

# Rutinmässig sekvensering av ESBL-producerande *Klebsiella pneumoniae*

Åsa Beraki<sup>1</sup>, Johanna Furberg<sup>1</sup>, Lisa Vennberg<sup>1,2</sup>, Gunlög Rasmussen<sup>1,3</sup>, Martin Sundqvist<sup>2,3</sup>

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

## Bakgrund

*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*.

## Syfte

Att undersöka om rutinmässig sekvensering kan bidra i det vårdhygieniska arbetet genom att identifiera smittspridning som annars inte upptäcks.

## Material och metod

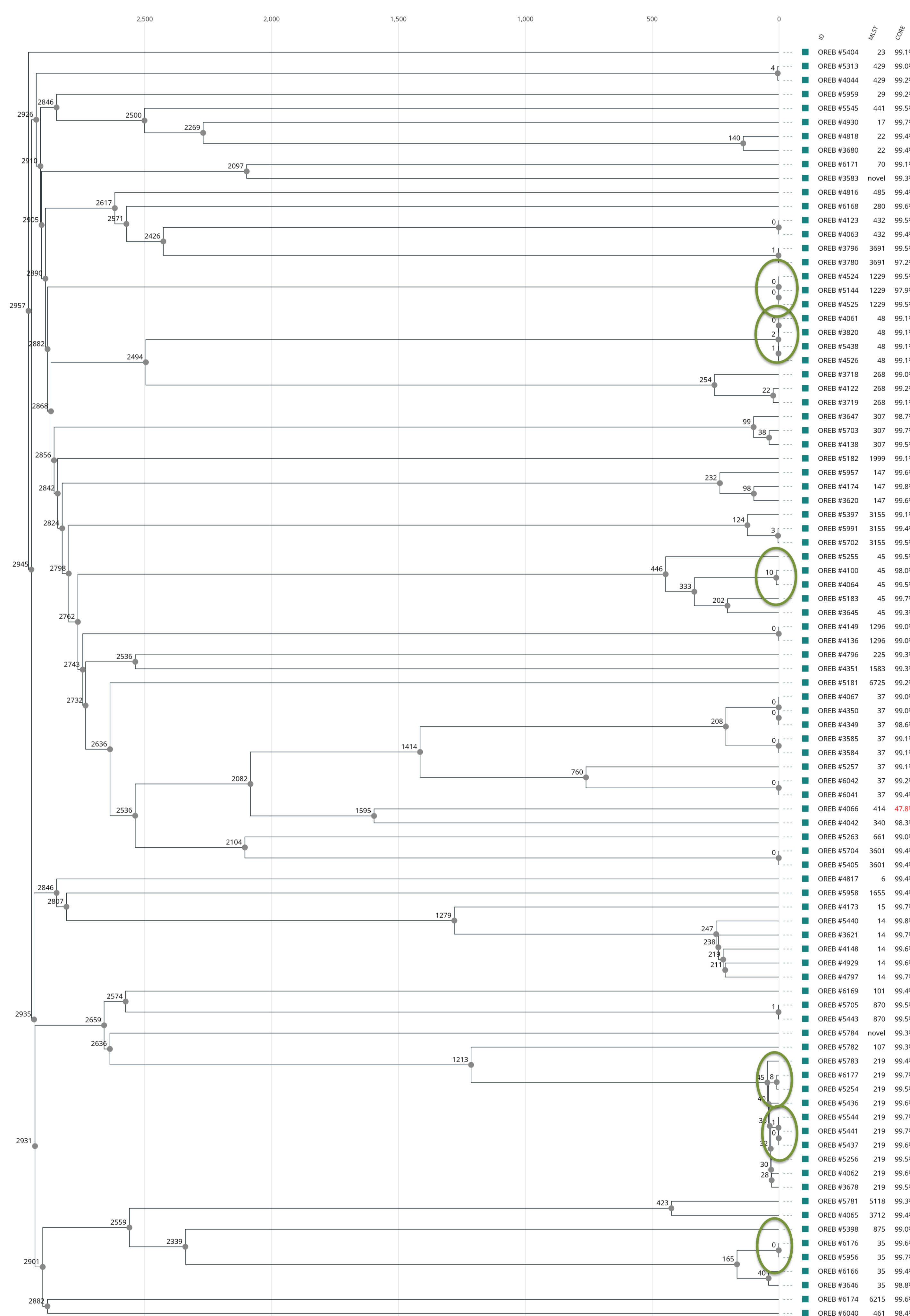
Samtliga ESBL-producerande *K. pneumoniae* som sekvenserats i Region Örebro län under perioden 2023-01-01 – 2024-12-31 inkluderades. Helgenomsekvensering har utförts med Illumina-sekvensering. Möjlig genetisk likhet definierades som <20 allelskillnader i cgMLST-analys ([www.1928diagnostics.com](http://www.1928diagnostics.com)) 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.

## Slutsats

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.

## Resultat

Sammanlagt analyserades 91 sekvenser från 76 patienter. Tretton sekvenser (17%) uppfyllde definitionen för genetiskt samband, efter att de sekvenser som tillhörde samma patient har räknats bort. 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.



**Figur 1.** Möjlig genetisk likhet definierades som <20 allelskillnader i cgMLST-analys (1928Diagnostics). Tretton sekvenser (17%) uppfyllde definitionen för genetiskt samband, efter att de sekvenser som tillhörde samma patient har räknats bort. Dessa var uppdelade på 6 kluster (inringade i grönt i figuren ovan) med 2-3 patienter i varje kluster (0-10 allelskillnader).