



Noticias breves

Actualización *Streptococcus pyogenes*

En base a la vigilancia genómica realizada en Argentina a partir de la incorporación de la vigilancia de enfermedad invasiva por *S. pyogenes* (la que supone la notificación de los casos y la derivación de muestras profundas al Laboratorio Nacional de Referencia en el Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas Dr. Carlos G. Malbrán (INEI Malbrán-ANLIS). Se informó de 3 aislamientos correspondientes al clon hipervirulento M1UK (el cual ha tenido una veloz expansión en otros países y se ha relacionado con el incremento de casos de escarlatina e infecciones invasivas) y de un agrupamiento (cluster) de 7 aislamientos de *S. pyogenes* M1 (distinto de M1UK) que han adquirido un elemento genético móvil que codifica para la toxina superantigénica SpeC.

Frente a los resultados, los investigadores **recomendaron intensificar la vigilancia genómica en todo el país**. Esto permitiría “determinar la expansión y prevalencia de las cepas” así como la vigilancia epidemiológica de los casos de infecciones por la bacteria en general.

La cepa M1UK se diferencia de M1 global por 27 polimorfismos de un solo nucleótido cromosómico (SNPs) 2. Hasta ahora Estados Unidos, Canadá, Países Bajos, Dinamarca y Australia han informado la emergencia de este clon virulento exitoso que está desplazando al clon epidémico M1 global 3.

Esos tres aislamientos representan el 8% (3/36) de los aislados de *S. pyogenes* tipo M1 recibidos durante el período 01-01-2022 a 01-07-2023 en el Laboratorio de Referencia.

Con respecto a los otros 7 aislamientos las exotoxinas superantigénicas, referidas generalmente como superantígenos, se han implicado en una serie de manifestaciones clínicas en particular el síndrome de shock tóxico y la escarlatina. Se han identificado numerosos superantígenos en *S. pyogenes*. Varios son codificados por profagos (speA, speC, speH, spel, speK–M y ssa). De éstos, los superantígenos SpeA y SpeC se han relacionado con una mayor aptitud y virulencia de las cepas contemporáneas de *S. pyogenes* que causan la escarlatina y la enfermedad invasiva.

En el marco de esta vigilancia el equipo de genómica del INEI Malbrán-ANLIS se encuentra realizando análisis bioinformáticos sobre el genoma de los aislados de los Tipo M prevalentes para detectar sublinajes que pudiesen haber sufrido mutaciones en la maquinaria génica reguladora de la expresión de factores de virulencia y/o adquirido otros genes de exotoxinas por transferencia horizontal que justificarían el aumento de los casos.

ATENCIÓN: Estos hallazgos no modifican las recomendaciones vigentes referidas al diagnóstico precoz y tratamiento oportuno y adecuado de las

infecciones por *S. pyogenes* con los antibióticos habituales- Importante la notificación- Ver alerta

Referencias

- <https://bancos.salud.gob.ar/recurso/instructivo-para-la-notificacion-de-s-pyogenes-en-el-snvs-20>
- Boletín Epidemiológico Nacional N° 664, SE 31, Año 2023