

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Marzo 2016

March 2016

Vol 2, N°1

Editor Committee: STREP group of SADEBAC (Sociedad Argentina de Bacteriología, Micología y Parasitología Clínicas), Asociación Argentina de Microbiología.

Bonofiglio, Laura

Mollerach, Marta

Gagetti, Paula

Vigliarolo, Laura

Kaufman, Sara

Von Specht, Martha

Lopardo, Horacio

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Marzo 2016

March 2016

Vol 2, N°1

Hypervirulent *emm59* clone in invasive group A streptococcus outbreak, Southwestern United States

Engelthaler DM¹, Valentine M¹, Bowers J¹, Pistole J², Driebe EM¹, Terriquez J³, Nienstadt L³, Carroll M³, Schumacher M⁴, Ormsby ME⁴, Brady S², Livar E², Yazzie D⁵, Waddell V², Peoples M⁴, Komatsu K², Keim P^{1,6}.

1. Translational Genomics Research Institute, Flagstaff, Arizona, USA
2. Arizona Department of Health Services, Phoenix, Arizona, USA
3. Northern Arizona Healthcare, Flagstaff, Arizona, USA
4. Coconino County Public Health Services District, Flagstaff, Arizona, USA
5. Navajo Division of Health, Window Rock, Arizona, USA
6. Northern Arizona University, Flagstaff, Arizona, USA

Emerg Infect Dis 2016; 22: 734-8

Se detectaron varios casos de infecciones invasivas por *Streptococcus pyogenes* en enero de 2015 en un hospital del norte de Arizona. Un porcentaje importante correspondía a personas del sexo masculino y especialmente norteamericanos nativos, presos o en situación de calle. El estudio genómico reveló que 18/29 aislamientos correspondían al subtipo *emm59* previamente no detectado entre 103 casos de infecciones invasivas observadas en Arizona entre 2002 y 2006. El subtipo *emm59* había sido descrito como responsable de un brote de infecciones invasivas en Canadá entre los años 2006 y 2009 donde se reconoció que se trataba de un clon hipervirulento. Se estudiaron los polimorfismos de nucleótidos de *emm59* y se construyó un árbol filogenético en el que se incluyeron cepas de Minnesota, Oregon, New Mexico, Colorado, California y una cepa de referencia del clon canadiense. Los aislamientos de este brote de Arizona presentaron mayor similitud con los de New Mexico y una menor relación con los otros de EE.UU. y con los de Canadá.

Several cases of invasive group A *Streptococcus* disease were detected in January 2015 in a northern Arizona hospital. A substantive percentage of the cases were associated with a homeless shelter and a local jail; outbreak case-patients were predominantly male and Native

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Marzo 2016

March 2016

Vol 2, N°1

American. Genomic studies identified 18/29 isolates as subtype *emm59*, previously not found among 103 cases of invasive infections studied in Arizona between 2002 and 2006. *emm59* subtype was previously described as responsible of an outbreak of invasive infections, between 2006 and 2009, in Canada, where it was recognized as an hypervirulent clone. A phylogenetic single-nucleotide polymorphism tree of *emm59* was built using isolates of Minnesota, Oregon, New Mexico, Colorado, California and on. Canadian clone reference isolate. Arizona isolates presented more similarity with those of New Mexico, while they were not closely related to either others from the EE.UU. or the Canadian isolates.

Molecular Profiles and Antimicrobial Susceptibility of First Isolates of *Streptococcus agalactiae* Serotype IX in Argentina

Margarita Laczeski*, Eduardo Pegels, Patricia Oviedo, Marina Quiroga, Marta Vergara

Department of Microbiology, Bacteriology, Faculty of Exact, Chemical and Natural Sciences, National University of Misiones, Posadas, Argentina.

Advances in Microbiology, 2014; 4: 474-83

Este trabajo, constituye el primer estudio de aislamientos de serotipo IX de *Streptococcus agalactiae* (GBS) en la Argentina. En él se describen las características fenotípicas y genotípicas de virulencia y resistencia de 11 aislamientos de este serotipo provenientes de colonización rectal y vaginal en mujeres embarazadas en Misiones, Argentina.

Siete aislamientos mostraron tres o más de los genes de virulencia estudiados (3 con 5 genes, 3 con 4 genes y 1 con 3 genes). El 63,6% de las cepas presentó los genes *bac*, *bca* y *hylB* y en el 54,5% de ellos se detectaron *lmb* y *rib*. Todos los genes presentaron diferentes combinaciones, con la excepción de una cepa en la que sólo se detectó el gen *rib*. Cinco aislamientos mostraron el gen *ermB*, dos de los cuales también tenían *ermTR* y *mefA*, los que fueron únicamente encontrados en esas cepas. En seis de las cepas estudiadas no se detectaron los genes de resistencia estudiados.

Todos los aislamientos fueron sensibles a eritromicina y clindamicina; sin embargo cinco aislamientos mostraron los genes de resistencia *ermB*, *ermTR* y/o *mefA*.

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Marzo 2016

March 2016

Vol 2, N°1

This work is the first study about isolates of serotype IX of *Streptococcus agalactiae* (GBS) in Argentina. Phenotypic and genotypic characteristics of virulence and resistance were determined in 11 isolates of this serotype. These strains were colonizing the rectal and vaginal tracts of pregnant women from Misiones, Argentina.

Seven isolates showed three or more of the studied virulence genes (3 with 5 genes, 3 with 4 genes and 1 with 3 genes). In 63.6% of the strains the presence of *bac*, *bca* and *hylB* genes were detected, and in 54.5% of them *lmb* and *rib* were found. All genes were detected in different combinations, except for one strain in which only the presence of the *rib* gene was found.

Five isolates showed the *ermB* gene, two of which also had the *ermTR* and *mefA* genes that were found only in those strains.

In six of the studied strains the presence of the resistance genes was not detected. All isolates were sensitive to clindamycin and erythromycin; however five isolates showed macrolide resistance genes: *ermB*, *ermTR* and/or *mefA*.

Population Structure and Antimicrobial Resistance Profiles of *Streptococcus suis* Serotype 2 Sequence Type 25 Strains.

Taryn B. T. Athey¹, Sarah Teatero¹, Daisuke Takamatsu^{2,3}, Jessica Wasserscheid⁴, Ken Dewar⁴, Marcelo Gottschalk⁵, Nahuel Fittipaldi^{1,6*}

1. Public Health Ontario, Toronto, ON, Canada,
2. Bacterial and Parasitic Diseases Research Division, National Institute of Animal Health, National Agriculture and Food Research Organization, Tsukuba, Japan,
3. The United Graduate School of Veterinary Science, Gifu University, Gifu, Japan,
4. Department of Human Genetics, McGill University and Génome Québec Innovation Centre, Montreal, QC, Canada,
5. Groupe de Recherche sur les Maladies Infectieuses du Porc, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, QC, Canada,
6. Department of Laboratory Medicine and Pathobiology, Faculty of Medicine, University of Toronto, Toronto, ON, Canada

PLoS ONE 11(3): e0150908. (doi:10.1371/journal.pone.0150908) Published: March 8, 2016.

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Marzo 2016

March 2016

Vol 2, N°1

Streptococcus suis es responsable de infecciones en el ganado porcino y también en humanos. Se han descrito 35 serotipos, y entre ellos el serotipo 2 ha sido aislado frecuentemente tanto de animales como en humanos. El empleo de la secuenciación de múltiples loci (MLST, por sus siglas en inglés) ha permitido demostrar que las cepas de serotipo 2 pertenecen a diferentes fondos genéticos: este serotipo se ha asociado a 16 secuenciotipos diferentes, siendo ST25 y ST28 los más frecuentes en América del Norte. Sin embargo, poco se sabe acerca de la diversidad genética dentro de cada ST. En este trabajo se utilizó la secuenciación de 51 genomas completos de *S. suis* serotipo 2 pertenecientes al ST25, para evaluar el grado de heterogeneidad dentro de este grupo. Los aislamientos fueron recuperados de cerdos y de humanos enfermos en Canadá, Estados Unidos de América, y Tailandia.

El análisis filogenético permitió detectar claramente 2 clados que se correlacionaron con el origen geográfico, y presentaron además distintos patrones de genes de resistencia asociados con la adquisición de diferentes elementos conjugativos integrativos (ICE, por sus siglas del inglés). Se demostró que la recombinación y la transferencia lateral de genes contribuyen de manera importante a la diversidad genética del ST25. Las conclusiones más relevantes de este trabajo son: a) la técnica de MLST presenta limitaciones para el análisis filogenético de *S. suis* dado que está basada en la secuencia de 7 genes y agrupa finalmente en un mismo ST cepas que poseen extensas variaciones en el resto de su genoma, y b) la transferencia horizontal de genes y la recombinación contribuyen fuertemente a la diversidad y a la evolución de este agente zoonótico y patógeno porcino.

Streptococcus suis is responsible for swine and human infections. Thirty five serotypes have been described, and serotype 2 has been frequently isolated from both animals and humans. Using multilocus sequence typing (MLST), it was demonstrated that serotype 2 *S. suis* strains can be divided into at least 16 different sequence types (STs). Among them, ST25 and ST28 are the most frequent in North America. However, little is known about the genetic diversity within each ST. In this study, the genomes of fifty-one ST25 serotype 2 *S. suis* strains were sequenced to evaluate the degree of heterogeneity within this group. The isolates were recovered from pigs and human patients in Canada, USA, and Thailand.

Phylogenetic analysis identified clearly 2 clades, which could be correlated with the geographic origin, and exhibited different patterns of resistance genes associated with the acquisition of particular integrative conjugative elements (ICE). It was shown that recombination and lateral

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Marzo 2016

Vol 2, N°1

March 2016

gene transfer significantly contribute to the genetic diversity of ST25. The main conclusions of this work are: a) the technique of MLST presents limitations for the phylogenetic analysis of *S. suis* since it is based on the sequence of 7 genes, and finally it includes in a single ST strains possessing large variations in the rest of the genome, b) horizontal gene transfer and recombination strongly contribute to the diversity and evolution of this zoonotic agent and porcine pathogen.