



CERTIFIKOVANÁ METODIKA

**Kvalitativní detekce *Rickettsia* spp.
pomocí metody MOL-PCR**

**Ing. Pavlína Jelínková, Ph.D.
MVDr. Jiří Volf, Ph.D.**

UPLATNĚNÁ CERTIFIKOVANÁ METODIKA

CM 128/2020

Kvalitativní detekce *Rickettsia* spp. pomocí metody MOL-PCR

Autoři

Ing. Pavlína Jelínková, Ph.D., MVDr. Jiří Volf, Ph.D.

Uvedená certifikovaná metodika je výstupem projektu Bezpečnostního výzkumu MV ČR VI20152020044. Zveřejňování této metodiky či jejích částí podléhá omezením vyplývajících z požadavků MV a MO ČR.

CM 128/2020 je uveřejněna ve Věstníku Ministerstva obrany, ročník 2021, Částka 3, str. 221

ISBN 978-80-88233-92-3

Oponenti certifikované metodiky:

Mgr. Pavla Holočová, Ph.D

Joint CBRN Defence Centre of Excellence

Prof. RNDr. Aleš Knoll, Ph.D.

Mendelova univerzita v Brně

PŘEDMLUVA

Rickettsiae jsou obligátní intracelulární gramnegativní bakterie. Jako vektory těchto patogenů slouží různí členovci a mnoho z nich může představovat riziko nejen pro zvířata, ale také pro člověka. Nejčastěji je přenos uskutečněn klíšťaty, blechami, vešmi a roztoči (Kawabata, Ando et al. 2006, de la Fuente, Estrada-Pena et al. 2008). Rod *Rickettsia* je rozdělen do dvou hlavních skupin na základě sérologických charakteristik, konkrétně skupiny tyfu – TG (např. *R. conorii* and *R. rickettsii*) a skupiny skvrnité horečky – SFG (např. *R. typhi* a *R. prowazekii*) (Perlman, Hunter et al. 2006). *Rickettsia* spp. jsou původci četných nemocí člověka, včetně epidemického tyfu, který podle všeho způsobil v letech 1917 až 1923 až tři miliony úmrtí pouze v Rusku (Perlman, Hunter et al. 2006). V jiných případech byla v poslední době rodu *Rickettsia* věnována pozornost jako potenciální původci bioterorismu (Azad and Beard 1998). Metody detekce *Rickettsia* spp. založené na PCR jsou atraktivní, protože nejen obcházejí potřebu kultury, ale také nabízejí citlivější a specifitější alternativy.

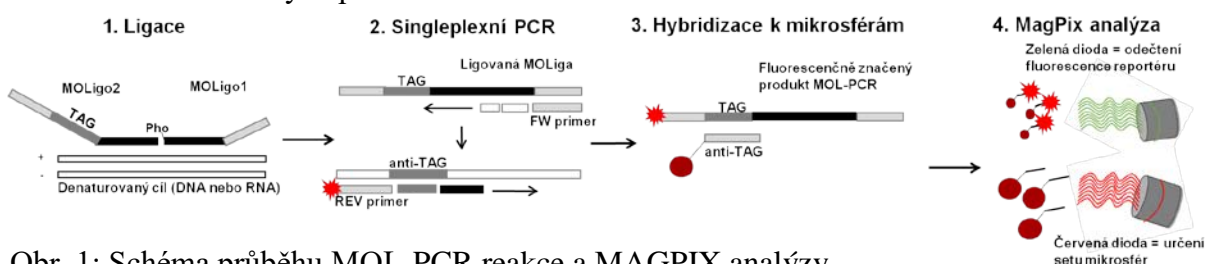
I) CÍL METODIKY

Předkládaná metodika nabízí rychlý a standardizovaný postup detekce přítomnosti všech druhů rodu *Rickettsia* spp., respektive její nukleové kyseliny (DNA), ve vzorku. Tato metodika může být součástí komplexní multiplexní detekce patogenů, která umožňuje detekovat v jedné reakci až několik desítek různých patogenů, přičemž jako templátová DNA může být použita izolovaná DNA různého původu, např. z tkání a trusu zvířat, z prostředí, vody nebo surovin a potravin živočišného i rostlinného původu určených pro lidskou spotřebu. Metodika je využitelná jako vhodný komplexní nástroj pro skríninkové testy na široké spektrum patogenů.

II) VLASTNÍ POPIS METODIKY

1 Popis MOL-PCR systému

Průkaz přítomnosti *Rickettsia* spp. je založen na detekci dvou specifických sekvencí vyskytujících se v genomu všech druhů rodu. Kombinace dvou cílů zvyšuje specifitu testu a snižuje riziko falešně pozitivních výsledků. Jedná se o multiplexní MOL-PCR systém (Reslova, Huvarova et al. 2019), kde detekce probíhá prostřednictvím hybridizace dvou specifických modulárních detekčních sond, neboli MOLiga, bezprostředně vedle sebe k cílové sekvenci a jejich následné ligaci v jednu komplexní sekvenci; ta je amplifikována a specificky vychytána na povrch magnetických mikrosfér prostřednictvím hybridizace TAG/anti-TAG sekvencí (syntetické sekvence obsahující pouze báze T, A a G specifické pouze pro daný typ mikrosfér). Modularita MOLiga (Obr. 1) spočívá v tom, že kromě cílově specifické sekvence nesou také sekvenci pro vazbu univerzálních PCR primerů a TAG sekvenci pro vazbu k anti-TAGu na povrchu magnetických mikrosfér. Jednotlivé sety mikrosfér (dostupných 50 setů) se odlišují koncentrací dvou vnitřních fluoroforů, což umožňuje jejich vzájemné rozlišení a tak identifikaci specifického cíle vyvázaného na jejich povrchu. Samotné kvalitativní vyhodnocení probíhá prostřednictvím odečtení fluorescenčního signálu mikrosfér a na jejich povrchu přichycených fluorescenčně značených produktů MOL-PCR.



Obr. 1: Schéma průběhu MOL-PCR reakce a MAGPIX analýzy.

Pho = fosfátová skupina umožňující ligaci; černě = sekvence specifická pro zachycovaný cíl; šedě = vazebná sekvence pro univerzální PCR primery; TAG = sekvence komplementární k anti-TAGu na mikrosférách; červeně = fluorescenční reportér.

Do každé reakce je přidána interní kontrola, která upozorní na falešně negativní výsledek v důsledku přítomnosti inhibitorů ovlivňujících průběh reakce.

2 Cíl č. 1 – *Rickettsia* spp.-17kDa

Jako první detekovaný cíl pro stanovení *Rickettsia* spp. byl zvolen gen *17kDa*. Tento gen, kódující rodově specifický antigen, je často používán pro molekulárně-biologickou detekci (Kawabata, Ando et al. 2006, Noh, Lee et al. 2017)

MOLigo sondy pro detekci genu pro rodově specifický antigen *17kDa* byly testovány na izolované DNA získané od Armády ČR.

Sekvence MOLig:

Tučně = sekvence pro vazbu univerzálních PCR primerů; podtrženě = sekvence specifická pro *Rickettsia* spp.- *17kDa*; malá písmena = TAG sekvence MTAG-A062 umožňující specifickou vazbu k mikrosférám; PHO = fosfátová skupina.

Rick_spp._17kDa_M1: 5' - PHO-
CAGTTCTTGGTGGACAAATCGGTCTCACTTCTTACTACCGCG - 3' (42)

Rick_spp._17kDa_M2: 5' -
ACTCGTAGGGAATAAACCGTtgaaatgtgtattttagtagGTAGGTGTAGGTGCATTACTT
GGAG - 3' (69)

Těmito sondami je možné detekovat část genu *17kDa* v genomu *Rickettsia rickettsii* v rozsahu 169 - 215 (Genbank reference MK744159.1), *Rickettsia parkeri* v rozsahu 1271708 - 1271754 (Genbank reference CP040325.1), délka sekvence specifické pro *Rickettsia* spp. = 47 bp. Celková délka produktu ligace detekčních sond = 111 bp.

2.1 Cíl č. 2 - *gltA*

Pro detekci *Rickettsia* spp. byl jako druhý detekovaný cíl zvolen gen *gltA*. Jedná se o gen umístěný na chromozomu bakterie rodu *Rickettsia* spp., kódující citrát syntázu, který literární

zdroje uvádějí jako vhodný cíl pro PCR detekci (Probert, Schrader et al. 2004, Tahir, Socolovschi et al. 2016).

MOLigo sondy pro detekci genu *gltA* byly testovány na izolované DNA získané od Armády ČR.

Sekvence MOLig:

Tučně = sekvence pro vazbu univerzálních PCR primerů; podtržené = sekvence specifická pro *Rickettsia* spp. - *gltA*; malá písmena = TAG sekvence MTAG-A085 umožňující specifickou vazbu k mikrosférám; PHO = fosfátová skupina.

Rick_spp._gltA_M1: 5'- PHO-

GCAATAGCAAGAACCGTAGGCTCTCACTTCTTACTACCGCG - 3' (41)

Rick_spp._gltA_M2: 5'-

ACTCGTAGGGAATAAACCGTgttatgaaagagtatgtgtaaTCGCAAATGTTACGGTACT
TTTT - 3' (68)

Těmito sondami je možné detekovat část genu *gltA* v genomu *Rickettsia parkeri* v rozsahu 1290910 to 1290954 (Genbank reference CP040325.1), *Rickettsia rickettsii* v rozsahu 733 to 777 (Genbank reference MG206089.1), délka sekvence specifické pro rod *Rickettsia* spp.= 45 bp. Celková délka produktu ligace detekčních sond = 109 bp.

2.2 Interní kontrola

Interní kontrola (IC) je přidávána do každé reakce. Slouží nejen k odhalení falešně negativních výsledků v důsledku inhibice MOL-PCR reakce, ale také jako pozitivní kontrola. IC byla navržena tak, aby pro všechny MOL-PCR systémy mohl být použit stejný pár IC MOLig a stejná sada univerzálních PCR primerů; jedná se tedy o univerzální IC. Při přípravě IC byla použita nekompetitivní syntetická sekvence založená na DNA sekvencích dvou vyhynulých druhů; konkrétně se jedná o mitochondriální DNA vakovlka tasmánského (*Thylacinus cynocephalus*, Acc. No. FJ515781.1) a ptáka moa (*Dinornis struthoides*, Acc. No. AY326187.1). Tato kontrolní syntetická sekvence o délce 150 bp byla převzata z (Vasickova, Slany et al. 2011), syntetizována *de novo* a klonována do plazmidu. Takto připravený konstrukt je zcela arteficiální a podobná sekvence se nevyskytuje v žádném známém živočišném, rostlinném, či bakteriálním druhu. IC je tedy možné použít pro jakýkoliv templát či matici. IC

je skladována při teplotě $-20^{\circ}\text{C} \pm 4^{\circ}\text{C}$ ve 2 ml zkumavkách se šroubovacím víčkem do vypořebování.

Sekvence MOLig:

Tučně = sekvence pro vazbu univerzálních PCR primerů; podtrženě = sekvence specifická pro IC; malá písmena = TAG sekvence MTAG-A014 umožňující specifickou vazbu k mikrosférám; PHO = fosfátová skupina.

IC_2_M1 5'- PHO-
ATTAGCACAATGAATAATCATCGTCTCACTTCTTACTACCGCG- 3' (43)

IC_2_M2 5'-
ACTCGTAGGGAATAAACCGTtattgtgaaagaaagagaagaaattTATACACACGCAATCACCA
C- 3' (64)

Tyto sondy jsou komplementární k úseku kontrolní syntetické sekvence o délce 43 bp. Celková délka produktu ligace detekčních sond, a tím i amplikonu = 107 bp.

2.3 Sekvence univerzálních primerů:

Univerzální primery byly převzaty z publikace (Thierry, Hamidjaja et al. 2013). Reverzní primer je značen fluoroforem BODIPY-TMRX, který v reakci slouží jako reportérová molekula značící výsledný produkt.

uni FW: 5'- CGCGGTAGTAAGAAGTGAGA – 3' (20)

uni REV: 5' – BODIPY-TMRX - ACTCGTAGGGAATAAACCGT – 3' (20)

Tato sada univerzálních primerů amplifikuje všechny produkty ligace. Výsledná délka amplikonu odpovídá délce jednotlivých produktů ligace (~ 110 bp).

3 Předmět a působnost

Tato metodika slouží ke kvalitativní detekci *Rickettsia* spp. na základě specifických cílových genů při komplexní analýze vzorků pocházejících z prostředí, trusu či potravin rostlinného či živočišného původu prostřednictvím MOL-PCR.

4 Podstata zkoušky

Multiplexní oligonukleotidová ligační polymerázová řetězová reakce (MOL-PCR) s interní kontrolou (IC). Komplexní a simultánní detekce demonstrována v multiplexu čítajícím 9 bakteriálních, parazitárních a virových systémů – *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*, *Mycobacterium tuberculosis* komplex, *Mycobacterium avium* subsp. *avium*, *Mycobacterium avium* subsp. *hominisuis*, *Mycobacterium avium* komplex, *Rickettsia* spp., boviní herpesvirus typu 1 (BHV-1), *Echinococcus multilocularis*. Kvalitativní detekce probíhá prostřednictvím odečtení fluorescenčního signálu vzorku oproti negativní kontrole.

5 Přístroje a pomůcky

- DNA Engine Dyad Peltier Thermal Cycler (Bio-Rad, USA)
- Bio-Plex MAGPIX Multiplex Reader (Bio-Rad, USA)
- Bio-Plex Manager™ MP software (Bio-Rad, USA)
- Bio-Plex Manager™ 6.1 software (Bio-Rad, USA)
- Ultrasonic Cleaning Bath (BioTech, Česká republika)
- Sada pipet:
 - s rozsahem nastavitelným od 1000 – 5000 µl (s chybou do 5%)
 - s rozsahem nastavitelným od 200 – 1000 µl (s chybou do 5%)
 - s rozsahem nastavitelným od 20 – 200 µl (s chybou do 5%)
 - s rozsahem nastavitelným od 5 – 50 µl (s chybou do 5%)
 - s rozsahem nastavitelným od 0,5 – 10 µl (s chybou do 5%)
- Špičky s filtrem k pipetám s příslušným rozsahem
- Sterilní mikrokumavky o objemu 0,2 ml x 96 se separátními víčky (Bioplastics, Nizozemsko)
- PCR deska s jamkami na objem 0,2 ml (Bioplastics, Nizozemsko)
- Chladnička (do 5 °C)
- Mrazicí box (-20 °C)
- Centrifuga MiniSpin
- Vortex V-1 Plus

6 Chemikálie a roztoky

6.1 Ligáza

Hifi *Taq* DNA Ligase a 10X Hifi *Taq* DNA Ligase Reaction Buffer (New England BioLabs, USA), katalogové číslo M0647 S. Ligázu s pufrem je nutné skladovat při teplotě $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$. Za normálních podmínek stabilní do data expirace.

6.2 Master Mix

2X EliZymeTM HS Robust MIX (Elisabeth Pharmacon, Česká republika), katalogové číslo EZ6060. Master Mix je doporučeno skladovat při teplotě $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ a neměl by být dlouhodobě vystavován světlu. V případě skladování Master Mixu při teplotě $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ je stabilita deklarována po dobu jednoho měsíce. Za normálních podmínek je Master Mix stabilní do data expirace.

6.3 Voda pro MOL-PCR

Pro ředění všech komponent MOL-PCR reakce se používá voda PCR H₂O (Top-Bio, Česká republika), katalogové číslo P242. Skladovat při pokojové teplotě.

6.4 Ředění MOLig a PCR primerů

Specifická MOLiga a univerzální PCR primery se dodávají v lyofilizovaném stavu od firmy Generi-Biotech (Česká republika). Podle návodu uvedeného výrobcem jsou na pracovišti rozpuštěny v PCR vodě tak, aby výsledná zásobní koncentrace byla $100\text{ pmol}/\mu\text{l}$. Sondy i primery jsou evidovány a uloženy v mrazničce při teplotě cca $-20^{\circ}\text{C} \pm 4^{\circ}\text{C}$. Při přípravě ligačního premixu se používá pracovní roztok o koncentraci MOLig $1\text{ pmol}/\mu\text{l}$, jak je uvedeno v odstavci 5.5. Při přípravě PCR premixu se používá pracovní roztok o koncentraci univerzálních primerů $10\text{ pmol}/\mu\text{l}$, jak je uvedeno v odstavci 5.6.

6.5 Příprava ligačního premixu

Pro reprodukovatelnou kvantitativní detekci pomocí MOL-PCR je doporučeno připravit si alikvoty premixů pro 100 reakcí skládající se ze všech komponent kromě ligázy a templátové DNA. Je vhodné vytvořit si 2 Premixy odděleně s MOLigo sondami 1 a 2, aby nedocházelo k interakcím. Premixy se skladují při cca $-20^{\circ}\text{C} \pm 4^{\circ}\text{C}$. Alikvoty premixů lze opakovaně zamrazovat a rozmrazovat maximálně však 5×.

Jednotlivé složky je doporučeno přidávat podle uvedeného pořadí:

Složka	1 reakce	100 reakcí (96 + 4 rezerva)	Výsledná koncentrace
PCR voda	doplnit objem	100 × doplnit objem	
10X Hifi <i>Taq</i> DNA Ligase Reaction Buffer	2,5 µl	250 µl	1X
MOLigo sondy Rick_spp._17kDa_M1 a Rick_spp._17kDa_M2 pro cíl (1 pmol/µl každá)	2 × 0,125 µl	2 × 12,5 µl	5 nM každá
MOLigo sondy Rick_spp._gltA_M1 a Rick_spp._gltA_M2 pro cíl (1 pmol/µl každá)	2 × 0,125 µl	2 × 12,5 µl	5 nM každá
MOLigo sondy IC_2_M1 a IC_2_M2 pro IC (1 pmol/µl každá)	2 × 0,125 µl	2 × 12,5 µl	5 nM každá
Směs MOLig (1 pmol/µl každá)	$x_1 \times 0,125 \mu\text{l}$	$x_1 \times 12,5 \mu\text{l}$	5 nM každá
IC plazmid $10^4/\mu\text{l}$	0,1 µl	10,0 µl	1×10^3 kopií
Hifi <i>Taq</i> DNA Ligase	0,5 µl	50 µl	
DNA	2,5 µl	100 × 2,5 µl	
celkem	25 µl	2500 µl	

x_1 = počet dalších MOLigo sond v multiplexní reakci

6.6 Příprava PCR premixu

Pro reprodukovatelnou kvalitativní detekci pomocí MOL-PCR je doporučeno připravit si alikvoty premixů pro 100 reakcí skládající se ze všech komponent kromě produktů ligace, které je vždy nutno využít čerstvé. Premixy se skladují při cca $-20^\circ\text{C} \pm 4^\circ\text{C}$. Alikvoty premixů lze opakovaně zamrazovat a rozmrazovat maximálně však 5×.

Jednotlivé složky je doporučeno přidávat podle uvedeného pořadí:

Složka	1 reakce	100 reakcí (96 + 4 rezerva)	Výsledná koncentrace
PCR voda	5,25 µl	525 µl	
2X EliZyme™ HS Robust MIX	12 µl	1200 µl	1X
Primer uni FW (10 pmol/µl)	0,15 µl	15 µl	0,0625 µM
Primer uni REV-BODIPY (10 pmol/µl)	0,6 µl	60 µl	0,25 µM
Produkt ligace	6 µl	100 × 6 µl	
celkem	24 µl	2400 µl	

6.7 Magnetické mikrosféry

MagPlex[®] Microspheres (12,5 x 10⁶ mikrosfér/ml; Luminex Corp., USA), katalogové číslo MC100XX-01 (XX = 12-78, dle seznamu dostupných setů od firmy Luminex Corp.). Potažené mikrosféry v 1X TE pufru je nutno skladovat v chladničce při teplotě 4 °C a chránit před světlem. Za normálních podmínek jsou stabilní déle než 1 rok. Před každým použitím je nutno mikrosféry řádně vortexovat a sonifikovat asi 30 s.

6.8 Roztoky pro hybridizaci

Roztoky, které jsou součástí kuličkového mixu (odstavec 5.9) se připravují za použití ultračisté vody. Výsledné roztoky je třeba přefiltrovat 0,22 µm filtrem a rozalíkvotovat do zkumavek o objemu 50 ml. Z důvodu předcházení kontaminací je pak vhodné používané roztoky měnit každé 3 měsíce.

Příprava hybridizačních roztoků a jejich skladování:

Složka	Katalog. č.	Výsledná koncentrace	Množství/250 ml	pH	Skladování
MES	Sigma-Aldrich M2933 (USA)	0,1 M	4,88 g	4,5	4 °C
NaCl	Carl-ROTH 3957 (Německo)	5 M	73,05 g		pokojová teplota
100X TE pufr	SERVA 39799.02 (Německo)	1X	2,5 ml	8,0	pokojová teplota

6.9 Příprava kuličkového mixu

Kuličkový mix se připravuje čerstvý pro konkrétní počet vzorků v reakci a ihned upotřebí k hybridizaci MOL-PCR produktů k povrchu magnetických mikrosfér; kuličkový mix se nepřipravuje a neuchovává ve formě premixu. Podle počtu MOLig v reakci (očekávaných cílů) se přidává příslušný počet specifických setů mikrosfér.

Jednotlivé složky je doporučeno přidávat podle uvedeného pořadí:

Složka	1 reakce	100 reakcí (96 + 4 rezerva)	Výsledná koncentrace
0,1 M MES	2,5 µl	250 µl	0,05 M
5 M NaCl	0,8 µl	80 µl	0,8 M
Směs potažených MagPlex [®] Microspheres	1 250 mikrosfér/set	125 000 mikrosfér/set	
1X TE pufr	doplnit objem	100 × doplnit objem	
celkem	5 µl	500 µl	

6.10 Příprava hybridizační reakce

Hybridizační reakce se připravuje čerstvá pro konkrétní počet vzorků v reakci a ihned probíhá specifická hybridizace MOL-PCR produktů k povrchu mikrosfér; hybridizační reakce se nepřipravuje a neuchovává ve formě premixu.

Jednotlivé složky je doporučeno přidávat podle uvedeného pořadí:

Složka	1 reakce	100 reakcí (96 + 4 rezerva)
Kuličkový mix	5 µl	500 µl
MOL-PCR produkt	10 µl	100 × 10 µl
celkem	15 µl	1500 µl

6.11 Analyzační pufr

Roztok se připravuje za použití ultračisté vody. Výsledný roztok analyzačního pufru je třeba přefiltrovat 0,22 µm filtrem a rozaliquotovat do zkumavek o objemu 5 ml, které slouží na jedno použití. Nutno skladovat v chladničce při teplotě 4 °C.

Složení a příprava analyzačního pufru:

Složka	Katalog. č.	Výsledná koncentrace	Množství/250 ml	pH
1 M Tris-Cl	Sigma T1503 ^a	10 mM	2,5 ml	8,0
0,5 M EDTA	Amresco E522	0,1 mM	50 µl	
5 M NaCl	Carl ROTH 3957	90 mM	4,5 ml	
100% Tween 20	Alpha Diagnostic Intl Inc TW-100100	0,02 %	50 µl	
ultračistá H ₂ O	Millipore		242,9 ml	

^a = zásobní Trizma base neobsahuje Cl⁻, ten je doplněn během úpravy pH pomocí HCl kyseliny

6.12 Kalibrační a verifikační kity pro MAGPIX

Kalibrační kit MAGPIX® Calibrator Kit, RUO, 25 Uses (Luminex Corp., USA), katalogové číslo MPX-CAL-K25 a verifikační kit MAGPIX® Performance Verification Kit, RUO, 25 Uses (Luminex Corp., USA), katalogové číslo MPX-PVER-K25. Oba kity je doporučeno skladovat při teplotě 4 °C a chránit před světlem. Za normálních podmínek jsou kity stabilní do data expirace. Před každým použitím je nutno všechny složky kitů řádně vortexovat a sonifikovat asi 30 s. Bio-Plex Manager™ MP software sám naznačí, kdy je třeba provést kalibraci a verifikaci přístroje; kalibrace se provádí asi jednou týdně, verifikace po každém spuštění přístroje před analýzou vzorků.

6.13 Drive fluid

MAGPIX® Drive Fluid (Luminex Corp., USA), katalogové číslo MPXDF-4PK. Drive fluid je doporučeno skladovat při pokojové teplotě. Za normálních podmínek stabilní do data expirace.

6.14 Roztoky pro údržbu přístroje MAGPIX

Údržbové rutiny přístroje i samotná analýza vyžadují doplnění dH₂O, 70% isopropanolu, 0,1 N NaOH do kolonek v přístroji. Roztoky se připravují za použití ultračisté vody. Výsledné roztoky se skladují při pokojové teplotě a užívají se až do úplné spotřeby.

Složka	Katalog. č.	Výsledná koncentrace	Množství/250 ml	Skladování
100% isopropanol	PENTA 17510-20005 (Česká republika)	70%	180 ml	pokojová teplota
NaOH	PENTA 15760-31000 (Česká republika)	0,1 N	0,1 g	pokojová teplota

7 Postup zkoušky

7.1 Bezpečnostní opatření

Provedení metody nevyžaduje žádné zvláštní bezpečnostní opatření.

7.2 Okolní podmínky zkoušky

Provedení metody nevyžaduje kontrolu žádných limitních podmínek.

7.3 Množství vzorku

Do každé jamky je napipetováno 22,5 µl ligačního premixu a 2,5 µl templátové DNA. Po ligaci se 6 µl produktu přenesou k 18 µl PCR premixu. Dále je 10 µl výsledného MOL-PCR produktu přidáno k 5 µl kuličkového mixu a před samotnou analýzou je celý objem reakce navýšen 45 µl analyzačního pufru na 60 µl.

7.4 Slepý pokus

7.4.1 Negativní kontrola

Jako negativní kontrola (no template control, NTC) je do MOL-PCR reakce přidána PCR voda v ekvivalentním množství k templátové DNA, tedy 2,5 µl. Negativní kontrola musí být použita v každém experimentu.

7.4.2 Pozitivní kontrola

Jako pozitivní kontrola slouží IC. Plazmid i MOLiga pro IC se přidávají do každého ligačního premixu a musí být použita v každém experimentu.

7.5 Replikáty

Každý vzorek se analyzuje nejméně v duplikátu a připravují se alespoň dvě NTC na jeden multiplexní ligační mix.

7.6 Kalibrace měřícího prostředku před zkouškou

Po spuštění přístroje je třeba vždy provést několik úkonů. Nejprve se sací jehla promyje a sonifikuje v destilované vodě (dH₂O). Zkontroluje se naplnění kontejnerů pro Drive fluid a odpad (waste container). V Luminex xPONENT softwaru se postupně navolí údržbové rutiny: Calibration and Verification (dle potřeby), Daily Fluidics Prep (Luminex). Po skončení analýz se před vypnutím přístroje vždy provádí rutina Daily Shut Down (Luminex).

7.7 Provedení zkoušky

7.7.1 Ligační protokol

Přístroj: DNA Engine Dyad Peltier Thermal Cycler (Bio-Rad, California, USA)

1 cyklus	Úvodní denaturace	95 °C (10 min)
20 cyklů	Denaturace	95 °C (30 s)
	Ligace	59 °C (1 min)
	Hold ^a	10 °C

^a uchování do dalšího zpracování; nutno zpracovat během jednoho dne

7.7.2 PCR protokol

Přístroj: DNA Engine Dyad Peltier Thermal Cycler (Bio-Rad, California, USA)

1 cyklus	Úvodní denaturace	95 °C (2 min)
40 cyklů	Denaturace	95 °C (15 s)
	Annealing/ Elongace	60 °C (15 s)
		72 °C (15 s)
	Hold ^a	10 °C

^a uchování do dalšího zpracování

7.7.3 Hybridizační protokol

Přístroj: DNA Engine Dyad Peltier Thermal Cycler (Bio-Rad, California, USA)

1 cyklus	Úvodní denaturace	96 °C (1,5 min)
	Hybridizace	37 °C (30 min)
	Hold ^a	37 °C

^a uchování do dalšího zpracování; nutno zpracovat během jednoho dne

7.7.4 Analýza

Přístroj: Bio-Plex MAGPIX Multiplex Reader (Bio-Rad, California, USA). Analýza probíhá při pokojové teplotě a měření 96-ti jamkové desky trvá asi 45 minut. Naměřené hodnoty jsou zobrazeny v xPONENT 4.2 softwaru (Luminex, USA), odkud jsou hrubá data exportována do Excelu, kde jsou jednoduchým výpočtem vyhodnocena.

8 Výpočet a vyjádření výsledku

8.1 Hodnocení výstupu

Od naměřených hodnot mediánu intenzity fluorescence (MFI) se odečte hodnota MFI příslušné negativní kontroly NTC pro daný region mikrosfér. **Je-li výsledná hodnota (P) vyšší než 100, vzorek je vyhodnocen jako pozitivní.**

$$P_{\text{vzorku}} = \text{MFI}_{\text{vzorku}} - \text{MFI}_{\text{NTC}}$$

8.1.1 Kvalitativní hodnocení

Kvalitativní hodnocení se provádí podle následující tabulky:

Cíl č. 1	Cíl č. 2	IC	Celkový výsledek
Pozitivní (+)	Pozitivní (+)	Pozitivní (+)	Vzorek je pozitivní na <i>Rickettsia</i> spp.
Pozitivní (+)	Negativní (-)	Pozitivní (+)	Nejednoznačný výsledek, nutné ověřit
Negativní (-)	Pozitivní (+)	Pozitivní (+)	Nejednoznačný výsledek, nutné ověřit
Negativní (-)	Pozitivní (+)	Negativní (-)	Nejednoznačný výsledek, nutné ověřit
Pozitivní (+)	Pozitivní (+)	Negativní (-)	Vzorek je pozitivní na <i>Rickettsia</i> spp. ^a
Negativní (-)	Negativní (-)	Pozitivní (+)	Vzorek je negativní na <i>Rickettsia</i> spp.
Negativní (-)	Negativní (-)	Negativní (-)	Vzorek je inhibován ^b

Vzorek je považován za pozitivní, pokud je pozitivní alespoň v jednom opakování.

^aVzorek je pozitivní na přítomnost detekovaného cíle, nicméně je negativní v případě interní kontroly. V tomto případě neproběhla reakce ideálním způsobem a může se jednat o částečnou inhibici. Je nutné izolovanou NK 5× a 10× naředit, případně zopakovat izolaci NK ze zásobního

duplikátu a detekční reakci zopakovat. Případné ředění templátové NK je třeba vzít v potaz v rámci vyhodnocování výsledků celého analytického postupu.

^bVzorek je negativní v případě detekovaného cíle i interní kontroly. V tomto případě neproběhla reakce ideálním způsobem. Pravděpodobnou příčinou je inhibice reakce. Je nutné izolovanou NK 5× a 10× naředit, případně zopakovat izolaci NK ze zásobního duplikátu a detekční reakci zopakovat. Případné ředění templátové NK je třeba vzít v potaz v rámci vyhodnocování výsledků celého analytického postupu.

9 Validace

9.1 **Specifita**

Navržené sekvence MOLig byly porovnány pomocí algoritmu BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>). Sekvence specifické pro cílové geny byly 100% identické s referenčními sekvencemi zastoupenými v databázi a současně nevykazovaly identitu s jinými organismy. Specifita MOLig byla testována na celé řadě bakteriálních, parazitárních a virových patogenů, konkrétně u *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium avium* subsp. *avium*, *Mycobacterium avium* subsp. *hominisuis*, *Rickettsia parkeri*, *Rickettsia typhi*, *Rickettsia rickettsii*, *Rickettsia conori*, bovinní herpesvirus typu 1 (BHV-1), *Echinococcus multilocularis*, *Staphylococcus aureus*. Specifita převzatých univerzálních primerů byla ověřena na 13 genotypech *Bacillus anthracis* v případě (Thierry, Hamidjaja et al. 2013), ale mimo jiné také na 11 sérotypech *Escherichia coli* (STEC) v publikaci (Woods, Mendez et al. 2016).

9.2 **Optimalizace reakčních podmínek**

Koncentrace jednotlivých MOLig byla optimalizována tak, aby nedocházelo k nespecifickým reakcím s jinými MOLigy v multiplexní ligaci a zároveň vznikalo co nejvíce specifických ligačních produktů. Koncentrace univerzálních primerů byla optimalizována tak, aby nedocházelo k amplifikaci jednoho cíle na úkor druhého a aby zároveň vznikal fluorescenčně značený produkt ve zvýšené míře. IC byla optimalizována tak, aby byly přednostně amplifikovány a detekovány cílové sekvence. Tvorba primer-dimerů a nespecifických produktů byla zkontrolována pomocí meltingové analýzy.

Funkčnost optimalizovaných reakčních podmínek byla ověřena v monoplexních i multiplexních formátech reakce, přičemž nejvyšší testovaná úroveň multiplexu čítala 12 systémů.

9.3 Kruhový test

Vzorky pro kruhový test byly připraveny na VÚVeL v podobě koncentračního gradientu izolované DNA s ohledem na empiricky stanovenou citlivost multiplexní MOL-PCR reakce 1 – 0,1 ng templátové DNA pro daný cíl (Stucki, Malla et al. 2012, Thierry, Hamidjaja et al. 2013).

MOL-PCR i analýza byly provedeny a vyhodnoceny podle postupu popsaného v této certifikované metodice. Hodnota S (stopové množství) představuje koncentraci cílové DNA na hranici limitu detekce.

Vzorek	Vzorek po izolaci DNA	Kvalitativní detekce <i>Rickettsia</i> spp. pomocí genu 17kDa			
		VÚVeL	VVeTÚ Hlučín	VFU Brno	CBO Těchonín
Z	Neředěný	+	+	+	+
5X	5X ředěný	+	-	+	+
10X	10X ředěný	+	-	+	+
S	stopové množství	+	-	-	-
Ex	Negativní + 10X ředěná DNA <i>S. aureus</i>	-	-	-	-
K+	IC	+	+	+	+
NTC	Negativní	-	-	-	-

Výsledky kruhového testu potvrdily použitelnost metodiky v rutinní laboratorní praxi.

Vzorek	Vzorek po izolaci DNA	Kvalitativní detekce <i>Rickettsia</i> spp. pomocí genu <i>gltA</i>			
		VÚVeL	VVeTÚ Hlučín	VFU Brno	CBO Těchonín
Z	Neředěný	+	+	+	+
5X	5X ředěný	+	+	+	+
10X	10X ředěný	+	-	+	+
S	stopové množství	+	-	-	-
Ex	Negativní + 10X ředěná DNA <i>S. aureus</i>	-	-	-	-
K+	IC	+	+	+	+
NTC	Negativní	-	-	-	-

Výsledky kruhového testu potvrdily použitelnost metodiky v rutinní laboratorní praxi.

10 Operativní řízení jakosti

Je řešeno:

- 1) pomocí negativní kontroly
- 2) interní kontrolou (IC)

III) SROVNÁNÍ NOVOSTI POSTUPŮ

Vzhledem k tomu, že nejsou k dispozici jednotné a srovnatelné metodické přístupy získávání dat o prevalenci *Rickettsia* spp. a použití různých analytických metod neumožňuje získání srovnatelných údajů (EFSA, 2017), je vypracování a využití další validované metody pro detekci tohoto patogenu účelné.

Představená metodika je oproti dříve publikovaným postupům inovativní svým vysokým stupněm multiplexu, schopného kombinovat detekci několika nezávislých cílů a interní kontroly. Tato kombinace tak umožňuje rychlý skrínink vyšetřovaného vzorku na předpokládané spektrum patogenů, jejichž výskyt je vázaný na danou matici a současně umožňuje vyloučit falešně negativní výsledek v důsledku přítomnosti inhibitorů. Na základě rychlé a spolehlivé kvalitativní detekce je pak možno vybrané vzorky vykazující pozitivitu podrobit kvantifikační analýze pomocí real time PCR a determinovat tak infekční dávku.

Předložená metodika byla vyvinuta s ohledem na požadavky armády ČR pro její budoucí diagnostické uplatnění, tedy rychlou detekci nebezpečných patogenů potenciálně zneužitelných jako biologické zbraně. Proto u ní byla provedena kompletní optimalizace,

o testována specificita a citlivost, propracován systém kontrol a hodnocení. Funkčnost byla ověřena pro monoplexní i vysoce multiplexní účely. Předložený MOL-PCR systém umožňuje komplexní přístup k detekci bakteriálního rodu *Rickettsia* a je použitelný pro široké využití ve veterinární i humánní oblasti v laboratořích orgánů ochrany veřejného zdraví. Metodika je současně dostatečně spolehlivá, aby na základě výsledku bylo možné rozhodnout o míře rizika.

IV) POPIS UPLATNĚNÍ CERTIFIKOVANÉ METODIKY

Metodika je určena k rychlému skríninku a monitoringu výskytu *Rickettsia* spp. a byla vyvinuta pro potřeby ozbrojených složek ČR. Navržený postup je vhodný pro kontrolu z klinických i terénních vzorků (stěry, biologické tkáně), kde existuje podezření na přítomnost těchto agens.

V) SEZNAM POUŽITÉ LITERATURY

- Azad, A. F. and C. B. Beard (1998). "Rickettsial pathogens and their arthropod vectors." Emerging infectious diseases **4**(2): 179.
- de la Fuente, J., A. Estrada-Pena, J. M. Venzal, K. M. Kocan and D. E. Sonenshine (2008). "Overview: ticks as vectors of pathogens that cause disease in humans and animals." Front Biosci **13**(13): 6938-6946.
- Kawabata, H., S. Ando, T. Kishimoto, I. Kurane, A. Takano, S. Nogami, H. Fujita, M. Tsurumi, N. Nakamura and F. Sato (2006). "First detection of Rickettsia in soft-bodied ticks associated with seabirds, Japan." Microbiology and immunology **50**(5): 403-406.
- Noh, Y., Y. S. Lee, H.-C. Kim, S.-T. Chong, T. A. Klein, J. Jiang, A. L. Richards, H. K. Lee and S. Y. Kim (2017). "Molecular detection of Rickettsia species in ticks collected from the southwestern provinces of the Republic of Korea." Parasites & vectors **10**(1): 20-20.
- Perlman, S. J., M. S. Hunter and E. Zchori-Fein (2006). "The emerging diversity of Rickettsia." Proceedings. Biological sciences **273**(1598): 2097-2106.
- Perlman, S. J., M. S. Hunter and E. Zchori-Fein (2006). "The emerging diversity of Rickettsia." Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences **273**(1598): 2097-2106.
- Probert, W. S., M. N. Schrader, N. Y. Khuong, S. L. Bystrom and M. H. Graves (2004). "Real-time multiplex PCR assay for detection of Brucella spp., B-abortus, and B-melitensis." Journal of Clinical Microbiology **42**(3): 1290-1293.
- Reslova, N., V. Huvarova, J. Hrdy, M. Kasny and P. Kralik (2019). "A novel perspective on MOL-PCR optimization and MAGPIX analysis of in-house multiplex foodborne pathogens detection assay." Scientific reports **9**(1): 2719.
- Stucki, D., B. Malla, S. Hostettler, T. Huna, J. Feldmann, D. Yeboah-Manu, S. Borrell, L. Fenner, I. Comas and M. Coscollà (2012). "Two new rapid SNP-typing methods for classifying Mycobacterium tuberculosis complex into the main phylogenetic lineages." PloS one **7**(7): e41253.
- Tahir, D., C. Socolovschi, J.-L. Marié, G. Ganay, J.-M. Berenger, J.-M. Bompar, D. Blanchet, M. Cheuret, O. Mediannikov, D. Raoult, B. Davoust and P. Parola (2016). "New Rickettsia species in soft ticks Ornithodoros hasei collected from bats in French Guiana." Ticks and Tick-borne Diseases **7**(6): 1089-1096.
- Thierry, S., R. A. Hamidjaja, G. Girault, C. Löfström, R. Ruuls and D. Sylviane (2013). "A multiplex bead-based suspension array assay for interrogation of phylogenetically informative single nucleotide polymorphisms for Bacillus anthracis." Journal of microbiological methods **95**(3): 357-365.
- Vasickova, P., M. Slany, P. Chalupa, M. Holub, R. Svoboda and I. Pavlik (2011). "Detection and phylogenetic characterization of human hepatitis E virus strains, Czech Republic." Emerging infectious diseases **17**(5): 917.
- Woods, T. A., H. M. Mendez, S. Ortega, X. Shi, D. Marx, J. Bai, R. A. Moxley, T. G. Nagaraja, S. W. Graves and A. Deshpande (2016). "Development of 11-Plex MOL-PCR assay for the rapid screening of samples for Shiga toxin-producing Escherichia coli." Frontiers in cellular and infection microbiology **6**: 92.

VÚVeL 

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno
Czech Republic

Tel.: +420 5 3333 1111; www.vri.cz; e-mail: vri@vri.cz