

A continuación puede verse un listado de las VRs hasta el momento descritas (conocidas como familias)

<u>VR1</u>	<u>VR2</u>
P1.5	P1.1
P1.7	P1.2
P1.12	P1.3
P1.17	P1.4
P1.18	P1.9
P1.19	P1.10
P1.20	P1.13
P1.21	P1.14
P1.22	P1.15
P1.31	P1.16
	P1.22
	P1.23
	P1.25
	P1.26
	P1.28
	P1.30
	P1.34
	P1.42
	P1.43
	P1.44
	P1.45

El problema surge porque son regiones hipervariables y dentro de cada familia puede haber muchas variantes y esas variantes pueden no ser reconocidas por los anticuerpos monoclonales utilizados en la caracterización. Por ese motivo, se decidió cambiar el esquema de caracterización fenotípica por uno nuevo basado en la amplificación y secuenciación del gen *porA* que codifica para la proteína 1, lo que permite detectar siempre ambas regiones variables (VR1 y VR2) y desaparecen las cepas No serosubtipables.

Un aislado que fuera definido con los anticuerpos monoclonales como P1.22, 9 ahora pasa a ser definido como VR1 22, VR2 9. En muchas ocasiones encontraremos casos más complejos. Así, una cepa definida como P1.5 en el esquema antiguo podría ser ahora definida como VR1 5-1, VR2 10-8 lo que quiere decir que el esquema anterior solo definía la familia 5 de la region variable 1 y no definía ninguna región variable 2, pero con el esquema nuevo de secuenciación ahora se define la variante 5-1 en la VR1 (es decir familia 5, variante 1) y la 10-8 (familia 10, variante 8) en la VR2.

En términos genéricos, si con el esquema clásico teníamos un 15% de aislados P1.5 y queremos saber cuantos tenemos ahora, de forma aproximada tendríamos que mirar el porcentaje de cepas con VR1 5 o sus variantes 5-1, 5-2, 5-3 etc independientemente de la VR2 que muestren.

El nuevo esquema es mucho más preciso y armoniza la información dentro de la Unión Europea, ya que es información requerida por el ECDC. Adicionalmente

esta metodología permite realizar el genosubtipo en aquellos casos en los que no tengamos cultivo positivo y solo contemos con PCR positiva, lo que es una importante mejora, particularmente en casos en los que se sospeche asociación epidemiológica. Finalmente, la más que probable llegada de una nueva vacuna frente a serogrupo B enfatiza en gran forma la necesidad de contar con información actualizada y segura para la toma de decisiones de intervención y evaluación de esas intervenciones. Confiamos que la información generada siga siendo de utilidad en la vigilancia.