

Epidemiologisk typning av Streptokocker med NGS

Bakgrund

Streptococcus pyogenes, även känd som grupp A streptokocker (GAS), är en grampositiv bakterie som orsakar en rad sjukdomar, från milda infektioner som faryngit till livshotande invasiva sjukdomar som nekrotiserande fasciit och toxisk chock. Klassificeringen av *S. pyogenes* har baserats på *emm*-typning, där över 275 *emm*-typer har identifierats genom sekvensanalys av M-proteingenen 34. *Emm*-typning har i drygt ett decennium varit huvudsakliga metoden för att beskriva den genetiska diversiteten och epidemiologin hos *S. pyogenes*.

Med hjälp av Next-Generation Sequencing (NGS) har vi nu möjlighet att utföra mer detaljerade genetiska analyser, inklusive core-genome multilocus sequence typing (cgMLST) och sekvensjämförelse. Dessa metoder ger en omfattande bild av bakteriernas genetiska sammansättning och möjliggör framöver även identifiering av virulensgener och antibiotikaresistensgener.

Svar/Tolkning/Bedömning

Denna analys ger svar på art, emm-typ och ST-typ på framodlade Grupp A/C/G streptokocker. Övriga streptokocker besvaras med art och sekvenstyp baserad på ett generellt streptokockschema.

Sekvensjämförelse besvaras med antalet gener i kärngenomet som skiljer mellan ingående isolat. Vid närbesläktade isolat besvaras även det exakta antalet SNV som skiljer genomen åt.

1 Metodik/mätprincip

DNA renas fram från bakterieisolat och sekvenseras för att kartlägga genomet. Art, ST-typ och emm-typ bestäms i den bioinformatiska analysen "Jasen" och sekvensjämförelse görs i "Bonsai" baserat antal gener med mutationer i kärngenom och totala antalet SNV i hela genomet.