

รู้จักกับโปรแกรม AMASS version 3

โปรแกรม AMASS ใน version 3 นี้เพิ่มการรายงานส่วน Annex C: Cluster signals (วิเคราะห์การระบาด) ของแต่ละหอผู้ป่วยในโรงพยาบาล โดยผู้ใช้ต้องสร้าง dictionary for wards จากข้อมูลหอผู้ป่วย (wards) ที่มีอยู่ในไฟล์ข้อมูลจุลชีววิทยา (ซึ่งสามารถศึกษาวิธีการสร้าง สร้าง dictionary for wards เพิ่มเติมได้จาก manual_AMASS3.0_dictward_TH ลิงก์: <https://figshare.com/s/db37ce21b5ee107cea00>)

Annex C: Cluster signals หน้า 43

คือ รายงานสัญญาณการระบาดของเชื้อดื้อยาที่มีอุบัติการณ์ของเชื้อดื้อยาภายในโรงพยาบาลในช่วงเวลาดังกล่าวสูงกว่าอุบัติการณ์พื้นฐาน (baseline) ด้วยโปรแกรม SaTScan¹ โดยรายงานนี้จะประกอบด้วยผลการวิเคราะห์สัญญาณการระบาดของเชื้อดื้อยาในสิ่งส่งตรวจที่เป็นเลือด (blood specimen model) และสิ่งส่งตรวจทางคลินิกทั้งหมด (all specimen model) ของผู้ป่วยที่เข้านอนโรงพยาบาล และพบเชื้อดื้อยาจากสิ่งส่งตรวจที่เก็บ (specimen collection date) หลังจากเข้านอนโรงพยาบาลมากกว่า 2 วันปฏิทิน (hospital origin [HO] infection)

เชื้อดื้อยาที่วิเคราะห์ในรายงานได้แก่

- Methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA)
- Vancomycin-resistant *E. faecalis* (VREfs)
- Vancomycin-resistant *E. faecium* (VREfm)
- Carbapenem-resistant *E. coli* (CREC)
- Carbapenem-resistant *K. pneumoniae* (CRKP)
- Carbapenem-resistant *P. aeruginosa* (CRPA)
- Carbapenem-resistant *A. baumannii* (CRAB)

¹ SaTScan (Software for the spatial, temporal, and space-time scan statistics) คือ โปรแกรมสำหรับการวิเคราะห์การระบาดในช่วงเวลาหนึ่ง ในตำแหน่งหรือสถานที่หนึ่ง ที่เพิ่มขึ้นอย่างมีนัยสำคัญด้วยการคำนวณทางสถิติ เมื่อเทียบกับอุบัติการณ์พื้นฐานโดยอาศัยข้อมูลของตำแหน่งและช่วงเวลาของการพบเชื้อ

คำศัพท์ที่จำเป็นต้องรู้

1. Antimicrobial resistance (AMR) profiles

หมายถึง รูปแบบความไวของยาปฏิชีวนะต่าง ๆ ของเชื้อที่ตรวจพบในผู้ป่วย ดังแสดงในตัวอย่างรูปภาพที่ 1

Profile ID	Tigecycline	Minocycline	Gentamicin	Amikacin	Imipenem	Meropenem	Doripenem	Collistin	Piperacillin/tazobactam	Cefoperazone/sulbactam	No. of patients
profile_CRAB_2	-	-	R	-	-	R	-	-	-	-	34
profile_CRAB_4	-	-	S	-	-	R	-	-	-	-	5
profile_CRAB_1	-	-	R	-	-	I	-	-	-	-	4
profile_CRAB_3	-	-	S	-	-	ND	-	-	-	-	1
Total	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	44

รูปภาพที่ 1 ตัวอย่าง AMR profiles สำหรับเชื้อ CRAB ที่พบในสิ่งส่งตรวจเลือด

จากรูปจะเห็นว่าพบรูปแบบความไวของเชื้ออยู่ด้วยกันทั้งหมด 4 profile โดยพบ profile_CRAB_2 มากที่สุดคือ 34 patient number

เงื่อนไขการนำข้อมูลความไวของยาปฏิชีวนะมาคำนวณใน AMR profiles ในรายงาน Annex C ประกอบด้วย

- ข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลจุลชีววิทยาที่ผ่านการทำ de-duplicates และมีผลการทดสอบความไวของยา (AST) **มากกว่า 90%** ของจำนวน isolate ที่พบทั้งหมดในสิ่งส่งตรวจเลือด (หรือสิ่งส่งตรวจทั้งหมด) ของเชื้อชนิดนั้น สำหรับยาที่มีการนำข้อมูลมาคำนวณใน AMR profiles กรณีที่เชื้อไม่มีข้อมูลการทดสอบความไวต่อยานั้นๆ รายงานจะแสดงผลเป็น ND “Not Done”
- ข้อมูลต้องมีความหลากหลายของรูปแบบผลการทดสอบความไวยา (AST) ทั้งที่เป็น R, I, หรือ S **มากกว่า 1 รูปแบบ** ในยาชนิดนั้น ๆ ($0.1\% \leq R \text{ หรือ } S \leq 99.9\%$ ของจำนวนการทดสอบความไวในยาชนิดนั้น) เนื่องด้วยยาปฏิชีวนะที่มีรูปแบบผลทดสอบเพียงชนิดเดียว เช่น S 100% จะไม่มีประโยชน์ในการจำแนกรูปแบบความไวของยาปฏิชีวนะ

โดยข้อมูลทดสอบความไวในไฟล์ข้อมูลจุลชีววิทยาที่จะนำมาสร้าง AMR profiles นั้น ต้องเป็นไปตามเงื่อนไขทั้ง 2 ข้อ

2. Cluster ใน Annex C: Cluster signals

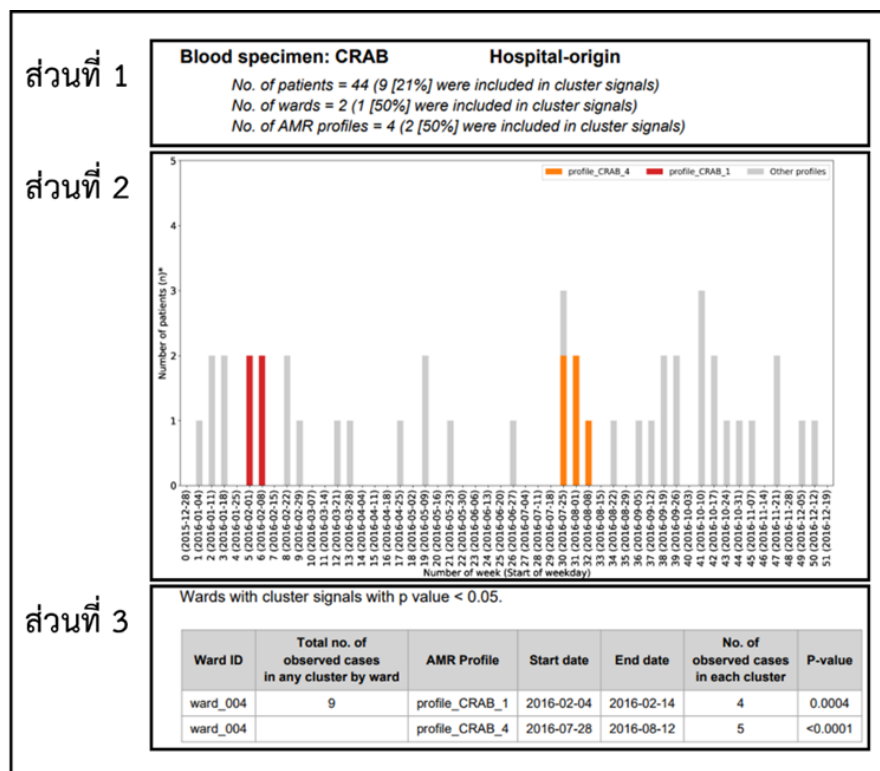
หมายถึง กลุ่มของผู้ป่วยจากเชื้อดื้อยาที่พบในหอผู้ป่วยเดียวกันและมี AMR profile เหมือนกัน โดยถูกพบมากในช่วงเวลาหนึ่งอย่างมีนัยสำคัญ ($p \text{ value} < 0.05$) เมื่อเทียบกับอุบัติการณ์พื้นฐานในหอผู้ป่วยนั้น ๆ ด้วยโปรแกรม SaTScan

*** คำเตือน โปรดทราบว่า Cluster signals ที่คำนวณได้จากโปรแกรม SaTScan นั้นเป็นแค่ค่าคำนวณตามหลักสถิติ มีความไวและความจำเพาะในระดับหนึ่ง (มี alpha และ beta error ได้) มากน้อยขึ้นอยู่กับ ขนาดและความถูกต้องของข้อมูล, diagnostic stewardship, model setting, และปัจจัยอื่นๆ ไม่ใช่ gold standard ซึ่งหมายความว่า

(a) outbreak หรือการระบาดที่แท้จริง อาจไม่ถูกแสดง ด้วย SaTScan และ (b) cluster signal ที่ $p < 0.05$ ที่แสดงโดย SaTScan อาจไม่ใช่ outbreak หรือการระบาดที่แท้จริงก็ได้

การอ่านรายงาน Annex C: Cluster signals

รายงาน Annex C: Cluster signals จะเริ่มที่หน้า 43 ของรายงานจากโปรแกรม AMASSv3.0 โดยจะแสดงผลการวิเคราะห์ SaTScan ของเชื้อดื้อยาแต่ละชนิดในสิ่งส่งตรวจที่เป็นเลือด (blood specimen model) และสิ่งส่งตรวจทางคลินิกทั้งหมด (all specimen model) ผลการวิเคราะห์ของเชื้อดื้อยาในสิ่งส่งตรวจจะประกอบด้วยรายละเอียด ดังนี้



รูปภาพที่ 2 ตัวอย่างรายงาน Annex C สำหรับเชื้อ CRAB ที่พบในสิ่งส่งตรวจเลือด

ส่วนที่	คำอธิบาย
ส่วนที่ 1	ภาพรวมของจำนวนผู้ป่วยเชื้อดื้อยา จำนวนหอผู้ป่วย และจำนวนรูปแบบความไวของยาปฏิชีวนะชนิดต่าง ๆ (AMR profiles) ที่ตรวจพบในผู้ป่วยและสิ่งส่งตรวจจากเลือด (หรือสิ่งส่งตรวจทางคลินิกทั้งหมด) ต่อเชื่อนั้น ๆ ดังตัวอย่าง รูปภาพที่ 2 ส่วนที่ 1 มีจำนวนผู้ป่วยทั้งหมด 44 คนจากหอผู้ป่วยจำนวน 2 หอที่พบเชื้อดื้อยา CRAB ในเลือดหลังจากเข้านอนโรงพยาบาลมากกว่า 2 วัน และมีรูปแบบ AMR profiles ที่แตกต่างกัน 4 แบบ โดยผลในวงเล็บแสดงให้เห็นว่า ผู้ป่วยที่พบ CRAB จำนวน 9 คน จาก 44 คน (คิดเป็น 21% ของจำนวนผู้ป่วยที่พบ CRAB ทั้งหมด) อยู่ในช่วงที่มีสัญญาณของการระบาดของ CRAB (Cluster signals of HO CRAB BSI)

ส่วนที่	คำอธิบาย
	โดยผู้ป่วยทั้ง 9 คน มาจากหอผู้ป่วยเดียวกัน (ward_004) แต่มีรูปแบบการดื้อยาที่แตกต่างกัน 2 รูปแบบ (profile_CRAB_1 และ profile_CRAB_4)
ส่วนที่ 2	<p>กราฟแท่งแสดง จำนวนผู้ป่วย (number of patients) ที่พบในแต่ละสัปดาห์ (Number of week) โดยความสูงของกราฟแท่ง คือ จำนวนผู้ป่วยเชื้อดื้อยาซึ่งมีรูปแบบ AMR profiles ต่าง ๆ และ สีของกราฟแต่ละสี (เช่น สีแดงและสีส้ม) คือ สีของรูปแบบ AMR profiles ที่พบ cluster ($p \text{ value} < 0.05$) ในหอผู้ป่วย ซึ่งวิเคราะห์โดย SaTScan ในกรณีที่ สีของกราฟแท่งเป็นสีเทา หมายถึงพบรูปแบบ AMR profiles รูปแบบอื่น ๆ ที่ไม่นับรวมอยู่ใน cluster</p> <p>ดังตัวอย่าง รูปภาพที่ 2 กราฟแสดงจำนวนผู้ป่วยเชื้อดื้อยาและช่วงเวลา ประกอบด้วยสีกราฟแท่งของ AMR profiles จำนวน 3 สี ได้แก่ สีแดง สีส้ม และสีเทา แสดงให้เห็นว่ามีรูปแบบของ AMR profiles ที่แตกต่างกันอย่างน้อย 3 รูปแบบที่พบในผู้ป่วยเชื้อดื้อยา CRAB ตลอดช่วงเวลาที่ศึกษา และมีรูปแบบของ AMR profiles 2 รูปแบบ ได้แก่ profile_CRAB_1 (สีแดง) และ profile_CRAB_4 (สีส้ม) ที่มีแนวโน้มเป็นสัญญาณการระบาดของ CRAB ในช่วงเวลาดังกล่าว ใน ward ดังกล่าว</p>
ส่วนที่ 3	<p>ตารางแสดงรายละเอียดของ cluster ซึ่งวิเคราะห์โดย SaTScan มีการแสดงข้อมูลดังนี้</p> <ul style="list-style-type: none"> ● คอลัมน์ที่ 1 รหัสหอผู้ป่วย (Ward ID) ● คอลัมน์ที่ 2 จำนวนผู้ป่วยจาก cluster อื่น ๆ ภายใต้รหัสหอผู้ป่วยเดียวกัน (Total no. of observed cases in any cluster by ward) <p>ดังตัวอย่าง รูปภาพที่ 2 พบว่าทั้ง 2 clusters อยู่ในหอผู้ป่วยเดียวกัน (ward_004) มีจำนวนผู้ป่วย 4 และ 5 คน ตามลำดับ ดังนั้น จำนวนผู้ป่วยจากทุก cluster ที่อยู่ในรหัสหอผู้ป่วยเดียวกัน (ward_004) คือ $4+5 = 9$ คน</p> <ul style="list-style-type: none"> ● คอลัมน์ที่ 3 รหัสของรูปแบบความไวของยาปฏิชีวนะชนิดต่าง ๆ ต่อเชื้อ ที่ตรวจพบในผู้ป่วย (AMR profiles) ● คอลัมน์ที่ 4 วันที่เริ่มต้นของการตรวจพบสัญญาณ cluster (Start date) ● คอลัมน์ที่ 5 วันสิ้นสุดของการตรวจพบสัญญาณ cluster (End date) ● คอลัมน์ที่ 6 จำนวนผู้ป่วยของ cluster นั้น (No. of observed cases in each cluster) ● คอลัมน์ที่ 7 P-value

คำอธิบายเพิ่มเติมจาก Annex C : ไฟล์ Supplementary_report_for_Annex_C

คือไฟล์ที่อธิบายรายละเอียดของ Cluster แต่ละ Cluster ที่ SaTScan ตรวจจับได้ ซึ่งไฟล์รายงานจะอยู่ในโฟลเดอร์ Report_with_patient_identifiers (รูปภาพที่ 3) โดยจะปรากฏหลังโปรแกรมรันเสร็จสิ้น โดยมีรายละเอียดดังนี้



รูปภาพที่ 3 แสดงโฟลเดอร์ที่บันทึกไฟล์ Supplementary_report_for_Annex_C

ส่วนที่ 1

Blood specimen: CRAB	
Baseline information	
No. of patients =	44
No. of wards =	2
No. of AMR profiles =	4

ส่วนที่ 2

List of profiles											
Profile ID	Tigecycline	Minocycline	Gentamicin	Amikacin	Imipenem	Meropenem	Doripenem	Colistin	Piperacillin/tazobactam	Cefoperazone/sulbactam	No. of patients
profile_CRAB_2	-	-	R	-	-	R	-	-	-	-	34
profile_CRAB_3	-	-	S	-	-	R	-	-	-	-	5
profile_CRAB_1	-	-	R	-	-	I	-	-	-	-	4
profile_CRAB_4	-	-	S	-	-	S	-	-	-	-	1
Total	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	44

รูปภาพที่ 4 ตัวอย่างข้อมูล AMR profiles สำหรับเชื้อ CRAB ที่พบในสิ่งส่งตรวจเลือด

ส่วนที่	คำอธิบาย
ส่วนที่ 1	<p>Baseline information</p> <p>แสดงจำนวนผู้ป่วยเชื้อดื้อยา จำนวนหอผู้ป่วย และจำนวนรูปแบบความไวของยาปฏิชีวนะชนิดต่าง ๆ (AMR profiles) ที่ตรวจพบในผู้ป่วยและสิ่งส่งตรวจจากเลือด (หรือสิ่งส่งตรวจทางคลินิกทั้งหมด) ต่อเชื้อนั้น ๆ</p> <p>ดังตัวอย่าง รูปภาพที่ 4 มีจำนวนผู้ป่วย CRAB จากสิ่งส่งตรวจเลือด จำนวน 44 คน จากหอผู้ป่วยจำนวน 2 หอผู้ป่วยและมีรูปแบบ AMR profiles ที่แตกต่างกันทั้งหมด 4 รูปแบบ</p>
ส่วนที่ 2	<p>ตารางข้อมูล AMR profiles (List of profiles)</p> <p>แสดงรายละเอียดของรูปแบบความไวของยาปฏิชีวนะชนิดต่าง ๆ และจำนวนผู้ป่วยที่พบในสิ่งส่งตรวจของเชื้อดื้อยา ลำดับการแสดงผลเรียงตามจำนวนผู้ป่วยที่พบมากที่สุดถึงน้อยที่สุด</p> <p>ดังตัวอย่าง รูปภาพที่ 4 แสดงว่าจำนวนผู้ป่วย CRAB 44 คน มี AMR profiles ทั้งหมด 4 profiles โดย AMR profiles ที่พบสูงสุด คือ profile_CRAB_2 และ ยาที่ใช้สร้าง AMR profiles ได้แก่ ยา Gentamicin และ Meropenem ที่ผ่านเงื่อนไขการสร้าง AMR profiles (รายละเอียดวิธีการสร้าง AMR profiles สามารถอ่านเพิ่มเติมได้ที่หน้า 2 หัวข้อ คำศัพท์ที่จำเป็นต้องรู้) โดยการแสดงผลความไวของยาปฏิชีวนะจะมีทั้งหมด 5 รูปแบบ² ได้แก่ R, I, S, ND และ -</p>

Blood specimen: CRAB

ส่วนที่ 3

List of ward	
Ward ID	No. of patients
ward_004	43
ward_001	1
Total	44

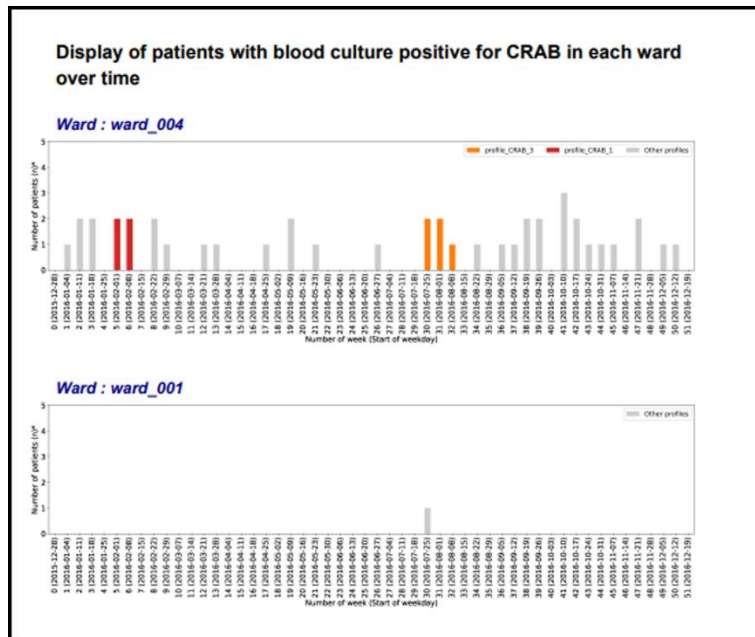
รูปภาพที่ 5 ตัวอย่างข้อมูลหอผู้ป่วย สำหรับเชื้อ CRAB ที่พบในสิ่งส่งตรวจเลือด

ส่วนที่	คำอธิบาย
ส่วนที่ 3	<p>ตารางข้อมูลหอผู้ป่วย (List of ward)</p> <p>แสดงจำนวนผู้ป่วยเชื้อดื้อยาที่พบในแต่ละหอผู้ป่วย เรียงลำดับจากรหัสหอผู้ป่วยที่พบผู้ป่วยเชื้อดื้อยามากสุดไปน้อยที่สุด</p> <p>ดังตัวอย่าง รูปภาพที่ 5 แสดงหอผู้ป่วยที่พบ CRAB ในเลือดจำนวน 2 หอผู้ป่วย ได้แก่ ward_004 และ ward_001 และพบว่ามีจำนวนผู้ป่วย 43 และ 1 คน ตามลำดับ</p>

² ผลความไวของยาปฏิชีวนะ แบ่งเป็น 5 รูปแบบ ได้แก่ 1. R หมายถึง isolate ที่มีผล resistant ต่อยาปฏิชีวนะที่ถูกเลือกมาทำ AMR profile, 2. I หมายถึง isolate ที่มีผล intermediate ต่อยาปฏิชีวนะที่ถูกเลือกมาทำ AMR profile, 3. S หมายถึง isolate ที่มีผล susceptible ต่อยาปฏิชีวนะที่ถูกเลือกมาทำ AMR profile, 4. ND (Not done) หมายถึง isolate ของยาปฏิชีวนะที่ถูกเลือกมาทำ AMR profile แต่ไม่ได้ทำการทดสอบความไวของยาปฏิชีวนะ, 5. - (a dash) หมายถึง ยาปฏิชีวนะชนิดนั้นไม่ถูกนำมาคำนวณในการสร้าง AMR profile

ส่วนที่ 4

Blood specimen: CRAB



รูปภาพที่ 6 ตัวอย่างกราฟแสดงจำนวนผู้ป่วยดื้อยา CRAB ในสิ่งส่งตรวจเลือด ในแต่ละสัปดาห์และผลการพบ cluster ในแต่ละ ward ได้แก่ ward_004 และ ward_001

ส่วนที่	คำอธิบาย
ส่วนที่ 4	<p>กราฟแท่งแสดงจำนวนผู้ป่วยในแต่ละสัปดาห์และผลการพบ cluster ในแต่ละ ward เรียงลำดับจาก</p> <ol style="list-style-type: none"> ward ที่พบผู้ป่วยมากที่สุด 3 อันดับแรก ward ที่พบ cluster และมีค่า p-value<0.05 <p>ดังตัวอย่าง รูปภาพที่ 6 กราฟแสดงจำนวนผู้ป่วยเชื้อดื้อยาในแต่ละสัปดาห์ประกอบด้วยสีของ AMR profiles จำนวน 3 สี ได้แก่ สีแดง สีส้ม และสีเทา แสดงให้เห็นว่ามีรูปแบบของ AMR profile อย่างน้อย 2 รูปแบบที่ต่างกันที่พบในผู้ป่วยเชื้อดื้อยา CRAB ตลอดช่วงเวลาที่ศึกษา และมีรูปแบบของ AMR profiles 2 รูปแบบ ได้แก่ profile_CRAB_1 (สีแดง) และ profile_CRAB_3 (สีส้ม) ที่มีแนวโน้มเป็นสัญญาณการระบาดของ CRAB ในช่วงเวลาดังกล่าว</p>

Table S1: List of ward names in your microbiology_data file

ส่วนที่ 5

List of ward	
Ward ID	Ward name
ward_001	male medical ward 1
ward_002	ICU med.
ward_003	male medical ward 2
ward_004	female medical ward
ward_005	female surgery ward
ward_006	male medical ward 3

รูปภาพที่ 7 ตัวอย่างตารางแสดงรายชื่อหอผู้ป่วย (List of ward names) ที่ใช้ในการวิเคราะห์

ส่วนที่	คำอธิบาย
ส่วนที่ 5	ตารางแสดงรายชื่อรหัสและหอผู้ป่วย จากไฟล์ microbiology_data และ dictionary_for_wards ที่ใช้ในการวิเคราะห์ cluster signals โดยเรียงลำดับตาม dictionary_for_wards

คำถามที่มักพบบ่อย

Values for ward used in AMASS	Ward name used in your data files	Ward types	Requirements	Explanations
ward_001			Optional	Please provide
ward_002			Optional	Please provide
ward_003			Optional	Please provide
ward_004			Optional	Please provide
ward_005			Optional	Please provide
ward_006			Optional	Please provide
ward_007			Optional	Please provide
ward_008			Optional	Please provide
ward_009			Optional	Please provide
ward_010			Optional	Please provide

คำถามที่พบบ่อย	คำตอบ
1. dictionary_for_wards.xlsx สามารถใส่ภาษาไทยลงไปได้หรือไม่	สำหรับ ward ID <u>ไม่สามารถใส่ภาษาไทยได้</u> เนื่องจากโปรแกรมวิเคราะห์คลัสเตอร์ SaTScan ไม่รองรับภาษาไทย สำหรับ ward name สามารถใส่ภาษาไทยได้ เพื่อใช้ในการแมทช์กับไฟล์ข้อมูล
2. ถ้าไม่อย่างใช้ ward ID เป็นตัวเลข จะสามารถแก้ไข ward ID ได้หรือไม่	ได้ค่ะ สามารถแก้ไขได้โดยใช้คำขึ้นต้นว่า “ward_” และตามด้วยชื่อที่ต้องการ เป็นตัวอักษรภาษาอังกฤษ พิมพ์ใหญ่ A-Z, พิมพ์เล็ก a-z, ตัวเลข 0-9, หรือ underscore “_” ทั้งนี้จำนวนตัวอักษรที่แนะนำคือ ไม่เกิน 7 ตัวอักษร (ไม่รวมคำว่า “ward_”)
3. dictionary_for_wards.xlsx มี space (“ ”) ได้หรือไม่	สำหรับ ward ID ไม่ควรมี space เช่น ward_med 1 >> space ภายใน ward ID ไม่ควรใช้ ward_med_1 >> แนะนำให้ใช้เครื่องหมาย “_” underscore แทน สำหรับ ward name ควรลบ space ด้านหน้าหรือด้านหลังชื่อ ward แนะนำให้ลบ space ทั้งทั้งในไฟล์ข้อมูลจุลชีววิทยา(microbiology_data.xlsx) และ dictionary_for_wards.xlsx