**Kórokozók kimutatása vastagbélrákos és/vagy parodontitisben szenvedő betegek nyálában**

A Fraunhofer Kutatóintézettel (Németország) együttműködésben

**Összefoglaló**

Kórokozók kimutatása, különösen a Fusobacterium nucleatum (Fn) baktérium DNS-ének kimutatása a nyálban. Az Fn egy Gram-negatív baktérium, amely az emberi szájüregben és a gyomor-bélrendszerben található. Az Fn ismert parodontális patogén, valamint számos egyéb szisztémás megbetegedés kialakulásában játszik szerepet. A nyálban lévő Fn relatív gyakorisága összefüggést mutat a parodontális státusszal. Arra is van bizonyíték, hogy ez a kórokozó a vastagbélrák (CRC) szövetében feldúsul, és fontos szerepet játszik a betegség és a metastasisok kialakulásában. Jelentősen emelkedett Fn-DNS-szintet mutattak ki CRC-betegek nyálában. Az eddigi adatok alapján a nyálban lévő Fn-DNS hasznosabbnak bizonyult a CRC diagnózisában és prognózisában, mint a szérumban lévő hagyományos tumormarkerek. Az Fn-DNS kimutatása jelenleg kvantitatív amplifikációs módszerekkel (qPCR, csepp digitális PCR) vagy 16S RNS szekvenálással történik.

**Pathogen detection in saliva from patient with colorectal carcinoma and/or periodontitis**

In collaboration with Fraunhofer Research Institute (Germany)

**Summary**

Detection of pathogens, specifically the detection of DNA from the bacterium Fusobacterium nucleatum (Fn) in saliva. Fn is a gram-negative bacterium found in the human oral cavity and gastrointestinal tract and is a known periodontal pathogen as well as suggestive for a variety of diseases. The relative abundance of Fn in saliva has been shown to be related to periodontal status. There is also evidence that this pathogen is enriched in colorectal cancer (CRC) tissue and plays an important role in its carcinogenesis. Significantly elevated levels of Fn DNA have been detected in the saliva of CRC patients and Fn DNA in saliva has been shown in the literature to be more useful in diagnosis and prognosis of CRC than conventional tumour markers in serum. Fn DNA is currently detected by quantitative amplification methods (qPCR, droplet digital PCR) or 16S RNA sequencing.