

ÅRSRAPPORT 2023



Innholdsfortegnelse

Generell informasjon	3
MRSA referansegruppe	4
Metoder	5
PCR for konfirmasjon av MRSA	5
<i>Spa</i> -typing og klonalkompleks (CC)	5
Antibiotikaresistens.....	5
Helgenomsekvensering	5
Kvalitetskontroll	6
Ringtester	6
Resultater	7
Mottatte MRSA-stammer.....	7
PVL.....	8
<i>Spa</i> -typing.....	8
Klonalkomplekser	10
LA-MRSA.....	10
<i>mecA/mecC</i>	11
Dyrestammer.....	11
Antibiotikaresistens.....	11
Helgenomsekvensering	12
Aktiviteter 2023	14

Generell informasjon

St. Olavs hospital fikk tildelt referansefunksjon for meticillinresistente gule stafylokokker (MRSA) i 2005. Oppgavene til referanselaboratoriene er beskrevet i MSIS-forskriften §2-4 og rundskriv I-5/2013 fra Helse- og omsorgsdepartementet.

En viktig del av arbeidet består i å samle inn alle nye MRSA-stammer i samarbeid med landets medisinske laboratorier, samt å utføre genotyping av disse stammene. Alle mottatte MRSA-stammer arkiveres i en stammebank, som ble komplett fra og med 2008. Siden 2016 har referanselaboratoriet mottatt resistensdata fra innsenderlaboratoriene.

I referanselaboratoriets oppgaver inngår også referansediagnostikk, vitenskapelig råd og støtte til andre laboratorier og fagmiljøer, samarbeid og forskning, overvåkning, beredskap og respons ved utbrudd av smittsomme sykdommer. Referanselaboratoriet sender data til Meldingssystem for smittsomme sykdommer (MSIS) og Norsk overvåkingssystem for antibiotikaresistens hos mikrober (NORM). Det representerer stadig et betydelig problem i utøvelsen av referanselaboratoriets pålagte oppgaver at vi ikke får samkjørt og kvalitetssikret våre data med data fra MSIS.

I tillegg til MRSA mottar også referanselaboratoriet enkelte andre stafylokokkstammer, f. eks. meticillinresistente *Staphylococcus argenteus* (MRSA_{arg}) og *Staphylococcus lugdunensis* (MRSL), samt stafylokokker med spørsmål om uvanlig resistens. Referanselaboratoriet bidrar også i oppklaring av utbrudd med andre stafylokokker enn MRSA.

Referanselaboratoriet består per 31.12.23 av følgende personer:

- Overlege Hege Enger, HE
- Spesialbioingeniør Torunn Gresdal Rønning, TGR
- Forsker og molekylærbiolog Christina Gabrielsen Ås, CGÅ
- Fagansvarlig bioingeniør Kirsti Sandnes Sæbø, KSS
- Bioingeniør Ernest Wilson, EW
- Bioingeniør Emily Eikrem, EE
- Prosjektleder Frode Width Gran (FWG) og bioinformatiker Lene Christin Olsen (LCO) bidrar med uthenting og bearbeiding av data
- Bioingeniør Anna Matilde Toftemo (AMT) utfører og analyserer resultater fra helgenomsekvensering

MRSA referansegruppe

Nasjonal referansegruppe for MRSA ble opprettet etter initiativ fra referanselaboratoriet i 2013. Referansegruppen for MRSA består av en fagperson fra hvert regionale helseforetak i Norge, samt én representant fra Folkehelseinstituttet og én representant fra Veterinærinstituttet. Medlemmene i referansegruppen oppnevnes hvert fjerde år, og har som mandat å sikre forankring i fagmiljøene og lik tilgang til referansetjenesten, bidra til at referanselaboratoriet drives i henhold til målsetningene, godkjenne årlig rapportering for innsending til Helsedirektoratet, samt danne en plattform for forskningssamarbeid på tvers av helseregionene. Referansegruppen møtes årlig.

Medlemmer i MRSA referansegruppe per 31.12.23

- Mireille Wulf (Helse Sør-Øst RHF, Akershus Universitetssykehus)
- Dina Stensen (Helse Nord RHF, Universitetssykehuset i Nord-Norge)
- Kyriakos Zaragkoulias (Helse Midt-Norge RHF, Sykehuset Levanger)
- Ingerid Skarstein (Helse Vest RHF, Haukeland universitetssykehus)
- Marianne Sunde (Veterinærinstituttet)
- Mari Molvik (Folkehelseinstituttet)

Metoder

Under følger en oversikt over de metodene som benyttes ved MRSA referanselaboratorium, og for hvilket utvalg av stammer de ulike metodene ble utført i 2023.

PCR for konfirmasjon av MRSA

Alle tilsendte stammer bekreftes som MRSA med PCR for *mecA* og *spa*-gen. I tillegg kartlegges tilstedeværelse av PVL (Panton-Valentine Leukocidin). Stammer som er negative for *mecA*- genen undersøkes i tillegg med PCR for *mecC*.

Spa-typing og klonalkompleks (CC)

Spa-typing med Sanger-sekvensering blir utført på alle tilsendte MRSA- og MRSA_g-stammer. *Spa*-typing brukes i overvåkning og som første ledd i utbruddsoppløring av MRSA. *Spa*-typer kan grupperes i klonalkomplekser (CC) som gir informasjon om slektskap mellom stafylokokker.

Antibiotikaresistens

For overvåkning av antibiotikaresistens benytter MRSA referanselaboratorium data fra fenotypisk resistenstesting utført av innsenderlaboratoriene. Brytningspunkt som er benyttet for resistensdata i denne rapporten er fra NordicAST brytningspunktstabell 2024.

Følgende antibiotika inngår i anbefalt panel for alle MRSA:

- Cefoxitin
- Erytromycin
- Klindamycin
- Gentamycin
- Trimetoprim-sulfamethoxazole (TMS)
- Tetracyclin
- Fucidin
- Mupirocin
- Ciprofloksacin/norfloksacin
- Rifampicin
- Linezolid
- Vankomycin
- Ceftarolin

Referanselaboratoriet utfører supplerende resistenstesting ved multiresistens (≥5 antibiotikagrupper vurdert som R, inkludert cefoxitin), linezolidresistens, mupirocinresistens, og ved evt. nedsatt følsomhet for vankomycin. Det utføres også resistenstesting etter visse kriterier når det mangler resistensdata fra innsenderlaboratoriene. Screeningstest for glykopeptid heteroresistens, GRD test (Glycopeptide Resistance Detection), utføres på blodkulturer og andre invasive MRSA.

Supplerende analyser for påvisning av spesifikke resistensgener ved PCR utføres ved behov:

- Påvisning av gen for overførbart mupirocinresistens (*mupA*-PCR)
- Påvisning av gener for overførbart linezolidresistens (PCR for *cfr*, *optrA* og *poxtA*)

Helgenomsekvensering

Helgenomsekvensering (WGS) benyttes for utbruddsoppløring og overvåkning av prioriterte grupper, eller ved behov for utvidet karakterisering av stammer. Følgende stammer ble i 2023 prioritert for helgenomsekvensering:

- Stammer knyttet til utbrudd/mistenkt smitte

- Stammer fra invasive infeksjoner (blodkultur, spinalvæske, m. fl.)
- Stammer med spesiell/sjelden resistensprofil/fenotype/genotype (f. eks. resistens/nedsatt følsomhet mot mupirocin, daptomycin, linezolid eller vankomycin, multiresistens, OS-MRSA, *mecC*, BORSA)
- Stammer fra nyfødte (under 3 mndr)
- Stammer fra gravide
- LA-MRSA, definert som PVL-negative MRSA med klonalkompleks (CC) 398 eller MRSA fra personer med epidemiologisk tilknytning til dyrehold
- Stammer hvor annen typingsmetodikk ikke gir tilstrekkelig svar
- *mecA*-positive *S. argenteus* som oppfyller overnevnte kriterier for genotyping
- Utvalgte stammer av spesiell interesse eller etter avtale

For alle helgenomsekvenserte MRSA-stammer blir det utført kjernegenom multilokus sekvensotyping (cgMLST) med Ridom SeqSphere+.

Kvalitetskontroll

Avdeling for Medisinsk Mikrobiologi ble i 2011 akkreditert av Norsk Akkreditering, og referanselaboratoriet inngår i denne akkrediteringen. Metodebeskrivelser er utarbeidet i avdelingens kvalitetssystem (EQS).

Ringtester

MRSA referanselaboratorium deltar i flere ringtestprogrammer:

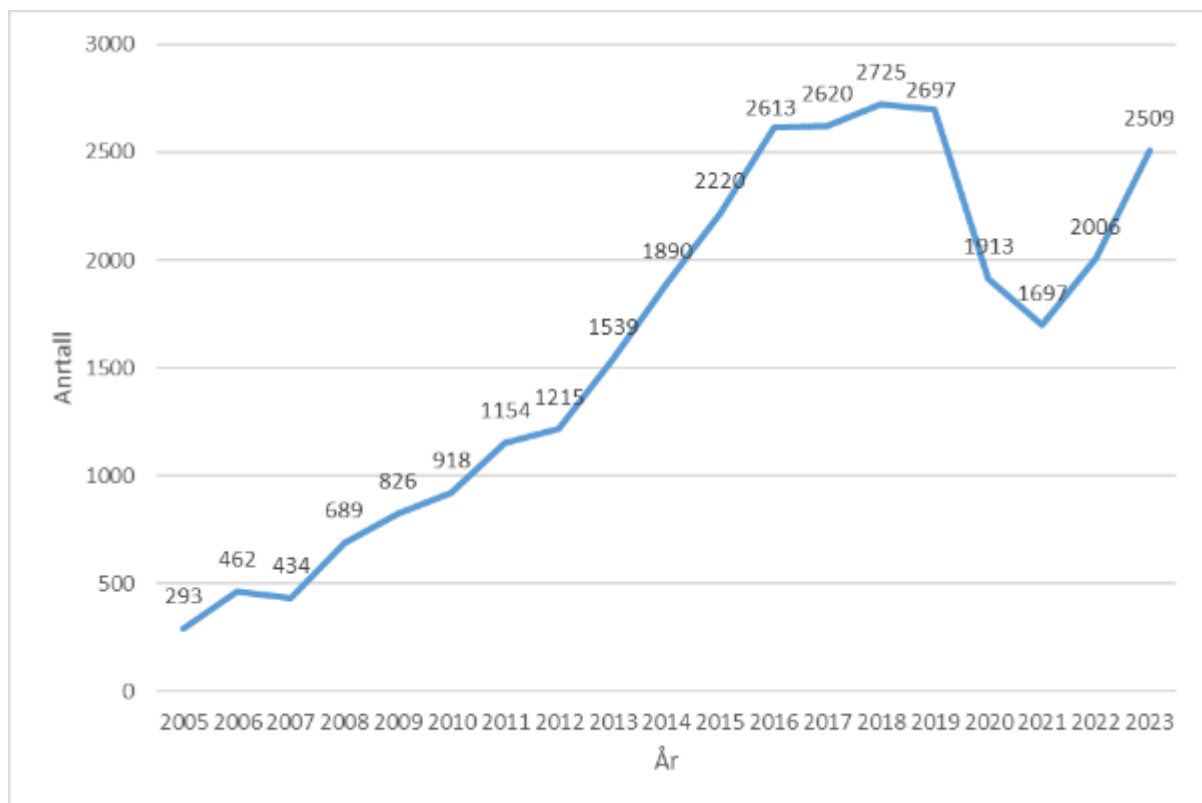
- QCMD Staphylococcus aureus spa EQA Programme
- QCMD Methicillin Resistant Staphylococcus aureus Typing (epidemiology and outbreak studies) EQA Programme
- ESGS external quality control for Staphylococcus (classical EQS). ESCMID Staphylococci and Staphylococcal Diseases study group
- Nordic EQA for WGS of MRSA, VRE and ESBL. Assessment of sequencing quality, in silico genotyping, AMR, relatedness

Resultater

Mottatte MRSA-stammer

Referanselaboratoriet mottok i 2023 totalt 2834 humane MRSA-stammer fra 2509 unike personer.

Fram til 2016 var det en årlig økning i totalt antall mottatte MRSA stammer. Etter dette ble det observert en utflating, etterfulgt av en betydelig nedgang i 2020 og 2021 sammenfallende med SARS-CoV-2-pandemien. I 2023 var tallene nesten tilsvarende som før pandemien. Prøvemengden ser ut til å øke raskere til før-pandemitalt enn forventet (figur 1).



Figur 1: Antall mottatte MRSA-stammer per individ fra 2005-2023.

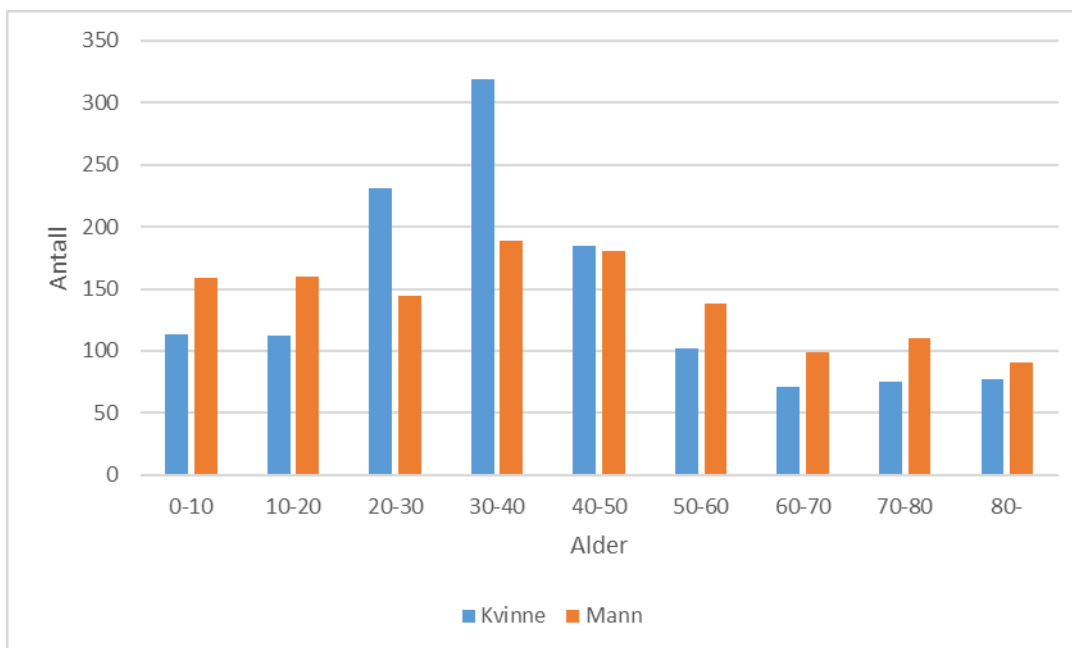
MRSA referanselaboratorium mottok prøver fra alle de 23 mikrobiologiske laboratoriene i Norge. Tabell 1 viser fylkesvis fordeling av mottatte prøver, og insidens av MRSA. Oslo skiller seg ut med høy insidens, høyere enn tidligere, og Nordland har lavest insidens.

Tabell 1: Antall humane MRSA-stammer fordelt på fylke (bosted). Stammer fra personer uten oppgitt bosted er ikke inkludert.

Fylke	Innbyggertall 4.kvartal 2023	MRSA positive	2023 Insidens (per 100 000)	2022 Insidens (per 100 000)
Viken	1 305 615	764	58	49
Oslo	716 272	724	101	77
Innlandet	375356	144	38	35
Vestfold og Telemark	432 585	168	39	30
Agder	319 057	174	54	38
Rogaland	497 806	240	48	36
Vestland	649 540	193	30	23

Møre og Romsdal	269 696	100	37	37
Trøndelag	481 550	180	37	34
Nordland	242 425	54	22	13
Troms og Finnmark	243 680	100	41	49
Gjennomsnitt			46	38

Det var tilnærmet lik fordeling mellom kjønn totalt sett med 50,3% av MRSA stammer fra kvinner og 49,7 % fra menn. I noen aldersgrupper var det en liten overvekt av antall prøver fra menn, mens det var flest prøver fra kvinner i aldersgruppen 20-40 år.



Figur 2: Antall mottatte MRSA-prøver fordelt på alder og kjønn for 2023

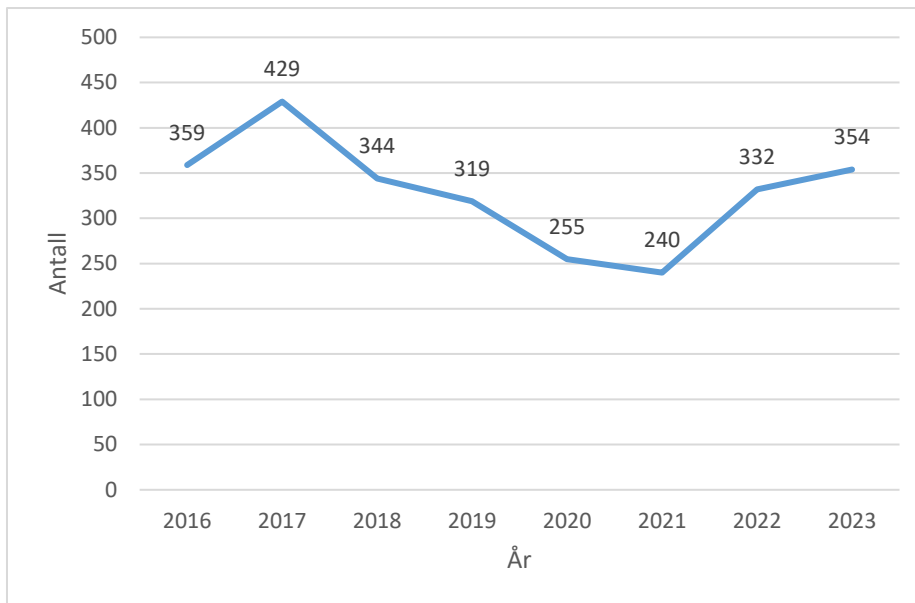
PVL

PVL er et toksin som også brukes som epidemiologisk markør, og er blant annet assosiert med infeksjoner. Av alle innsendte MRSA stammer var 67 % PVL-negative og 33 % PVL- positive, denne fordelingen har vært relativt stabil de siste årene.

Spa-typing

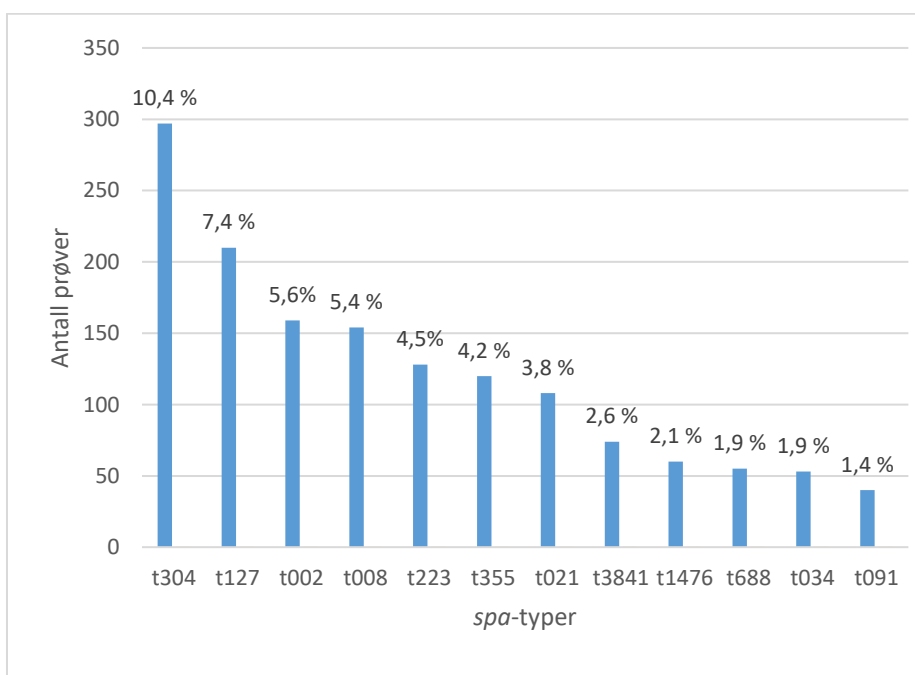
Det ble i 2023 *spa*-typet 2848 MRSA stammer, inkludert seks veterinærstammer. Dette er en økning på 27 % fra 2022, da ble det *spa*-typet 2232 stammer.

Det ble påvist 354 ulike *spa*-typer blant de humane MRSA stammene i 2023 (Figur 3). Antall ulike *spa*-typer som blir påvist per år varierer. I perioden 2018-2021 ble ikke alle mottatte MRSA *spa*-typet, men et utvalg ble *spa*-typet etter gitte kriterier. Dette sammen med SARS-CoV-2-pandemi er trolig årsaken til lavere diversitet i perioden. Antall *spa*-typer som ble funnet færre enn 5 ganger i 2023 var 287.

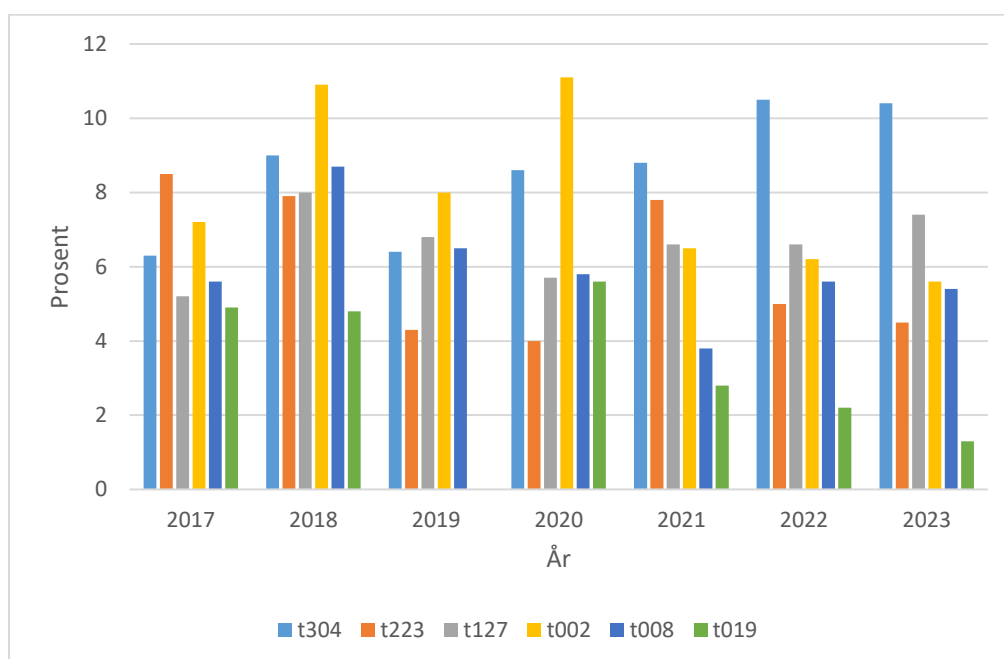


Figur 3: Diversitet i antall påviste *spa*-typer 2016-2023. I perioden 2018-2021 ble ikke alle mottatte MRSA *spa*-typet.

Figur 4 viser en oversikt over de 12 vanligste *spa*-typene som ble påvist i 2023. De seks hyppigst påviste *spa*-typene i 2023 var t304 (10,4 %), t127 (7,4 %), t002 (5,6 %), t008 (5,4 %), t223 (4,5 %) og t355 (4,2%). De to siste årene har t304 vært den hyppigste *spa*-typen med god avstand til den nest hyppigste *spa*-typen. Utbrudd vil kunne påvirke statistikken, men i 2023 var det ingen store utbrudd. Genotypene t3841 (n=74) og t1476 (n=66) har økt de siste årene, og disse vil vi følge med på videre. Genotypen t355 (n=121) har doblet seg fra 2022, men det var uvanlig få prøver av denne genotypen i 2022. De hyppigst påviste *spa*-typene har vært de samme i flere år, men rekkefølgen varierer noe (Figur 5).



Figur 4: De vanligste MRSA *spa*-typer påvist i 2023. Vist i antall stammer og prosent av totalt antall *spa*-typer.



Figur 5: De seks vanligste *spa*-typene i perioden 2017-2023, vist som prosent av totalt antall MRSA gjeldende år.

Klonalkomplekser

De ti hyppigste klonalkomplekser med tilhørende *spa*-typer vises i tabell 2.

De hyppigst forekommende klonalkomplekser er CC5 (13,4 %) og CC6 (13,2 %). Forekomsten av CC6 har økt de siste årene pga. økning av *spa*-type t304.

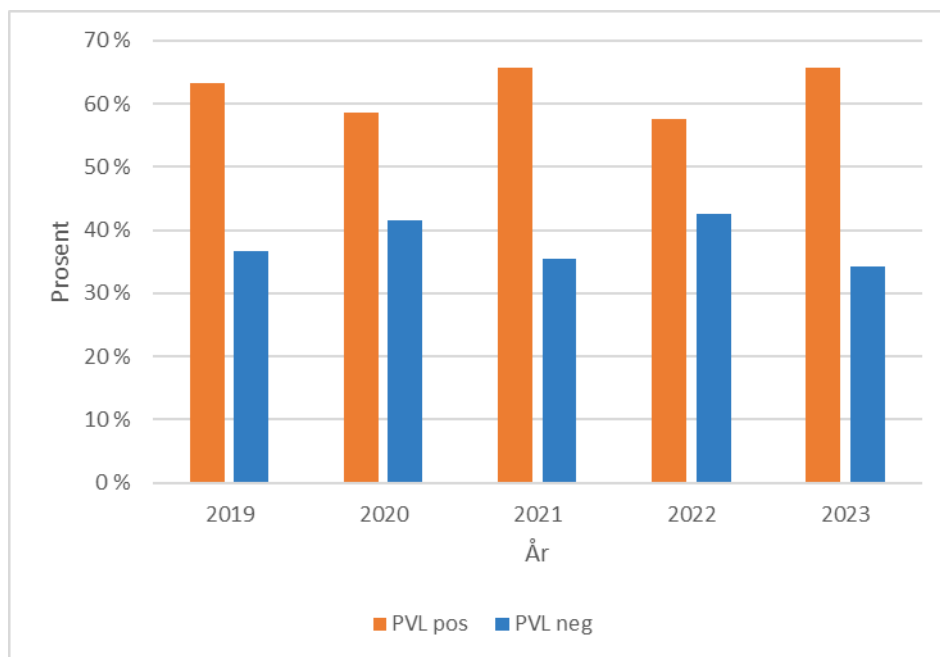
Tabell 2: De 10 vanligste klonalkomplekser (CC) og de hyppigste tilhørende *spa*-typene.

CC	Totalt antall MRSA	Hyppigst forekommende <i>spa</i> -typer
CC5	382 (13,4 %)	t002 n=159, t105 n=27, t688 n=55, t311 n=23, t450 n=12
CC6	375 (13,2 %)	t304 n=297, t701 n=18, t711 n=10, t9736 n=9, t648 n=7
CC8	314 (11,0 %)	t008 n=154, t1476 n=60, t024 n=22, t4549 n=11, t190 n=7
CC1	295 (10,4 %)	t127 n=210, t657 n=22, t386 n=18, t1839 n=8, t174 n=7,
CC22	250 (8,8 %)	t223 n=128, t005 n=22, t309 n=20, t032 n=8, t852 n=6
CC30	222 (7,8 %)	t021 n=105, t019 n=39, t363 n=18, t012 n=11, t665 n=8
CC152	144 (5,1 %)	t355 n=114, t5691 n=10, t1096 n=8
CC88	118 (4,1 %)	t690 n=28, t1855 n=15, t1339 n=12, t729 n=9, t086 n=5
CC672	90 (3,2 %)	t3841 n=74, t1309 n=11
CC398	71 (2,5 %)	t031 n=53, t011 n=8, t571 n=6, t1255 n=1

LA-MRSA

LA-MRSA, her definert som *spa*-typer assosiert med CC398, ble påvist hos 71 humane stammer (*spa*-type t034 n=56, t011 n=8, t571 n=6, t1255 n=1). Av totalt antall *spa*-typer, utgjør *spa*-typer tilhørende CC398 2,5 %.

25 stammer (35 %) av alle CC398 var PVL-negative (t034 n=19, t011 n=4, t571 n=1, t1251 n=1)
Fordelingen mellom CC398 PVL-positive og CC398 PVL-negative stammer har variert noe over tid, som vist i figur 6.



Figur 6: PVL-status for CC398 2019-2023 vist som prosent av alle CC398 gjeldende år

mecA/mecC

2832 (99,9 %) av de mottatte humane stammene var *mecA*-positive MRSA, og det var to (0,1 %) *mecC*-positive MRSA-stammer. Antallet *mecC*-positive stammer har ligget stabilt lavt i flere år. De to *mecC*-positive stammene som ble påvist i 2023 tilhørte *spa*-typene t6220 (CC130, n=1) og t843 (CC130, n=1).

I 2023 mottok MRSA referanselaboratorium 39 *mecA*-positive *S. argenteus* og 34 *mecA*-positive *S. lugdunensis*. For begge disse kategoriene er det noe økning i antall sammenlignet med tidligere år, men det for tidlig å si om dette er en reell økning eller om det skyldes økt bevissthet ved innsenderlaboratoriene.

Dyrestammer

MRSA referanselaboratorium mottok seks stammer fra Veterinærinstituttet, tilhørende *spa*-type t355 (CC152, n=4, storfe) og t1339 (CC88, n=2, katt).

Antibiotikaresistens

Oversikt over antimikrobiell resistens for alle humane MRSA mottatt av referanselaboratoriet i 2023 er vist i tabell 3, hvor høyest andel av resistens ble funnet for erytromycin (40,8 %), etterfulgt av tetracyclin (31,1 %) og ciprofloksacin/norfloxacin (29,1 %). For disse midlene har det vært en del variasjon i forekomst av resistens de siste årene, muligens pga. endringer når det gjelder hvilke *spa*-typer som dominerer. For ciprofloksacin/norfloxacin er det dessuten mange stammer som ligger nært brytningspunktet, med mulighet for ulik tolkning ved ulike laboratorier. For klindamycin har det vært en sterk økning fra året 2022 til 2023 (15,8 % til 25,1 %, respektivt). Dette kan skyldes ulik praksis for tolkning av stammer med stor sone og påvist induserbar resistens, der det nå er anbefalt fra EUCAST/ NordicAST å besvare disse som resistente. Det var lav andel resistens for rifampicin (1,8

%), trimetoprim-sulfa (1,9 %) og mupirocin (0,8 %). Det ble ikke funnet noen tilfeller av resistens mot linezolid eller vankomycin i 2023.

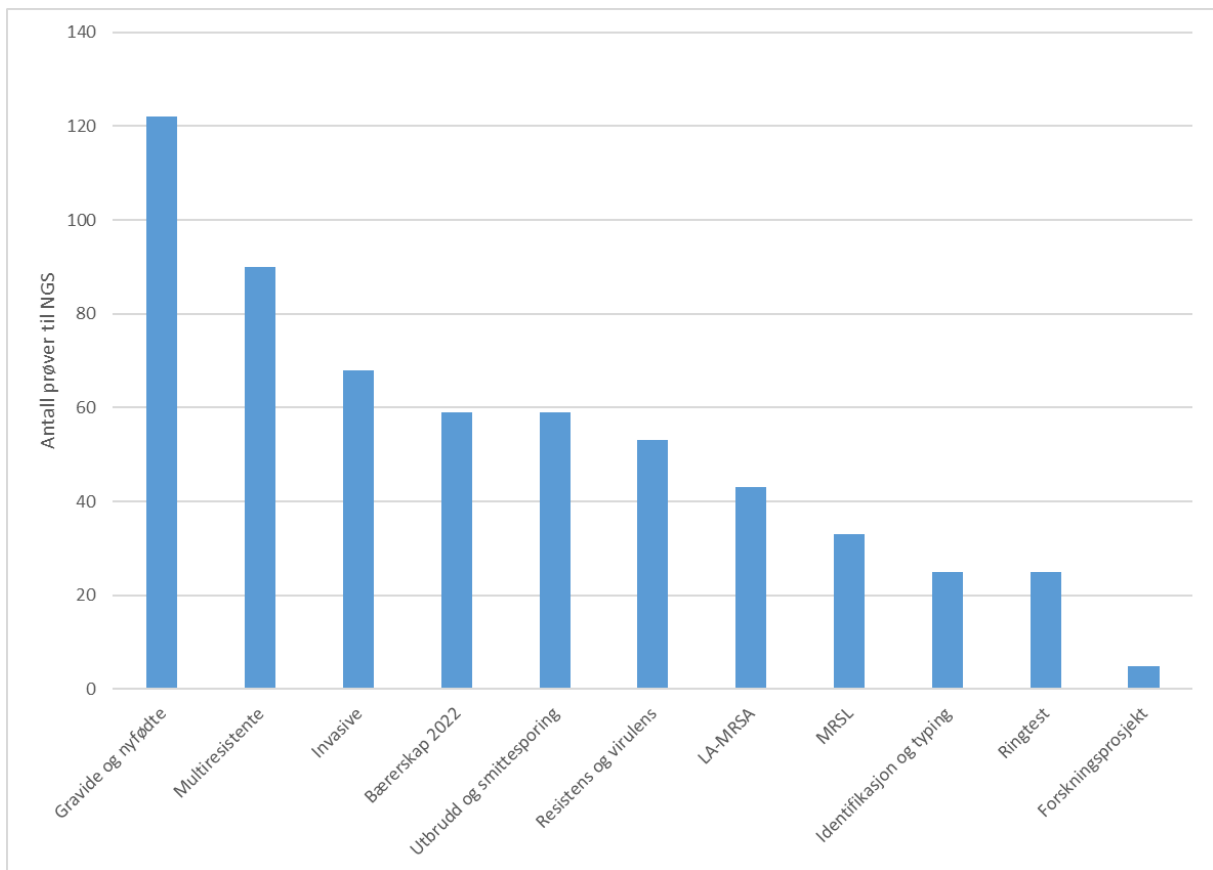
Tabell 3: Oversikt over følsomhet for utvalgte antibiotika for alle mottatte humane MRSA (n=2229) i 2023. Fordeling i % mellom kategoriene sensitiv (S), følsom ved økt eksponering (I) og resistent (R) er basert på innsendte mm-soner.

Antibiotika	Brytningspunkt	Sensitiv (S)	Følsom, økt eksponering (I)	Resistent (R)	Antall rapporterte
Erytromycin	S≥21, R<21	59,2	-	40,8	2838
Klindamycin*	S≥22, R<22	74,9	-	25,1	2830
Fucidin	S≥24, R<24	84,3	-	15,7	2836
TMS	S≥17, R<14	96,5	1,5	1,9	2839
Tetracyclin	S≥22, R<22	68,9	-	31,1	2821
Ceftarolin	S≥20, R<17	90,6	7,2	2,2	554
Gentamycin	S≥18, R<18	83,5	-	16,5	2838
Ciprofloxacin/ Norfloxacin	S≥50, R<17	-	70,9	29,1	2824
Mupirocin	S≥30, R<30	99,1	-	0,8	2839
Rifamipicin	S≥26, R<26	98,2	-	1,8	2838
Linezolid	S≥21, R<21	100,0	-	-	2839
Vankomycin	R>2 mg/L	100,0	-	-	2837
induserbar klindamycinresistens		81,8	-	18,2	2830

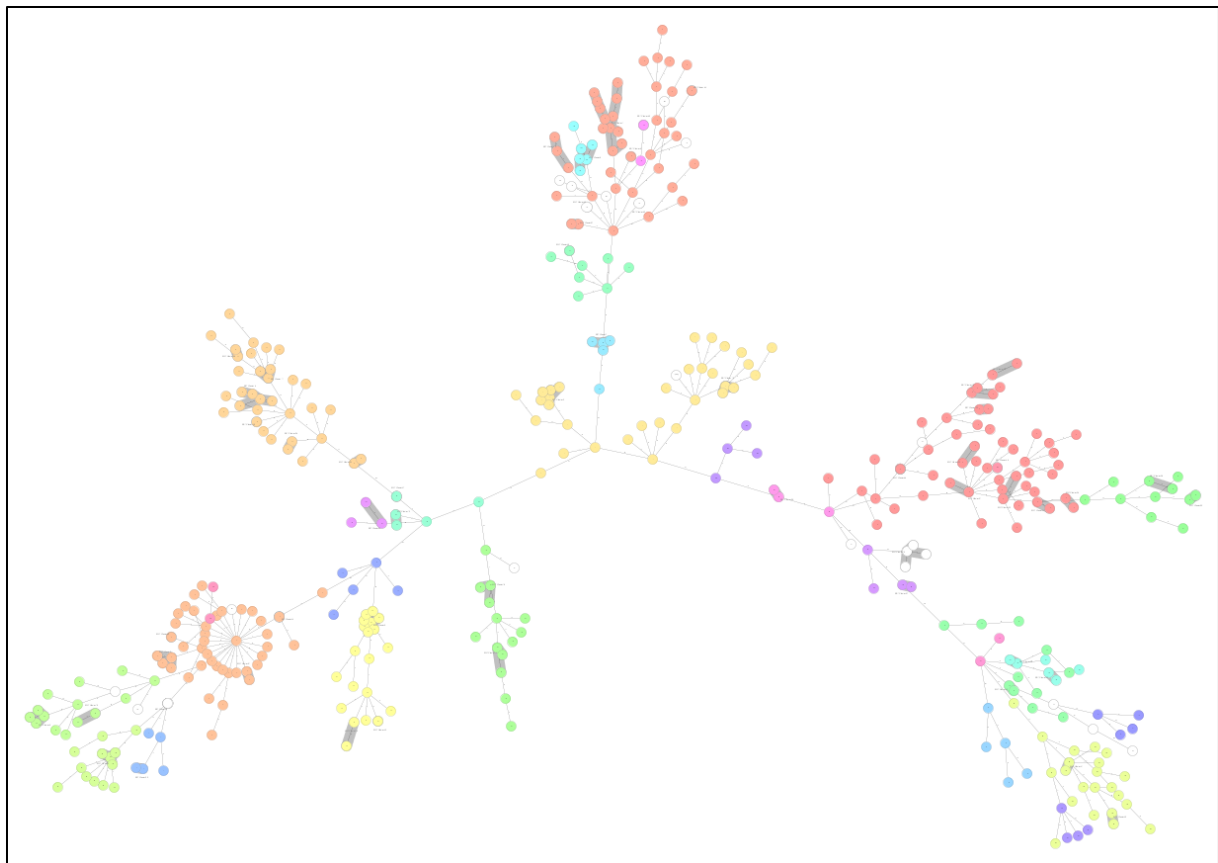
*Inkludert induserbar klindamycinresistens

Helgenomsekvensering

Helgenomsekvensering (WGS, Illumina-metodikk) ble utført på utvalgte stammer etter angitte prioriteringskriterier og utgjorde totalt 582 stammer for 2023. Dette inkluderte helgenomsekvensering av hovedsakelig *S. aureus* (n=528), i tillegg til noen få andre stafylokokker som *S. lugdunensis* (n=34), *S. epidermidis* (n=7), *S. simulans* (n=5), *S. argenteus* (n=4), *S. haemolyticus* (n=3) og *S. schleiferi* (n=1). Av totalen var 21 % knyttet til overvåking av gravide og nyfødte, 15,5 % knyttet til multiresistens, 11,7 % til invasive stammer, 10,1 % tilfeldig utvalgte bærerskap (fra 2022) og 10,1 % til utbrudd og smittesporing. Resten av stammene er fordelt i kategorier som angitt i Figur 7. Overvåking av MRSA ved kjernegenom MLST (Ridom SeqSphere+) har påvist 56 clustre bestående av 2-13 prøver med mulig smittesammenheng i 2023 (Figur 8), hvorav 15 ble definert som utbrudd.



Figur 7: Stammer til helgenomsekvensering i 2023 fordelt på kategori.



Figur 8: Minimum spanning tree med logaritmisk skala basert på *S. aureus* kjernegenom MLST (1861 gener) av alle helgenomsekvenserte MRSA mottatt i 2023 (n=430). Individuelle stammer er farget og navngitt basert på sekvenstype, og clustre (distanse mindre enn 24) er markert i grått. Figur laget med Ridom SeqSphere+ software.

Aktiviteter 2023

Under følger en oppsummering av aktiviteter, inkludert bl.a. deltakelse på kurs og konferanser, foredrag, veiledning, publikasjoner og forskning ved MRSA referanselaboratorium i 2023.

Publikasjoner

- Insights from a decade of surveillance: Molecular epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Norway from 2008 to 2017. PLOS ONE. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0297333>.
- A patient at neonatal intensive care unit with methicillin-resistant *Staphylococcus lugdunensis*. Innsendt til The Pediatric Infectious Disease Journal.

Deltagelse på kurs/møter

Kurs/konferanser/møter	Dato	Deltakere
2nd International Virtual Conference on Staphylococcal Infections (STAPH-2023)	27.02.2023	HE
Midtnorsk senter for sepsisforskning seminar	06.03.2023	CGÅ
Regional fagdag i persontilpasset medisin i Helse Midt - Norge	17.03.2023	CGÅ, TGR, AMT
33rd ECCMID (European congress of clinical microbiology and infectious diseases), København	15.04.2023	TGR
Applied Bioinformatics & Public Health Microbiology (virtuell deltakelse)	03.05.2023	CGÅ
NordicAST workshop, Malmø	08.05.2023	HE, KSS
Virtuell konferanse Applied Bioinformatics and Public Health Microbiology (virtuell deltakelse)	09.06.2023	CGÅ
ESCMID Postgraduate Technical Workshop, Lausanne Sveits	12.06.2023	AMT
Møte regissert av FHI. Overvåkingsforum nr. 2. Referanselaboratoriernes bidrag til overvåking	16.06.2023	HE
ECDC Training programme in genomic epidemiology and public health bioinformatics (virtuelt)	04.09.2023	LCO, AMT, TGR
ECDC training program in AMR. København	20.11.2023	LCO
Fagdag i persontilpasset medisin i Helse Midt - Norge	21.11.2023	CGÅ, TGR, AMT
Deltagermøte for NORM Gardermoen onsdag 29. november 2023	29.11.2023	KSS, HE
Nasjonal AMRHAI-konferanse på Gardermoen onsdag 29. november 2023	29.11.2023	KSS, HE
Norwegian Consortium for Microbial Genomics Meeting (virtuell deltakelse)	07.12.2023	CGÅ, AMT

Arrangør av kurs/møter

- MRSA referansegruppemøte 2023 (MRSA Reflab). HE, TGR, KSS, CGÅ, AMT.
- Vårmøtet i mikrobiologi, 1-2 juni. HE.
- Norwegian Consortium for Microbial Genomics Meeting. (NCMG). LCO.

Undervisning eksternt

- Resistens hos gule stafylokokker (AFA-kurs). HE.
- Mobile genetic elements. MOL3023 Molekylær Mikrobiologi kurs (NTNU). CGÅ.

Studier/prosjekter

Egeninitierte

- Annerledeslandet Norge: 10 års overvåking av MRSA i Norge.
- Meticillinresistente *S. argenteus* i Norge.
- Karakterisering av multiresistente MRSA i Norge.

Samarbeidsprosjekter

- MRSA utbrudd Nyfødt Intensiv, UNN Tromsø 2016 - utbruddsoppløsing og langtidsoppfølging.
- Utbrudd av meticillinresistente *S. lugdunensis* ved SUS.
- Host-pathogen interactions in *S. aureus* sepsis (Midtnorsk senter for sepsisforskning).

Veiledning

- **Masteroppgave:** Molecular characterization and whole genome epidemiology of *Staphylococcus aureus* strains. Nora Berg Blomseth. CGÅ, Jan Egil Afset veiledere.
- **PhD:** Towards precision medicine in *Staphylococcus aureus* sepsis: influence of bacterial characteristics on clinical outcome, metastatic infections and relapse. Ingvild Haugan. CGÅ medveileder.
- **Bachelor:** Evaluering av metoder for vekst, påvisning og screening av meticillinresistente *Staphylococcus argenteus*. Iben Jenny Almås Hundseth og Hedda Holstad Garberg. TGR og CGÅ veiledere.

Søknader/godkjenninger

Etiske/personvern godkjenninger

- REK: Endring i prosjektperiode for Annerledeslandet Norge: 10 års overvåking av MRSA i Norge. *Godkjent*.
- Helsedata.no: Endring i prosjektperiode for Annerledeslandet Norge: 10 års overvåking av MRSA i Norge. *Godkjent*.
- DPIA: Meticillinresistente *S. argenteus* i Norge. *Godkjent*.

Utlevering av data

- Helsedata.no: tilgang til MSIS data for Meticillinresistente *S. argenteus*. *Godkjent*.

Forskningsmidler

- Interne midler LMK: Nye molekylære mekanismer for økt toleranse og resistens mot betalaktam-antibiotika hos *S. aureus*. TGR, HE, CGÅ. *Innvilget*.

Nyhetsbrev

- Nyhetsbrev fra MRSA referanselaboratorium. Juni 2023. KSS, HE.

Nettverk

- "Nasjonal mikrobiologisk overvåkningsdatabase" (Nasjonalt kompetansenettverk innen persontilpasset medisin). CGÅ
- Norwegian Consortium for Microbial Genomics (NCMG). LCO.
- ESCMID Study Group for Epidemiological Markers (ESGEM). CGÅ
- ESCMID Study Group for Staphylococci and Staphylococcal Diseases (ESGS). CGÅ