

Tab. 1. Klasifikace druhu *Treponema* (upraveno a převzato z (8))

Doména: Bacteria, Kmen (phylum): Spirochaetota, Třída (classis): Spirochaetia, Řád (ordo): Spirochaetales, Čeleď (familia): Treponemataceae, Rod (genus): Treponema, Druh (species) a Poddruh (subspecies): <i>Treponema pallidum</i> subspecies/ <i>Treponema</i> species			
	CHOROBA	VÝSKYT	PŘENOS
<i>T. pallidum</i> subsp. <i>pallidum</i>	Venerická syfilis/příjice (lues)	Celosvětově	Pohlavním stykem, transplacentární přenos
<i>T. pallidum</i> subsp. <i>pertenue</i>	Yaws (framboesie)	Tropické země	Nepohlavní přenos
<i>T. pallidum</i> subsp. <i>endemicum</i>	Endemická syfilis (bejel)	Pouštní oblasti	Nepohlavní přenos
<i>T. carateum</i>	Pinta (carate)	Tropické země	Nepohlavní přenos
<i>T. denticola</i> , <i>T. socranskii</i>	Periodontální infekce	Celosvětově	Nepohlavní přenos

způsobují epidemiologie a sledování rezistence vůči antibiotikům. Vědecké poznatky mohou přispět ke zlepšení diagnostických metod v klinické praxi. Poznání genetických rozdílů mezi kmeny v kombinaci s imunologickými studii zkoumajícími vznik zkřížené imunity mezi jednotlivými kmeny by mohlo být také užitečným nástrojem pro vytipování kandidátních genů a proteinů pro vývoj budoucí účinné vakcíny proti syfilis a dalším treponemovým infekcím.

Charakteristika genomu rodu *Treponema*

Prvním osekvenovaným kmenem *Treponema pallidum* subspecies *pallidum* byl kmen Nichols (Fraser et al., 1998), a to s velikostí genomu 1 138 006 párů bazí, který je tvořen jedním cirkulárním chromozomem. Jedná se o relativně malou velikost genomu ve srovnání s jinými patogeny, v porovnání s *Escherichia coli* je asi pětinový. Tato redukce genetické informace je důsledkem adaptivních procesů, které prokazují vysokou míru závislosti organismu na hostiteli. Ztráta „nepotřebných“ genů vedla k minimalizaci biosyntetických drah a umožnila organismu přežít v prostředí hostitele (řadu esenciálních látek bakterie přijímá právě od hostitele a nemusí si tedy syntetizovat sama). Genomová DNA *T. pallidum* subsp. *pallidum* (TPA), *T. pallidum* subsp. *pertenue* (TPE) a *T. pallidum* subsp. *endemicum* (TEN) vykazuje vysokou podobnost, vyšší než 99,7 % (Šmajš et al., 2012; Radolf et al., 2016). Zatímco TPE se pravděpodobně vyvinula z jedné fylogenetické skupiny zahrnující treponemy infikující africké primáty, lidské izoláty TPA patří do dvou odlišných genetických skupin, které jsou pojmenovány podle příbuznosti k referenčním kmenům. Jedná se o Nichols-like a SS14-like kmeny. Pro znázornění postavení kmene v rámci rodu *Treponema* byl sestaven fylogenetický strom,

což je grafické znázornění evolučních vztahů mezi organismy, u kterých byla provedena celogenomová sekvenace (Obr. 1). I přes vysokou podobnost genomů, jednotlivé kmeny rozdílných fylogenetických skupin vyvolávají klinicky rozličná onemocnění. To je patrně určeno rozdílnou patogenitou, která je dána přítomností a syntézou faktorů virulence, jako jsou například toxiny, adhesiny a další. Faktory virulence nejsou doposud jednoznačně identifikovány, navzdory intenzivní snaze o jejich popsání. Hlavním důvodem je dosavadní problematická kultivace a absence experimentálních mechanismů pro provádění genetických manipulací. U treponem můžeme za pravděpodobné faktory virulence označit například geny *tpr* (*tprA*-*tprL*), geny pro hemoliziny, membránové a flagelární proteiny, lipoproteiny (příkladem *Tpp15*, *Tp47* a další), extracelulární matrixové vazebné proteiny, proteiny chemotaxe atp. Zajímavým poznatkem je i rozdílný počet repetitivních sekvencí v genu *arp* (kódující acid repeat protein) u různých druhů treponem. Právě u těchto repetitivních motivů byla objevena korelace mezi jejich sekvenční variabilitou a existencí sexuálního přenosu. *Treponema pallidum* je charakteristická nízkou toxicitou, vysokou invazivitou a schopností unikát imunitnímu sys-

tému (treponemy diseminují do oblastí, kde jsou nepřístupné buňkám imunitního systému hostitele, a tím se vyhýbají mechanismům imunitní eliminace). Treponemy jsou schopny infikovat prakticky téměř všechny tkáně člověka a projít placentární membránou, a tak způsobit infekci plodu. Významným faktorem přispívajícím v diseminaci této bakterie je její motilita, tedy charakteristický „vývrtkový pohyb“. Vzhledem k rozmanitosti klinických projevů a schopnosti perzistovat v hostiteli po řadu let, můžeme říci, že v genomu jsou zakódovány soubory dosud neznámých faktorů virulence (1).

Klinické projevy nevenerických (endemických) treponemových infekcí

Do této skupiny řadíme onemocnění yaws, bejel a pinta. Všechny tyto choroby vykazují chronické recidivující průběhy s pestrými klinickými manifestacemi. Primární přenos infekce se odehrává prostřednictvím kontaktu poraněné kůže, sliznic, nebo kontaminovanými předměty z člověka na člověka. Diagnóza je založena na klinických znacích a sérologickém testování, které však nerozliší onemocnění od venerické příjice (syfilis). Proto je doporučeno testování pomocí polymerázové řetězové re-

Obr. 1. Fylogenetický strom z celogenomových sekvencí (převzato z (5))

