

# ABSTRAKT

Před několika lety byl druh *Arthroderma benhamiae* mezi klinickými mykology téměř neznámý, přesto dnes působí v České republice kolem 40 % dermatofytických infekcí přenesených ze zvířat na člověka. Rezervoárem druhu jsou především morčata a další hlodavci. Podobná situace je i v dalších státech střední a západní Evropy. Příčina výrazného nárůstu v incidenci infekcí zatím nebyla zjištěna, stejně jako nebyly navrženy dostatečně variabilní molekulární markery, které by tuto příčinu pomohly odhalit.

Pro potřeby studie byly vybrány izoláty (n=268) z případů lidských i zvířecích dermatofytóz z ČR, Německa, Belgie, Švýcarska, Itálie, Japonska a USA. K odhalení vnitrodruhové variability bylo navrženo deset variabilních mikrosatelitních markerů a byla provedena sekvenční analýza dvou genetických lokusů (oblast ITS rDNA a gen *gpdh*). Studován byl také fenotyp kmenů na úrovni mikro- a makromorfologie, a růstové parametry kmenů při několika teplotách a na několika kultivačních médiích. Určeny byly i párovací typy jednotlivých izolátů a provedeny křížící pokusy mezi geneticky příbuznými i vzdálenými kmeny.

Sekvenční analýza odhalila celkem 6 různých genotypů (SG1-SG6) mezi kmeny druhu *A. benhamiae*, většina (99%) kmenů patřila do 3 hlavních subpopulací: americko-evropské (SG1), evropské (SG2) a evropsko-japonské (SG3). Mikrosatelitová analýza odhalila celkem 32 odlišných genotypů distribuovaných do 4 velkých subpopulací, které se shodovaly se sekvenční analýzou. Rozdílem bylo odlišení kmenů evropského a amerického původu v subpopulaci SG1. Rozdělení do 4 hlavních skupin bylo podpořeno i fenotypem kultur. Ve všech 4 subpopulacích byl výrazně vychýlen poměr párovacích typů, většinou (kromě SG2) ve prospěch MAT1-1 párovacího typu. Všechny subpopulace (kromě SG2) byly vyhodnoceny jako klonální. Vysvětlením rekombinace v rámci subpopulace SG2 může být existence přirozeného rezervoáru infekcí mezi volně žijícími zvířaty.

Jako původce epidemie v Evropě byly označeny kmeny evropského původu subpopulace SG1, které měly na svědomí 78% všech evropských infekcí a ve své morfologii byly tyto izoláty velmi uniformí (žlutě zbarvené kolonie, bez makrokonidií, pomalý růst). Byl u nich zjištěn silně klonální způsob množení a pouze párovací typ MAT1-1. Pravděpodobný původ těchto izolátů, jejichž přítomnost v klinickém materiálu v Evropě byla zjištěna až v roce 2003, je předpokládán v Severní Americe, kde se nachází centrum genetické variability druhu a tamější populace je geneticky blízká evropské. Tato hypotéza ale musí být dále testována.

Mikrosatelitní markery navržené v této práci představují vhodný nástroj pro další monitoring probíhající epidemie, zejména umožňují detekovat šíření virulentních genotypů do dalších geografických oblastí a změny v zastoupení genotypů na konkrétních lokalitách.

Klíčová slova: dermatofyty, mikrosatelity, epidemiologie, typizační schéma, morče, *Arthroderma benhamiae*