

Nyhetsbrev desember 2018

Selektiv genotyping (*spa*-typing)

Vi har det siste året utført genotyping (*spa*-typing) på utvalgte prioriterte stammer, såkalt selektiv genotyping. Liste over hvilke stammer vi prioriterer til genotyping finnes på våre [hjemmesider](#). Vi vil i 2019 fortsette med selektiv genotyping og ønsker at all informasjon som er gitt på primærrekvisisjon (også navn og kontaktinformasjon til rekvirent) blir påført kommentarfeltet på vår rekvisisjon, alternativt at kopi av primærrekvisisjon legges ved. Vi ønsker også at det påføres om prøven er fra allmennpraksis, sykehjem eller sykehus. Vi vil i nær framtid gjøre en revisjon av vår rekvisisjon slik at dette vil bli inkludert som et eget felt på rekvisisjonen. Ut fra opplysningene vi mottar, gjør vi en prioritering av stammer til *spa*-typing. Vi er derfor avhengig av å motta relevante opplysninger fra innsenderlaboratoriene. Dersom man etter innsending av et isolat får informasjon som tilsier at stammen burde vært *spa*-typet, er det selvfølgelig mulig å kontakte oss for å få dette utført.

Vi har til nå gitt ut svarkommentarer knyttet til *spa*-typing for å informere rekvirentene om vår rutine knyttet til selektiv genotyping. Vi vil fra 01.01.19 slutte å gi ut disse svarkommentarene, ettersom vi vurderer at rutinen med selektiv genotyping er kjent og at disse svarkommentarene er av liten nytteverdi for våre rekvirenter.

Helgenomsekvensering

Avdeling for medisinsk mikrobiologi ved St. Olav hospital har de siste årene etablert metodikk for next-generation sequencing (NGS) for helgenomsekvensering ved bruk av Miseq, Illumina. MRSA referanselaboratorium har i løpet av 2018 utført helgenomsekvensering på utvalgte stammer, hovedsakelig knyttet til utbruddsoppløring og smitteoppsporing. Vi vil i 2019 ta sikte på økt omfang av helgenomsekvensering, med fokus på stammer knyttet til utbruddsoppløring, smitteoppsporing, husdyr-relatert MRSA (LA-MRSA), blodkulturer og andre invasive isolater, samt stammer med linezolid-, vankomycin- eller daptomycinresistens eller med andre spesielle fenotypiske resistensmønstre. Andre stammer vil bli vurdert for helgenomsekvensering ved forespørsel. Avdelingen planlegger ca. 1 NGS-oppsett per måned.

Vi planlegger også å erstatte dagens metodikk for multi-locus sekvenstyping (MLST) basert på sangersekvensering med NGS-metodikk. Overgang til ny metodikk vil medføre noe lengre svartid for MLST-analyseresultater.

Hospitering

Vi planlegger ny hospitering ved referanselaboratoriet, og tar sikte på å gjennomføre denne en gang i løpet av første del av 2020. Hovedmålgruppe for hospiteringen vil være erfarne LIS-leger ved medisinske mikrobiologiske avdelinger, bioingeniører med fagansvar eller interesse for resistens, eventuelt andre leger/bioingeniører med interesse for MRSA. Hospitering vil ha hovedfokus på MRSA epidemiologi, diagnostikk og laboratorieanalyser med mer. Vi vil komme med mer informasjon om hospiteringen ved en senere anledning.

Tekniske problemer knyttet til svarrapportering

Vi har i det siste hatt en omlegging av enkelte rekvirentkoder i vårt datasystem som potensielt kan ha ført til manglende generering av svarrapporter. Vi er usikre på om dette har påvirket svarrapportering ut til rekvirenter, og ber dere derfor om å ta kontakt dersom dere mangler prøvesvar.

Henvendelser til referanselaboratoriet

Vi minner om at referanselaboratoriets telefonnummer for prøvesvar og generelle henvendelser er 72573283. Andre telefonnumre og mailadresser finnes på våre hjemmesider under [«Kontakt»](#). Oppdatert versjon av rekvisisjon til MRSA referanselaboratorium finnes på våre [hjemmesider](#)

Med ønske om en riktig god jul og et godt nyttår!

Hege Enger

Overlege ved referanselaboratoriet for MRSA

Anette Skjærvik

Fagansvarlig bioingeniør ved
referanselaboratoriet for MRSA