

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Vol 12, N°2

September 2026

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

Comité Editor: Grupo STREP de SADEBAC (Sociedad Argentina de Bacteriología, Micología y Parasitología Clínicas), Asociación Argentina de Microbiología.

Bonofiglio, Laura

Cipolla, Lucía

Gagetti, Paula

García Gabarrot, Gabriela

Lopardo, Horacio

Toresani, Inés

von Specht, Martha

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Vol 12, N°2

September 2026

Ceftobiprole alone versus ampicillin-ceftriaxone against borderline-penicillin-resistant, ampicillin-susceptible, and vancomycin-resistant *Enterococcus faecalis* isolates

Olivia Gladys Funk, Jingyi Li, Ifra Khan, Jaclyn A. Cusumano.

Division of Pharmacy Practice, Arnold and Marie Schwartz College of Pharmacy and Health Sciences, Long Island University, Brooklyn, New York, USA

Antimicrob Agents Chemother. 2026 Jan 7;70(1):e0105025. doi: 10.1128/aac.01050-25

Enterococcus faecalis is the enterococcal species most frequently responsible for infective endocarditis (IE) (90%). Despite the use of recommended treatments, their mortality rates remain at 30%. Penicillin-resistant, ampicillin-susceptible *E. faecalis* (PRASEF) has been associated with worsened clinical outcomes; however, a more common phenotype, borderline-PRASEF [penicillin minimum inhibitory concentration (MIC) 4–8 µg/mL], decreases the activity of ampicillin-ceftriaxone (AMP/CRO) *in vitro*. Ceftobiprole presents a promising alternative against borderline-PRASEF and also has shown activity against vancomycin-resistant *E. faecalis* (VREfs). The ceftobiprole MIC distribution was determined via broth microdilution for 78 *E. faecalis* clinical blood isolates, including 71 borderline-PRASEF. Ceftobiprole activity alone was compared to AMP/CRO via *in vitro* 24-hour time-kill assays against 30 *E. faecalis* isolates, 24 of which were borderline-PRASEF and 15 were VREfs. Ceftobiprole and ceftriaxone were tested at physiologic concentrations and ampicillin at subinhibitory concentrations. Isolates where ceftobiprole alone had limited activity were tested against ceftobiprole-ampicillin. Ceftobiprole maintained activity against borderline-PRASEF compared to AMP/CRO. Ceftobiprole also demonstrated more activity against VREfs isolates and isolates with an elevated ceftobiprole MIC (≥16 µg/mL), compared to AMP/CRO. Ceftobiprole did not achieve ≥2 log₁₀ CFU/mL kill in six isolates but was able to achieve this once combined with ampicillin. When tested at ampicillin inhibitory concentrations, ceftobiprole-ampicillin activity trended towards antagonism in two isolates. Overall, ceftobiprole alone had greater activity compared to AMP/CRO, and there may be a potential role of ceftobiprole combination therapy with ampicillin in certain isolates.

Ceftobiprole solo versus ampicilina-ceftriaxona contra aislados de *Enterococcus faecalis* resistentes en el límite a la penicilina, sensibles a la ampicilina y resistentes a la vancomicina

Enterococcus faecalis es la especie de enterococos más frecuentemente responsable de la endocarditis infecciosa (EI) (90%). A pesar del uso de los tratamientos recomendados contra ella, sus tasas de mortalidad se mantienen en el 30%. *E. faecalis* resistente a la penicilina y sensible a la ampicilina (PRASEF) se ha asociado con peores resultados clínicos; sin embargo, un fenotipo más común, *borderline*-PRASEF [concentración inhibitoria mínima (CIM) de penicilina de 4 a 8 µg/mL], disminuye la actividad de ampicilina-ceftriaxona (AMC/CRO) *in vitro*. Ceftobiprole es una alternativa prometedoras contra *borderline*-PRASEF y también ha demostrado actividad contra *E. faecalis* resistente a la vancomicina (VREfs). La distribución de la CIM de ceftobiprole

se determinó mediante microdilución en caldo para 78 aislamientos clínicos de sangre de *E. faecalis*, incluyendo 71 *borderline*-PRASEF. La actividad de ceftobiprole por sí sola se comparó con la de AMP/CRO mediante ensayos *in vitro* de 24 horas de muerte bacteriana contra 30 aislados de *E. faecalis*, 24 de los cuales eran *borderline*-PRASEF y 15 eran VREfs. Ceftobiprole y ceftriaxona se probaron en concentraciones fisiológicas y ampicilina en concentraciones subinhibitorias. Los aislados donde ceftobiprole por sí solo tenía una actividad limitada se probaron contra ceftobiprole-ampicilina. Ceftobiprole mantuvo la actividad contra *borderline*-PRASEF en comparación con AMP/CRO. Ceftobiprole también demostró una mayor actividad contra VREfs y contra aislados con una CIM elevada de ceftobiprole (≥ 16 µg/mL), en comparación con AMP/CRO. Ceftobiprole no logró una reducción de ≥ 2 log₁₀ UFC/mL en seis aislados, pero sí la logró al combinarse con ampicilina. Al evaluarse con concentraciones inhibitorias de ampicilina, la actividad de la combinación ceftobiprole-ampicilina mostró una tendencia antagónica en dos aislados. En general, ceftobiprole solo presentó mayor actividad que la combinación AMP/CRO, y podría ser útil la terapia combinada con ampicilina en ciertos aislados.

Genomic analysis of *Streptococcus pyogenes* emm1-type isolates reveals M1 UK circulation and a genetically distinct Brazilian sublineage.

Gisele Aparecida Bernardi^{1,2}, Luiza Souza Rodrigues², José Ferreira da Cunha Neto², Geiziane Aparecida Gonçalves², Lavinia Nery Villa Stangler Arend², Sabrina da Conceição Barbosa², Marcelo Pillonetto², Tadayoshi Ikebe³, Yukihiro Akeda³, Norihiko Takemoto⁴, Felipe Francisco Tuon¹

1. Laboratory of Emerging Infectious Diseases. Pontifícia Universidade Católica Do Paraná, Rua Imaculada Conceição, 1155, Curitiba, Paraná 80215-901, Brazil.

2. Laboratório Central Do Estado Do Paraná (LACEN/PR), São José Dos Pinhais, Paraná, Brazil.

3. Department of Bacteriology 1, National Institute of Infectious Diseases, Japan Institute for Health Security (JIHS), Tokyo, Japan.

4. Department of Infectious Diseases, National Institute of Global Health and Medicine, Japan Institute for Health Security (JIHS), 1-21-1, Toyama, Shinjuku-Ku, Tokyo 162-8655, Japan.

Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2026 Jul 28. doi: 10.1007/s10096-026-05608-z.

This study provides the first genomic characterization of invasive group A *Streptococcus* (GAS) in Brazil, conducted after the epidemiological alert issued by the Pan American Health Organization (PAHO) regarding the increase in invasive disease cases and deaths caused by GAS. Whole-genome sequencing was performed on 229 invasive isolates collected between January 2023 and November 2024 from 9 Brazilian states. The main isolation sites of the sequenced

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Vol 12, N°2

September 2026

samples were blood (55.5%), tissue (11.4%) and CSF (8.3%). Thirty-four distinct *emm* types were identified, with *emm1* being the most frequent (52.4%), followed by *emm12* (9.2%) and *emm89* (4.8%). Among the *emm1* isolates (n=103) that could be fully characterized, 14% (n=17) belonged to the highly transmissible M1UK clone (detected in 6 Brazilian states), while 71% (n=73) clustered into a well-supported monophyletic clade (designated Br clade) within the M1global lineage. The Br clade is defined by two characteristic SNPs and by the absence of the *speC* gene; it shows nationwide distribution across multiple states and co-circulates with M1UK in several regions. Isolates belonging to the Br clade were phylogenetically closer to strains from the USA than to those reported from Argentina. These findings confirm that M1UK is already circulating in Brazil but indicate that, unlike the situation observed in many European countries and similarly to what has occurred in Argentina, it has not displaced the local M1global population. The results underscore the need for sustained genomic surveillance to monitor the distribution and epidemiological impact of both lineages.

Análisis genómico de aislamientos de *Streptococcus pyogenes* tipo *emm1* revela la circulación de M1UK y un sublinaje brasileño genéticamente distinto.

Este estudio ofrece la primera caracterización genómica de *Streptococcus* del grupo A (GAS) invasivo en Brasil, realizada tras la alerta epidemiológica emitida por la Organización Panamericana de la Salud (OPS) sobre el aumento de casos de enfermedad invasiva y muertes causadas por GAS. Se secuenció el genoma completo de 229 aislamientos invasivos recolectados entre enero de 2023 y noviembre de 2024 en 9 estados brasileños. Los principales sitios de aislamiento de las muestras secuenciadas fueron sangre (55,5%), tejido (11,4%) y LCR (8,3%). Se identificaron 34 tipos *emm* distintos y *emm1* fue el más frecuente (52,4%), seguido de *emm12* (9,2%) y *emm89* (4,8%). Entre las cepas *emm1* (n=103) que pudieron caracterizarse completamente, el 14% (n=17) correspondió al clon altamente transmisible M1 UK (detectado en 6 estados brasileños), mientras que el 71% (n=73) se agrupó en un clado monofilético con alto soporte (denominado clado Br) dentro del linaje M1 global. El clado Br se define por dos SNP característicos y por carecer del gen *speC*; presenta distribución nacional en múltiples estados y cocircula con M1 UK en varias regiones. Los aislamientos del clado Br se encontraron filogenéticamente más cercanos a cepas de EE.UU. que a las publicadas de Argentina. Estos hallazgos confirman que M1 UK ya circula en Brasil, pero indican que, a diferencia de lo observado en muchos países europeos y al igual que lo ocurrido en Argentina, no ha desplazado a la población local de M1 global. Los resultados subrayan la necesidad de mantener una vigilancia genómica sostenida para monitorear la distribución y el impacto epidemiológico de ambos linajes.

LANCEFIELD STREPTOCOCCAL NEWSLETTER

Vol 12, N°2

September 2026

Clinical characterization of an *emm1*-dominant group A *Streptococcus* outbreak in Chile in the context of the previous 6 years

Gonzalo Valenzuela^{1,2}, Patricia García^{2,3,4}, Juan A. Ugalde^{4,5}, Nicolás Canales^{4,5}, Javiera Jiménez³, Tomás Carrasco⁶, Patricio Ross^{2,7}, Pamela Medina¹, Carolina Núñez^{2,7}, Aniela Wozniak^{2,3,4}.

1. Department of Pediatric Infectious Diseases and Immunology, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
2. Red de Salud UC CHRISTUS, Santiago, Chile.
3. Department of Clinical Laboratories; Laboratory of Microbiology, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
4. Millennium Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile.
5. Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.
6. Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
7. Department of Infectious Diseases, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Front Cell Infect Microbiol 2026; 16:1682478. doi: 10.3389/fcimb.2026.1682478

In Chile, a marked increase in GAS infections occurred during 2024. In this study, a total of 2307 *Streptococcus pyogenes* isolates collected between 2018 and 2024 were analyzed, including invasive (iGAS) and hospitalized non-invasive (h-niGAS) infections. Antimicrobial susceptibility testing was performed for all isolates. *emm* typing was carried out in isolates from hospitalized patients (28 iGAS and 94 h-niGAS), and whole-genome sequencing of outbreak-associated isolates was used to identify *emm1* sublineages, characterize virulence-associated genes, and infer phylogenetic relationships. The increase in GAS infections during 2024 was accompanied by a reduction in *emm*-type diversity among isolates from hospitalized patients and expansion of the *emm1* lineage. The frequency of *emm1* increased significantly compared with previous years, whereas Simpson's reciprocal diversity index decreased markedly. Whole-genome sequencing identified both M1_{global} and M1_{UK} isolates; three *emm1* isolates harbored the complete set of 27 defining single-nucleotide polymorphisms of the M1_{UK} lineage. Phylogenetic analysis showed that Chilean M1_{UK} isolates clustered closely with strains from the United Kingdom and Argentina. *emm1* isolates carried a broader repertoire of virulence-associated genes than non-*emm1* isolates, particularly genes encoding superantigens and adhesion-associated proteins. h-niGAS isolates showed the highest proportion of clindamycin resistance (42%), whereas iGAS isolates showed the lowest (16%). Clindamycin resistance among iGAS

increased from 0% during 2020– 2023 to nearly 20% in 2024. The marked increase in GAS infections in Chile during 2024 was characterized by expansion of the *emm1* lineage, including detection of the hypervirulent M1_{UK} lineage. These findings highlight the value of integrated epidemiological, microbiological, and genomic surveillance. The substantial clinical burden observed among h-niGAS cases also supports the inclusion of non-invasive GAS infections requiring hospitalization in surveillance efforts.

Caracterización clínica de un brote de estreptococos del grupo A con predominio del tipo *emm1* en Chile, en el contexto de los seis años previos

En Chile, durante 2024 se observó un marcado aumento de las infecciones por GAS. En este estudio se analizó un total de 2307 aislamientos de *Streptococcus pyogenes* recolectados entre 2018 y 2024, incluyendo infecciones invasivas (iGAS) y no invasivas en pacientes hospitalizados (h-niGAS). Se realizó el estudio de sensibilidad a los antimicrobianos en todos los aislamientos. La tipificación *emm* se llevó a cabo en los aislamientos provenientes de pacientes hospitalizados (28 iGAS y 94 h-niGAS), y se realizó la secuenciación completa del genoma de aislamientos asociados al brote, con el objetivo de identificar sublinajes de *emm1*, caracterizar genes asociados a virulencia e inferir relaciones filogenéticas. El aumento de las infecciones por GAS durante 2024 estuvo acompañado por una reducción de la diversidad de tipos *emm* entre los aislamientos provenientes de pacientes hospitalizados y por la expansión del linaje *emm1*. La frecuencia de *emm1* aumentó significativamente en comparación con años anteriores, mientras que el índice de diversidad recíproco de Simpson disminuyó marcadamente. La secuenciación completa del genoma permitió identificar aislamientos pertenecientes tanto a M1_{global} como a M1_{UK}; tres aislamientos *emm1* presentaron los 27 polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) que definen al linaje M1_{UK}. El análisis filogenético mostró que los aislamientos M1_{UK} chilenos se agruparon estrechamente con cepas del Reino Unido y de la Argentina. Los aislamientos *emm1* presentaron un repertorio más amplio de genes asociados a virulencia que los aislamientos no-*emm1*, particularmente genes que codifican superantígenos y proteínas asociadas a la adhesión. El 42% de los aislamientos h-niGAS presentaron resistencia a clindamicina, mientras que los aislamientos iGAS presentaron 16% de resistencia frente a ese antimicrobiano. La resistencia a clindamicina entre los aislamientos iGAS aumentó de 0% durante 2020–2023 a casi 20% en 2024. El marcado aumento de las infecciones por GAS en Chile durante 2024 se caracterizó por la expansión del linaje *emm1*, incluyendo la detección del linaje hipervirulento M1_{UK}. Estos hallazgos destacan el valor de una vigilancia integrada epidemiológica, microbiológica y genómica. La importante carga clínica observada entre los casos h-niGAS también respalda la inclusión de las infecciones no invasivas por GAS que requieren hospitalización en los sistemas de vigilancia.