

Utbrudd med ESBL_A-produserende *Klebsiella pneumoniae* ved kirurgisk sengepost

Ragnhild Raastad
Oslo universitetssykehus

Bakgrunn

- Funn av *Klebsiella pneumoniae* ESBL_A hos 5 pasienter med tilknytning til transplantasjonskirurgisk avdeling (ATXS3) i perioden 22.07-21.08.19
- Uvanlig høyt antall: 2 *K. pneumoniae* ESBL_A i 1. halvår 2019
-> mistanke om utbrudd 22.08.19
- Meldt i Vesuv 28.08.19
- WGS 30.08:
4/5 tilfeller ST307 ESBL_A (CTX-M-15) med stor innbyrdes likhet



K. pneumoniae

- Tilhører normalflora hos mennesker
- Vanlig årsak til helsetjenesteassosierte infeksjoner
- Økende forekomst av ESBL-produserende stammer globalt og nasjonalt



ST307

- «Emerging clone»
- Globalt utbredt høyrisiko-klon spesielt assosiert med spredning av ESBL_A (CTX-M-15)
- Den dominerende klonen blant ESBL_A-produserende *K. pneumoniae* i Norge
- Også funnet å bære ulike karbapenemaser og kolistinresistens (utbrudd Tyskland høsten 2019)
- Økt overlevelsessevne i miljøet



Helsetjenesteassosierte utbrudd i Norge

- **Stavanger sykehus 2008-2009 (4 mnd)**
Nyfødt intensiv, ST17, ESBL-produserende, 58 tilfeller, kontaminert brystmelk
- **Sørlandet sykehus 2007-2010**
Kir/med intensiv avd, ST258, karbapenemaseprod, 7 tilfeller, miljø trolig smittekilde (vasker)
- **AHUS 2013 (4 mnd)**
Kir/med intensiv avd, ST1679, ESBL-prod, 5 tilfeller, fiberoptisk intubasjonsendoskop trolig smittekilde

Bilde: Lin T. Brandal, FHI

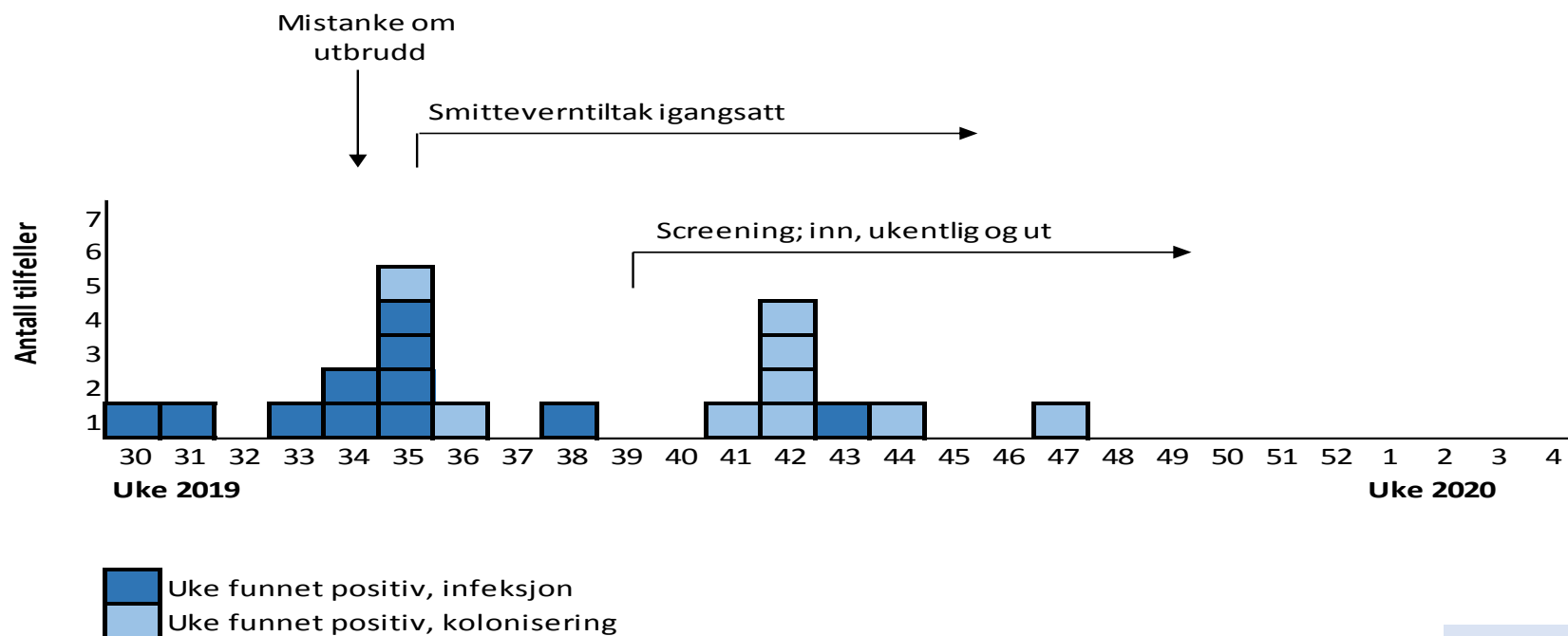


Transplantasjonskirurgisk avdeling (ATXS3)

- Nasjonalt behandlingsansvar for transplantasjon av nyre, lever og pancreas
- 27 senger inkl. intermedierrom (4 senger)
- 14 rom (4 enerom, 2 firemannsrom, 8 tomannsrom)
- Aldri korridorpasienter
- Stabilt personale



Epi-kurve pr. 31.12.19



Bilde: Lin T. Brandal, FHI

Infeksjon

Infeksjon hos 11/20 (55%) av tilfellene

Materiale (manifestasjon)	Antall
Fæces (kolonisering)	9
Urin (urinveisinfeksjon)	10
Blodkultur (bakteriemi)	2*
Abscess (abscess/sårinfeksjon)	1
Total	20

*Begge de med bakteriemi hadde også urinveisinfeksjon.

Bilde: Lin T. Brandal, FHI



Smitteverntiltak

- Kontaktsmittetiltak for alle pasienter utenfor ATXS3 (overflytning, røntgen, operasjon....)
- Økt renholdsfrekvens bad/WC
- Desinfeksjon av alle kontaktpunkter x 3/døgn
- Ingen bruk av hotell (pasientene flyttet til eksternt hotell)
- Ingen bruk av treningsrom
- Nedvask kjøkken, etter hvert stengning og gjennomgang av alle rutiner
- Kun senger vasket i sengevaskmaskin
- Redusert inntak



Jakt på smittekilde(r)



- Screening inn og ut
- Tverrscreening x 1/uke
- Screening av nabopost som deler operasjonsstuer og –personell
- Registrering og vurdering av epidemiologiske data
- Miljøprøver



Standard forløp

- Nyretransplantasjon
 - Kirurgisk (ATXS3) – Operasjon – Oppvåkning på intermedierstue på kirurgisk (ATXS3) – Medisinsk (ATXS1)/Hjem/Pasienthotell med poliklinikk
- Levertransplantasjon
 - Kirurgisk (ATXS3) – Operasjon – Intensiv – Kirurgisk (ATXS3) – Medisinsk (ATXS1) – Hjem/Pasienthotell med poliklinikk



Hvor ble positiv prøve detektert?

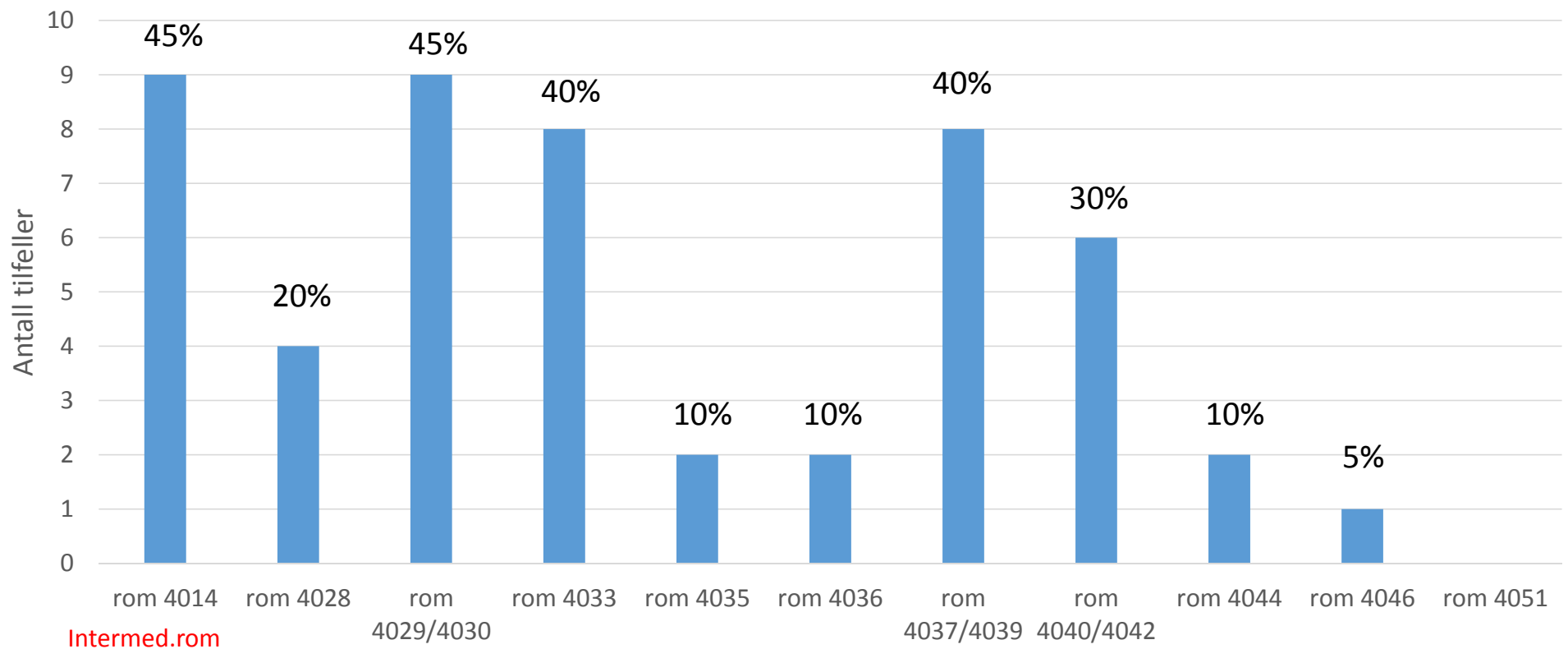
ATXS3	ATXS1	Utskrevet
65% (13/20)	25% (5/20)	10% (2/20)

Alle tilfellene hadde vært på ATXS3 før positiv prøve ble detektert

Bilde: Lin T. Brandal, FHI



ATXS3 rom med felles bad



Miljøprøver

11.09.19	Servanter (perlator, vannlås) og dusjhoder på utvalgte bad
15.10.19	Bekkenspyler, vaskedekontaminator
17.10.19	Vanndispenser kjøkken
27.10.19	Servanter/vasker (avløp) og dobørster (63 prøver)
29.10.19	Rengjøringsutstyr for termometre
30.10.19	Servanter (perlator, avløp) og håndvask personaltoalett og buffetkjøkken



Funn og tiltak

1. Utbruddsstammen påvises
 - Avløp fra servant på personaltoalett
 - Avløp fra håndvask på buffetkjøkken
2. Desinfeksjon av vasker/avløp med Perasafe
3. Screening av ansatte



Løste dette problemet?

04.11.19: *K. pneumoniae* ESBL_A

23.11.19: *K. pneumoniae* ESBL_A

25.11.19: *K. pneumoniae* ESBL_A

25.11.19: *K. pneumoniae* ESBL_A

28.11.19: Ber FHI om bistand til epidemiologiske studier



Avdelingen flyttes

- 12.12.19 Avdelingen flyttes til ATXS1 (transplantasjonsmedisin)
- 16.12.19 Miljøprøver fra alle toaletter
Perasafe i alle servanter
Klorin i alle toaletter
- 17.12.19 Miljøprøver fra dusjer på bad med servanter uten vannlås
Oppstart H2O2-desinfeksjon



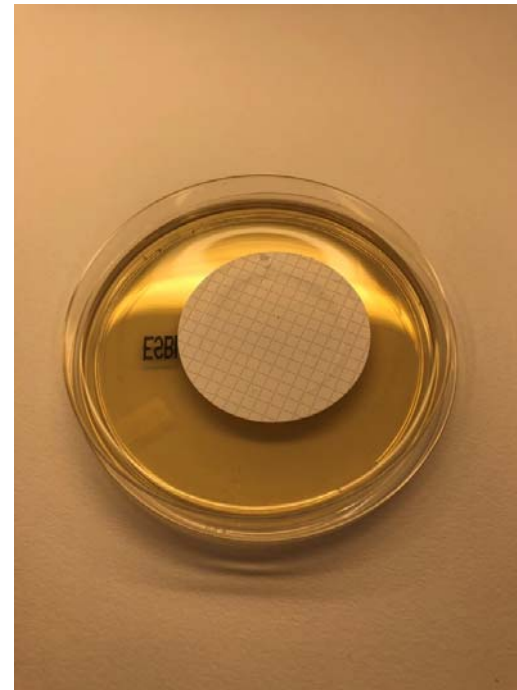
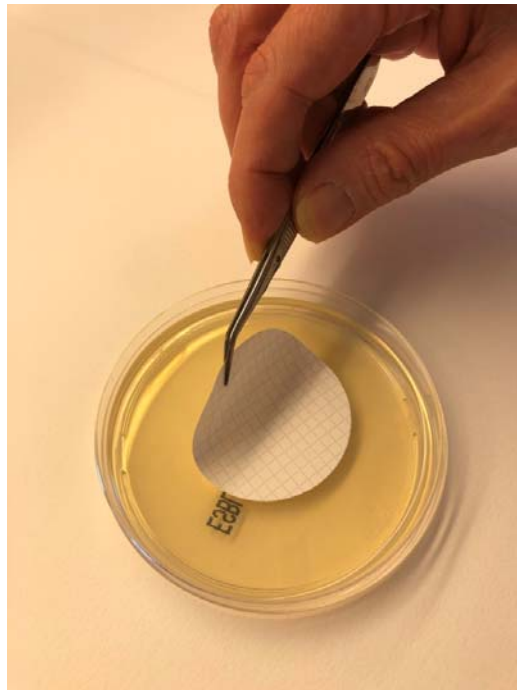
Miljøprøver fra toaletter – hvordan?

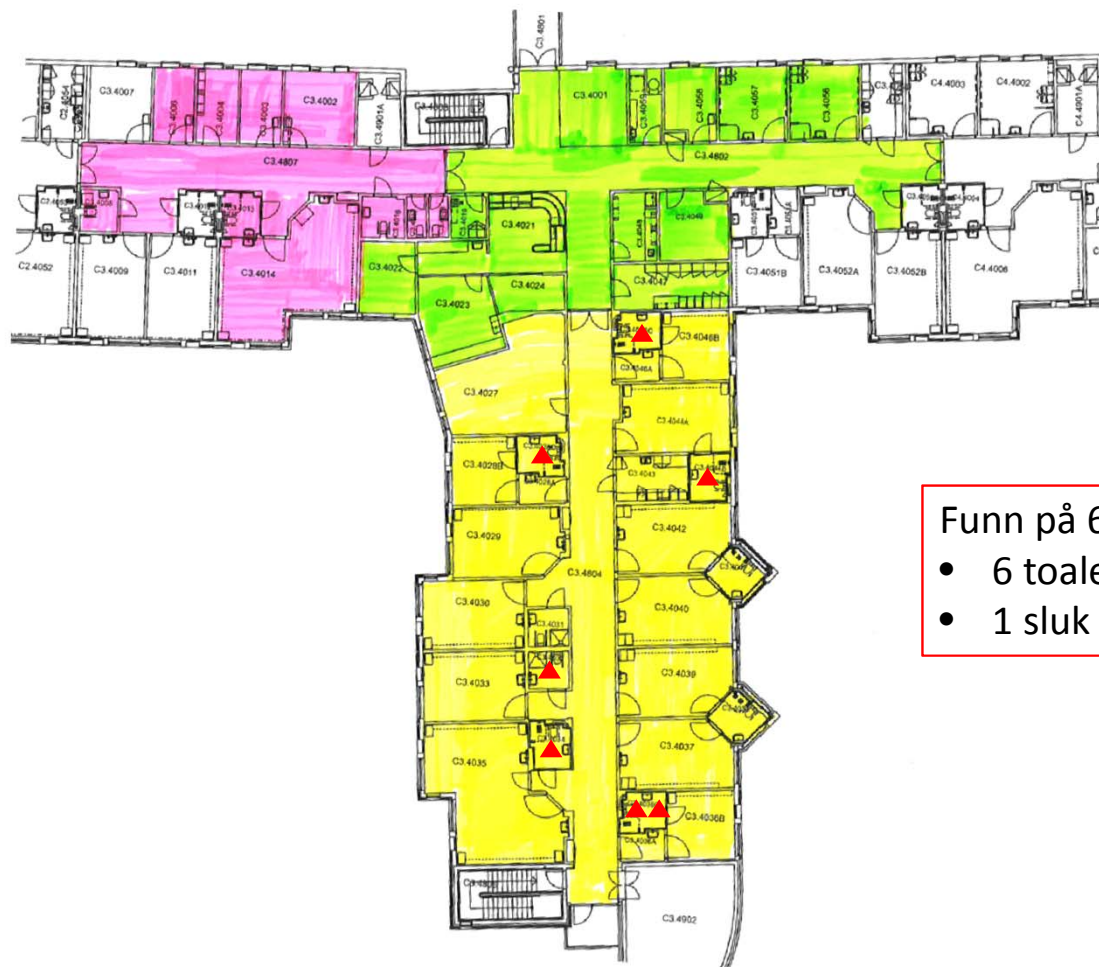


Filtrering



Dyrkning

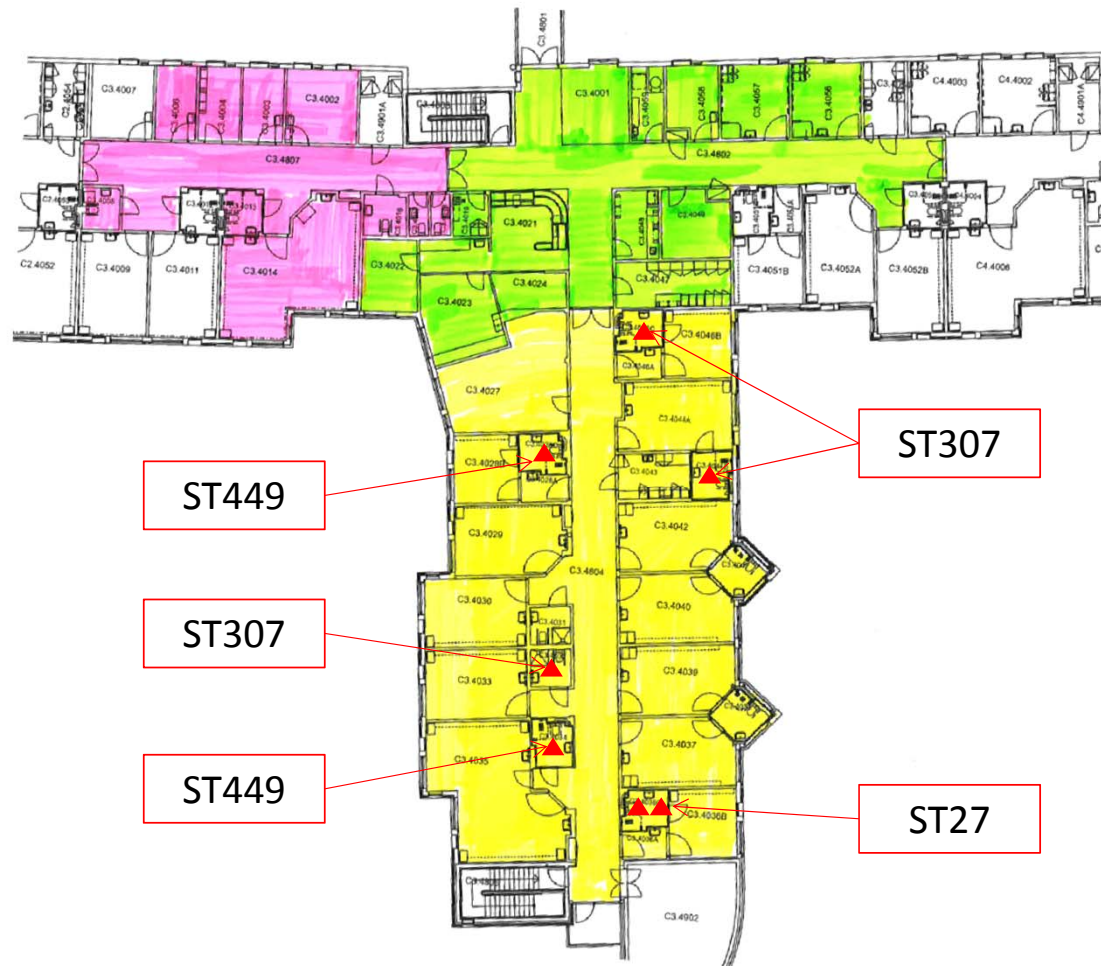


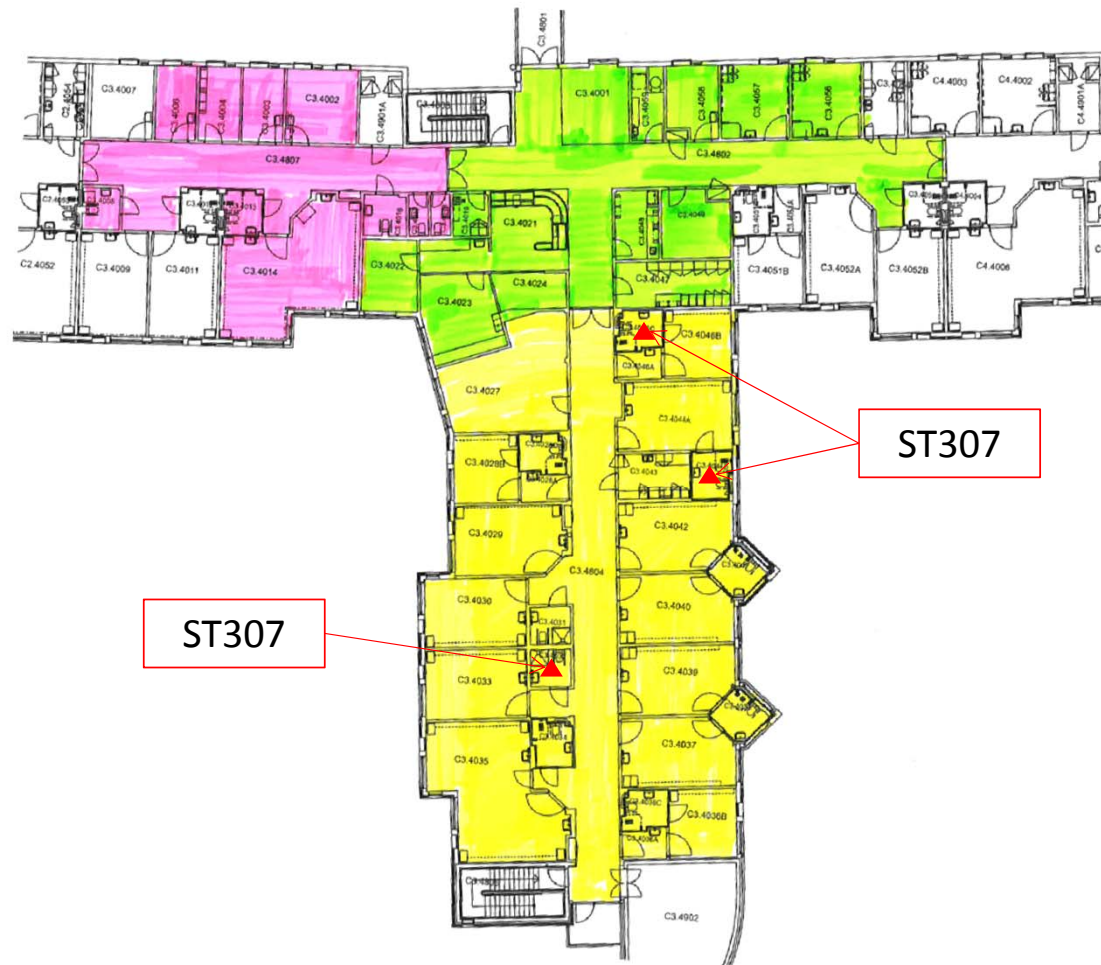


Funn på 6 bad

- 6 toaletter
- 1 sluk i dusj







Hadde vi kontroll tidligere enn vi trodde?

04.11.19: *K. pneumoniae* ESBL_A

ST449

23.11.19: *K. pneumoniae* ESBL_A

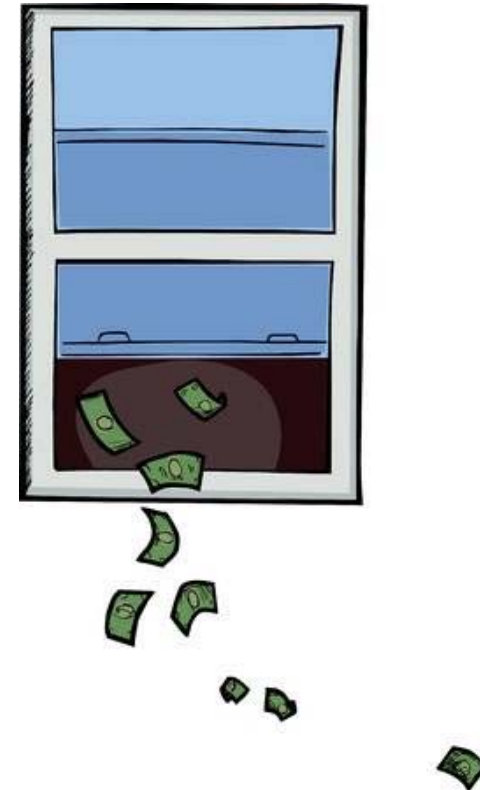
ST307

25.11.19: *K. pneumoniae* ESBL_A

ST340

25.11.19: *K. pneumoniae* ESBL_A

ST1412





Av og med Egil Lingaas

Hvordan har det gått etterpå?

- Miljøprøver fra toalettene etter avsluttet desinfeksjon
- Påny funn av *K. pneumoniae* ESBL_A i flere toaletter
 - Toaletter hvor det har vært påvist tidligere
 - Toaletter hvor det ikke har vært påvist tidligere
 - Toaletter under pågående desinfeksjon
- To nye funn hos pasienter som har vært innlagt i utbruddsperioden
- To nye funn hos pasienter som har vært innlagt i januar 2019
- Venter på WGS

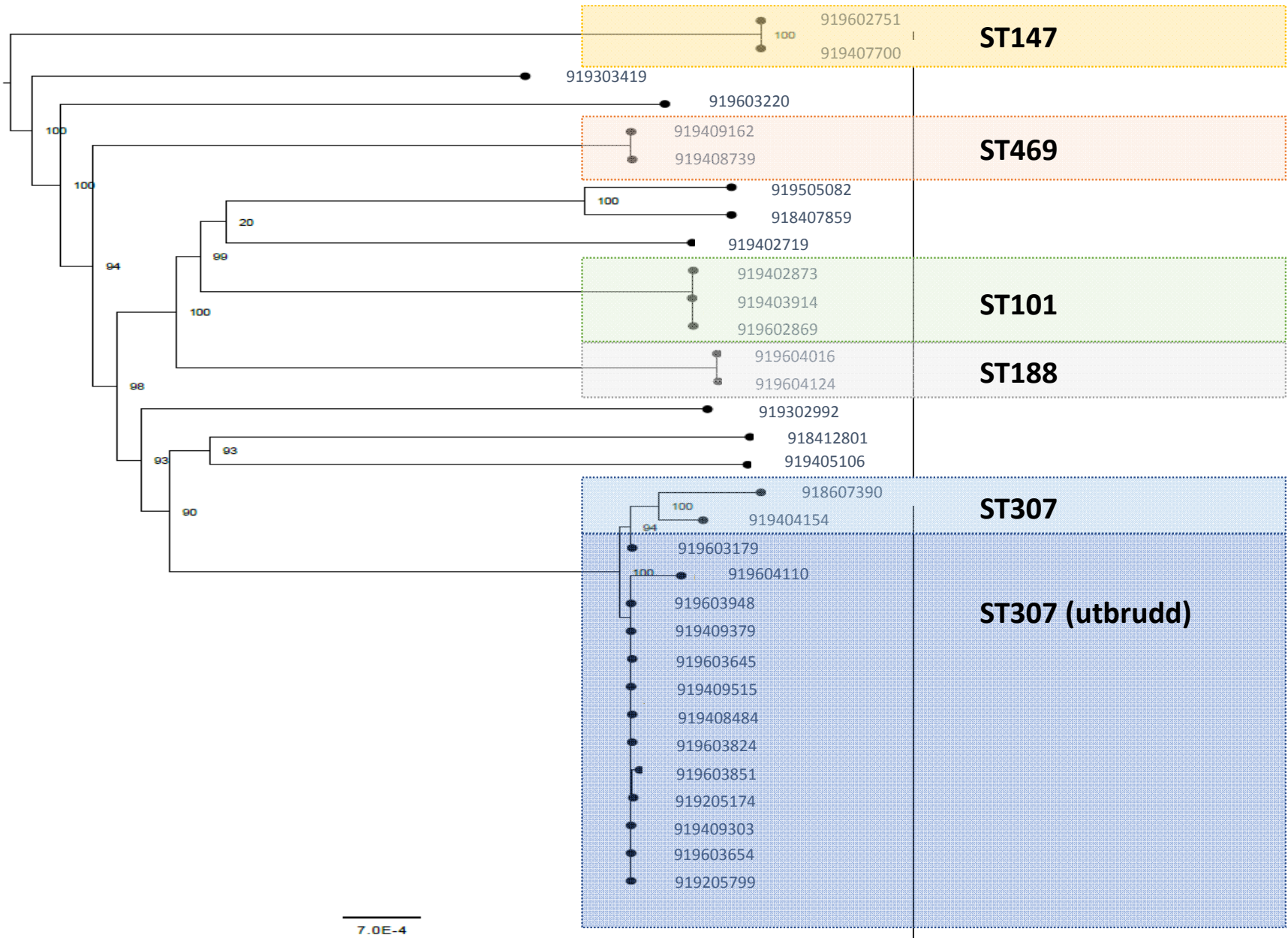


Karakteristikk for ST307 utbruddsstamme

MLST	307
wzi-type	173
K-locus	KL102
O-locus	O2v2
Yersiniabactin	ingen
Bla	OXA-1; SHV-28; TEM-1d; CTXM-15
FQ	GyrA-83I; ParC-S80I; QnrB1?
Agly	Aac3-IIa; StrA; StrB
Sul	Sul II
Tet	TetA
Tmt	DfrA14

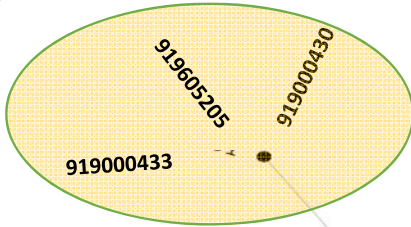
- > 100 helgenomanalyser knyttet til utbruddet
- Har analysert helgenomdata gjennom Kleborate-pipeline.
- <8 SNP forskjeller innad i ST307 (K-mer basert algoritme)
- Ingen større forandringer i genomet (rekombinasjon)
- Ikke utført plasmidkarakteriseringer





Samme pasient

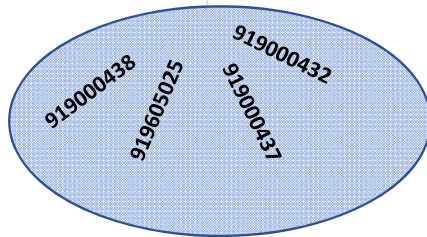
ST449



ST27



ST307



	919000433	919000434	919000437	919000438	919000443	919605025	919605205	919000430	919000432
919000433	0	29140	28766	28768	29142	28766	0	0	28766
919000434	29140	0	28645	28647	2	28645	29140	29140	28645
919000437	28766	28645	0	2	28647	0	28766	28766	0
919000438	28768	28647	2	0	28649	2	28768	28768	2
919000443	29142	2	28647	28649	0	28647	29142	29142	28647
919605025	28766	28645	0	2	28647	0	28766	28766	0
919605205	0	29140	28766	28768	29142	28766	0	0	28766
919000430	0	29140	28766	28768	29142	28766	0	0	28766
919000432	28766	28645	0	2	28647	0	28766	28766	0





Constitution Day celebration, 17th of May (Photo by Petter Hebak, cropped)

Target Audience

Technicians, (molecular) biologists, medical (molecular) microbiologists, infectious diseases specialists, public health specialists and bioinformaticians who would like an introduction and an update on how to use next-generation sequencing in routine diagnostics of infectious diseases.

Faculty Members

- Hege Vangstein Aamot, Lørenskog, Norway
- Ola Brynhildsrud, Oslo, Norway
- Patricia Campbell, Lørenskog, Norway
- João André Carrico, Lisbon, Portugal
- Natacha Couto, Groningen, Netherlands
- Adrian Egli, Basel, Switzerland
- Nicole Fischer, Hamburg, Germany
- Stefan Green, Chicago, IL, United States
- Gilbert Greub, Lausanne, Switzerland
- André Ingebretsen, Oslo, Norway
- Mirjam Kooistra-Smid, Groningen, Netherlands
- Sonja Lagström, Lørenskog, Norway
- Jacob Moran-Gilad, Beer Sheva, Israel
- Paula Mölling, Örebro, Sweden
- Justin O'Grady, London, UK
- Helena Seth-Smith, Basel, Switzerland
- Silke Peter, Tuebingen, Germany
- John W.A. Rossen, Groningen, Netherlands
- Henrik Westh, Hvidovre, Denmark

Contact

For the Scientific Programme

Hege Vangstein Aamot
Akershus University Hospital
Sykehusveien 25
1478 Lørenskog, Norway

Phone +47 679 68154
hege.vangstein.aamot@ahus.no

Administrative Secretariat

Jeanette Borthen
Akershus University Hospital
Sykehusveien 25
1478 Lørenskog, Norway

Phone +47 679 61531
Jeanette.Borthen@ahus.no



© ESCMID, November 2019



ESCMID Postgraduate
Technical Workshop

**Next-generation
sequencing in routine
clinical microbiology
and infectious diseases**

**Lørenskog, Norway
13 – 16 May 2020**



Photo by Anniken Sandvik

ESCMID Postgraduate
Technical Workshop

**Next-generation
sequencing in routine
clinical microbiology
and infectious diseases**

Organisers

- ESCMID Study Group for Genomic and Molecular Diagnostics (ESGMD)
- ESCMID Study Group for Epidemiological Markers (ESGEM)
- Akershus University Hospital, Norway
- University Medical Centre Groningen (UMCG), Netherlands

Course Coordinators

- Hege Vangstein Aamot, Lørenskog, Norway
- John W.A. Rossen, Groningen, Netherlands

Course Objectives

With a multitude of benefits, Next-Generation Sequencing (NGS) technology is revolutionizing microbiological diagnostics and NGS is on the way on becoming the new gold standard. The workshop will highlight opportunities and challenges with this technology and present how it can be used in clinical diagnostic settings. As bioinformatics is a known challenge for most non-bio-informaticians, a practical e-lab will be included where we focus on data processing, analysis and interpretation of data.



Hva har vi lært?

- Tenk stort med én gang!
- Dokumenter alle tiltak
- Kommunikasjon er viktig – og vanskelig...
- Helgenomsekvensering er nyttig i utbruddsituasjoner
- Det er tarmbakterier i toaletter (!)



Hva trenger vi å vite mer om?

- Prevalens av ESBL i vår pasientpopulasjon
- Renhold og desinfeksjon av toaletter
- Toaletter som mulig kilde for helsetjenesteassosierte utbrudd av *K. pneumoniae*
- Sensitivitet for miljøprøvene
- Hvordan kommer bakteriene fra toalettene og inn i pasientene?



