

# Recrudescence des infections invasives pédiatriques à *Streptococcus pyogenes*, France, 2022-2024 : caractéristiques cliniques et épidémiologie moléculaire

Céline Plainvert<sup>1,2,3</sup>, Camille Brehin<sup>4</sup>, Miguel Hernandez<sup>1,2</sup>, Stéphane Béchet<sup>5</sup>, Valentine Audras<sup>1,2</sup>, Margot Deguilloux<sup>1,2</sup>, Chloé Plissonneau<sup>1,2</sup>, Sébastien Le Huu Nghia<sup>3</sup>, Cécile Guyonnet<sup>1,2,3,6</sup>, Corinne Levy<sup>5</sup>, Asmaa Tazi<sup>1,2,3,6</sup>

<sup>1</sup>AP-HP Hôpitaux Universitaires Paris Centre, site Cochin, <sup>2</sup>CNR des Streptocoques, <sup>3</sup>Institut Cochin, Inserm U1016, CNRS UMR8104, <sup>4</sup>Centre Hospitalier Universitaire Toulouse, <sup>5</sup>ACTIV, Association Clinique et Thérapeutique Infantile du Val-de-Marne, <sup>6</sup>Université Paris Cité, France

## Objectifs

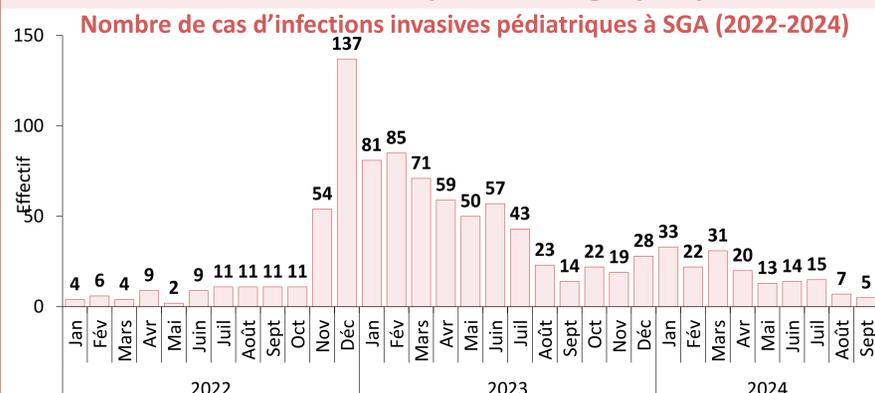
- Décrire les caractéristiques cliniques et microbiologiques des infections invasives pédiatriques (IIP) à *Streptococcus pyogenes* (streptocoque du groupe A, SGA) depuis leur recrudescence en 2022.
- Les cas sévères étaient inclus dans l'observatoire des IIP (ISAI) afin d'en identifier les facteurs de risque et d'en décrire les complications.

## Matériel & méthodes

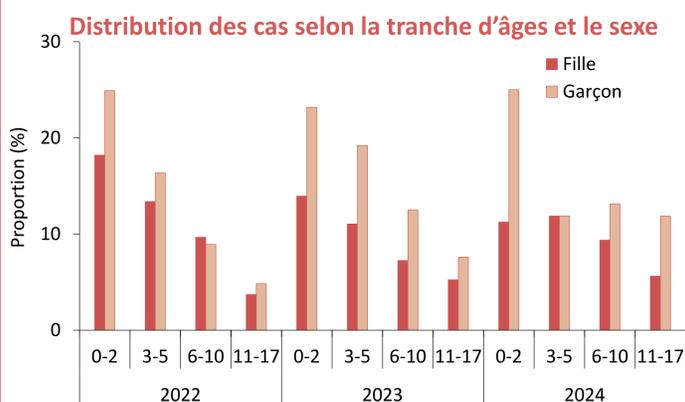
- Les souches de SGA responsables d'IIP étaient adressées au Centre National de Référence (CNR) des Streptocoques par un réseau de laboratoires accompagnées d'un formulaire de renseignements cliniques.
- Les souches de SGA étaient caractérisées par séquençage du gène *emm* et détection des gènes codant 5 superantigènes.
- La sensibilité aux principaux antistreptococciques a été déterminée selon les recommandations du CASFM/EUCAST et les gènes de résistances aux aminosides, à la tétracycline et aux macrolides et apparentés (MLS) ont été recherchés.
- Un séquençage complet du génome pour identification du clone M1<sub>UK</sub> a été réalisé pour un échantillon de souches.

## Résultats

### Caractéristiques démographiques et cliniques

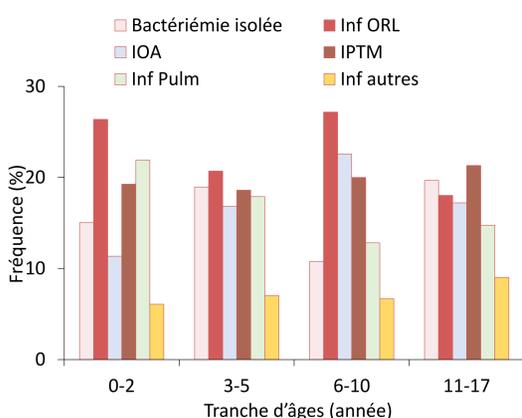


- 981 cas d'IIP à SGA ont été analysés par le CNR entre janvier 2022 et septembre 2024.
- Nombre médian de cas mensuels = 19 ; pic en décembre 2022 (n = 137).



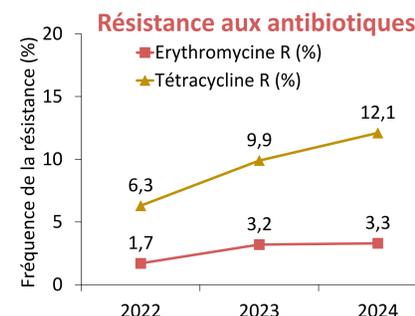
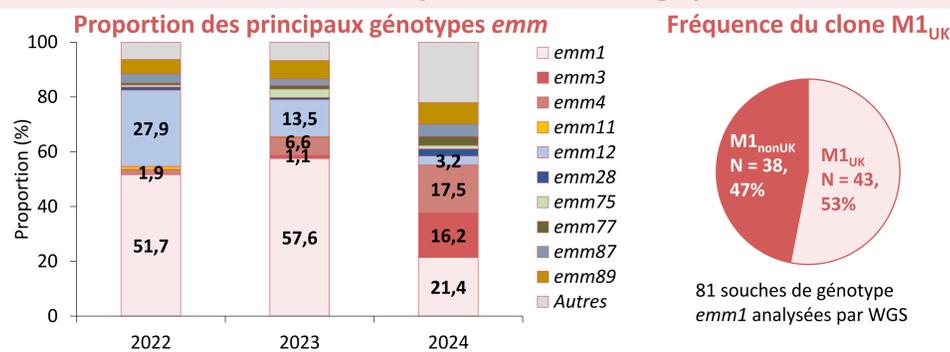
- Sexe ratio M/F = 1,5.
- La répartition par tranches d'âges :
  - 0-2 ans : n = 379 (39%),
  - 3-5 ans : n = 285 (29%),
  - 6-10 ans : n = 195 (20%),
  - 11-17 ans : n = 122 (12%).

### Fréquence des principales manifestations cliniques selon la tranche d'âges



- La fréquence des syndromes de choc toxique streptococcique était de 9%.
- Parmi les 981 cas d'IIP rapportés au CNR, 149 (15%) avaient été déclarés dans l'observatoire ISAI.
- Facteurs de risque de sévérité identifiés dans le sous-groupe ISAI :
  - comorbidité (n = 24 cas, 16%),
  - co-infection virale (n = 54 cas, 39%)
  - prise récente d'anti-inflammatoire (n = 10, 7%).

### Caractéristiques microbiologiques



### Résistance aux macrolides et apparentés

Phénotype	Déterminant génétique
M (n = 2)	<i>mef</i> (n = 2)
MLS <sub>B</sub> inducible (n = 11)	<i>erm</i> (A) (n = 8), <i>erm</i> (B) (n = 2), <i>erm</i> (T) (n = 1)
MLS <sub>B</sub> constitutif (n = 5)	<i>erm</i> (B) (n = 5)

- Les génotypes *emm1* et *emm12* représentaient selon l'année 25 à 80% des souches.
- Dans le sous-groupe ISAI 72% des souches étaient de génotype *emm1*.
- Le clone pandémique M1<sub>UK</sub> représentait 53% des génotypes *emm1*.
- Toutes les souches étaient sensibles aux bêta-lactamines, glycopeptides, linézolide et présentaient un bas niveau de résistance à la gentamicine.

## Conclusions

- La recrudescence des IIP observée dès l'automne 2022 a été plus marquée chez les 0-2 ans. Cette recrudescence, dont le pic a été atteint en décembre 2022, s'est poursuivie jusqu'au premier semestre 2023.
- L'existence de comorbidité, un antécédent d'infection virale ou la prise récente d'anti-inflammatoire ont été identifiés dans l'observatoire ISAI comme des facteurs de survenue de forme sévère.
- L'épidémiologie moléculaire est dominée par les souches de génotype *emm1* et *emm12*. Parmi les souches de génotype *emm1*, la moitié appartenait au clone M1<sub>UK</sub> de répartition mondiale.
- La résistance aux macrolides et apparentés reste faible (<5%).
- La surveillance des infections invasives à SGA reste indispensable afin d'adapter les recommandations de traitement et de prévention des infections à SGA.