

Studie 20 Virus-Screening bei Kindern unter Therapie einer akuten myeloischen Leukämie

D. Baumgartner¹, R. Ulreich¹, V. Strenger¹, D. Sperl¹, H. Lackner¹, S. Aberle², W. Schwinger¹, P. Sovinz¹, M. Benesch¹, H. Dornbusch¹, C. Urban¹; ¹Universitätsklinik für Kinder- und Jugendheilkunde, Medizinische Universität Graz, Österreich, Graz, Austria, ²Department für Virologie der Medizinischen Universität Wien, Österreich, Graz, Austria.

Hintergrund: Die Behandlung der akuten myeloischen Leukämie (AML) mittels Chemotherapie führt zu erhöhter Infektionsanfälligkeit einschließlich eines erhöhten Risikos für Virusreaktivierungen. Aus diesem Grund wird an unserer Abteilung ein Virus-Screening mittels Polymerasekettenreaktion (PCR) durchgeführt. **Methoden:** In einer retrospektiven monozentrischen Studie analysierten wir 23 pädiatrische Patienten, die im Zeitraum von 2001 bis 2011 aufgrund einer AML therapiert wurden (Durchschnittsalter bei Diagnosestellung: 0,5–17 a, Median: 12 a). Das Screening mittels PCR auf Adenovirus, Cytomegalievirus, Epstein-Barr-Virus, Humanes-Herpes-Virus 6, Parvovirus B19, Varizella-Zoster-Virus wurde initial intermittierend und zuletzt wöchentlich während der gesamten stationären Therapie durchgeführt. Um zwischen Erstinfektion und Reaktivierung zu differenzieren, wurde – sofern verfügbar – die initiale Serologie vor dem ersten Therapieblock und vor Immunglobulinsubstitution analysiert. **Ergebnisse:** Bei 19 (82,6 %) von 23 Patienten wurden in Summe 42 Reaktivierungen/Erstinfektionen diagnostiziert. 10 (91,0 %) der 11 Patienten die einer Stammzellentransplantation (SZT, allogene – n=10, autologe – n=1) unterzogen wurden, zeigten Reaktivierungen und/oder Erstinfektionen. Weitere Details siehe Tabelle, 1. **Fazit:** Virusreaktivierungen bzw. -erstinfektionen werden bei pädiatrischen Patienten

unter AML-Therapie häufig beobachtet. EBV und HHV-6 konnten bei jeweils knapp 50 %, PVB19 bei einem Drittel und ADV und CMV bei jeweils >20% der Patienten nachgewiesen werden. Ein regelmäßiges Virus-Screening könnte bei der Früherkennung infektiöser Komplikationen und der Entscheidung zur präemptiven Therapie hilfreich sein.

Studie 21 First Reported Transmission of NDM producing Klebsiella pneumoniae in an Austrian Hospital

P. Apfalter¹, R. Hartl¹, H. Kerschner¹, R. Gatringer¹, S. Widhalm¹, W. Prona², K. Silberbauer²; ¹analyse BioLab, National Reference Center for Nosocomial Infections and Antimicrobial Resistance (NRZ), Elisabethinen Hospital, Linz, Austria, ²Barmherzige Brüder Hospital, Eisenstadt, Austria.

Objectives: Two carbapenem resistant K. pneumoniae strains were isolated from urine of inpatients A and B in an Austrian hospital. Three months later K. pneumoniae of the same phenotype was isolated from the urine of patient C. We report the characteristics of the isolate and the actions taken to identify the possible outbreak source. **Results:** At the NRZ the isolates were confirmed as K. pneumoniae carrying blaNDM, blaCTX-M1, blaSHV-like and blaTEM-like. Infection-control measures were intensified and an extensive screening program was started. Samples of eight Indian healthcare workers were negative for carbapenemase producing Enterobacteriaceae (CPE). All three patients had been admitted to one ward at the same time, even though NDM in patient C was detected only 3 months later on readmission. Additionally, a fourth patient D was identified, who had been transferred from an Indian hospital. This patient D shared a room with patient A and was the preceding patient in the bed then used for patient B. Patient D was called up for CPE

screening but NDM/CPE colonization was not detected. No other persons colonized with NDM were identified. Clonality of the strains was confirmed by PFGE. Conclusion: We consider patient D as the most likely source of the outbreak since she might have lost the NDM-strain, as is described for ESBL carriage. Our report supports the necessity for low prevalence countries like Austria to explore patients' history and in case of risk factors isolate and screen for colonization of CPE as recommended (www.referenz-zentrum.at).

Studie 22 Verringerung von Antibiotikaresistenzen mit zeitaktuellen und lokalisierten Resistenzinformationen

P. Meng¹, K. Fehrer², A. Blacky³, A. Rappelsberger^{1,2}, J. S. de Bruin¹, K. Adlassnig^{1,2}; ¹Institut für Medizinische Experten- und Wissensbasierte Systeme, Medizinische Universität Wien, Wien, Austria, ²Medexter Healthcare GmbH, Wien, Austria, ³Klinisches Institut für Krankenhaushygiene, Allgemeines Krankenhaus Wien, Wien, Austria.

Antibiotikaresistenzen sind weltweit im Steigen begriffen. Trotz dem Arsenal an verfügbaren Antibiotika kommt es zum Auftreten unbehandelbarer Infektionen. Abgesehen von den gewaltigen Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit stellt die aktuelle Resistenzlage auch eine enorme finanzielle Last dar. Zahlreiche Experten sind sich einig, dass ein Vorgehen auf verschiedenen Ebenen nötig ist, um in dieser Situation wieder Oberhand zu gewinnen. Eine dieser Ebenen stellt die Verteilung der notwendigen Informationen an die behandelnden Ärztinnen und Ärzte dar, um die empirische Antibiotikatherapie mit verlässlichen Daten zu untermauern. Derzeit erfolgt dies mittels gedruckter Resistenztabellen sowie einem jährlich veröffentlichten Bericht des Gesundheitsministeriums. Unter der Verwendung neuer Technologien, zusammengefasst unter den Begriffen „Health 2.0“ und „mobile health“, wurde eine Software mit dem Namen „qRe“ entwickelt, welche die aktuellsten Resistenzinformationen für den Standort des Benutzers/der Benutzerin selektiert und diese in tabellarischer Form darstellt. Die Software ist verfügbar für Android Smartphones sowie als Internetapplikation für alle anderen Plattformen. Das Programm wurde hinsichtlich der Bedienbarkeit evaluiert und von den Testpersonen wurde ein positives Zeugnis ausgestellt. Die Datenqualität wurde ebenso überprüft, um die klinische Sicherheit der dargestellten Daten zu gewährleisten. Wir erwarten, dass qRe einen substanziellen Beitrag leisten wird, bestehende Antibiotikaresistenzen zu minimieren und neu auftretende schneller zu kontrollieren.

Studie 23 Molecular characterization of Staphylococcus aureus from Cystic Fibrosis Patients

L. Masoud-Landgraf, A. Badura, G. Feierl, G. Zarfel, J. Luxner, U. Wagner, A. Grisold, E. Marth; Institute of Hygiene, Microbiology and Environmental Medicine, Medical University Graz, Austria, 8010 Graz, Austria.

Cystic fibrosis (CF) is caused by a mutation in a gene that encodes cystic fibrosis transmembrane conductance regulator (CFTR) protein. The ge-

netic defect of the CFTR molecule results in several clinical symptoms, in particular gastrointestinal and pulmonary problems including chronic inflammation, fibrosis, and recurrent chronic infections with several bacterial species. Staphylococcus aureus (S. aureus) is the most prevalent pathogen. We analyzed the first S. aureus isolates from 20 CF patients collected in the routine microbiology laboratory of the Medical University of Graz. Two isolates of different resistance phenotype were included from one patient. In total 21 isolates were analysed originating from sputa (n=17), throat-smear (n=2), and bronchoalveolar lavage (BAL) (n=2). All isolates were tested for species identification by the VITEK 2 (bioMérieux, Marcy l'Etoile, France) or by MALDI-TOF MS Axima™ Assurance (Shimadzu, Japan). S. aureus isolates were characterised by the Identibac S. aureus bacterial genotyping system (Identibac, Surrey, UK, StaphyType by Alere Technologies GmbH, Jena, Germany). This microarray system covers 334 targets. It detects the presence of genes encoding antimicrobial resistance and various virulence factors, of S. aureus. There was no epidemiological relationship between cases apparent. When compared by spa typing, a total of 20 unrelated types of S. aureus were found. The microarray results are shown in Table 1 and Table 2. Our data provide evidence of the diversity of the clones among CF patients. We thus conclude that there is an extremely low risk for patients with CF to acquire S. aureus from other patients in our centre.

Studie 24 Sensitivity of Galactomannan Enzyme Immunoassay for Diagnosing Breakthrough Invasive Aspergillosis under Antifungal Prophylaxis and Empirical Therapy

M. Hoening¹, K. Seeber¹, C. Koidl², W. Buzina², V. Strenger², W. Duettmann¹, J. Wagner¹, A. Wöfler², R. Krause¹; ¹Medical University of Graz, Section of Infectious Diseases, Graz, Austria, ²Medical University of Graz, Graz, Austria.

Background: Data on diagnostic performance of Galactomannan (GM) testing in patients under mould-active regimens is limited. Whether sensitivity of GM testing for diagnosing breakthrough invasive aspergillosis (IA) is decreased under antifungal prophylaxis/therapy remains therefore a point of discussion. **Methods:** We retrospectively analyzed GM test results in patients who were admitted with underlying haematologic malignancies to two Divisions of the Medical University Hospital of Graz, Austria, between 2009 and 2012. Only cases of probable and proven IMI that were diagnosed by other methods than GM testing were included (time of diagnosis = day 0). We

Tabelle zu Studie 20

	ADV	CMV	EBV	HHV-6	PVB19	VZV
Screening	100%	100%	100%	100%	100%	100%
PCR	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Erstinfektion	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Reaktivierung	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Erstinfektion/Reaktivierung	100%	100%	100%	100%	100%	100%

7. ÖSTERREICHISCHER INFEKTIONSKONGRESS

A close-up photograph of a petri dish containing a bacterial culture. The culture is visible as dark, streaked lines on a light blue agar surface. The petri dish is slightly out of focus, with the background being a soft, light blue.

NOSOKOMIALE INFEKTIONEN
10. bis 13. April 2013 | Brandlhof | Saalfelden

Hotel Gut Brandlhof, Saalfelden

Information & Anmeldung: www.oegit.eu

P R O G R A M M