

Vývoj nového typovacího systému pro původce syfilis, *Treponema pallidum* subsp. *pallidum*, zaměřeného na proteomické rozdíly

NV17-31333A

Řešitel: prof. MUDr. David Šmajš, Ph.D.

Příjemce: Masarykova univerzita, Lékařská fakulta

Spolupříjemce: Státní zdravotní ústav se sídlem v Praze; Všeobecná fakultní nemocnice v Praze

Spolupracovníci: doc. MUDr. Ivana Kuklová, CSc.; MUDr. Hana Zákoucká; RNDr. Bc. Eliška Vrbová

Cílem tohoto projektu bylo vytvořit nový molekulární typovací systém pro charakterizaci kmenů *Treponema pallidum* subsp. *pallidum* (TPA), původce venerického onemocnění syfilis. Nově vyvinutý typovací systém byl následně testován na klinických izolátech od pacientů se syfilis v České republice. Získaná molekulárně-epidemiologická data ukázala, že alelické profily TPA jsou dynamické v čase a že jsou asociovány s geografickým původem, s pohlavím, s věkem a s výskytem mnohočetných primárních lézí.

Celosvětově je diagnostikováno 6 až 10 milionů nových případů syfilis ročně, a to i přes skutečnost, že k dispozici je účinná antibiotická léčba. V České republice se počet diagnostikovaných případů ustálil na 700 až 1000 případech ročně, což představuje asi desetinu průměrné celosvětové incidence syfilis. Dosud byly využívány dva molekulárně-typizační systémy pro charakterizaci klinických kmenů TPA, avšak jejich účinnost typování byla nedostatečná a rozlišovací schopnost značně omezená.

V rámci tohoto projektu byl vyvinut nový, spolehlivý a účinný molekulární typovací systém, zaměřený na sekvence kódující proteomické rozdíly mezi kmeny TPA, které mohou být důvodem rozdílné klinické manifestace syfilis. Rozlišovací schopnost typovacího systému byla testována na geneticky odlišných klinických izolátech a vzorcích pocházejících od pacientů nejen z ČR, ale také z dalších zemí a kontinentů. Ukázalo se, že molekulární diagnostika syfilis pomocí PCR vhodně doplňuje současnou diagnostiku, zejména u pacientů s negativní nebo diskrepantní sérologií. Majoritní alelické profily TPA jsou společné mnoha státům (nebo geografickým lokalitám), zatímco minoritní jsou odlišné v různých oblastech. Alelické profily TPA jsou navíc dynamické v čase a souvisí s geografickým původem, s pohlavím a s věkem pacientů. Znalost genetické podstaty současných klinických kmenů TPA je zásadní z hlediska pokračujících snah o vývoj vakcíny proti syfilis.

V rámci řešení projektu vzniklo 16 originálních plnostránkových rukopisů, z nichž všechny se podařilo uplatnit v časopisech s definovaným impakt faktorem (IF) dle WOS. Celkový IF dle WOS těchto rukopisů je vyšší než 58. Celkem 15 rukopisů bylo publikováno v časopisech Q1 a jeden v časopise Q2. Dále bylo v rámci projektu prezentováno celkem 20 prezentací a posterů.

Zdroj: brožura MZ ČR vydaná u příležitosti udílení Ceny ministra zdravotnictví za zdravotnický výzkum a vývoj, 2021