of all types of pathogens present in a sample without using pathogen specific diagnostic tools, which makes it suitable for discovering novel viral pandemic threats. A key limitation hampering the utility of mNGS is decreased sensitivity due to high background. To mitigate this issue our approach uses a mNGS target enrichment protocol specific for viruses.

Metod/Method

We have implemented a Twist-based target-capture panel with complementary infrastructure/bioinformatics workflows. The Twist Comprehensive Viral Research Panel is developed using 3,153 different viral species and 15,488 strains. The panel consists of 1M unique probes and spans both human and non-human viral pathogens and provides high mismatch tolerance for novel discovery.

We have developed a bioinformatic workflow using widely used tools such as TRINITY and SPAdes for assembly, as well as Kaiju, VirSorter2, and MEGAHIT for viral detection and classification. The pipeline is built using the Snakemake workflow management system, ensuring reproducible and scalable data analysis. Results are automatically compiled and presented to the user in a structured report.

Resultat/Result

We evaluated the performance of our targeted mNGS methodology by analyzing samples in which different viral species have been detected using standard PCR methods. Virus-positive samples from various origins—including vesicle, nasopharyngeal, cerebrospinal fluid (CSF), plasma/serum, and fecal samples—were included in the study.

Additionally, we assessed the method's limit of detection using serial dilutions of viral stocks.

Konklusion/Conclusion

Our findings indicate that the Twist Comprehensive Viral Research Panel can effectively identify viruses present in patient samples from diverse sources. The Snakemake pipeline demonstrates promising results, transforming sequence data into interactive graphs and data tables that are easily interpretable by clinicians.

MIK128 - En optimerad automatiserad extraktion av bakteriellt genomiskt DNA för long-read sekvensering

Mikrobiologi

Jens Furuskog¹, *Roya Akar*¹, *Noura Wala*², *Oskar Karlsson Lindsjö*², *Inga Fröding*¹, *Maria Lind Karlberg*², *Petra Edquist*¹

¹ Enheten för laborativ bakterieövervakning, Avdelningen för mikrobiologi, Folkhälsomyndigheten, Solna, Sverige

² Enheten för laboratorieutveckling, Avdelningen för mikrobiologi, Folkhälsomyndigheten, Solna, Sverige

Introduktion/Introduction

Vid projektets inledning saknade Folkhälsomyndighetens en automatiserad extraktionsplattform specifikt för bakterier. Extraktionsinstrumentet MagLEAD 12gC och dess enda kit (magDEA Dx SV), som var i rutinbruk, producerade DNA av otillräcklig kvalitet för sekvensering med Oxford Nanopore Technologies (ONT). Syftet med projektet var att utvärdera och jämföra olika extraktionsinstrument och extraktionskit specifika för bakterier för att identifiera den metod som bäst tillgodoser behoven.

Metod/Method

Fyra extraktionsinstrument från olika leverantörer utvärderades, där MagLEAD som användes i det dåvarande rutinflödet ingick. Dessutom testades sju extraktionskit, huvudsakligen anpassade för bakterier. För att säkerställa jämförbara förhållanden extraherades DNA från 21 referensstammar av olika bakteriearter i triplikat, vilket totalt resulterade i 378 extraktioner. Lyseringen standardiserades och startkoncentrationer justerades genom att skapa stocklösningar med identiska McFarland-värden mellan replikaten. DNA-kvaliteten bedömdes med hjälp av Qubit-fluorometer för koncentration och LabChip GX Touch för fragmentstorlekar. Sekvensering utfördes internt med ONT, via Folkhälsomyndighetens sekvenseringsplattform. Bibliotekstillverkningen utfördes med Rapid Barcoding Kit 96 V14. Kvaliteten på assemblies från sekvensdatan utvärderades baserat på parametrar som genomtäckning, N50, sekvenseringsdjup, MLST, assembly, antal reads. Ytterligare aspekter, såsom praktiskt handhavande och tidsåtgång bedömdes också.

Resultat/Result

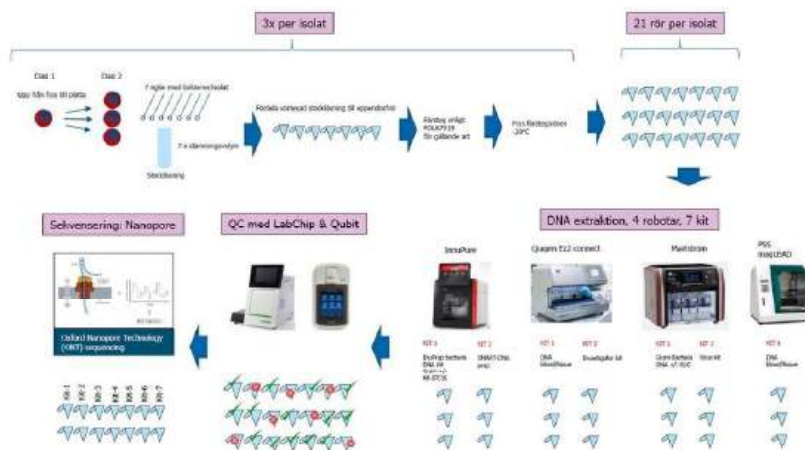
EZ2 Connect (Qiagen) genererade mycket repeterbara resultat med jämna DNA-koncentrationer för samtliga bakterier, men extraktionen visade tecken på hög DNA-fragmentering. När det gällde handhavande och tidseffektivitet var EZ2 bäst med ett kort körningsprogram och en smidig process för inladdning av prover/regensstrips. Maelstrom 4800 (M48, TANBead) levererade de största fragmenten (mellan 10 och 40 000 kbp), vilket vara av stor vikt med tanke på övergång till ONT som primär sekvenseringsmetod. Trots att vissa prover från M48 gav lägre DNA-koncentrationer, var sekvenseringsdatan robust och gav långa läslängder och högt sekvenseringsdjup. *De novo* assembly för isolat extraherade med M48 gav långa och få contiger med höga N50 värden jämfört med isolat extraherade med de andra extraktionsinstrumenten och tillhörande kit som ingick i utvärderingen. I kontrast presterade InnuPure C16 touch (Analytik-jena) sämre både vad gäller DNA-kvalitet och praktiska aspekter. MagLEAD gav låga DNA-koncentrationer för vissa bakterier och hade hög DNA-fragmentering.

Konklusion/Conclusion

En optimerad DNA-extraktionsmetod säkerställer helgenomsekvenseringsdata av hög kvalitet. Utvärderingen visade att M48 med TANBead Grambakterie DNA Auto Kit var den mest lämplade instrumentet för long-read sekvensering.

Referenser

1. Interna SOP för extraktionsmetod, och data från Folkhälsomyndighetens sekvenseringsplattform.
2. Instrumentmanualer och specifikationer från leverantörerna för EZ2 connect (Qiagen), Maelstrom 4800 (M48, TANBead), MagLEAD 12gC (PSS), och InnuPure C16 touch (Analytik-jena).



MIK132 - Implementering av EU4Health-projektet RAPID: Real-time Analysis of Public health Integrated Data

Mikrobiologi

Oskar Karlsson Lindsjö¹ , *Elin Moverts¹*

¹ Folkhälsomyndigheten

Introduktion/Introduction

Projektet RAPID har sin grund i en ansökan inom EU-programmet EU4Health, koordinerat av European Health and Digital Executive Agency (HADEA). Folkhälsomyndigheten tilldelades Grant Agreement i november 2024 efter godkänd ansökan i maj samma år. EU4Health är EU:s största hälsoprogram någonsin, med ett budget som är mer än tio gånger större än tidigare hälsoprogram. Programmet syftar till att förbättra och främja hälsa inom Europeiska unionen, minska bördan av smittsamma och icke-smittsamma sjukdomar, förbättra tillgängligheten och överkomligheten av läkemedel, medicinska enheter och andra krisrelevanta produkter i EU samt stärka nationella hälsosystem.

Projekta­krony­men RAPID står för " Real-time Analysis of Public health Integrated Data " och riktar sig mot att stärka nationell övervakning inom den svenska kontexten. Utlisningen skedde under EU-programmet ISNSS – Improving and Strengthening National Surveillance Systems.

Metod/Method

Vi går nu in i implementationsfasen av projektet RAPID. Efter att ha lyssnat på bland annat de regionala aktörerna och våra samarbetsmyndigheter, kommer vi att fokusera på flera centrala frågor:

1. Datadelning och juridik: Vi kommer att utveckla ramverk för säker och effektiv datadelning mellan olika organisationer, med fokus på juridiska aspekter och dataskydd.
2. Förenklade processer för tillgång till data: Vi kommer att arbeta för att förenkla processerna för att få tillgång till relevant data, vilket är avgörande för effektiv övervakning och smittspårning.
3. Interoperabilitet med existerande system: Vi kommer att säkerställa att våra nya system är kompatibla med befintliga system, för att skapa en sammanhållen och effektiv infrastruktur.
4. Förbättrad datakvalitet: Vi kommer att arbeta för att höja datakvaliteten, vilket är avgörande för framtida användning av data inom övervakning, beredskap och smittskydd.

Resultat/Result

Med syfte att söka större förståelse för intressenters behov kommer vi i ett första skede genomföra kartläggning mot dessa, i syfte att förstå användarfall för den data som systemet ska samla in.

Konklusion/Conclusion

Projektet RAPID representerar ett viktigt steg framåt i att förbättra datahantering och nationell övervakning i Sverige. Genom samarbete med våra samarbetspartners och fokus på kärnfrågor som datadelning, juridik, förenklade processer, interoperabilitet och datakvalitet, kommer vi att skapa en robust och effektiv plattform för framtida utmaningar inom hälso- och smittskyddsområdet.

MIK133 - Detection sensitivity and dual colonization of *Staphylococcus aureus* in a Swedish Neonatal Intensive Care Unit during an outbreak of tobramycin resistant *S. aureus*

Mikrobiologi

Anna Jogenfors¹, Sture Löfgren¹, Malin Bengnér², Johannes Bengnér³, Fredrik Ingemansson³, Andreas Matussek^{4, 5}, Sara Mernelius¹

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

² Department of Infectious Disease Control, Jönköping, Region Jönköping County, and Department of Medical and Health Sciences, Linköping University, Linköping, Sweden

³ Department of Pediatrics, Jönköping, Region Jönköping County, and Department of Medical and Health Sciences, Linköping University, Linköping, Sweden

⁴ Department of Microbiology, Division of Laboratory Medicine, Oslo University Hospital, Oslo, Norway

⁵ Department of Microbiology, Division of Laboratory Medicine, Institute of Clinical Medicine, University of Oslo, Oslo, Norway

Introduktion/Introduction

Knowledge of local antibiotic resistance pattern is crucial for the choice of empirical antibiotic regimen. Detection sensitivity and presence of multiclonal colonization in screening for *Staphylococcus aureus* is not fully explored. The prevalence and dual colonization rate were investigated during an outbreak of tobramycin resistant *S. aureus* (TRSA) of *spa* type t084 at a neonatal intensive care unit.

Metod/Method

From May 11th, 2012 through 2015, samples from anterior nares, umbilicus and perineum were obtained and antibiotic susceptibility testing was done. The TRSA isolates were *spa* typed. During 2014 all *S. aureus* isolates were *spa* typed. Medical records were examined from infants with growth of TRSA in clinical samples.

Resultat/Result

The prevalence of *S. aureus* carriage was 49 % combining three sites. The sensitivity of screening from nares, umbilicus and perineum, was 81 %, 65 % and 71 %, respectively. Combining two sites, the highest sensitivity (96 %) was from nares and umbilicus. Dual colonization with both TRSA and TSSA at one sampling occasion was seen in 7.8 % of infants. For fusidic acid resistance and sensitivity the figure was 1.9 %. All *S. aureus* isolates were *spa* typed during 2014 and dual colonization was found in 13 % of the infants. Infants who suffered from *S. aureus* infection (n=27) had a nasal colonization, and the figures for umbilicus and perineum were 74 % and 90 %, respectively.

Konklusion/Conclusion

We have found a number of neonates with dual colonization and suggest that screening for *S. aureus* colonization in neonates should include samples from nares and either umbilicus or perineum.

MIK134 - Whipples sjukdom -kan ökad kunskap och förbättrad diagnostik leda till tidigare diagnos?

Mikrobiologi

Linda Leyton¹ , *Susann Skovbjerg¹, Lars Gustavsson², Anna Grankvist¹*

¹ Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Göteborg

² Infektionskliniken, Sahlgrenska Universitetssjukhuset, Göteborg

Introduktion/Introduction

Whipples sjukdom orsakas av den intracellulära bakterien *Tropheryma whipplei* och är en ovanlig systemisk infektionssjukdom som kan orsaka ett brett spektrum av symtom. Vanliga manifestationer vid klassisk sjukdom är gastrointestinala symtom men även ledbesvär, långvarig feber, endokardit samt CNS-symtom förekommer. Tiden till diagnos är ofta lång vilket leder till stort lidande för patienterna och extensiva utredningar medförande stora kostnader för sjukvården. Behandlingen kräver långvarig antibiotikaterapi och återfall är vanligt, obehandlad är infektionen dödlig. Sannolikt finns en genetisk predisposition hos flertalet patienter. Sjukdomen är ovanlig, i Sverige finns enstaka fallrapporter publicerade. Prevalensen är okänd men sjukdomen är sannolikt underdiagnostiserad

Vid Klinisk mikrobiologi, Sahlgrenska Universitetssjukhuset finns en specifik PCR för *T. whipplei*. Under de senaste åren har efterfrågan på diagnostiken ökat vilket resulterat i ett ökat antal positiva fall. Golden standard för diagnostik av *T. whipplei* är PCR på duodenumbiopsi i kombination med Periodic acid-Schiff-färgning.

Syftet med studien är att förbättra diagnostiken, öka kunskapen och minska tiden till diagnos.

Metod/Method

Studien består av två delar. I den retrospektiva delen granskas journaler från de 26 patienter som diagnosticerats med *T. whipplei* vid Sahlgrenska universitetssjukhuset från 2015 till 2023. Syftet är att undersöka symtom, tid till diagnos, utfall, behandling och riskfaktorer. En kontrollgrupp som testat negativt i diagnostiken används för jämförelse.

I den prospektiva delen av studien utvärderas om PCR på en panel av prover (urin, saliv, faeces, blod) kan komplettera biopsier från tunntarm vid diagnostik av *T. whipplei*. Patienter som testar positivt för *T. whipplei* med specifik PCR inkluderas och får lämna kompletterande prover motsvarande panelen för analys. Journaler kommer att granskas på motsvarande sätt som för den retrospektiva delen av studien.

Resultat/Result

Studien har fått etiskt godkännande, insamling av journaler från majoriteten av inkluderade patienter är utförd. Arbete pågår med journalgranskning enligt protokoll etablerat för studien. Fem patienter har hittills inkluderats i den prospektiva delen. Provtagning med utökad panel visar att en stor andel av patienterna är positiva i flera provmaterial.

Konklusion/Conclusion

T. whipplei är en ovanlig men allvarlig orsak till en potentiellt dödlig infektionssjukdom. Det är angeläget att förbättra diagnostiken och kunskapsläget för att möjliggöra ett bättre omhändertagande av drabbade patienter.

MIK135 - Kan screeningen för livmoderhalscancer förbättras genom testning för metylering av FAM19A4/miR124-2?

Mikrobiologi

Ylva Lindroth^{1, 2}, *Christer Borgfeldt*³, *Ola Forslund*^{1, 4}

¹ Klinisk mikrobiologi, Lund, Medicinsk service, Region Skåne

² Institutionen för laboratoriemedicin, Lunds universitet

³ Avdelningen för kvinnors och barns hälsa, Institutionen för biomedicinska och kliniska vetenskaper, Linköpings universitet

⁴ Institutionen för translationell medicin, Lunds universitet, Malmö

Introduktion/Introduction

HPV-testning har hög känslighet för detektion av livmoderhalscancer och dess förstadium (1). Men specificiteten är låg, då de flesta HPV-positiva kvinnor inte kommer att utveckla cancer. Primär HPV-testning har ökat andelen som behöver följas upp med kolposkopi, med risk för ökade väntetider och försenade diagnoser (2,3). Cytologi, som hittills har använts som ett tilläggstest för att avgöra vem som behöver uppföljning, har begränsad känslighet och låg specificitet (4). Testning för DNA-metylering kan vara en metod att öka specificiteten i screeningen (5-7).

Metod/Method

Vi har utvärderat metylering av de mänskliga generna *FAM19A4/miR124* (QIASure™ Methylation Test) för triagering av HPV mRNA-positiva kvinnor 30 år och äldre, som deltog i screeningen i Skåne under 2017, och jämfört med cytologi.

Resultat/Result

Totalt 4 227 kvinnor (6,8%) var positiva för högrisk HPV mRNA med metoden Aptima™ (Hologic). Av dessa fick 680 (16%) diagnosen höggradig intraepitelial skivepitellesion (HSIL), adenocarcinoma in situ (AIS), adenocarcinom (ADC) eller skivepitelcancer (SCC) inom tre år (histologisk diagnos), varav 88% (601) hade avvikande cytologi (ASCUS+, atypical squamous cells of undetermined significance or worse) i screeningprovet. Avvikande cytologi sågs hos totalt 46% av alla HPV-positiva i screeningen, vilket innebar uppföljning av 1940 kvinnor. Ca 38% av kvinnor utan histologiskt bekräftad höggradig dysplasi eller cancer hade avvikande cytologi. Metyleringstestet var positivt hos ca 12% (6/50, 95% KI: 4,5-24%) av kvinnor med normal cytologi och ca 27% (15/56, 95% KI: 16-40%) av dem med lätt skivepiteltypi (ASCUS) som läkt ut HPV-infektionen senast 2020. Cellprov från kvinnor som inom tre år utvecklade SCC, ADC, AIS och HSIL var positiva i metyleringstestet i 88% (7/8), 83% (5/6), 68% (19/28) respektive 55% (44/80) av fallen och visade avvikande cytologi i 89% (8/9), 63% (5/8), 83% (24/29) respektive 74% (59/80) av fallen. Cytologi har högre känslighet att förutsäga HSIL (p=0,014 Fischers exakta test).

Konklusion/Conclusion

Metyleringstestet förefaller vara lika känsligt som cytologi för att förutsäga cancer. Om metylering skulle ersätta cytologi som triagetest skulle sannolikt behovet av uppföljning minska, men cytologi detekterar fler fall av HSIL. Eftersom rekommendationen är att HPV-positiva kvinnor med HSIL ska behandlas, är det i nuläget inte rimligt att byta triagemetod från cytologi till test för metylering av *FAM19A4/miR124*.

Referenser

1. Ronco G, Dillner J, Elfstrom KM, Tunesi S, Snijders PJ, Arbyn M, et al. Efficacy of HPV-based screening for prevention of invasive cervical cancer: follow-up of four European randomised controlled trials. *Lancet*. 2014;383(9916):524-32.
2. Aitken CA, van Agt HME, Siebers AG, van Kemenade FJ, Niesters HGM, Melchers WJG, et al. Introduction of primary screening using high-risk HPV DNA detection in the Dutch cervical cancer screening programme: a population-based cohort study. *BMC Med*. 2019;17(1):228
3. Lindroth Y, Borgfeldt C, Thorn G, Bodelsson G, Forslund O. Population-based primary HPV mRNA cervical screening compared with cytology screening. *Prev Med*. 2019;124:61-6.
4. Edvardsson H, Wang J, Andrae B, Sparen P, Strander B, Dillner J. Nationwide Rereview of Normal Cervical Cytologies before High-Grade Cervical Lesions or before Invasive Cervical Cancer. *Acta Cytol*. 2021;65(5):377-84.
5. Lorincz AT. Virtues and Weaknesses of DNA Methylation as a Test for Cervical Cancer Prevention. *Acta Cytol*. 2016;60(6):501-12.
6. Vink FJ, Meijer C, Clifford GM, Poljak M, Ostrbenk A, Petry KU, et al. FAM19A4/miR124-2 methylation in invasive cervical cancer: A retrospective cross-sectional worldwide study. *Int J Cancer*. 2020;147(4):1215-21.
7. Bonde J, Floore A, Ejegod D, Vink FJ, Hesselink A, van de Ven PM, et al. Methylation markers FAM19A4 and miR124-2 as triage strategy for primary human papillomavirus screen positive women: A large European multicenter study. *Int J Cancer*. 2021;148(2):396-405.

Oral 1

Mikrobiologi

009 - Artidentifiering med Nanopore-sekvensering av 16S rRNA - Validering av ett flöde för parallell sekvensering med SARS-CoV-2 och andra agens.

Mikrobiologi

Susanna Thyselius¹, Ida Karlsson^{1, 2, 3}, Sofia Persson¹, Mats Lindeborg^{1, 4}, Martina Cederblom¹, René Kaden^{1, 2}, **Patrik Ellström**^{1, 5}

¹ Avdelningen för klinisk mikrobiologi, Akademiska sjukhuset, Uppsala

² Clinical Genomics Uppsala, Science for Life Laboratory, Uppsala

³ Institutionen för immunologi, genetik och patologi, Uppsala Universitet, Uppsala

⁴ Infektionskliniken, Akademiska sjukhuset, Uppsala

⁵ Zoonosis Science Center, Inst. för Medicinska Vetenskaper, Uppsala Universitet, Uppsala

Introduktion/Introduction

Artidentifiering av patogena bakterier med sekvensanalys av 16S rRNA är ett viktigt komplement till odlingsbaserad diagnostik, främst vid främmandekroppsinfektioner och infektioner i sterila lokaler. Vid svenska sjukhus har denna analys främst utförts med Sangersekvensering, men nya sekvenseringstekniker har möjliggjort snabb, skalbar och kostnadseffektiv sekvensanalys med detektion av flera olika agens i samma prov. Under COVID-19 pandemin implementerade vi sekvensering av SARS-CoV-2 med Oxford Nanopore Technology (ONT) (Haars 2023; PMID: 37894075). Vi har nu utvecklat och validerat en metod för bakteriell 16S analys av främmandekroppsinfektioner som tillåter parallell sekvensering av 16S, SARS-CoV-2 och andra agens med gemensam bibliotekspreparation och sekvensering i en och samma flödescell.

Metod/Method

Åttiosex konsekutiva prover från implantat eller biopsimaterial förbehandlade genom sonikering samt 21 konsekutiva vävnadsprover analyserades och jämfördes mot svar från Sangerbaserad 16S analys och odlingsbaserad diagnostik. Efter homogenisering inkuberades proverna med Mutanolysin och extraherades med MagDEA DxSV på magLEAD 12gC. Ett 1450 bp fragment av 16S genen (V1-V9) amplifierades. Sekvenseringsbibliotek skapades genom end prep och ligering av barcodes med ligation sequencing kit (SQK-NBD114.96, ONT). Sekvensering utfördes på R10.4.1 flödesceller på Gridlon instrument med mjukvaran MinKnow. Analys och artidentifiering utfördes med Emu i mjukvaran Geneious prime. Metodens känslighet undersöktes med spädningsserier av 6 relevanta bakteriearter i blandning och parallell sekvensering har utvärderats med SARS-CoV-2. Vid utvärdering av identifierade bakteriearter undersöktes kriterier för sant positiva fynd med olika grader av stringens baserat på antal läsningar och relativ abundans. Vi utvärderade även ZymoBIOMICS Spike-in Control II som intern kontroll.

Resultat/Result

Sekvensering av kvantifierad bakterieblandning i vävnad visade att $2\text{--}8 \times 10^2$ CFU per art kunde detekteras förutom för *S. aureus* där $6\text{--}7 \times 10^3$ CFU krävdes. Samstämmigheten mellan odlingsdiagnostik och Sangerbaserad 16S analys var relativt låg (ca 70%). Därför validerades vår 16S Nanopore-metod gentemot båda metoderna enskilt och sammantaget. Med de slutgiltigt fastställda kriterierna för sant positiva fynd erhöles 96% samstämmighet mellan Nanopore 16S och de två jämförelsemetoderna. Tillämpning av intern kontroll underlättade bedömningen av proverna.

Konklusion/Conclusion

Vi presenterar validering av en skalbar, känslig och snabb metod för bakteriell artbestämning med 16S rRNA sekvensering som kan utföras parallellt med andra amplikonbaserade sekvenseringsmetoder.

O10 - Typning av *Shigella* spp. med helgenomsekvensering (328 ord)

Mikrobiologi

Maarten Coorens¹, *Ioana Bujila*², *Simone Brant-Lundin*¹, *Inga Fröding*¹

¹ Enheten för laborativ bakterieövervakning, Folkhälsomyndigheten, Solna, Sverige

² Enheten för laborativ virus- och vaccinövervakning samt EUPHEM-programmet för Folkhälsomikrobiologi, Folkhälsomyndigheten, Solna, Sverige

Introduktion/Introduction

Shigellos orsakas av *Shigella* spp. och kännetecknas av (blodig) diarré, feber och buksmärta. *Shigella* spp. kan delas upp i fyra serogrupper (*S. boydii*, *S. dysenteriae*, *S. flexneri* och *S. sonnei*) och flera serotyper, varav *S. dysenteriae* typ 1 orsakar den mest allvarliga varianten av shigellos. Diagnostik för påvisning och typning av dessa bakterier görs traditionellt med en kombination av biokemiska tester, en PCR riktad mot *ipaH*-genen samt seroagglutination. Dock kan det vara svårt att tolka dessa resultat där *Shigella* spp. genetiskt sett tillhör bakteriearten *Escherichia coli* och delar vissa egenskaper med enteroinvasiva *E. coli* (EIEC), som t.ex. pINV-plasmiden som bär *ipaH*-genen. I denna studie validerades om den traditionella diagnostiken kan ersättas av helgenomsekvensering för påvisning och typning av *Shigella* spp. samt EIEC.

Metod/Method

Valideringen utfördes på 293 isolat från rutindiagnostik (2015-2024) som analyserades med både traditionell diagnostik samt helgenomsekvensering (IonTorrent). Tolkning av helgenomsekvenseringsdata utfördes med hjälp av det bioinformatiska verktyget "ShigaTyper", som använder genetiska data för serogruppering och serotypning.

Resultat/Result

ShigaTyper hade en sensitivitet av 97,6% och specificitet av 97,9% vid påvisning av *Shigella* spp./EIEC jämfört med traditionell diagnostik. Dessutom kunde *ipaH*-genen påvisas med helgenomsekvensering i alla *Shigella*- och EIEC-isolat. En jämförelse av serogruppering visade en samstämmighet av 99,5% (203/204 isolat). Dessutom kunde 3 tidigare ej typbara isolat typas korrekt med ShigaTyper efter granskning av släktskap mot *Shigella*-referensgenom. På serotypningsnivå tolkades 89% (67/75 isolat) korrekt med ShigaTyper. Problematiska serotyper är: 1) *S. flexneri* 3a, som i två fall feltolkades av ShigaTyper som *S. flexneri* 5b, 2) *S. flexneri* X och Xv, som alla tolkas som *S. flexneri* Xv av ShigaTyper, 3) *Shigella dysenteriae* som tillhör serotyp 96-265 enligt ShigaTyper, men klustrar med *Shigella dysenteriae* 16 enligt släktskapsanalys mot referensgenom. Dessa sista isolat kunde dock inte heller tolkas korrekt med traditionell diagnostik.

Konklusion/Conclusion

Sammanfattningsvis bedöms helgenomsekvensering i kombination med ShigaTyper som ett bra alternativ till traditionella typningsmetoder för *Shigella* spp. Dessutom förbättras diagnostiken för tidigare ej typbara isolat och skapas möjlighet till släktskapsanalys som stöd i smittspårning och tolkning av typningsresultat.

O11 - The Nasopharyngeal Microbiome in Relation to *Neisseria meningitidis* Carriage Dynamics

Mikrobiologi

Cecilia Klanger¹, *Olivia Andersson*^{2, 3}, *Berhane Idosa*¹, *Bianca Stenmark*^{2, 3}, *Olof Säll*⁴, *Sara Thulin Hedberg*¹, *Paula Mölling*¹

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

² Clinical Genomics, Faculty of Medicine and Health, Örebro University, Örebro, Sweden

³ Clinical Genomics Örebro, Science for Life Laboratory, Örebro University, Örebro, Sweden

⁴ Department of Infectious Diseases, Faculty of Medicine and Health, Örebro University, Örebro, Sweden

Introduktion/Introduction

The human pathogen *Neisseria meningitidis* may cause invasive meningococcal disease and is often carried asymptotically in the nasopharynx. Through next generation sequencing, the microbiome has been revealed to be complex and variable. The interplay between *N. meningitidis* and other microbes in the nasopharynx has not yet been thoroughly investigated. To study host-bacteria interaction and meningococcal carriage in relation to other species may help us better understand colonization and pathogenesis of *N. meningitidis*. This study aimed to investigate changes in the nasopharyngeal microbiome in correlation to carriage status over time of *N. meningitidis*.

Metod/Method

From a previous longitudinal carriage study among Swedish university students, 170 nasopharyngeal swab samples, including both positive and negative samples from the same individual, were selected. All samples were analyzed through metagenomic 16S rRNA sequencing using 16S Barcoding Kit 24v14 from Oxford Nanopore. The reads were analyzed through the gms-16S pipeline, https://github.com/genomic-medicine-sweden/gms_16S.

Resultat/Result

Significant differences in relative abundance for carriage status were seen for some genera. Both Spp. *Veillonella* and *Prevotella*, displayed higher abundance in those who had gone from positive to negative carriage status, and lower in those who had become carriers of *N. meningitidis*. Inversely, spp. *Haemophilus* showed higher abundance in those who had become carriers and lower in those who went from positive to negative carriage status. No significant difference in alpha diversity between carriage status was observed.

Konklusion/Conclusion

Carriage status of *N. meningitidis* could be correlated to differences in microbial composition. Further microbiome analyses are underway, including metagenomic shotgun sequencing and investigations into correlations with risk factors for meningococcal carriage.

O12 - Ett ökat antal fall av legionellainfektioner orsakad av *Legionella longbeachae* i Sverige under 2024

Mikrobiologi

Caroline Schönning¹, Johan Brynedal Öckinger², Aina Iversen², Eleni Tourik³, **Lisa Wasserstrom³**

¹ Folkhälsomyndigheten, Solna, Stockholm

² Klinisk mikrobiologi, Karolinska Universitetslaboratoriet, Solna, Stockholm

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

Introduktion/Introduction

Legionärssjuka som orsakas av legionellabakterier är en allvarlig form av lunginflammation med en dödlighet på 9–25% vid samhällsförvärvad pneumoni (1). Incidensen ökar globalt och även i Skåne där 2,35 fall rapporterades per 100 000 invånare under 2021 jämfört med 1,42 fall 2011 (2). *Legionella pneumophila* har länge beskrivits som den dominerande patogena arten och majoriteten av diagnostiska metoder detekterar främst den, trots att över 25 humanpatogena arter finns beskrivna (3). Anmärkningsvärt nog orsakar *L. longbeachae* 54% respektive 39% av de rapporterade legionellainfektionerna i Nya Zeeland och Australien och infektion är associerad med exponering för odlingssubstrat (kompost/krukjord) (4). I Sverige rapporterades 41 fall av samhällsförvärvad pneumoni orsakad av icke-pneumophila (huvudsakligen *L. longbeachae*) under 2018 (5). Sedan dess har två av de största laboratorierna i Sverige i Region Skåne och på Karolinska Universitetslaboratoriet implementerat PCR-diagnostik (2021 respektive 2024) som artbestämmer de vanligaste icke-pneumophila arterna inklusive *L. longbeachae* (6).

Metod/Method

Epidemiologisk information så som ålder, kön och orsakande patogen samt diagnostisk metod sammanställdes för rapporterade legionellafall under 2024 från SmiNet. För *L. longbeachae* fall inhämtades även information om möjlig jordexponering via smittskyddsenheterna.

Resultat/Result

Icke-pneumophila arter, framför allt *L. longbeachae*, stod för en betydande andel, 35% respektive 21%, av de rapporterade legionellafallen (totalt 216) under 2024 - en ökning jämfört med tidigare år. Flest fall rapporterades i juni och majoriteten av alla fall var från Stockholm och Skåne. Medianåldern för *L. longbeachae* fallen var 72 år jämfört med 69 år för samtliga fall. Andelen män respektive kvinnor som infekterats av *L. longbeachae* var 76% respektive 24%, att jämföra med 67% respektive 33% för samtliga fall. Majoriteten av *L. longbeachae* fallen hade exponerats för jord.

Konklusion/Conclusion

Infektioner orsakade av *L. longbeachae* ökade i Sverige under 2024. Det är svårt att veta om detta speglar den verkliga situationen, dels eftersom vissa laboratorier enbart detekterar *L. pneumophila*, dels eftersom Karolinska införde ny förbättrad *L. species* diagnostik under 2024. Oavsett belyser detta vikten av bred legionelladiagnostik och att *L. longbeachae* bör beaktas vid samhällsförvärvad pneumoni där patienten varit i kontakt med odlingssubstrat. Genom framtida studier hoppas vi förstå mer om epidemiologin och infektionsförloppet för *L. longbeachae* samt identifiera exponeringsrisker i Sverige.

Referenser

1. Jasper AS, Musuuz JS, Tischendorf JS, et al. Are Fluoroquinolones or Macrolides Better for Treating Legionella Pneumonia? A Systematic Review and Meta-analysis. *Clinical Infectious Diseases*. 2021;72(11):1979-1989. doi:10.1093/cid/ciaa441
2. Wikén C, Eliasson J, Alanko Blomé M, Fält RM, Resman F, Ljungquist O, Wasserstrom L. Clinical and Epidemiological Characteristics of Legionella pneumonia in southern Sweden, a population-based study. *Submitted Infectious Diseases* (no 246893495)
3. Girolamini L, Pascale MR, Salaris S, Mazzotta M, Orsini M, Grottola A, Zini N, Cristino S. *Legionella bononiensis* nov., isolated from a hotel water distribution system in northern Italy. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2022 Sep;72(9). doi: 10.1099/ijsem.0.005512. Erratum in: *Int J Syst Evol Microbiol*. 2023 Feb;73(2). doi: 10.1099/ijsem.0.005710.
4. Chambers, S.T.; Slow, S.; Scott-Thomas, A.; Murdoch, D.R. Legionellosis Caused by Non-*Legionella pneumophila* species, with a focus on *Legionella longbeachae*. *Microorganisms* 2021, 9, 291. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9020291>
5. Löf E, Chereau F, Jureen P, Andersson S, Rizzardi K, Edquist P, Kühlmann-Berenzon S, Galanis I, Schönning C, Kais M, Tideholm Nylén A, Wallensten A, Roth A; National Outbreak Investigation Team. An outbreak investigation of Legionella non-pneumophila Legionnaires' disease in Sweden, April to August 2018: Gardening and use of commercial bagged soil associated with infections. *Euro Surveill*. 2021 Feb;26(7):1900702. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2021.26.7.1900702.
6. Cross KE, Mercante JW, Benitez AJ, Brown EW, Diaz MH, Winchell JM. Simultaneous detection of *Legionella species* and *anisa*, *L. bozemanii*, *L. longbeachae* and *L. micdadei* using conserved primers and multiple probes in a multiplex real-time PCR assay. *Diagn Microbiol Infect Dis*. 2016 Jul;85(3):295-301. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2016.03.022.

O13 - Jämförelse av Micronaut-AM och Sensititre YeastOne med EUCAST referensmetod för resistensbestämning av jästsvamp.

Mikrobiologi

Karin Amilon¹, *Christine Stenström*¹, *Silvia Botero-Kleiven*¹, *Christian G. Giske*¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Medicinsk Diagnostik Karolinska, Karolinska Universitetssjukhuset

Introduktion/Introduction

Resistensbestämning av jästsvamp är nödvändigt för korrekt handläggning och behandling av svampinfektioner, särskilt hos immunsupprimerade patienter, vid invasiva och återkommande infektioner eller terapivikt, samt för övervakning av resistensutveckling. Standardiserade referensmetoder för MIC-bestämning av jästsvamp med buljongspädning är utvecklade av CLSI och EUCAST. Dessa är väletablerade, robusta och pålitliga, men skiljer sig åt både gällande sammansättning av buljong och avläsningsinstruktioner. De är arbets- och tidskrävande och förutsätter specialisering och erfarenhet. Två kommersiella buljongspädningsmetoder finns tillgängliga och utgör snabbare och enklare alternativ. Sensititre YeastOne (YO) (Thermo Fisher) används av flera laboratorier i Sverige och baseras på CLSI:s metodologi. Diskrepanta MIC-värden jämfört med den nationellt använda referensmetoden från EUCAST förekommer och tolkas dessutom utifrån EUCAST brytpunkter. Användning av Micronaut-AM (M-AM) (Bruker), som är baserad på EUCAST:s metod, skulle potentiellt förbättra överensstämmelsen och harmonisera användandet av brytpunkter.

Metod/Method

Vi har jämfört MIC-värden för 25 kliniska stammar, med känt resistensmönster, av olika *Candida*-arter erhållna med YO och M-AM med EUCAST referensmetod och utvärderat överensstämmelse inklusive essential agreement (EA; MIC +/-1 och MIC +/-2), bias %, categorical agreement (CA), very major error (VME) och major error (ME) för amfotericin B (AmB), anidulafungin (Ani), 5-fluorocytosin (5-FC), posakonazol (Pz), vorikonazol (Vz), itrakonazol (Iz) och flukonazol (Fz).

Resultat/Result

MIC-värden erhållna med M-AM visade acceptabel överensstämmelse (MIC +/- 1 spädningssteg $\geq 90\%$) för amfotericin B och 5-fluorocytosin, medan YO var överensstämmande endast för amfotericin B. M-AM visade systematiskt lägre MIC-värden (negativ bias) jämfört med EUCAST, medan YO oftast gav förhöjda MIC-värden (positiv bias). Vidare gav M-AM även fler VME, bl.a. för anidulafungin, medan YO gav fler ME.

Konklusion/Conclusion

Användning av Sensititre YO som en typ av screening där förhöjda MIC-värden verifieras med referensmetod kan anses acceptabel då sannolikt få resistent stammar skulle felklassificeras som känsliga, medan användning av Micronaut-AM för resistensscreening kan leda till oacceptabel underskattning av resistens.

O14 - Validering av Chlamydia trachomatis och Neisseria gonorrhoeae med Cobas 6800 - provlokal öga

Mikrobiologi

Karolina Gullsby^{1, 2}, *Jule Brandenburg*³, *Karin Elfving*³, *Lisa Stark*⁴, *Anna Heydecke*^{1, 2}

¹ Center för forskning och utveckling, Uppsala universitet, Region Gävleborg, Gävle

² Enheten för klinisk mikrobiologi, Region Gävleborg, Gävle sjukhus, Gävle

³ Avdelningen för klinisk mikrobiologi, Region Dalarna, Falu lasarett, Falun

⁴ Enheten för klinisk mikrobiologi, Region Jönköping, Länssjukhuset Ryhov, Jönköping

Introduktion/Introduction

Chlamydia trachomatis (CT) och Neisseria gonorrhoeae (NG) orsakar främst genitala infektioner, men kan även ge ögoninfektioner som i värsta fall leder till blindhet.

Kommersiella molekylärbilogiska analysmetoder används för diagnostik av CT/NG. Dessa är vanligen validerade och CE-IVD godkända för genital prover samt för prover från rektum och svalg, men inte från öga. Antalet prover tagna från öga är få men andelen positiva prover är relativt hög.

Syftet med studien var att validera provlokal öga med Cobas® CT/NG (Cobas 6800, Roche), för att möjliggöra fortsatt diagnostik av ögoninfektioner i enlighet med skärpta regulatoriska krav (IVDR) som laboratorierna måste följa.

Metod/Method

Valideringen utfördes på de mikrobiologiska laboratorierna i Falun, Gävle och Jönköping.

Totalt analyserades 30 patientprover från öga med Cobas 6800 (12 CT-positiva, 2 NG-positiva och 16 negativa). Ytterligare 28 negativa ögonprover spikades med CT (N=7), NG (N=7) och både CT/NG (N=14). Proverna validerades mot minst en av dessa metoder: Inhouse PCR baserad på detektion av *porA* (NG), Xpert® CT/NG (Genexpert, Cepheid), CTGC2 (BD max) samt cobas® 4800 CT/NG Test (Cobas 4800, Roche).

Analytisk sensitivitet i provlokal öga jämfördes med prov från svalg, vagina och cervix genom att samtliga provtyper spikades med samma mängd CT, NG och både CT/NG.

En genomgång av laboratoriernas analysstatistik av öga (2019-2024) gjordes för att få en överblick av den lokala kliniska efterfrågan och nyttan.

Resultat/Result

Samtliga 30 patientprover gav samstämmigt resultat med den/de jämförande metoderna. Av de 28 spikade proverna var det ett prov, spikat med både CT (starkt positiv) och NG (svagt positiv), som blev negativt för NG med den jämförande metoden.

Den analytiska sensitiviteten var likvärdig mellan provlokal öga, svalg, vagina och cervix.

Totalt analyserades 711 ögonprover (65-173 prover/år) i de tre regionerna mellan 2019-2024. Av dessa var 38 (5,3%) positiva, fördelat på 35 positiva för CT och 3 positiva för NG. Inga prover var positiva för både CT/NG.

Konklusion/Conclusion

Valideringen visar att Cobas 6800 har god prestanda. Analysstatistik bekräftar att den kliniska nyttan av fortsatt CT/NG-analys av ögonprover är stor. Då inga CE-IVD-godkända alternativ finns möjliggör CT/NG-analys av ögonprover med Cobas 6800 fortsatt diagnostik av denna kliniskt viktiga provlokal.

O15 - Validering av PCR-metod för påvisande och artbestämning av *Babesia* spp. i blod

Mikrobiologi

Cordelia Penman¹, *Lisa Wasserström*¹, *Kristina EM Persson*^{2, 3}, *Sara Karlsson Söbirk*¹

¹ Klinisk mikrobiologi, Medicinsk Service, Region Skåne

² Avdelningen för klinisk kemi, Skånes Universitetssjukhus Lund, Sverige

³ Institutionen för laboratoriemedicin, Lunds Universitet, Sverige

Introduktion/Introduction

Babesia spp är intraerytrocytära, fästingburna parasiter som i ovanliga fall kan orsaka allvarlig sjukdom. Prevalensen är okänd, men en skånsk studie visar antikropps nivåer på 16.3% hos patienter som haft borrelia[1]. Diagnostik sker genom mikroskopi, PCR och serologi, där endast mikroskopi hittills funnits tillgängligt i Sverige. Prover för PCR har vidarebefordrats till Zürich, med en svarstid på 15-20 dagar. Vi har satt upp en PCR-metod för att identifiera *B. microti*, *B. venatorum* och *B. divergens*: sannolikt de vanligast förekommande humanpatogena *Babesia*-arterna i norra Europa.

Metod/Method

PCR-metoden med målgener i 18-S-regionen är en modifiering från Wang et al[2] och består av två singelplex-PCRer, som identifierar *B. microti* och *B. venatorum/B. divergens* (särskiljer ej). I brist på känt positiva fall har metoden utprovats med framodlade *B. divergens*, helblod infekterat med *B. venatorum* (humant prov) och inköpt DNA från *B. microti*. och jämförts med Microgens alphaCube *Babesia*-kit, som inte särskiljer arterna. Ett externt kvalitetsutskick (EQA) från QCMD, i vilken *B. microti* och *B. divergens* ingick har testats på färdiguppsatt metod.

Resultat/Result

Metoden detekterade *B. microti*, *B. divergens* och *B. venatorum* vid lägre koncentrationer för 2/3 arter jämfört med alphaCube. Analytisk sensitivitet för *B. microti* beräknas motsvara en parasitemigrad på 0.001%. Metoden kunde ur EQA-panelen korrekt identifiera 9/9 positiva och 1/1 negativt prov. Korsreaktivitet har inte setts för *Plasmodium sp.*, *Leishmania sp.*, eller *Toxoplasma gondii*.

Konklusion/Conclusion

Brist på kliniskt provmaterial har hittills fördröjt och försvårat validering av en diagnostisk PCR-metod för svensk sjukvård. Vid klinisk mikrobiologi i Skåne finns nu en in-house-PCR, som kan påvisa *B. microti* och *B. divergens/B. venatorum*. Även om klinisk prestanda ännu inte kunnat undersökas, möjliggör metoden snabbare och sannolikt känsligare diagnostik samt underlättar prevalensstudier av babesios i Sverige.

Referenser

[1] Svensson, J. Hunfeld, K.P. Persson, K. (2019). High seroprevalence of *Babesia* antibodies among *Borrelia burgdorferi*-infected humans in Sweden, *Ticks and Tick-borne Diseases*, Volume 10, Issue 1, Pages 186-190,

<https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2018.10.007>

[1] Wang, Y. Zhang, S. Li, X. Nian, Y. Liu, X. Liu, J. Yin, H. Guan, G. & Wang, J. (2023). A high-resolution melting approach for the simultaneous differentiation of five human Babesiosis-causing *Babesia* species, *Parasites and vectors*, 16:299 , <https://doi.org/10.1186/s13071-023-05839-5>

O16 - Kräkning kan användas som provmaterial vid analys med GeneXpert Xpert Norovirus assay

Mikrobiologi

Johan Brynedal Öckinger¹, Anders Jonsson¹, Ali Al-Mashhadany¹, Mattias Karlsson¹, Lina Guerra Blomqvist¹, Malin Grabbe¹, Anna Samuelsson Karlsson¹, Berit Hammas¹, Robert Dyrda¹

¹ Klinisk Mikrobiologi, Medicinsk Diagnostik Karolinska, Karolinska Universitetssjukhuset

Introduktion/Introduction

Norovirus orsakar återkommande epidemier av akut gastroenterit. Snabb diagnostik av norovirus kan bidra till effektiv handläggning av patienter och smittförebyggande åtgärder på vårdavdelningar.

Både diarré och kräkningar är vanliga symtom på norovirus-infektion, och båda provmaterialen innehåller infektiöst virus (1). Studier har visat att kräkningar utan diarré förekommer hos en signifikant del av de sjuka (2), men andelen kan variera beroende på ålder och virusets genotyp (3).

Xpert[®] Norovirus assay möjliggör snabb påvisning av RNA från norovirus GI och GII, men är av tillverkaren endast validerat för analys av avföringsprover. Vi har här utvärderat rutinmässig analys av kräkning med Xpert[®] Norovirus assay.

Metod/Method

Både kräkning och avföringsprov hanterades enligt tillverkarens instruktion för avföringsprover.

Vi sammanställde data från samtliga analyser med Xpert[®] Norovirus assay åren 2015 - 2024 inklusive Ct-värden för analyser utförda maj 2019 - dec 2024. Vi sammanställde även resultaten från de patienter som provtagits med både kräkning och avföringsprov inom 24 timmar.

Resultat/Result

Totalt har 77 046 prover analyserats med Xpert[®] Norovirus assay, varav 13% kräkningar och 87% avföringsprov. Andelen positiva prov var samma i båda provmaterialen; 1% för norovirus GI och 11% för GII. I avföringsprover uppmättes dock lägre Ct-värden, vilket tyder på högre viruskoncentration. Median för GI var Ct 25,1 (avföring) respektive Ct 29,9 (kräkning), och för GII Ct 18,5 (avföring) respektive Ct 24,5 (kräkning).

Omanalys har utförts vid felmeddelande från instrument eller underkänd internkontroll, och omanalys utfördes på 1,3% av avföringsproverna och 1,2% av kräkningarna.

Vid analys prover som insamlats inom 24 timmar identifierades 171 par med minst ett prov positivt för norovirus GII under maj 2019 - dec 2024. Av dessa visade 138 par samstämmigt positivt resultat, medan 26 var positiva endast i avföringsprov och 7 positiva endast i kräkning. Bland de samstämmigt positiva proverna så var median för Ct 17,4 i avföringsproverna och 24,1 i kräkning. Lägre Ct-värde (> 1 Ct-steg) sågs dock i kräkningsproven bland 13 av paren.

Konklusion/Conclusion

Vår analys visar att kräkning kan användas som provmaterial för analys på GeneXpert[®] med Xpert[®] Norovirus assay, som komplement till analys av avföringsprover. Detta kan vara av värde exempelvis hos de patienter där kräkning är det huvudsakliga eller första symtomet.

Referenser

1. Hanhjem M, Lin T, Falkeborn I, Serrander I, Albert I, Nordgren and S. Sharma (2021). "Replication in Human Intestinal

1. Hageborn, M., J. Lin, T. Furukawa, L. Schander, J. Albert, J. Norberg and S. Sharma (2021). "Replication in Human Mesenteric Enteroids of Infectious Norovirus from Vomit Samples." Emerg Infect Dis **27**(8): 2212-2214.
2. Sala, M. R., S. Broner, A. Moreno, C. Arias, P. Godoy, S. Minguell, A. Martinez, N. Torner, R. Bartolome, M. de Simon, S. Guix, A. Dominguez and C. Working Group for the Study of Outbreaks of Acute Gastroenteritis in (2014). "Cases of acute gastroenteritis due to calicivirus in outbreaks: clinical differences by age and aetiological agent." Clin Microbiol Infect **20**(8): 793-798.
3. Wang, Y., L. Hao, L. Pan, C. Xue, Q. Liu, X. Zhao and W. Zhu (2018). "Age, primary symptoms, and genotype characteristics of norovirus outbreaks in Shanghai schools in 2017." Sci Rep **8**(1): 15238

Oral 2

Infektion

002 - Cefotaxim 1 eller 2 gram?

Infektion

Gunnar Jacobsson^{1, 2}, *Elin Jansson*³, *Oscar Lindholm*³

¹ CARE Center for Antibiotic Resistance Research, Inst. för Biomedicin, Sahlgrenska Akademien, Göteborgs Universitet.

² Infektionskliniken Skaraborgs Sjukhus.

³ Inst. för medicin, Sahlgrenska Akademien, Göteborgs Universitet.

Introduktion/Introduction

Vid sjukhuskrävande misstänkt infektion rekommenderas dosen 2 gram av antibiotikumet cefotaxim. Detta för att täcka in eventuell förekomst av *Staphylococcus aureus*. PK/PD-beräkningar (1) visar på tveksam effekt av tidigare vanlig dosering 1 gram. För *E.coli* är dock dosen 1 gram tillfyllest. Kliniska studier som stödjer dosen 2 gram finns inte.

Föreliggande pilotstudie har två frågeställningar:

1. Vilken är andelen bakteremi eller allvarlig infektion med *Staphylococcus aureus* när cefotaxim används empiriskt vid misstänkt allvarlig sjukhuskrävande infektion?
2. Påverkas prognosen vid bakteremi eller allvarlig infektion med *Staphylococcus aureus* av initial dos av cefotaxim?

Metod/Method

Projektet är en retrospektiv observationsstudie med journalläsning vid Skaraborgs Sjukhus VGR. Alla vårdtillfällen, vtf, mellan 20130101 - 20241231, 12 år, där cefotaxim används empiriskt som första dos inkluderas genom registersökning i journalsystemet Meliors elektroniska läkemedelsmodul. Vtf med empirisk kombinationsbehandling exkluderas. För vtf där utskrivningsdiagnoserna bakteremi med *Staphylococcus aureus*, A41.0, och/eller infektion med *Staphylococcus aureus*, B95.6, föreligger görs journalgranskning. Riskfaktorer, behandlingsvariabler och prognos för vtf med initial dos 1 respektive 2 gram granskas.

Resultat/Result

Totalt inkluderades 3185 vtf med cefotaxim som empiriskt val, 2269 vtf med 1 gr (71,2%), samt 916 vtf med 2 gr (28,8%). Medelåldern var 67,3 år för hela gruppen, 67,8 år för 1 gr och 66,1 år för 2 gr.

Efter 30 dagar hade 264 patienter avlidit, 8,3%. I 1 gr-kohorten avled 192, 8,5%, i 2 gr-kohorten 72, 7,9 %. Signifikansprövning med Chi-square, $p = 0,577$, visade ingen skillnad i dödlighet mellan grupperna.

Andelen bakteremi eller allvarlig infektion med *Staphylococcus aureus* av de 3185 vtf med empiriskt givet cefotaxim var 9,5% ($n=301$), 1 gr 7,3% ($n=231$), 2 gr 2,2% ($n=70$).

Medelåldern var 73,7 år för hela gruppen med *Staphylococcus aureus* infektioner.

Efter 30 dagar hade 30 patienter avlidit, 10,0%. I 1 gr-kohorten avled 24, 10,4%, i 2 gr-kohorten 6, 8,6%.

Signifikansprövning med Chi-Square, $p = 0,656$, visade ingen skillnad i dödlighet mellan grupperna. Medelåldern var 83,1 år för alla avlidna, för 1 gr 83,5 år och 81,5 år.

Konklusion/Conclusion

Det är ovanligt (<10%) med allvarliga *Staphylococcus aureus* infektioner vid sjukhuskrävande misstänkt infektion där cefotaxim används empiriskt.

Initial dos av cefotaxim, 1 eller 2 gram, påverkar inte prognosen avseende död inom 30 dagar.

Referenser

1. Cephalosporins_for_Staphylococcus_aureus_Infections_20250224.pdf/www.eucast.org.

004 - Alfastreptokockbakteriemi hos patienter med hjärtklaffprotes - är det alltid infektiös endokardit?

Infektion

Fanni Toivonen¹, *Torgny Sunnerhagen^{1, 2}, Johannes Lundin¹, Anna Bläckberg^{1, 3}, Sigurdur Ragnarsson^{4, 5}, Magnus Rasmussen^{1, 3}*

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

² Institutionen för translationell medicin, Avdelningen för klinisk mikrobiologi, Lunds universitet

³ Område infektionssjukdomar, Skånes universitetssjukhus, Lund

⁴ Institutionen för kliniska vetenskaper, Avdelningen för thoraxkirurgi, Lunds universitet

⁵ Område thoraxkirurgi, Skånes universitetssjukhus, Lund

Introduktion/Introduction

Alfastreptokocker tillhör de vanligaste patogenerna som orsakar infektiös endokardit (IE). Det är välkänt att patienter med hjärtklaffprotes har en ökad risk för IE och studier har visat att hjärtklaffprotes är en riskfaktor för IE hos patienter som har alfastreptokocker i blodet. Syftet med denna studie var att undersöka risken för IE hos patienter med hjärtklaffprotes och alfastreptokockbakteriemi samt att undersöka om återfallsfrekvensen av alfastreptokockbakteriemi påverkas av antibiotikabehandlingens längd.

Metod/Method

Vuxna patienter med hjärtklaffprotes och alfastreptokocker i blodet mellan 2015 och 2018 i Skåne identifierades genom laboratoriet Klinisk mikrobiologi i Lund och utgjorde studiepopulationen. Patientjournaler granskades enligt ett fördefinierat protokoll. Patienterna indelades i grupperna definitiv, möjlig och avskriven IE, baserat på European Society of Cardiology-kriterierna från 2015. Patienter med definitiv IE jämfördes med patienter med icke-definitiv IE avseende kliniska, mikrobiologiska och bildiagnostiska variabler. Vidare undersöktes frekvensen av återfall i dessa två grupper baserat på antibiotikabehandlingens duration.

Resultat/Result

Totalt 110 episoder av alfastreptokockbakteriemi hos 89 patienter med hjärtklaffprotes inkluderades. I 40 episoder hade patienten definitiv IE, i 69 möjlig IE och hos en patient avskrevs IE. Enbart 28 av de 70 patienter (40 %) med möjlig eller avskriven IE behandlades med antibiotika som om de hade IE. Det skedde sju återfall och sex av dessa skedde hos patienter med möjlig IE. Fyra av återfallen skedde hos patienter som erhöll antibiotika under kortare tid än 14 dagar. Tre patienter med möjlig IE diagnostiserades med definitiv IE i samband med återfallet. Det fanns få signifikanta skillnader mellan grupperna definitiv och icke-definitiv IE, men bakteriemi orsakad av subgruppen *Streptococcus anginosus* visade sig vara signifikant vanligare hos patienter med icke-definitiv IE (11 respektive 0 %, p-värde = 0.049).

Konklusion/Conclusion

Majoriteten av de patienter med alfastreptokockbakteriemi och hjärtklaffprotes som uppfyller kriterierna för möjlig IE erhöll inte långvarig antibiotikabehandling och några av dessa patienter fick återfall, tydande på inadekvat behandling. Patienter med hjärtklaffprotes och alfastreptokocker i blodet har en hög risk för IE där noggrann utredning är indicerad.

006 - Ökad cancerrisk efter svåra sjukhuskrävande infektioner: en nationell kohortstudie baserad på mönstringsregistret

Infektion

Charlotte Lybeck¹ , *Sara Cajander*¹ , *Ruzan Udumyan*² , *Scott Montgomery*^{2, 3, 4} , *Cecilia Bergh*^{2, 5}

¹ Infectious disease department, Faculty of Medicine and Health; Örebro University, Örebro, Sweden

² Clinical Epidemiology and Biostatistics, Faculty of Medicine and Health; Örebro University, Örebro, Sweden

³ Clinical Epidemiology Division, Department of Medicine Solna, Karolinska Institutet, Stockholm, Sweden

⁴ Department of Epidemiology and Public Health, University College London, UK.

⁵ School of Health Sciences, Örebro University, Örebro, Sweden

Introduktion/Introduction

Patienter med allvarliga infektioner, såsom sepsis och svår lunginflammation, löper ökad risk att utveckla efterföljande förändringar i immunsvaret. Vi har genomfört en befolkningsbaserad registerstudie för att undersöka om patienter som sjukhusvårdats för en allvarlig infektion har förhöjd risk för att utveckla malign cancer och få en cancerdiagnos.

Metod/Method

Från det svenska mönstringsregistret identifierades 243 546 män, födda mellan 1952 och 1956, och följdes från mönstring fram till 2010 (i åldrarna 18–58 år). Sepsis och allvarlig pneumoni som lett till sjukhusinläggning identifierades genom nationella Patientregistret och cancerdiagnoser identifierades via svenska Cancerregistret och Patientregistret.

Resultat/Result

Sepsis eller svår lunginflammation i vuxen ålder är associerat med en ökad risk för cancer under de efterföljande åren. Risken var som högst under det första året efter infektionen, med justerade hazardkvoter och 95 % konfidensintervall för all cancer på 4,36 (3,42–5,55). En ökad risk kvarstod även efter mer än ett år, med en hazardkvot på 1,36 (1,21–1,54) för all cancer.

Konklusion/Conclusion

Den ökade risken för cancer efter sepsis eller svår lunginflammation kvarstod även efter det första året, vilket tyder på en långvarig period av sårbarhet med fortsatt förhöjd cancerrisk. Den särskilt förhöjda cancerrisken under det första året efter infektion kan delvis bero på detektionsbias och/eller en ökad risk för sepsis hos patienter med odiagnosticerad cancer. Trots detta är sambandet kliniskt relevant och betonar vikten av medvetenhet om risk samt noggrann uppföljning av dessa patienter.

Preliminära subgruppsanalyser visar att den långsiktiga cancerrisken var särskilt förhöjd för vissa cancerformer, framför allt lymfatisk cancer samt cancer i andningsorganen. Ytterligare dataanalyser förväntas vara färdiga i april 2025.

008 - Variation i svarstider och tillgång till mikrobiologiska analyser - en kartläggning av 65 sjukhus

Infektion

Sara Mörtberg¹, *Linnéa Miklaucich*², *Tobias Allander*³, *Emeli Månsson*⁴, *Åsa Gylfe*⁵

¹ Infektionskliniken, Östersunds sjukhus. NPO infektionssjukdomar Norra Regionen

² Processledare NPO infektionssjukdomar

³ Klinisk mikrobiologi Karolinska Universitetslaboratoriet

⁴ Infektionskliniken Västerås sjukhus. Ordförande NPO infektionssjukdomar

⁵ Klinisk mikrobiologi, Umeå Universitet och Norrlands Universitetssjukhus. NPO medicinsk diagnostik Norra Regionen

Introduktion/Introduction

Vikten av korrekt och snabb mikrobiologisk diagnostik betonas i vårdprogram för livshotande tillstånd, vid vård av smittsamma sjukdomar och i STRAMAs 10-punktsprogram. Vårdtider påverkas också av fördröjda svar. Det finns inga sammanställningar av tillgång till mikrobiologiska analyser och ledtider på sjukhus i Sverige och svarstider mäts inte i laboratoriernas kvalitetskontroller. NPO infektionssjukdomar och NPO medicinsk diagnostik har därför påbörjat en kartläggning. Målet med enkätstudien är att undersöka svarstider för mikrobiologiska analyser vid akutsjukhus i Sverige.

Metod/Method

En enkät med 64 frågor rörande svarstider, transportlogistik och förekomst av utvalda analyser besvarades i april 2024 av 65 akutsjukhus i Sverige. Frågorna inkluderade uppskattade kortaste och längsta svarstiden under vanliga veckor. Studien är en kartläggning och kräver inte etiskt tillstånd.

Resultat/Result

Utlokaliserade blododlingsskåp saknades på 17 av 39 länsdelssjukhus. Den kortaste och längsta uppskattade tiden till inkubation av blododlingar var 0,5 respektive 7,2 timmar när utlokaliserade blododlingsskåp fanns och 3 respektive 25 timmar när utlokaliserade skåp saknades. Antalet sjukhus som fick urinodlingssvar 7 dagar/vecka var 15 st, 6d/v 11 st, och 5d/v 28 st. Direktresistens på urinodlingar fanns inte tillgängligt på 18 sjukhus. Snabbtest för malaria var inte tillgängligt dygnet runt på 19/39 länsdelssjukhus.

Konklusion/Conclusion

Kartläggningen visar på stora skillnader i svarstider i Sverige där längre svarstider med stor sannolikhet påverkar vårdkvaliteten. Logistik och svarsrutiner för blododlingar och urinodlingar har betydelse för användningen av bredspektrumantibiotika och vårdtid. För malaria saknas tillgång till snabb diagnostik på omkring hälften av mindre sjukhus. Asyl- och kvotflyktingar placeras i många fall på mindre orter varför detta kan utgöra en patientfara.

En felkälla är att kartläggningen mäter uppskattad tid och inte faktisk tid för riktiga prover. Den tar heller inte hänsyn till storhelger.

Kartläggningen visar på ett behov av att skapa en mer jämlik vård vid diagnostik av infektionssjukdomar. Det kan minska risken för vårdrelaterade infektioner, minska överanvändning av bredspektrumantibiotika, förkorta vårdtider och leda till förbättrade behandlingsresultat. Som ett nästa steg planeras en hälsoekonomisk analys av olika åtgärder som kan korta svarstiderna.

Mikrobiologi

001 - A hospital-wide outbreak of ESBL-producing *Klebsiella oxytoca* associated with contaminated sinks and associated plumbing: outbreak report, risk factor analysis and plasmid mapping

Mikrobiologi

Jon Edman Wallér^{1, 2, 3}, *Jenny Andersson*³, *Maria Nelson*³, *Linda Hallberg*³, *Lisa Berglund*⁴, *Henrik Mellström Dahlgren*⁵, *Vilhelm Müller*⁶, *Oskar Lindsjö*⁶, *Joacim Stalfors*^{7, 8}

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

² 2.Centre for Antibiotic Resistance Research (CARE), University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

³ 3.Department of Infection Prevention and Control, Södra Älvsborg Hospital, Borås, Sweden

⁴ 4.Department of Clinical Microbiology, Sahlgrenska University Hospital, Göteborg, Sweden

⁵ 5.Department of Communicable Disease Control, Region Västra Götaland, Sweden

⁶ 6.Department of Microbiology, Public Health Agency of Sweden, Solna, Sweden

⁷ 7.Hospital Management, Södra Älvsborg Hospital, Borås, Sweden

⁸ 8.Department of Otorhinolaryngology, Head and Neck Surgery, Institute of Clinical Sciences, Sahlgrenska Academy, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

Introduktion/Introduction

Hospital outbreaks of gram negative bacteria with varying degrees of antibiotic resistance, where biofilm in sink outlets acts as an environmental reservoir, have become increasingly noticed in recent years. We describe a sink-related outbreak of *Klebsiella oxytoca* and determine risk factors for acquiring the outbreak strain.

Metod/Method

Case-control analysis, environmental sampling from sinks, short-read whole genome sequencing and long-read whole genome sequencing of selected isolates.

Resultat/Result

Whole genome sequencing revealed genetic clustering of 47 patient cases over 26 months. The outbreak strain (*Klebsiella oxytoca*, sequence type 2, with or without blaCTX-M containing plasmid) was also identified in sinks or adjacent plumbing in four rooms in two wards. After adjustment for age, sex, and length of stay, four significant risk factors for infection or colonization of the outbreak strain were found: age (OR per additional year: 1.03 (95% CI: 1.00–1.07); length of stay (OR per additional day: 1.04 (95% CI: 1.02–1.08); urinary catheter (OR: 7.65 (95% CI: 2.10–27.8; OR per additional day: 1.06 (95% CI: 1.01–1.12); and diarrhoea (OR: 3.10 (1.03–9.35). Long-read plasmid sequencing revealed strong indications of plasmid transmission from the outbreak strain to other sequence types of *Klebsiella oxytoca*. Multifaceted interventions were employed, including exchange of sinks strainers, traps, and piping, behavioural interventions, and reinforced cleaning and disinfection. Outbreak control has so far not been achieved despite interventions.

Konklusion/Conclusion

Klebsiella oxytoca established in sink plumbing biofilm caused a prolonged outbreak difficult to control. Age, length of stay, urinary catheter and diarrhoea were risk factors for acquiring the outbreak strain. Both clonal and horizontal transmission occurred.

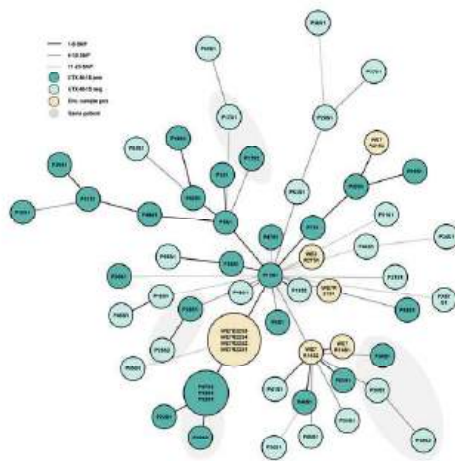


Figure 1.

Minimum-spanning tree showing the genetic relationship between isolates in the outbreak. Isolate names indicate patient (P) and sample (S) number. Environmental isolates (brown) indicate ward (W) name and room (R) number.

Isolates are coloured by presence (dark green and brown) or absence (light green) of *bla*CTX-M-15 gene.

Genetic distance by single nucleotide polymorphisms (SNPs) is shown by lines connecting isolates, where black lines correspond to <6 SNPs, dark grey to 6-10 SNPs and light grey to 11-25 SNPs.

Isolates within the same circle are identical based on the genetic comparison.

Light grey background indicates isolates collected from the same patient.

All isolates shown in the figure are part of the outbreak.

003 - Probing Fosfomycin's Potential: A Study on Susceptibility Testing and Resistance in *Staphylococcus epidermidis* from Prosthetic Joint Infections

Mikrobiologi

Rebecka Widerström¹, *Mia Aarris*², *Susanne Jacobsson*³, *Marc Marc Stegger*^{2, 4, 5}, *Bo Söderquist*^{3, 4}, *Emeli Månsson*⁶

¹ Department of Laboratory Medicine, Region Västmanland, Västerås, Sweden

² Department of Bioinformatics, Statens Serum Institut, Copenhagen, Denmark

³ Department of Laboratory Medicine, Faculty of Medicine and Health, Örebro University, Örebro, Sweden

⁴ School of Medical Sciences, Faculty of Medicine and Health, Örebro University, Örebro, Sweden

⁵ Antimicrobial Resistance and Infectious Diseases Laboratory, Harry Butler Institute, Murdoch University, Perth, Australia

⁶ Region Västmanland – Uppsala University, Centre for Clinical Research, Västmanland Hospital Västerås, Sweden

Introduktion/Introduction

Background: Prosthetic joint infections (PJIs) caused by multidrug-resistant *S. epidermidis* (MDRSE) is a challenging problem. There is increased interest in fosfomycin as a treatment option, but data on phenotypic and genotypic susceptibility in *S. epidermidis* including MDRSE is scarce.

Aim: To investigate phenotypical and genotypical susceptibility to fosfomycin in *S. epidermidis* isolates prospectively collected from PJIs in Sweden.

Metod/Method

Method: MIC determination was performed using in-house agar dilution (AD) and a commercial AD panel. Genes and gene variants associated with fosfomycin resistance were analysed.

Resultat/Result

Results: In total 89 *S. epidermidis* isolates were included of which 75 (84%) were MDRSE. Fosfomycin inhibited all isolates except one, which had a MIC >256mg/L. The commercial AD panel demonstrated good overall performance, but tended to overestimate the MIC, resulting in 84% essential agreement (EA) with the gold standard. Genomic analysis with publicly available tools for whole-genome sequencing (WGS) data suggested genotypic fosfomycin resistance in all isolates, but in-depth analysis revealed that *fosB*, associated with fosfomycin resistance, was only present in the phenotypically resistant isolate. No other genes or gene variants associated with fosfomycin resistance were detected.

Konklusion/Conclusion

Conclusions: Phenotypic resistance to fosfomycin and presence of *fosB* were found to be rare in this collection, indicating fosfomycin's potential as treatment option for *S. epidermidis*. The commercial AD panel demonstrated high reproducibility but EA with the reference method was less than optimal. Findings of genotypic fosfomycin resistance using common tools for WGS data should be critically evaluated and appropriately verified with relevant *fosB* references for *S. epidermidis*.

Referenser

Funding: This work was supported by Nyckelfonden at Örebro University Hospital (grant number OLL-502241) and Region Västmanland.

005 - IL-12 is a key responsive element to corticosteroid treatment in COVID-19

Mikrobiologi

Benedikt Strunz^{1, 2}, Jules Russick¹, Antonio Lentin³, Dan Sun¹, Martin Cornillet¹, Daniel Geanon¹, Anna Nordlander⁴, Piotr Nowak^{5, 6}, Jan Vesterbacka^{5, 6}, Jonna Bister¹, Åsa Parke^{5, 6}, Puran Chen¹, Egle Kvedaraite¹, Karolinska KI/K COVID-19 Study group¹, Hans-Gustaf Ljunggren¹, Fridtjof Lund-Johansen⁷, Soo Aleman^{5, 6}, Björn Reinius³, Kristoffer Strålin^{5, 6}, Niklas Björkström¹

¹ Center for Infectious Medicine, Department of Medicine Huddinge, Karolinska Institutet

² Klinisk Mikrobiologi, Karolinska Universitetssjukhus

³ Department of Medical Biochemistry and Biophysics, Karolinska Institute

⁴ Department of Cellular Therapy and Allogeneic Stem Cell Transplantation (CAST), Karolinska University Hospital

⁵ Department of Infectious Diseases, Karolinska University

⁶ Department of Medicine Huddinge, Infectious Diseases, Karolinska Institutet

⁷ Department of Immunology, Oslo University Hospital, Oslo, Norway

Introduktion/Introduction

Treatment with corticosteroids is standard of care for patients with severe COVID-19 (1). Yet, little is known about the effects of corticosteroid treatment on the immune responses during the acute viral infection.

Metod/Method

Here, we took use of COVID-19 patient samples collected before steroid treatment was implemented as standard of care and applied propensity score matching to assess the impact of corticosteroids on the antiviral immune response. The matched cohorts were stratified for steroid treatment and the soluble proteome analysed with the Olink Explore platform comprising 1436 proteins. Furthermore, we combined single-cell RNA sequencing of *in vitro* stimulated cells with publicly available data from patients with severe COVID-19 to assess the underlying mechanisms.

Resultat/Result

The key cytokine reduced by steroid treatment was IL-12 which correlated to the total dose of steroids administered before sampling. We show that IL-12 signaling is enhanced in patients with severe COVID-19 and that corticosteroids predominantly target this pathway via myeloid cells. Moreover, we show that the corticosteroid-receptor is strongly upregulated in myeloid cells during infection, suggesting this as mechanism to the specific regulation of IL-12 by steroid treatment. Downstream, NK cell function is altered by the loss of this cytokine.

Konklusion/Conclusion

Collectively, we show that corticosteroids have a surprisingly narrow effect on the inflammatory immune mediators during acute infection with SARS-CoV-2 affecting predominantly innate immune cells.

Referenser

(1) R. C. Group, P. Horby, W. S. Lim, J. R. Emberson, M. Mafham, J. L. Bell, L. Linsell, N. Staplin, C. Brightling, A. Ustianowski, E. Elmahi, B. Prudon, C. Green, T. Felton, D. Chadwick, K. Rege, C. Fegan, L. C. Chappell, S. N. Faust, T. Jaki, K. Jeffery, A. Montgomery, K. Rowan, E. Juszczak, J. K. Baillie, R. Haynes, M. J. Landray, Dexamethasone in Hospitalized Patients with Covid-19. *The New England Journal of medicine* **384**, 693–704 (2021).

007 - Pneumocystispneumoni eller kolonisation? Kvantitativ PCR är ett värdefullt verktyg för att stärka diagnostiken

Mikrobiologi

Sara Cederwall¹, Erik Ottander², David Björkhem², Karl Oldberg³

¹ Institutionen för kliniska vetenskaper Lund, avdelning infektionsmedicin, Lunds universitet samt infektionskliniken SUS Lund

² Institutionen för kliniska vetenskaper Lund, avdelning infektionsmedicin, Lunds universitet

³ Institutionen för kliniska vetenskaper Lund, avdelning infektionsmedicin, Lunds universitet samt Klinisk mikrobiologi, medicinsk service Region Skåne, Lund

Introduktion/Introduction

Pneumocystis jirovecii pneumoni (PCP) är en allvarlig opportunistisk infektion som drabbar immunsupprimerade patienter. Incidensen av PCP har minskat bland HIV patienter men ökar i andra grupper såsom vid hematologiska maligniteter, solida tumörsjukdomar och vid autoimmuna sjukdomar (1-3).

Diagnostiken av PCP baseras på respiratoriska symptom, radiologiska fynd förenliga med PCP, immunsupprimerande behandling/sjukdom samt mikrobiologiskt fynd av PCP i ett luftvägsprov (4).

Quantitative polymerase chain reaction (qPCR) används för att detektera *P.jirovecii* DNA i luftvägsprover. Det är dock en utmaning att ställa diagnosen PCP då kolonisation av *P.jirovecii* i luftvägarna är vanligt förekommande. Symptombilden hos patienten kan då stämma med andra diagnoser som immunterapi orsakad pneumonit (5, 6).

Syftet med vår studie är att med hjälp av qPCR finna ett Quantification Cycle (Cq) värde som kan hjälpa klinikern att skilja mellan PCP och kolonisation hos immunsupprimerade patienter.

Metod/Method

Patienter >18 år med positivt luftvägsprov för *P. jirovecii* med qPCR från 2017–2023 inkluderades retrospektivt i studien. Patienterna klassificerades som PCP eller kolonisation efter genomgång av medicinska journaler och Cq-värden jämfördes mellan grupperna. Receiver-operating characteristics (ROC) kurvor användes för att identifiera Cq-värden som kunde särskilja mellan PCP och kolonisation med hög sensitivitet och specificitet i bronkoalveolärt lavage (BAL), sputum och munsköljvätska.

Resultat/Result

520 patienter inkluderades, 247 patienter (47.5%) klassades som PCP och 273 som koloniserade. Cq median värdet var signifikant lägre i gruppen med PCP i jämförelse med kolonisation både för BAL (33.0 vs 36.6, $p < 0.001$) och sputum (33.4 vs 36.0, $p < 0.0001$), vilket gav en ROC area under kurvan på 0,75 respektive 0,73. Cq-värden för munsköljvätska skiljde sig inte åt mellan PCP och kolonisation. Med en cut off på Cq 33.9 för BAL och 34 för sputum kunde PCP predikteras med ett PPV på 73%.

Konklusion/Conclusion

Genom att använda oss av qPCR med Cq-värden kan vi lättare skilja mellan PCP och kolonisation. Detta kommer att hjälpa klinikerna i deras hantering av patienter med PCP, så att rätt behandling sätts in i tid.

Referenser

1. Veintimilla C, Alvarez-Uria A, Martin-Rabadan P, Valerio M, Machado M, Padilla B, et al. Pneumocystis jirovecii Pneumonia Diagnostic Approach: Real-Life Experience in a Tertiary Centre. J Fungi (Basel). 2023;9(4).
2. Bateman M, Oladele R, Kolls JK. Diagnosing Pneumocystis jirovecii pneumonia: A review of current methods and novel approaches. Med Mycol. 2020;58(8):1015-28.
3. Gronseth S, Rogne T, Hannula R, Asvold BO, Afset JE, Damas JK. Semiquantitative Real-Time PCR to Distinguish Pneumocystis Pneumonia from Colonization in a Heterogeneous Population of HIV-Negative Immunocompromised Patients. Microbiol Spectr. 2021;9(1):e0002621.
4. Lagrou K, Chen S, Masur H, Viscoli C, Decker CF, Pagano L, et al. Pneumocystis jirovecii Disease: Basis for the Revised EORTC/MSGERC Invasive Fungal Disease Definitions in Individuals Without Human Immunodeficiency Virus. Clin Infect Dis. 2021;72(Suppl 2):S114-S20.
5. Alanio A, Desoubeaux G, Sarfati C, Hamane S, Bergeron A, Azoulay E, et al. Real-time PCR assay-based strategy for differentiation between active Pneumocystis jirovecii pneumonia and colonization in immunocompromised patients. Clin Microbiol Infect. 2011;17(10):1531-7.
6. Medrano FJ, Montes-Cano M, Conde M, de la Horra C, Respalda N, Gasch A, et al. Pneumocystis jirovecii in general

population. *Emerg Infect Dis.* 2005;11(2):245-50.



Folkhälsomyndigheten

SLIM – svenskt laboratorienätverk inom mikrobiologi

Emmi Andersson¹, Chammiran Daniel¹, Tobias Allander², Susann Skovbjerg³, Sara Karlsson Söbirk⁴, Gunnar Kahlmeter⁵, Ulrika Lidén⁶, Annika Osterman⁷, Kenneth Nilsson⁸, Lena Serrander⁹, Martin Sundqvist¹⁰, Sara Byfors¹

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

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

SLIM ägs och finansieras gemensamt av Folkhälsomyndigheten och regionerna. Folkhälsomyndigheten förvaltar nätverket och utser ordförande för styrgruppen. Styrgruppen består av ledamöter från samtliga KML vid universitetskliniker i Sverige samt två ledamöter från icke-universitetsskopplade laboratorier från södra respektive norra delen av Sverige. Styrgruppen utnämner NRL och ansvarar för fortlöpande beslut och översyn av nätverket för att det ska fylla sitt syfte. NRL kan utöver årligt basanslag söka extraanslag för laborativa aktiviteter som adresserar uppkomna problem för hälso- och sjukvården eller för angelägna utbildningsinsatser.

Från 2025 har en ny avtalsperiod påbörjats och efter en utvärdering som SLIMs styrgrupp gjort tillsammans med NRL och KML, utlystes och tillsattes 29 NRL områden för perioden 2025-2029. Efter utvärderingen har en viss omstrukturering av NRL-områdena gjorts - ett nytt NRL för specialtekniker inom virologi inrättades och flera tidigare separata NRL samordnades.

I posterutställningen finns presentationer om SLIMs verksamhet och postrar från följande NRL samlade:

NRL Gastroenteritvirus

NRL TBE-virus

NRL Neisseria meningitidis

NRL Bakteriell artbestämning

NRL Parasiter

NRL Svampar

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

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

