Gac Sanit. 2026;40(S4):58

Gaceta Sanitaria

https://www.gacetasanitaria.org

638 - DESARROLLO DE UN ESQUEMA DE TIPADO PARA EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE *TREPONEMA PALLIDUM*

M. Pla-Díaz, D. García-García, R. Antoni Alandes, N. Arora, F. González-Candelas

FISABIO; Universidad de Valencia; CIBERESP; Universidad de Zurich.

Resumen

Antecedentes/Objetivos: Aunque con menor prevalencia que otras ITS, la incidencia de sífilis no ha dejado de aumentar en todo el mundo en las últimas décadas. Una dificultad para la vigilancia y control eficaz de estas infecciones es la falta de un sistema de tipado molecular adecuado y de aplicación universal para esta y la otras treponematosis (pian y bejel). Nuestro objetivo es el diseño, comprobación y optimización de un esquema de tipado que cumpla las condiciones de efectividad, informatividad, universalidad y accesibilidad para laboratorios clínicos y de salud pública.

Métodos: Hemos empleado la secuencia de 121 genomas completos de las tres subespecies de *T. pallidum* para diseñar un esquema óptimo para diferenciar entre y dentro de cada una de ellas. El esquema incluye fragmentos de 7 genes: tp0136, tp0326, tp0548, tp0705, tp0858, tp0865 y tp1031, y se complementa con parte del gen 23S rRNA para evaluar la resistencia a azitromicina. Tras la puesta a punto con secuenciación Sanger usando muestras clínicas de varios países y linajes, hemos usado la secuenciación masiva para reducir costes y, más importante, aprovechar muestras con poca cantidad y calidad del ADN de la bacteria.

Resultados: Entre las 542 muestras estudiadas (183 clínicas), determinamos el secuenciotipo (ST) en 415 casos (101), de los que 382 corresponden a *T. pallidum pallidum* (TPA, causante de sífilis), 22 a *T. pallidum pertenue* (TPE, causante de pian) y 11 a *T. pallidum endemicum* (TEN, causante de bejel). Entre las muestras de TPA identificamos 60 ST diferentes, 29 entre las 312 cepas del clado SS14 y 31 entre las

0213-9111 © 2026 SESPAS. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Todos los derechos reservados

126 del clado Nichols. Las 66 muestras analizadas de TPE se agruparon en 16 ST distintos y las 19 de TEN en 6. La secuenciación por nanoporos de los remanentes de 18 muestras clínicas con baja cantidad y calidad de ADN confirmó los resultados para 77 alelos obtenidos previamente por Sanger y permitió determinar 23 nuevos alelos.

Conclusiones/Recomendaciones: Hemos desarrollado una herramienta de análisis de la variabilidad genética en *T. pallidum* que abre las puertas a una eficaz vigilancia epidemiológica molecular de las treponematosis y, en particular, de sífilis, que puede ser empleada con facilidad en los laboratorios de microbiología clínica y salud pública.

Financiación: proyectos PID2021-127010OB-I00 y PID2024-155977OB-I00 del MICIN.

0213-9111 © 2026 SESPAS. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Todos los derechos reservados