

## SURVEILLANCE VAN CPE IN NOORD NEDERLAND

---

### 1. DOELSTELLING

Het doel is om een surveillance systeem voor CPE stammen in de regio op te bouwen primair gericht op de belangrijke taak in de patiënten zorg: het beschermen van patiënten tegen circulerende CPEs in ziekenhuizen. In een database met whole genome sequence data gecombineerd met epidemiologisch gegevens worden nieuw ingezonden isolaten vergeleken tegen met andere CPE isolaten uit onze regio. De diagnostiek, analyse en rapportage is gestandaardiseerd en van hoogwaardige kwaliteit, en de termijn van rapportage dient tijdig (<2 weken) te zijn, zodat infectiepreventie maatregelen in een vroegtijdig stadium van een eventuele uitbraak kunnen plaatsvinden. Hierdoor zal dit surveillance systeem bijdragen aan de patiëntveiligheid van ziekenhuizen in onze Health-care regio Noord-Nederland.

### 2. SELECTIE VAN STAMMEN HET IN KAART

*E coli* of *Klebsiella spp* met een e-test MIC voor meropenem  $\geq 0.25$  mg/L of voor imipenem  $> 1$  mg/L kunnen worden ingestuurd. Andere Enterobacteriaceae, of carbapenemase producerende Acinetobacter baumannii-groep (CRAB), alleen bij hoge epidemiologische verdenking (buitenlandse opname  $< 1$  jaar of contactonderzoek CPE), phenotypische of genotypische bevestiging van CPE in het eigen lab, of in overleg met Erik Bathoorn o.b.v. een sterk verdacht antibiogram. Graag 1 isolaat van dezelfde species per patiënt per jaar insturen. Indien een patiënt meerdere verschillende verdachte species bij zich draagt, of dezelfde species met verschillende carbapenemase genen, kunnen deze allen ingestuurd worden.

### 3. PROTOCOL VAN OPSTUREN EN MEE TE STUREN META-DATA

Verdachte stammen worden bij voorkeur op plaat opgestuurd naar het UMCG ter attentie van:

Moleculaire unit /Dr. John Rossen  
Department of Medical Microbiology  
University Medical Center Groningen  
**Mailcode EB80**  
Hanzeplein 1  
9713 GZ Groningen

Voordat de stam wordt opgestuurd dient deze te worden aangemeld met het REMIS-CPE-NGS aanmeldformulier. Dit formulier kan worden gedownload van [http://remis-plus.net/werkgroep\\_ngs.html](http://remis-plus.net/werkgroep_ngs.html) en per e-mail worden verzonden naar:

[ngs@umcg.nl](mailto:ngs@umcg.nl) met in de cc: [john.rossen@gmail.com](mailto:john.rossen@gmail.com)

Graag ook print-out van het aanvraagformulier meesturen met stammen

### 4. WAT WORDT GEANALYSEERD

Van de stammen wordt het hele genoom gesequenced. Hierna zullen de volgende analyses worden uitgevoerd:

1. CgMLST analyse en MLST-type determinatie om te zien of de stam verwant is aan stammen elders in (of buiten de regio) waarvan de genetische data beschikbaar zijn in de REMIS database. De gehanteerde methode wordt in het rapport beschreven.
  2. Detectie van aanwezige resistentiegenen.
  3. Indien noodzakelijk verdere analyses om onbegrepen resistentie te proberen te verklaren en plasmide analyse indien er een verdenking is van plasmideoverdracht.
5. WAT KRIJGT DE INZENDER TERUG
1. Genotypische confirmatie van het carbapenemase gen
  2. Een rapport met daarin vermeld het MLST sequence type van de ingezonden stam.
  3. Een minimum spanning tree met de stam in de context van andere in de database aanwezige stammen (geanonimiseerd). Als er aanwijzingen zijn voor clonale verspreiding wordt tevens de dienstdoende arts-microbioloog telefonisch op de hoogte gesteld.
  4. Een lijst met aanwezige resistentiegenen.
  5. Uitslagen van eventuele verdere analyses.
6. WAT GEBEURD ER VERDER MET DE DATA EN STAMMEN

De stam zal in het UMCG worden opgeslagen en sequentie data wordt bewaard voor vergelijk met toekomstige isolaten. Indien de verkregen data interessant zijn voor verder onderzoek dan wel een publicatie waarborgen zal contact worden opgezocht met het inzendende laboratorium voor overleg. Indien manuscripten worden opgeschreven op populatieniveau zal contact worden gezocht met al de REMIS-laboratoria. De ruwe sequentie data zullen beschikbaar zijn voor het RIVM.