

29. kongres



Československé společnosti mikrobiologické
s mezinárodní účastí

28. Moravsko-slovenské mikrobiologické dny

31. Tomáškovy dny mladých mikrobiologů

ABSTRAKTY - PŘEDNÁŠKY



15. - 17. 9. 2022

OREA Congress Hotel BRNO

Sborník transakt
Produkce BPP s.r.o.
Lípa č.p. 317, 763 11 Lípa

Září 2022
Vydání I.

ISBN 978-80-88379-18-8

1. **Bačová** - Detoxification and adaptation mechanisms to azoles in *Aspergillus fumigatus*
2. **Bachmannová** - Role unikátních ladderánových lipidů v anammox bakteriích
3. **Baudišová** - Potenciálně patogenní bakterie v recyklovaných vodách
4. **Benešík** - Izolace a charakterizace bakteriofágů proti humánním a veterinárním patogenům
5. **Bosák** - In vitro cultivation of the syphilis spirochete, *Treponema pallidum* ssp. *pallidum*
6. **Břenková** - Genetic deconstruction of the porin complement in *Pseudomonas putida*
7. **Břínek Kolařová** - C-type Lectine protein viru Afrického moru prasat
8. **Buňková** - Dekarboxylázová aktivita mikroorganismů v potravinách
9. **Calvillo-Medina** - Richness and opportunistic pathogenicity of psychrotolerant fungi from high altitude ...
10. **Cverenkárová** - Wastewater as a source of antibiotic resistant coliform bacteria
11. **Čejková** - Comprehensive analysis of mobile genetic elements in chicken gut microbiome using a novel in-silico ...
12. **Čermáková** - Výsledky dvouletého monitoringu výskytu RNA SARS-CoV-2 v odpadních vodách pražské stokové sítě
13. **Čurová** - *Clostridioides difficile* v Univerzitnej nemocnici L.Pasteura počas pandémie COVID-19
14. **Davidová Geržová** - Sledování šíření multirezistentních kmenů *Klebsiella* spp. z nemocnic do prostředí cestou ...
15. **Dvořáčková** - Variabilita viru SARS-CoV-2 a sledování privátních mutací pomocí NGS
16. **Dziedzinská** - Multiplexní qPCR pro detekci a rozlišení zástupců komplexu *Mycobacterium avium* ...
17. **Gabriel** - Radioactive Contamination of Wild Mushrooms from Poliss'ke forestry (Kyiv region, Ukraine) ...
18. **Hnilicová** - Novel RNA molecules interacting with the bacterial transcription machinery
19. **Holá** - Microbial Communities of Biofilms in Non-Healing Chronic Wounds
20. **Horváthová B.** - Zkušenosti s metodou EUCAST RAST ve Fakultní nemocnici Brno
21. **Horváthová K.** - Komensální mikroorganismy s ochranným efektem proti střevním infekcím selat
22. **Hrala** - Charakterizace patogenních izolátů *Escherichia coli* z hospodářských chovů dromedárů
23. **Hrnčířová** - Optimalizace syntetických vazebných proteinových lešení na povrchu buněk bakterie ...
24. **Chroňáková** - Evaluation of the significance of *Streptomyces* spp. as opportunistic pathogens
25. **Chumchalová** - Sledování působení materiálu typu Cu-polymer na mikroorganismy a SARS-CoV-2 v reálných ...
26. **Janiček Hrubá** - Testování antivirových účinků vybraných látek na replikaci parvoviru masožravců
27. **Juřicová** - Vývoj mikrobioty sýrů během jejich výroby a zrání - charakterizace metodou sekvenování 16S rRNA
28. **Karpíšková** - Masné výrobky k přímé spotřebě jako zdroj expozice MRSA pro konzumenty
29. **Kavanová** - Výskyt genů rezistence a studium okolí těchto genů u izolátů *L. amyovorus* získaných ...
30. **Kepka** - Využití přístroje ID-NOW při diagnostice SARS-CoV-2
31. **Kleknerová** - Antimikrobiální účinek hydrogelu na bázi Gum Karaye v kombinaci s fágovým preparátem ...
32. **Klíčová** - Možnosti inhibice koronavirů antivirotickými látkami
33. **Koblížek** - Cold-loving bacterium from a mountain lake harvests light energy using two different photosystems
34. **Kodešová** - Izolace, identifikace a charakterizace *Listeria monocytogenes* z potravin dostupných v tržní síti
35. **Kolář** - Problematika antimikrobiální rezistence
36. **Kostovová** - *Lactobacillus amylovorus* jako potenciální zdroj glykosidáz zvyšujících stravitelnost krmiva prasat
37. **Krahulcová** - Detection of resistant coliform bacteria and enterococci in intestinals and gills of carps
38. **Králík** - Systém pro vzorkování a detekci virových původců respiračních onemocnění ze vzduchu
39. **Králová** - Antarctic soil bacteria - unprecedented potential to produce novel secondary metabolites
40. **Kroneislová** - In vitro účinnost nových antibiotik u difficult-to-treat kmenů *Acinetobacter baumannii*

41. **Kryštofová** - Funkčná charakterizácia konídiálneho pigmentu *Trichoderma atroviride*
42. **Kučová** - Produkce pyocinů u kmenů *P. aeruginosa* izolovaných o pacientů s cystickou fibrózou
43. **Kulkarni** - In vitro blood-brain barrier models to study neuroborreliosis and meningococcal infection
44. **Lara** - Genome Features and Secondary Metabolites Potential of *Lentzea* spp.
45. **Lencová, Zdeňková** - Potenciál polyamidových netkanných nanovláknenných materiálů jako aktivních ...
46. **Lovecká** - Degradace pesticidních látek vybranými bakteriálními izoláty
47. **Masaříková** - Zoonotický potenciál *Clostridioides difficile*: izolace a charakterizace kmenů ze psů a koček
48. **Mašín** - Vztah struktury a funkce RTX toxinů Gram-negativních patogenních bakterií
49. **Medappa** - A novel Multi-locus Sequence Typing scheme (MLST) identified three *Treponema pallidum* subsp. ...
50. **Medved'ová** - Inhibičný potenciál zmesnej kultury baktérií mliečného kysnutia s dôrazom na mikrobiologickú ...
51. **Molnárová** - γ -aminobutyric acid function in *Neurospora crassa*
52. **Nováková M.** - Influence of heat killed lactobacilli on in vitro model of non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD)
53. **Olejníková** - The synergic strategy increases the activity of antifungal agents and prevents the induction ...
54. **Ostrý** - Monitoring dietární expozice: „HYGIMON“ – toxinogenní plísně v potravinách
55. **Palkovičová** - Globálne rozšírená patogénna línia *Escherichia coli*: koevolúcia medzi chromozómom ...
56. **Perglerová** - Genetic polymorphisms of a parasitic protist *Giardia intestinalis* associated with metronidazole resistance
57. **Peroutka** - Vliv genů antibiotické resistance na fyziologické vlastnosti *Salmonella enterica*
58. **Pešta** - Příprava rekombinantního lytického systému pro biotechnologie bakterie *Pseudomonas putida*
59. **Predný** - Prípady pľúcnej aspergilózy spojenej s ochorením COVID-19 u pacientov hospitalizovaných ...
60. **Prodělalová** - Aktuální poznatky o výskytu včelích viróz v České republice
61. **Rebrošová** - Možnosť využitia Ramanovej spektroskopie pri identifikácii mikroorganizmov z telesných tekutín
62. **Rosinová** - Optimalizácia hydrogélů pre 3D model chronických polymikrobiálních infekcií rán
63. **Roulová** - Detekce, charakterizace a antimikrobiální citlivost *Yersinia enterocolitica* v různých typech odpadních vod
64. **Růžičková** - Genomika multirezistentní *Escherichia coli* v kolonii racků: dynamika výskytu kmenů a výměna plazmidů
65. **Rybková** - Detekce antimikrobiálních a cytotoxických vlastností polylaktidových materiálů
66. **Schlosserová** - Výskyt hybridů patogenních *E. coli* O111 v České republice
67. **Siváková** - Etiologie infekční endokarditidy u operovaných pacientů na CKTCH v letech 2018-2019
68. **Snopková** - Potential of Antarctic *Pseudomonas* spp. to inhibit clinical *P. aeruginosa* isolates
69. **Sokolová** - Colonization of sink by multidrug-resistant microorganisms in intensive care units
70. **Sovová** - Adenoviry ve vodním prostředí
71. **Stiborová** - Využití odpadů v zemědělství, jejich rizika, benefity a vliv na půdní mikrobiotu
72. **Struk** - Photoautotrophic removal of hydrogen sulfide from biogas using purple and green sulfur bacteria
73. **Sudzinová** - HelD mediated rifampicin resistance in *Bacillus subtilis*
74. **Sukkar** - Gramnegativní bakterie rezistentní ke karbapenemům a kolistinu v odpadních vodách
75. **Szemes** - National genomic surveillance of SARS-CoV-2 genomes using integrated system called NarCoS
76. **Šerý** - Nová legislativa EU pro diagnostické zdravotnické prostředky
77. **Šilha** - In vitro activity of olive oil extracts against planktonic cells and biofilm formation of *Arcobacter*-like species
78. **Šišmová** - Rezistence ke kolistinu u *Escherichia coli* z lidí, masa a hospodářských zvířat: národní surveillance ...
79. **Šmajs** - Why there are two genetically distinct groups of syphilis-causing strains?
80. **Šoltys** - Gastrointestinální mikrobióm a molekuly s ním asociované ako biomarkery

81. **Španělová** - Celogenomová sekvenace v identifikaci a taxonomii bakterií
82. **Štosová** - Nové možnosti typizace nozokomiálních bakterií
83. **Tejkalová** - *Stenotrophomonas maltophilia* v době covidové – kazuistika
84. **Toth Hervay** - Katechín – modulátor odpovědi patogenních kvasiniek na chemický stres
85. **Tvrzová** - Jak účinně zachytí obličejové masky bakterie a jak viry?
86. **Úlehlová** - Epidemiologie koi herpesvirózy na Pardubicku
87. **Vacek** - Testování antimikrobiální citlivosti teplotně stabilizovaných endolysinů
88. **Valášek** - Výskyt antibiotické rezistence v různých typech vod
89. **Valík** - Termorezistencia vegetativních bakterií izolovaných ze slovenských remeselně vyráběných syrov ...
90. **Vaňová** - Monitoring of SARS-CoV-2 variants during the COVID-19 pandemic in Slovakia
91. **Vávrová** - In vitro formation of dual-species biofilms – establishment of experimental settings for method leading ...
92. **Vígláš** - *Neurospora crassa* – understanding the effect of azoles on the cell of the model filamentous fungus
93. **Viktorová** - Mnohočetná léková rezistence *Staphylococcus aureus* a její modulační přírodními sloučeninami ...
94. **Vítězová** - Metanogenní archea v prostředí podzemních zásobníků plynu
95. **Závora** - Změnil se význam diferenciální diagnostiky respiračních onemocnění v době pandemie onemocnění ...
96. **Zima** - Štúdium liečivých látok na báze nízkomolekulárneho chondroitín sulfátu a sulfátovaného ...
97. **Zvěřinová Mlejnková** - Využití monitoringu viru SARS-CoV-2 v odpadních vodách pro sledování vývoje epidemie v ČR

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detoxification and adaptation mechanisms to azoles in <i>Aspergillus fumigatus</i>
Ing. Ivana Bačová ¹
¹ Fakulta chemickej a potravinárskej technológie STU v Bratislave, Ústav biochémie a mikrobiológie
Bc. Karin Herchlová ¹ , Ing. Ján Víglaš ¹ , doc. Ing. Petra Olejníková, PhD. ¹
¹ Fakulta chemickej a potravinárskej technológie STU v Bratislave, Ústav biochémie a mikrobiológie
<p><i>Aspergillus fumigatus</i> is an opportunistic fungal pathogen that can cause allergic reactions or severe life-threatening infections called invasive aspergillosis. The global occurrence of resistant strains especially against azole antifungals (the first choice for aspergillosis treatment) markedly complicate the treatment of infections.</p> <p>We decided to study the properties of <i>A. fumigatus</i> CCF 6367 with confirmed L98H mutation in gene <i>cyp51A</i>, isolated from the sputum of 80 years old man. We have tested the strain sensitivity to antifungals, stress conditions and to newly synthesized silver complexes by macrodilution method. In the presence of azols, we have evaluated the expression of genes involved in detoxication process and adaptation to antifungals by Real-time PCR.</p> <p>The studied strain has shown resistance or decreased sensitivity to several antifungals. We observed an increased expression of the genes coding for CYP51A, CYP51B, ERG25A, ERG3 and the transcription factor SrbA in presence of azoles. Despite a mutation in <i>cyp51A</i>, which ensure resistance against azoles, we have noticed some signs of adaptation mechanisms at the gene transcription level. Newly synthesized silver complexes could serve as alternative agents for <i>A. fumigatus</i> inactivation. We have noticed the antifungal activity of several silver complexes that inhibited the germination of <i>A. fumigatus</i> spores.</p> <p>This work was created with the support of grants VEGA 1/0388/22 and APVV- APVV-19-0094.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Role unikátních ladderánových lipidů v anammox bakteriích
M.Sc. Christina Bachmannová
Ústav technologie vody a prostředí, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
Bachmannová C. ^{1*} , Danner S. ¹ , Navrátilová K. ² , Podzimek T. ³ , Lipovová P. ³ , Bartáček J. ¹ , Kouba V. ¹
¹ Vysoká škola chemicko-technologická, Ústav technologie vody a prostředí, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice ² Vysoká škola chemicko-technologická, Ústav analýzy potravin a výživy, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice ³ Vysoká škola chemicko-technologická, Ústav biochemie a mikrobiologie, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice *autor pro korespondenci, email: bachmanc@vscht.cz
<p>Anaerobní amoniak oxidující (anammox) bakterie syntetizují jedinečné lipidy s cyklobutany, takzvané ladderány. Přítomnost cyklobutanů v lipidech je spojována s permeabilitou membrán, podobně jako u některých extremofilů. Tyto organismy, vyskytující se blízko horkých pramenů nebo v jiných extrémních podmínkách, často obsahují lipidy s cyklopentany či cyklohexany. Většina anammox jsou ale planktonní bakterie v jezerech či oceánech, zdánlivě tedy pro tvorbu ladderánů nemají důvod. Zatím ovšem nebylo objasněno, za jakým účelem a jakých podmínek si anammox syntetizují ladderány.</p> <p>Proto jsme v této práci provozovali po 52 dní dva identické bioreaktory s kulturou obohacenou o anammox bakterie. V prvním reaktoru byla udržována konstantní teplota $30 \pm 0,5^\circ\text{C}$, zatímco ve druhém reaktoru byla postupně zvyšována na $40 \pm 0,1^\circ\text{C}$. Vzorky biomasy byly po ukončení kultivace využity k extrakci a analýze ladderánů na U-HPLC-HRMS. Dále byl stanoven poměr anammox k ostatním organismům pomocí qPCR.</p> <p>Dle našich výsledků si anammox s rostoucí teplotou syntetizují nejen více ladderánových lipidů, ale i ladderány s více cyklobutanovými kruhy. Tento adaptační mechanismus pravděpodobně pomáhá udržet optimální permeabilitu membrán za různých teplot i u těchto planktonních organismů. Zabraňuje tak ztrátě protonového gradientu klíčového pro bakterie, jejichž metabolismus generuje jen málo energie.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Potenciálně patogenní bakterie v recyklovaných vodách
RNDr. Dana Baudišová, Ph.D.
Státní zdravotní ústav, Praha
RNDr. Šárka Bobková, Ph.D.
Státní zdravotní ústav, Praha
<p>Současným trendem je využívat recyklovanou vodu k závlahám či splachování WC, a to jak v domácnosti, tak ve veřejných prostorech. Tento typ vod však může obsahovat bakterie, které mohou ohrožovat lidské zdraví.</p> <p>Cílem příspěvku je ukázat na našich výsledcích potenciálně patogenní bakterie relevantní pro každý typ recyklované vody (šedá voda, srážková voda, voda v městských vodních prvcích), na které by mělo být pamatováno při jejím využívání zejména ve veřejném prostoru. Prosté vzorky vod byly odebírány v letech 2020-2022 a analyzovány standardizovanými metodami.</p> <p>Při využití šedých vod jsou nejrizikovější vdechované aerosoly. Proto jeden z hlavních ukazatelů jsou bakterie rodu <i>Legionella</i>, které byly prokázány i v našich vzorcích. Za dalších potenciálních patogenů byla prokázána atypická mykobakteria a <i>Pseudomonas aeruginosa</i>. U bakterií z čeledi <i>Enterobacteriaceae</i> byla testována citlivost na antibiotika a nejvýznamnější rezistence byla sledována u kmenů izolovaných ze zdravotnických zařízení.</p> <p>Srážkové vody pocházejí ze splachů střech a venkovních ploch, proto zde lze očekávat bakterie, spojené se zvířaty. V našich vzorcích jsme neprokázali žádné bakterie rodu <i>Campylobacter</i> ani <i>Salmonella</i>, atypická mykobakteria byla nalezena pouze výjimečně (a žádné <i>M. avium</i>). I přes relativně nízký obsah <i>E. coli</i>, byly v těchto vzorcích významné počty <i>Clostridium perfringens</i>, které indikují fekální znečištění staršího data.</p> <p>Vody v městských vodních prvcích jsou kontaminovány především vnosem „koupajících se“ při vysoké návštěvnosti. Legionely zjištěny nebyly, při vysoké návštěvnosti však byly zjišťovány významné počty kmenů <i>P. aeruginosa</i> a <i>Staphylococcus aureus</i>, včetně MRSA kmenů.</p> <p>Příspěvek vznikl v rámci projektu TAČR SS01010179 Stanovení hygienických požadavků na recyklovanou vodu využívanou v budovách a městských vodních prvcích.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Izolace a charakterizace bakteriofágů proti humánním a veterinárním patogenům
MUDr. Martin Benešík ^{1,2,3}
¹ MB PHARMA, Lužická 1893/9, Praha
Tereza Šopíková ^{1,2} , Dana Štveráková ^{1,2} , Kateřina Plachá ^{1,2} , Marie Komárková ^{1,2,3} , Tibor Botka ^{1,3} , Marta Šiborová ³ , Pavel Plevka ⁴ , Milan Buňata ^{1,2} , Marek Moša ^{1,2,5}
² FAGOFARMA, Londýnská 730/59, Praha ³ Masarykova univerzita, Přírodovědecká fakulta, Ústav experimentální biologie, Brno ⁴ CEITEC - Central European Institute of Technology, Masarykova univerzita, Brno ⁵ Univerzita Karlova, Přírodovědecká fakulta, Praha
<p>Fágová terapie, jejíž objev sahá do 20. let 20. století, představuje možnou alternativu k antibiotické léčbě. Vzhledem ke globálnímu problému stále častěji se vyskytujících bakterií rezistentních k antibiotikům se začaly bakteriofágy dostávat opět do popředí zájmu. Výhodou fágů oproti antibiotikům je jejich vysoká specifita k hostitelskému kmeni, schopnost multiplicity v místě infekce a jejich přirozená schopnost překonávat obranné mechanismy hostitele. Nejen fágy, ale i lytické enzymy kódované bakteriofágy (endoliziny) jsou možnou alternativou k antibiotikům.</p> <p>Cílem naší společnosti je vybudování sbírky dobře charakterizovaných bakteriofágů použitelných v humánní i veterinární medicíně a vyvinutí protokolu pro rychlou izolaci fágů tak, abychom byli schopni rychle zareagovat na aktuální potřeby pacientů.</p> <p>Naše sbírka obsahuje fágy proti bakteriím <i>S. aureus</i>, <i>S. sciuri</i>, <i>P. aeruginosa</i>, <i>E. coli</i>, <i>A. salmonicida</i>, <i>A. hydrophila</i>, <i>K. pneumoniae</i>, <i>A. baumannii</i>, a <i>C. acnes</i>.</p> <p>Fágy jsou izolovány na bakteriálních kmenech pocházejících z nemocničního prostředí, zvířecích farem a bakteriální sbírky Masarykovy univerzity. Zdrojem fágů jsou nejčastěji odpadní vody, odtok z čistíren odpadních vod, močůvka atd. Citlivost bakterií vůči izolovaným fágům je testována kapkovou metodou. U jednotlivých fágů jsou optimalizovány podmínky pro pomnožování a u vybraných fágů je sledována dlouhodobá stabilita v surovém i purifikovaném lyzátu. Dalším krokem je detailní charakterizace fágů, sekvenace jejich genomů, přečištění a zobrazení pomocí transmisní elektronové mikroskopie.</p> <p>Děkujeme za finanční podporu výzkumných projektů: FV40027, Ministry of Industry and Trade of the Czech Republic (Fagofarma) CZ.01.1.02/0.0/0.0/17_176/0015580, Ministry of Industry and Trade of the Czech Republic (MB PHARMA)</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

In vitro* cultivation of the syphilis spirochete, *Treponema pallidum* ssp. *pallidum

Mgr. Juraj Bosák, Ph.D.

Department of Biology, Faculty of Medicine, Masaryk University, Kamenice 5, 62500 Brno, Czech Republic

Matěj Hrala¹, Petra Pospíšilová¹, David Šmajš¹

¹Department of Biology, Faculty of Medicine, Masaryk University, Kamenice 5, 62500 Brno, Czech Republic

Background

The pathogenic bacteria of the genus *Treponema* cause serious health problem, with over 6 million new syphilis cases identified worldwide every year. These spirochcetes are obligatory pathogens adapted to the host, and for decades, their routine maintenance required infection of laboratory animals. In 2018, a long-term *in vitro* cultivation system of *T. pallidum* was established by Steven Norris' laboratory (University of Texas, USA).

Aim

The aim of this study was to use the *in vitro* cultivation system for characterization of growth parameters of different *T. pallidum* strains.

Methods

During *in vitro* cultivation, *T. pallidum* is coincubated with rabbit epithelial cells Sf1Ep in a modified complete medium (TpCM-2) at 34°C. The cultivation requires a microaerobic atmosphere (i.e., 1.5% O₂, 5% CO₂, and 83.5% N₂) and regular subcultures every 7 days.

Results

We analyzed growth parameters for 6 *T. pallidum* strains representing Nichols-like group and SS14-like group. *In vitro*, Nichols-like strains showed shorter doubling time compared to members of SS14-like group. In addition, the minimal inhibition concentrations for penicillin and ciprofloxacin was defined *in vitro*.

Conclusions

The revolutionary technique for *in vitro* cultivation of pathogenic treponemes opened a new approach to study genetics and pathogenicity of treponemal infections.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Genetic deconstruction of the porin complement in <i>Pseudomonas putida</i>
Mgr. Barbora Břenková
Department of Experimental Biology, Section of Microbiology, Faculty of Science, Masaryk University, Kamenice 753/5, 62500 Brno, Czechia
Nicolas Wirth ² , Pablo I. Nickel ² , Pavel Dvořák ¹
¹ Department of Experimental Biology, Section of Microbiology, Faculty of Science, Masaryk University, Kamenice 753/5, 62500 Brno, Czechia ² The Novo Nordisk Foundation Center for Biosustainability, Technical University of Denmark, 2800 Kongens Lyngby, Denmark
<p>The bacterial envelope is an intricate structure that enables separation of the outer environment from the cytosol to retain optimal conditions for biological reactions. The first barrier in Gram-negative bacteria is the outer membrane. Communication with the environment is provided by porins that are either general (unspecific channels with a limiting pore size) or specific (via a substrate-binding domain). <i>Pseudomonas putida</i> is an example of a G- bacterium that does not encode any general porins and thus has a low outer membrane permeability [1]. This organism is gaining increasing attention as a microbial cell factory for lignocellulose biotechnology. In this study, we aim to dissect the role of porins for transport of lignocellulose-derived carbohydrates in <i>P. putida</i>.</p> <p>We used modern genome editing tools such as homology recombination-based genomic deletions or gene inactivation by introduction of a preliminary stop codon. We mapped the porin complement in <i>P. putida</i> via bioinformatics and selected genes encoding potential carbohydrate-selective porins for further experiments. Chosen genes were knocked out and the mutants were characterised in terms of their growth on selected sugars. The results suggest that the role of carbohydrate-specific porins in <i>P. putida</i> is more complex than generally assumed. In conclusion, the composition of the outer membrane affects metabolism of the respective substrates. This feature should be considered while engineering novel metabolic traits in bacteria.</p> <p>[1] S. Chevalier <i>et al.</i>, <i>FEMS Microbiol. Rev.</i>, 2017, doi: 10.1093/femsre/fux020.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

C-type Lectine protein viru Afrického moru prasat
MVDr. Dagmar Břínek Kolařová
Ústav infekčních chorob a mikrobiologie, Fakulta veterinárního lékařství, Veterinární univerzita Brno
prof. MVDr. Vladimír Celer, Ph.D.
Ústav infekčních chorob a mikrobiologie, Fakulta veterinárního lékařství, Veterinární univerzita Brno
Úvod Virus afrického moru prasat, rod <i>Asfivirus</i> z čeledi <i>Asfarviridae</i> , je cytoplazmatický, lineární, obalený dsDNA virus přenášený vektorem, který postihuje všechny členy čeledi <i>Suidae</i> . K prevenci infekce zatím neexistuje vakcína, částečně v důsledku neznámé funkce většiny virových proteinů. C-type lectin protein je jedním z kandidátů na proteiny s imunogenní funkcí.
Cíl Cílem práce byla identifikace antigenních oblastí ve struktuře C-type lectin proteinu a to porovnáním <i>in-silico</i> a pepscan analýzy tohoto proteinu.
Metodika Oblasti proteinu s antigenními vlastnostmi byly identifikovány <i>in silico</i> analýzou (programem dostupným v Immune Epitope Database). Dále byly navrženy a nasyntetizovány peptidy pokrývající celou délku C-type lectin proteinu. Jejich sérologická reaktivita byla testována na souboru sér prasat pozitivních na virus afrického moru prasat.
Výsledky Korelace mezi <i>in-silico</i> identifikovanými B-buněčnými epitopy a syntetickými peptidy byla identifikována u většiny peptidů.
Závěr Byly zjištěny domény obsahující potenciální B-buněčné epitopy ve struktuře C-type lectin proteinu. Dle našich experimentů se C-type lectin protein zdá být vhodným kandidátem nejen na protein s významem v sérologické diagnostice viru, ale i na subjednotkovou vakcínu proti Africkému moru prasat.
<i>Tato práce byla financována projektem tvůrčí agenturou VETUNI, 2022ITA12</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Dekarboxylázová aktivita mikroorganismů v potravinách
prof. RNDr. Leona Buňková, Ph.D.
Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Fakulta technologická, Ústav inženýrství ochrany životního prostředí
Purevdorj Khatantuul ¹ , Klementová Lucie ¹ , Riemel Jakub, Bábková Dagmar ¹ , Buňka František ²
¹ Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Fakulta technologická, Ústav inženýrství ochrany životního prostředí, ² Univerzita obrany, Fakulta vojenského leadershipu, Katedra logistiky
<p>Bezpečnost potravin může být ohrožována mnohými riziky biologického, fyzikálního nebo chemického původu. Mezi často sledované kontaminanty potravin patří v poslední době i biogenní aminy (BA), jejichž produkce je spojena s dekarboxylázovou aktivitou mikroorganismů. BA se vyskytují prakticky ve všech potravinách, které obsahují proteiny nebo volné aminokyseliny. Cílem studie bylo sledovat výskyt mikroorganismů s dekarboxylázovou aktivitou v potravinách.</p> <p>Produkce BA (tyraminu, histaminu, fenyletylaminu, putrescinu, kadaverinu a tryptaminu) mikroorganismy byla sledována <i>in vitro</i> pomocí HPLC/UV-Vis po předkolonové derivatizaci dansylchloridem v médiu po odstranění buněk a po filtraci. Z výsledků vyplývá, že u přírodních zrajících sýrů jsou za produkci biogenních aminů, převážně tyraminu, zodpovědné především non-starterové bakterie mléčného kvašení (zejména mléčné tyčinky a enterokoky). Z povrchu drůbeže byly izolovány gramnegativní tyčinky čeledi <i>Enterobacteriaceae</i>, rodů <i>Pseudomonas</i> a <i>Aeromonas</i> produkující tyramin, putrescin a kadaverin. Přítomnost dekarboxyláza-pozitivních mikroorganismů byla zjištěna také v odpadních vodách mlékárenského průmyslu, kde za producenty BA byly označeny především grampozitivní koky (<i>Staphylococcus</i>, <i>Enterococcus</i>, <i>Lactococcus</i>, <i>Kocuria</i>) a gramnegativní tyčinky (<i>Acinetobacter</i>, <i>Pseudomonas</i>, <i>Aeromonas</i>, enterobakterie). Výsledky dále poukazují na to, že produkce biogenních aminů může být ovlivněna mnohými faktory vnějšího prostředí.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Richness and opportunistic pathogenicity of psychrotolerant fungi from high altitude (>5000 masl) crater lakes and glaciers in the Iztaccíhuatl volcano (Mexico)

M.Sc. Rosa Paulina Calvillo-Medina, Ph.D.

Institute of Soil Biology, Biology Centre CAS, České Budějovice, Czechia

RNDr. Alica Chroňáková, Ph.D.

Institute of Soil Biology, Biology Centre CAS, České Budějovice, Czechia

In Mexico little is known about high-altitude glacial psychrotolerant fungi, most of them have been isolated from polar and alpine environments. It has been documented that some of these species may play an important role in human opportunistic infections. Characterization of their capacity to survive in these environments could help to understand their role in virulence processes in humans and resistance to antibiotics.

In the present study, we isolated and investigated *in vitro* potential pathogenicity of fungi from high altitude (>5000 masl) at two glaciers and two crater lakes from Iztaccíhuatl volcano in Mexico.

The molecular and phylogenetic identification of isolates allowed identification of genus level of 39 isolates belonging to Basidiomycota and Ascomycota and mainly to *Mrakia*, *Phenoliferia*, and *Naganishia* genera. All isolated fungi were thermotolerant, some hemolytic, and resistant to different concentrations of antifungals (ketoconazole, itraconazole). Fungi most tolerant to hemolysis, thermotolerance, and resistance to antifungals were *Phenoliferia* and *Naganishia* and to a lesser extent *Tausonia*. To our knowledge, this is the first report from Mexico on cultivable mycobiota richness and their potential pathogenicity.

The results obtained here open new possibilities for future investigations about fungal richness and possible capacities in opportunistic pathogenicity on humans. Extremophilic fungal communities should be further explored and investigated before global warming causes permanent changes and we miss the opportunity to describe these special sites.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Wastewater as a source of antibiotic resistant coliform bacteria
Ing. Klára Cverenkárová
Department of Nutrition and Food Quality Assessment, Institute of Food Science and Nutrition, Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava
Krahulcová Monika ¹ , Mackuľak Tomáš ² , Bírošová Lucia ¹
¹ Department of Nutrition and Food Quality Assessment, Institute of Food Science and Nutrition, Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava ² Department of Environmental Engineering, Institute of Chemical and Environmental Engineering, Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava
Introduction Coliform bacteria are more often becoming antibiotic resistant and this phenomenon is one of the biggest threats for public health.
Aim The aim of this work was to identify and characterize isolates of coliform bacteria from wastewater.
Methodology Samples of influent and effluent wastewater were collected from 2 wastewater treatment plants in Bratislava. Strains of coliform bacteria were isolated from Chromocult Coliform Agar supplemented with different antibiotics and identified with MALDI-TOF MS. Antibiotic resistance profiles of isolates were detected by macrodilution method with use of 8 antibiotics and triclosan. Biofilm formation was assessed with crystal violet assay. Agar-cartwheel method with ethidium bromide was used for detection of overexpressed efflux pumps. Bacterial strains were screened for presence of several antibiotic resistance genes by PCR.
Results A total number of 51 bacterial isolates of coliforms was isolated. The most prevalent was <i>Escherichia coli</i> (86,3%). 98,0% of strains were resistant to ampicillin, 94,1% to sulfisoxazole and 60,8% to tetracycline. 82,4% of isolates were multidrug resistant. Biofilm production was strong in 58,8% of isolates. Overexpressed efflux pumps were detected in 5 isolates. <i>bla_{TEM}</i> gene was the most prevalent resistance gene in 54,9% of isolates. <i>bla_{SHV, OXA}</i> , <i>tetA</i> , <i>sul1</i> , 2 and <i>qnrB</i> , <i>S</i> were also detected.
Conclusion The results show that the wastewater from Bratislava treatment plants is a source of multidrug resistant coliform bacteria. The isolates often carry multiple resistance genes and can support the spread of resistance genes in the environment.
Funding This work was supported by VEGA 1/0464/21.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Comprehensive analysis of mobile genetic elements in chicken gut microbiome using a novel *in-silico* approach

Darina Čejková, Ph.D

Department of Biomedical Engineering, Faculty of Electrical Engineering and Communication, Brno University of Technology, Brno, Czech Republic

Jana Schwarzerová^{1,2}, Ivan Rychlík³

¹Department of Biomedical Engineering, Faculty of Electrical Engineering and Communication, Brno University of Technology, Brno, Czech Republic

²Molecular Systems Biology (MOSYS), University of Vienna, Vienna, Austria

³Veterinary Research Institute, Brno, Czech Republic

Antibiotic use in farming for decades led also to the selection pressure on chicken commensal bacteria which adapted to those changes by the acquisition of antibiotic resistance genes. In the study, we developed a novel approach to identify mobile genetic elements in genomes of chicken gut microbiota.

We established a bacterial culture collection originated from healthy chicken ceca with respect to gather commensal bacteria. Extracted gDNAs were sequenced on Illumina platform and assembled. To identify traits of horizontal gene transfer, almost identical genes (> 99 % id over 100 % length) present in different bacterial genomospecies were extracted and functionally annotated.

Genomes of 275 bacterial isolates were analyzed in this study; spanning altogether 7 different phyla. Within the analysis pipeline we identified 1417 protein-coding genes. In total, 634 genes are prevalent among Gram positive bacteria, 785 genes are prevalent among Gram negative bacteria and 8 genes were found in both; most of the gene were of unknown function. Interestingly, we identified a novel putative aminoglycoside resistance protein, uridine phosphorylase (protein likely involved in drug metabolism) and protein with ATPase domain.

On summary, we identified genes envisaged to drive horizontal gene transfer between individual chicken gut microbiota members, not only across different genera but also between more distant bacterial taxa. Based on our comprehensive analysis we suppose that many hypothetical genes represent important yet an unknown section of resistome and/or mobilome.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Výsledky dvouletého monitoringu výskytu RNA SARS-CoV-2 v odpadních vodách pražské stokové sítě
Ing. Eliška Čermáková
Ústav biochemie a mikrobiologie, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
Jana Bartáčková ² , Jan Bartáček ² , Kateřina Demnerová ¹ , Alžběta Dostálková ³ , Marco Lopez ² , Zuzana Novaková ⁴ , Michaela Rumlová ³ , Iva Swierczková ⁵ , Petr Sýkora ⁴ a Kamila Zdeňková ¹
¹ Ústav biochemie a mikrobiologie, VŠCHT Praha ² Ústav technologie vody a prostředí, VŠCHT Praha ³ Ústav biotechnologie, VŠCHT Praha ⁴ Pražské vodovody a kanalizace, a.s. ⁵ Vojenský zdravotní ústav Praha
<p>Pandemie COVID-19 propukla v roce 2020. Příznaky onemocnění jsou velmi různorodé, včetně bezpříznakového stavu. Bylo prokázáno, že infikovaná osoba může vylučovat původce onemocnění, virus SARS-CoV-2, stolicí dříve, než se u ní projeví symptomy nákazy. Monitorování šíření tohoto viru na bázi odpadních vod (OV) tak bylo navrženo jako nástroj na podporu epidemiologie.</p> <p>V naší studii jsme monitorovali výskyt RNA SARS-CoV-2 v OV na vybraných místech pražské kanalizační sítě pomocí RT-qPCR (srpen 2020 - květen 2022). Mimo to byly od podzimu 2021 odebírány vzorky i v jednotlivých objektech s vyšším rizikem výskytu nakažených, jako například školy, domovy důchodců nebo univerzitní koleje. Výsledky byly porovnány s dostupnými epidemickými daty pro COVID-19 ze stejné oblasti. Dle očekávání bylo potvrzeno, že s počtem nakažených jedinců v populaci vzrůstá i množství vyloučeného viru nebo částí jeho RNA do OV. Korelace mezi koncentrací virové RNA v OV a daty z klinických studií byla dobrá zejména pro obytné oblasti s více než 7000 registrovanými obyvateli a pro hlavní pražské kanalizace; detekovat vývoj epidemie však bylo možné i v případě jednotlivých budov. U vybraných velkých lokalit bylo dále prokázáno, že přítomnost RNA SARS-CoV-2 v odebraných vzorcích OV odpovídá vyššímu počtu infikovaných lidí, než ukazují data z klinických testů.</p> <p>Výsledky studie naznačují, že monitorování RNA viru SARS-CoV-2 v OV odebraných z malých kanalizací může pomoci včas detekovat výskyt nakažených v místních čtvrtích. To může pomoci při sledování hotspotů COVID-19 ve velkých městech; zároveň může být RT-qPCR protokol použit jako doplňkový systém k sledování výskytu viru SARS-CoV-2 v oblastech s omezenou kapacitou klinického testování.</p> <p><i>Práce byla finančně podpořena grantem České technologické agentury TA ČR č. SS01020112 a všemi institucemi zahrnutými do tohoto výzkumu.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Clostridioides difficile v Univerzitnej nemocnici L.Pasteura počas pandémie COVID-19
RNDr. Katarína Čurová, PhD.
Ústav lekárskej a klinickej mikrobiológie UPJŠ LF, Trieda SNP 1, Košice 040 11, Slovensko
Toporová Annamária ¹ , Novotný Martin ² , Kamlárová Anna ³ , Lovayová Viera ¹ , Nagyová Mária ¹ , Siegfried Leonard ¹
¹ Ústav lekárskej a klinickej mikrobiológie UPJŠ LF, Trieda SNP 1, Košice 040 11, Slovensko ² Klinika infektológie a cestovnej medicíny UPJŠ LF a UNLP, Rastislavova 43, 041 90, Slovensko ³ Centrum klinického a predklinického výskumu MEDIPARK, UPJŠ LF, Trieda SNP 1, Košice 040 11, Slovensko
Úvod Klostrídiová enterokolitída, ktorej pôvodcom je Clostridioides difficile (CD), predstavuje v závažný problém zdravotníctva v celosvetovom meradle. U hospitalizovaných pacientov vzniká najčastejšie v súvislosti s liečbou širokospektrálnymi antibiotikami, ktorých užívanie v období pandémie COVID-19 výrazne vzrástlo.
Cieľ Analyzovať výskyt a molekulárno-biologické vlastnosti CD u pacientov hospitalizovaných na jednotlivých oddeleniach Univerzitnej nemocnice L. Pasteura (UNLP) v Košiciach počas roka 2021.
Metodika K detekcii enzýmu glutamátdehydrogenáza (GDH) a toxínov A/B vo vzorkách stolíc bol použitý imunochromatografický test. GDH pozitívne a toxín pozitívne/negatívne vzorky stolíc boli následne kultivované a identifikované metódou MALDI TOF MS. Multiplexnou PCR boli detekované gény tcdA, tcdB, cdtA and cdtB, ktoré kódujú toxín A, toxín B a binárny toxín. K určeniu ribotypov bola použitá kapilárna elektroforéza.
Výsledky Celkový počet GDH pozitívnych a toxín pozitívnych/negatívnych vzoriek stolíc za rok 2021 bol 220. Pozitívna kultivácia a identifikácia CD bola potvrdená pri 198 vzorkách. Multiplexnou PCR boli gény tcdA a tcdB potvrdené pri 97% a cdtA a cdtB pri 65 % izolátov CD. Ribotyp 176, ktorý produkuje všetky 3 toxíny, má v UNLP najvyššiu prevalenciu.
Záver Vysoký výskyt hypervirulentných kmeňov CD v UNLP poukazuje na potrebu zavedenia a monitorovania striktných epidemiologických opatrení a implementáciu komplexnej a kontinuálnej diagnostiky CD na lokálnej aj celoslovenskej úrovni.
<i>Tento výskum bol realizovaný s podporou projektu TRANSFEC 2019/34-UPJŠ-6.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Sledování šíření multirezistentních kmenů <i>Klebsiella</i> spp. z nemocnic do prostředí cestou odpadních vod s využitím celogenomového sekvenování
Mgr. Lenka Davidová Geržová, Ph.D. ¹
¹ Středoevropský technologický institut, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká Republika
Jarmila Laušová ^{1,2} , Iva Sukkar ¹ , Lucie Nechutná ^{3,4} , Kateřina Vlková ^{3,4} , Kateřina Chudějová ^{3,4} , Monika Dolejská ^{1,2,4,5}
¹ Středoevropský technologický institut, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká Republika ² Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká Republika ³ Ústav mikrobiologie, Fakultní nemocnice Plzeň, Plzeň, Česká Republika ⁴ Biomedicínské centrum, Lékařská fakulta v Plzni, Univerzita Karlova, Plzeň, Česká Republika ⁵ Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Ústav laboratorní medicíny, Fakultní nemocnice Brno, Brno Česká Republika
<p>Čistírny odpadních vod (ČOV) zpracovávají odpadní vodu z nemocnic i komunity a přečištěná voda se dostává zpět do prostředí. Cílem této studie bylo zjistit, zda se nozokomiální kmeny <i>Klebsiella</i> spp. s rezistencí ke klinicky významným skupinám antibiotik mohou šířit z nemocnic do prostředí cestou odpadních vod.</p> <p>Celkem byly ve dvou odběrových cyklech na dvou lokalitách získány izoláty odpadní vody z nemocnic (n=98), na přítoku (n=57) a odtoku (n=74) z městské ČOV, řece nad (n=22) a pod (n=19) městskou ČOV. Zároveň byly v nemocnicích sbírány izoláty <i>Klebsiella</i> spp. z močových infekcí (n=138). U všech izolátů (n=408) byla vyšetřena k citlivost k 24 antibiotikům a provedeno celogenomově sekvenování.</p> <p>Multirezistentní profil vykazovalo 94 % izolátů; všechny izoláty byly rezistentní k beta-laktamovým antibiotikům, 99 % izolátů bylo rezistentních k tetracyklinu, 79 % k ciprofloxacinu, 77 % k tobramycinu a 20 % k chloramfenikolu. U všech izolátů byla potvrzena produkce širokospektrých beta-laktamáz, kterou z 94 % kódoval gen <i>bla</i>_{CTX-M-15}. Geny pro produkci karbapenemáz byly zachyceny u 5 % izolátů. Celkem bylo identifikováno 78 různých sekvenčních typů (ST); nejčastěji zastoupená byla patogenní linie ST307 (n=53), která byla přítomná ve všech zdrojích vody i u klinických izolátů. Dalšími patogenními liniemi s vysokou prevalencí byly ST29 (n=17), ST405 (n=19) a ST616 (n=17).</p> <p>V této studii jsme detekovali ve všech typech vzorků, a to včetně povrchových vod, multirezistentní kmeny <i>Klebsiella</i> spp. s patogenním potenciálem. Nejvíce alarmující je záchyt producentů karbapenemáz v prostředí, odkud se mohou dále šířit.</p> <p><i>Financováno z NU20J-09-00040 a 210/2022/FVHE.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Variabilita viru SARS-CoV-2 a sledování privátních mutací pomocí NGS

Mgr. Milada Dvořáčková, Ph.D.

Mikrobiologický ústav LF MU a FN u sv. Anny v Brně, Pekařská 53, Brno 656 91

K. Zettlová, L. Zámečnicková, M. Dvořáková Heroldová, L. Vacek, D. Kleknerová, J. Vrbský

Úvod

V prosinci 2019 byl v čínském Wuhanu poprvé zaznamenán výskyt viru SARS-CoV-2 a již v březnu 2020 bylo rozšíření viru označeno Světovou zdravotnickou organizací jako pandemie. Virus se celosvětově rozšířil kvůli své vysoké infekčnosti a patogenitě. Postupem času se ukázalo, že má velkou schopnost mutovat a vytvářet různé klinicky a epidemiologicky významné varianty (VOC, Variants Of Concern).

Cíl

Cílem práce bylo ukázat variabilitu námi sekvenovaných kmenů SARS-CoV-2 a rovněž poukázat na vyvíjející se taxonomii a nomenklaturu viru. Dalším cílem bylo srovnání našich kmenů s kmeny zachycenými ve Velké Británii se zaměřením na privátní mutace viru.

Metodika

Kmeny byly izolovány pomocí izolačního kitu 96A Viral RNA Auto Extraction & Purification Kit (Ethanol-Free) (3DMed Diagnostics), sekvenační knihovna byla připravena pomocí kitů firmy Illumina. Sekvenování bylo provedeno v přístroji MiSeq (Illumina). Výsledky byly analyzovány za pomoci software pro detekci a sledování SARS-CoV-2 BaseSpace Sequence Hub, na platformě Illumina DRAGEN Bio-IT.

Výsledky

Od ledna 2022 dominovala varianta nazvaná Omicron. Zpočátku jsme detekovali její nejrozšířenější subvariantu BA.1 a její další linie. V reálném čase jsme zaznamenali rozšíření subvarianty BA.2 a jejích linií, která velmi rychle vytlačila subvariantu BA.1 a v současné době dominuje. V krátkém časovém úseku jsme zaznamenali vysoký počet změn virového genomu, včetně vzniku rekombinantní varianty.

Závěr

Konkrétně jsme se zaměřili na srovnání střeoevropských mutací s mutacemi detekovanými ve Velké Británii, srovnali jsme stejné období a stejný počet vzorků, přičemž jsme zjišťovali výskyt unikátních mutací v naší populaci. Jako první v ČR jsme zachytili rekombinantní variantu BA.XJ jejíž nomenklatura se v mezinárodních databázích dynamicky mění.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Multiplexní qPCR pro detekci a rozlišení zástupců komplexu <i>Mycobacterium avium</i> a <i>Mycobacterium abscessus</i> ze sputa pacientů
Mgr. Radka Dziedzinská, Ph.D.
Ústav živočišné fyziologie a genetiky Akademie věd ČR
Jana Okunková ¹ , Petr Králík ² , Jana Svobodová ³ , Miriam Malá ^{4,5} , Iva Slaná ⁶
¹ Výzkumný ústav veterinárního lékařství, Brno, Česká republika ² Ústav živočišné fyziologie a genetiky Akademie věd ČR, Liběchov, Česká republika ³ IFCOR – Klinické Laboratoře Ltd., Brno, Česká republika ⁴ Centrum cystické fibrózy, Klinika dětských infekčních nemocí FN Brno, Česká republika ⁵ Lékařská fakulta, Masarykova univerzita Brno, Česká republika ⁶ Veterinární univerzita Brno, Česká republika
<p>Cystická fibróza (CF) je závažné onemocnění s multisystémovými klinickými příznaky, které je často komplikováno bakteriální kontaminací. V poslední době narůstá prevalence netuberkulózních mykobakterií (NTM) jakožto původců infekcí u pacientů s CF. Mezi nejčastější druhy patří zástupci komplexu <i>M. avium</i> (MAC) a komplexu <i>M. abscessus</i> (MABSC), kteří se vyznačují častou rezistencí k antibiotikům. Správná a včasná detekce NTM je tedy zásadní pro další léčbu pacientů s CF.</p> <p>Cílem práce bylo vyvinout real time PCR (qPCR) pro rozlišení komplexu MAC a MABSC a detekci zástupců MABSC: <i>M. a. subsp. abscessus/bolletii</i> (MAAb/MAB) a <i>M. a. subsp. massiliense</i> (MAM) přímo ze sputa pacientů s CF.</p> <p>Izolace ze sputa byla provedena pomocí Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit. qPCR zahrnovala 4 cíle, včetně interní amplifikační kontroly. Byl stanoven limit detekce (LOD) a specificita. Systém byl testován na 61 vzorcích sputa pacientů s diagnostikovanou i nediodagnostikovanou CF. Výsledky byly verifikovány pomocí dostupných konvenčních PCR a sekvenování.</p> <p>Vyvinutá multiplexní qPCR metoda je schopná rozlišit mezi komplexem MAC a MABSC a současně detekovat zástupce MABSC komplexu přímo ze vzorků sputa, bez nutnosti předchozí kultivace. Z 61 testovaných vzorků bylo 29,5 % MAAb/MAB, 14,7 % MAM a 26,2 % MAC. Zbývající vzorky nepatřily do MABSC ani MAC komplexu.</p> <p>Vyvinutý kvadruplexní qPCR systém, kterému předchází extrakce DNA přímo ze sputa pacientů bez nutnosti kultivace, výrazně zlepšuje a urychluje celý proces diagnostiky pacientů s CF, a je proto vhodný zejména pro použití v rutinních laboratořích.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Radioactive Contamination of Wild Mushrooms from Polis'ke forestry (Kyiv region, Ukraine) in the remote period after the Chernobyl accident
doc. RNDr. Jiří Gabriel, DrSc. ¹
1 Institute of Microbiology, Czech Academy of Sciences, Videňská Str. 1083, Prague 14220, Czech Republic
Ganna Grodzynska ^{2*} , Vitaliy Nebesnyi ² , Volodymyr Landin ³
2 Institute for Evolutionary Ecology, National Academy of Sciences of Ukraine, Acad. Lebedeva Str. 37, Kyiv 03143, Ukraine 3 Institute for Safety Problems of Nuclear Power Plants, National Academy of Sciences of Ukraine, Lysogirs'ka Str., 12, Kyiv 03028, Ukraine
<p>The study of the radiocesium activity in fruit bodies of 48 mushroom species from 18 locations of Polis'ke forestry was carried out with γ-spectrometry. The highest levels of ¹³⁷Cs-activity were recorded in 1998 in <i>Lactarius rufus</i> – 3,653,902, <i>Imleria badia</i> – 1,928,485, <i>Paxillus involutus</i> – 1,629,826 Bq/kg dry mass, and in 2000 - in <i>Cortinarius praestans</i> - 1,323,122 Bq/kg dm from forest area in settlement of Polis'ke. By 2018, the activity of ¹³⁷Cs in 56% in Zelenopolyans'ke and 35% in Steshchyns'ke forestries exceeded the maximum permissible levels accepted in Ukraine (2,500 Bq/kg dm). Significant differences in the levels of contamination of the same species are noted not only in different localities, but also within the same collection site, which is obviously associated with a complex of difficult-to-control reasons - an extremely heterogeneous (mosaic) nature of contamination, the depth of mycelium in the soil layer, microclimatic conditions in the place where individual fruit bodies grow. The data obtained indicate a continuing danger to the population due to internal exposure as a result of the uncontrolled consumption of wild mushrooms in this region. In 2018, the potential effective dose reached the maximum value of 0.2386 mSv in <i>Suillus</i> spp. and 0.13 mSv in <i>I. badia</i> from Zelenopolyans'ke forestry.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Novel RNA molecules interacting with the bacterial transcription machinery
Mgr. Jarmila Hnilicová, Ph.D.
Laboratory of Microbial Genetics and Gene Expression, Institute of Microbiology of the CAS, v. v. i.
Viola Vaňková Hausnerová ¹ , Mahmoud Shoman ¹ , Dilip Kumar ¹ , Jitka Jirát Matějčková ¹ , Petr Pajer ² , Martin Modrák ³ , Marek Schwarz ³ , Martin Převorovský ⁴ , Libor Krásný ¹
¹ Laboratory of Microbial Genetics and Gene Expression, Institute of Microbiology of the CAS, v. v. i., ² Military Health Institute, Military Medical Agency, ³ Laboratory of Bioinformatics, Institute of Microbiology of the CAS, v. v. i., ⁴ Laboratory of Microbial Genomics, Faculty of Science, Charles University
<p>Regulatory 6S RNA molecules that interact with RNA polymerase (RNAP) are widespread among bacteria. We discovered a new type of regulatory RNA in mycobacteria, named it Ms1 and showed that Ms1 regulates the amount of RNAP in nonpathogenic <i>Mycobacterium smegmatis</i>. In addition, we found putative Ms1 homologs among other actinobacteria using a bioinformatic search. Actinobacteria include severe human pathogens (e.g. <i>Mycobacterium tuberculosis</i>), industrially important producers of amino acids (<i>Corynebacterium glutamicum</i>) or antibiotics (<i>Streptomyces</i>).</p> <p>It is unclear if actinobacteria have also 6S RNA; putative 6S RNAs were reported from <i>Streptomyces coelicolor</i>. It is also not known if other types of RNAP-associated RNAs (in addition to Ms1 or 6S RNA) exist in bacteria.</p> <p>We performed RIP-seq (RNA immunoprecipitation coupled with next-generation sequencing) and identified a complete set of regulatory RNAs interacting with the transcription machinery in several bacterial species - <i>Mycobacterium smegmatis</i>, <i>Mycobacterium tuberculosis</i>, <i>Streptomyces coelicolor</i> and the well-established model organism <i>Bacillus subtilis</i>.</p> <p>Our data show that in addition to 6S and Ms1 RNA, other RNAs associate with various forms of bacterial RNA polymerase.</p> <p>These novel RNAs expand the portfolio of possible mechanisms of bacterial transcription regulation. We propose that 6S RNA and Ms1 were the first RNAs to be identified due to their high abundance; however, other, less abundant regulatory RNAs are being discovered.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Microbial Communities of Biofilms in Non-Healing Chronic Wounds

Ing. Veronika Holá, Ph.D.¹

¹Institute for Microbiology of Faculty of Medicine, Masaryk University and St. Anne's University Hospital in Brno, CZ

RNDr. Kateřina Snopková¹, Bc. Pavlína Urbanová¹, Mgr. Monika Dvořáková-Heroldová, Ph.D. ¹, Doc. MUDr. Břetislav Lipový, Ph.D. ², MUDr. Zuzana Jelínková, Ph.D. ², MUDr. Zdeněk Dvořák, Ph.D. ², MUDr. Miroslav Krejčí³, Prof. MUDr. Filip Růžička, Ph.D. ¹

¹Institute for Microbiology of Faculty of Medicine, Masaryk University and St. Anne's University Hospital in Brno, CZ; ²Department of Burns and Plastic Surgery, University Hospital Brno, CZ; ³Department of Surgery, St. Anne's University Hospital in Brno, CZ

Wound biofilms are complex poly-microbial communities of bacteria and fungi surrounded by extracellular matrix. The mixed biofilm communities in the non-healing wounds (NHWs) significantly complicate diagnostics and treatment of such infections and their microbial diversity has not yet been fully investigated.

The aim of this study was to describe the species composition of the mixed biofilm communities formed in NHWs and to assess the importance of particular microbial species as biofilm-formers in the microbial community as a basement for 3D bioprinted model preparation. All samples were processed in stomacher and microbes quantified and identified by MALDI-TOF, followed by biofilm assessment.

From the 50 NHWs we isolated 192 strains of microbes. Only one NHW was not colonized, whereas most NHWs showed wide poly-microbial colonization.

We isolated 52 different microbial taxa. Most often we isolated staphylococci (both *S. aureus* and CoNS), streptococci (esp. *Str. dysgalactiae*, *Str. pyogenes*), and *E. coli*. Other microbial species, incl. anaerobes, were isolated much less often. Among the microbes isolated from the NHWs, there were significant differences in the biofilm-forming ability and therefore we conclude that particular microbial species have greater potential to cause biofilm-based infection, where others can be only passive members of biofilm community. Regarding the numbers of CFUs, we conclude that the role of some bacteria as etiological agents is underestimated.

The work was supported by grant NU22-05-00110.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Zkušenosti s metodou EUCAST RAST ve Fakultní nemocnici Brno

MUDr. Beáta Horváthová

Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Ústav laboratorní medicíny Fakultní nemocnice Brno

Úvod

Infekce krevního řečiště, sepse a septický šok jsou nejzávažnější stavy, které negativně ovlivňují morbiditu a mortalitu hospitalizovaných pacientů. Léčba sepse nozokomiálního charakteru je závažným ekonomickým problémem a možným významným zdrojem vzniku a šíření rezistence k antibiotikům. Časná a cílená antibiotická léčba je v manažmentu léčby sepse zásadní.

Cíl

Cílem bylo stanovit metodou EUCAST RAST citlivost k ATB u kmenů *Escherichia coli*, *Klebsiela pneumoniae* a *Pseudomonas aeruginosa* izolovaných z hemokultur, dourčených metodou MALDI-TOFF. Výsledky metody EUCAST RAST byly dále srovnány se standardními metodami vyšetření citlivosti k antibiotikům, byla vyhodnocena kategorická shoda a kategorické chyby.

Metodika

Obsah pozitivních hemokultivačních lahviček byl zpracován dle metodiky EUCAST RAST. Zároveň bylo provedeno standardní vyšetření citlivosti. Interpretace výsledků se prováděla dle breakpointů metodiky EUCAST RAST. Srovnáním výsledků měření se standardními metodami byly vyhodnoceny kategorické chyby a kategorická shoda.

Výsledky

Celkem bylo testováno 60 hemokultur. Procento odečitatelných zón a procento interpretovatelných testů narůstalo s délkou inkubace. U *E. coli* se vyskytovaly pouze ME (major error), u *K. pneumoniae* mE (minor error) a ME a u *P. aeruginosa* pouze mE. U všech kmenů jsme zjistili vysoké procento kategorické shody.

Závěr

Snaha o racionální antibiotickou léčbu je v současné situaci stoupající rezistence k ATB, šíření multirezistentních mikrobů a nedostatku nových účinných antibiotik den ode dne naléhavější. Tomu napomáhá i metoda EUCAST RAST.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Komensální mikroorganismy s ochranným efektem proti střevním infekcím selat
Ing. Kristýna Horváthová
Katedra mikrobiologie, výživy a dietetiky, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze
K. Horváthová ¹ , I. Šplíchal ² , N. Modráčková ¹ , A. Šplíchalová ² , T. Novotná ¹ , T. Kodešová ¹ , E. Vlková ¹
¹ Katedra mikrobiologie, výživy a dietetiky, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze ² Laboratoř gnotobiologie, Mikrobiologický ústav AV ČR, v.v.i., Nový Hrádek, Česká republika
<p>Střevní mikrobiota je početné a rozmanité společenstvo, které významně ovlivňuje zdravotní stav svého hostitele. K nejdůležitějším funkcím patří stimulace imunitní odpovědi a kolonizační rezistence. Při studiu biologického významu mikrobioty a důsledků bakteriální kolonizace mohou být využita gnotobiotická selata, která mají podobnou fyziologii jako lidé.</p> <p>Cílem tohoto experimentu bylo připravit vícedruhovou směs komensálních bakterií pro selata s potenciálním ochranným efektem proti infekcím, které způsobují kmeny <i>Salmonella</i> Typhimurium a enteropatogenní <i>Escherichia coli</i>.</p> <p>Bylo izolováno více než 200 různých komenzálních bakteriálních kmenů z trávicího traktu domácích a divokých prasat pomocí selektivních kultivačních médií. Byla provedena identifikace pomocí MALDI-TOF hmotnostní spektrometrie a sekvenování genu 16S rRNA. Následně byla testována antimikrobiální aktivita izolátů proti 2 kmenům <i>Salmonella</i> Typhimurium a 2 kmenům enteropatogenních <i>E. coli</i>. Dále byla u vybraných izolátů testována odolnost vůči nízkému pH a žlučovým solím, schopnost autoagregace a adheze k buňkám střevního epitelu.</p> <p>Izolované bakterie byly zařazeny zejména do rodů <i>Lactobacillus</i>, <i>Bifidobacterium</i>, <i>Escherichia</i>, <i>Bacillus</i>, <i>Clostridium</i>, <i>Bacteriodes</i>, <i>Acidaminococcus</i>, <i>Mitsuokella</i>, <i>Enterococcus</i> a <i>Streptococcus</i>. Při testování antimikrobiální aktivity byly zaznamenány inhibiční zóny v rozsahu 7–13 mm. Pro sestavení směsi byly vybrány izoláty, které odolávaly nízkému pH a žlučovým solím (při expozici nedocházelo k poklesu o více než jeden řád), vykazovaly autoagregační aktivitu v rozmezí 5–89 % a adherovaly ke střevním buněčným liniím v rozsahu 0,5–11 %.</p> <p>Byla sestavena směs devíti komensálních kmenů bakterií z rodů <i>Lactobacillus</i>, <i>Bifidobacterium</i>, <i>Escherichia</i>, <i>Bacillus</i>, <i>Clostridium</i>, <i>Bacteriodes</i> a <i>Acidaminococcus</i>. Ochranný efekt proti střevním infekcím bude ověřen v <i>in vivo</i> modelu gnotobiotických selat.</p> <p><i>Práce byla podpořena projektem GA ČR 21-15621S</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Charakterizace patogenních izolátů <i>Escherichia coli</i> z hospodářských chovů dromedárů
Mgr. Matěj Hrala
Biologický ústav, Lékařská fakulta, Masarykova univerzita, 625 00 Brno
Juraj Bosák, David Šmajš
Biologický ústav, Lékařská fakulta, Masarykova univerzita, 625 00 Brno
Úvod Chov dromedárů v Asii a Africe patří k rychle se rozvíjejícímu odvětví potravinářského průmyslu díky stoupající poptávce po nutričně bohatém mléku a masu. Stádový chov však vede ke zvýšenému riziku infekcí zvířat. Extraintestinální infekce, nejčastěji sepse, způsobené bakterií <i>Escherichia coli</i> vedou k častým úmrtím telat dromedárů.
Cíl Detekce genetických markerů kódujících virulenční faktory a produkci bakteriocinů u <i>E. coli</i> izolovaných z extraintestinálních infekcí telat dromedárů.
Metodika Pro zjištění přítomnosti genetických determinant virulenčních faktorů (n = 37) a bakteriocinogenie (n = 38) byla použita multiplex-PCR. Detekce byla provedena pro izoláty <i>E. coli</i> z nemocných (n = 282) a zdravých (n = 139) dromedárů. Všechny izoláty pochází ze stádových chovů ve Spojených arabských emirátech.
Výsledky U izolátů z nemocných zvířat byla přítomnost některých virulenčních faktorů častější, než u izolátů ze zdravých dromedárů. Signifikantně více byly zastoupeny zejména determinanty pro fimbrie, siderofory, hemolyziny ale také genotoxiny. Bakteriocinogenie byla signifikantně vyšší u izolátů z nemocných dromedárů. Nejčastěji produkovány byly koliciny M, B a Ia a mikrociny L a V.
Závěr Z charakteristik izolátů vyplývá, že <i>E. coli</i> způsobující extraintestinální infekce velbloudů at mají odlišný profil oproti izolátům ze zdravých zvířat. Získané výsledky přispívají k odhalení původu patogenních kmenů a případné cílené léčbě.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Optimalizace syntetických vazebných proteinových lešení na povrchu buněk bakterie *Pseudomonas putida*

Bc. Barbora Hrnčířová

Laboratoř bioinženýrství mikroorganismů, Oddělení mikrobiologie, Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita

Mgr. Pavel Dvořák, Ph.D.

Laboratoř bioinženýrství mikroorganismů, Oddělení mikrobiologie, Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita

Celulozomy jsou multiproteinové komplexy, které slouží některým anaerobním bakteriím k rozkladu rostlinné biomasy. Jejich kostru tvoří nekatalytické proteinové lešení – scaffoldin. Ten nese vazebné domény cohesiny, na které se nekovalentně ale silně vážou dockeriny, které jsou součástí celulólytických enzymů. Jednotlivé složky celulozomů slouží jako stavební kameny pro tvorbu jejich syntetických obdób, které mají velký potenciál v moderních biotechnologiích.

Cílem této studie bylo ověřit experimentálně hypotézu, že cohesiny a dockeriny pocházející z termofilní bakterie tvoří v syntetickém celulozomu silnější vzájemnou vazbu než jejich mezofilní protějšky.

Metodami genového inženýrství byl připraven scaffoldin obsahující testovaný termofilní dockerin a dva reportérové proteiny s dockeriny (červený fluorescenční protein, enzym β -glukosidáza). Tento scaffoldin byl vystaven na povrchu modelové bakterie *Pseudomonas putida*, kde se na něj díky interakci cohesinů s dockeriny přichytily reportérové proteiny. Jejich detekcí byla sledována interakce termofilního cohesin-dockerinového páru, která byla porovnána se stejně získanými údaji pro vybranou mezofilní dvojici cohesin-dockerin.

Bylo zjištěno, že sledovaný termofilní cohesin lze funkčně produkovat v *P. putida*, a že interakce sledovaného termofilního cohesin-dockerinového páru je stabilnější než u mezofilních modulů.

Tato pozorování, spolu se sekvenčními a strukturními analýzami, pomohou určit perspektivní cíle pro proteinové inženýrství cohesinů a dockerinů, potenciálně vedoucí k dalšímu navýšení síly a stability jejich vazby.

NÁZEV PRÁCE

Evaluation of the significance of *Streptomyces* spp. as opportunistic pathogens, the presence and description of possible virulence factors and antibiotic susceptibility testing

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

RNDr. Alica Chroňáková, PhD.

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Institute of Soil Biology, Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Ana C. Lara¹, Erika Corretto¹, Lucie Kotrbová¹, František Lorenc¹, Vít Ulmann², Andrej Herbrík³, Kateřina Petříčková³, Roman Grabic⁴

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

1 - Institute of Soil Biology, Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Na Sádkách 702/7, 37005 České Budějovice, Czechia
2 - Public Health Institute Ostrava, Partyzánské nám. 7, 702 00 Ostrava, Czechia
3 - Institute of Immunology and Microbiology, 1st Faculty of Medicine, Charles University, Studničkova 7, 12800 Prague 2, Czechia
4 - Faculty of Fisheries and Protection of Waters, University of South Bohemia, Zátiší 728/II, 389 25 Vodňany, Czechia

Despite the great contribution of *Streptomyces* to medicine as a source of many bioactive compounds, they also have a potentially dark side. In addition to actinomycetoma, they can also cause rare invasive infections such as pulmonary infections, bacteremias, brain abscesses, peritonitis and other diseases, mainly in immunocompromised patients. The role of clinical *Streptomyces* isolates of unknown aetiology reported in numerous studies remains unclear. Indeed, many *Streptomyces* secondary metabolites exhibit harsh effects *in vitro* (strong cytotoxic and β -hemolytic activities) and can play a significant role in the human immune response. Their significance as opportunistic pathogens, the presence and description of possible virulence factors, and antibiotic susceptibility (AS) remain to be investigated. We performed phylogenetic analysis of *Streptomyces* clinical strains and characterized their biological activities and AS profiles. AST results showed that *Streptomyces* exhibited intrinsic resistance to penicillin, general susceptibility to amikacin, gentamycin, vancomycin and linezolid, and high percentage of susceptibility to tetracyclines and clarithromycin. For the remaining antibiotics, AST showed inter- and intra-species variations (erythromycin, trimethoprim-sulfamethoxazole), indicating region-dependent patterns. Moreover, examination of the genome of *Streptomyces* sp. TR1341 isolated from the sputum of an elderly patient with respiratory problems revealed the presence of several genes for opportunistic colonization of human tissues and for the resistance to antibiotics.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Sledování působení materiálu typu Cu-polymer na mikroorganismy a SARS-CoV-2 v reálných podmínkách
Dr.Ing. Chumchalová Jana
Ústav chemie ochrany prostředí, Fakulta technologie ochrany prostředí, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
Česká M. ^a , Řehák K. ^a , Sochorová E. ^a , Kubal M. ^a , Michalcová A. ^b , Kohout P. ^c
a Ústav chemie ochrany prostředí, FTOP, VŠCHT Praha b Ústav kovových materiálů a korozního inženýrství, FCHT, VŠCHT Praha c Forsapi s.r.o., Praha
<p>Ve vnitřním prostředí, na místech s vysokou koncentrací lidí, se mohou na površích nacházet mikroorganismy a viry, které způsobují onemocnění po přímém kontaktu lidí s kontaminovanou plochou. Pro zabránění nežádoucích účinků se povrchy pravidelně ošetřují fyzikálními a/nebo chemickými způsoby. Nejběžněji se používá povrchová dezinfekce spojená s mechanickým působením. V souvislosti s výskytem viru SARS-CoV-2 se hledají nové způsoby zabránění výskytu kontaminace na površích. Jednou z možností je povrchová aplikace polymerů s antimikrobiální a antivirovou složkou.</p> <p>Cílem práce bylo zjistit, zda materiál typu Cu-polymer (Cu-polymer) aplikovaný v reálných podmínkách působí proti mikroorganismům a viru SARS-CoV-2.</p> <p>Pro sledování antimikrobiální a antivirové účinnosti Cu-polymeru byly vybrány vnitřní plochy budovy městského úřadu Neratovice vystavené častému kontaktu osob. Cu-polymer byl aplikován na exponovaná místa a v období od května do července v roce 2021 byly odebírány vzorky z povrchů stěrovou metodou. Výskyt mikroorganismů byl sledován metodou celkového počtu na kultivačních médiích a přítomnost virů kvalitativně antigenními testy. Účinnost Cu-polymeru byla porovnána s účinností obvyklých sanitačních postupů.</p> <p>Bylo zjištěno, že účinnost Cu-polymeru byla podobná účinnosti povrchové dezinfekce s používaným dezinfekčním prostředkem. Během testování nebyla na žádném z míst prokázána přítomnost viru SARS-CoV-2.</p> <p>Z výsledků plyne, že by Cu-polymer mohl v námi studovaných podmínkách doplnit obvyklé sanitační metody.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Testování antivirových účinků vybraných látek na replikaci parvoviru masožravců
Mgr. Lucie Janíček Hrubá
Ústav infekčních chorob a mikrobiologie, Fakulta veterinárního lékařství, Veterinární univerzita Brno
prof. MVDr. Celer Vladimír, Ph.D.
Ústav infekčních chorob a mikrobiologie, Fakulta veterinárního lékařství, Veterinární univerzita Brno
<p>Parvoviry jsou malé ssDNA viry z čeledi <i>Parvoviridae</i>, které infikují širokou škálu živočichů. Klinické příznaky parvovirozy zahrnují hemoragickou gastroenteritidu, silný průjem, zvracení, horečku, apatii. Terapie je především podpurná a symptomatická. Specifická antivirová terapie parvovirozy v současné době není známa, proto je testování látek s potenciálně antivirovým účinkem aktuálním tématem soudobé veterinární virologie.</p> <p>Cílem práce bylo stanovení vlivu testovaných látek na replikaci viru v <i>in vitro</i> kultivačním systému. Antivirotická aktivita látek byla testována na modelu protoparvoviru koček, který byl kultivován na buněčné kultuře Crandell-Rees Feline Kidney. V experimentu byl testován vliv fytofarmak kanabidiolu, kanabigerolu a antiparazitika Closantelu. Bezpečná koncentrace látky byla aplikována na buněčný monolayer a poté byly buňky infikovány virem. Po 48hodinové kultivaci byl pozorován cytopaticky efekt. Pro kvantifikaci antivirotického účinku látky byl proveden odběr média z každého zkoumaného vzorku v intervalu 24 hodin a následně byl vzorek podroben kvantitativnímu PCR testu – porovnání C_t hodnot s kontrolou.</p> <p>Kanabidiol vykazoval zpomalení množení viru. Kanabigerol neinhiboval ani nezpomalil množení viru. Naopak Closantel dokázal plně potlačit replikaci viru v buňkách kultury.</p> <p>U antiparazitika Closantelu došlo k potvrzení antivirových účinků. Kanabidiol lze případně využít k doplňkové terapii parvovirozy vzhledem ke zpomalení množení viru. Použití kanabigerolu jako antivirotika je bezvýznamné.</p> <p><i>Tato práce byla financována tvůrčí agenturou VETUNI, 2022ITA12</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Vývoj mikroflóry sýrů během jejich výroby a zrání - charakterizace metodou sekvenování 16S rRNA

Mgr. Helena Juřicová, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.
Hudcova 70, 621 00 Brno

Kořená Kristýna¹, Florianová Martina¹, Krzyžánková Miroslava¹, Hlucháňová Lucie¹, Crhánová Magdaléna¹, Karasová Daniela¹

¹ Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.
Hudcova 70, 621 00 Brno

Mikrobiální společenstvo sýrů je tvořeno mnoha prokaryotickými a eukaryotickými mikroorganismy. Jeho složení se liší v závislosti na typu sýra, použitých kyselých kulturách a je ovlivněno i mikroorganismy pocházejícími ze syrového mléka nebo z výrobního prostředí, které taktéž mohou přispívat ke konečným vlastnostem produktu. Cílem práce bylo charakterizovat mikroflóru zrajícího sýra během jeho výroby a zrání pomocí přístupů založených na sekvenování variabilní oblasti genu pro 16S rRNA.

Celkem 20 vzorků (mléko, provozní zákys, sýřenina, meziprodukty, finální produkt) pocházejících z různých fází výroby bylo odebráno v potravinářském provozu a podrobena analýze.

Mikroflóra syrového mléka byla pestrá a čítala cca 20 různých bakteriálních rodů a druhů se zastoupením >1%. Analýza provozního zákysu potvrdila přídavek startovacích kultur (*Lactococcus lactis*, *Leuconostoc*), které v prvních dnech výroby naprosto dominovaly v celkovém složení mikroflóry. Od desátého dne výroby začalo složení mikrobioty meziproduktů připomínat složení finálního produktu. Jako majoritní se prosazovaly bakterie rodu *Pseudoalteromonas* (51%) a *Vibrio* (23%). Startovací kultury *Lactococcus lactis* a *Leuconostoc* byly zastoupeny v poměru 13% a 0,4%. Mezi další bakterie přispívající ke složení mikrobioty sýra patřily bakterie *Psychrobacter*, *Malaciobacter*, *Psychrilyobacter* a *Glutamicibacter*.

Pomocí metody sekvenování nové generace jsme charakterizovali složení mikroflóry zrajících sýrů a identifikovali mikroorganismy, které mohou hrát důležitou roli při určování chuti, kvality a bezpečnosti konečného výrobku.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

<i>Masné výrobky k přímé spotřebě jako zdroj expozice MRSA pro konzumenty</i>
doc. MVDr. Renáta Karpíšková, Ph.D.
Ústav veřejného zdraví, LF Masarykova universita
Kristýna Brodíková ¹ Tereza Gelbíčová ¹ Ivana Koláčková ¹
¹ Ústav veřejného zdraví, LF Masarykova universita
<p>Meticilin rezistentní bakterie <i>S. aureus</i> (MRSA) jsou nejen původci nosokomiálních nákaz, ale vyskytují se i v prostředí hospodářských zvířat a mohou se šířit ke spotřebiteli i prostřednictvím potravinového řetězce.</p> <p>Cílem studie byla detekce MRSA v masných výrobcích určených k přímé spotřebě zakoupených v tržní síti ČR a stanovení jejich genetických vlastností (<i>spa</i> a MLST typizace, geny pro tvorbu enterotoxinů, virulenci a rezistenci k ATB).</p> <p>Bylo získáno 181 vzorků masných výrobků od 30 českých výrobců (vařené, trvanlivé, fermentované a sušené výrobky) a z nich 4 izoláty MRSA. Pozitivní nálezy byly detekovány ve fermentovaných salámech od jednoho výrobce. Kmeny MRSA náležely do klonálních linií spojených s hospodářskými zvířaty (ST398 a ST4999) a vykazovaly rezistenci tetracyklinu, což koreluje s kontaminací ze syrového vepřového masa.</p> <p>Studie potvrzuje schopnost těchto kmenů přežít technologický proces výroby fermentovaných výrobků. Kmeny MRSA nenesly žádný z testovaných genů kódujících stafylokokové enterotoxiny nebo geny virulence. Naše výsledky poukazují na šíření LA-MRSA v masozpracujícím řetězci.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Výskyt genů rezistence a studium okolí těchto genů u izolátů *L. amyovor* získaných z gastrointestinálního traktu domácích a volně žijících prasat

MVDr. Kateřina Kavanová

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i., oddělení mikrobiologie a antimikrobiální rezistence
Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta Masarykovy Univerzity

Ing. Iveta Kostovová, Ph.D.¹
Mgr. Radko Pechar, Ph.D.²
Mgr. Monika Morávková, Ph.D.¹

¹Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.
²Výzkumný ústav potravinářský Praha, VUPP

Úvod

Rozvoj antibiotické rezistence v chovech prasat se stává alarmující problematikou. Hospodářským zvířatům jsou běžně podávána antibiotika při terapeutických úkonech. Právě zvířata, léčená antibiotiky, mohou být rezervoárem rezistentních bakterií pro volně žijící druhy zvířat.

Cíl

Cílem této studie bylo zanalyzovat genomy testovaných izolátů *L. amyovor*, odebraných z trávicího traktu domácích a divokých prasat, z hlediska výskytu genů rezistence a z hlediska šíření těchto genů.

Metodika

Izoláty byly analyzovány pomocí fenotypových metod a pomocí celogenomového sekvenování s využitím technologie Illumina. Pomocí specializovaných databází (ResFinder, CARD) a programů (MEGA-X, Artemis, MAUVE) byly vyhledávány geny rezistence a bylo studováno okolí těchto genů.

Výsledky

Při rozboru sekvenčních dat byla zjištěna přítomnost zejména genů rezistence *tetW* a *ermB*. Přítomnost těchto genů byla prokázána u izolátů získaných z domácích prasat, které vykazovaly fenotypovou rezistenci k těmto antibiotikům. V okolí genu rezistence se vyskytovalo velké množství transposáz podmiňujících přenos daného úseku.

Závěr

Bylo zjištěno, že izoláty pocházející z domácích prasata obsahují ve svém genomu geny rezistence. U divočáků bylo naopak zjištěno nízké procento rezistentních laktobacilů. Je však jen otázkou času, kdy se rezistentní bakterie dostanou i do gastrointestinálního traktu zvířat, která nejsou primárně exponována antibiotickému působení.

Výsledek vznikl v rámci institucionální podpory MZE-RO0518 a grantu QK1910351.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Využití přístroje ID-NOW při diagnostice SARS-CoV-2
RNDr. Zdeněk Kepka
Ústav lékařské mikrobiologie 2. lékařské fakulty Univerzity Karlovy a Fakultní nemocnice v Motole, Praha
Briksí Aleš ¹ , Hubáček Petr ¹ , Zajac Miroslav ¹ , Dřevínek Pavel ¹
¹ Ústav lékařské mikrobiologie 2. lékařské fakulty Univerzity Karlovy a Fakultní nemocnice v Motole, Praha
Úvod Během trvání pandemie SARS-CoV-2 vznikl tlak na zrychlení a zjednodušení diagnostiky oproti metodě PCR. V dubnu roku 2021 se dostala do nabídky firmy Abbott metoda nazvaná ID-NOW.
Cíl Cílem práce bylo posoudit vhodnost ID-NOW pro diagnostiku SARS-CoV-2. Hodnotili jsme senzitivitu a specifitu ID-NOW ve srovnání s referenční metodou, kterou je PCR.
Metody Celkem bylo vyšetřeno 303 pacientů. Nejprve byli vyšetřováni pacienti přicházející na odběrové místo COVID-19 ve FN Motol, poté pacienti přicházející do FN Motol cestou urgentního příjmu. Vyšetření ID-NOW bylo provedeno dle pokynů výrobce ihned po odebrání vzorku z nosohltanu. Poté byl proveden odběr vzorku z nosohltanu a orofaryngu, který byl transportován ve virologickém médiu a následně vyšetřen metodou PCR kitem Allplex SARS-CoV-2 Assay.
Výsledky Celkem se ID-NOW podařilo validně vyšetřit 297 vzorků. Z toho bylo 43 PCR pozitivních. ID-NOW nezachytilo 10 PCR pozitivních vzorků (senzitivita 76,74 %). Naopak ID-NOW zachytilo 3 vzorky jako pozitivní, ale pozitivita nebyla pomocí PCR potvrzena (specifita 98,82 %). Ke zvýšení senzitivity dojde budeme-li brát v potaz pouze pacienty, s vyšší virovou náloží (s hodnotou Ct PCR pod 30), nebo pouze pacienty, kteří uvedli, že pociťují příznaky onemocnění COVID-19. Varianta delta ani omicron nemá na citlivost metody významný vliv.
Závěr ID-NOW je díky rychlosti vydání výsledků vhodný k rychlému zjištění infekčnosti pacienta. V případě že pacient pociťuje příznaky respiračního onemocnění je vhodné provést i přes negativní výsledek ID-NOW klasické PCR vyšetření SARS-CoV-2.
<i>S laskavou podporou společnosti Abbott Rapid Diagnostics s.r.o.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Antimikrobiální účinek hydrogelu na báze Gum Karaye v kombinácii s fágovým preparátom na meticilín rezistentné kmene *Staphylococcus aureus*

Mgr. Dominika Kleknerová

Mikrobiologický ústav Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice u sv. Anny v Brně, Brno, CZ

Lukáš Vacek¹, Alena Siváková¹, Roman Pantůček², Martin Benešík², Lucy Vojtová³, Eva Černá³

1 Mikrobiologický ústav Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice u sv. Anny v Brně, Brno, CZ

2 Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta Masarykovy univerzity – Brno, CZ

3 Pokročilé biomateriály, Středoeurópský technologický institút a Vysoké učení technické – Brno, CZ

Úvod

Gum karaya (GK) je prírodný polysacharid s veľkým potenciálom pri liečbe chronických infekcií kože a mäkkých tkanív (SSTI). Hydrogély na báze polysacharidov udržujú vlhké prostredie a urýchľujú hojenie rán. Ich antimikrobiálny potenciál proti kmeňom *Staphylococcus aureus* rezistentným na meticilín bol už predtým stanovený. Doplnením tohto materiálu o fágový preparát je možné jeho účinky zvýšiť.

Cieľ

Otestovanie kombinácie antimikrobiálneho účinku GK a fágového preparátu

Metodika

Fágový preparát bol najprv testovaný na svoju stabilitu v GK roztoku a hydrogéli. Potom sa študovalo uvoľňovanie fágových častíc z hydrogelu GK. Antimikrobiálny potenciál GK+BP bol testovaný na referenčnom kmeni *S. aureus* ATCC 43300 rezistentnom na meticilín a na súbore 16 klinických kmeňov. Definovaná bakteriálna suspenzia sa pridala ku GK+BP. Počet prežívajúcich buniek sa stanovil sériovým riedením po 4, 8 a 12 hodinách inkubácie.

Výsledky

Testovanie stability fágového prípravku v GK roztoku a hydrogéli preukázalo, že GK podstatne neovplyvňuje aktivitu fágu. Štúdia uvoľňovania fágových častíc z hydrogelu GK preukázala viac ako 90 % uvoľnenie fágových častíc z hydrogelu do roztoku. Antimikrobiálne testovanie GK+BP ukázalo úplnú eradikáciu u všetkých testovaných bakteriálnych kmeňov do 12 hodín na rozdiel od samotného GK hydrogelu, ktorý nedosahuje úplnú eradikáciu baktérií.

Záver

Tieto vlastnosti predurčujú hydrogély GK ako sľubný nový materiál používaný pri liečbe SSTI. Prípravky GK+BP preukázali účinnú eradikáciu infekčných agens. Množenie fágov v mieste infekcie ešte viac zvýši eradikačný účinok.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Možnosti inhibice koronavirů antivirotickými látkami
Mgr. Klára Klíčová ¹
¹ Ústav farmakologie a farmacie Veterinární univerzita Brno
Celer Vladimír ² , Chloupek Jan ¹
¹ Ústav farmakologie a farmacie Veterinární univerzita Brno ² Ústav infekčních chorob a mikrobiologie Veterinární univerzita Brno
<p>Do čeledi <i>Coronaviridae</i> náleží RNA viry vyvolávající respirační a střevní onemocnění savců a ptáků. Na základě vědeckých studií bylo prokázáno, že CCoV (<i>canine coronavirus</i>) je rozšířen zejména v chovatelských stanicích či útulcích. Současná světová epidemiologická situace zaviněná šířením viru SARS-CoV zvyšuje snahu o nalezení účinné antivirové terapie, která by zlepšila šance infikovaných jedinců překonat klinicky vzrůstající koronavirovou infekci.</p> <p>Cílem projektu je stanovení inhibice replikace psího koronaviru při použití různých koncentrací inhibičních látek. Antivirotická aktivita testovaných látek byla provedena na modelu psího koronaviru, kultivovaného na buněčné kultuře CRFK. V experimentech byl testován vliv rostlinných cytokininů a jejich derivátů a kanabinoidů. Testované substance byly testovány v několika různých ředění. U každého ředění testované látky byla nejprve stanovena úroveň cytotoxicity pro použitou buněčnou linii a následně pak byla kvantifikována inhibice viru prostřednictvím RT-qPCR a stanovení hodnoty TCID₅₀.</p> <p>Po 24 hodinové kultivaci v přítomnosti kanabinoidů došlo k poklesu titru viru 10³ x ve srovnání s kontrolou, avšak do třetího dne byl titr viru s kontrolou srovnatelný.</p> <p>Během 72 hodinové kultivace v přítomnosti HM došlo k poklesu titru viru 1,2 · 10³ x ve srovnání s kontrolou.</p> <p>Na základě dosavadních výsledků, lze konstatovat, že zkoušené látky ze skupiny kanabinoidů (canabigerol; canabidiol) vykazují slabý antivirotický účinek. Rostlinné cytokininy se jeví mnohem zajímavější, konkrétně substance interně označená HM.</p> <p><i>Tato práce byla financována tvůrčí agenturou VETUNI,2022ITA12.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Cold-loving bacterium from a mountain lake harvests light energy using two different photosystems
doc. Michal Koblížek, PhD
Lab of Anoxygenic Phototrophs, Inst. of Microbiology CAS, Třeboň, Czechia
Karel Kopejtkal ¹ , Jürgen Tomasch ¹ , David Kaftan ^{1,2} , Alastair T. Gardiner ¹ , David Bina ³
¹ Lab of Anoxygenic Phototrophs, Inst. of Microbiology CAS, Třeboň, Czechia ² Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice, Czechia ³ Institute of Plant Molecular Biology, Biology Centre CAS, České Budějovice, Czechia
<p>Bacterium <i>Sphingomonas glacialis</i> AAP5 isolated from the alpine lake Gossenköllesee contains genes for anoxygenic phototrophy as well as proton-pumping xanthorhodopsin. However, these genes are not expressed in standard laboratory conditions.</p> <p>In order to find under which conditions the organisms expresses its light harvesting apparatus we conducted a larger investigation employing RNA sequencing, RTqPCR, metabolic assays and biochemical and biophysical investigation of its photosynthetic complexes.</p> <p>We found out that our strain readily express xanthorhodopsin when illuminated at temperatures below 14°C. In contrast bacteriochlorophyll-containing reaction centers are expressed between 4 and 23°C in the dark. Thus, cells grown at low temperature under natural light-dark cycle produced both photosystems. The bacteriochlorophyll-containing complexes are composed of a circular light harvesting complex 1 surrounding the type-2 bacterial reaction center. The purified xanthorhodopsin contains carotenoid nostoxanthin serving as an auxiliary antenna and performs the standard photocycle. The xanthorhodopsin-producing cells reduced upon illumination their respiration by 70%. This documents that the harvested light energy was utilized in the metabolism, which can represent a large benefit under carbon-limiting conditions. The presence of two different photosystems may represent a metabolic advantage in alpine lakes where photoheterotrophic organisms face large changes in irradiance, limited organic substrates and low temperature.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Izolace, identifikace a charakterizace <i>Listeria monocytogenes</i> z potravin dostupných v tržní síti
Ing. Tereza Kodešová
Katedra mikrobiologie, výživy a dietetiky, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze
Lišková Anna ¹ , Rossová Andrea ¹ , Šubrtová Salmonová Hana ¹ , Vlková Eva ¹ , Karpíšková Renata ²
¹ Katedra mikrobiologie, výživy a dietetiky, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze, ² Ústav veřejného zdraví, Lékařská fakulta, Masarykova univerzita
<p><i>Listeria monocytogenes</i> (LM) je významný původce onemocnění z potravin. Prevalence nemoci, kterou tato bakterie způsobuje je nízká, ale smrtelnost je vysoká, proto je nezbytné důsledně monitorovat výskyt tohoto patogenu v potravinách.</p> <p>Cílem práce bylo izolovat LM z potravin v tržní síti, kmeny charakterizovat a stanovit jejich patogenní potenciál a citlivost vůči antibiotikům. Metodou dle ČSN EN ISO 11290-1 bylo analyzováno 251 vzorků potravin živočišného i rostlinného původu. U LM pozitivních vzorků bylo vždy odebráno 5 izolátů. Izolované kultury byly identifikovány pomocí MALDI-TOF hmotnostní spektrometrie a druhově specifickou PCR. Metoda PCR byla použita také při učování sérotypů a patogenního potenciálu. Pro sérotypizaci byla zároveň využita sklíčková aglutinace. Kmenové odlišení izolátů bylo provedeno repetitivní PCR za použití primeru (GTG)5. Citlivost k antibiotikům byla určena metodikou dle EUCAST (2021).</p> <p>LM byla přítomna ve 21 analyzovaných vzorcích (8,4 %), z toho 12 (57 %) bylo určeno k přímé spotřebě. Kromě LM obsahovaly vzorky potravin také druhy <i>L. innocua</i>, <i>L. welshimeri</i> a <i>L. aquatica</i>. Celkově bylo získáno 98 izolátů LM. Většinou byly fingerprintové profily izolátů pocházející z jednoho vzorku potravin shodné, jednalo se tudíž pravděpodobně o klony. Nejčastější sérotyp LM byl 1/2a. Dále byly detekovány sérotypy 4b, 1/2b a 1/2c. Patogenní potenciál a citlivost k antibiotikům byl prokázán u všech izolovaných kultur LM.</p> <p>Z výsledků je patrné, že podíl LM pozitivních vzorků v tržní síti je nezanedbatelný a je třeba výskyt LM v potravinách dále důsledně monitorovat.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Problematika antimikrobiální rezistence
prof. MUDr. Milan Kolář, Ph.D.
Ústav mikrobiologie LF UP a FNOL
<p>Bakteriální infekce jsou a s velkou pravděpodobností nadále budou jedním z nejzávažnějších problémů v medicíně, a to především u pacientů v intenzivní péči. K hlavním důvodům patří skutečnost, že velká část těchto infekcí má endogenní charakter a etiologické agens pochází z humánní bakteriální mikroflóry. Je vhodné v této souvislosti zdůraznit, že bakteriální mikroflóra je pro lidský život nezbytná, na druhé straně však představuje zdroj potenciálních bakteriálních patogenů, které se uplatňují v rozvoji celé řady infekcí. Nedílnou součástí léčby bakteriálních infekcí je aplikace antibiotik, která cíleně zasahují etiologická agens. Antibakteriální přípravky, tak jak je známe v současné medicíně, jsou používány téměř 80 let. Přes jejich velký rozmach v 60. a 70. letech minulého století, dokumentovaný vývojem a zavedením do praxe celé řady nových přípravků, představují bakteriální infekce stále velký problém, jehož významnost neustále stoupá. Současná medicína je dokonce konfrontována s reálnou hrozbou ztráty účinku antibiotik na bakterie a s tím související schopnosti léčit bakteriální infekce. Z uvedeného jednoznačně vyplývá nutnost praktické realizace „antibiotic stewardship“, přičemž tento termín lze volně definovat jako soubor opatření vedoucích k racionální antibiotické léčbě založené na adekvátním výběru antibakteriálních přípravků, odpovídající délce jejich aplikace a současně vhodném způsobu podání. Uvedený přístup je velmi komplexní a obsahuje řadu jednotlivých činností, z nichž pro praktickou medicínu jsou nejdůležitější:</p> <ul style="list-style-type: none">• adekvátní identifikace bakteriálních patogenů, resp. správná interpretace mikrobiologických výsledků,• hodnocení výskytu frekvence bakteriálních původců u jednotlivých infekcí či infekčních komplikací,• analýza bakteriální rezistence k antibiotikům (včetně jejího vývoje) podle všech nutných kritérií a za definovaných pravidel,• analýza cest a šíření multirezistentních bakterií za využití moderních molekulárně-genetických metodik,• tvorba lokálních a celostátních doporučených postupů pro iniciální antibiotickou léčbu,• realizace antibiotické léčby na základě klinického stavu pacienta, mikrobiologických výsledků a vývoje příslušných zánětlivých markerů,• aplikace farmakokinetických/farmakodynamických parametrů a personifikovaného přístupu k pacientovi,• adekvátní antibiotická profylaxe. <p><i>Podpořeno projekty MZ ČR – RVO (FNOL, 00098892), IGA_LF_2022_018 a ENOCH (reg.č.: CZ.02.1.01/0.0/0.0/16_019/0000868).</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

<i>Lactobacillus amylovorus</i> jako potenciální zdroj glykosidáz zvyšujících stravitelnost krmiva prasat
Ing. Iveta Kostovová, Ph.D.
Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i, Oddělení mikrobiologie a antimikrobiální rezistence
¹ MVDr. Kateřina Kavanová, ² Mgr. Radko Pechar, Ph.D ³ MVDr. Aleš Brychta ¹ Mgr. Monika Morávková, Ph.D.
¹ Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i, Oddělení mikrobiologie a antimikrobiální rezistence, ² Výzkumný ústav potravinářský Praha, v. v. i, ³ Mikrop Čebín a.s.
Úvod <i>Lactobacillus amylovorus</i> je Gram-pozitivní bakterie mléčného kvašení (BMK), která je často izolována z trávicího traktu (TT) prasat. Probiotický potenciál tohoto druhu spočívá v produkci organických kyselin a také v produkci glykosidáz (GH), které mohou zvyšovat stravitelnost krmiva. Tento bakteriální druh představuje potenciální probiotikum zejména pro selata v období odstavu, které přecházejí na pevnou stravu s obsahem polysacharidů.
Cíl Cílem studie bylo charakterizovat potenciální schopnosti jednotlivých izolátů <i>L. amylovorus</i> , izolovaných z TT domácích a divokých prasat, hydrolyzovat méně stravitelné komponenty krmiva.
Metodika Ze vzorků TT divokých a domácích prasat byly izolovány BMK, jejichž genomy byly osekvenovány technologií Illumina. Geny pro GH byly anotovány serverem dbCAN2 s použitím databáze CAZy. Utilizace poly, oligo a mono sacharidů byly analyzovány pomocí komerčních testů API50 CH.
Výsledky Téměř všechny izoláty druhu <i>L. amylovorus</i> dokázaly využít škrob, D-rafinózu, D-celobiózu, D-maltózu a D-melibiózu. Vlastnosti odpovídají genům CAZy rodin GH13, GH36, GH27 a GH3. Izoláty z divokých prasat využily více druhů substrátů než izoláty z domácích prasat např.: D-turanózu, D-trehalózu aj.
Závěr <i>L. amylovorus</i> disponuje enzymatickým vybavením umožňující vyšší stravitelnost škrobů a nestravitelných α -galaktosidů jako je melibióza a D-rafinóza v krmivu. Izoláty druhu <i>L. amylovorus</i> pocházející z domácích a zejména z divokých prasat, mají potenciál zvyšovat stravitelnost krmiva.
Výsledek vznikl v rámci institucionální podpory MZE-RO0518 a grantu QK1910351.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detection of resistant coliform bacteria and enterococci in intestinals and gills of carps
Ing. Monika Krahulcová
Oddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Ústav potravinárstva a výživy, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Slovenská technická univerzita v Bratislave
Cverenkárová Klára, Bírošová Lucia
Oddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Ústav potravinárstva a výživy, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Slovenská technická univerzita v Bratislave
<p>Antibiotic resistance has currently been overshadowed by the SARS-COVID-19 pandemic. The problem of microbial resistance did not disappear and the pandemic may have contributed to the spread of resistance and lead to an increase of resistant determinants in the environment.</p> <p>The aim of the work was to monitor total and resistant coliform bacteria and enterococci in samples of gills and intestines of carp (<i>Cyprinus carpio</i>), breded in the Šaštín-Stráže pond. In the case of live fish, the presence of bacteria is not expected in muscles, so the monitored samples were gills and intestines, which may be a source of secondary contamination. To illustrate the occurrence of resistance in the environment, the occurrence of the monitored groups of bacteria was also detected in water and sediment samples from the pond. Isolates were identified and characterized in way of resistance mechanisms. There was noticed some correlation between the occurrence of resistance in pond samples compared to the resistance in intestinals and gills. In particular, resistant strains of <i>Escherichia coli</i> and <i>Serratia fonticola</i> have been identified. Resistance to ampicillin, chloramphenicol and tetracycline has been observed. Multidrug resistance was detected in 61% of resistant isolates, overproduction of efflux pumps in almost all isolates and mostly <i>bla_{TEM}</i>, <i>tetA</i> and <i>bla_{OXA}</i> resistance genes were detected. Resistant enterococci have been identified as <i>Enterococcus faecium</i> and <i>E. gallinarum</i>, predominantly resistant to vancomycin and ampicillin.</p> <p>Monitoring, prevention and reduction of microbial resistance is truly needed throughout the whole food chain, "from farm to fork". During the process of preparing fish for consumption, cross-contamination with these bacteria can occur.</p> <p><i>This work was supported by VEGA 1/0464/21.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Systém pro vzorkování a detekci virových původců respiračních onemocnění ze vzduchu
Mgr. Petr Králík, Ph.D.
Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v. v. i.
Dziedzinská Radka ¹ , Fiala Pavel ² , Čáp Martin ² , Szabó Zoltán ² , Pavliš Oto ³ , Šerý Omar ¹
¹ Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v. v. i.; ² Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, Vysoké učení technické v Brně; ³ Vojenský zdravotní ústav
<p>Proběhlá epidemie koronaviru ukázala, že znalosti o šíření infekce jsou nezbytné pro aplikaci efektivní opatření, která omezí šíření infekce bez zásadních plošných restrikcí. V rámci projektu Bezpečnostního výzkumu probíhá testování různých technických řešení pro vzorkování vzduchu v uzavřených prostorech s vysokou koncentrací osob a následného stanovení množství virových částic v prostředí.</p> <p>Byly navrženy modely vzorkovačů vzduchu založených na různých principech (filtrace, konzervace v tekutině apod.). Vzorkovače byly testovány v komoře, do které byl vyvíjen aerosol obsahující modelový koronavirus FIPV a B. subtilis. Efektivita jednotlivých vzorkovačů v zachycování virů a bakterií byla stanovována pomocí qPCR analýzy cílené na průkaz obou mikroorganismů ve vzorcích přímo ze vzorkovačů a stěrů z prostředí komory.</p> <p>Byly zjištěny významné rozdíly mezi jednotlivými postupy sběru vzorků. V případě použití konzervačních kapalin je významným faktor ředící efekt, který snižuje pravděpodobnost detekce. Mezi nejvýznamnější zjištění patří fakt, že náboj aerosolové částice hraje zásadní roli v úspěšném zachycení ve vzorkovači.</p> <p>Z testovaných konceptů bude vybrán jeden, který bude na podzim otestován v reálných podmínkách prostorů s vysokým pohybem osob. V prezentaci bude představen vybraný koncept a jeho experimentálně ověřené parametry.</p> <p>Výsledky vznikly v rámci řešení projektu Bezpečnostního výzkumu Ministerstva vnitra „Systém pro vzorkování a detekci koronaviru a dalších původců respiračních onemocnění ze vzduchu“, VI04000071.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Antarctic soil bacteria - unprecedented potential to produce novel secondary metabolites
RNDr. Stanislava Králová, PhD.
Division of Microbial Ecology, Centre for Microbiology and Environmental Systems Science, University of Vienna, Vienna, Austria
Stanislava Kralova ^{1,2} , Songcan Chen ¹ , Mathias Flieder ¹ , Peter Spacek ¹ , Matej Bezdicek ³ , Jana Hanslikova ³ , Martin Zehl ⁴ , Sergey Zotchev ⁵ , Thomas Rattei ⁶ , Alexander Loy ^{1,7,8}
¹ Division of Microbial Ecology, Centre for Microbiology and Environmental Systems Science, University of Vienna, Vienna, Austria ² Department of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University, Brno, Czechia ³ Department of Internal Medicine – Hematology and Oncology, University Hospital Brno, Brno, Czechia ⁴ Department of Analytical Chemistry, Faculty of Chemistry, University of Vienna, Vienna, Austria ⁵ Department of Pharmaceutical Sciences, University of Vienna, Vienna, Austria ⁶ Division of Computational Systems Biology, Centre for Microbiology and Environmental Systems Science, University of Vienna, Vienna, Austria ⁷ Joint Microbiome Facility of the Medical University of Vienna and the University of Vienna, Vienna, Austria ⁸ Austrian Polar Research Institute, Vienna, Austria
Discovering novel antimicrobial compounds is one of the priorities of current and future medicine in response to increasing levels of multidrug-resistant pathogens. The vast majority of antimicrobials is derived from microbes. Recent years of antimicrobial research showed that extreme habitats and unexplored or yet uncultivated microorganisms dwelling there might represent the most promising sources of novel antimicrobials. This study, which is linked to the MetaBac platform at the University of Vienna, aims to explore Antarctic soil bacterial isolates as a source of novel natural products with antimicrobial activities. Multiple isolation methods have been applied to obtain pure cultures of novel taxa from Antarctic soils; with focus on taxa known for their remarkable secondary metabolite biosynthesis potential. Initial stages of this research aimed to taxonomically classify all isolates and evaluate their biosynthetic potential. As a result, a collection of 623, mostly slow growing isolates was established. More than 60% of these strains belonged to the phyla <i>Actinobacteriota</i> and <i>Bacillota</i> , including several novel species (<i>Streptomyces</i> , <i>Nocardioides</i> , <i>Dietzia</i> , <i>Paenibacillus</i>). <i>Pseudomonadota</i> was the next most abundant group in the strain collection. Current steps based on these results include experiments with representatives of several novel <i>Streptomyces</i> spp. including cultivation in different conditions along with analysis of their metabolomes and immediate evaluation of antimicrobial activities against clinically relevant yeasts, gram-negative and gram-positive bacteria.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

<i>In vitro</i> účinnost nových antibiotik u difficult-to-treat kmenů <i>Acinetobacter baumannii</i>
Ing. Gabriela Kroneislová
Klinická mikrobiologie a antibiotické centrum, Ústav lékařské biochemie a laboratorní diagnostiky, Všeobecná fakultní nemocnice v Praze
MUDr. Jan Závora, MUDr. Václava Adámková, Ph.D.
Klinická mikrobiologie a antibiotické centrum, Ústav lékařské biochemie a laboratorní diagnostiky, Všeobecná fakultní nemocnice v Praze
Úvod Neustále se zvyšující rezistence k antibiotikům vyžaduje nejen nepřetržité hledání a testování nových antibiotik, ale také surveillance s dobře nastavenou klasifikací fenotypů rezistence, do které lze fenotypy jednoduše a rychle zařadit. Tomu má přispět relativně nová definice rezistence difficult-to-treat, což je rezistence k nejčastěji indikovaným antibiotikům (betalaktamy a fluorochinolony).
Cíl Sledujeme rezistenci u kmenů <i>A.baumannii</i> . Byl vybrán soubor 45 kmenů, z nichž 25 vykazovalo rezistenci typu DTR.
Metodika Citlivost byla stanovena k vybraným antimikrobiálním látkám pomocí bujónové mikrodiluční metody (kolistin) a gradientních proužků (ampicilin/sulbaktam, cefiderokol a imipenem/cilastatin/relebaktam) u 45 unikátních izolátů od pacientů hospitalizovaných ve Všeobecné fakultní nemocnici v Praze.
Výsledky Kmeny <i>A. baumannii</i> byly ve 100 % citlivé ke kolistinu a cefiderokolu. Ke kombinaci imipenem/cilastatin/relebaktam byla rezistence 55 % a stejná míra rezistence je k ampicilin/sulbaktamu. Tyto výsledky korelují s počtem kmenů (25 z celkového počtu 45), vykazující DTR rezistenci.
Závěr Pokud kmeny vykazují rezistenci typu DTR, velmi úzce to souvisí s morbiditou a mortalitou pacienta a s jeho léčbou. Ta je omezená, protože kolistin je v monoterapii účinný pouze na močové infekce a cefiderokol není dostupný na českém trhu.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Funkčná charakterizácia konidiálneho pigmentu *Trichoderma atroviride*

doc. Ing. Svetlana Kryštofová¹, PhD.

Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Slovenská technická univerzita v Bratislave, SR

Lucia Hoppanová^{1,3}, Veronika Palušková¹, Michal Kaliňák¹, Dušan Kováčik², Veronika Medvecká², Pavol Ďurina², Ľudovít Varečka¹

¹ Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Slovenská technická univerzita v Bratislave, SR

² Fakulta matematiky, fyziky a informatiky, Univerzita Komenského v Bratislave, SR

³ Ústav molekulárnej fyziológie a genetiky, SAV, SR

Úvod

Rod *Trichoderma* patrí medzi voľne žijúce vláknité askomycétne huby, ktoré majú funkciu v ochrane rastlín pred patogénmi a niektoré druhy sa využívajú aj v priemyselnej produkcii celulózy. Väčšina druhov sa rozmnožuje asexuálne konídiami, chlamydospórmi alebo časťami hýf. Významnú úlohu v maturácii a uchovaní dlhodobej vitality fungálnych konídií zohráva konidiálny pigment – melanín (typ DHN – 1,8 dihydroxynaftalén alebo DOPA - dopamín).

Cieľ

V genómoch rodu *Trichoderma* bol predikovaný hypotetický klastor génov pozostávajúci z troch členov: génu pre polyketidsyntázu (*pk4*), oxidázu s viacerými iónmi medi (*mco*) a génu neznámej funkcie (*dabb*). Cieľom práce bola funkčná charakterizácia génov tohoto klastra.

Metodika

Kmene boli uchovávané na PDA médiu a kultivované pri kontinuálnom svetle. Predikované gény boli prerušené genóm pre hygromycínovú rezistenciu (*hph*). V práci boli použité metódy molekulárnej biológie (rekombinantné technológie, klonovanie, extrakcia gDNA a celkovej RNA, PCR, qRT-PCR), analytické metódy (izolácia pigmentu, rodolamprometrínu a metabolómu, UV-VIS spektrofotometria, ATR-FTIR, EPR, NMR) a mikrobiologické metódy (svetelná a skenovacia elektrónová mikroskopia).

Výsledky

Inaktivácia génov v *Trichoderma atroviride* CCM F-534 viedla k zmene pôvodne tmavo zeleného konidiálneho pigmentu: v *Dpk4* na biely, v *Ddabb* na tmavo hnedý a v *Dmco* na žltý. Kmeň s prerušeným genómom *dabb* tiež sekretoval melanínový pigment do kultivačného média, ktorý okrem polyméru melanínu obsahoval aj hydroxyantrachinón, rodolamprometrín, ktorého štruktúra bola určená NMR. Melanín bol izolovaný z rodiča a mutantných kmeňov *Ddabb* a *Dmco*. Štruktúra melanínu z konídií mutantných kmeňov a jeho antioxidačné vlastnosti boli porovnané s rodičom. Vo všetkých prípadoch boli zaznamenané zmeny v štruktúre melanínu v porovnaní s rodičom. Prerušenie génov malo negatívny vplyv na dlhodobú vitalitu konídií, zníženú odolnosť voči UV a nízkoteplotnej plazme, zmeny v koncentrácii protektívnych metabolitov (trehalóza, manitol a GABA) a zmeny v transkripcii génov zodpovedných za syntézu týchto metabolitov. Prerušenie génov nemalo významný vplyv na mykoparazitizmus v laboratórnych podmienkach.

Záver

Získané výsledky naznačili, že konidiálny pigment v *T. atroviride* je syntetizovaný klastrom génov pre gény *pk4*, *dabb* a *mco* a s veľkou pravdepodobnosťou ide o melanín DHN typu. V genóme rodu *Trichoderma* absentuje klastor ako aj viaceré gény typické pre tvorbu zeleného konidiálneho pigmentu iných askomycétnych vláknitých húb. Poruchy v syntéze pigmentu boli sprevádzané nielen zmenami vo farbe pigmentu, ale aj vo vitalite konídií a odolnosti voči vonkajším faktorom. Na základe získaných výsledkov bola navrhnutá syntetická dráha a funkcie jednotlivých génov. Prítomnosť melanínu bola detegovaná vo všetkých kmeňoch okrem *Dpk4*. Boli zaznamenané viaceré zmeny v štruktúre funkčných skupín melanínu medzi jednotlivými kmeňmi ako aj zmeny vo fyzikálno-chemických vlastnostiach melanínu.

Práca bola podporená APVV-16-0216, APVV-20-0257 a VEGA 1/0663/22.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Produkce pyocinů u kmenů <i>P. aeruginosa</i> izolovaných o pacientů s cystickou fibrózou
Bc. Vendula Kučová ¹
(1) Mikrobiologický ústav Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice U svaté Anny v Brně, Pekařská 53, Brno, ČR
Bc. Nikoleta Rosinová ¹ , MUDr. Lukáš Homola, Ph.D. ^{2,4} , Nela Šťastná ^{3,4} , MUDr. Eva Pokojová ^{3,4} , RNDr. Kateřina Snopková ¹
(1) Mikrobiologický ústav Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice U svaté Anny v Brně, ČR; (2) Klinika dětských infekčních nemocí Fakultní nemocnice Brno, ČR; (3) Klinika nemocí plicních a tuberkulózy Fakultní nemocnice Brno, ČR; (4) Lékařská fakulta Masarykovy univerzity, Brno
<p>Cystická fibróza (CF) je dědičné onemocnění, které výrazně omezuje kvalitu a délku lidského života. Nemoc ovlivňuje transport iontů, jež vede ke zvýšení viskozity přítomného hlenu. Tato skutečnost napomáhá množení mikroorganismů, jako např. <i>Pseudomonas aeruginosa</i>, <i>Staphylococcus aureus</i> a <i>Haemophilus influenzae</i>, které mohou růst ve formě biofilmu, což značně komplikuje terapii. Chronické poškození dýchacích cest mívá fatální následky, a to v relativně nízkém věku pacienta. Léčba infekcí u pacientů s CF je náročná, zahrnuje intenzivní užívání antibiotik a mukolytik. Pyociny (úzkospektrální antimikrobiální proteiny produkované pseudomonádami) představují možnou alternativu při potlačení pseudomonádových infekcí.</p> <p>Tato práce se zaměřuje na stanovení produkce pyocinů u kmenů <i>P. aeruginosa</i>, jež byly izolovány od pacientů s CF trpících chronickou kolonizací tímto patogenem. Celkem 30 kmenů <i>P. aeruginosa</i> bylo izolováno ze vzorků sputa převážně dětských pacientů. Pomocí metody PCR byla následně ověřena přítomnost genů pro pyociny a jejich typ. Tyto geny byly detekovány u všech testovaných izolátů, často byla přítomna kombinace 2–3 pyocinových genů. Nejčastěji detekované byly pyociny S2, S4 a R (> 80 % všech testovaných kmenů neslo dané geny), naopak pyociny L a M4 byly poměrně vzácné (< 15%).</p> <p>Pochopení mechanismů, jak <i>P. aeruginosa</i> perzistuje v plicích pacientů s CF a jakou roli v tom hrají pyociny, může vést ke zlepšení lékařské péče o tyto pacienty.</p> <p><i>Práce byla podpořena grantem MUNI/A/1291/2021.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

***In vitro* blood-brain barrier models to study neuroborreliosis and meningococcal infection**

Mgr. Amod Kulkarni, Ph.D.

Laboratory of Biomedical Microbiology and Immunology, University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, and Institute of Neuroimmunology, Slovak Academy of Sciences, v.v.i. Bratislava, Slovakia.

Hruškovcová Jana ¹, Bhide Katarína ¹, Mochnáčová Evelína ¹, and Bhide Mangesh ^{1,2}

¹Laboratory of Biomedical Microbiology and Immunology, The University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, Slovakia,

²Institute of Neuroimmunology, Slovak Academy of Sciences, v.v.i. Bratislava, Slovakia.

Borrelia bavariensis and *Neisseria meningitidis* causing Lyme neuroborreliosis and invasive meningococcal disease will cross the human blood-brain barrier (BBB) before infecting the brain parenchyma. *Neisseria* being an obligate human pathogen and *Borrelia* altering its gene expression in varying host, tissues and vectors, *in vitro* models are essential to study their pathogenesis. In the present study, transwell inserts and 3D spheroids were generated as *in vitro* BBB models by co-culturing brain microvascular endothelial cells, astrocytes and pericytes. Ability of BBB to restrict the passage of 70 kDa-dextran and non-neuroinvasive *E. coli* was confirmed on our models. Thereafter, spheroids were challenged with GFP expressing *Borrelia* and *Neisseria* to visualize their attachment and entry into spheroids. Simultaneously transcriptomic response of BBB to borreliac/neisserial infection was mapped by RNAseq using illumine NextSeq500 platform. In total, 651 and 781 differentially expressed genes (DEGs) were identified in spheroids infected with *Borrelia* and *Neisseria* respectively ($\log_2FC \pm 1$, $p < 0.05$). Mapping the DEGs to biological pathways on Reactome server revealed the molecular response of BBB to infection as: activation of receptors, cell adhesins, metalloproteases, cytokines, vesicular growth factors, members of extracellular matrix etc. Inferences of borreliac/neisserial infection captured on BBB models and the concomitant host response will be elaborated in our presentation.

The study is supported by projects: APVV-18-0259, EURONANOMED2021-105 and VEGA1/0105/19.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Genome Features and Secondary Metabolites Potential of <i>Lentzea spp.</i>
Ana Catalina Lara, Ph.D.
Institute of Soil Biology, Biology Centre of the Czech Academy of Sciences
Moritz Keller ² , Erika Corretto ³ , Alica Chroňáková ¹
1– Institute of Soil Biology, Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Na Sádkách 702/7, 37005 České Budějovice, Czechia. 2– Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích. 3 – Faculty of Science and Technology, Free University of Bozen-Bolzano, Bozen-Bolzano, Italy
<p>The drug discovery field has had a revitalization in recent years due to a combination of emerging drug scarcity, the antibiotic and general drug resistance crisis, emerging infections and the affordability of genome sequencing. The discovery of new therapeutic molecules from nature remains as the front line approach in many pharmacological fields. The revitalization of the drug discovery field has in part been fueled by increasingly affordable genome sequences, and this affordability has made possible to focus efforts in genome mining. Genome mining has shown that the potential of secondary metabolites (SM) from bacteria is much greater than previously thought, with actinobacterial genomes harboring as much as 29 biosynthetic gene clusters (BGC) on average. It has been shown previously that the distribution of BGC correlates to the species phylogeny. Distinct taxa and even different species show remarkable differences in their BGC. There is an abundance of information on well-studied groups like <i>Streptomyces spp.</i>, but we still lack information on less commonly studied groups like <i>Lentzea spp.</i></p> <p><i>Lentzea spp.</i> are a rare group of actinobacteria and as such an under explored source of new bioactive molecules. In the present study we describe 3 new genomes belonging to the genus <i>Lentzea sp.</i> from the actinomycetes collection of the Institute of Soil Biology, Biology Centre of the Czech Academy of Sciences. The genomes show a range of size from 9.5 to 10.2 million bp, which is typical for the group. The GC content is around 69% and they have from 9 to 10 thousand identified CDS. Genome mining of our strains showed the presence of nine potential compounds in a broad diversity of bioactivities (antifungals, antioxidants, anti-hypertensive, etc). Based on these findings, we propose <i>Lentzea sp.</i> as a promising microbial resource for natural product discovery.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Potenciál polyamidových netkanných nanovláknenných materiálů jako aktivních potravinových obalů

Ing. Simona Lencová, Ph. D.; Ing. Kamila Zdeňková, Ph.D.

Ústav biochemie a mikrobiologie, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze

Stiborová Hana, Demnerová Kateřina

Ústav biochemie a mikrobiologie, VŠCHT Praha

Obaly jsou hlavní ochranou potravin před vnějšími kontaminanty, včetně mikroorganismů. Za slibnou technologii eliminující mikrobiální rizika potravin jsou považovány aktivní potravinové obaly (angl. active food packaging, AFP). K jejich výrobě lze použít např. netkané nanovláknenné materiály (NM). Naším dlouhodobým cílem je vývoj NM funkcionalizovaných látkami přírodního původu využitelných jako bezpečné AFP poskytující ochranu spotřebiteli před alimentárními mikrobiálními infekcemi a intoxikacemi. Analyzovali jsme interakce mezi NM z polyamidu (PA) funkcionalizovanými 2,0 hm.% (i) natamycinu, (ii) extraktu zeleného čaje a (iii) extraktu rozmarýnu a potravinovými patogeny *Salmonella enterica*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* a *Listeria monocytogenes*. Zaměřili jsme se na propustnost PA pro bakteriální buňky a antibakteriální a antibiofilmové vlastnosti. Výsledky ukázaly i) kompletní retenci bakteriálních buněk všemi testovanými PA NM dosahující až 6,4 log₁₀ KTJ/ml a ii) významnou inhibici jak bakteriálního růstu, tak tvorby biofilmu (suprese až 3 log₁₀ KTJ/ml) funkcionalizovanými PA. Dále byly PA NM testovány jako obaly kuřecího masa, a to jak neinokulovaného, tak inokulovaného *L. monocytogenes*; funkcionalizované PA NM prodloužily mikrobiální a sensorickou kvalitu vzorků kuřecího masa skladovaných při 7 °C po dobu 7 dnů. Jako nejúčinnější byl vyhodnocen PA NM funkcionalizovaný extraktem zeleného čaje. Celkové výsledky potvrdily potenciál PA NM v obalových aplikacích.

Tato práce byla finančně podpořena grantem OPPIK CZ.01.1.02/0.0/0.0/16_084/0009936.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Degradace pesticidních látek vybranými bakteriálními izoláty
doc. Ing. Petra Lovecká, Ph.D.
Ústav biochemie a mikrobiologie, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
Novotná Adriana ¹ , Krátký František ² , Vrchotová Blanka ¹ , Volková Jana ³ , Hajšlová Jana ²
¹ Ústav biochemie a mikrobiologie, VŠCHT Praha ² Ústav analýzy potravin a výživy, VŠCHT Praha ³ MONAS Technology a.s.
<p>Pesticidy jsou jedním ze základních prostředků pro podporu zemědělské produkce. S rostoucí spotřebou potravin, však roste i míra jejich používání, což vede ke znečištění půd a vod širokou škálou nežádoucích polutantů. Jedním z možných řešení této problematiky je odstraňování těchto látek pomocí bioremediačních procesů. Tato práce se zaměřuje na vlastnosti bakteriálních kmenů <i>Pseudomonas fluorescens</i>, <i>Pseudomonas veronii</i>, <i>Paenibacillus polymyxa</i> a <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> komerčně využívaných v přípravcích PROMETHEUS®CZ, HIRUNDO® a FIX-H+N® firmy MONAS Technology pro zlepšení výnosů v zemědělství.</p> <p>Cílem práce bylo charakterizovat tyto bakteriální kmeny se zaměřením na průkaz schopností biodegradovat vybrané pesticidní látky a na stanovení vlastností podporujících růst rostlin. Biodegradační schopnosti byly sledovány u insekticidů acetamipridu, thiaclopridu a λ-cyhalothrinu, u herbicidů haloxyfop-methylu, pendimethalinu a clopyralidu a fungicidů boskalidu, penkonazolu a iprodionu při počátečních koncentracích 100 mg/l a 10 mg/l. Analýzy rezidií pesticidů byly provedeny na UHPLC-MS/MS. Pro stanovení vlastností podporujících růst rostlin byly u kmenů sledovány schopnosti solubilizace fosfátu, fixace vzdušného dusíku, produkce sideroforů a indol-3-octové kyseliny (IAA) a aktivita aminocyklopropankarboxylát (ACC) deaminasy.</p> <p>U příslušných kmenů bylo prokázáno, že všechny vykazují schopnost biodegradovat insekticid λ-cyhalothrin, herbicid haloxyfop-methyl a fungicid iprodion. Bakteriální kmeny <i>Pseudomonas fluorescens</i> a <i>Pseudomonas veronii</i> navíc herbicid clopyralid a bakteriální kmen <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> insekticid acetamiprid a herbicid pendimethalin. V případě vlastností podporujících růst rostlin bylo prokázáno, že všechny kmeny vykazují ACC deaminasovou aktivitu a schopnost solubilizovat fosfát a produkovat siderofory. V malém množství pak byla u bakteriálních kmenů <i>Pseudomonas fluorescens</i> a <i>Pseudomonas veronii</i> prokázána schopnost produkce IAA.</p> <p>Degradační potenciál bakterií byl prokázán s herbicidem pendimethalin i v reálných podmínkách.</p> <p>Komerčně užívané bakteriální prostředky pro podporu růstu rostlin mohou mít další zajímavý benefit a to v schopnosti odstraňování reziduí pesticidů v zemědělské půdě.</p> <p><i>Práce byla vytvořena v rámci projektu TA ČR BIOCIRTECH TN01000048_DP6.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Zoonotický potenciál <i>Clostridioides difficile</i>: izolace a charakterizace kmenů ze psů a koček
MVDr. Martina Masaříková, Ph.D.
Ústav infekčních chorob a mikrobiologie, Fakulta veterinárního lékařství, Veterinární univerzita Brno
prof. MVDr. Alois Čížek, CSc. ¹ Mgr. Marcela Krůtová, Ph.D. ²
¹ Ústav infekčních chorob a mikrobiologie, Fakulta veterinárního lékařství, Veterinární univerzita Brno ² Ústav lékařské mikrobiologie 2. lékařské fakulty Univerzity Karlovy
Úvod <i>Clostridioides difficile</i> je nejvýznamnějším původcem život ohrožujících infekcí tlustého střeva člověka. Klostridiové kolitidy byly donedávna považovány za onemocnění převážně nozokomiálního původu. V posledních letech však došlo k neobvykle vysokému nárůstu počtu komunitních infekcí, což iniciovalo hledání alternativních zdrojů klostridií.
Cíl Cílem naší práce bylo stanovit prevalenci <i>C. difficile</i> u vybraných skupin psů a koček, dále mezi získanými izoláty identifikovat toxinogenní kmeny metodou PCR a stanovit jejich citlivost k antibiotikům.
Metodika Pro účely izolace <i>C. difficile</i> byly odebrány rektální výtěry a výkaly psů a koček ze šesti definovaných skupin. Pro kultivaci vzorků, identifikaci a charakterizaci získaných izolátů byl použit dříve zavedený postup (Masaříková et al., 2020). Suspektní kolonie jsme identifikovali na MALDI Biotyperu, metodou PCR byly u čistých kultur <i>C. difficile</i> zjišťovány geny kódující toxiny A (<i>tcdA</i>), B (<i>tcdB</i>) a binární toxin (<i>cdtA/cdtB</i>). U toxinogenních izolátů následovalo stanovení citlivosti k osmi vybraným antibiotikům.
Výsledky Ze souboru 251 vzorků rektálních výtěrů a trusu psů a koček chovaných v České republice jsme vykultivovali 33 bakterií druhu <i>C. difficile</i> . Geny kódující toxiny <i>C. difficile</i> jsme prokázali u 21 (63,6 %) izolátů. Osmnáct toxinogenních izolátů vykazovalo rezistenci alespoň k jednomu z osmi testovaných antibiotik.
Závěr Abychom ověřili, zda mohou psi a kočky představovat hledaný zdroj komunitních klostridiových kolitid člověka, provádíme aktuálně podrobnou molekulární analýzu genomu získaných izolátů.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Vztah struktury a funkce RTX toxinů Gram-negativních patogenních bakterií
RNDr. Jiří Mašín, PhD.
Mikrobiologický ústav AV ČR v.v.i, Praha, Česká republika
Osičková Adriana, Osička Radim, Bumba Ladislav, Lepesheva Anna, Knoblochová Šárka, Grobarčíková Michaela, Fišer Radovan, Jurnečka David, Carlos Espinosa Vinals, Šebo Peter
Mikrobiologický ústav AV ČR v.v.i, Praha, Česká republika
<p>RTX toxiny (z anglického <u>R</u>epeats-in-<u>T</u>o<u>X</u>in) jsou klíčové faktory virulence gram-negativních patogenních bakterií, jako jsou například <i>Escherichia coli</i>, <i>Proteus vulgaris</i>, <i>Morganella morganii</i>, <i>Moraxella bovis</i>, <i>Kingella kingae</i>, <i>Bordetella pertussis</i> nebo <i>Vibrio cholerae</i>. Společným znakem těchto proteinů je: (i) sekrece z cytosolu bakteriální buňky sekrečním aparátem typu I (TISS), (ii) posttranslační aktivace proteinu mastnou kyselinou na lysinovém zbytku acylované domény, (iii) přítomnost C-koncových vápník-vazebných repetitivních bohatých na glycinové a aspartátové zbytky a (iv) neštěpený sekreční signál na C-konci proteinu. Dva prototypičtí zástupci RTX toxinů, adenylát cyklázový toxin (CyaA) a α-hemolyzin (HlyA) jsou proteiny zásadní pro virulenci patogenních bakterií <i>Bordetella pertussis</i> a <i>Escherichia coli</i>. CyaA dopravuje do cytosolu fagocytů adenylát-cyklázovou doménu, která katalytickou přeměnou ATP na cAMP blokuje baktericidní funkce fagocytů. CyaA i HlyA tvoří v membráně cílových buněk transmembránové póry selektivní pro kationty. Oba toxiny se přednostně váží na myeloidní buňky nesoucí na svém povrchu β_2 integriny, ale mohou interagovat i s jinými typy buněk nebo s umělými lipidickými membránami. Předmětem prezentace bude shrnutí našich nejnovějších poznatků ohledně vztahu struktury a funkce jednotlivých domén CyaA a HlyA se zaměřením na mechanismus interakce toxinů s eukaryotickou buňkou, který je dále spojený s tvorbou pórů a penetrací proteinu přes plasmatickou membránu cílových buněk.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

A novel Multi-locus Sequence Typing scheme (MLST) identified three *Treponema pallidum* subsp. *pertenue* strain types in Namatanai, Papua New Guinea, during the WHO-initiated yaws eradication program.

Monica Medappa, M.Sc.

Department of Biology, Faculty of Medicine, Masaryk University, Kamenice 5, Building B06, 625 00 Brno, Czech Republic

Monica Medappa¹, Pospíšilová Petra¹, David Šmajš¹, Oriol Mitjà², Camila G. Beiras²

¹Department of Biology, Faculty of Medicine, Masaryk University, Kamenice 5, Building B06, 625 00 Brno, Czech Republic

² Faculty of Medicine, University of Barcelona, Barcelona, Spain

Background

The etiological agent of yaws, *Treponema pallidum* subsp. *pertenue* (TPE), causes exudative ulcers largely in the children population of Papua New Guinea (PNG). The WHO-initiated pilot study for yaws eradication was conducted between June, 2018 to December, 2019, and discerned the effects of mass drug administration (MDA) at 1 round of baseline (control arm) followed by subsequent rounds of targeted treatment contrary to three rounds of baseline (experimental arm) followed by subsequent rounds of targeted treatment.

Aim

A novel MLST scheme was established to classify TPE strain types circulating in Namatanai, PNG, and to determine strain type prevalence at baseline and after MDA.

Methods

Short and genetically distinct regions from three outer membrane protein (OMP) coding genes were selected for nested PCR amplification. The sequence variation within each locus of a gene was determined by Sanger sequencing and each isolate was characterized by an assigned code. In addition, 23S rRNA genes were detected for presence of antibiotic resistance mutations.

Results

The suspected yaws clinical isolates (n=1083) from both arms were categorized into three strain types, namely J11, S22 and T13. Three patients displayed antibiotic resistance after MDA.

Conclusions

The novel MLST scheme was successfully utilized for the WHO-yaws eradication program in PNG to distinguish TPE strains. It assisted in ascertaining low levels of genetic diversity in TPE strains over time. The predominant strain type in both arms and also strain type that showed antibiotic resistance mutation was J11.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Inhibičný potenciál zmesnej kultúry baktérií mliečného kysnutia s dôrazom na mikrobiologickú bezpečnosť syrov zo surového mlieka
doc. Ing. Alžbeta Medved'ová, PhD.
Oddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie Slovenská technická univerzita v Bratislave
Bohach Ksenia, Havlíková Adriana, Beranová Petra, Valík Ľubomír
Oddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie Slovenská technická univerzita v Bratislave
<p>Surové mlieko, vďaka jeho vysokej nutričnej hodnote a takmer neutrálnemu pH, môže byť zdrojom patogénnych baktérií, ktoré sa do neho môžu dostať priamo z chovu kráv alebo pri nevhodnej manipulácii s ním. Konzumácia takéhoto neošetreného mlieka a výrobkov z neho môže predstavovať pre človeka riziko.</p> <p>Cieľom tejto práce preto bolo pomocou prediktívnej mikrobiológie popísať inhibičný potenciál zmesnej kultúry kyslomliečnych baktérií Fresco na dynamiku rastu a metabolickú aktivitu potenciálne patogénnych druhov <i>S. aureus</i> a <i>E. coli</i>, ktoré patria medzi najčastejších pôvodcov alimentárnych ochorení.</p> <p>Pomocou prediktívnych modelov boli pre kultúru Fresco vypočítané kardinálne hodnoty pre rast v mlieku: $T_{\min} = 4,0 \text{ }^{\circ}\text{C}$, $T_{\max} = 49,6 \text{ }^{\circ}\text{C}$ a $T_{\text{opt}} = 38,6 \text{ }^{\circ}\text{C}$. Zároveň bolo zistené, že 1% prídavok NaCl stimuloval rast kultúry pri teplotách do 33 °C. Aplikáciou kultúry v minimálnom počiatocnom množstve 10⁵ KTJ/ml dochádza k inhibícii rastu <i>E. coli</i> a <i>S. aureus</i> a zároveň k inhibícii tvorby stafylokokových enterotoxínov pri minimálnom prídavku 10⁶ KTJ/ml. Okrem toho bol popísaný aj inhibičný potenciál kultúry Fresco, ktorej 1 %-ný prídavok do mlieka pri výrobe ovčích hrudkových syrov a parených syrov vedie k dodržaniu hygienických limitov definovaných Nariadením ES č. 1441/2007 aj počas ich uchovávaní pri 6 °C počas 28 dní. Navyše prídavkom kultúry Fresco sa zvýši aj senzorická hodnota syrov.</p> <p>Získané výsledky môžu byť efektívnym nástrojom pri zvyšovaní hygienickej bezpečnosti syrov zo surového mlieka, ktoré môžu byť faktorom prenosu patogénnych baktérií.</p> <p><i>Táto práca bola podporená projektom APVV-19-0031.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

γ-aminobutyric acid function in <i>Neurospora crassa</i>
Ing. Noémi Molnárová
Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava, Slovakia
Nagyová Veronika, Ďurišová Kamila, Kryštofová Svetlana
Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava, Slovakia
Introduction γ -aminobutyric acid (GABA) is a non-proteogenic ubiquitous amino acid. Its functions vary from metabolic (coupling carbon and nitrogen metabolisms) to biological (development and cell signalling). Fungi produce GABA during development and in response to various stresses, e.g. hypoxia, oxidative or thermal stress, etc. GABA is also important in fungal virulence.
Aim Our aim is the exploration of GABA shunt gene functions in <i>N. crassa</i> biology: development (sexual and asexual), oxidative, thermal and chemical stresses, respiration.
Methods Knock-out strains defective in GABA synthesis and catabolism were used. Bioinformatics, phylogenetic analysis, phenotypic study and transcriptomic analysis were carried out.
Results Genome <i>N. crassa</i> encodes two genes for glutamate decarboxylase (<i>gad-1</i> and <i>gad-2</i>), one gene for GABA transaminase (<i>gta</i>) and succinylsemialdehyde dehydrogenase (<i>ssadh</i>). Phenotypic and transcriptomic data indicate that gene deletion of individual genes in GABA shunt affects development differently. Phenotypic analysis demonstrated that <i>gad-1</i> and <i>gad-2</i> also displayed different roles in development and stress responses. Δ <i>gad-2</i> and Δ <i>gad-1</i> Δ <i>gad-2</i> were more resistant to various environmental factors. <i>gad-1</i> and <i>gad-2</i> seem to regulate apical extension and hyphal branching; the activity of GAD-1 and GAD-2 is likely regulated by calcineurine.
Conclusion Our data indicate that disruption of GABA shunt genes affects fungal growth and development and GABA homeostasis plays an important role in fungal biology.
<i>This study was supported by APVV-20-0257 and VEGA 1/0663/22.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Influence of heat killed <i>lactobacilli</i> on <i>in vitro</i> model of non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD)
Mgr. Mária Nováková
Department of Cell and Molecular Biology of Drugs; Faculty of Pharmacy; Comenius University Bratislava
Hlubinová B. ¹ ; Vyletelová V. ¹ ; Bilková A. ¹ ; Kiňová-Sepová H. ¹ ; Obložinský M. ¹ ; Pašková Ľ. ¹
¹ Department of Cell and Molecular Biology of Drugs; Faculty of Pharmacy; Comenius University Bratislava
Introduction Increasing amounts of NAFLD patients and absence of effective treatment lead to persistent effort of scientists to understand etiopathogenesis of NAFLD. <i>Lactobacilli</i> are sources of ligands for TLR2/TLR10 pathway. It triggers immunotolerance which interferes with lipid homeostasis.
Aim To observe changes in the expression of genes connected to inflammation and lipid metabolism in cells pretreated with <i>lactobacilli</i> .
Methods The HepG2 cell line was exposed to 0,5 mM oleic acid after pretreatment by heat killed <i>L. reuteri</i> E or <i>L. plantarum</i> KG4. Changes in gene expression were detected by qRT-PCR. Amount of lipid droplets in HepG2 were detected spectrophotometrically using Oil-Red-O-staining.
Results Gene expression of inducible antioxidant enzymes, heme oxygenase and catalase, were downregulated in pretreated HepG2. Expression of NF-κB was not significantly modified in cells exposed to <i>lactobacilli</i> , but gene expression of negative inflammatory regulator, A20 was unexpectedly increased. <i>L. plantarum</i> KG4 induced expression of A20 more than <i>L. reuteri</i> E. Gene expression of SREBP1c providing <i>de novo</i> lipogenesis was downregulated in both types of pretreated cells. Steatosis was milder in cells pretreated with <i>L. plantarum</i> KG4.
Conclusion Results suggest that changes in HepG2 induced by heat killed <i>L. plantarum</i> KG4 lead to more potent protection against oleic acid induced steatosis and inflammatory conditions than <i>L. reuteri</i> E. <i>Supported by VEGA 1/0429/21 and UK G-22-065-00 grants.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

The synergic strategy increases the activity of antifungal agents and prevents the induction of tolerance mechanisms.

doc. Ing. Petra Olejníková, PhD

Institute of Biochemistry and Microbiology, Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava, Radlinského 9, 81237, Bratislava, Slovakia

Vladimíra Čviriková, Ján Víglas

Institute of Biochemistry and Microbiology, Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava, Radlinského 9, 81237, Bratislava, Slovakia

Several approaches are taken to overcome the increasing fungal resistance to clinically important antifungal agents. Synergy is one of the strategies that targets multiple specific sites in the fungal cell thereby increasing the activity of antifungal action. Moreover it decreases the dosage of antifungal agents, and is able to prevent the induction of adaptation mechanisms.

In this work, we evaluated the synergy between ravuconazole and the triazol intermediates of its synthesis on the model fungus *Neurospora crassa*.

Synergic effect was assayed by macrodilution method on solidified growth media. The transcriptomic analysis of genes *cyp51*, *erg5* and *cdr4* was performed by real time PCR of cDNA transcript.

Our results showed that the combination of ravuconazole and two intermediates of its synthesis increased the antifungal activity of ravuconazol. We tried to indicate the mechanism of the synergic effect by analyzing (i) the susceptibility of the *Δcdr4* mutant strain of *N. crassa* and (ii) the results of transcriptomic assay of wild type *N. crassa*. We have found the important role of CDR4 efflux pump. Considering the results of the transcriptomic assay we have evaluated that the decrease in expression of *cyp51* as well as *erg5* genes probably contributes to the synergistic effect of ravuconazole and its synthesis intermediates.

This work was supported by the scientific grants VEGA 1/0388/22 and APVV-19-0094.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Monitoring dietární expozice: „HYGIMON“ – toxinogenní plísň v potravinách
doc. MVDr. Vladimír Ostrý, CSc.
Státní zdravotní ústav, Centrum zdraví, výživy a potravin v Brně
Kýrová Veronika, Dofková Marcela, Blahová Jitka, Řehůrková Irena, Ruprich Jiří
Státní zdravotní ústav, Centrum zdraví, výživy a potravin v Brně
<p>Studie „HYGIMON“ - <i>Toxinogenní plísň a potraviny</i>“ byla realizována v letech 2020–2021. Specializované mykologické vyšetření bylo zaměřeno zejména na popis a charakterizaci nebezpečí výskytu toxinogenních plísni významných producentů aflatoxinů a ochratoxinu A ve vybraných potravinách.</p> <p>V osmi odběrových termínech bylo odebráno 38 druhů potravin na 12 odběrových místech v ČR, což představuje celkem 456 vzorků potravin.</p> <p>Byla získána frekvenční data o kvalitativním a kvantitativním výskytu plísni a toxinogenních plísni - producentů aflatoxinů a ochratoxinu A ve vybraných v potravinách (KTJ/g potraviny) v ČR. Byla prokázána přítomnost 16 izolátů toxinogenních plísni <i>Aspergillus flavus</i> producentů aflatoxinů v 16 vzorcích, ze 120 vzorků (tj. 13 %) uvedených typů potravin: černý čaj, polohrubá mouka, těstoviny, rýže, ovocný čaj, pepř, listové těsto, vlašské ořechy, hrách a dětská kaše.</p> <p>Dále byla prokázána přítomnost 75 izolátů potenciálně toxinogenních plísni <i>Aspergillus</i> sekce <i>Nigri</i> producentů ochratoxinu A v 44 vzorcích (tj. 33 %) potravin: černý čaj, ovocný čaj, rozinky, vlašské ořechy, paprika sladká, černý pepř a hrozny. Při detailním mykologickém vyšetření izolátů <i>Aspergillus</i> sekce <i>Nigri</i> bylo 71 izolátů identifikováno jako <i>A. cf. niger</i> a 4 izoláty jako <i>A. cf. carbonarius</i>.</p> <p>Druhá identifikace izolátů <i>Aspergillus flavus</i>, <i>A. niger</i> a <i>A. carbonarius</i> byla nezávisle potvrzena metodou PCR.</p> <p>Získané výsledky budou porovnány s výsledky studií „HYGIMON“ 2018-2019 a „MYKOMON“ 1999-2001.</p> <p><i>Podpořeno MZ ČR – RVO (Státní zdravotní ústav – SZÚ, IČ 75010330).</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Globálne rozšírená patogénna línia <i>Escherichia coli</i>: koevolúcia medzi chromozómom a plazmidom nesúcim gény antibiotickej rezistencie
Mgr. Jana Palkovičová ^{1,2}
¹ CEITEC Veterinárni univerzita Brno, ČR; ² Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, ČR
Iva Sukkar ¹ , Javier DelaFuente ³ , Adam Valček ^{1,4,5} , Matej Medvecký ^{1,6} , Ivana Jamborová ¹ , Ibrahim Bitar ⁷ , Minh-Duy Phan ⁸ , Alvaro San Millan ⁹ , Monika Dolejska ^{1,2,7,10}
¹ CEITEC Veterinárni univerzita Brno, ČR ² Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, ČR ³ Department of Microbiology, Hospital Universitario Ramon y Cajal, Madrid, Španielsko ⁴ Microbial Resistance and Drug Discovery, VIB-VUB Center for Structural Biology, VIB, Flanders Institute for Biotechnology, Belgicko ⁵ Strussel Biology Brussels, Vrije Universiteit Brussel (VUB), Belgicko ⁶ Ústav chemie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Hradec Králové, ČR ⁷ Biomedicinské centrum, Lékařská fakulta v Plzni, Univerzita Karlova, ČR ⁸ Australian Infectious Diseases Research Centre, School of Chemistry and Molecular Biosciences, The University of Queensland, Brisbane, Austrálie ⁹ Centro Nacional de Biotecnología-CSIC, Madrid, Španielsko ¹⁰ Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Ústav laboratorní medicíny, FN Brno, ČR
Šíření multirezistentních patogenních bakterií je zvyčajne spojené s génmi kódovanými na plazmidoch. Plazmidy ale predstavujú pre hostiteľa energetickú záťaž. V štúdiu sme sa venovali fitness a záťaži, ktorú spôsobujú plazmidy typu IncF svojmu prirodzenému hostiteľovi <i>E. coli</i> ST131 H30Rx, aby sme sledovali koevolučné vzťahy tejto úspešnej celosvetovo rozšírenej patogénnej línie. Vybralo sa 5 reprezentantov <i>E. coli</i> H30Rx rôzneho pôvodu, ktoré niesli plazmid typu IncF kódujúci širokospektrálnu beta-laktamázu CTX-M-15, ale aj rezistenciu k iným antibiotikám. Plazmidy sa eliminovali pomocou <i>plasmid curing</i> metódy založenej na inkompatibilitě s navrhnutým vektorom. Vykonalo sa celogenómové sekvenovanie pôvodných kmeňov a ich bezplazmidových variánt. Fluorescenčne značené pôvodné kmene s plazmidom a zodpovedajúce neznačené bezplazmidové kmene bez chromozomálnych mutácií boli podrobené kompetícii a odmeral sa pomer kompetítorov pomocou prietokového cytometra. Aj napriek tomu, že plazmidy pôvodných kmeňov niesli 4-5 rôznych toxín-antitoxín systémov, každý bol úspešne eliminovaný pomocou <i>plasmid curing</i> metódy použitím pMDP5_EC958. Chromozómy bezplazmidových kmeňov obsahovali 0-5 mutácií. Relatívny fitness sa u 3 kmeňov po odstránení plazmidu nelíšil, ale u 2 pôvodných kmeňov bol mierne no signifikantne nižší oproti kmeňom bez plazmidu. IncF plazmidy u svojho prirodzeného hostiteľa neprodukujú žiadnu alebo minimálnu záťaž. To vyzdvihuje úspešnú koevolúciu <i>E. coli</i> ST131 H30Rx a ich plazmidov združených s rezistenciou k antibiotikám podporujúcich celosvetové šírenie týchto patogénov.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Genetic polymorphisms of a parasitic protist *Giardia intestinalis* associated with metronidazole resistance

Bc. Aneta Perglerová

Ústav imunologie a mikrobiologie, 1. lékařská fakulta, Univerzita Karlova, Studničkova 7, Praha 2

Korenková Vlasta (1), Ivana Zicklerová (2), Stejskal František (1,3,4), Nohýnková Eva (1), Tůmová Pavla (1)

(1) Ústav imunologie a mikrobiologie, 1. lékařská fakulta, Univerzita Karlova, Studničkova 7, Praha 2
(2) Oddělení klinické mikrobiologie, Fakultní nemocnice Bulovka, Budínova 2, Praha 8
(3) Klinika infekčních nemocí, 2. LF UK a Fakultní nemocnice Bulovka, Budínova 2, Praha 8
(4) Infekční oddělení Krajské nemocnice Liberec, Husova 10, Liberec

Metronidazole (MTZ) targets a spectrum of anaerobic pathogens ranging from bacteria to eukaryotic parasites, including the protist *Giardia intestinalis*. Despite the long time and widespread use of MTZ, understanding of giardiasis treatment failure (G-TF) is incomplete. Most of the knowledge was gained on laboratory-generated resistant lines, as no clinically resistant *Giardia* strains have been characterized in detail at the molecular level. In cooperation with Bulovka University Hospital in Prague, we followed 68 giardiasis cases, of which 27% (17/68) represented the G-TF. Genotyping revealed that *Giardia* from G-TF cases belonged to the same genetic group (assemblage B) and was imported mainly from South Asia. To test the hypothesis that resistance is genetically determined/associated with a transmissible genotype, we examined genetic polymorphisms shared in *Giardia* from G-TF cases in a set of genes involved in MTZ metabolism (NR1, NR2, GIFIHb). Additionally, we tested a gene dosage effect as drug resistance co-variant/cause due to gene duplications or deletions of the GIFIHb gene. Preliminary results from qPCR and dPCR confirmed increased GIFIHb copy numbers in some isolates of particular sub-assemblage, but no link with G-TF has been seen. Although MTZ resistance seems to be multifactorial, these are the first steps to understanding the genetic background of *Giardia* from clinical samples from G-TF cases, not only laboratory-induced lines.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Vliv genů antibiotické resistance na fyziologické vlastnosti *Salmonella enterica*

Ing. Václav Peroutka

Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Ústav biochemie a mikrobiologie (320), Technická 5, 166 28, Praha 6

Ing. Milada Šolcová, Veronika Bočková, prof. Ing. Kateřina Demnerová, CSc., Ing. Sabina Purkrťová, Ph.D.

Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Ústav biochemie a mikrobiologie (320), Technická 5, 166 28, Praha 6

Vzhledem ke klinickým, potravinářským i ekonomickým implikacím je jedním z velmi závažných problémů současnosti zvyšující se míra resistance bakterií k antibiotikům. Ke vzniku, přenosu a akumulaci genů antibiotické resistance (ARG) může docházet mimo jiné i v prostředí bakteriomu potravního řetězce. Kromě samotné antibiotické resistance mohou některé ARG ovlivňovat i jiné fyziologické vlastnosti svého nositele, například rychlost růstu, či schopnost adaptace k vnějším vlivům. Pochopení těchto mechanismů je stěžejní pro porozumění šíření bakterií resistantních k antibiotikům (ARB) i šíření samotných ARG v bakteriomu potravin a potravinovém řetězci. K mapování bakteriálního genomu lze využít různé sekvenační techniky, pro celogenomové sekvenace za účelem detekce ARG jsou výhodné metody NGS. V rámci této práce byly pomocí nanopórové technologie sekvenovány genomy zatím čtyř vybraných kmenů *Salmonella enterica*, u nichž je znám profil fenotypové resistance k vybraným antibiotikům. V genomech byla s využitím různých nástrojů (EPI2ME, ResFinder, RGI aj.) provedena detekce ARG, jejichž přítomnost byla dále srovnána s profilem fenotypové resistance. U testovaných kmenů byla stanovena specifická růstová rychlost v peptonové vodě při různých pH. Cílem práce je stanovit korelaci mezi specifickou růstovou rychlostí a rezistenčními profily (genotypovými i fenotypovými).

Práce je podpořena Interní grantovou agenturou VŠCHT (číslo projektu: A2_FPBT_2022_012).

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Příprava rekombinantního lytického systému pro biotechnologie bakterie <i>Pseudomonas putida</i>
Bc. Matůš Pešta
Laboratoř bioinženýrství mikroorganismů, Ústav experimentální biologie (Oddělení mikrobiologie), Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita
Mgr. Martin Benešik, Ph.D., Mgr. Pavel Dvořák, Ph.D.
Laboratoř bioinženýrství mikroorganismů, Ústav experimentální biologie (Oddělení mikrobiologie), Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita
<p>Indukovaná buněčná smrt a lyze bakterií nemá potenciál využití výhradně v antimikrobiální terapii závažných infekcí. Stále větší význam má také pro rozvoj moderních biotechnologií. Zavádění rekombinantních lytických systémů do "buněčných továren" se zdá být efektivní strategií, jak vyvinout udržitelnější a levnější biotechnologické zpracování. Zde se nejčastěji využívá buď při uvolňování intracelulárních produktů do prostředí, nebo při konstrukci syntetických mikrobiálních konsorcií.</p> <p>Cílem tohoto projektu je pomocí racionálního přístupu připravit nový lytický systém v biotechnologickém "chassis" - <i>Pseudomonas putida</i>, ověřit jeho funkčnost a efektivitu uvolňovat reportérové proteiny do prostředí.</p> <p>Pomocí nástroje <i>PHASTER</i> bylo v chromozomu <i>P. putida</i> KT2440 identifikováno 9 profágů, z nichž byly 4 intaktní. V těchto úsecích byly pomocí různých sekvenčních/strukturních bioinformatických nástrojů predikovány relevantní geny kódující fágové lytické proteiny. Z knihovny potenciálních sekvencí byl vybrán lokus s označením PP_2269, jehož proteinová sekvence vykazovala značnou podobnost s manuálně anotovanými endolyziny. Kandidátní lokus PP_2269 bude klonován metodou <i>USER cloning</i> a rekombinantní kmeny budou analyzovány biofyzikálními/biochemickými technikami.</p> <p>Výstupem této práce bude mimo jiné ověření, zda je použití profágových sekvencí, přirozeně se vyskytujících v organismu zájmu, slibnou strategií pro indukovanou lyzi buněk v mikrobiálních biotechnologiích.</p> <p><i>Tato práce je podpořena Grantovou agenturou Masarykovy univerzity (MUNI/C/0040/2022).</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Prípady pľúcnej aspergilózy spojenej s ochorením COVID-19 u pacientov hospitalizovaných v Ústrednej vojenskej nemocnici SNP Ružomberok – FN

RNDr. Bc. Ján Predný^{1,6}

¹ Mikrobiologický ústav Lekárskej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave

⁶ Vysoká škola zdravotníctva a sociálnej práce svätej Alžbety, Bratislava

Palcová, L.^{2,6,7}, Lesňáková, A.^{3,7}, Kozák, P.^{4,7}, Lišková, A.^{5,6}

¹ Mikrobiologický ústav Lekárskej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave

² Referát vedy a výskumu, Ústredná vojenská nemocnica SNP Ružomberok – FN

³ Infektologická klinika, Ústredná vojenská nemocnica SNP Ružomberok – FN

⁴ Klinika anesteziológie a intenzívnej medicíny, Ústredná vojenská nemocnica SNP Ružomberok – FN

⁵ Oddelenie klinickej mikrobiológie, Fakultná nemocnica Nitra

⁶ Vysoká škola zdravotníctva a sociálnej práce svätej Alžbety, Bratislava

⁷ Fakulta zdravotníctva, Katolícka univerzita v Ružomberku

Východiská

Pacienti so syndrómom akútnej respiračnej tiesne (ARDS) sú v dôsledku vírusovej infekcie v riziku vzniku sekundárnych komplikácií, medzi inými aj vzniku invazívnej aspergilózy.

Ciele

V našej práci uvádzame opis prípadov invazívnej aspergilózy spojenej s koronavírusovým ochorením COVID-19, vrátane ich priebehu, diagnostiky a liečby, hospitalizovaných pacientov v Ústrednej vojenskej nemocnici SNP Ružomberok – FN. Metódy: Retrospektívna analýza všetkých pacientov s ARDS spojených s ochorením COVID-19 prijatých na jednotku intenzívnej starostlivosti nášho nemocničného zariadenia v období rokov 2020 – 2021.

Výsledky

Invazívna pľúcna aspergilóza spojená s ochorením COVID-19 bola zistená u šiestich kriticky chorých pacientov so stredne ťažkým až ťažkým ARDS.

Záver

Pri starostlivosti o pacientov s ARDS v dôsledku ochorenia COVID-19 je potrebné zahrnúť do diferenciálnej diagnostiky aj možnú invazívnu pľúcnu aspergilózu a vyšetriť ich vzorky komplexne na odhalenie prípadnej mykotickej koinfekcie.

Kľúčové slová: aspergilóza-JIS-kaspoľfungín-SARS-CoV-2-vorikonazol.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Aktuální poznatky o výskytu včelích viróz v České republice
RNDr. Jana Prodělalová, Ph.D.
Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i. Oddělení infekčních chorob a preventivní medicíny
Eliška Čukanová ¹ , Romana Moutelíková ¹ , Jiří Danihlík ²
¹ Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i. ² Katedra biochemie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci
<p>Virové nákazy se spolu s roztočem <i>Varroa destructor</i> řadí mezi nejzávažnější faktory negativně ovlivňující zdraví včely medonosné (<i>Apis mellifera</i>). Včelích viróz bylo popsáno do dnešní doby několik desítek, přičemž mezi nejvíce sledované patří virus deformovaných křídel (DWV), virus černání matečnicků (BQCV), virus pytlíčkovitosti plodu (SBV), virus akutní a chronické paralýzy (ABPV, CBPV). V této studii jsme se zaměřili na sledování výskytu včelích virů u českých včelařů.</p> <p>Vzorky byly získány od včelařů účastnících se občansko-vědního projektu COLOSS: Monitoring úspěšnosti zimování včelstev v roce 2021. Celkem byly získány vzorky z 2-3 včelstev od 46 chovatelů z 36 okresů ČR.</p> <p>U všech testovaných včelstev byla technikou reverzně transkripční -polymerázové řetězové reakce zjištěna přítomnost DWV a SBV, drtivá většina vzorků (97,8 %) byla také pozitivní na BQCV a z 81,9 % byl zastoupen i ABPV. Nejméně se vyskytující byl CBPV, který byl identifikován jen v 26,1 % včelstev. Viry byly přítomny v různých kombinacích, přičemž ve vzorcích od 7 chovatelů byla zjištěna přítomnost všech sledovaných virů.</p> <p>Vzhledem k běžné přítomnosti včelích virů v tuzemských včelstvech je pro úspěšné včelaření bez negativního vlivu viróz potřeba dodržovat zásady prevence a léčby varroózy, správné chovatelské praxe a pak i dbát na výběr stanoviště s dostatkem potravních zdrojů.</p> <p><i>Výzkum byl financován projektem NAZV QK1910286.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Možnost' využitia Ramanovej spektroskopie pri identifikácii mikroorganizmov z telesných tekutín

Mgr. Katarína Rebrošová

Mikrobiologický ústav, Lékařská fakulta Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice u sv. Anny, Pekařská 53, Brno 65691, CZ

Silvie Bernatová(2), Martin Šiler(2), Ota Samek(2), Veronika Holá(1), Filip Růžička(1)

1 Mikrobiologický ústav, Lékařská fakulta Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice u sv. Anny, Pekařská 53, Brno 65691, CZ

2 Ústav přístrojové techniky, Akademie věd České republiky, Královopolská 147, Brno 61264, CZ

Ramanova spektroskopie je významnou metódou v mnohých oblastiach. Jej princípom je neelastický rozptyl monochromatického svetla, ktorý umožňuje nedeštruktívne zrkadlenie chemických väzieb prítomných vo vzorke. To možno využiť aj pri identifikácii a charakterizácii mikroorganizmov.

Cieľom tejto štúdie bolo zhodnotiť možnosť využitia Ramanovej spektroskopie pri identifikácii mikróbov spôsobujúcich infekcie močových ciest a krvného riečiska. Ďalej bola skúmaná možnosť zachytávania jednotlivých mikrobiálnych buniek priamo z telesných tekutín (sérum, moč) a ich následnej charakterizácie.

Dohromady sme získali spektrá zo 400 mikrobiálnych kmeňov (30 druhov, min. 10 spektier/kmeň) podieľajúcich sa na infekciách močových ciest a krvného riečiska z kolónií na MH agare (37 °C/24h). Na pilotné analýzy jednotlivých mikrobiálnych buniek z telesných tekutín bola použitá kombinácia optickej pinzety a Ramanovej spektroskopie.

Ramanovské spektrá mikroorganizmov nám umožnili rozlíšiť medzi 30 analyzovanými druhmi. Pilotná štúdia jednotlivých buniek ukázala, že sú viditeľné rozdiely medzi spektrami mikrobiálnych buniek a pozadím (moč, sérum). Výsledky naznačujú, že je možné rozlišovať aj medzi jednotlivými druhmi.

Vďaka nedeštruktivite a rýchlym analýzám by Ramanova spektroskopie mohla mať veľký potenciál v oblasti identifikácie a charakterizácie mikróbov. V budúcnosti by tak mohla byť základom priamej identifikácie patogénov priamo z ľudských telesných tekutín.

Práca bola podporená projektmi NU21-05-00341 (Ministerstvo zdravotníctví ČR) a MUNI/A/1291/2021 (Masarykova univerzita).

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Optimalizácia hydrogélův pre 3D model chronických polymikrobiálních infekcií rán
Bc. Nikoleta Rosinová
Mikrobiologický ústav Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice u svaté Anny v Brně, Pekařská 53, Brno, ČR
RNDr. Kateřina Snopková, Ing. Veronika Holá, Ph.D.
Mikrobiologický ústav Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice u svaté Anny v Brně, Pekařská 53, Brno, ČR
<p>Chronické rany sa vyznačujú dlhotrvajúcim a neúspešným hojením, pričom najťažšie prípady končia fyzickým odstránením tkaniva alebo amputáciou. Tvorba biofilmu v rane je do veľkej miery zodpovedná za neúspech antimikrobiálnej liečby. Doteraz však neboli zaznamenané žiadne všeobecne spoľahlivé in vitro modely biofilmu chronických rán. Alginát a poloxamér sú často používané materiály k 3D bioprintingu a ich vlastnosti, ako je pórovitosť, viskozita, biokompatibilita a modifikovateľnosť, môžu slúžiť ako základ pre vytvorenie nových 3D polymikrobiálních in vitro modelov.</p> <p>Táto práca pojednáva o použití hydrogélův ako základ pre výskum in vitro mono- a polymikrobiálních biofilmův. Pilotná časť experimentu zahŕňala optimalizáciu koncentrácií alginátu a poloxaméru a stanovenie aktuálních podmienok kultivácie. Hydrogélóvé matrice boli následne kultivované s bakteriálních izolátmi. Použité kmene boli izolované od pacientův s chronickými ranami liečených vo Fakultnej nemocnici u svätej Anny v Brne a zahŕňali koaguláza-negatívne stafylokoky, Staphylococcus aureus, Enterococcus faecalis, Klebsiella pneumoniae, Candida spp. Boli stanovené optimálne koncentrácie jednotlivých patogénův pre mono- a polymikrobiálne gély.</p> <p>Výsledky výskumův potvrdzujú potenciál hydrogélův použitých ako matrice pre vytvorenie 3D modelu in vitro polymikrobiálních infekcií rán. Tento model predstavuje významný pokrok v pochopení dynamiky polymikrobiálních biofilmův chronických raných infekcií a bude použiteľný pri ďalšom výskume nových antimikrobiálních liečiv.</p> <p><i>Táto práca bola podporená grantom AZV (NU22-05-00110).</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detekce, charakterizace a antimikrobiální citlivost <i>Yersinia enterocolitica</i> v různých typech odpadních vod
Ing. Nikola Roulová
Univerzita Pardubice, Katedra biologických a biochemických věd, Studentská 95, 532 10 Pardubice
Mořková Petra ¹ , Brožková Iveta ¹ , Pejchalová Marcela ¹
¹ Univerzita Pardubice, Katedra biologických a biochemických věd, Studentská 95, 532 10 Pardubice
<p>Voda patří mezi nejvýznamnější environmentální zdroje patogenní bakterie <i>Yersinia enterocolitica</i>.</p> <p>Cílem této studie bylo zhodnotit výskyt <i>Y. enterocolitica</i> v různých typech odpadních vod a charakterizovat kmeny z hlediska biotypu, sérotypu a antimikrobiální citlivosti. Současně byly navrženy a porovnány kultivační postupy pro detekci <i>Y. enterocolitica</i> v odpadních vodách. Výskyt <i>Y. enterocolitica</i> byl sledován v 52 vzorcích odpadních vod pocházejících z 11 různých zdrojů, které zahrnovaly městské ČOV, nemocnice, jatka a kravín. Pro izolaci <i>Y. enterocolitica</i> z odpadních vod byly využity dva hlavní přístupy, lišící se primárně způsobem zpracování vzorku odpadní vody.</p> <p><i>Y. enterocolitica</i> byla detekována v 80,8 % vzorků odpadních vod, přičemž hlavními zdroji byla surová městská a jateční odpadní voda. Naopak nejnižší záchyt byl zaznamenán v nemocničních odpadních vodách. Kmeny <i>Y. enterocolitica</i> pocházející z odpadních vod patřily výlučně do biotypu 1A (98,5 %). Nejvyšší míra rezistence byla zjištěna pro ampicilin (93,7 %) a amoxicilin-klavulanovou kyselinu (38,1 %). Dále byla zaznamenána rezistence vůči ciprofloxacinu a cefotaximu.</p> <p><i>Y. enterocolitica</i> se běžně vyskytuje v odpadních vodách, nicméně prevalence se liší v závislosti na původu odpadní vody. Přestože <i>Y. enterocolitica</i> vykazuje vysokou antimikrobiální citlivost, byly u kmenů z odpadních vod zjištěny i méně časté rezistence. Vzhledem ke složitosti matrice, jakou odpadní voda je, vyžaduje detekce <i>Y. enterocolitica</i> v odpadních vodách využití nejméně dvou různých kultivačních protokolů.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Genomika multirezistentní *Escherichia coli* v kolonii racků: dynamika výskytu kmenů a výměna plazmidů

Mgr. Michaela Růžičková

¹CEITEC, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká republika

²Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká republika

Kristína Nešporová¹, Jana Palkovičová^{1,2}, Šimon Krejčí², Ivan Literák^{1,2}, Monika Dolejská^{1,2,3,4}

¹CEITEC, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká republika

²Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká republika

³Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Ústav laboratorní medicíny, Fakultní nemocnice Brno, Brno, Česká republika

⁴Biomedicínské centrum, Univerzita Karlova, Plzeň, Česká republika

Geny antimikrobiální rezistence se mezi bakteriemi šíří zejména konjugací plazmidů. Na přenos rezistentních bakterií má vliv prostředí, lidé, ale také volně žijící zvířata, zejména migrující ptáci, kteří jsou schopni je přenášet na velké vzdálenosti. Studie zkoumá výskyt *Escherichia coli* rezistentní k cefalosporinům a šíření plazmidů nesoucích geny rezistence v populaci racků bělohlavých.

Během experimentu bylo pět nelétavých mláďat umístěno na 10 týdnů do voliéry a vzorkováno v pravidelném intervalu dvou týdnů. Byla provedena selektivní kultivace získaných kloakálních stěrů na půdě s cefotaximem, a vybrané rezistentní izoláty byly podrobeny celogenomovému sekvenování s cílem získat jejich genomická data.

Data poukazují na změny v zastoupení jednotlivých kmenů včetně jejich přenosu mezi jednotlivými ptáky. V počátku experimentu byla většina racků kolonizována sekvenčním typem *E. coli* ST11893 s genem *bla_{CMY-2}* pro AmpC beta-laktamázu na F plazmidu. Jeden izolát nesl gen *bla_{CTX-M-1}* lokalizovaný na epidemickém Inc11/ST3 plazmidu kódujícím gen pro produkci kolicinu. V dalších odběrech izoláty s F plazmidem postupně vymizely a plazmid Inc11/ST3 se rozšířil do dalších kmenů. Ke konci experimentu začala míra kolonizace racků rezistentními kmeny *E. coli* klesat.

Dle výsledků se rezistentní bakterie vyskytují ve střevě racků po dostatečně dlouhou dobu, aby se mohly dále šířit do prostředí. Mezi jedinci dochází k výměně rezistentních kmenů, což může vést k šíření plazmidů a přispět k úspěšnému šíření nových linií *E. coli*.

Tento výzkum byl financován projektem IGA VETUNI 204/2022/FVHE.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detekce antimikrobiálních a cytotoxických vlastností polylaktidových materiálů
Mgr. Zuzana Rybková, Ph.D.
Katedra biologie a ekologie, Přírodovědecká fakulta, Ostravská univerzita, Chittussiho 10, 710 00 Ostrava, Česká republika
Stachurová Tereza ¹ , Malachová Kateřina ¹
¹ Katedra biologie a ekologie, Přírodovědecká fakulta, Ostravská univerzita, Chittussiho 10, 710 00 Ostrava, Česká republika
Úvod Materiály vyvíjené pro využití v medicíně by měly splňovat požadavky na biokompatibilitu a antimikrobiální vlastnosti. Testy antimikrobiální aktivity a <i>in vitro</i> testy cytotoxicity poskytují informace o biokompatibilitě těchto materiálů.
Cíl Hodnocení cytotoxicity a antimikrobiálních vlastností, včetně vlivu na tvorbu biofilmů, polylaktidových materiálů s modifikovanými plnivými vermikulitem (VMT) a grafen oxidem (GO) obsahujících stříbro (Ag ⁺ , AgNPs), kationy HDP a HDTMA.
Metodika Detekce antimikrobiálních účinků kompozitů a degradačních výluhů byla provedena diskovou difuzní a mikrodiluční metodou na kmenech <i>Escherichia coli</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Streptococcus salivarius</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> a <i>Candida albicans</i> . K hodnocení biofilmů byly použity Christensenova metoda, testy motility a autoagregace, a mikroskopie. Cytotoxický efekt kompozitů a jejich výluhů na viabilitu buněk A549 byl hodnocen <i>in vitro</i> MTT testem.
Výsledky Studium antimikrobiální aktivity polylaktidových kompozitů ukázalo, že Ag ⁺ ionty, HDP a HDTMA jsou z kompozitů uvolňovány během degradace v závislosti na délce intervalu a pH postupně, zatímco AgNPs zůstávají navázány v polylaktidu a inhibují tvorbu biofilmu. Cytotoxicita nebyla prokázána u žádného z kompozitů.
Závěr Antimikrobiálním hodnocením a <i>in vitro</i> testy cytotoxicity byly získány informace potřebné pro potenciální využití nových materiálů v medicíně.
<i>Práce byla podpořena projektem č. CZ.02.1.01/0.0/0.0/17_049/0008441 Inovativní léčebné metody pohybového aparátu v úrazové chirurgii.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Výskyt hybridů patogenních <i>E. coli</i> O111 v České republice
Mgr. Bc. Klára Schlosserová
Národní referenční laboratoř pro <i>E. coli</i> a shigely (NRL/ECS), Centrum epidemiologie a mikrobiologie (CEM), Státní zdravotní ústav Praha (SZÚ); 2. lékařská fakulta UK Praha
doc. MUDr. Martina Bielaszewska, CSc., Mgr. Petra Klimešová, MVDr. Johana Kotiš, Júlia Kseničová, Ing. Monika Marejková, Ph.D., MVDr. Zuzana Ileninová, Ph.D.
NRL ECS, CEM, SZÚ Praha; 2. lékařská fakulta UK Praha
<p>Shiga toxin-produkující <i>E. coli</i> (STEC) vyvolává potenciálně smrtelný hemolyticko-uremický syndrom (HUS). Enteroagregativní <i>E. coli</i> (EAEC) je úspěšný kolonizátor střeva a původce dlouhotrvajících průjmů. Podle vyhlášky o epidemiologické bdělosti 473/2008 Sb. jsou do NRL ECS zasílány z celé ČR izoláty TOP5 séro skupin <i>E. coli</i> (O26, O103, O111, O145, O157) k průkazu genů kódujících faktory virulence.</p> <p>V r. 2011 zasáhla Německo velká epidemie HUS. Původcem byl hybridní kmen <i>E. coli</i> O104 rezultující z fúze virulenčních faktorů STEC a EAEC. Alarmující průběh epidemie inicioval celosvětově monitoring výskytu hybridních patotypů <i>E. coli</i>. Cílem naší studie byla charakteristika kmenů O111 ze sbírky klinických izolátů NRL/ECS (z let 1965-2021) a detekce O111 hybridů.</p> <p>Přítomnost genů STEC (<i>stx</i>₁, <i>stx</i>₂), EAEC (<i>aggR</i>, <i>aaiC</i>, <i>aatA</i>, aj.) a enteropatogenních <i>E. coli</i> (<i>eae</i>) u izolátů O111 byla detekovaná pomocí PCR. Dle informací z epidemiologických šetření byl zjištěn podíl importovaných infekcí, věkové a genderové složení pacientů.</p> <p>Podíl séro skupiny O111 z celkového počtu izolátů ročně nepřesáhl 11 %. Do studie bylo zařazeno 16 izolátů STEC, 488 EPEC a 324 nonSTEC/nonEPEC; 3 byly importované. Většina pocházela od pacientů <5 let (chlapci vs. dívky ca. 1:1). Data ukázala nárůst O111 EAEC v posledních 20 letech (podíl až 89% v r. 2013) včetně nových kombinací virulenčních faktorů. Celkem bylo detekováno 8 hybridů EPEC/EAEC, a žádný hybrid STEC/EAEC. Systematické sledování výskytu O111 hybridů a jejich citlivosti k antibiotikům je důležité vzhledem k jejich vysokému patogennímu potenciálu.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Etiologie infekční endokarditidy u operovaných pacientů na CKTCH v letech 2018-2019

MUDr. Alena Siváková

Mikrobiologický ústav FN u sv. Anny a LF MU

Růžička Filip (1), Tejkalová Renata (1), Vaněrková Martina (2), Freiburger Tomáš (2)

¹⁾ Mikrobiologický ústav FN u sv. Anny a LF MU

²⁾ Genetická laboratoř CKTCH Brno

Infekční endokarditida (IE) je zánětlivé onemocnění vnitřní výstelky srdce, které je vyvoláno různými druhy mikroorganismů. Pro empirickou léčbu je důležité rozlišit mezi endokarditidou nativních chlopní (NVE) a endokarditidou na umělém materiálu (PVE). Léčba antimikrobiálními léčivy musí být vždy dlouhodobá, často v kombinaci s operací, a pro její úspěšnost je důležité stanovení infekčního agens.

Naším cílem bylo porovnat výsledky identifikací infekčních agens z operačního materiálu a primárních hemokultivací s literárními údaji.

Retrospektivně jsme dohledali výsledky vyšetření operovaných pacientů pro IE. Vzorky chlopní a umělého materiálu získaného peroperačně byly zpracovány kultivačně a pomocí širokospektré PCR s následnou sekvenací 16S rDNA.

Celkem bylo dohledáno 69 případů IE, 70 % případů bylo na nativní chlopni, 30 % na umělém materiálu (z toho 3 % pouze na zavedené elektrodě bez postižení endokardu). Mezi zachycenými původci byly nejčastěji identifikovány ve 42 % streptokoky, 31 % stafylokoky, 17 % enterokoky a v 11 % jiné agens. Ve dvou případech se podařilo zachytit bakterii *Tropheryma wipplei* a v jednom případě bakterii *Bartonella quintana*.

V souladu s literaturou byly zjištěny rozdíly mezi zachycenými agens u jednotlivých typů IE. Zatímco mezi vzorky z NVE to byly streptokoky (48 %) a *Staphylococcus aureus* (19%), u PVE to byly koaguláza negativní stafylokoky (33 %) se streptokoky (29 %). U obou typů IE byly zastoupeny enterokoky (13 %, 29 %), avšak další méně časté mikroby se vyskytovaly jen u NVE.

Práce byla podpořena MUNI/A/1291/2021.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Potential of Antarctic <i>Pseudomonas</i> spp. to inhibit clinical <i>P. aeruginosa</i> isolates
RNDr. Kateřina Snopková ^{1,2}
(1) Institute for Microbiology, Faculty of Medicine, Masaryk University and St. Anne's University Hospital Brno, Czech Republic (2) Department of Biology, Faculty of Medicine, Masaryk University, Brno, Czech Republic
Ing. Veronika Holá, Ph.D. ¹
(1) Institute for Microbiology, Faculty of Medicine, Masaryk University and St. Anne's University Hospital Brno, Czech Republic
<p><i>Pseudomonas aeruginosa</i> is an opportunistic pathogen connected to high morbidity and mortality of vulnerable patients. Beside ventilator-associated pneumonia and catheter-related infections, burn and wound infections belong the most frequent pseudomonads' infection. Those infections are difficult to cure due to inherited and acquired resistance of the microbe. To combat multiresistant <i>P. aeruginosa</i> strains, new approaches has been considering. Bacteriocins produced by cold-adapted pseudomonads represent one of the promising and not yet explored source of new antimicrobials.</p> <p>In our study we detected antagonistic activity of Antarctic <i>Pseudomonas</i> spp. towards clinical isolates of <i>P. aeruginosa</i>. Totally, 36 of the Antarctic strains were screened against 93 of <i>P. aeruginosa</i> exhibiting various antimicrobial profile, ability to form biofilm or production of diverse virulence factors. About 1% of those interactions resulted in macroscopical inhibition of the clinical isolate. The most promising results were obtained by <i>P. prosekii</i> CCM 8878 and <i>Pseudomonas</i> sp. CCM 8880. Based on a character of inhibition zones we speculate that those inhibitions were mediated by corpuscular bacteriocins. Inhibition spectrum of both strains including multiresistant isolates and strong biofilm producers.</p> <p>Our results confirm potential of bacteriocin produced by cold-adapted species in therapy of <i>P. aeruginosa</i> infections, such as wound and burn infections.</p> <p><i>The authors thank the infrastructure of the J. G. Mendel Czech Antarctic Station (LM2015078). The work was supported by grant NU22-05-00110.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Colonization of sink by multidrug-resistant microorganisms in intensive care units
RNDr. Mgr. Jaroslava Sokolová, PhD., MPH
¹ Centre for Microbiology and Infection Prevention, Department of Laboratory Medicine, Faculty of Health Care and Social Work, Trnava University, Trnava, Slovak Republic ² Department of Hospital Hygiene and Epidemiology, University Hospital Trnava, Slovak Republic
Pazderka Lukáš ^{1,3} , Chebenová Vanesa ^{1,2} , Havriško Martina ¹ , Škvarková Zuzana ²
¹ Centre for Microbiology and Infection Prevention, Department of Laboratory Medicine, Faculty of Health Care and Social Work, Trnava University, Trnava, Slovak Republic ² Department of Hospital Hygiene and Epidemiology, University Hospital Trnava, Slovak Republic ³ Department of Clinical Microbiology, AnalytX s.r.o., Trnava
Introduction In recent years there have been an increasing number of reports of contamination of hospital sinks with multidrug-resistant bacetria.
Objectives The aim of this study was to assess hospital sink colonization by vancomycin-resistant Enterococci (VRE), multidrug-resistant (MDR) <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (PSA) and MDR <i>Enterobacteriaceae</i> (CPE) in the intensive care setting (ICUs)of University hospital Trnava.
Methodology As part of the outbreak investigation, we performed microbiological examinations of the sink drains and perlators in the patient area.A total of 67 paired enviromental samples were taken by rotating and swiping a cotton-tipped swab (Amies Transport Medium, COPAN, IT) in March 2022. Samples were analyzed using chromogenic media (PAID, CARBA, VRE, bioMérieux, FR), MALDI-TOF biotyper and immunochromtaographic assay (NG-Test Carba 5, NG Biotech, FR).
Results The most frequently detected was PSA (27; 40.3%), of which 10 were producers of VIM, IMP and NDM carbapenemases. VRE was identified in 25 (37.3%) and CPE from 12 (17.9%) samples, of which 10 samples were producers of NDM and KPC carbapenemases. There were no difference in siphon vs. perlators colonization (62.5% vs. 62.9%; p = 0.976). Sinks at a distance of 1 meter from the patient's bed were colonized significantly more frequently (1 m ± 1m vs. 3m ± 1m; p<0.001).
Conclusion Sinks can be a persistent source of MDR bacteria in a hospital setting. Better design, material, decontamination and placement of sink in ICU play an important role in infection prevention and control.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Adenoviry ve vodním prostředí
Mgr. Kateřina Sovová, Ph.D.
Výzkumný ústav vodohospodářský T. G. Masaryka, v.v.i., pobočka Brno
Mgr. Petra Vašíčková, Ph.D. ¹ , RNDr. Hana Zvěřinová Mlejnková, Ph.D. ² , Ing. Vojtěch Valášek ²
¹ Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i. ² Výzkumný ústav vodohospodářský T. G. Masaryka, v.v.i.
<p>Adenoviry (AdV) jsou ikosaedrické neobalené DNA viry, které mohou způsobovat onemocnění celé řady obratlovců, včetně člověka. AdV nejčastěji způsobují nezávažné infekce horních cest dýchacích, očí a trávicího ústrojí, ke kterým dochází při kontaktu s kontaminovanou vodou, potravinami, aerosolem nebo kontaminovanými předměty. Z patogenních sérotypů je pozornost věnována zejména AdV40/41, které jsou spojovány s gastroenteritidami u dětí.</p> <p>Cílem této práce bylo zhodnotit výskyt adenovirů, včetně patogenních sérotypů 40/41, ve vodním prostředí, zejména v povrchových vodách určených k zavlažování a odpadních vodách ČR.</p> <p>Vzorky vod byly analyzovány pomocí qPCR metody. Z dosud analyzovaných vzorků povrchových vod bylo 72 % vzorků s pozitivním nálezem AdV, z nich patogenní sérotypy 40/41 byly zjištěny u 75 %. U vzorků odpadních vod byly AdV nalezeny u 91 % vzorků. Ze vzorků odpadních vod, které byly analyzovány na přítomnost patogenních sérotypů 40/41, jich bylo pozitivních 87,5 %. Bylo potvrzeno, že AdV přežívají proces čištění odpadních vod, byly nalezeny i v odtocích z ČOV.</p> <p>Naše prvotní výsledky ukázaly, že vodní prostředí může být významným zdrojem AdV. Rizikové jsou zejména průsaky odpadních vod do vod pitných, užitkových a koupacích, odpadní systémy a odpadní stoky.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Využití odpadů v zemědělství, jejich rizika, benefity a vliv na půdní mikrobiotu
Ing. Hana Stiborová, Ph.D.
Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Ústav biochemie a mikrobiologie, Technická 3, 166 28 Praha 6, Česká republika
Hana Stiborová ¹ , Martina Kračmarová ¹ , Eliška Alexová ¹ , Anežka Kodatová ¹ , Pavel Tlustoš ² , Jiřina Száková ² , Ondřej Uhlík ¹ , Kateřina Demnerová ¹
¹ Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Ústav biochemie a mikrobiologie, Technická 3, 166 28 Praha 6, Česká republika ² Česká zemědělská universita v Praze, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Katedra agroenvironmentální chemie a výživy rostlin, Kamýcká 129, Praha – Suchdol, 165 21, Česká republika
<p>V dnešní době řeší zemědělství řadu výzev, které úzce souvisí především s požadavky na vyšší produktivitu plodin. Jednou z možností, jak zvýšit produkci zemědělských plodin je zlepšení výživy rostlin aplikací vhodných hnojiv, která dodávají do půdy nejen potřebné živiny, ale zároveň pozitivně ovlivňují fyzikálně-chemické vlastnosti půdy.</p> <p>Nejčastěji jsou používána klasická NPK hnojiva, která sice dodají rychle rostlinám potřebné živiny, ale mají i své nevýhody. Například mezi aktuální problém patří nesoběstačnost Evropy z hlediska nalezišť fosforu. V zemědělství se také využívají organická hnojiva, například stabilizované kaly a statkové hnoje, které představují komplexní matici s vysokým obsahem živin. Na druhé straně mohou obsahovat polutanty, patogenní mikroorganismy a geny rezistence k antibiotikům. Všechny tyto aspekty mají vliv na půdní mikrobiální společenstva. V naší studii jsme se zabývali dlouhodobým vlivem aplikace organických hnojiv a NPK na čtyřech různých stanovištích, které se lišily klimatologickými podmínkami i typem půdy. Vliv hnojiv byl hodnocen z hlediska změn fyzikálně-chemických vlastností půd, změn ve struktuře a diverzitě půdních a endofytních mikroorganismů, výskytu patogenních mikroorganismů a genů rezistence k antibiotikům ve sledovaných půdách. Mezi další možnosti zlepšení kvality půdy patří aplikace biocharu. Jeho vlastnosti, a tudíž i jeho vliv na změny v půdě, jsou determinovány především vstupní surovinou, teplotou pyrolýzy a aplikační dávkou. Na dvou typech půd byly během jednoho roku sledovány změny v půdním ekosystému po přidávku různých typů biocharu připravených při teplotách 350 °C a 500 °C. Výsledky ukázaly, že aplikace biocharu významně ovlivnila pH půdy, koncentraci makro i mikroelementů i diverzitu mikroorganismů.</p> <p>Poděkování <i>Tyto výsledky byly získány za podpory České grantové agentury projekty č. 16-07441S a č. 19-02836S.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Photoautotrophic removal of hydrogen sulfide from biogas using purple and green sulfur bacteria
Mgr. Martin Struk
Department of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University in Brno, Czech Republic
Cristian A. Sepúlveda-Muñoz ^{b,c} , Ivan Kushkevych ^a and Raúl Muñoz ^{b,c}
^a Department of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University in Brno, Kamenice 735/5, 625 00 Brno, Czech Republic ^b Institute of Sustainable Processes, Dr. Mergelina s/n, 47011 Valladolid, Spain ^c Department of Chemical Engineering and Environmental Technology, School of Industrial Engineering, University of Valladolid, Dr. Mergelina, s/n, 47011 Valladolid, Spain
<p>In recent years, biogas production has become an important means of reducing carbon dioxide emissions in the energy sectors. Desulfurization using anoxygenic photosynthetic process offers an environmentally friendly alternative to physicochemical biogas pre-treatment, as well as a minimized risk of O₂ and N₂ contamination. This work aimed to assess the performance of <i>Chlorobium limicola</i> and <i>Allochromatium vinosum</i> during the batch treatment of biogas at different light intensities (10 and 25 klx) and H₂S concentration (1, 1.5 and 2 %). The effect of different biogas loading rates 2.9 L d⁻¹, 5.8 L d⁻¹ and 11.5 L d⁻¹ on the desulfurization capacity was determined during the long-term operation of <i>C. limicola</i> in the column photobioreactor (2.3 L). The 25 klx light intensity negatively influenced the growth and decreased the removal capacity of <i>C. limicola</i> and <i>A. vinosum</i>, while the lower 10 klx intensity was more favourable. Volumetric removal rates at increased H₂S concentrations were higher in <i>C. limicola</i> (2.9–5.3 mg L⁻¹ d⁻¹) assays compared to the <i>A. vinosum</i> assays (2.4–4.6 mg L⁻¹ d⁻¹). The photobioreactor completely removed H₂S from the biogas stream in earlier stages of bioreactor operation. The highest flow rate in final stage caused deterioration of metabolic activity and desulfurization of <i>C. limicola</i>, resulting in the increased H₂S content in treated biogas. Taken together, these findings demonstrate the high tolerance of <i>A. vinosum</i> and <i>C. limicola</i> to H₂S, supporting their use for H₂S removal from biogas.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

HelD mediated rifampicin resistance in <i>Bacillus subtilis</i>
Mgr. Petra Sudzinová, PhD
Institute of Microbiology of CAS, Prague 4, Czech Republic
Balgová Tamara 1, Vítovská Dragana 1, Hubálek Martin 2 and Krásný Libor 1
1 Institute of Microbiology of CAS, Prague 4, Czech Republic 2 Institute of Organic Chemistry and Biochemistry of the CAS, Prague 6, Czech Republic
<p>Nowadays, antibiotic resistance is a serious global problem. Rifampicin is a clinically important antibiotic used against various bacterial infections. Rifampicin binds to RNA polymerase (RNAP) and blocks RNA strand growth beyond 2-3 nucleotides.</p> <p>Recent studies reported that HelD, an interaction partner of RNAP, capable of dissociating stalled RNAP complexes from DNA, contributes to rifampicin resistance in <i>Actinobacteria</i> but not in <i>Bacilli</i>.</p> <p>Here, we investigated whether HelD can affect rifampicin resistance in the Gram-positive model organism <i>Bacillus subtilis</i>.</p> <p>First, we performed an unbiased screen for proteins induced by the addition of sub-inhibitory concentrations of rifampicin. Among these proteins, we identified HelD and, contrary to the published results, showed that it increased the minimal inhibitory concentration (MIC) of rifampicin against <i>B. subtilis</i>. Next, we mapped the <i>PhelD</i> promoter and showed that the induction of HelD expression is at the transcriptional but not translational level. Counterintuitively, transcription from <i>PhelD</i> was induced by rifampicin. Then we identified the regions in the 5' UTR of the <i>helD</i> gene responsible for the regulation by rifampicin.</p> <p>This allowed us to create a model of the regulation, which will be presented and discussed.</p> <p><i>This work was supported by grant No. 22-12023S from the Czech Science Foundation.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Gramnegativní bakterie rezistentní ke karbapenemům a kolistinu v odpadních vodách

Mgr. Iva Sukkar, Ph.D.

Středoevropský technologický institut, Veterinární univerzita Brno, Česká republika

Laušová Jarmila^{1,2}, Valček Adam^{1,3,4}, Klvaňa Martin^{1,2}, Palkovičová Jana^{1,2}, Chudějová Kateřina^{5,6}, Nešporová Kristína¹, Dolejská Monika^{1,2,6,7}

¹Středoevropský technologický institut, Veterinární univerzita Brno, ČR

²Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, FVHE, Veterinární univerzita Brno, ČR

³Microbial Resistance and Drug Discovery, VIB-VUB Center for Structural Biology, VIB, Flanders Institute for Biotechnology, Belgie

⁴Structural Biology Brussels, Vrije Universiteit Brussel, Belgie

⁵Klinika mikrobiologie, Lékařská fakulta a Fakultní nemocnice v Plzni, Univerzita Karlova, ČR

⁶Biomedicínské centrum, Lékařská fakulta a Fakultní nemocnice v Plzni, Univerzita Karlova, ČR

⁷Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Ústav laboratorní medicíny, Fakultní nemocnice Bohunice, ČR

Výskyt bakterií rezistentních ke karbapenemům představuje hrozbu jak pro humánní, tak veterinární medicínu. Cílem studie bylo charakterizovat soubor izolátů gramnegativních bakterií z nemocničních a městských odpadních vod nesoucí determinanty rezistence k těmto zásobním antibiotikům.

Kombinací selektivní kultivace a PCR byl získán soubor 124 izolátů nesoucí geny *bla*_{GES} nebo *bla*_{VIM}. Izoláty byly druhově identifikovány a byla u nich určena produkce karbapenemáz a citlivost k 24 antibiotikům. Vybrané izoláty byly celogenomově sekvenovány technologií krátkých a dlouhých čtení (HiSeq, MinION). Získaná sekvenční data byla analyzována pro obsah genů rezistence, plazmidů a dalších genetických determinant pomocí algoritmu BLAST a CGE nástrojů.

Beta-laktamázu GES produkovalo 121 kmenů různých rodů (např. *Enterobacter*, *Escherichia*, *Citrobacter*, *Klebsiella*). Byla pozorována predominance genu *bla*_{GES-1} (51 %, bez karbapenemázové aktivity) a *bla*_{GES-5} (49 %, karbapenemázová aktivita) ve spojitosti s ColE2-like plazmidy. Naopak karbapenemáza VIM-1 byla zachycena pouze u tří kmenů *Enterobacter asburiae*; dva z nich zároveň nesly gen rezistence ke kolistinu *mcr*. Gen *bla*_{VIM-1} byl detekován u dvou izolátů na plazmidu replikonu F a u jednoho kmene na netypovatelném plazmidu, vždy jako součást kazety integronu třídy 1 spolu s geny kódující rezistenci k aminoglykosidům, kvartérním amoniovým sloučeninám a sulfonamidům.

Ve studii bylo pozorováno šíření multirezistentních kmenů nesoucí rezistenci k zásobním antibiotikům cestou odpadních vod.

Studie byla financována projektem č. NU20J-09-00040.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

National genomic surveillance of SARS-CoV-2 genomes using integrated system called NarCoS

doc. RNDr. Tomáš Szemes, PhD.

Comenius University Science Park, Bratislava, SR;
Faculty of Natural Sciences, Comenius University, Bratislava, SR;

Sládeček T.¹, Sitarčík J.^{1,3,5}, Krampl W.^{1,4}, Hekel R.^{1,3,4}, Gažiová M.⁵, Böhmer M.^{1,2}, Kaliňáková A.², Staroňová E.², Rusňáková D.^{1,2,4}, Sedláčková T.1, Budiš J.^{1,3}

¹ Comenius University Science Park, Bratislava, Slovakia

² Public Health Authority of the Slovak Republic, Bratislava, Slovakia

³ Slovak Center of Scientific and Technical Information, Bratislava, Slovakia

⁴ Department of Molecular Biology, Faculty of Natural Sciences, Comenius University, Bratislava, Slovakia

⁵ Department of Computer Science, Faculty of Mathematics, Physics and Informatics, Comenius University, Bratislava, Slovakia

Introduction

After reports of rapid spread of novel coronavirus SARS-CoV-2 to almost all continents, the World Health Organization announced SARS-CoV-2 pandemic in March 2020. Shotgun sequencing in January 2020 revealed the genome of SARS-CoV-2 allowed quick design of simple RT-PCR assays for diagnostic use. In Slovakia, first cases of COVID-19 were reported as early as March 2020. Our group had sequenced the first isolates using the WGS with then novel mutations. Rising number of mutations in new clinical cases became a growing concern for scientists. With the arrival of Alpha variant in late 2020 with a substantial number of genome mutations, many countries started their genomic surveillance programs. Such a genomic surveillance program has also started in Slovakia.

Goals

In March 2021, regular weekly genomic analysis of clinical cases of COVID-19 was initialized. In total, seven sequencing laboratories, including ours, were involved in the sequencing. Original plan to sequence 500 samples per week was increased to double and quadruple due to rising numbers of cases in delta and omicron wave. Growing numbers of samples increased the strain on personnel involved in processing and logistics and caused bottlenecks in reporting to GISAID. A novel integrated information system had to be developed for sequencing management, analysis and automated reporting.

Methods

All six operational sequencing laboratories use Illumina sequencing and Illumina COVID Seq kit based on ARTIC protocol. To deal with increasing amounts of processed samples and reliable metadata handling, a novel integrated information system called NarCoS was developed. Sequencing planning, automated analysis with a unified bioinformatics pipeline and batch reporting to relevant databases are among functionalities. Real time updated dashboards with different data views are also part of the system.

Results

Since February 2022 the NarCoS system is functional, serving all six sequencing laboratories in national survey. As of 10 July 2022, more than 23 000 samples were processed in the system. Thanks to plate definitions and automated planning of Illumina runs, the time from positive sample collection to reporting to GISAID dropped by almost 2/3. Real-time dashboard used by the government helps in pandemic management. As of week starting, the novel variant of concern BA.5 represented more than 50% of all sequenced clinical samples associated with rapid rise in new cases.

Conclusion

Integration of genomics surveillance of SARS-CoV-2 in the NarCoS system allowed us to effectively increase sequenced sample rates without increasing the human burden. Unified analysis ensured consistent quality of reported results. The NarCoS system helped us to decrease the time to report in GISAID, ENA and TESSY. Ongoing development focuses on improved performance of different functionalities and integration of waste water monitoring.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Nová legislativa EU pro diagnostické zdravotnické prostředky
prof. RNDr. Omar Šerý, Ph.D.
Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i
Laboratoř DNA diagnostiky, Ústav biochemie, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita
<p>Od 26.5.2022 vstoupilo v účinnost nové nařízení Evropského parlamentu a Rady (EU) 2017/746 o diagnostických zdravotnických prostředcích in vitro (IVD). Vzhledem k pandemii COVID-19 a k mnohým intervencím nejrůznějších organizací i samotných vlád členských zemí EU, kdy se ukázala nemožnost plnění tohoto nařízení v plánovaném čase, bylo 25.1.2022 vydáno nařízení Evropského parlamentu a Rady (EU) 2022/112, kterým se změnila některá data přechodných ustanovení. Přestože se jedná o velmi závažné změny ve fungování nejen výrobců, dovozců a distributorů, ale také uživatelů zdravotnických prostředků in vitro, kterými jsou především klinické laboratoře, není tomuto tématu věnována téměř žádná pozornost a podstata zcela zásadních změn není všeobecně známa. Nově například nelze používat in house metody pro diagnostické použití v případě, že je na trhu k dispozici CE certifikovaný in vitro diagnostický zdravotnický prostředek. Podstatným způsobem se stěžuje používání in house metod v případě, že k dispozici na trhu není pro danou diagnostiku dostupný IVD. Podmínky používání in house metod budou v přednášce popsány. Nová legislativa ruší dosavadní klasifikaci IVD a přináší novou klasifikaci, která zcela mění zatřídování IVD do tříd A, B, C a D. Přednáška přinese detailní rozklad nového způsobu klasifikace IVD.</p> <p>Přednáška bude informovat o důležitých datech, která se týkají přechodného období, které bude souviset s možností používání stávajících IVD, které nebudou výrobci registrovat dle nové legislativy. Nová legislativa přináší také nové pojmy a důraz na klinickou stránku použitelnosti IVD. Mezi nové pojmy patří například vědecká platnost analytu, klinická funkce, klinický důkaz a klinický přínos.</p> <p>Co tyto pojmy znamenají a jakým způsobem se promítnou nejen do výzkumu a vývoje IVD, ale do návodů k použití a také do samotného použití IVD, bude také součástí přednášky. Přednáška se samozřejmě dotkne všeobecných nových pravidel, například vysvětlí pojem oznámený subjekt (dříve notifikovaná osoba) a jeho funkce. Všeobecný přehled novinek v IVD bude diskutován také na pozadí náročnosti všech změn, nedostupnosti oznámených subjektů v celé EU, nemožnosti registrace nových IVD v následujících letech, což bude negativním dopadem nové legislativy nejen v oblasti administrativní, ale také finanční a dotkne se každého článku v životním cyklu IVD (výrobce – dovozce – distributor – uživatel), kdy konečná zvýšená finanční zátěž celého nového systému se dotkne nakonec také samotného pacienta. S tím souvisí skutečnost, že nová legislativa přináší s sebou také etické problémy, kterých si tvůrci nového nařízení vůbec nevšimli.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

***In vitro* activity of olive oil extracts against planktonic cells and biofilm formation of *Arcobacter*-like species**

Ing. David Šilha, Ph.D.

Department of Biological and Biochemical Sciences, Faculty of Chemical Technology, University of Pardubice

Ing. Blanka Švecová, Ph.D.², Mgr. Karolína Švarcová¹

¹Department of Biological and Biochemical Sciences, Faculty of Chemical Technology, University of Pardubice

²Department of Analytical Chemistry, Faculty of Chemical Technology, University of Pardubice

Various species of the *Arcobacter-like species* are regarded as emerging food pathogens and can be cause of human gastroenteric illness. Many strains also show significant resistance to antibiotics. The effect of various aqueous olive oil extracts on survival of *Arcobacter*-like species was studied. Based on our results, a significant antimicrobial potential of extracts was observed. Extra virgin olive oil showed the highest antimicrobial effect. The extract inhibited most of the monitored strains after only 5 min of exposure. After this very short exposure, viable cells decreased by up to 5 log CFU/mL. The only exception was the strain *Al. lanthieri* LMG 28517, in which a decrease in viable cells of 2 log CFU/mL was observed after 5 min of exposure, but after a total of 10 min of exposure the cells were already completely devitalized. The lowest antimicrobial effect was observed in the olive pomace oil extract with complete inhibition after 3–24 h of exposure. E.g. in the *Al. lanthieri* LMG 28517 strain, there was almost no decrease in viable cells over 6 hours of exposure. The results also suggest that aqueous extracts contain substances that promote biofilm formation, especially at lower concentration. On the contrary, the highest concentrations of oil extracts led to the suppression of the ability to form a biofilm. The analysis of selected chemical compounds was also performed for individual extracts. Results indicate that not all oils classified as „olive oil“ had similar bactericidal effects, bioactivity depends e.g. on content of phenolic compounds.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Rezistence ke kolistinu u <i>Escherichia coli</i> z lidí, masa a hospodářských zvířat: národní surveillance plazmidy přenášené rezistence
PharmDr. Petra Šišmová ^{1,2}
¹ Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární Univerzita Brno, ČR ² CEITEC – Středoevropský technologický institut, Brno, ČR
Kolidentsev Nikita ^{1,2} , Zelendová Markéta ^{1,2} , Palkovičová Jana ^{1,2} , Jakubů Vladislav ³ , Pomorská Katarína ³ , Chytilová Ivana ⁴ , Žemličková Helena ³ , Dolejská Monika ^{1,2,5,6}
¹ Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární Univerzita Brno, ČR ² CEITEC – Středoevropský technologický institut, Brno, ČR ³ Národní referenční laboratoř pro ATB, Státní zdravotní ústav, Praha, ČR ⁴ Státní veterinární ústav, Praha, ČR ⁵ Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Ústav laboratorní medicíny, Fakultní nemocnice Brno, ČR ⁶ Biomedicínské centrum, Lékařská fakulta v Plzni, Univerzita Karlova, Plzeň, ČR
Úvod Izoláty s plazmidově zprostředkovanou rezistencí ke kolistinu kódovanou geny <i>mcr</i> byly zdokumentovány po celém světě v různých zdrojích. Cílem studie bylo zjistit výskyt izolátů <i>E. coli</i> rezistentních ke kolistinu s geny <i>mcr</i> u lidí, v mase a u hospodářských zvířat z České republiky v 2018-2021.
Metodika Celkem bylo vyšetřeno 231 izolátů s rezistencí ke kolistinu z pacientů a 659 primárních vzorků čerstvého masa a střev jatečných zvířat. Izoláty byly kultivovány na plotně s kolistinem 3,5 mg/L a druhořetě identifikovány pomocí MALDI-TOF. Přítomnost genu <i>mcr</i> byla zjišťována pomocí PCR a přenosnost mezi bakteriemi ověřena konjugací. Izoláty s genem <i>mcr</i> byly testovány na citlivost k sadě antibiotik a podrobeny celogenomovému sekvenování (WGS).
Výsledky Gen <i>mcr-1</i> byl nalezen u 44 (19 %) humánních a 112 (55 %, n=204) veterinárních izolátů <i>E. coli</i> s rezistencí ke kolistinu. Vyšší míra výskytu mobilní kolistinové rezistence byla zjištěna v importovaném drůbežím (50 %) a hovězím mase (10 %). Analýza WGS dat odhalila rozmanité sekvenční typy včetně patogenních linií (ST69, ST131) a prokázala multirezistentní profil zahrnující i geny pro produkci širokospektrých beta-laktamáz. Gen <i>mcr-1</i> se nacházel převážně na epidemických plazmidech různých inkompatibilních skupin a přenášel se procesem konjugace.
Závěr Studie potvrdila přítomnost <i>E. coli</i> s <i>mcr-1</i> u lidí i zvířat. Přestože byla prevalence v humánní sféře nižší v porovnání s animálními izoláty, výskyt <i>E. coli</i> rezistentní vůči kolistinu představuje možné riziko pro veřejné zdraví.
<i>Podpořeno AZV ČR NV18-09-00605 a IGA 218/2021/FVHE.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Why there are two genetically distinct groups of syphilis-causing strains?
prof. David Šmajš, M.D., Ph.D.
Department of Biology, Faculty of Medicine, Masaryk University, Kamenice 5, Building B06, 625 00 Brno, Czech Republic
Bosák Juraj ¹ , Pospíšilová Petra ¹ , Vrbová Eliška ¹
¹ Department of Biology, Faculty of Medicine, Masaryk University, Kamenice 5, Building B06, 625 00 Brno, Czech Republic
<p>Genetic analyses of <i>Treponema pallidum</i> ssp. <i>pallidum</i> (TPA) reference strains and human clinical isolates revealed that there are two genetically distinct groups of TPA, one group related to the reference strain TPA Nichols (Nichols-like strains/isolates) and the second to the TPA SS14 strain (SS14-like strains/isolates).</p> <p>The aim of this work was to determine differences between SS14- and Nichols-like strains and isolates in the patients' characteristics, and <i>in vivo</i> and <i>in vitro</i> growth rates.</p> <p>The data on patients' characteristic were collected from international databases and <i>in vitro</i> and <i>in vivo</i> growth rates were determined experimentally with cultivated rabbit cells and in experimental rabbits, respectively.</p> <p>Nichols-like samples appear to be more frequently isolated from older males and more frequently from patients in the secondary syphilis stage. Moreover, Nichols-like samples are more frequently isolated from single primary ulcers. The Nichols-like strains were shown to grow faster both in rabbits and under <i>in vitro</i> conditions.</p> <p>Analysis of genetic diversity between both groups of syphilis strains/isolates appears to be consistent with geographical and population separation of syphilis-infected human societies such as separation of American and European populations before Columbus' journeys. The contemporary worldwide predominance of SS14-like strains is likely a result of higher fitness cost for macrolide resistance in Nichols-like strains/isolates. While the Nichols-like strains were shown to grow faster in rabbits and <i>in vitro</i>, there are no relevant data on different generation times in humans as well as on the corresponding infection symptoms in humans.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Gastrointestinálny mikrobióm a molekuly s ním asociované ako biomarkery <i>Gastrointestinal microbiome and molecules associated with it as biomarkers</i>
doc. RNDr. Katarína Šoltys, PhD. ^{1,2}
¹ Department of Microbiology and Virology, Faculty of Natural Sciences in Bratislava, Comenius University in Bratislava, Bratislava, Slovakia ² Comenius University Science Park, Comenius University in Bratislava, Bratislava, Slovakia
Tomová A. ³ , Švec, P. ^{4,5} , Bielik, V. ⁶ , Hlavatý, T. ⁷ , Kolenová, A. ⁵
³ Institute of Physiology, Faculty of Medicine, Comenius University in Bratislava, Bratislava, Slovakia ⁴ <i>Transplantation Unit</i> of the University Children's Hospital in Bratislava, Slovakia ⁵ Department of Pediatric Hematology and Oncology, Children's Haematology and Oncology Clinic and Faculty of Medicine, Comenius University in Bratislava, Slovakia ⁶ Department of Biological and Medical Science, Faculty of Physical Education and Sport, Comenius University in Bratislava, Bratislava, Slovakia ⁷ Department of Internal Medicine, Faculty of Medicine, Division of Gastroenterology, Comenius University in Bratislava and University hospital Bratislava, Bratislava, Slovakia
<p>Črevná mikrobiota je najbohatšou komunitou mikroorganizmov obývajúcich ľudské telo. Baktérie tvoria viac ako 90% z nich a hoci homeostáza črevnej mikrobioty je neviditeľná, dysbióza môže spôsobovať nielen miernejšie zdravotné komplikácie, ale mať aj závažnejšie následky na zdravie jednotlivcov. Keďže baktérie poskytujú hostiteľovi mnoho benefičných účinkov, funkčné poškodenie môže byť asociované so závažnými ochoreniami vrátane rakoviny, zápalového ochorenia čriev alebo poruchy autistického spektra. Použitie sekvenčných technológií a následná bioinformatická a bioštatistická analýza, umožňujú získať informácie o zložení mikrobiómu, ktoré sú inak nedostupné. Ako sú mikroorganizmy asociované s ľudským telom, ako na nich môžu vplývať environmentálne faktory a ako môžu slúžiť ako biomarker sú otázky, na ktoré začíname dostávať odpovede.</p> <p>Výskum bol financovaný aj z APVV-17-0099.</p> <p><i>Gut microbiota is the richest community of microorganisms inhabiting the human body. Bacteria make up over 90% of them and even though gut microbiota homeostasis is invisible, the dysbiosis can have either milder or more severe consequences on individuals health. Since bacteria provide the host with many beneficial effects functional impairment can be associated with serious diseases including cancer, inflammatory bowel disease or autism spectrum disorder. Using sequencing technologies followed by bioinformatic and biostatistical analysis can provide us with the information on microbiome composition that is not otherwise obtainable. How microorganisms are associated with the human body, how they can be influenced by environmental factors and how they can serve as a biomarker are questions to which we begin to receive answers.</i></p> <p>The research was funded also by APVV-17-0099.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Celogenomová sekvenace v identifikaci a taxonomii bakterií
Mgr. Petra Španělová
Česká národní sbírka typových kultur, Státní zdravotní ústav
Mgr. Renata Šafránková PhD ¹ , Prof. RNDr. Alexandr Nemeč, PhD. ²
¹ Česká národní sbírka typových kultur, Státní zdravotní ústav ² Laboratoř bakteriální genetiky, Státní zdravotní ústav
<p>Sekvenování nové generace nachází poslední dobou široké uplatnění ve všech oblastech biologie. Pro bakteriologii má význam zejména určování sekvencí jednotlivých celých genomů.</p> <p>Celogenomová sekvenace umožňuje mimo jiné určit přesnou polohu bakteriálního kmene v evolučním stromu příslušného rodu a tím se stává klíčovým potvrzením závěrů v druhové identifikaci i ve vymezení a popisu nových druhů.</p> <p>Základem pro sestavení fylogenetického stromu jsou sekvence kódující proteiny, které jsou uspořádány do skupin ortologních genů z různých genomů. U nich se pak určuje příbuznost sekvencí pomocí metody maximální věrohodnosti .</p> <p>Aplikace zmíněného postupu bude ilustrována na nedávno publikovaných studiích: (i) vyjasnění taxonomické pozice izolátů rodů <i>Planococcus</i> a <i>Corynebacterium</i>, (ii) revize taxonomie <i>Acinetobacter lwoffii</i> s vyčleněním nového druhu <i>Acinetobacter pseudolwoffii</i> a (iii) klasifikace fylogeneticky nové skupiny environmentálních acinetobacterů s nomenklaturními návrhy pro <i>Acinetobacter terrae</i> a <i>Acinetobacter terrestris</i>.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Nové možnosti typizace nozokomiálních bakterií
Mgr. Taťána Štosová, Ph.D.
Ústav mikrobiologie LF UP a FN Olomouc
doc. MUDr. Vladislav Raclavský, Ph.D.; Mgr. Rakesh Rao
Ústav mikrobiologie LF UP a FN Olomouc
<p>Epidemiologický dohled nad nemocničními nákazami včetně šíření rezistence k antimikrobním látkám je dnes obvykle založen na vyhodnocování výskytu konkrétních bakteriálních druhů. Pokud dojde k nepřiměřenému vzestupu zastoupení jednoho druhu ve vzorcích z konkrétního oddělení s určitým charakteristickým antibiogramem, je namístě podezření na nozokomiální šíření a je zahájeno místní šetření, které má navrhnout způsob prevence. Pokročilejší genetické techniky, umožňující odlišit různé kmeny v rámci druhu, jsou u nás využívány jen výjimečně a prakticky výhradně jednorázově retrospektivně na větších souborech dlouhodobě shromažďovaných kultur.</p> <p>Naším cílem bylo vyvinutí rutinní typizační služby, využívající ekonomicky dostupnou techniku a nabídli ji formou komerční služby pro detekci možné klonální struktury populace gramnegativních fermentujících a nefermentujících tyčinek, vykultivovaných od pacientů.</p> <p>Typizace je prováděna technikou McRAPD (čti <i>mek_rapid</i>; <i>Melting curve of Random Amplified Polymorphic DNA</i>).</p> <p>Od poloviny února provádíme tento typ sledování pro Fakultní nemocnici v Olomouci a můžeme proto prezentovat první dlouhodobé výsledky. Dílčí výsledky jsou reportovány v týdenním cyklu pracovníkům Odd. nemocniční hygieny a určeným lékařům jednotlivých klinik/oddělení. Report je v návaznosti na pondělní kultivační monitoring pacientů v intenzivní péči typicky poskytován elektronicky ve čtvrtek ráno, se zpožděním cca max. 24 hod. po poskytnutí klasického výsledku kultivace.</p> <p>Typizujeme izoláty od pacientů lůžkové péče I. chirurgické kliniky (především klasická břišní chirurgie), Odd. intenzivní péče chirurgických oborů (IPCHO), Kliniky anesteziologie, resuscitace a intenzivní medicíny (KARIM), JIP Novorozeneckého odd. (péče a novorozence s nízkou porodní hmotností) a JIP Dětské kliniky (intenzivní péče o děti bez rozdílu věku). V průběhu sledování jsme pozorovali nejrůznější typy výskytu nozokomiálních klonů – od dlouhodobé perzistence konkrétního klonu po celé období sledování, přes výskyt větších shluků infekcí/kolonizací určitým klonem, který poté vymizí, až po jednotlivá sporadická sdílení určitých bakteriálních izolátů mezi dvěma až třemi pacienty, které nepokračují v čase. Celková analýza ukazuje, že nejčastěji přenášeným závažným původcem infekcí je <i>Klebsiella pneumoniae/variicola</i>, nejvíce dlouhodobě perzistující je klon <i>Burkholderia multivorans</i> v intenzivní péči o dospělé, specifická situace u novorozenců ukazuje na častou kolonizaci sdílenými klony <i>Escherichia coli</i>.</p> <p>Pro vybrané situace budeme prezentovat klinická data k případům jednoznačného nozokomiálního šíření konkrétních klonů. Bližší informace o službě jsou dostupné na www.typingforlife.cz.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> v době covidové – kazuistika
MUDr. Renata Tejkalová
Mikrobiologický ústav FN u sv. Anny a LF MU Brno
Siváková Alena
Mikrobiologický ústav FN u sv. Anny a LF MU Brno
<p><i>S. maltophilia</i> je aerobní, nefermentující gramnegativní bakterie. Vyskytuje se především v nemocničním prostředí, kde často kolonizuje vlhké povrchy na kterých ulpívá a vytváří biofilm. Lze ji zachytit na různých trubicích, používaných při mechanické ventilaci, na močových katetrech či endoskopech. Nález z respiračních nebo močových vzorků je mnohdy obtížné interpretovat kvůli nízké patogenitě, takže její záchyt nemusí nutně znamenat probíhající infekci. U imunokompetentních jedinců je <i>S. maltophilia</i> relativně neobvyklou příčinou infekcí, u imunokompromitovaných bývá původcem pneumonie, infekce močových cest nebo infekce krevního řečiště. Infekce jsou spojeny s vysokou morbiditou a mortalitou. Mezi rizikové faktory patří infekce HIV, nádorová onemocnění, cystická fibróza, neutropenie, mechanická ventilace, centrální žilní katetry, nedávný chirurgický zákrok, trauma, dlouhodobá hospitalizace, pobyt na jednotkách intenzivní péče, užití širokospektrálních antibiotik. <i>S. maltophilia</i> je přirozeně rezistentní k celé řadě antibiotik, včetně karbapenemů. Lékem volby je kotrimoxazol.</p> <p>Kazuistika popisuje úskalí při léčbě mladého muže, imunokompromitovaného těžkou alkoholovou pankreatitidou a koronavirovou plicní infekcí, komplikovanou bakteriální superinfekcí kmenem <i>S. maltophilia</i>.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Katechín – modulátor odpovede patogénnych kvasiniek na chemický stres
doc. RNDr. Nora Tóth Hervay, PhD.
Katedra mikrobiológie a virológie, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského v Bratislave
Daniel Eliaš, Yvetta Gbelská
¹ Katedra mikrobiológie a virológie, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského v Bratislave
<p>Zvýšený výskyt invazívnych mykóz a problém rezistencie patogénnych kvasiniek voči antifungálnym liečivám vedie k hľadaniu nových antimykotík. Do centra záujmu vedeckého výskumu sa tak v posledných rokoch dostávajú prírodné produkty. Prírodné alternatívy terapeutík sú sľubné pre svoju nízku toxicitu a takmer žiadne vedľajšie účinky. Biologické aktivitu vykazujú napr. flavonoidy. Jedným z nich je katechín, u ktorého bol popísaný možný synergický účinok s antimikrobiálnymi látkami. V práci sme sledovali účinok katechínu na rast a prežívanie kvasiniek <i>Candida glabrata</i> v prítomnosti azolových antimykotík. Zamerali sme sa na schopnosť buniek inkubovaných v prítomnosti inhibítorov rastu tvoriť ROS. Citlivosť buniek na rôzne chemické látky sme analyzovali kvapkovým testom a diskovou difúznou metódou. Tvorbu ROS sme zaznamenávali použitím sondy DCFDA. Metódu qRT-PCR sme využili na analýzu vplyvu antimykotík na expresiu génov zahrnutých v odpovedi buniek na oxidačný stres. Stanovením efluxu rodamínu 6G z intaktných buniek sme sledovali vplyv katechínu na aktivitu efluxnej pumpy. Kvasinky <i>C. glabrata</i> inkubované v prítomnosti katechínu v kombinácii s azolmi vykazovali zvýšenú citlivosť k antimykotikám - dochádzalo k inhibícii ich rastu. V bunkách vystavených účinku katechínu sme zaznamenali zvýšenú tvorbu ROS. Prítomnosť katechínu mala vplyv na funkciu efluxnej pumpy lokalizovanej v membráne bunky. Získané výsledky potvrdili synergický účinok použitého katechínu a azolov.</p> <p><i>Práca vznikla za podpory grantov VEGA 1/0388/22 a APVV-19-0094.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Jak účinně zachytí obličejové masky bakterie a jak viry?

RNDr. Ludmila Tvrzová, PhD.

Textilní zkušební ústav, Cejl 12, 602 00 Brno

Hrubanová Markéta, Nasadil Petr, Blahová Anna, Jarmičová Pavla

Textilní zkušební ústav

Testování obličejových roušek se dostalo do popředí zájmu v souvislosti s pandemií Covid--19. Samotné testování i posouzení shody jednorázových roušek se řídí normou ČSN EN 14683+ AC. K ověření bakteriální filtrační účinnosti (BFE) je použit aerosol s průměrnou velikostí částic $3\pm 0,3$ μm (s rozmezím velikosti 7 - 0,65 μm) nesoucí testovací kmen *Staphylococcus aureus*. S ohledem na velikost bakteriálních buněk je často zpochybňována filtrační účinnost obličejových roušek vůči výrazně menším virovým částicím. Proto zavedl Textilní zkušební ústav doplňující stanovení virové filtrační účinnosti (VFE).

Jako testovací kmen byl pro VFE vybrán bakteriofág Phi-X 174. Je stabilní v aerosolu a menší než virus SARS-CoV-2. Metodika vychází z testování BFE.

Sada obličejových roušek byla testována metodou VFE a výsledky porovnány s hodnotami BFE. Porovnány byly i počty částic na jednotlivých patrech kaskádového impaktoru. Testování s bakteriofágem probíhá při výrazně vyšším počtu částic menších než 1 μm . Dle výsledků testů hodnoty VFE vykazují korelaci s hodnotami BFE a v některých případech může maska dosáhnout i lepší filtrační účinnosti pro malé částice. Testování potvrdilo, že obličejové roušky efektivně zachycují i částice velikosti virů.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Epidemiologie koi herpesvirózy na Pardubicku
Mgr. Zuzana Úlehlová
1. Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i. 2. Veterinární univerzita Brno
MVDr. L'ubomír Pojezdal, Ph.D. - 1 MVDr. Gabriela Zelenková - 3 MVDr. Stanislava Reschová - 1
1. Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i. 3. Státní veterinární správa
Úvod Po propuknutí infekce koi herpesvirózy (KHV), vysoce nakažlivého onemocnění kapra obecného a jeho barevné variety koi, bylo na Pardubicku mezi lety 2018-2020 utraceno přes 263 tun ryb.
Cíl Cílem práce bylo objasnění fylogenetické příbuznosti vyšetřovaných izolátů z jednotlivých ohnisek nákazy, definovat příčinu vzniku infekce a zmapovat cestu jejího šíření v dané lokalitě.
Metodika V molekulární části epidemiologie byla vyšetřována genetická linie KHV metodou duplex PCR a variabilita viru v genomových oblastech SphI-5, 9/5 a thymidine kinázy. Zjištěné informace pak byly porovnány s výsledky konvenční epidemiologie, která byla prováděna ve spolupráci se Státní veterinární správou.
Výsledky Sekvence izolátů odebraných v průběhu let 2018 a 2019 byly 100 % identické. Izoláty z roku 2020 naopak vykazovaly odlišnosti a pravděpodobně došlo k zavlečení viru od 3 různých zdrojů. Až na jednu výjimku byly všechny vyšetřované izoláty CyHV3-U/I genotypu.
Závěr S největší pravděpodobností došlo k zavlečení viru do rybníkářské oblasti již v roce 2017, a to prostřednictvím nákupu infekčně latentních ryb. U těch zřejmě došlo k reaktivaci viru v důsledku stresové reakce vyvolané jejich přemístěním do jednoho z plůdkových výtažníků, jenž vykazoval zhoršené životní podmínky. KHV se v monitorované oblasti rozšířilo zejména skrze živé kontaminované ryby a rybářské náčiní. Díky přísným mimořádným veterinárním opatřením se v roce 2019 podařilo KHV v dané oblasti zcela vymýtit. V roce 2020 pak bylo KHV na Pardubicko opětovně zavlečeno, a to z několika různých zdrojů.
<i>Podpora: Projekt MŠMT CZ.02.1.01/0.0/0.0/16_019/0000869 PROFISH</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Testování antimikrobiální citlivosti teplotně stabilizovaných endolysinů
Mgr. Lukáš Vacek
Oddělení infekčních chorob a preventivní medicíny, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, Brno, CZ Mikrobiologický ústav Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice u sv. Anny v Brně, Brno, CZ
Kobzová Šárka (1), Kouřilová Michaela (1), Janda Lubomír (1)
(1) Oddělení infekčních chorob a preventivní medicíny, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, Brno, CZ
Úvod Endolysiny jsou peptidoglykanové hydrolázy, které hrají důležitou roli při replikačním cyklu bakteriofágů. Endolysiny vykazují silnou lytickou aktivitu zejména vůči gram pozitivním bakteriím.
Cíl Vývoj teplotně stabilizovaných endolysinů a jejich testování antimikrobiální citlivosti.
Metodika Gen pro endolysin T1 optimalizovaný pro heterologní expresi v <i>E. coli</i> byl vložen do expresního vektoru pUbEx. Pomocí techniky seamless cloning byl gen upraven na celkem pěti místech. Zvýšení termostability bylo ověřeno pomocí thermal shift assay. Antimikrobiální aktivita rekombinantních enzymů byla testována pomocí měření růstových křivek po dobu 24 hodin na meticilin rezistentních kmenech <i>Staphylococcus aureus</i> (ST 22 a ST30).
Výsledky Mutace RL, GP, a SI vedly ke zvýšení antimikrobiálního působení ve srovnání s původní variantou T1. U kmenu ST 22 byla koncentrace dostačující ke snížení počátečního množství mikroorganismů 3,13 µg/mL (původní varianta T1 6,25 µg/mL). U kmenu ST 30 se potřebná koncentrace enzymu snížila z 12,5 (T1) na 6,25 µg/mL. Antimikrobiální efekt těchto nových rekombinantních endolysinů se dále prodloužil až o čtyři hodiny v porovnání s původní variantou T1. Další zavedené kombinace těchto mutací již zřejmě destabilizovaly strukturu endolysinu natolik, že antimikrobiální efekt byl nižší, než v případě původní varianty T1.
Závěr Teplotní stabilizace struktury endolysinů vede nejen ke stabilizaci struktury, ale i ke zvýšení jejich antimikrobiálního efektu. <i>Tato práce byla podpořena grantem Ministerstva zdravotnictví ČR (NV19-05-00214).</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Výskyt antibiotické rezistence v různých typech vod
Ing. Vojtěch Valášek
Výzkumný ústav vodohospodářský T. G. Masaryka, Praha
RNDr. Hana Zvěřinová Mlejnková, Ph.D. ¹ , Mgr. Lucie Jašíková, Ph.D. ¹ , Ivana Benáková ¹
¹ Výzkumný ústav vodohospodářský T. G. Masaryka, Praha
<p>Zvyšující se antibiotická rezistence (ABR) představuje jedno z hlavních rizik ohrožení lidského zdraví. Zdrojem tohoto rizika je nadměrné nebo nevhodné používání antibiotik v lékařské a veterinární praxi.</p> <p>ABR se přes své mikrobiální nositele dokáže šířit vodním prostředím. Jedním z nejvýznamnějších rezervoárů antibiotické rezistence je mikrobiom odpadních vod. Zdroje živin a žádoucí fyzikálně-chemické podmínky zde představují vhodné prostředí pro přežívání a růst mikroorganismů.</p> <p>V rámci této práce byla zkoumána antibiotická rezistence, ve vzorcích různých typů vod – odpadních, povrchových a koupacích. Stanovení antibiotické rezistence bylo prováděno diskovou difúzní metodou. Jedná se o kvalitativní metodu za účelem stanovení citlivosti bakteriálního kmene k antibiotiku. V první etapě byla testována ABR izolátů kmenů <i>Escherichia coli</i> na Ampicilin, Ceftazidin, Ciprofloxacin, Gentamicin, Imipenem a Tigecycline a intestinálních enterokoků na Ampicilin, Vancomycin, Ciprofloxacin, Linezolid, Imipenem, Tigecycline.</p> <p>Na základě prvotních výsledků bylo zjištěno, že žádný z analyzovaných kmenů <i>Escherichia coli</i> není rezistentní vůči Imipenemu a Tigecyclinu. U zbylých antibiotik byla prokázána rezistence v rozmezí od 10 % do 45 %. Dle výsledků analýzy, bylo prokázáno, že žádný studovaný kmen enterokoků nevykazuje rezistenci vůči vybraným antibiotikům. Rezistence byla zjištěna pouze u 3 % vzorků Ciprofloxacinu.</p> <p>Další etapa je zaměřena na screening výskytu ABR kmenů bakterií v nátocích na čistírny odpadních vod s cílem zjištění výskytu ABR v ČR.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Termorezistencia vegetatívnych baktérií izolovaných zo slovenských remeselne vyrábaných syrov: aplikácia matematických modelov **Heat-resistance of vegetative bacteria isolated from Slovakian artisanal cheeses: application of mathematical models**

prof. Ing. Lubomír Valík, PhD.

Ústav potravinárstva a výživy, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Slovenská technická univerzita v Bratislave

Veronika Lehotová, Karla Urgelová, Alžbeta Medved'ová

Ústav potravinárstva a výživy, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Slovenská technická univerzita v Bratislave

Abstract

The heat-resistance of *S. aureus* 2064 isolated from artisanal Slovakian cheeses was studied in the mild temperature range from 57 °C to 61 °C by capillary method. D -, 4_D - and z -values were estimated from the data using log-linear Bigelow and Weibull models in two-step and one-step fitting procedure. The outputs obtained in this work are discussed in relation to microbiological quality and safety of artisanal cheese produced in Slovakia and capabilities of relevant vegetative bacteria to survive mild heat-treatments applied during stretching process. Some Slovakian stretched cheeses are manufactured from raw milk that is why these data referred to original isolates should be preferred within exposure assessment of *S. aureus* from this kind cheese consumption.

Úvod

Významnú úlohu v kvantitatívnych mikrobiologických analýzach smerujúcich k hodnoteniu expozície patogénnym baktériám v potravinách zohrávajú procesy, v ktorých dochádza

- i. k zvyšovaniu ich počtov v dôsledku rastu a rozmnožovania alebo rekontaminácie
- ii. alebo k ich znižovaniu v dôsledku devitalizácie alebo abiotického prežívania.

Ak po identifikácii takýchto kľúčových miest/procesov poznáme ich vplyv na správanie sa mikroorganizmov, resp. ich účinnosť, môžeme sa pomocou matematických modelov posunúť od cieľov bezpečnosti potravín definovaných na úrovni konzumenta ku kritériám kladeným na výrobcu (finálny výrobok) ako aj na kľúčové procesy vo výrobe a napokon aj ďalej, na suroviny vstupujúce do výroby (Valík a kol. 2010).

Výsledky

Najdôležitejšie výstupy z primárneho modelovania letalitných čiar *S. aureus* sú časy potrebné na devitalizáciu 4 log KTJ/ml (t_{4D}). Na základe log-lineárneho modelu podľa Bigelowa potreboval *S. aureus* na zníženie počtu o 4 log poriadky pri teplotách 55 °C, 57 °C a 61 °C: 122 min, 72 min, resp. 37 min ($t_{4D\ 55\ ^\circ C} = 122$ min, $t_{4D\ 57\ ^\circ C} = 72$ min, $t_{4D\ 61\ ^\circ C} = 37$ min). O niečo nižšie hodnoty $t_{4D\ 55\ ^\circ C} = 112$ min, $t_{4D\ 57\ ^\circ C} = 59$ min, $t_{4D\ 61\ ^\circ C} = 35$ min vyplynuli z aplikácie Weibulloвого modelu, ktorý sa pri jednotlivých teplotách prispôboval experimentálnym hodnotám lepšie, t.j. s nepatrne nižšími smerodajnými odchýlkami a vyššími hodnotami R^2 .

Záver

Príspevok predstavuje možnosti využitia modelov prediktívnej mikrobiológie pri vyhodnocovaní účinnosti kľúčových procesov pre kvalitu a bezpečnosť potravín, vrátane tradičných parených syrov vyrábaných zo surového mlieka.

Pod'akovanie: Práca bola vypracovaná s podporou projektu VEGA 1/0515/21

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Monitoring of SARS-CoV-2 variants during the COVID-19 pandemic in Slovakia
Ing. Veronika Vaňová ^{1,2}
Institute of Virology, Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, 845 05 Bratislava, Slovak Republic
Boršová Kristína ¹ , Čabanová Viktoria ¹ , Tomašovič Dávid ² , Sláviková Monika ¹ , Nosek Jozef ³ , Brejová Broňa ⁴ , Vinař Tomáš ⁴ , Klempa Boris ¹
1 Institute of Virology, Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, 845 05 Bratislava, Slovak Republic 2 Department of Microbiology and Virology, Faculty of Natural Sciences, Comenius University in Bratislava, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovak Republic 3 Department of Biochemistry, Faculty of Natural Sciences, Comenius University in Bratislava, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovak Republic 4 Faculty of Mathematics, Physics and Informatics, Comenius University in Bratislava, Mlynská dolina, 842 48 Bratislava, Slovak Republic
<p>Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), the human pathogen responsible for the global COVID-19 pandemic, arrived in Slovakia in March 2020. As the pandemic progressed, the genome of the SARS-CoV-2 has been continuously changing. The new mutations, especially in the spike protein, gave origin to variants with higher transmissibility and immune response escape ability. Thus, continuous sequencing of SARS-CoV-2 proved to be a helpful tool for monitoring the pandemic's current state and predicting the spread of new variants in the population.</p> <p>This study aimed to monitor emerging SARS-CoV-2 variants and resulting pandemic waves in Slovakia.</p> <p>The SARS-CoV-2 sequences were prepared using a PCR amplicon-tiling protocol and sequenced by a MinION nanopore sequencer. We sequenced samples provided by the Public Health Authority of the Slovak Republic, collected from January 2021 to February 2022.</p> <p>Altogether, 6102 COVID-19 samples were sequenced, and 4416 sequences were uploaded into the GISAID database. At the beginning of 2021, we monitored the onset of the second wave, characterized by the Alpha variant (B.1.1.7). At the end of June 2021, the first cases of Delta variant were detected. The proportion of Delta variant (B.1.617.2) rapidly became almost 100% prevalent within a month. Omicron variant emerged at the end of 2021 and started the fourth wave. Several other variants, such as Beta (B.1.351), Mu (B.1.621), or C.36.3 were also found during the study.</p> <p>The recent emergence of new Omicron sub-lineages underlines the importance of continuous monitoring of SARS-CoV-2.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

***In vitro* formation of dual-species biofilms – establishment of experimental settings for method leading to recognition of anti-biofilm acting compounds**

RNDr. Pavlína Vávrová

Department of Biological a Medical Sciences, Faculty of Pharmacy in Hradec Králové, Charles University

Konečná Klára, Diepoltová Adéla, Jand'ourek Ondřej, Nachtigal Petr

Department of Biological a Medical Sciences, Faculty of Pharmacy in Hradec Králové, Charles University

Microorganisms, including multidrug-resistant ones, prefer a lifestyle in a complex community called biofilm, which is mostly polymicrobial. This attribute provides them more protection against hostile environmental factors.

The primary aim of our research is to reflect one of the pitfalls in anti-infective drug discovery research: low correlation between results of the candidate compounds activity *in vitro* compared to results from the clinical trials.

The dual-species biofilms consist of clinically relevant bacteria and fungi: *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, and *Candida albicans* are formed in different cultivation media. To determine the optimal conditions for the formation of biofilms with the key attributes responsible for resistance, the impact of the antimicrobial action of ciprofloxacin and anidulafungin is evaluated. The approaches Alamar blue method, and visualization by fluorescent microscopy are employed.

The key role of available nutrients present within different cultivation media, together with the micromorphological differences, and the presence of typical attributes for true microbial biofilms has been revealed.

The careful implementation of methodological approaches leading to dual-species biofilms formation, with attributes responsible for the microbial resistance, is highly important for the acquirement of relevant information about the action of promising anti-infective compounds.

The study was supported by the Czech Science Foundation project No. 20-19638Y, and the Ministry of Health of the Czech Republic, grant nr. NU21-05-00482.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

***Neurospora crassa* – understanding the effect of azoles on the cell of the model filamentous fungus**

Ing. Ján Víglaš

Institute of Biochemistry and Microbiology, Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava, Radlinského 9, 81237, Bratislava, Slovakia

Petra Olejníková

Institute of Biochemistry and Microbiology, Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava, Radlinského 9, 81237, Bratislava, Slovakia

The mechanisms capable of securing adaptation to immediate presence of antifungals recently emerged as a factor causing failure of clinical therapy of isolates evaluated as susceptible in laboratory conditions.

The goal of our work was to analyse the response of model filamentous fungus *Neurospora crassa* to antifungal azoles.

We analysed transcriptional response of *N. crassa* exposed to azoles by *real-time* PCR, which we substantiated by determining the enzyme activity of glutathione-S-transferase (connected with detoxification processes), and the level of chitin in the cell wall of *N. crassa*.

Despite its natural susceptibility, *N. crassa* responds to azoles by increasing the transcript of *cyp51* gene encoding azole target site. The response also covers other genes encoding ergosterol biosynthesis enzymes and proteins involved in plasma membrane remodelling. Interestingly we observed: 1. increase in expression of gene encoding CYP enzyme belonging to CYP65 clan (not present in yeast), 2. no interaction between azoles and glutathione-S-transferase” except prochloraz – binds out of active site, 3. increase in expression of gene encoding ABCC transporters located at plasma membrane. The response to azoles was even broader – impacted the level of chitin in the cell wall of the fungus.

In conclusion, our results showed that susceptible fungus *N. crassa* responds to the presence of azoles in a complex manner encompassing *cyp51* gene, genes for CYP enzymes and changes in chitin level.

This work was supported by research projects No. APVV-19-0094 and VEGA-1/0388/22.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Mnohočetná léková rezistence *Staphylococcus aureus* a její modulace přírodními sloučeninami a jejich deriváty

doc. Ing. Jitka Viktorová, Ph.D.

Ústav biochemie a mikrobiologie, VŠCHT Praha, Technická 5, CZ 166 28 Praha, Česká republika

Martina Hurtová^{1,2}, Daniela Brdová¹, Bára Křížkovská¹, Kateřina Holasová¹, Lan Hoang¹, Vladimír Křen², Kateřina Valentová², Jan Lipov¹

¹ Ústav biochemie a mikrobiologie, VŠCHT Praha, Technická 5, CZ 166 28 Praha, Česká republika

² Mikrobiologický ústav Akademie věd ČR, Vídeňská 1083, 142 20 Praha, Česká republika

Rezistence k antibiotikům je v současnosti vážným zdravotním problémem. Vzhledem k tomu, že objev nových antibiotik se již nejeví jako dostatečný, nabývá na významu adjuvantní (kombinovaná) terapie.

Tato práce je zaměřena na mechanismy meticilin-rezistentního *Staphylococcus aureus* (MRSA). Přítomnost genů rezistence k oxacilinu (*mecA*, *blaZ*) a gentamicinu (*aacA-aphD*) v klinickém izolátu MRSA byla ověřena polymerázovou řetězovou reakcí. Následně byla testována antimikrobiální aktivita flavonolignanů.

Silybin A, 2,3-dehydrosilybin B/AB zcela zvrátily rezistenci k testovaným antibiotikům při koncentracích 20 μM nebo nižších. Jak 2,3-dehydrosilybin B, tak AB snížily antibiotiky indukovanou genovou expresi efluxních pump. 2,3-Dehydrosilybin B také inhiboval akumulaci a eflux ethidium bromidu u klinického izolátu, jehož nadprodukce NorA a MdeA byla vyvolána antibiotiky. Většina testovaných flavonolignanů redukovala komunikaci mezi buňkami na bázi tetrahydrofuran-boritanu (autoinduktor-2), anhydrosilychristin byl jedinou sloučeninou, která redukovala komunikaci založenou na acyl-homoserin laktonu (autoinduktor 1). S výjimkou isosilychristinu a anhydrosilychristinu, všechny flavonolignany inhibovaly povrchovou kolonizaci *S. aureus*, přičemž nejaktivnější byl 2,3-dehydrosilybin A. Následná halogenace flavonolignanů tyto aktivity výrazně zvýšila. Vybrané flavonolignany, zejména 2,3-dehydrosilybin B jsou modulátory rezistence a mohou snížit virulenci bakterie, což si zaslouží další detailní výzkum.

Projekt vznikl za finanční podpory Grantové agentury České republiky (21-00551S).

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Metanogenní archea v prostředí podzemních zásobníků plynu
doc. Mgr. Monika Vítězová, Ph.D.
Masarykova univerzita Přírodovědecká fakulta Ústav experimentální biologie Oddělení mikrobiologie
Vítěz Tomáš, Hanišáková Nikola, Molíková Anna, Buriánková Iva
Oddělení mikrobiologie ÚEB PřF MU
Úvod <p>Vzhledem k omezování využívání fosilních zdrojů uhlíku roste význam alternativních technologií využívajících obnovitelné zdroje energie. Jednou ze slibných technologií je biometanizace (technologie Power to Methane) pro mikrobiální produkci biometanu z CO₂ a H₂ pomocí metanogenních archea. V tomto procesu mohou hrát strategickou roli podzemní zásobníky plynu (PZP), které jsou přirozeným prostředím těchto mikroorganismů.</p>
Cíl <p>Cílem výzkumu bylo popsat mikrobiální konsorcium v PZP, metabolismus vzniku metanu a zjistit, zda je možné prostředí PZP využít jako přírodní bioreaktor za přítomnosti přirozeně se vyskytujících mikroorganismů.</p>
Metodika <p>DNA z hlubinných i povrchových vzorků vody ze tří PZP v České republice byla sekvenována pomocí Illumina MiSeq. Zároveň byly vzorky anaerobně kultivovány jak na vhodných médiích, tak pouze v přítomnosti hornin z PZP a plynů H₂ a CO₂ (80:20 %_{obj.}). Byly izolovány čisté kultury a popsány jejich fyziologické a metabolické vlastnosti.</p>
Výsledky <p>Sekvenační analýzy odhalily přítomnost DNA různých metanogenních zástupců archea i celé řady bakterií. Metabolický potenciál a fyziologické vlastnosti byly studovány na izolovaných čistých kulturách metanogenů. Byla zjištěna přítomnost široké škály zástupců metanogenních archea a stanovena jejich hodnota MER (methane evolution rate).</p>
Závěr <p>Výsledky této studie potvrdily přítomnost a vysokou metanogenní aktivitu metanogenních archea v PZP. Díky přirozené přítomnosti těchto mikroorganismů mají PZP vysoký biotechnologický potenciál pro výrobu biometanu jako obnovitelného zdroje energie.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Změnil se význam diferenciální diagnostiky respiračních onemocnění v době pandemie onemocnění COVID-19? Kazuistika.

MUDr. Jan Závora

Klinická mikrobiologie a ATB centrum, Ústav lékařské biochemie a laboratorní diagnostiky, Všeobecná fakultní nemocnice v Praze

Ing. Gabriela Kroneislová, MUDr. Václava Adámková, Ph.D.

Klinická mikrobiologie a ATB centrum, Ústav lékařské biochemie a laboratorní diagnostiky, Všeobecná fakultní nemocnice v Praze

V době pandemie onemocnění COVID-19 byla diferenciální diagnostika často zahajována vyšetřením průkazu viru SARS-CoV-2. Hlavně u respiračních infekcí byl na tuto diagnózu kladen velký důraz. Vybrali jsme dva klinické případy k ilustraci toho, že preference jednoho patogenního agens vůči jiným není vhodným řešením.

Oba pacienti byli přijati na jednotku intenzivní péče v respiračním selhání. Byla provedena vstupní laboratorní a klinická vyšetření včetně detekce SARS-CoV-2 v biologickém materiálu. Přes opakovaně negativní výsledky antigenních i RT-PCR testů byla pacientům podána anti-COVID-19 terapie (isoprinosin, resp. favipiravir). Stav se nezlepšoval, a tak byla provedena i vyšetření dalších respiračních patogenů, při kterých byla u obou pacientů prokázána infekce *Pneumocystis jirovecii*. Při hledání příčiny imunosuprese byla diagnostikována infekce HIV ve fázi AIDS.

Správná diferenciální diagnostika je důležitým nástrojem k vhodné léčbě a vyléčení pacienta. Je zásadní správně diagnostikovat i méně časté infekce a nespoléhat se nejpravděpodobnější možnost. Díky tomu by mohla být detekce pravého původce opožděna nebo by mohl být úplně přehlédnut, a to může mít pro pacienta fatální následky.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Štúdium liečivých látok na báze nízkomolekulárneho chondroitín sulfátu a sulfátovaného heteropolysacharidu fukoidanu a ich využitie v imunoterapii

PharmDr. Jozef Zima

Katedra galenickej farmácie FaF UK v Bratislave

PhDr. Nováková Eva, KMV
doc. RNDr. Šuplíková Miroslava, PhD. KMV

KMV, Katedra mikrobiológie a virológie PriF UK v Bratislave
KGF, Katedra galenickej farmácie FaF UK v Bratislave

Liečba imunodeficiencie a ochorení spájaných s imunodeficienciou (onkologické ochorenia, chronické bakteriálne a vírusové ochorenia) predstavuje v súčasnosti komplexný problém, na ktorom sa podieľajú viaceré medicínske odbory. Preto sme sa zamerali v našej štúdiu na farmakologické možnosti ovplyvnenia funkčnosti imunity prostredníctvom modulácie tvorby signálnych proteínov aktivujúcich makrofágy. Cieľom našich pilotných experimentov je štúdium účinkov liečivých látok zo skupiny glykozaminoglykánov a sulfátovaných heteropolysacharidov v podmienkach *in vitro*. Výskum je zameraný na protivírusový, antiproliferatívny, protinádorový a imunomodulačný účinok týchto látok. Podstata účinkov študovaných liečivých látok, nízkomolekulárneho chondroitín sulfátu a sulfátovaného heteropolysacharidu fukoidanu obsahujúceho fukózu a galaktozamín v molekule v podmienkach *in vivo* je zvýšenie tvorby makrofágového aktivačného faktora (GcMAF). Tvorba GcMAF proteínu môže byť prerušená škodlivým pôsobením endogénneho enzýmu N-acetyl-galaktozaminidázy (nagalázy), vytváraného nádorovými bunkami a bunkami infikovanými vírusmi. Výsledkom pôsobenia nagalázy je imunodeficit vedúci k chronickým ochoreniam. Farmakologická inhibícia aktivity nagalázy môže viesť k odstráneniu imunodeficientných stavov sprevádzajúcich onkologické a vírusové ochorenia. Výskum vychádza z výsledkov štúdií získaných aplikáciou fukoidanu a chondroitín sulfátu ako hlavných zložiek perorálnej suspenzie OraMAF. Tieto pilotné výsledky môžu priniesť nové biomedicínske poznatky v rámci GcMAF imunoterapie.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Využití monitoringu viru SARS-CoV-2 v odpadních vodách pro sledování vývoje epidemie v ČR

RNDr. Hana Zvěřinová Mlejnková, Ph.D.

Výzkumný ústav vodohospodářský, T. G. Masaryka, veřejná výzkumná instituce

Sovová Kateřina¹, Vašíčková Petra², Valášek Vojtěch¹, Hrdý Jakub², Krásna Magdaléna², Očenášková Věra¹, Bencko Vladimír³, Tuček Milan³, Bušová Milena³, Juranová Eva¹

¹Výzkumný ústav vodohospodářský, T. G. Masaryka, v. v. i.

²Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.

³1. Lékařská fakulta Univerzity Karlovy, Ústav hygieny a epidemiologie

Epidemiologický přístup k odpadním vodám (WBE=Wastewater Based Epidemiology) umožňuje neinvazivním způsobem získat epidemiologické informace o velké části populace. Rozšíření nového koronaviru SARS-CoV-2 vykazuje od roku 2020 cyklický průběh po sobě následujících vln šíření onemocnění covid-19. Vzhledem k tomu, že virová RNA je z infikovaných jedinců vylučována také stolicí a močí, nabízí se její systematická detekce v nátocích na čistírny odpadních vod (ČOV) jako velmi efektivní přístup.

V rámci naší studie probíhal od dubna 2020 monitoring koronaviru SARS-CoV-2 v odpadních vodách z 66 čistíren odpadních vod v ČR. K detekci viru jsme vyvinuli a optimalizovali metodu RT-qPCR, kterou jsme prokazovali přítomnost specifických úseků genomu viru v 24hodinových směsných vzorcích odpadních vod na nátocích ČOV. Získaná data byla korelována s počty pozitivně testovaných osob napojených na sledované ČOV. Výsledky ukázaly velmi dobrou shodu, vysokou citlivost metody a dokázaly zachytit všechny dosud proběhlé vlny epidemie.

Studie spolehlivě prokázala možnost využití zvoleného přístupu pro surveillance výskytu infekčních nemocí ve sledované populaci. Pro zodpovědné provádění WBE monitoringu je však třeba důrazně akceptovat rozdíly mezi typy a účely prováděného monitoringu, charakterem odpadních vod a specifiky odběrových míst.

29. kongres



Československé společnosti mikrobiologické
s mezinárodní účastí

28. Moravsko-slovenské mikrobiologické dny

31. Tomáškovy dny mladých mikrobiologů

ABSTRAKTY - POSTERY



15. - 17. 9. 2022

OREA Congress Hotel BRNO

- P01 - **Burýšková** - Constructing a mutualistic *Pseudomonas putida* consortium for utilisation of plant waste derived ...
- P02 - **Čihák** - Insight into the mobilome of *Streptococcus zooepidemicus*
- P03 - **Eliaš** - Úloha génu CgERG6 v odpovedi na oxidačný stres u kvasiniek *Candida glabrata*
- P04 - **Grobarčíková** - Identification of residues involved in posttranslational modification of RTX toxins ...
- P05 - **Halgašová** - A novel group of initiator proteins for phage DNA replication
- P06 - **Holátko** - Contrasting effect of elemental sulfur, compost, and combined amendment on soil microbial activities
- P07 - **Holubová** - The FIM and FhaB adhesins play a crucial role in nasal cavity infection and *Bordetella pertussis* ...
- P08 - **Hruškovcová** - Development of nanobody based nanocarrier system to cross blood-brain barrier and contain ...
- P09 - **Jirát Matějčková** - ChIP-seq analysis for the leading mycobacterial transcriptional factors: CarD, RbpA ...
- P10 - **Kisová** - Biocleaning of historical painting from XVIII Century – a yeast enzymatic approach
- P11 - **Koryčánová** - Zachytávání iontů kovů z odpadních vod biologickou imobilizací
- P12 - **Kotrbová** - Endophytic actinobacteria isolated from maize grown in soil polluted with micropollutants
- P13 - **Koublová** - Novel *Rothia* species associated with Antarctic birds
- P14 - **Koudelková** - Nabídka České sbírky mikroorganismů
- P15 - **Laichmanová** - Biodiverzita mikroskopických hub osídlujících horniny ostrova Jamese Rosse
- P16 - **Laušová** - *Escherichia coli* rezistentní k širokospektrým cefalosporinům v odpadních vodách: sledování cest ...
- P17 - **Nováčková** - Ekologická izolace polyhydroxyalkanoátů z extrémofilních
- P18 - **Nováková D.** - Novel *Pseudomonas* species isolated from Antarctica
- P19 - **Novotná** - Effect of warming on microbial biomass and enzymatic activity in tundra soil in Greenland
- P20 - **Pápayová** - Lytic properties of SLT domain from bacteriophage BFK20 tail protein
- P21 - **Pavlovic** - Targeted metagenomics sequencing (MinION) of the microbial community in a salt-contaminated twelfth ...
- P22 - **Rusková** - Antibiofilm activity of poly(ϵ -caprolactone) nanocapsules loaded with essential oils for protection ...
- P23 - **Řeháková** - Biosyntéza unikátních PHA kopolymerů termofilními bakteriemi rodu *Aneurinibacillus*
- P24 - **Sedláček** - *Enterobacter notothernii* sp. nov. from the fish intestine
- P25 - **Šafránková** - 75 let od založení České národní sbírky typových kultur (CNCTC), historie a současnost
- P26 - **Šedrlová** - What is the relationship between *Synechocystis* energy storage compounds?
- P27 - **Švec** - Evaluation of repetitive element sequence-based PCR fingerprinting
- P28 - **Žižka** - Polarizační mikroskopie použitá ke studiu perifytonu (mikrobiomu) vláknitých řas
- P29 - **Bezdiček** - Nové MLST schéma pro *Enterococcus faecium* vycházející z dat získaných celogenomovým sekvenováním
- P30 - **Bhíde** - Signaling events evoked by domain III of envelop glycoprotein of tick-borne encephalitis virus (TBEV) ...
- P31 - **Bilská** - Biofilms of MRSA strains with over-expressed the *norA* gene remain sensitive to the photodynamic ...
- P32 - **Brodíková** - Výskyt MSSA/MRSA na sliznici nosu u studentů před započítím klinické výuky a v prostředí lékařské ...
- P33 - **Diabelko** - Možnosti využitia rodu *Lactobacillus* v cielej terapii
- P34 - **Dibalová** - Inovatívne prístupy vo výuke lekárskej mikrobiológie u študentov všeobecného a zubného lekárstva
- P35 - **Drahovská** - Příprava fágových koktailů zacielených na uropatogénne kmene *Escherichia coli*
- P36 - **Dubínova** - Pregenomická RNA ako nový biomarker vírusovej hepatitídy B
- P37 - **Flodr** - PAW (plasma activated water) a její potenciální využití v eliminaci patogenních bakterií
- P38 - **Havriško** - T cell response to SARS-CoV-2 in Slovak households contact with COVID-19 patients
- P39 - **Hubenáková** - Multirezistentné kmene *Escherichia coli* izolované od pacientov z Univerzitnej nemocnice Bratislava
- P40 - **Kajsiková** - Antimicrobial potencial of the phage endolysin EN572-5 against multidrug resistant *S. agalactiae*

- P41 - **Kendra** - Photodynamic inactivation of *Galleria mellonella* larvae co-infected with *Candida albicans* ...
- P42 - **Koreň** - Karbapeném-rezistentné *Klebsiella pneumoniae* - KRKP kmene a charakteristika ich sekvenčných typov
- P43 - **Křížková** - Rostlinné extrakty ovplyvňujúce virulenciu u rezistentných baktérií
- P44 - **Liptáková** - Inovácia učebných textov a online súborov z lekárskej mikrobiológie
- P45 - **Mlynárčik** - In silico analysis of AmpC beta-lactamase blaEC
- P46 - **Mochnáčová** - Identification of novel therapeutic anti-*Borrelia* peptides with the help of combinatorial phage display
- P47 - **Pospišilová M.** - Standardization and optimization of in-house ELISA method for detection of IgG antibodies ...
- P48 - **Rievajová** - Characterization of a novel lectin from pathogenic fungus *Microsporium canis*
- P49 - **Schusterová** - Effect of *Limosilactobacillus reuteri* L26 Biocenol™ and its exopolysaccharide on the antiviral ...
- P50 - **Straka** - Cobas® Liat® System v diagnostike SARS-CoV-2 a chrípky
- P51 - **Sulinová** - Testovanie magnetických častíc na báze oxidov železa potiahnutých rôznymi ligandami na izoláciu ...
- P52 - **Šardzík** - Association of the Gut Microbiota with Sex-Based Changes in Patients Undergoing Bone Marrow ...
- P53 - **Štefánek** - *Candida parapsilosis* isolated from central venous catheter and hemoculture from the same patient ...
- P54 - **Toporová** - Detekcia antimikrobiálnej citlivosti klinických izolátov *Clostridium difficile* u hospitalizovaných pacientov
- P55 - **Vargová** - Photodynamic inactivation and its effect on the eradication of mixed biofilms
- P56 - **Větvička** - Testování na COVID-19 pro Český olympijský tým před ZOH 2022 v Pekingu
- P57 - **Vydržalová** - *Mycoplasma hominis* a *Ureaplasma urealyticum* v genitálním ústrojí žen podstupujících asistovanou ...
- P58 - **Záborská** - Imunomodulačná terapia autovakcínami u detí s chronickými a recidivujúcimi infekciami respiračného ...
- P59 - **Andrezál** - Metagenomická analýza mikrobiómu bryndze a charakterizácia baktérií mliečneho kvasenia ...
- P60 - **Barančeková** - Detection of *Capocytophaga* spp. in dogs – direct PCR versus standard culture procedure
- P61 - **Brdová** - Gentamicinová rezistencia *Staphylococcus aureus* a její modulační
- P62 - **Csank** - One-step growth curve analysis of Tribeč virus in mouse fibroblasts
- P63 - **Drobná** - Degradation of tyramine by potential monoamine oxidase from *Geotrichum candidum*
- P64 - **Greifová** - Human breast milk – an attractive source of potential probiotic strains belonging to *Lactobacillaceae* ...
- P65 - **Hajdučková** - Pôvodcova otitíd u psov bakteriálneho pôvodu
- P66 - **Hodoši** - Organ-specific endosymbiotic microbiome of tick *Ixodes ricinus*
- P67 - **Hofmeisterová** - Vliv extraktu avokádového oleje na přežívání „Arcobacter-like“ species
- P68 - **Chomová** - Příprava rybích peliet s obsahem probiotik a následné sledování farmaceutických parametrů ...
- P69 - **Kamlárová** - Probiotic and adherence features of a novel *Lactobacillus* isolates
- P70 - **Király** - Antibiofilmová aktivita pomiferínu na biofilm tvoriaci *Staphylococcus aureus*
- P71 - **Kiššová** - Hodnotenie cytokínového profilu v IPEC-J2 bunkovej línii po aplikácii rôznych sérovarov *Salmonella* ...
- P72 - **Klementová** - Studium redukce biogenních aminů bakterií *Lactocaseibacillus casei*
- P73 - **Kočíková** - Vývoj diagnostického UP-single-PCR testu na detekciu vírusu hepatitídy E s využitím univerzálnych ...
- P74 - **Koščová** - Antibakteriálna aktivita éterických olejov voči bakteriálnym patogénom rýb
- P75 - **Madar** - Comparison of the PCR reactions for the detection of genes involved in reuterin synthesis ...
- P76 - **Morávková** - Identifikace řasy *Prototheca* spp. pomocí multiplexní qPCR a testování citlivosti *Prototheca bovis* ...
- P77 - **Mošovská** - Dekontaminácia *Escherichia coli* na povrchu vybraných semien nízkoteplotnou plazmou generovanou ...
- P78 - **Nohejl** - Geny kódujúce metabolizáciu prebiotik a jejich výskyt v rezistentných a patogenných enterobaktériách
- P79 - **Pavlová** - Je volně žijící zver rezervoárem vírusu hepatitídy E?
- P80 - **Peňazziová** - Detection and genetic characterisation of West Nile virus and Usutu virus strains obtained from ...

P81 - Pivka - Detekcia a izolácia arbovirusov prenášaných kliešťami na Slovensku

P82 - Purevdorj - Vliv vybraných protektivních kultur a jejich metabolitů s antimikrobiálními účinky na produkci ...

P83 - Styková - Vplyv topickej aplikácie Weissella cibaria na kožnú mikrobiotu koní postihnutých dermatitídou sponky

P84 - Šplíchal - Gnotobiotic piglet model of salmonellosis

P85 - Šplíchalová - Immunocompromised host, synthetic microbiota, and colonization resistance

P86 - Žďárská - Detection of beta-lactamases in bacteria of animal origin

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Constructing a mutualistic *Pseudomonas putida* consortium for utilisation of plant waste derived oligosaccharides

Mgr. Barbora Burýšková

Microbial Bioengineering Laboratory, Department of Experimental Biology (Section of Microbiology), Faculty of Science, Masaryk University, Czech Republic

Mgr. Barbora Břenková, PhD Student, 1
Mgr. Pavel Dvořák, Ph.D., 1

1, Microbial Bioengineering Laboratory, Department of Experimental Biology (Section of Microbiology), Faculty of Science, Masaryk University, Czech Republic

Lignocellulosic biomass is gaining increased attention as a cheap and renewable carbon source for sustainable biotechnologies. However, lignocellulose hydrolysis is an expensive and imperfect process resulting in a mix of monosaccharides, oligosaccharides, and aromatic compounds derived from lignin. The field of microbial bioengineering recruits genetically modified bacteria to help with lignocellulose depolymerisation.

This study aims to prepare a *Pseudomonas putida* consortium metabolically engineered to consume non-native substrates – xylobiose and cellobiose. We tested the expression of β -xylosidase Xyl43A and β -glucosidase BglC (both from *Thermobifida fusca*) under various conditions in *P. putida* and confirmed their functionality in degrading xylobiose and cellobiose to xylose and glucose, respectively. In addition, our data suggest that there are native transporters for oligosaccharides in *P. putida*. Based on these findings, a synthetic mutualistic consortium was constructed. The consortium consists of two strains: a glucose consuming strain expressing *xyl43A* and a xylose consuming strain expressing *bglC*. This setup leads to a mutual dependence of the two consortium strains via carbohydrate cross-feeding.

This study lays a foundation for the construction of a new bacterial platform for the production of value-added chemicals from lignocellulosic biomass. The employed oligosaccharide catabolism could not only enable more complete utilisation of lignocellulose-derived carbohydrates but also bypass carbon catabolite repression – a big challenge for microbial biotechnology.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

INSIGHT INTO THE MOBILOME OF STREPTOCOCCUS ZOOEPIDEMICUS

Ing. Matouš Čihák^{1,2}

Contipro a.s., Dolní Dobrouč, Czech Republic

J. Jílková¹, Z. Černý¹, S. Chatzigeorgiou^{1,2}, J. Bobek², V. Velebný¹

¹ Contipro a.s., Dolní Dobrouč, Czech Republic

² First Faculty of Medicine, Institute of Immunology and Microbiology, Charles University, Prague, Czech Republic

The genetic stability of microorganisms may be affected by the presence of mobile elements. Transposons, plasmids, and phage clusters can move around the genome, changing their number of copies or simply changing their location, potentially affecting the activity of nearby genes.

Streptococcus zooepidemicus is currently the most exploited bacterium in microbial production of hyaluronic acid. Although this microorganism is a frequent research object, the complex mobilome of *S. zooepidemicus* during fermentation has not been extensively studied. Because such research could clarify processes taking place inside a bacterial cell, we focused on mobilome analysis in *S. zooepidemicus*.

We studied mobilome using sequencing techniques, bioinformatics analysis, and targeted mutagenesis.

We identified one defective prophage of the *Siphoviridae* family, integrative conjugative element, and various types of transposases occurring in one to fifteen copies. Using RNA-seq, we found that most of the mobile elements are expressed during cultivation in a complex medium. We have also prepared a mutant strain with a scarless deletion of the toxin-antitoxin system in the phage cluster and verified it in fermentation experiments.

Mobilome analysis allowed us to gain knowledge about genome plasticity and concomitant adaptability of phenotypic traits in *S. zooepidemicus*. It should be pointed out, that the regulatory effect of mobilome on streptococci may occur at other levels, as evidenced by the presence of toxin-antitoxin systems. Disclosure of these regulations is the aim of our further research.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Úloha génu *CgERG6* v odpovedi na oxidačný stres u kvasiniek *Candida glabrata*

Mgr. Daniel Eliaš

Prírodovedecká fakulta UK, Mlynská dolina, Ilkovičova ulica č. 6, 842 15 Bratislava 4

Tóth Hervay Nora, Gbelská Yveta¹

¹ Prírodovedecká fakulta UK, Mlynská dolina, Ilkovičova ulica č. 6, 842 15 Bratislava 4

Kvasinka *Candida glabrata* je častý fungálny patogén u imunokompromitovaných pacientov. Vyznačuje sa vrodene zníženou citlivosťou na azoly a mnohé stresové podmienky. Predchádzajúce výskumy ukázali, že kvasinka *C. glabrata* disponuje zvýšenou toleranciou voči oxidačnému stresu.

Cieľom predloženej práce bolo analyzovať vplyv delécie génu *CgERG6* na schopnosť kvasiniek *C. glabrata* odpovedať na oxidačný stres.

Metódou kvapkových testov sme sledovali schopnosť rastu kmeňov *Cgwt* a *Cgerg6Δ* v prítomnosti látok vyvolávajúcich oxidačný stres (menadión, diamid, H₂O₂). Fluorimetricky a luminiscenčne sme stanovili množstvo ROS a pomer medzi GSH/GSSG u oboch kmeňov. Metódou qRT-PCR sme analyzovali vplyv delécie génu *CgERG6* a prítomnosti H₂O₂ na expresiu génov zapojených do odpovede buniek kvasiniek na oxidačný stres a transkripčných faktorov regulujúcich túto odpoveď.

Zistili sme, že delécia génu *CgERG6* ovplyvňuje citlivosť kvasiniek *C. glabrata* na látky vyvolávajúce oxidačný stres, vedie k zvýšenej tvorbe ROS a taktiež k zmenám v expresii génov zapojených v odpovedi na oxidačný stres.

Získané výsledky poukazujú, že gén *ERG6* je dôležitý pre správnu odpoveď kvasiniek *C. glabrata* voči oxidačnému stresu.

Vzniklo s podporou VEGA 1/0388/22, APVV-19-0094 a UK/155/2022.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Identification of residues involved in posttranslational modification of RTX toxins of Gram-negative pathogens

Bc. Michaela Grobarčíková¹

¹Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, Czech Republic

Adriana Osickova¹, Jiri Cerny², Sarka Knoblochova¹, David Jurnecka¹, Radim Osicka¹, Peter Sebo¹ and Jiri Masin¹

¹Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, Czech Republic

²Institute of Biotechnology of the Czech Academy of Sciences, BIOCEV Research Center, Vestec, Czech Republic

Both adenylate cyclase toxin (CyaA) and α -hemolysin (HlyA) are members of repeats in toxins (RTX) that play key roles in the virulence of *Bordetella pertussis* and *Escherichia coli*, respectively. CyaA translocates a unique AC enzyme into the cytosol of phagocytes and undermines their bactericidal functions by unregulated conversion of ATP to cAMP. CyaA and HlyA also permeabilize the cell membrane of eukaryotic cells by forming cation-selective pores. Both toxins bind preferentially to cells expressing β_2 integrins but can also interact with a variety of cells that do not express integrins. Both toxins are activated from protoxin form by posttranslational acylation mediated by a specific acyltransferase. CyaA is activated by the acyltransferase CyaC, and HlyA is activated by the acyltransferase HlyC. This lipidation occurs at two lysine residues, Lys860 and Lys983 in CyaA and Lys564 and Lys690 in the HlyA molecule. Using chimeric CyaA/HlyA molecules, we identified sequences essential for acyltransferase-mediated acylation of CyaA and HlyA. Using site-directed mutagenesis, we also identified residues of the acylated domain involved in recognition by acyltransferase and thus in lipidation of RTX toxins. We showed that substitution of the Tyr990 and Arg991 in CyaA and Tyr697 and Arg698 in HlyA reduced the acyltransferase-mediated acylation of Lys983 in CyaA and Lys690 in HlyA. We showed that these substitutions reduced the cytotoxic and cytolytic capacity of both toxins on model sheep erythrocytes and on the human macrophage cell line THP-1. Using AlphaFold prediction, based on homologous modeling of CyaC with the known crystal structure of ApxIC, we are trying to identify residues involved in direct interaction between acyltransferase and toxin.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

A novel group of initiator proteins for phage DNA replication

RNDr. Nora Halgašová, PhD.

Department of Genomics and Biotechnology, Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences, Dubravska cesta 21, 845 51 Bratislava, Slovakia

Javorová Ráchel, Bocánová Lucia, Bukovská Gabriela

Department of Genomics and Biotechnology, Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences, Dubravska cesta 21, 845 51 Bratislava, Slovakia

Bacteriophage phiBP is a virulent mutant phage, which is able to cause lysis of the lysogenic strain *Paenibacillus polymyxa*. phiBP genome consists of 47,973 bp long dsDNA. Bioinformatics analysis of the genome revealed 71 putative ORFs including a gene cluster coding for potential replication proteins. The genes *ROBP*, *HLBP* and *BCBP* encode putative replisome organizer with function in initiation of phage DNA replication, helicase loader from the DnaI family, and beta clamp of DNA polymerase, respectively. This work was focused on the characterization of the initiator protein ROBP. Bioinformatics analysis of the ROBP sequence data showed, that this protein belongs to a family of so far uncharacterized initiator proteins. We cloned the *ROBP* gene into the pET expression system and isolated recombinant protein gpRO-HC, 346 aa in length, with a His-Tag sequence on the C-terminus. Monitoring of the gpRO-HC ATPase activity demonstrated that the protein was active in ATP hydrolysis, although the ATPase activity reached only low values, which were approximately the same regardless of the presence or absence of DNA. The oligomerization of gpRO-HC was analyzed using FPLC gel filtration on the Superdex 200 Increase column. Elution profile indicated that the protein formed higher oligomers, most probably dodecamers.

In conclusion, this work provides first information about the new group of initiation proteins, which trigger DNA replication in phages infecting low GC gram-positive bacteria.

This work was supported by VEGA grants 2/0139/18 and 2/0079/22 from Slovak Academy of Sciences.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Contrasting effect of elemental sulfur, compost, and combined amendment on soil microbial activities

Mgr. Jiří Holátko, Ph.D.

Ústav agrochemie, půdoznalství, mikrobiologie a výživy rostlin, Agronomická fakulta Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno

Hammerschmiedt, Tereza¹; Kintl, Antonín^{1,2}; Látal, Oldřich¹; Brtnický, Martin¹

¹Ústav agrochemie, půdoznalství, mikrobiologie a výživy rostlin, Agronomická fakulta Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika

²Zemědělský výzkum, spol. s r.o., Zahradní 400/1, 664 41 Troubsko, Česká republika

Elemental sulfur (S⁰) promotes plant tolerance to stresses, its insolubility prevents its leaching from soil. S⁰ is oxidized by bacteria - genus *Thiobacillus* and *Betaproteobacteria*. Co-application of S⁰ and organic amendment into soil could increase S⁰ solubility, enhance oxidation, and reduce ammonia nitrogen emission.

The effect of elemental sulfur, compost and their combinations on the soil microbial activities (and other properties) was evaluated in trials with various crops.

There were 4 different variants tested: control, compost, compost + S⁰, S⁰. Winter rapeseed (*Brassica napus* L. var. *napus*) was tested for 11 month in field experimtn and lettuce (*Lactuca sativa* L. var. *Capitata*) was grown for 6 weeks in pot trial.

All three amendments (compost, compost + S⁰, S⁰) significantly decreased N-acetyl-β-D-glucosaminidase activity (compared to control soil). Compost + S⁰ and S⁰ induced soil basal respiration in lettuce-planted soil, in contrast, respiration was reduced by all three additives in rapeseed trial. However, elemental sulfur had the weakest repressive impact. The activity of urease was stimulated by S⁰ alone in both experiments.

The contrasting effect of elemental sulfur and elemental sulfur co-applied with compost on the microbial activity of amended soil was demonstrated. Elemental sulfur-derived enhancement of soil aerobic microbe and nitrifier activity was affected by soil conditions and type of used testcrop.

The work was supported by the project of Technology Agency of the Czech Republic TH04030142.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

The FIM and FhaB adhesins play a crucial role in nasal cavity infection and <i>Bordetella pertussis</i> transmission in a novel mouse catarrhal infection model
RNDr. Jana Holubová, Ph.D.
Institute of Microbiology AS CR, v.v.i., Academy of Sciences of the Czech Republic, 142 20 Prague 4, Czech Republic
Ondřej Staněk and Peter Šebo
Institute of Microbiology AS CR, v.v.i., Academy of Sciences of the Czech Republic, 142 20 Prague 4, Czech Republic
<p>Pulmonary infections caused by <i>Bordetella pertussis</i> used to be the prime cause of infant mortality in the pre-vaccine era and mouse models of pertussis pneumonia served in characterization of <i>B. pertussis</i> virulence mechanisms. However, the biologically most relevant catarrhal disease stage and <i>B. pertussis</i> transmission has not been adequately reproduced in adult mice due to limited proliferation of the human-adapted pathogen on murine nasopharyngeal mucosa. We used immunodeficient C57BL/6J MyD88 KO mice to achieve <i>B. pertussis</i> proliferation to human-like high counts of 10^8 viable bacteria per nasal cavity to elicit rhinosinusitis accompanied by robust shedding and transmission of <i>B. pertussis</i> bacteria to adult co-housed MyD88 KO mice. Experiments with a comprehensive set of <i>B. pertussis</i> mutants revealed that pertussis toxin, adenylate cyclase toxin-hemolysin, the T3SS effector BteA/BopC and several other known virulence factors were dispensable for nasal cavity infection and <i>B. pertussis</i> transmission in the immunocompromised MyD88 KO mice. In contrast, mutants lacking the filamentous hemagglutinin (FhaB) or fimbriae (Fim) adhesins infected the nasal cavity poorly, shed at low levels and failed to productively infect co-housed MyD88 KO or C57BL/6J mice. FhaB and fimbriae thus appear to play a critical role in <i>B. pertussis</i> transmission. The here-described novel murine model of <i>B. pertussis</i>-induced nasal catarrh opens the way to genetic dissection of host mechanisms involved in <i>B. pertussis</i> shedding and to validation of key bacterial transmission factors that ought to be targeted by future pertussis vaccines.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Development of nanobody based nanocarrier system to cross blood-brain barrier and contain neuroinvasive viruses

MVDr. Jana Hrušková

Laboratory of Biomedical Microbiology and Immunology, University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, Slovakia

Bhíde Katarína¹, Mochnáčová Evelína¹, Zuzana Kasičová¹, Bhíde Mangesh^{1,3}, Kulkarni Amod^{1,3}

¹Laboratory of Biomedical Microbiology and Immunology, University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, Slovakia,

³Institute of Neuroimmunology, Slovak Academy of Sciences, v.v.i. , Bratislava, Slovakia.

West Nile virus (WNV) and tick-borne encephalitis virus (TBEV) can cause febrile illness to severe encephalitis with permanent neurological disorders. Before entering the CNS, WNV and TBEV invade the human brain microvascular endothelial cells (BMEC) and traverse the blood-brain barrier (BBB). In this study, nanobodies (NBs) were developed against the receptor binding sites (RBS) of WNV and TBEV's domain III (DIII) of envelope protein to block virus-BMEC interaction and subsequent invasion. Leukocytes of llama immunized with DIII of WNV and TBEV, were used to generate NB-*E. coli* library and phage display was performed to obtain NB displaying phage library. Biopanning was performed using synthetic analogs of RBS (WNV^{G299-K307}, WNV^{V371-R388}) or (TBEV^{S300-K309}, TBEV^{A317-R339}) instead of entire antigen. The eluted phages were used to generate soluble NBs from *E. coli* SHuffle system. Out of 192 Nbs, 3 NBs blocked DIII-BMEC interaction on immunoassays, and 1 NB (W10) neutralized WNV-like particles in Luciferase assay (EC50 1.4 nM). Further, W10 was non-cytotoxic on hBMEC (82% viability - XTT assay) and hemocompatible on sheep RBCs. Likewise, 5 ligand blocking NBs were assessed to neutralize TBEV in VNT assay. To enhance the BBB traversal, virus blocking NBs are conjugated with either nanogold/polymeric nanoparticle/dendrimer using NHS chemistry or chemical coating. Ability of conjugated NBs to cross BBB *in vitro*, antiviral activity and safety pharmacology will be discussed in our presentation.

The work is supported by APVV-18-0259, EURONANOMED2021-105 and VEGA 2/0128/21.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

ChIP-seq analysis for the leading mycobacterial transcriptional factors: CarD, RbpA and a novel transcriptional regulator; CrsL.

Mgr. Jitka Jitrát Matějčková, Ph.D.

Laboratory of Microbial Genetics and Gene Expression, Institute of Microbiology, Academy of Sciences of the Czech Republic

Shoman Mahmoud*, Vaňková Hausnerová Viola*, Kumar Dilip* and Hnilicová Jarmila*

* Laboratory of Microbial Genetics and Gene Expression, Institute of Microbiology, Academy of Sciences of the Czech Republic

The mycobacterial transcriptional machinery comprises two global transcription regulators binds to RNAP- CarD, RbpA. Both CarD and RbpA stabilize the open complex during transcription and are important for the sensitivity of RNAP to rifampicin; the first-line drug against tuberculosis. We discovered a new transcription factor that binds to CarD-RNAP complex and named it CrsL. Our data shows that CrsL regulates CarD level in the stationary phase and reveals a new mechanism of transcriptional regulation in mycobacteria.

We performed Chromatin Immunoprecipitation followed by next-generation sequencing (ChIP-seq) for CarD and RbpA transcriptional regulators in *Mycobacterium smegmatis*. In addition, we did this experiment for CrsL to see if it associates with the same promoters as CarD/RbpA.

Furthermore, we developed a webpage for visualizing our ChIP-seq data in addition to other sequencing data (RNA-seq) which we previously published. This webpage will be useful to visualize the expression profile of different genes compared to the presence of CarD/RbpA at these genes within *M. smegmatis* genome. Therefore, it will provide novel insights into the control of mycobacterial transcriptional regulation in order to develop new specific anti-tuberculosis drugs.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Biocleaning of historical painting from XVIII Century – a yeast enzymatic approach
Mgr. Zuzana Kisová, PhD.
Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences, v.v.i., Dúbravská cesta 21, 845 51 Bratislava, Slovakia
Jelena Pavlović ¹ , Mária Bučková ¹ , Andrea Puškárová ¹ , Domenico Pangallo ¹ , Lucia Kraková ¹ , Alena Opálková Šišková ^{2,3} , Angela Kleinová ² , Lucia Šefčíková ⁴ , Zuzana Machátová ⁴
¹ Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences, v.v.i., Dúbravská cesta 21, 845 51 Bratislava, Slovakia ² Polymer Institute of Slovak Academy of Sciences, v.v.i., Dúbravská cesta 9, 945 41 Bratislava, Slovakia ³ Institute of Materials and Machine Mechanics, Slovak Academy of Sciences, v.v.i., Dúbravská cesta 9, 845 13 Bratislava, Slovakia ⁴ Academy of Fine Arts and Design in Bratislava, Hviezdoslavovo námestie 18, 814 37 Bratislava, Slovakia
<p>Biocleaning of cultural heritage items has become a novel alternative to the traditional approaches. It is mainly performed by using living microorganisms, whereby enzymatic treatment also can be used for the safeguarding of artworks. To find an enzymatic alternative for the removal of an oil-based overpainting, we focused on the characterization and use of <i>Sporidiobolus metaroseus</i> yeast's Extracellular Enzymatic Mixture (EEM). In order to produce and extract EEM protein content, a historical yeast was selected based on a previously detected lipolytic activity and grown on the medium supplemented with linseed oil. Protein contents of EEM were visualized by SDS-PAGE. The concentration of EEM was assessed by fluorimetric tool, and enzymatic activity demonstrated by p-NPP spectrophotometric lipase assay. While by adding different metal ions (Cd, Zn, Cr and Cu) in Reasoner's 2A (R2A) broth, growth of <i>S. metaroseus</i> was suppressed, at the same time, Fe and Pb ions only influenced the quantity and activity of EEM. Lastly, diverse delivery systems (agar-agar, tylose and klucel G) alone or in a combination with EEM were evaluated on the historical painting surface. Following colorimetric measurements and FT-IR analysis, results demonstrated that the most effective biocleaning alternative to remove oil-based overpainting from valuable historical painting surfaces were the combination of tylose-EEM and klucel G-EEM.</p> <p>Acknowledgements We acknowledge the project APVV-19-0059 "Stainsaway - colored stains on historical papers: biological and chemical characterization coupled with removal solutions", which financed this study.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Zachytávání iontů kovů z odpadních vod biologickou imobilizací
Ing. Květa Koryčanová, Ph.D.
Univerzita Pardubice, Fakulta chemicko-technologická, Katedra biologických a biochemických věd
Ing. Jiří Palarčík, Ph.D.
Univerzita Pardubice, Fakulta chemicko-technologická, Ústav environmentálního a chemického inženýrství
<p>V důsledku průmyslové činnosti roste znečištění povrchových vod a stává se jedním z největších problémů současné doby. Četné organické a anorganické sloučeniny jsou přímo vypouštěny do vodních toků a jejich znečištěním se zhoršuje kvalita vodních ekosystémů i ekosystémů v jejich okolí.</p> <p>Cílem této studie bylo najít a otestovat vhodné typy mikroorganismů pro optimální fungování reaktorového systému s názvem LITHIM. Ten je určen k biologické imobilizaci těžkých kovů v průmyslových odpadních vodách a jeho principem je využití metabolických produktů mikroorganismů jako srážecího činidla.</p> <p>Systém se skládá ze tří kolonových modulů se specifickými funkcemi. První modul obsahuje bakteriální biofilm <i>Bacillus subtilis</i> na vhodném porézním nosiči a slouží k vytvoření optimálních podmínek pro růst bakterií <i>Desulfobacter hydrogenophilus</i> a <i>Desulfovibrio vulgaris</i> v druhém modulu. Tyto síran redukující bakterie produkují sulfidy, které se využívají ve třetím modulu ke srážení toxických prvků (těžkých kovů) z odpadních vod.</p> <p>Byly provedeny experimenty s modelovými odpadními vodami uměle kontaminovanými těžkými kovy. Vstupní koncentrace kovových iontů byly: 46,16 mg/l Pb²⁺, 50,82 mg/l Zn²⁺ a 42,73 mg/l Ni²⁺. Účinnost odstranění těžkých kovů se pohybovala v rozmezí 91 – 97 %.</p> <p>Princip této technologie bude možné využít v oblasti nízkonákladového čištění odpadních vod znečištěných kovovými ionty, jako jsou vody z těžby rud, zpracování kovů nebo staré ekologické zátěže.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Endophytic actinobacteria isolated from maize grown in soil polluted with micropollutants
Ing. Lucie Kotrbová
Institute of Soil Biology, Biology Centre of the Czech Academy of Sciences, Na Sádkách 7, 370 05, České Budějovice, Czech Republic Faculty of Science, University of South Bohemia in České Budějovice, Branišovská 1645/31a, 370 05, České Budějovice, Czech Republic
Chroňáková Alica ¹ , Lara Ana Catalina ¹ , Grabič Roman ² , Kodešová Radka ³
¹ Institute of Soil Biology, Biology Centre of the Czech Academy of Sciences, Na Sádkách 7, 370 05, České Budějovice, Czech Republic ² Laboratory of Environmental Chemistry, Faculty of Fishery and Protection of Waters, University of South Bohemia, 389 25, Vodňany, Czech Republic ³ Department of Soil Science and Soil Protection, Faculty of Agrobiological Sciences and Food and Natural Resources, Czech University of Life Science, 165 00, Praha, Czech Republic
Introduction Wastewater treatment plant (WWTP) products (reclaimed wastewater and sludge) are reused for irrigation of agricultural soil and for fertilization of fields. Since WWTP products are known to be contaminated with micropollutants (drug residues, pesticides, daily-care products, microplastics) the vegetable grown on such soils is discussed as a source of antibiotic resistant microorganisms, that can directly enter the human gastrointestinal tract. However, contrary to possible risks, endophytic bacteria are speculated as one of the factors contributing to dissipation of micropollutants.
Aim We aimed to isolate endophytic actinobacteria from vegetable grown in soil polluted with micropollutants and explore their antibiotic susceptibility (AS) profiles <i>in vitro</i> .
Methods Endophytic and rhizosphere actinobacteria were isolated from roots of maize grown in plot-scale experiment performed in wastewater treatment plant Hrdějovice near České Budějovice (soil amended with sludge, composted sludge, or irrigated with reclaimed wastewater). Disk diffusion method were used for AS testing.
Results During optimization of surface sterilization protocol, we isolated 18 endophytic actinobacteria and, in addition, 15 actinobacteria, whose origin, either as rhizosphere or endophytic bacteria, cannot be determined. We identified 18 different morphotypes. AS results will be discussed.
Conclusion Isolates will be further tested for biodegradation of selected micropollutant.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Novel <i>Rothia</i> species associated with Antarctic birds
Ing. Mgr. Vendula Koublová
Department of Experimental Biology, Czech Collection of Microorganisms, Faculty of Science, Masaryk University
Koudelková Sylva ¹ , Králová Stanislava ^{1,2} , Sedláček Ivo ¹ , Švec Pavel ¹
¹ Department of Experimental Biology, Czech Collection of Microorganisms, Faculty of Science, Masaryk University ² Division of Microbial Ecology, Centre for Microbiology and Environmental Systems Science, University of Vienna, Vienna, Austria
<p>Our long-term study focuses on the culturable bacteria associated with Antarctic birds. The samples studied were collected in the Antarctic Peninsula region. Among the strains isolated from penguin oral cavity swabs and various bird faeces samples, we identified two groups of presumably novel <i>Rothia</i> spp.</p> <p>An initial genotypic screening of the strains was performed by repetitive element-based PCR (rep-PCR) using (GTG)₅ and REP primers. Selected strains representing the resulting clusters were initially identified based on the 16S rRNA gene sequence and subsequently characterised by whole genome sequencing to compare them with already known <i>Rothia</i> species. For this purpose, the whole genome relatedness index (OGRI) was determined using average nucleotide identity and digital DNA-DNA hybridisation calculations. Key biochemical features were characterised along with fatty acid methyl ester composition.</p> <p>Rep-PCR screening followed by 16S rRNA gene sequencing revealed two groups of isolates belonging to the genus <i>Rothia</i>. The closest matches to 16S rRNA genes of known <i>Rothia</i> species were 98.64–99.19% and 97.51–97.78% for the two groups, respectively, while 98.65% is the generally accepted threshold for delineating new bacterial species. The novelty of analysed isolates was also confirmed by the low OGRI values between the compared genomes, and the phenotype test results were also in agreement with the genomic findings. Based on the data obtained, we conclude that the two groups of strains represent novel species within the genus <i>Rothia</i>.</p> <p><i>This work was supported by project LM2015078.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Nabídka České sbírky mikroorganismů
Ing. Sylva Koudelková, Ph.D.
Ústav experimentální biologie, Česká sbírka mikroorganismů, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Kamenice 5, 625 00 Brno, Česká republika
<p>Česká sbírka mikroorganismů (CCM) má statut národní sbírky pro dodávání referenčních kultur mikroorganismů. Již téměř 60 let spolupracuje s českými a zahraničními institucemi, vysokými školami a výzkumnými, diagnostickými a průmyslovými laboratořemi. Jako jediná má v ČR statut mezinárodního místa pro ukládání patentových kultur dle Budapešťské smlouvy. Nabízí spolehlivé uložení kultur zákazníka s garancí zachování optimálních podmínek skladování. Svoji úroveň dokládá od roku 2006 certifikátem jakosti ISO 9001:2015. V roce 2019 se stala účastníkem Národního projektu konzervace a využívání genetických zdrojů.</p> <p>CCM uchovává více jak 3 400 kmenů bakterií, 800 kmenů vláknitých hub a 35 stafylokokových bakteriofágů s širokým spektrem užití. Pracoviště nabízí typové a referenční kultury, produkční kmeny a kultury degradující substráty. Nabízí 190 kontrolních kmenů k ověřování diagnostických testů, kontrol sterilizačních procesů, stanovení citlivosti k antimikrobiálním látkám, kontrolu kvality kultivačních médií, buněčných přípravků apod. Bakteriální kmeny jsou dodávány v lyofilizované formě ve skleněné ampuli nebo ve formě želatinových disků, které jsou využívány hlavně pro rutinní potřebu. Vybraných 8 referenčních kmenů je nabízeno ve formě disků s definovanou hodnotou CFU. Dle požadavků rozšiřuje svoji nabídku. Zkušenosti s kultivací bakterií a vláknitých hub uplatňuje při výuce studentů MU, v poradenství oboru taxonomie a při identifikaci fenotypovými, genetickými a chemo-taxonickými metodami.</p> <p><i>Vzniklo za finanční podpory z hospodářské činnosti České sbírky mikroorganismů.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Biodiverzita mikroskopických hub osídlujících horniny ostrova Jamese Rosse

Ing. Monika Laichmanová, Ph.D.

Ústav experimentální biologie, Česká sbírka mikroorganismů, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita

Antarktida představuje unikátní prostředí vhodné pro studium extremotolerantních mikroorganismů, mezi něž patří také melanizované mikroskopické houby osídlující horniny (RIF, z angl. rock-inhabiting fungi). Schopnost RIF přežít v extrémních podmínkách je dána jejich morfoloogicko-fyziologickými vlastnostmi, mezi něž patří tvorba mikrokolonií, vysoký obsah melaninu v buňkách či schopnost meristemického růstu.

V rámci mikrobiologického výzkumu Antarktidy bylo z úlomků skal odebraných během polárních expedic 2018 – 2020 na odledněné části ostrova Jamese Rosse izolováno 54 kmenů RIF, které byly charakterizovány pomocí morfoloogických znaků a analýzy sekvencí mezerníků v genech pro ribozomální DNA (ITS).

Výsledky ukázaly, že většina izolátů náležela do třídy *Dothideomycetes*, kde bylo 41 kmenů zařazeno do čeledí *Teratosphaeriaceae* a *Extremaceae* z řádu *Mycosphaerellales*. Další izoláty z třídy *Dothideomycetes* byly příbuzné druhům z řádů *Cladosporiales* (4 kmeny), *Dothideales* (2) a *Pleosporales* (1). Zbývající izoláty byly zařazeny do řádu *Chaetothyriales* (4) třídy *Eurotiomycetes* a do řádu *Lichenostigmatales* (2) třídy *Arthoniomycetes*. Více jak polovinu studovaných izolátů bylo možné na základě morfoloogických znaků a vysoké podobnosti sekvencí ITS s referenčními sekvencemi spolehlivě identifikovat na úroveň rodu (21) či druhu (7).

Výsledky této studie ukazují, že melanizované mikroskopické houby osídlující horniny Jamese Rosse jsou polyfyletickou skupinou organismů s dominancí v třídě *Dothideomycetes*, přičemž velká část izolátů pravděpodobně představuje doposud nepopsané druhy či rody.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

<i>Escherichia coli</i> rezistentní k širokospektrým cefalosporinům v odpadních vodách: sledování cest přenosu s využitím celogenomového sekvenování
Mgr. Jarmila Laušová ^{1,2}
¹ Středoevropský technologický institut, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká Republika ² Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká Republika
Iva Sukkar ¹ , Lenka Davidová Geržová ¹ , Lucie Nechutná ^{3,4} , Kateřina Vlková ^{3,4} , Kateřina Chudějová ^{3,4} , Monika Dolejšká ^{1,2,4,5}
¹ Středoevropský technologický institut, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká Republika ² Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, Brno, Česká Republika ³ Ústav mikrobiologie, Fakultní nemocnice Plzeň, Plzeň, Česká Republika ⁴ Biomedicínské centrum, Lékařská fakulta v Plzni, Univerzita Karlova, Plzeň, Česká Republika ⁵ Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Ústav laboratorní medicíny, Fakultní nemocnice Brno, Brno Česká Republika
Nadužívání antibiotik v nemocnicích a komunitě vede k nárůstu bakterií rezistentních k antibiotikům (ARB). Odpadní vody zpracované v čistírnách odpadních vod (ČOV) představují významné zdroje ARB pro životní prostředí. Cílem této studie bylo prozkoumat cesty šíření <i>E. coli</i> z nemocnic od pacientů, přes odpadní vody do povrchových vod. Selektivní kultivací na půdě s cefotaximem bylo ve dvou termínech a ze dvou lokalit získáno celkem 411 izolátů <i>E. coli</i> z pacientů (n=82), nemocniční odpadní vody (n=74), přítoku (n=95) a odtoku (n=106) ČOV a řeky nad (n=23) a pod (n=31) ČOV. U všech izolátů byla stanovena citlivost k 24 antibiotikům, vyšetřena produkce širokospektré beta-laktamázy (ESBL) a provedeno celogenomové sekvenování. Většina izolátů vykazovala multirezistentní fenotyp (60 %) a všechny izoláty byly rezistentní k beta-laktamovým antibiotikům. Produkce ESBL byla detekována u většiny izolátů (94 %) a byla kódována zejména geny <i>bla</i> _{CTX-M-1} , <i>bla</i> _{CTX-M-14} , <i>bla</i> _{CTX-M-15} a <i>bla</i> _{CTX-M-27} . Dále byla pozorována rezistence k tetracyklinu (53 %) kódovaná zejména genem <i>tet(A)</i> , k ciprofloxacinu (43 %) kódována genem <i>aac(6)-Ib-cr</i> a gentamycinu (28 %) kódována genem <i>aac(3)-IIa</i> . Bylo identifikováno 76 různých sekvenčních typů (ST), ale významně dominovali extraintestinální patogenní linie ST131 (n=81), ST38 (n=61), ST69 (n=39) a ST10 (n=33) nejen u pacientů, ale i v odpadní vodě a řece pod ČOV. Výsledky této studie ukazují na význam nemocničních a komunálních odpadních vod v šíření rezistentní a patogenní <i>E. coli</i> do životního prostředí. <i>Financováno z NU20J-09-00040 a 210/2022/FVHE.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Ekologická izolace polyhydroxyalkanoátů z extrémofilních bakterií
Ing. Ivana Nováčková
Ústav chemie potravin a biotechnologií, Fakulta chemická, Vysoké učení technické v Brně
Kouřilová Xenie ¹ , Mrázová Kateřina ² , Sedláček Petr ¹ , Obruča Stanislav ¹
¹ Fakulta chemická, Vysoké učení technické v Brně ² Ústav přístrojové techniky akademie věd ČR, Brno
<p>Polyhydroxyalkanoáty (PHA) představují biodegradabilní alternativu k tradičním petrochemickým plastům. Zatímco lidé využívají výhodných mechanických vlastností těchto materiálů, mikroorganismy schopné jejich akumulace mají zvýšenou robusnost a tím i odolnost vůči řadě stresorů. Produkce PHA může proto představovat jeden z adaptivních mechanismů extrémofilů na jejich přirozené prostředí.</p> <p>Pro experimenty byly vybrány dva extrémofilní kmeny, a to halofilní bakterie <i>Halomonas halophila</i> (CCM 3662) a termofilní <i>Schlegelella thermodepolymerans</i> (DSM 15344). Biotechnologická výroba PHA s využitím extrémofilů v rámci konceptu průmyslové biotechnologie nové generace (NGIB) přináší do celého procesu řadu výhod s ohledem na požadavky na sterilitu, kultivaci a také specifické možnosti procesu izolace PHA.</p> <p>Čistota vyizolovaného materiálu byly stanovována pomocí plynové chromatografie s FID detekcí a infračervené spektroskopie s Fourierovou transformací. Za účelem další charakterizace materiálu byla využita vylučovací chromatografie s detektorem rozptylu světla a elektronová mikroskopie.</p> <p>Kombinace hypotonického šoku, zvýšené teploty a detergentu SDS po optimalizaci jednotlivých parametrů izolačního procesu vedly u obou extrémofilních producentů k zisku PHB s čistotou vyšší než 90 hm. %.</p> <p>Unikátní vlastnosti vybraných extrémofilů lze tedy efektivně využít při ekologické a zároveň ekonomicky proveditelné izolaci PHA vysoké čistoty s možností následné recyklace zbytkového SDS.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Novel *Pseudomonas* species isolated from Antarctica

Mgr. Dana Nováková, Ph.D.¹

¹Department of Experimental Biology, Czech Collection of Microorganisms, Faculty of Science, Masaryk University, Kamenice 5, 625 00 Brno, Czech Republic

Vendula Koublová¹, Karel Sedlár^{2,3}, Pavel Švec¹, Eva Staňková¹, Ivo Sedláček¹

²Department of Biomedical Engineering, Faculty of Electrical Engineering and Communication, Brno University of Technology, Technická 12, 616 00 Brno, Czech Republic

³Department of Informatics, Ludwig-Maximilians-Universität München, Amalienstraße 17, 803 33 Munich, Germany

The genus *Pseudomonas* includes more than 290 validly named species inhabiting a variety of niches, including the inhospitable environment of Antarctica. This taxonomic study deals with investigation of four *Pseudomonas* strains isolated during research of the soil microbial diversity of James Ross Island. Initial genotypic screening of the environmental isolates was done using repetitive element sequence-based PCR fingerprinting with REP primers (REP-PCR). Selected strains were further characterised by sequencing of the 16S rRNA, *rpoD*, *rpoB* and *gyrB* genes and whole genome analysis. Phenotype was determined using conventional and commercial tests (APIZYM, API NE 20, Biolog kit) and susceptibility to antibiotics was tested using the disc diffusion method. The initial REP-PCR separated strains P2563^T, P2562, P2498 and P2647 isolated from stone fragments from all other isolates and reference *Pseudomonas* strains. Sequencing of the 16S rRNA gene revealed *Pseudomonas graminis* DSM 11363^T as their closest phylogenetic relative (99.7% similarity), which was also confirmed by sequence analysis of the *rpoD*, *rpoB* and *gyrB* genes. Subsequent comparison of the genome sequences of P2653^T and *P. graminis* DSM 11363^T revealed low values for both average nucleotide identity (92.1%) and digital DNA-DNA hybridisation (46.6%) calculations. All obtained results indicate that four isolates from Antarctica are representatives of a new *Pseudomonas* species.

This work was supported by project LM2015078.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Effect of warming on microbial biomass and enzymatic activity in tundra soil in Greenland

Mgr. Alžběta Novotná, Ph.D.

Institute of Microbiology of the CAS, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4 - Krč

Tosadori Gabriele, 1; Algora Camelia, 1; Voříšková Jana, 1

1, Institute of Microbiology of the CAS, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4 - Krč

Arctic tundra soils contain large stocks of organic matter, which is decomposed primarily via extracellular hydrolytic enzymes produced by soil microorganisms. However, climate change and increase of air temperatures in polar regions may result in higher rates of organic matter decomposition due to increased microbial activity. Currently, there is a limited knowledge of microbial biochemical processes in Arctic tundra soils which have been exposed to long-term warming. Our study investigates the 9-years-lasting warming effect on microbial biomass and potential soil enzymatic activity at two soil depths (0 - 3.5 cm and 3.5 - 7 cm) on Disko Island, Greenland. Climate change at the experimental site is simulated using open-top chambers and snow fences. Fungal and bacterial biomass was quantified using qPCR and ergosterol isolation. Potential activities of extracellular enzymes involved in degradation of various carbon, nitrogen and phosphorus compounds were measured using fluorometric and spectrophotometric assays. Data analysis revealed significantly greater fungal and bacterial biomass in the upper soil compared to the lower soil layer. The ergosterol content was significantly higher in the upper soil level as well. We observed trends showing higher activity of some enzymes, e.g. acid phosphatase and α -glucosidase, in soil exposed to long-term warming. Despite widely known negative influence of global warming in Arctic region, our study provides pioneering data of long-term soil warming experiment from so far not examined areas as Greenland.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Lytic properties of SLT domain from bacteriophage BFK20 tail protein

Mgr. Kristína Pápayová

Institute of Molecular Biology SAS, Dúbravská cesta 21, 845 51 Bratislava, SR

Lucia Bocánová¹, Mária Kajsiková¹, Gabriela Bukovská¹

¹Institute of Molecular Biology SAS, Dúbravská cesta 21, 845 51 Bratislava, SR

The primary function of the phage tail is the formation of the stable phage-host connection to enable transfer of phage DNA into the host cell. In adverse conditions the efficiency of infection is increased by partial peptidoglycan degradation caused by hydrolytic activity of phage tail proteins. Major tail protein of phage BFK20 – gp15 contains two protein domains: TMP (tape measure protein) and SLT (soluble lytic transglycosylase) domain. TMP domain determines the length of phage tail. SLT domains are involved in bacterial cell wall remodeling.

The aim of this study is to assess the lytic activity of recombinant proteins derived from gp15 which contain variable length of regions adjacent to the SLT domain. Using vector pET28a⁺ we have prepared six various constructs with SLT domain. Corresponding proteins were overexpressed in *E. coli* and purified by nickel-ion affinity chromatography. We tested the lytic activities of proteins using fluorescently labeled peptidoglycan substrate and Lysozyme activity kit.

The individual recombinant proteins were expressed with variable level of expression. The proteins SLT01, SLT02 and SLT05 were expressed in soluble form and with high yield. The proteins, SLT03, SLT04 and SLT06 were weakly expressed and with non sufficient purity. The lytic activity was determined for proteins SLT01 and SLT05.

In conclusion, we prepared recombinant SLT proteins derived from gp15 and we confirmed their lytic activities. The adjacent regions to the SLT domain could be responsible for the different properties of the individual recombinant proteins.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Targeted metagenomics sequencing (MinION) of the microbial community in a salt-contaminated twelfth century granite-built chapel
MSc. Jelena Pavlović
Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences, v.v.i., Dúbravská cesta 21, 845 51, Bratislava, Slovakia
Pilar Bosch-Roig ² , Magdalena Rusková ¹ , Matej Planý ¹ , Domenico Pangallo ¹ , Patricia Sanmartín ³
¹ Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences v.v.i., Dúbravská cesta 21, 845 51, Bratislava, Slovakia ² Instituto Universitario de Restauración del Patrimonio, Universitat Politècnica de València, 46022, Valencia, Spain ³ CRETUS, Universidade de Santiago de Compostela, Santiago de Compostela, Spain
<p>The presence of the irregular damp dark staining on a salt-contaminated twelfth century granite-built Cristo Chapel of The Santa María de Conxo Monastery complex was associated with a non-homogeneous distribution of salts and microbial communities. Targeted metagenomics of microbes inhabiting damp stains and environments with salts was utilized to identify and characterize the microbial community in several spots of the chapel. The total DNA was isolated from five stone samples from the monastery (IC3, IC4, IC6, IC7, IC9) and two soil samples from the outdoor surrounding (ICS1, ICS2), and amplified by specific PCR reactions. The archaeal and bacterial 16S rDNA, ITS, <i>nirK</i> (nitrite reductase), <i>dsr</i> (dissimilatory sulfite reductase), and <i>soxB</i> (sulfite oxidase) functional genes were amplified. Amplicons were used for library preparation using the transposome-based method and sequenced by Nanopore long-amplicon sequencing (MinION). Basecalling of the raw sequencing data was performed in real-time by MinKNOW software while demultiplexing and taxonomic classification were done using EPI2ME. After 48 h of two sequencing runs, a total of 3,537,353 reads (first run) and 9,480,778 reads (second run) were obtained, with a total yield of 3.8 and 12.2 Gbases, respectively. The achieved results showed a complete microbiota on the stonework of the Cristo Chapel comprising denitrifying, sulphate-reducing, and sulphate-oxidizing archaea (<i>Haloterrigena</i>, <i>Haloferax</i>, <i>Halorhabdus</i>, <i>Natronobacterium</i>) and bacteria (<i>Pseudomonas</i>, <i>Nostoc</i>, <i>Halogeometricum</i>), as well as fungi (<i>Laccaria</i>, <i>Wickerhamomyces</i>).</p> <p>Acknowledgments: <i>The authors acknowledge the project VEGA 2/099/2021 which financed this study.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Antibiofilm activity of poly(ϵ-caprolactone) nanocapsules loaded with essential oils for protection and disinfection whitewood and sandstone
Mgr. Magdaléna Rusková
Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 21, 845 51 Bratislava, Slovakia
Monika Hofbauerová ^{1,3} , Andrea Puškárová ² , Mária Bučková ² , Adriana Annusová ^{1,3} , Domenico Pangallo ²
¹ Institute of Physics, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, 845 11 Bratislava, Slovakia ² Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 21, 845 51 Bratislava, Slovakia ³ Center for Advanced Material Application, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, 845 11 Bratislava, Slovakia
<p>The stone and wood materials commonly undergo biodegradation. Essential oils (EOs) are suitable candidates for their protection and disinfection without the use of aggressive and toxic substances.</p> <p>This study was undertaken to determine the antibiofilm activities of oregano and thyme EOs encapsulated in poly(ϵ-caprolactone) nanocapsules (NCs) against 4 typical microbial agents responsible for biodeterioration (<i>Pleurotus eryngii</i>, <i>Purpureocillium lilacinum</i> (fungal strains) and <i>Pseudomonas vancoverensis</i>, <i>Flavobacterium sp.</i> (bacterial strains)).</p> <p>The overnight cultures were diluted to the final concentration of 2×10^5 CFU/mL (bacteria) and 2×10^5 spores/mL (fungi). 100 μL of microbial suspension was added to the microtiter plate. Dilutions of EO-NCs for bacteria were performed in media to the final concentration of 0.5 to 0.125 mg/mL and for fungi of 0.125 to 0.03 mg/mL. The bacterial plate was incubated for 24 h at 26°C. The fungal plate was incubated for 48 h at 26 °C. MTT assay was used for the quantification of bacterial biofilm measured at 540 nm. Quantification of fungal biofilm was performed by crystal violet assay. The results were read at 570 nm.</p> <p>The data of antibiofilm activity against all tested microorganisms revealed the biofilm inhibiting potential EO-NCs in the lowest tested concentrations.</p> <p>This study demonstrates the ability of EO-NCs to reduce bacterial and fungal biofilm growth and could be an ecological alternative for the protection and disinfection of building materials.</p> <p><i>This study was funded by VEGA project no. 0082.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Biosyntéza unikátních PHA kopolymerů termofilními bakteriemi rodu <i>Aneurinibacillus</i>
Ing. Veronika Řeháková
Ústav chemie potravin a biotechnologií, Fakulta chemická, Vysoké učení technické v Brně
Ing. Iva Pernicová, Ph.D. ¹ prof. Ing. Stanislav Obruča, Ph.D. ¹
¹ Ústav chemie potravin a biotechnologií, Fakulta chemická, Vysoké učení technické v Brně
<p>Kontaminace petrochemickými plasty je jedním ze stále narůstajících problémů dnešní doby. Jistou úlevu nabízí využití bakteriálních bioplastů, tzv. polyhydroxyalkanoátů (PHA). PHA jsou vhodnou alternativou k běžným plastům, ale navíc jsou biodegradabilní a biokompatibilní. Nejběžnějším PHA je poly(3-hydroxybutyrát), který je poměrně tuhý a křehký. Nicméně některé bakterie jsou schopny začleňovat i další monomery do řetězce PHA, což vede ke zlepšení mechanických a fyzikálních vlastností materiálu.</p> <p>Konkurenceschopnost PHA lze také zvýšit využitím extremofilních producentů. Pomocí originálního izolačního postupu byly získány nové termofilní bakterie produkující PHA, které byly na základě <i>16S rRNA</i> zařazeny k rodu <i>Aneurinibacillus</i>. Cílem této studie bylo otestovat jejich produkční rozmanitost. Pro produkci PHA kopolymerů byly využity specifické prekurzory (γ-valerolakton, γ-hexalakton, δ-valerolakton), které byly využívány samostatně (4 g/l) či v kombinaci s glycerolem (4+4 g/l).</p> <p>Bakterie prokázaly unikátní schopnost inkorporace celé řady zajímavých PHA monomerů do struktury PHA. Patří mezi ně např. 4-hydroxyvalerát (produkce až do 69,3 % z celkového obsahu PHA), 4-hydroxyhexanoát (až 31,9 %) a 5-hydroxyvalerát (až 47,1 %). Dále bylo zjištěno, že jsou produkované kopolymery ve srovnání s P(3HB) méně krystalické, a mohou tak vykazovat unikátní mechanické vlastnosti. Termofilní bakterie rodu <i>Aneurinibacillus</i> tak mohou být považovány za slibné producenty zajímavých PHA kopolymerů a jejich potenciál bude nadále zkoumán.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

<i>Enterobacter notothenii</i> sp. nov. from the fish intestine
prof. RNDr. Ivo Sedláček, CSc.
Česká sbírka mikroorganismů, Masarykova univerzita, Brno
Pavel Švec, Roman Pantůček, Stanislava Králová, Eva Staňková, Pavel Jurajda, Odrej Šedo
Ústav experimentální biologie, PřF, Masarykova univerzita, Brno Ústav biologie obratlovců, AV ČR, Brno Ceitec, PřF, Masarykova univerzita, Brno
<p>The bacterial flora of the gut contents of four Antarctic marine fish species <i>Notothenia coriiceps</i>, <i>Trematomus bernacchii</i>, <i>Trematomus hansonii</i>, and <i>Trematomus newnesi</i> has been investigated and members of the <i>Enterobacter cloacae</i> complex were studied in detail. In total, a set of 19 isolated strains was characterized by rep-PCR, automated ribotyping, extended phenotyping, MALDI-TOF MS, and fatty acids characterization. Based on preliminary identification, the 16S and <i>gyrB</i> sequencing supplemented with the whole genome sequencing of representatives were performed. Obtained results showed that the predominant bacterial species of <i>Enterobacter cloacae</i> complex represents the novel free-living species inhabiting the fish intestine (family Nototheniidae) and the new name <i>Enterobacter notothenii</i> sp. nov. was proposed.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

75 let od založení České národní sbírky typových kultur (CNCTC), historie a současnost

Mgr. Renáta Šafránková, Ph.D.

Česká národní sbírka typových kultur, Státní zdravotní ústav

Mgr. Petra Španělová¹

¹Česká národní sbírka typových kultur, Státní zdravotní ústav

V letošním roce uplyne 75 let od založení České národní sbírky typových kultur (CNCTC), která působí v rámci Centra epidemiologie a mikrobiologie ve Státním zdravotním ústavu v Praze.

CNCTC byla oficiálně ustanovena v r. 1947 jako centrální sbírka lokálních souborů kultur spravovaných jednotlivými národními referenčními laboratořemi, navázala na tradici sbírky kultur, založené v SZÚ na konci 20. let.

Prvním kurátorem byl doc. Juraj Strauss, za jehož působení byly do sbírky zařazeny typové kmeny získané ze zahraničních sbírek, zavedena jednotná dokumentace a evidence kultur a byly uplatněny moderní metody konzervace kmenů (lyofilizace).

Dalším kurátorem sbírky se stal dr. Jiří Šourek, který vedl sbírku přes 40 let a významně ji rozšířil až na 5000 kmenů.

Pod jeho vedením byla sbírka už s akronymem CNCTC registrována ve Světové federaci sbírek kultur (WFCC) a v Evropské organizaci sbírek kultur – European Culture Collections Organisation (ECCO).

Od roku 1999 vedla sbírku doc. MUDr. Helena Žemličková, Ph. D., sbírka získala statut Národní referenční laboratoře (NRL), byla provedena rozsáhlá revize sbírky (biochemické metody).

V roce 2014 sbírka předána Mgr. R. Šafránkové, Ph.D., pokračující revize sbírky pomocí moderních metod (MALDI-TOF MS, sekvenační analýza 16S rRNA, WGS..)

Souhrn činností/aktivit CNCTC:

- dlouhodobé uchovávání kultur včetně distribuce (prodej)
- příprava okruhu EHK – Bakteriologická diagnostika
- lyofilizace kultur na zakázku
- revizní a publikační činnost

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

What is the relationship between Synechocystis energy storage compounds?
Mgr. Zuzana Šedrlová
Fakulta chemická, Vysoké učení technické v Brně
Drinka Jakub ¹ , Obruča Stanislav ¹
1 Fakulta chemická, Vysoké učení technické v Brně
<p>Cyanobacteria are ecologically important phototrophic bacteria capable of oxygenic photosynthesis. Cyanobacteria synthesize many interesting metabolites such as glycogen, lipids, carotenoids or polyhydroxyalkanoates (PHA). Glycogen is the most common energy storage molecule in cyanobacteria followed by PHA, which serve primarily as carbon and energy source and occur in form of intracellular granules. PHA probably don't serve only as an energy source, but might help cyanobacteria to survive stress conditions, since increased PHA synthesis was observed during the cultivation under stress conditions. PHA are biodegradable, biocompatible with similar properties as petrochemical plastics.</p> <p>It has been reported that more than 70 % of carbon in PHA comes from glycogen, this turnover happens during darkness period. In this work we kept an eye on these two compounds in two cyanobacterial strains from <i>Synechocystis</i> family. PHA levels were analysed via GC-FID, glycogen levels via HPLC. It showed that not only darkness but also cultivation conditions affect the levels of both storage compounds. In the tube multicultivator where the gas exchange is more effective, the levels of compounds behaved as expected, on the other hand during cultivation in Erlenmeyer flasks the trend wasn't observed. Better understanding of metabolism of these energy storage compound could help to improve PHA production in cyanobacteria.</p> <p>Funding <i>This study was funded by GA1929651L, Zuzana Sedrlova is Brno Ph.D. Talent Scholarship Holder – Funded by the Brno City Municipality.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Evaluation of repetitive element sequence-based PCR fingerprinting, MALDI-TOF mass spectrometry and 16S rRNA gene sequencing for screening of non-fermenting Gram-negative bacteria isolated from Antarctica.

doc. RNDr. Pavel Švec, Ph.D.

Department of Experimental Biology, Czech Collection of Microorganisms, Faculty of Science, Masaryk University

Hýžová Blanka¹, Koublová Vendula¹, Šedo Ondřej², Sedláček Ivo¹

¹Department of Experimental Biology, Czech Collection of Microorganisms, Faculty of Science, Masaryk University

²Proteomics Core Facility, Central European Institute of Technology, Masaryk University

Introduction

The Antarctic environment is colonised by a great diversity of bacteria. Their reliable identification is the first step towards understanding their diversity, ecological role and potential use in biotechnology.

Objective

To evaluate repetitive element sequence-based PCR fingerprinting (rep-PCR), MALDI-TOF MS and 16S rRNA gene sequencing for screening of non-fermenting Gram-negative bacteria isolated from the Antarctic environment.

Methods

A total of 152 bacterial strains were characterised by rep-PCR fingerprinting using the primers REP and ERIC. Further analysis was performed with MALDI-TOF MS using an Ultraflexxtreme instrument (Bruker Daltonics). A group of 28 strains representing different rep-PCR clusters was characterised by sequencing of the 16S rRNA gene.

Results

Rep-PCR with the primer REP grouped 42 strains into 18 clusters, while the primer ERIC grouped 54 strains into 22 clusters. The remaining strains had unique fingerprints. MALDI-TOF MS identified 24 strains to the species level and 43 to the genus level. Further application of 16S rRNA gene sequencing enabled the identification of a total of 95 strains, that could be assigned to the genera *Sphingomonas*, *Brevundimonas*, *Pedobacter*, *Pseudomonas*, *Flavobacterium*, *Psychrobacter*, *Halpernia*, *Chryseobacterium* and *Massilia*. Of these strains, 13 could be reliably identified to species level.

Conclusions

The combination of rep-PCR, MALDI-TOF MS and 16S rRNA gene sequencing is suitable for the taxonomic characterisation of non-fermenting Gram-negative bacteria from Antarctica.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Polarizační mikroskopie použitá ke studiu perifytonu (mikrobiomu) vláknitých řas

RNDr. Zdeněk Žižka, DrSc.

Mikrobiologický ústav Akademie věd ČR, v.v.i., Praha

Mikrobiomy patří mezi velmi důležitá společenstva organismů rostoucích jak v přírodních podmínkách, tak i na technických zařízeních, ale i uvnitř živočichů včetně člověka. V této práci byla ke studiu perifytonu rostoucímu na vláknitých řasách použita polarizační mikroskopie, popř. simultánně i s některými optickými technikami zvyšujícími kontrast obrazu v mikroskopu. Cílem práce bylo nalézt dvojlomné struktury ve vláknitých řasách a zejména v organech tvořících perifyton (sinice, zelené řasy a rozsivky). Materiál obsahující vláknité řasy s perifytonem na povrchu byl sbírán v obcích Sýkořice a Zbečno (ChKO Křivoklátsko). Objekty byly studovány v polarizačním mikroskopu LOMO MIN-8 Sankt Petersburg a v laboratorním mikroskopu Carl Zeiss Jena typu NfpK vybaveném základním tělesem InPh 160 s temným polem nebo barevným fázovým kontrastem a digitálním fotoaparátem DSLR Nikon D 70. Ve všech případech vykazovaly buněčné stěny hostitelských řas (rody *Cladophora*, *Vaucheria* a *Oedogonium*) velmi silný dvojlom. Naproti tomu stěny sinic rodů *Chamaesiphon* a *Pleurocapsa* se vyznačovaly slabším dvojlomem a téměř bez dvojlomu byly schránky rozsivek rodů *Eunotia* a *Synedra*. Obzvláště silný dvojlom vykazoval perifyton na řase rodu *Oedogonium* tvořený sinicemi rodu *Pleurocapsa* a rozsivkami rodů *Eunotia* a *Synedra* uloženými v mohutné vrstvě slizu obsahující dvojlomné krystaly. Polarizační mikroskopie nám dovoluje nejen stanovit dvojlom pozorovaných struktur, ale i částečně usuzovat na jejich chemické složení, popř. pravidelné uspořádání částic, tzv. tvarový dvojlom.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Nové MLST schéma pro <i>Enterococcus faecium</i> vycházející z dat získaných celogenomovým sekvenováním
Mgr. Matěj Bezdíček, Ph.D.
Interní hematologický a onkologická klinika, Fakultní nemocnice Brno, Brno, Česká republika
Nykrýnová Markéta ^{1,3} , Dufková Kristýna ^{1,2} , Hanslíková Jana ¹ , Lengerová Martina ^{1,2}
¹ Interní hematologický a onkologická klinika, Fakultní nemocnice Brno, Brno, Česká republika ² Interní hematologický a onkologická klinika, Lékařská fakulta, Masarykova univerzita, Brno, Česká republika ³ Ústav biomedicínského inženýrství, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, Vysoké učení technické v Brně, Brno, Česká republika
<p><i>Enterococcus faecium</i> je významným oportunním patogenem způsobujícím nozokomiální infekce. Nese přirozeně nízkou citlivost na široké spektrum antibiotik a také dochází k rychlému šíření vankomycin a linezolid rezistentních kmenů. Jedním ze způsobů, jak sledovat a kontrolovat šíření multirezistentních klonů je molekulární typizace. Současné <i>E. faecium</i> MLST schéma ovšem neodpovídá datům získaným z WGS, proto bylo cílem této studie navrhnout nové MLST schéma.</p> <p>V této studii bylo pomocí WGS typizováno 79 VRE izolovaných ve FN Brno. Pro validaci schématu bylo použito dalších 50 genomů z veřejné databáze. Variabilní úseky pro nové MLST schéma byly vyhledány kombinací programu Seqsphere+ a algoritmu využívajícího pro hledání variabilních úseků entropii slov.</p> <p>Bylo nalezeno 38 kandidátních úseků přítomných ve všech testovaných genomech. Pro všechny jejich existující kombinace byly vytvořeny fylogenetické stromy, které byly porovnány s clustery získanými WGS typizací. Kombinace 8 úseků o délce 400-700 bp nejpřesněji reflektující výsledky WGS byla použita pro nové MLST schéma. Pomocí něj bylo 129 testovaných kmenů rozděleno do 16 ST, oproti 6 ST původního schématu.</p> <p>I přes rychlý rozvoj celogenomového sekvenování, MLST zůstává zlatým standardem typizace umožňující sledování epidemiologické situace a šíření významných klonů na lokální i světové úrovni. V této studii jsme navrhli a validovali nové MLST schéma pro <i>E. faecium</i>, které vychází z celogenomových dat a odráží tak skutečnou genetickou podobnost testovaných kmenů.</p> <p><i>Tato studie byla podpořena granty FNBr,65269705 a NV19-09-00430.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Signaling events evoked by domain III of envelop glycoprotein of tick-borne encephalitis virus (TBEV) in human brain microvascular endothelial cells

RNDr. Katarína Bhide, PhD.

Laboratory of Biomedical Microbiology and Immunology, University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, Slovakia

Evelína Mochnáčová¹, Zuzana Tkáčová¹, Patrícia Petroušková¹, Amod Kulkarni^{1,2}, Mangesh Bhide^{1,2}

¹Laboratory of Biomedical Microbiology and Immunology, The University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, Slovakia, ²Institute of Neuroimmunology, Slovak Academy of Sciences, v.v.i., Bratislava, Slovakia

Introduction

Tick-borne encephalitis virus causes flu like symptoms and serious meningoencephalitis. The attachment of a virion, mediated by domain III (DIII) of glycoprotein E, to the cells of a neurovascular unit, initiates a series of events that help viral entry in to the CNS.

Aim

To uncover the post-attachment events elicited in BMEC by DIII.

Method

Fragment encoding DIII was PCR amplified (Hypr strain) and ligated into pQE-30 plasmid. DIII was overexpressed in *E.coli*. Primacy human BMECs were infected with recombinant DIII, mRNA was isolated and cDNA libraries for RNA-seq were prepared using QuantSeq3' mRNA-Seq Library Prep (Lexogen, Austria) and sequenced on Illumina NextSeq to a minimal depth 8 million reads per sample. STAR aligner was used to process Fastq files, aligned to reference genome (GRCh38) and generate gene counts. Differential gene expression analysis was carried out by R package edgeR. Results were validated with qRT-PCR.

Results

Analysis revealed significant alteration in expression of the genes involved in TAM receptor pathway and tight-junction integrity. Genes related to pro-inflammatory cytokines and chemokines, cell-adhesion molecules, and matrix metalloprotease (mainly ADAM17) were also evoked. TLR2 and MyD88 pathway was significantly activated. The dysregulation of IFN and IFN-induced genes was also observed.

Conclusion

Results suggest that the virus contact to the cell surface emanates a series of events in BMECs that may help in translocation of virus across BBB.

Study is supported by APVV-18-0259 and VEGA1/0105/19.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Biofilms of MRSA strains with over-expressed the <i>norA</i> gene remain sensitive to the photodynamic inactivation
Mgr. Katarína Bilská
Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Department of Microbiology and Virology, Ilkovičova 6, 84215, Bratislava, Slovakia
<i>Nitin Chandra teja Dadi¹, Helena Bujdáková¹</i>
¹ Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Department of Microbiology and Virology, Ilkovičova 6, 84215, Bratislava, Slovakia.
<p><i>Staphylococcus aureus</i> relates to a multi-resistant phenomenon and can form strong biofilms, commonly connected with medical devices. Treatment of biofilm formed by methicillin-resistant <i>S. aureus</i> (MRSA) is difficult. Photodynamic inactivation (PDI) seems to be promised approach for the eradication of biofilms.</p> <p>The study analyzed the effectiveness of PDI on MRSA strains with active efflux pumps and the expression of the <i>norA</i> gene during PDI.</p> <p>Resistance of MRSA strains on oxacillin was assessed by the microdilution method (EUCAST 2021). The activity of efflux pumps was evaluated by the ethidium bromide agar screening method and the expression of the <i>norA</i> gene was confirmed by RT-PCR. The effectiveness of PDI was tested using 24h biofilm of MRSA on polyurethane membranes modified with a layered saponite functionalized with photosensitizer phloxine B (PhB) (0.05 mmol) and evaluated by counting CFU/mL. The control sample was polyurethane membranes without modification. One of the samples with PhB was irradiated with a green laser for 2 min.</p> <p>Results show resistance of isolates S61, L12, and L18 to oxacillin (MIC>64 mg/L), while the strain CCM3953 is sensitive. Results show significantly over-expression of efflux pump <i>NorA</i> in strains S61 and L12. Membranes with PhB, in combination with PDI, a 4 x <i>log</i>₁₀ reduction achieved.</p> <p>This approach crucially inhibits the number of CFU in biofilms, even though efflux pump <i>norA</i> is over-expressed during PDI. Significantly increased expression of the efflux pump <i>NorA</i> does not affect the effectiveness of PDI.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Výskyt MSSA/MRSA na sliznici nosu u studentů před započítím klinické výuky a v prostředí lékařské fakulty

Mgr. Kristýna Brodíková

Ústav veřejného zdraví - Lékařská fakulta, Masarykova univerzita

MUDr. Bohdana Rezková, Ph.D.¹, doc. MVDr. Renata Karpíšková, Ph.D.¹

¹Ústav veřejného zdraví - Lékařská fakulta, Masarykova univerzita

Staphylococcus aureus se běžně vyskytuje u lidí, zvířat, v potravinách i v prostředí. Jeho dlouhodobá kolonizace nosní sliznice se uvádí u 20-30% dospělých osob. Problematické je nosičství zejména u zdravotníků, kteří se tak stávají potenciálním zdrojem infekce pro své pacienty. Zároveň jsou zdravotníci více exponováni rezistentním kmenům. Obdobně, i když v menší míře, platí tato rizika i pro studenty lékařských fakult.

Cílem práce bylo zjistit výskyt MSSA/MRSA na sliznici nosu u studentů medicíny 3. ročníku a v prostředí univerzitního kampusu a porovnat charakteristiky získaných kmenů.

Stěry z nosní dutiny a prostředí byly pomnoženy v bujónu a vyočkovány na média B-P a Chromatic™ MRSA agar. Současně byl u studentů odebrán i otisk palce a ukazováku na medium B-P. Suspektní kolonie byly identifikovány metodou PCR (Martineau et al. 1996). U izolátů *S. aureus* byla sledována schopnost produkce enterotoxinů, exfoliativních toxinů (ETA a ETB), TSST-1, Pantonova-Valentinova leukocidinu a rezistence k antibiotikům.

Celkem bylo odebráno 104 stěrů a otisků od studentů a 132 stěrů z prostředí kampusu. Nález *S. aureus* na sliznici nosu byl zjištěn u 47 osob (45,2 %) a otisku u 11 osob (10,6 %). Z prostředí bylo získáno 107 (81,1 %) kmenů MSSA. Rezistence k metilcinu nebyla zjištěna u žádného ze získaných kmenů od studentů, naopak z prostředí se podařilo zachytit dva kmeny MRSA (víko odpadního koše a madlo dveří).

U studentů byla prevalence výskytu *S. aureus* vyšší, než se běžně udává pro dospělou populaci. V prostředí se vyskytovala místa (kliky dveří toalet a koridoru fakulty, víko odpadkového koše), která byla osídlena častěji než jiná.

Podpořeno projektem MUNI/A/1402/2021

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Možnosti využitia rodu <i>Lactobacillus</i> v cielej terapii
Daniel Diabelko
Mikrobiologický ústav LF MU a FN u sv. Anny v Brně
Růžička Filip ¹ , Holá Veronika ¹
Mikrobiologický ústav LF MU a FN u sv. Anny v Brně ¹
<p>V súčasnej dobe stále vzrastajúcej rezistencie, ktorá obmedzuje, až znemožňuje adekvátnu liečbu pacienta začínajú nadobúdať antimikrobiálne látky na význame. Ideálnym kandidátom, ktorý produkuje antimikrobiálne látky je rod <i>Lactobacillus</i>. Ich bakteriocíny majú preukázaný účinok na G+ aj G- baktérie. Z tohto dôvodu boli pre nás vhodným kandidátom na otestovanie využiteľnosti ich antimikrobiálnych vlastností pre cieleňú terapiu.</p> <p>Náš cieľ bol otestovať sériu rôznych kmeňov rodu <i>Lactobacillus</i> a zistiť, či majú inhibičný účinok proti <i>Streptococcus mutans</i> a <i>Porphyromonas gingivalis</i>.</p> <p>Pripravili sme si tekuté kultúry z kmeňov rodu <i>Lactobacillus</i>, s ktorých sme následne opakovaným zmrazovaním a prefiltrovaním na záver pripravili lyzáty. Tie sme aplikovali do jamiek vyrazených do tuhej pôdy, na ktorú sme nainokulovali <i>S. mutans</i> alebo <i>P. gingivalis</i>. Výsledky sme hodnotili podľa priemeru inhibičnej zóny.</p> <p>Pozorovali sme, že niektoré kmene rodu <i>Lactobacillus</i> majú pomerne významný inhibičný účinok. Pri kmeňoch, ktoré mali najväčšie inhibičné zóny proti <i>S. mutans</i>, sme pozorovali nižší inhibičný účinok na <i>P. gingivalis</i> a vice versa. Toto zistenie podporilo myšlienku cielej antimikrobiálnej terapie, ktorá by sa dala korigovať podľa zvoleného kmeňa <i>Lactobacillus</i>.</p> <p>Do budúca by sme chceli pokračovať s projektom a rozšíriť ho o ďalšie rody G+ aj G- baktérií a zaradiť medzi nich aj rezistentné kmene.</p> <p><i>Podporené NU22-05-00110 a MUNI/A/1291/2021.</i></p>

NÁZEV PRÁCE**AUTOR**

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

INOVATIVNÉ PRÍSTUPY VO VÝUKE LEKÁRSKEJ MIKROBIOLÓGIE U ŠTUDENTOV VŠEOBECNÉHO A ZUBNÉHO LEKÁRSTVA

Mgr. HANA DIBALOVÁ, PhD.

MIKROBIOLOGICKÝ ÚSTAV, LEKÁRSKA FAKULTA UNIVERZITA KOMENSKÉHO V BRATISLAVE A UNIVERZITNÁ NEMOCNICA BRATISLAVA

Spoločnosť 21. storočia sa významne odlišuje od predchádzajúcich spoločností vo viacerých aspektoch, ktoré formujú požiadavky na budúcich lekárov: potrebu logicky triediť neustále pribúdajúce nové informácie, kriticky zvažovať informácie zo zverejnených kauzistik a klinických štúdií, sledovať pokroky v diagnostických technikách a terapeutických prístupoch. Je nevyhnutné, aby na tieto zmeny reagovala aj didaktika lekárskej mikrobiológie a umožnila študentom rozvoj príslušných zručností. Na základe zozbieraných informácií o častých chybách, nejasnostiach a fatálnych diagnostických omyloch študentov sme sa rozhodli pripraviť študijnú pomôcku vo forme interaktívnych otázok s odpoveďami vrátane krátkych a výstižných vysvetlení v zmysle „prečo áno“ a „prečo nie“. Pomôcka by mala podobu webovej aplikácie spúšťanej z CD nosiča. Interaktívna pomôcka si kladie za cieľ hravou a nenútenou formou poukazovať na dôležité rozdiely a logické súvislosti medzi mikrobiálnymi patogénmi, infekčným procesom, ktorý vyvolávajú, limitmi v diagnostike a upozorniť na dôvody zlyhania nesprávne zvolenej antimikróbnej terapie. Súbor navrhovaných precvičovacích otázok poskytne študentom spätnú väzbu, ako dobre danej téme rozumejú a v neposlednom rade ich podporí, aby sami sebe kládli otázky. V prípade zaznamenaného úspechu u testovacej vzorky študentov, uvažujeme nad mobilnou aplikáciou, ktorá by bola po aktivácii študentom neobmedzene k dispozícii nezávisle na čase a mieste (cestovanie, čakanie na výuku a podobne).

Práca vznikla s podporou projektu KEGA 002UK-4/2022.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Príprava fágových koktailov zacielených na uropatogénne kmene <i>Escherichia coli</i>
doc. RNDr. Hana Drahovská, PhD.
Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra molekulárnej biológie, Mlynská dolina, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovenská republika
Markusková Barbora ² , Andrežál Michal ¹
¹ Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra molekulárnej biológie, Mlynská dolina, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovenská republika ² Univerzita Komenského v Bratislave, Vedecký park, Mlynská dolina, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovenská republika
<p>Infekcie močového traktu sú jedny z najčastejšie sa vyskytujúcich infekčných ochorení. Veľmi častým pôvodcom sú uropatogénne kmene <i>Escherichia coli</i> (UPEC), ktoré sú zodpovedné za 80% všetkých prípadov. Infekcie sú bežne liečené antibiotikami, ale problémom je narastajúci výskyt rezistentných baktérií. Jednou z alternatívnych možností liečby je fágová terapia. Pre zvýšenie hostiteľského spektra a pre zníženie pravdepodobnosti vzniku fág-rezistentných kmeňov baktérií sa pri terapii najčastejšie využívajú koktaily zložené z viacerých fágov.</p> <p>Cieľom predkladanej práce bola izolácia a charakterizácia bakteriofágov infikujúcich kmene UPEC a testovanie ich účinnosti v tekutej kultúre a v biofilme.</p> <p>Bakteriofágy sme izolovali z odpadovej vody. Hostiteľskú špecifickosť fágov sme stanovili na paneli 80 klinických kmeňov <i>E. coli</i>. Fágové aj bakteriálne genómy sme charakterizovali pomocou next-gen sekvenovania.</p> <p>Izolovali sme 17 bakteriofágov, ktoré boli zaradené do čeľadí <i>Myoviridae</i>, <i>Siphoviridae</i>, <i>Drexlerviridae</i>, <i>Autographiviridae</i> a <i>Podoviridae</i>. Zistili sme, že až 81% kmeňov bolo citlivých na infekciu aspoň jedným fágom, pričom fágy infikovali predovšetkým kmene fyloskupiny B2 a D. Najširší okruh hostiteľov mali fágy čeľade <i>Myoviridae</i>. Fágový koktail zložený so šiestich fágov potvrdil dobrú účinnosť voči štyrom z piatich testovaných kmeňov v tekutom LB médiu aj v médiu umelého moču. Podobne sme pozorovali inhibičný efekt koktailu na tvorbu biofilmu, ale pri jeho degradácii nebola účinnosť taká výrazná.</p> <p>Získané poznatky bude možné využiť pri príprave koktailov na fágovú terapiu UTI.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Pregenomická RNA ako nový biomarker vírusovej hepatitídy B

RNDr. Martina DUBINOVÁ¹

¹Mikrobiologický ústav, Lekárska fakulta, Univerzita Komenského a Univerzitná nemocnica, Bratislava

Marek Straka¹, Ján Predný¹, Eva Struhárňanská², Martina Pečimonová², Andrea Verešpejová², Patrícia Denisa Lenártová³, Marián Oltman⁴, Tomáš Koller⁵, Stanislav Stuchlík², Adriána Liptáková¹, Pavol Kristian³

²Katedra molekulárnej biológie, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského, Bratislava

³Klinika infektológie a cestovnej medicíny, Lekárska fakulta Univerzity Pavla Jozefa Šafárika a Univerzitnej nemocnice L. Pasteura, Košice

⁴Hepatologická ambulacia, LAMA MEDICAL CARE s.r.o., Bratislava

⁵V. Interná klinika, Lekárska fakulta, Univerzita Komenského a Univerzitná nemocnica, Bratislava

Úvod

Vírusová hepatitída B je závažné, často chronicky prebiehajúce ochorenie. Indikácie na liečbu chronickej hepatitídy B ako aj jej prípadné ukončenie sa opierajú markery, ktoré sa však javia ako nedostatočné. Hepatocyty infikované HBV produkujú rôzne druhy HBV RNA, vrátane pregenomickej RNA (pgRNA). Častice obsahujúce HBV RNA sú prítomné v plazme u infikovaných jedincov a kvantifikácia tejto pgRNA môže byť klinicky užitočná v manažmente pacientov s chronickou hepatitídou B.

Cieľ

Cieľom práce bola kvantifikácia pgRNA u pacientov s chronickou hepatitídou B.

Metodika

Vzorky plazmy od pacientov s CHB boli odoberané na Klinike infektológie a cestovnej medicíny Univerzitnej nemocnice Louisa Pasteura v Košiciach. Do štúdie bolo zapojených 43 pacientov. Kvantita pgRNA bola stanovená metódou Real-time PCR s využitím vlastného kalibrátora vytvoreného *in house* metodikou.

Výsledky

HBV RNA bola stanovená vo vzorkách u 5 pacientov nasledovne: 5,26 log₁₀kópií pgRNA/mL plazmy; 6,83 log₁₀kópií pgRNA/mL plazmy; 6,24 log₁₀kópií pgRNA/mL plazmy; 7,92 log₁₀kópií pgRNA/mL plazmy a 6,11 log₁₀kópií pgRNA/mL plazmy. Pri zvyšných 38 vzorkách plazmy sa nepodarilo hladinu pgRNA metódou RT-PCR detegovať. Korelácia medzi HBV DNA a HBV pgRNA nebola signifikantná ($r = 0,212$; $p = 0,893$).

Záver

PgRNA ako nový biomarker nie je možné posudzovať samostatne, ale vždy v súvislosti s výsledkami ostatných sérologických a molekulovogenetických markerov a charakteristikou pacienta. HBV pgRNA na Slovensku doposiaľ nebola vyšetrovaná a získané výsledky sú prvé svojho druhu.

Práca bola podporená grantom APVV-18-0171.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

PAW (plasma activated water) a její potenciální využití v eliminaci patogenních bakterií
Jan Flodr
Mikrobiologický ústav LF MU a FN u sv. Anny v Brně
prof. MUDr. Filip Růžička Ph.D, doc. Mgr. Pavel Sťahel Ph.D.
Mikrobiologický ústav LF MU a FN u sv. Anny v Brně, Ústav fyzikální elektroniky – aplikovaná plazmochemie - PřF MU
<p>Využití Plazmou aktivované vody (PAW = Plasma activated water) bylo doposud velmi omezené z důvodu nemožnosti výroby jejího velkého množství. S novou technologií kombinace dvou fyzikálních jevů, hydrodynamické kavitace a výboje nízkoteplotního plazmatu, lze nyní vyrobit i větší, v praxi použitelné objemy od 1000 l do 100 000 l za hodinu. Další výhodou, kromě velkého vyrobeného objemu, je i cena samotné výroby. Díky obsahu reaktivních forem kyslíku – hlavně peroxidů, je její možné uplatnění v odstranění např. patogenních bakterií z vody.</p> <p>Cílem práce je ověření účinnosti PAW na vybraných bakteriálních kmenech z banky nebo multirezistentních kmenech přímo izolovaných z nemocničního prostředí.</p> <p>Každý jednotlivý čerstvý kmen byl jednu hodinu při pokojové teplotě inkubován v roztoku PAW a v původní vstupní kohoutkové nebo deionizované vodě, ze které byla samotná PAW vyrobena. Jednotlivé roztoky byly poté za pomoci ředící desítkové řady naneseny kapkovou metodou na agarové plotny a inkubovány 24 hodin při teplotě 37 °C. Poté byly na plotnách spočteny CFU (=colony forming units) a navzájem porovnány plotny testované a kontrolní.</p> <p>Vzhledem k časově dependentnímu snižování koncentrace reaktivních forem kyslíku v PAW byla zkoumána účinnost PAW v den její výroby a dále čtvrtý den poté. Výsledky zatím odpovídají předpokladům, že se časově snižuje i účinnost aplikované PAW.</p> <p>V jednotlivých opakováních se ověřila účinnost PAW na vybraných bakteriálních kmenech s velmi uspokojivými výsledky.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

T cell response to SARS-CoV-2 in Slovak households contact with COVID-19 patients
Mgr. Martina Havriško, PhD.
Centre for Microbiology and Infection Prevention, Department of Laboratory Medicine, Faculty of Health Care and Social Work, Trnava University, Trnava, Slovak Republic
Sokolová Jaroslava ^{1,2} , Blažíčková Stanislava ¹ , Prnová Janka ¹ , Majdan Marek ³ , Bražinová Alexandra ⁴
¹ Centre for Microbiology and Infection Prevention, Department of Laboratory Medicine, Faculty of Health Care and Social Work, Trnava University, Trnava, Slovak Republic ² Department of Hospital Hygiene and Epidemiology, University Hospital Trnava, Slovak Republic ³ Department of Public Health, Faculty of Health Care and Social Work, Trnava University, Trnava, Slovak Republic ⁴ Department of Epidemiology, Faculty of Medicine, Comenius University, Bratislava, Slovak Republic
Introduction The SARS-CoV-2 infection leads to the activation of innate immunity and dendritic cells, which results in virus-specific T and B cells. T cells play a central role in the response and defense against SARS-CoV-2.
Objectives Assessment of the secondary attack rate (SAR) within Slovak households and determine the antibody levels and T-lymphocytes response.
Methods The study conducted 206 participants (47% of men and 53% of women) divided into 4 groups: vaccinated with COVID-19 (N=51), vaccinated without COVID-19 (N=53), not vaccinated with COVID-19 (N=52), not vaccinated without COVID-19 (N=50). T cell response was detected using the T-SPOT.COVID test (Oxford Immunotec). The antibody immune response was detected by the ECLIA method (Roche).
Results Overall 35% (N=73) participants have negative T-lymphocytes response. Nonreactivity in T-SPOT.COVID was not significantly associated with vaccine status, overcoming COVID-19, age, gender or comorbidities in the participants. In the group of not vaccinated without COVID-19, T-SPOT.COVID reactivity was 5% (N=11) probably due to cross-reactions with seasonal coronaviruses or close contact with COVID-19 positive persons.
Conclusion Assesment of T-cell responses may improve population-based estimations of SARS-CoV-2 infections. The examination of cellular immunity is a complementary method that have application in sero-epidemiological surveys.
<i>The project was supported by the APVV grant no. PP-COVID-20-0102.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Multirezistentné kmene <i>Escherichia coli</i> izolované od pacientov z Univerzitetnej nemocnice Bratislava
Mgr. Zuzana Hubenáková, PhD.
Mikrobiologický ústav LFUK a UNB
MUDr. Ján Koreň, PhD.
Mikrobiologický ústav LFUK a UNB
Úvod Alarmujúcim problémom globálneho významu v súčasnosti je neustále narastajúci počet multirezistentných (MDR) kmeňov ako napr. <i>Escherichia coli</i> najmä v zdravotníckych zariadeniach.
Cieľ Cieľom práce bolo určiť počet MDR <i>E. coli</i> podľa veku, zastúpenia v rôznych klinických materiáloch, podľa hospitalizácie pacientov v UNB, v období rokov 2017-2019 ako aj stanoviť ich citlivosť na 22 vybraných antimikrobiálnych látok.
Metodika Testované vzorky odobraté od pacientov boli biochemickými testami druhovo identifikované ako kmene <i>E. coli</i> , u ktorých bol následne fenotypovými metódami stanovený typ produkovanej β-laktamázy a tiež ich citlivosť na antibiotiká.
Výsledky Z celkového počtu 371 MDR nozokomiálnych <i>E. coli</i> , sa infekcia vyskytla u 335 (90,3 %) pacientov a 36 (9,7 %) nosičov bolo nimi kolonizovaných. 364 (98 %) <i>E. coli</i> produkovalo β-laktamázu typu ESBL a zvyšných 7 (2 %) AmpC β-laktamázu. Najviac kmeňov sa potvrdilo u 80-89 ročných pacientov, 158 (42,6 %). Najväčšia prítomnosť MDR <i>E. coli</i> bola v moči, 238 vzoriek (64,2 %). Najviac infekcií/kolonizácií bolo zistených u 201 (54,2 %) pacientov hospitalizovaných na 1. internej klinike (Nemocnica Staré Mesto). Najvyššia miera rezistencie bola na ampicilín/sulbaktám (76,8 %), cefuroxím (98,8 %), cefotaxím (98,2 %), ceftazidím (78,9 %), cefepím (83,4 %), ciprofloxacín (93,7 %), tetracyklín (64,7 %) a kotrimoxazol (75,5 %).
Záver Podľa frekvencie MDR <i>E. coli</i> v moči sa potvrdilo, že je u pacientov najčastejším pôvodcom uroinfekcií. Vyšší pokročilý vek je významným rizikovým faktorom pre vznik nozokomiálnej infekcie a vysoká rezistencia na uvedené antibiotiká poukazuje na ich príliš časté empirické podávanie v klinickej praxi.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Antimicrobial potencial of the phage endolysin EN572-5 against multidrug resistant *S. agalactiae*

RNDr. Maria Kajsikova, PhD.

Institute of Molecular Biology SAS

Bukovska Gabriela¹

¹ Institute of Molecular Biology SAS

Streptococcus agalactiae (group B Streptococcus, GBS) is an opportunistic pathogen responsible for life threatening infections in neonates and in immunocompromised adults. The increasing antibiotic resistance is major problem in the treatment of GBS infections, and therefore phage-encoded endolysins have a great potential in eliminating this pathogen. Endolysins digest the peptidoglycan resulting in the release of progeny virions from the host bacteria. Purified endolysins can be used exogenously as antimicrobials. The aim of this work was to characterize *in vitro* the new endolysin EN572-5, as the potential biocontrol agent against *S. agalactiae* resistant to antibiotics. *In silico* analysis of EN572-5 showed that it consists of two catalytic domains (amidase_5, glucosaminidase) and cell wall binding domain (Cpl_7). The lytic activity of the endolysin was determined by measuring the decreases in the optical density of the cell suspension and by cell viability determination after the addition of endolysin. The lytic activity was determined to be optimal at pH 7. The thermostability test showed that EN572-5 retained its activity after a 30 min incubation at 4°C up to 37°C. The protein remained its activity even after 18 weeks of storage at 4°C. The spectrum of lytic activity was tested against 26 streptococcal human isolates with different serotype and sequence type and all isolates were susceptible to endolysin. In conclusion, our results indicated that endolysin EN572-5 can be considered as a candidate for a new antimicrobial agent to control *S. agalactiae* infections.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Photodynamic inactivation of *Galleria mellonella* larvae co-infected with *Candida albicans* and *Staphylococcus aureus*

Mgr. Samuel Kendra

Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Department of Microbiology and Virology, Ilkovičova 6, Bratislava 842 15, Slovakia

Štefánek Matúš¹, Dadi Nitin Chandra Teja¹, Bujdáková Helena¹

¹Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Department of Microbiology and Virology, Ilkovičova 6, Bratislava 842 15, Slovakia

The complexity of mixed-species infections has been a serious medical problem.

This work studied the antimicrobial effect of photodynamic inactivation (PDI) in combination with photosensitizer methylene blue (MB) and quorum sensing molecule farnesol (FAR), using an *in vivo* model - *Galleria mellonella* larvae (GML) co-infected with *Staphylococcus aureus* and *Candida albicans*.

In the first step, *in vivo* toxicity of MB, FAR and the effect of red light was evaluated. Afterward, GML were inoculated with different doses of pathogens to monitor the survival of single-species infection and the co-infection of both *C. albicans* SC5314 and *S. aureus* CCM3953. The survival of GML was determined and compared between infected/co-infected groups and the groups of individuals treated with either MB, MB irradiated with a red laser (PDI), or with the combination of MB-FAR and PDI.

The cytotoxicity of either MB, FAR, or red light *in vivo* has not been demonstrated. The optimal inocula for *C. albicans* and *S. aureus* were determined for 2.5×10^5 and 1×10^6 cells/larva, respectively. In co-infection, 5×10^4 and 6×10^5 cells/larva were tested for *C. albicans* and *S. aureus*, respectively. The highest therapeutic effect was achieved in the group of GML infected with *S. aureus* alone after PDI in combination with 0.5 mM MB and 150 μ M FAR with a 50% difference in survival between treated and untreated GML.

Co-infected GML did not respond well to the therapy, so this technique needs to be optimized to achieve improvement in the therapeutic effect.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Karbapeném-rezistentné <i>Klebsiella pneumoniae</i> - KRKP kmene a charakteristika ich sekvenčných typov
MUDr. Ján Koreň, PhD.
Mikrobiologický ústav Lekárskej fakulty Univerzity Komenského a Univerzitnej nemocnice Bratislava, Slovensko
Hubenáková Zuzana ¹⁾ , Záborská Magdaléna ¹⁾ , Liptáková Adriána ¹⁾ , Andrežál Michal ²⁾ , Drahovská Hana ²⁾ , Maliar Tibor ³⁾
¹⁾ Mikrobiologický ústav Lekárskej fakulty Univerzity Komenského a Univerzitnej nemocnice Bratislava, Slovensko ²⁾ Katedra molekulárnej biológie Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave, Slovensko ³⁾ Katedra biotechnológií Fakulty prírodných vied Univerzity sv. Cyrila a Metoda v Trnave, Slovensko
Úvod KRKP predstavuje naliehavú hrozbu pre verejné zdravotníctvo a podľa WHO je kľúčovou prioritou pri hľadaní nových riešení.
Cieľ Naším záujmom bolo zistiť výskyt KRKP patogénov vo vybraných zdravotníckych zariadeniach: <i>NSM</i> , <i>ŠGN</i> a <i>NR</i> – UNB. Stanovovali sme sekvenčné typy – ST, ich β -laktamázovú aktivitu, ako aj antimikrobiálnu rezistenciu.
Metódy Kmene boli izolované od pacientov z UNB. Detekcia mechanizmov rezistencie bola vykonaná na základe kritérií EUCAST. Následne kmene podstúpili <i>cgMLST</i> a testovanie citlivosti.
Výsledky Zo súboru 42 KRKP kmeňov, 28 (66,7%) pochádzalo z <i>NSM</i> , 11 (26,2%) zo <i>ŠGN</i> a 3 (7,1%) z <i>NR</i> . V <i>NSM</i> bolo 26 (61,9%) ST11, po 1 (2,4%) ST258 a ST340, z ktorých ST11 bol na 1. internej klinike 22-krát (52,4%). Počet ST258 v <i>ŠGN</i> bol 6 (14,3%) a 3 (7,1%) ST584, najčastejšie 4-krát (9,5%) sa potvrdil ST258 na Geriatrickej klinike. Kmene z <i>NR</i> boli 2 (4,8%) ST584 a 1 (2,8%) ST258. Zo súboru ST11, 24 (57,1%) kmeňov produkovalo NDM-1 a SHV-11, kým 21 (50%) tvorilo CTX-M-15. Nasledujúci ST258 u 7 (16,7%) a ST584 u 5 (11,9%) boli zdrojom KPC-2. Sedem (16,7%) ST258 produkovalo SHV-12, 5 (11,9%) ST584 bolo pozitívnych na SHV-168 a CTX-M-15. Antimikrobiálna rezistencia bola nasledovná: kolistín 2,4%, eravacyklín 7,1%, cefiderokol 9,7%, tigecyklín 16,7% a meropeném 69%.
Záver V našich zdravotníckych zariadeniach sa vyskytujú epidemiologicky príbuzné KRKP kmene s rovnakým ST11 (NDM-1) v <i>NSM</i> , alebo ST258 i ST584 (KPC-2,) v <i>ŠGN</i> a <i>NR</i> . Tieto patogény sú nositeľmi génov kódujúcich zhodné determinanty rezistencie, s čím súvisí aj ich profil antimikrobiálnej rezistencie.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Rostlinné extrakty ovlivňující virulenci u rezistentních bakterií
Ing. Bára Křížková
Ústav biochemie a mikrobiologie, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Vysoká škola chemickotechnologická v Praze, Technická 3, 166 28 Praha 6
Kristýna Klementová ¹ , Daniela Brdová ¹ , Lan Hoang ¹ , Nikoletta Szemerédi ² , Gabriella Spengler ² , Jitka Viktorová ¹ a Jan Lipov ^{1*}
¹ Ústav biochemie a mikrobiologie, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Vysoká škola chemickotechnologická v Praze, Technická 3, 166 28 Praha 6, lipovj@vscht.cz ² Ústav medicíně mikrobiologie, Zdravotní centrum Alberta Szent-Györgyi a Fakulta medicíny, Univerzita Szeged, Semmelweis utca 6, 6725 Szeged, Hungary
<p>Bakteriální rezistence je v současnosti významným problémem, který nejsme schopni řešit novými antibiotickými sloučeninami. Pomoci by mohla kombinovaná terapie, která by využívala netoxické molekuly schopné inhibovat mechanismy rezistence nebo snižovat bakteriální virulenci. V této práci testujeme ethanolové extrakty evropských bylin se zaměřením na snížení virulence u nosokomiálních bakterií řazených do skupiny ESKAPE, které jsou schopny odolávat baktericidnímu působení antibiotik. Nejprve byla testována toxicita extraktů pomocí mikrodiluční metody. V netoxických koncentracích byla následně sledována schopnost inhibice efluxních pump ethidiumbromidovou metodou a snížení tvorby bakteriálních biofilmů. Pro monitorování bakteriální komunikace (quorum sensing) byly využity kmeny <i>Vibrio campbellii</i>, které exprimovaly luciferasový gen v odpovědi na quorum. Z celkového počtu 52 rostlinných extraktů bylo vybráno šest, které byly schopny u rezistentních bakterií vyvolat opětovnou citlivost na vybraná antibiotika. Extrakty, které významně snižovaly virulenci nosokomiálních bakterií, byly připraveny z květů heřmánku (<i>Matricaria chamomilla</i>) a květů černého bezu (<i>Sambucus nigra</i>). Naše data ukazují, že tyto extrakty mohou mít potenciál pro využití v adjuvantní terapii v kombinaci s antibiotiky.</p> <p><i>Finanční podporu této práci poskytla Grantová agentura ČR (projekt č. GA21-00551S).</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Inovácia učebných textov a online súborov z lekárskej mikrobiológie
doc. MUDr. Adriána Liptáková, PhD, MPH
Mikrobiologický ústav LF UK Bratislava Slovensko
<p>Roky 2020-2021, tzv. "pandemické roky", zmenili systém vzdelávania na lekárske fakultách. Študenti sa vzdelávali dištančnou formou a bolo potrebné "veľmi promptne reagovať a zmeniť vzdelávanie z reálneho priestoru na obrazovku počítača. Vďaka našej webovej stránke www.lekarskamikrobiologia.eu a kolegom, ktorí pripravili učebný materiál a zdieľali ho cez MS TEAMS, sme dokázali študentom ponúknuť virtuálne prednášky a cvičenia. Počas troch semestrov sme identifikovali, čo nám vo výuke najviac chýbalo a tieto témy ďalej rozvíjame:</p> <ol style="list-style-type: none">1. Atlas lekárskej mikrobiológie, ktorý bude študentom poskytovať obrazové informácie o diagnostike pôvodcov infekčných ochorení u pacientov, čo je vzhľadom na náročnosť odboru mikrobiológia veľmi užitočné pre určenie správnej diagnózy a následný manažment pacienta. Príprava súboru obrázkov pre prednášky z lekárskej a klinickej mikrobiológie. Napriek pandémie COVID-19 predpokladáme po jej odznení obnovenie prezenčnej teoretickej výučby študentov lekárske fakúlt. Príprava súboru obrázkov, ktorý bude zahŕňať mikroskopické preparáty vyhotovené priamo z odobratého klinického materiálu ako aj z čistých kultúr rôznych druhov mikroorganizmov, fotografie vykultivovaných mikroorganizmov na rôznych kultivačných médiách, obrázky jednotlivých biochemických testov používaných pri identifikácii mikroorganizmov a ich citlivostí na antimikrobiálne látky typických aj menej častých mikroorganizmov, ktorý bude usporiadaný do štrukturovaného atlasu a ktorý bude slúžiť ako doplnujúci študijný materiál k textu učebnice Lekárska mikrobiológia.2. Audiokniha - realizácia projektu bude pozostávať z prípravy audioknihy, čo je zvukový záznam, reprodukcia textu. V našom prípade sa bude jednať o reprodukciu knihy Lekárska mikrobiológia. Súčasný trend u mladých ľudí smeruje ku využívaniu podcastových aplikácií, audiokniha im umožní vzdelávanie bez ohľadu na miesto a čas.3. Aplikácia technológií na simulačnú výuku na praktických cvičeniach. Výuka lekárskej mikrobiológie je z pohľadu študentov zatiaľ zdanlivou odlukou teórie od praxe, nakoľko aj praktické cvičenia z mikrobiológie demonštrujú in vitro diagnostiku s objasňovaním princípov diagnostických testov na teoretickej báze. Technológie na simulačnú výuku majú podobu reálneho pacienta a je možné naprogramovať ich tak, aby prejavovali klinické prejavy, typické pre dané ochorenie, resp. stav a zároveň umožňujú vykonať fyzické vyšetrenie tak ako sa jednalo o živého človeka. Umožňujú aj odbery biologického materiálu, vrátane invazívnych techník, preto sú ideálne na výuku klinickej mikrobiológie budúcich lekárov.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

<i>In silico</i> analysis of AmpC beta-lactamase <i>bla_{EC}</i>
Mgr. Patrik Mlynářčík, Ph.D.
Department of Microbiology, Faculty of Medicine and Dentistry, Palacký University Olomouc
Schmidt Jiří ² , Kolář Milan ^{1,3}
² Department of Biotechnology, Faculty of Science, Palacký University Olomouc ¹ Department of Microbiology, Faculty of Medicine and Dentistry, Palacký University Olomouc and ³ University Hospital Olomouc
Introduction Recent years have witnessed an increased prevalence of intrinsic and acquired beta-lactamase-producing bacteria. To date, 54 different AmpC beta-lactamases have been described in bacteria.
Objective The present study was concerned with (1) searching for beta-lactamases in various bacterial genera, (2) <i>in silico</i> analysis of AmpC beta-lactamase type EC, and (3) designing primers to detect these genes.
Methodology The presence of beta-lactamase genes among bacteria was detected using the Beta-Lactamase DataBase (BLDB), Geneious software and BLAST. A total of 2281 genes encoding AmpC enzymes EC described in the BLDB database were analysed using the bioinformatics software Geneious Prime.
Results Search in the databases showed that a wide range of class C beta-lactamases had been described in bacteria. Of the 54 AmpC beta-lactamases described so far, this group of enzymes has been identified in 35 different bacterial genera. Further analysis of beta-lactamases in the genus <i>Escherichia</i> confirmed the presence of a total of 35 different types of beta-lactamases. Three primers were designed to detect 2218 variants of the <i>bla_{EC}</i> gene. After comparing the amino acid sequences, a phylogenetic tree was created.
Conclusion This study indicates that the proposed primers should detect 100% of all described <i>bla_{EC}</i> genes and monitor their spread if the chromosomally encoded <i>bla_{EC}</i> can translocate onto plasmids shortly.
Funding <i>This research was funded by JG_2019_005 and IGA_LF_2022_018.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Identification of novel therapeutic anti-<i>Borrelia</i> peptides with the help of combinatorial phage display
MVDr. Evelína Mochnáčová, PhD.
Laboratory of Biomedical Mikrobiology and Immunology
Patricia Petroušková ¹ , Amod Kulkarni ^{1,2} , Katarína Bhide ¹ , Jana Hrušková ¹ and Mangesh Bhide ^{1,2}
¹ Laboratory of Biomedical Microbiology and Immunology, University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Košice, Slovakia ² Institute of Neuroimmunology, Slovak Academy of Sciences, v.v.i., Bratislava, Slovakia
<p>The current treatment of neuroborreliosis (caused by <i>Borrelia garinii</i>; BG) with conventional antibiotics is demanding and long-lasting. Antimicrobial peptides (AMP) obtained from phage display can be promising therapeutic agents alternative to conventional antibiotics. The small size of AMP allows them to enter into immune-privileged tissues e.g. CNS. The aim of this study was to identify novel cyclic AMP interacting with outer phospholipid membrane of BG. BG was immobilized on ELISA plate well and incubated with combinatorial phage library (Ph.D.-C7C). Bound phages were collected by elution with phospholipase D and amplified. After 3rd round of biopanning 30 clones were isolated, individually amplified, purified and DNA was isolated. Fragments coding peptides were PCR amplified and sequenced. Sequences were evaluated <i>in silico</i> in terms of AMP probability, net charge, and hydrophilicity by Antimicrobial Peptide Scanner and PepCalc. Also, the dot blot evaluation of interaction of individual phage clones with BG was performed. As a result, 14 clones were annotated as AMP, 13 clones possessed positive net charge and 6 were predicted as good water-soluble. Nine clones showed strong binding activity with BG in dot blot. Based on consensus of bioinformatic prediction and dot blot, 9 candidates were recombinantly produced in <i>E. coli</i> Shuffle. <i>Borrelia</i>-cidal effect of AMP was assessed after their cocultivation with BG. 4 peptides showed strong borrelicidal activity.</p> <p><i>This work was supported by APVV-18-0259 and VEGA1/0105/19, 1/0348/22.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Standadization and optimalization of in-house ELISA method for detection of IgG antibodies against enteroviruses

RNDr. Michaela Pospisilova

Enterovirus Laboratory, Institute of Microbiology, Faculty of Medicine, Slovak Medical University, Limbova 12, Bratislava

Borsanyiova Maria¹, Simkova Vanesa¹, Benkoova Brigita¹, Mihale Jakub², Kissova Renata³, Pastuchová Katarina⁴, Shubhada Bopegamage¹

¹Enterovirus Laboratory, Institute of Microbiology, Faculty of Medicine, Slovak Medical University

²Laboratory of virology and diagnostics of viral hepatitis, Institute of Microbiology, Faculty of Medicine, Slovak Medical University

³Department of Medical Microbiology, Regional Authority of Public Health Banska Bystrica

⁴National Reference Center for Polio, Department of Medical Microbiology, Public Health Office of the Slovak Republic

Large number of enterovirus (EV) serotypes circulate in the human population causing various diseases. Virus neutralization test (VNT) is the commonly used method for detection of EV antibodies in patients. Only a few commercial antibody detection kits are available. Aim of the study was to standardize and optimize the ELISA method using peptide KTL-510.

Coating

96-well round-bottom plates coated with peptide KTL-510 (5µg/ml) were incubated at 8°C overnight. Plates were blocked for 30 min at room temperature using PBS with 0,1% BSA.

Testing

Diluted patients' sera were added to coated plates, incubated for 36°C for 1h. Horseradish peroxidase-labeled polyclonal rabbit anti-human IgG antibody (dilution 1:6000) was added for 1h at 36°C. Between each step, the plates were washed three times with PBS containing Tween 20. UP-buffer (urea-peroxide, sodium citrate, sodium acetate trihydrate) with TMB was used as the substrate. Reaction was stopped after 30 min with sulfuric acid and results were read at A450 wavelength in the ELISA reader.

Cut off value

69 negative patient sera (tested previously by VNT or commercial kits) were used with dilutions (1:100 to 1:10000). Absorbance and standard deviation values of sera diluted at 1:1000 were used for calculation of the cut-off value, which was 1,099. We included more sera and evaluated positivity or negativity of the tested sera based on this cut-off value.

In conclusion this method can be used in the laboratory, for screening of EV antibodies in large populations, and as a supporting test instead of the time and money consuming VNT.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Characterization of a novel lectin from pathogenic fungus <i>Microsporium canis</i>
Mgr. Martina Rievajová
Ústav biochemie, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Brno, Česká republika
Lenka Malinovská ^{1,2} , Hana Berezňáková ³ , Michaela Wimmerová ^{1,2,3}
¹ Národní centrum pro výzkum biomolekul, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Brno, Česká republika ² Středoevropský technologický institut, Masarykova univerzita, Brno, Česká republika ³ Ústav biochemie, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Brno, Česká republika
<p><i>Microsporium canis</i> is a pathogenic fungus that infects the upper layers of skin and creates inflamed lesions often associated with itchiness, scaling, and hair loss. Its primary hosts are cats and dogs, but it can also infect humans through contact with an infected animal. The infection is often recurring, and the rate of treatment failure is relatively high due to the growing resistance of the pathogen. Adhesion of fungal pathogens in the early stages of infection can be mediated by lectins through the interaction of these saccharide binding proteins with surface glycans of the host cells.</p> <p>This work is focused on characterization of lectin from <i>M. canis</i> – <i>Microsporium canis</i> lectin (MCL) as it might be involved in the adhesion of the pathogen, which makes it a potential target for antiadhesion therapy.</p> <p>The characterization of MCL is greatly hindered by problems with solubility and instability of the protein. However, we managed to obtain basic information about the secondary structure of the protein by circular dichroism and information about thermal stability by nano differential scanning fluorimetry. Also, several potential saccharide inhibitors have been tested by hemagglutination inhibition assay. From the results we can conclude that this thermally stable lectin is specific for L-fucose and its derivatives are potential inhibitory agents.</p> <p>The future research will be focused on optimization of production of the recombinant protein, its characterization and search for multivalent inhibitors of this lectin with potential role in prevention and therapy.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Effect of *Limosilactobacillus reuteri* L26 BiocenoTM and its exopolysaccharide on the antiviral immune molecules.

RNDr. Petra Schusterová, PhD.

Department of microbiology and immunology, University of veterinary medicine and pharmacy in Košice

Csank Tomáš¹, Mudroňová Dagmar¹, Hajdučková Vanda¹, Nemcová Radomíra¹, Vilček Štefan², Peňazziová Katarína¹, Cingel'ová Maruščáková Ivana¹, Pivka Soňa¹, Pistl Juraj¹

¹Department of microbiology and immunology, University of veterinary medicine and pharmacy in Košice

²Department of epizootiology, parasitology and protection of one health, University of veterinary medicine and pharmacy in Košice

Introduction

The exopolysaccharide (EPS) of *Limosilactobacillus reuteri* L26 BiocenoTM is a high molecular weight D-glucan polysaccharide with (1→3) and (1→6) glycosidic linkages. We showed immunoregulatory and antimicrobial effects of this purified EPS in an earlier *in vitro* study on enterocyte-like cells with respect to a bacterial infection.

Aim of the study

The aim of this study was to evaluate the influence of the *L. reuteri* L26 and its EPS on rotavirus-induced immune molecules in IPEC-J2 cells.

Methods

For our *in vitro* experiment, we used porcine epithelial jejunal IPEC-J2 cells and porcine rotavirus A strain OSU6 for a homologous infection. IPEC-J2 cells were stimulated by *L. reuteri* L26 or its EPS in the final concentration 1.6 x 10⁵ CFU/ml or 1 mg/ml, respectively. After five hours of stimulation, cells were also infected with activated RVA OSU6 at MOI 2. Production of selected immune molecules (NF-κB, IFN-λ3, IL-6, IL-10, TGF-β) was evaluated at the mRNA level.

Results

The most important result of our experiment is that treatments with alive *L. reuteri* L26 or its EPS significantly decreased RVA-induced gene expression of IFN-λ3 (P<0.05) and the „SOS“ cytokine interleukin 6 (P<0.01). In addition, EPS treatment results in increased IL-10 mRNA level in infected cells. We also found that continuous stimulation of IPEC-J2 cells with *L. reuteri* L26 or its EPS has no effect on virus replication.

Conclusion

In summary, we assume the immunoregulatory potential of both alive *L. reuteri* L26 and its purified EPS during rotavirus infection.

Acknowledgments

This work was supported by followed projects: APVV-15-0415, OPENMED ITMS2014+:313011V455; VEGA 1/0354/21.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Cobas® Liat® System v diagnostike SARS-CoV-2 a chrípky
Marek Straka ¹
1) Mikrobiologický ústav, Lekárska fakulta, Univerzita Komenského a Univerzitná nemocnica, Bratislava, SK
M. Dubinová (1), M. Koreň (2), S. Kiňová (2), L. Slobodníková (1), A. Liptáková (1)
1) Mikrobiologický ústav, Lekárska fakulta, Univerzita Komenského a Univerzitná nemocnica, Bratislava, SK 2) I. Interná klinika, Lekárska fakulta, Univerzita Komenského a Univerzitná nemocnica, Bratislava, SK
<p>K najvýznamnejším vírusom vyvolávajúcim akútne respiračné ochorenia patria, už tradične, vírus chrípky a SARS-CoV-2. Z epidemiologického a terapeutického hľadiska je preto potrebná ich rýchla a spoľahlivá diagnostika. Cobas® Liat® System je schopný diagnostikovať COVID-19 a chrípku spoľahlivo a za krátky čas. Táto práca bola zameraná na diagnostiku SARS-CoV-2 a chrípky u pacientov na centrálnom nemocničnom príjme.</p> <p>Diagnostika prebiehala od decembra 2021 do februára 2022, čiže v období vysokého výskytu akútnych respiračných ochorení. Od pacientov z centrálného príjmu I. Internej kliniky LF UK a UNB bolo odobratých 1046 vzoriek nazofaryngeálneho výteru. Detekcia SARS-Cov-2 a chrípky prebiehala z 1 vzorky prostredníctvom cobas® SARS-Cov-2 & Influenza A/B Assay v prístroji cobas® Liat® System, reverznou transkripciou vírusovej RNA a jej následnou amplifikáciou.</p> <p>SARS-CoV-2 bol detegovaný v 135 (12,9 %) vzorkách, pričom najvyšší záchyt bol v mesiaci február 2022, a to 86 (20,9 %) pozitívnych vzoriek. Chrípka typu A bola diagnostikovaná v 2 (0,19 %) vzorkách. Chrípka typu B zistená nebola. Zastúpenie pozitívne testovaných mužov na SARS-Cov-2 bolo 68 (50,4 %) a žien 67 (49,6 %). Vekový priemer pozitívne testovaných osôb bol 61 rokov.</p> <p>Diagnostika SARS-CoV-2 a chrípky pomocou cobas® Liat® System je rýchla a jednoduchá metóda, ktorá na centrálnych príjmoch ústavných zdravotníckych zariadení výrazne zefektívnila triáž pacientov a minimalizovala riziko nozokomiálneho prenosu respiračných infekcií v nemocnici.</p> <p><i>Táto práca bola podporená grantom Kega 002UK-4/2022.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Testovanie magnetických častíc na báze oxidov železa potiahnutých rôznymi ligandami na izoláciu vírusovej RNA

MVDr. Zlatana Sulínová PhD.

Katedra epizootológie, parazitológie a ochrany spoločného zdravia
Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, SR
email: zlatana.sulinova@uvlf.sk

Vilček Štefan¹, Nagy Luboš², Kočíková Božena¹, Pavlová Alica¹, Jacková Anna¹, Zeleňáková Adriana², Zeleňák Vladimír³

¹ Katedra epizootológie, parazitológie a ochrany spoločného zdravia,
Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, SR
² Katedra fyziky kondenzovaných látok, Prírodovedecká fakulta,
Univerzita Pavla Jozefa Šafárika v Košiciach, Park Angelinum 9, 040 01 Košice, SR
³ Katedra anorganickej chémie, Prírodovedecká fakulta,
Univerzita Pavla Jozefa Šafárika v Košiciach, Moyzesova 11, 040 01 Košice, SR

Úvod

Magnetická separácia nukleových kyselín sa často používa na izoláciu RNA/DNA z klinického materiálu.

Cieľ

Overiť kvalitu magnetických nanočastíc potiahnutých rôznymi ligandami na izoláciu vírusovej RNA metódou RT-qPCR.

Metodika

Na testovanie bolo využitých 11 magnetických partikul na báze oxidov železa potiahnutých rôznymi ligandami xylanu. RNA vírusu hepatitídy E (HEV) bola izolovaná z klinickej vzorky komerčným kitom, v ktorom boli postupne nahradené magnetické partikuly novo pripravenými partikulami. Vyizolovaná RNA bola použitá v RT-qPCR teste na detekciu HEV s meraním hodnôt Ct.

Výsledky

Kým čistota vyizolovanej RNA bola vysoká ($A_{260}/A_{280} > 2$), jej koncentrácia značne varíovala. Koncentrácia RNA korelovala s hodnotami Ct, ktoré sa pohybovali v rozmedzí $Ct = 19,68 - 22,88$, čo indikovalo až 8-násobne zníženie výťažku amplifikovanej RNA oproti komerčnému kitu ($Ct = 19,85$). Žiaden typ zo sledovaných magnetických partikul nebol signifikantne lepší ako partikuly z komerčného kitu. Porovnateľné hodnoty Ct s partikulami z komerčného kitu dosiahli iba magnetické partikuly bez ligandu alebo partikuly potiahnuté s 3-(merkaptopropyl)trimetoxysilanom.

Záver

V práci boli navrhnuté nové nanokompozity pre zvýšenie naviazania RNA/DNA, ktoré doteraz neboli študované. Z testovaných magnetických partikul boli pri izolácii RNA porovnateľné s partikulami v komerčnom kite len dva typy nanočastíc.

Práca bola podporená operačným programom NANO VIR - kód ITMS2014+ projektu: 313011AUW7 a projektom VEGA 1/0429/20.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Association of the Gut Microbiota with Sex-Based Changes in Patients Undergoing Bone Marrow Transplantation

Mgr. Sára Šardzíková¹

¹Department of Microbiology and Virology, Faculty of Natural Sciences, Comenius University in Bratislava, Bratislava, Slovakia

Peter Švec², Ivan Hric³, Gábor Beke⁴, Ľuboš Kľučár⁴, Ivan Mikula⁵, Viktor Bielik³, Katarína Šoltys^{1,6}

² Department of Pediatric Hematology and Oncology, Children's Haematology and Oncology Clinic and Faculty of Medicine, Comenius University in Bratislava, Slovakia

³Department of Biological and Medical Science, Faculty of Physical Education and Sport, Comenius University in Bratislava, Bratislava, Slovakia

⁴Institute of Molecular Biology, Slovak Academy of Sciences, Bratislava, Slovakia

⁵ The Concern Foundation Laboratories at The Lautenberg Center for Immunology and Cancer Research, Israel-Canada Medical Research Institute, Faculty of Medicine, The Hebrew University, Jerusalem, Israel

⁶Comenius University Science Park, Comenius University in Bratislava, Bratislava, Slovakia

Leukaemia is the most common childhood cancer including mainly acute lymphoblastic leukaemia (ALL) and acute myeloid leukaemia (AML). Sex-based changes in the gut microbiota (GM) can play an important role in both. This study aimed to determine the association of the GM composition by sex and related intestinal microbiota in patients undergoing bone marrow transplantation (BMT). The samples of patients, collected at the Transplantation Unit at University hospital in Bratislava (T; n=12; 4females: ALL; 8males: 4 ALL, 4 AML, 1-19 years old) were compared with healthy controls (CTRL; n=14; 8females; 6males). Faecal samples were collected before BMT and 16S rRNA gene shotgun paired-end sequencing on Illumina platform was performed. For bacterial taxa identification SILVA database was used. We have detected that all patients had lower abundance of SCFA-producing bacteria (class *Clostridia*) compared to healthy controls. The most significant dysbiosis was reported in males with AML, then in females with ALL, and finally in males with ALL. Furthermore, there was a greater abundance of opportunistic pathogenic bacteria, such as *Enterococcus* sp. (5 species in males with AML; 6 species in females with ALL) or *Streptococcus* sp., associated with complications in females with ALL and male patients with AML. In conclusion, we can consider gut microbiota composition of male ALL patients more favourable for commensal microbiota and condition regime before transplantation having higher impact on gut microbiota dysbiosis in females with ALL and males with AML.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

***Candida parapsilosis* isolated from central venous catheter and hemoculture from the same patient: A multicomponent analysis**

Mgr. Matúš Štefánek

Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Dept. of Microbiology and Virology, Bratislava, Slovakia

Maria Luísa Jordão², Martina Garajová³, Helena Bujdáková¹

¹Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Dept. of Microbiology and Virology, Bratislava, Slovakia

²National Institute of Health Doutor Ricardo Jorge, Lisbon, Portugal

³Slovak Academy of Science, Institute of Animal Biochemistry and Genetics, Bratislava, Slovakia

In the recent decade, *Candida parapsilosis* is still an ever-more occurring pathogenic yeast and is one of the most prevalent non-*albicans* *Candida* species. The most frequent resistance mechanism confers upregulation of the efflux and the *ERG11* genes or mutations in genes of the ergosterol pathway.

The objective was to determine the differences between two clinical isolates of the same patient isolated from hemoculture (*C. parapsilosis* HC) and central venous catheter (*C. parapsilosis* CVC). Isolates were resistant to fluconazole (FLC) determined by E-test and by the microdilution method. For biofilm activity, crystal violet and XTT reduction assay were performed. Changes in gene expression (*ERG6*, *ERG9*, *ERG11*, *CDR1*, *MDR1*, *LIP2*) were assessed using the $2^{\Delta\Delta Cq}$ method. The lipid composition was determined by thin-layer chromatography, high-performance liquid chromatography, and gas chromatography.

Both HC and CVC manifested low biofilm and metabolic activity. Changes in gene expression were observed in the *ERG11* (0.44 and 0.72-fold), the *ERG6* (1.2 and 0.7-fold), and the *MDR1* (0.28 and 0.78-fold) genes in HC and CVC isolates, respectively. No major changes were observed in lipid composition, but small differences were shown in the ratio of two major sterols: ergosterol vs. lanosterol. However, isolates differentiated in kinetic of growth suggesting different metabolism.

It is proposed that no important differences between isolates were manifested in studied parameters, except the kinetic of growth. This could reflect a side of isolation, suggesting much faster dissemination of HC isolate.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detekcia antimikrobiálnej citlivosti klinických izolátov <i>Clostridium difficile</i> u hospitalizovaných pacientov
Mgr. Annamária Toporová ¹
Univerzita Pavla Jozefa Šafárika v Košiciach, Lekárska fakulta, Ústav lekárskej a klinickej mikrobiológie, Trieda SNP 1, Košice 040 11
RNDr. Katarína Čurová PhD. ¹ , Ing. Viera Lovayová PhD. ¹ , Mgr. Mária Nagyová ¹ , Dr.h.c. prof.MUDr.Leonard Siegfried CSc. ¹ , RNDr. Anna Kamlárová PhD. ² , MUDr. Martin Novotný PhD. ³
1. Ústav lekárskej a klinickej mikrobiológie, Lekárska fakulta, Univerzita Pavla Jozefa Šafárika v Košiciach, Trieda SNP 1, 040 11, Košice, Slovensko 2. Centrum klinického a predklinického výskumu MEDIPARK, Lekárska fakulta, Univerzita Pavla Jozefa Šafárika v Košiciach, Trieda SNP 1, 040 11, Košice, Slovensko 3. Klinika infektológie a cestovnej medicíny, Univerzitná nemocnica Louisa Pasteura v Košiciach, Rastislavova 43, 040 01, Košice, Slovensko
Úvod <i>Clostridioides difficile</i> (CD) je najrozšírenejším pôvodcom hnačky spojenej so zdravotnou starostlivosťou. Užívanie antibiotík sa považuje za jeden z rizikových faktorov pre vznik infekcie <i>Clostridioides difficile</i> (CDI).
Ciele práce Cieľom tejto štúdie bolo potvrdiť prítomnosť baktérie CD a testovať antimikrobiálnu citlivosť u hospitalizovaných pacientov v UNLP v Košiciach, FN v Nitre a v Univerzitnej nemocnici v Bratislave.
Metodika CDI bola diagnostikovaná na základe vyšetrenia stolice rýchlotestom CD pre enzým GDH a toxín A/B. Antimikrobiálna citlivosť bola stanovená diskovou difúznou metódou pomocou automatického analyzátora inhibičných zón BACMED 6iG2. Pri všetkých izolátoch bola stanovená antimikrobiálna citlivosť na 6 antimikrobiálnych látok (metronidazol, vankomycín, teicoplanin, tigecyklín, doxycyklín, rifampicin).
Výsledky Do štúdie bolo zaradených 103 stolíc (37 z UNLP KE, 44 z FN NR a 22 z UN BA) s pozitívnym výsledkom rýchlotestu, pozitívnou kultiváciou a identifikáciou CD pomocou MALDI TOF. Rezistencia na rifampicin bola potvrdená u 65 izolátov (24 UNLP KE, 26 FN NR a 15 UN BA). Dva izoláty (1 UNLP KE, 1 FN NR) boli rezistentné na metronidazol. Rezistencia na vankomycín bola potvrdená u 11 izolátov (2 UNLP KE, 7 FN NR, 2 UN BA). Jeden izolát (UNLP KE) bol rezistentný na doxycyklín a 3 izoláty (1 UNLP KE, 2 FN NR) na teicoplanin.
Záver Miera rezistencie CD voči antimikrobiálnym látkam rýchlo rastie na celom svete. V našej štúdií dominovali rifampicin a vankomycín ako antimikrobiálne látky s najvyššou rezistenciou. Pochopenie mechanizmov rezistencie CD je jednou z kľúčových otázok v stratégii prevencie CDI.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Photodynamic inactivation and its effect on the eradication of mixed biofilms
Mgr. Jarmila Vargová
¹ Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Department of Microbiology and Virology, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava
¹ prof. RNDr. Helena Bujdaková, CSc.
¹ Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Department of Microbiology and Virology, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava
<p><i>Candida albicans</i> and <i>Staphylococcus aureus</i> are a part of the human microbiome. However, they can also cause serious diseases associated with biofilm formation. Moreover, they are frequently resistant to conventional drugs. Therefore, searching for alternative methods of biofilm eradication, such as photodynamic inactivation (PDI) is highly topical.</p> <p>The subject of this study was to optimize conditions of PDI of the 48-h single-species and dual biofilms formed by <i>C. albicans</i> and <i>S. aureus</i> to achieve maximal PDI in the presence of methylene blue (MB). Different concentrations of MB (0.25 mM; 0.5 mM, and 1 mM) and periods of pre-incubation with MB (2-h; 4-h, and 16-h) were tested. Biofilms were irradiated with a red laser (190 mW / cm², λ 660 nm) for 1 min. The effectiveness of PDI was determined by the number of CFU/mL. The ratio of MB and leuco-MB in tested conditions was estimated by UV-Vis spectroscopy.</p> <p>PDI minimally affected the single-species biofilm of <i>C. albicans</i>, but 0.25 mM MB was highly effective against the <i>S. aureus</i> biofilm with reduction in biofilm cell's survival of 3.4-log₁₀ (2-h); 2.5-log₁₀ (4-h); 2.1-log₁₀ (16-h). In dual biofilms, reduction after PDI was lower; 0.3-log₁₀; 2,5-log₁₀; and 2.8-log₁₀. UV-Vis analysis showed an increased ratio of leuco-MB form in correlation with a longer period of incubation. This activity was observed, especially in the case of yeast.</p> <p>The conversion of MB to leuco-MB could contribute the overall lower efficacy of PDI of yeasts. The optimal conditions for PDI testing were estimated to 4-h pre-incubation period and 0.25 mM MB.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Testování na COVID-19 pro Český olympijský tým před ZOH 2022 v Pekingu
MUDr. Jaroslav Větvička
Centrum zdravotnického zabezpečení sportovní reprezentace, z.s.
MUDr. Zuzana Semeráková ¹ , RNDr. Helena Jiřincová, CSc. ² , MUDr. Martina Marešová ³
1 SPADIA LAB, a.s.; 2 Státní zdravotní ústav; 3 Hygienická stanice hl. města Prahy
<p>Organizační výbor ZOH požadoval předložení 2 negativních PCR testů v období před odletem na OH. Český olympijský výbor na základě zkušeností z testování před OH Tokio 2020 ve spolupráci se svým Expertním týmem zpřisnil tento požadavek o provedení třetího PCR testu v den odletu a uchování všech vzorků ve Státním zdravotním ústavu pro případnou pozdější kontrolu. V případě nálezu pozitivního testu bylo nutné provést pět za sebou jdoucích negativních PCR testů. To předpokládalo organizačně a logisticky poměrně náročnou akci. Veškeré tuzemské vzorky byly zpracovávány v dedikovaných laboratořích SPADIA LAB, a.s. v období 14.1. 2022 – 15.2.2022 v Praze a Ostravě.</p> <p>Ze 315 testovaných osob bylo nalezeno 42 osob s pozitivním PCR testem, což znamenalo incidenci 13,33%. U těchto osob bylo prováděno testování s určením hodnoty CT každý den stejnou metodikou, což umožnilo až na malé výjimky účast všech nominovaných. Tyto osoby byly uvolňovány v hraničních případech k odletům po dohodě s Hygienickou stanicí HMP, SZÚ a laboratoří SPADIA LAB.</p> <p>Tímto způsobem bylo dosaženo relativně bezpečného a nekomplikovaného přesunu na ZOH do Pekingu. Český olympijský tým byl hodnocen mezi týmy s nejnižším počtem hraničních a pozitivních nálezů při kontrolách při přeletu na letišti v Pekingu.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

<i>Mycoplasma hominis</i> a <i>Ureaplasma urealyticum</i> v genitálním ústrojí žen podstupujících asistovanou reprodukci
RNDr. Markéta Vydržalová, Ph.D.
Katedra biologických a biochemických věd, Fakulta chemicko-technologická, Univerzita Pardubice
Hampl Radek, Brožková Iveta, Motřková Petra
Centrum asistované reprodukce SANUS Katedra biologických a biochemických věd, Univerzita Pardubice
<p>Druhy <i>Mycoplasma hominis</i> a <i>Ureaplasma urealyticum</i> jsou dávány do souvislosti se zánětlivým onemocněním genitálního ústrojí žen. Podílejí se na infekčních onemocněních jako je bakteriální vaginóza a endometritida. U těhotných žen mohou být příčinou předčasného porodu. Oba mikroorganismy mají významný vliv na reprodukční schopnosti infikovaných jedinců.</p> <p>Cílem této studie bylo zjistit frekvenci výskytu <i>Mycoplasma hominis</i> a <i>Ureaplasma urealyticum</i> v genitálním ústrojí žen podstupujících asistovanou reprodukci. Mikroorganismy byly prokazovány kultivační metodou a metodou PCR. Současně s kultivačním vyšetřením byly vzorky vyhodnoceny mikroskopicky po obarvení dle Giemsa-Romanowski. Mikroorganismy poševní sliznice vyskytující se společně s <i>Mycoplasma hominis</i> a <i>Ureaplasma urealyticum</i> byly určeny metodou MALDI-TOF MS.</p> <p>Vyšetřeno bylo 49 žen navštěvujících Centrum asistované reprodukce SANUS. Celkem bylo <i>Mycoplasma hominis</i> prokázáno u 1 ženy (2,0 %) a <i>Ureaplasma urealyticum</i> u 6 žen (12,2 %). Ve vzorcích se tyto druhy vyskytovaly společně s laktobacily, <i>Gardnerella vaginalis</i>, <i>Candida albicans</i> a <i>Staphylococcus</i> spp. Mikroskopicky byly vzorky s pozitivním nálezem mykoplasm a ureaplasm zařazeny do MOP II.</p> <p>Složení poševní mikroflóry je důležitým faktorem, který může významně ovlivnit schopnost ženy otěhotnět.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Imunomodulačná terapia autovakcínami u detí s chronickými a recidivujúcimi infekciami respiračného systému

RNDr. Magdaléna Záborská, PhD

Mikrobiologický ústav Lekárskej fakulty Univerzity Komenského a Univerzitnej nemocnice v Bratislave, Sasinkova 4, 811 08 Bratislava, e-mail: magda.zaborska@fmed.uniba.sk

Ján Koreň , Adriana Liptáková

Mikrobiologický ústav Lekárskej fakulty Univerzity Komenského a Univerzitnej nemocnice v Bratislave, Sasinkova 4, 811 08 Bratislava, e-mail: magda.zaborska@fmed.uniba.sk

Úvod: K najčastejším ochoreniam u detí patria infekcie dýchacích ciest. Väčšinou ide o akútne ochorenie nosohltanu, ktoré sa však môže skomplikovať rozšírením infekcie do stredného ucha, prínosových dutín, hrtanu a priedušiek, prípadne do pľúc. V prvých mesiacoch života je dieťa chránené proti mikroorganizmom transplacentárne prenesenými IgG2 protilátkami od matky. Následne si postupne si vytvára vlastnú imunitu. Prvou líniou imunitného systému horných dýchacích orgánov je tzv. Waldayerov prstenec tvorený lymfoepitelovým tkanivom hltana. V nosohltane sú to lymfoidné bunky adenoidov, ktoré majú za úlohu zachytávať mikroorganizmy, vytvárajú IgA a IgM protilátky a pamäťové bunky.(4,5) Ich nedostatok môže potom viesť k tzv. „recidivujúcim respiračným infekciám“ prejavujúcimi sa ako zápal dýchacích ciest a im pridružených oblastí ako napríklad farynx, dutina stredného ucha a pod. Tento stav môže tiež zhoršovať častokrát empirické podávanie antibiotík čo môže viesť k recidívam ochorenia, prípadne k alergickým zápalom dýchacích ciest (6).

Podieľa sa na tom napríklad nerovnováha cytokínovej produkcie Th1 a Th2 lymfocytov. Tá potom môže viesť k zníženiu tvorby interferónov a tým napríklad aj k zníženiu protivírusovej ochrany organizmu. Väčšina zápalov potom môže byť zhoršená bakteriálnou superinfekciou, kde ako najčastejšie patogény sú udávané - S. pneumoniae , H. influenzae a M. catarrhalis (5).

V posledných 20 – 30 rokoch sa však začína v čoraz väčšom meradle využívať na terapiu chronických alebo recidivujúcich infekcií aj podporná, tzv. imunomodulačná liečba, ktorá vytvára predpoklad na stabilizáciu a zlepšenie stavu pacienta (2,8,3).

Materiál a metódy: V našom laboratóriu pre výrobu autovakcín na Mikrobiologickom ústave LF UK v Bratislave sme v rokoch 2017 – 2021 vyhotovili v prepočte 30 bakteriálnych autovakcín pre deti s chronickými respiračnými infekciami vo veku od 3 do 15 rokov .

Výsledky: Zizolovaných bolo 38 bakteriálnych kmeňov : S. aureus 20 (52,7%), M. catarrhalis 9 (23,6%) S.pneumoniae 6 (15,8%) , H.influenzae 3 (7,9%). U 4 pacientov bola autovakcína vyhotovená z 2 bakteriálnych druhov. Zlepšený stav sme zaznamenali u 11 detí, čiastočne zlepšený u 15 detí a nezlepšený u 4 detí.

Záver: Bakteriálne imunomodulátory síce nenahrádzajú antibiotiká, ale sa uplatňujú aktiváciu prirodzených obranných mechanizmov organizmu. Ich účinok je však pomalší. Maximálny efekt môžeme očakávať asi 2–3 mesiace od ich nasadenia. (1,2) našej práci by sme chceli poukázať na význam využitia autovakcín ako imunomodulačnej terapie pri chronických a recidivujúcich infekciách respiračného systému u detí.

Literatúra

1. BYSTROŇ J.: Perorální bakteriální imunomodulátory a medicína založená na důkazech. Alergie 2003; 5: 284-289.
2. BYSTROŇ J.: Bakteriální imunomodulátory – současné použití v klinické praxi. Remedia 20.5.2010
3. CZIRFUSZOVÁ M.: Úspěšná léčba chronické stafylokokové pyodermie autovakcínou. In: Labmed, č. 07, 2016, s. 23 - 25, ISSN 1339-7192
4. RUTOVÁ J.: Autovakcíny - Multifaktoriální ovlivňování imunitních reakcí, ISSN 0862-5956 IHE Praha 1991: Příprava mikrobiálního alergenového komplexu k diagnostice a léčbě infekčně alergických onemocnění.
5. JESEŇÁK. M., BÁNOVČIN, P., VOJTUŠOVÁ, Z., BĚLOHLÁVKOVÁ, S., RENNEROVÁ Z., BUCHANEC, J.: Možnosti ovplyvnenia recidivujúcich infekcií dýchacích ciest prírodnou imunomodulačnou liečbou, Čes-slov Pediat 2013; 68 (4): 253-259.
6. PETRŮ, V. : Imunoterapie dětí s recidivujícími respiračními infekcemi , Pediatr. praxi 2012; 13(5): 304–310

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Metagenomická analýza mikrobiómu bryndze a charakterizácia baktérií mliečneho kvasenia izolovaných z bryndze
Mgr. Michal Andrezál
Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra molekulárnej biológie, Mlynská dolina, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovenská republika
² Rešková Zuzana, ² Tomáš Kuchta, ¹ Drahovská Hana
¹ Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra molekulárnej biológie, Mlynská dolina, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovenská republika ² Výskumný ústav potravinársky, Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Priemyselná 4, 821 08 Bratislava, Slovenská republika
Úvod <p>Bryndza je tradičný Slovenský mäkký syr vyrábaný prevažne z ovčieho mlieka. V súčasnosti nie sú dostupné špecifické štartovacie kultúry pre výrobu bryndze a častokrát sa používajú komerčné štartovacie kultúry, čo má negatívny vplyv na finálne organoleptické vlastnosti.</p>
Cieľ <p>Cieľom predkladanej práce bola charakterizácia mikrobiómu vzoriek bryndze a charakterizácia kmeňov, potencionálne využiteľných ako štartovacie kultúry špecificky určených pre výrobu bryndze.</p>
Metodika <p>Bakteriálne kmene sme analyzovali pomocou celogenómového sekvenovania a pri metagenomických štúdiách sme využili amplikónové sekvenovanie V3 a V4 variabilných oblastí 16S rRNA génu.</p>
Výsledky <p>Analyzovali sme mikrobióm zo vzoriek srvátky. Vo vzorke S8 bola najviac zastúpená čeľaď Enterobacteriaceae (42%), zastúpená rodom <i>Escherichia</i>, druhou bola čeľaď Streptococcaceae (41%) a rody <i>Streptococcus</i> a <i>Lactococcus</i>. V tejto vzorke sme taktiež detekovali čeľade Bacillaceae a Moraxelaceae. Vo vzorke S9 boli najviac zastúpené baktérie čeľade Streptococcaceae (53%) a rod <i>Lactococcus</i> a čeľaď Lactobacillaceae. Celogenómovo sme analyzovali 24 kmeňov určených pre štartovacie kultúry, patriacich do rodov <i>Lactobacillus</i>, <i>Leuconostoc</i> a <i>Lactococcus</i>. Analýza neodhalila prítomnosť toxických génov, ktoré by mohli mať negatívny vplyv na finálne organoleptické vlastnosti produktu.</p>
Záver <p>Na základe sekvenovania 16S génu sme charakterizovali bakteriálne zastúpenie v dvoch vzorkách bryndze. Taktiež sa nám podarilo charakterizovať kandidátne kmene pre využitie v špecifických štartovacích kultúrach pre výrobu bryndze.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detection of *Capnocytophaga* spp. in dogs – direct PCR versus standard culture procedure

Mgr. Miroslava Barančková, Ph.D.

Institute of Infectious Diseases and Microbiology, Faculty of Veterinary Medicine, VETUNI Brno

Čížek, Alois, prof. MVDr. CSc.; Pompová, Alena, MVDr.

Institute of Infectious Diseases and Microbiology / Small Animals Clinic, Faculty of Veterinary Medicine, VETUNI Brno

Capnocytophaga are Gram-negative commensal bacteria found in oral flora of mammals, including dogs. They are considered an opportunistic pathogen, and some species pose a risk to human health from bites.

The study aims to compare the effectiveness of two diagnostic methods, PCR and standard bacteriological cultivation combined with MALDI TOF MS, in identification of *Capnocytophaga* species in dogs.

Samples were taken in the form of a pair of swabs taken from the gums and teeth of dogs. These were stored in Amies transport medium. DNA was isolated using NucleoSpin®Tissue Kit (Roche). Isolated DNA was used as a PCR template, in order to identify the presence of the *Capnocytophaga* species found in dogs. The second smear was used for cultivation of the bacteria on Heart infusion agar (Difco) supplemented by gentamicin. The agar plates were then incubated in atmosphere enriched with CO₂ (5-10 %) for 2-5 days at 37°C. Bacterial colonies were then identified using MALDI TOF MS.

Samples from different breeds of dogs were collected and tested. Opportunely pathogenic species *C. canimorsus* was found in 53 % samples by direct PCR and in 26,5 % samples by culture procedure. *C. cynodegmi* was found in 61,5 % samples by direct PCR and in 75,9 % samples by culture procedure.

Direct PCR appears to be more effective in identifying oral colonization of dogs by *C. canimorsus*, while both methods appear to be equally effective in identifying *C. cynodegmi* colonization. However, the culture procedure is necessary for the definitive typing of virulent types of *C. canimorsus*.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Gentamicinová rezistence <i>Staphylococcus aureus</i> a její modulace
Ing. Daniela Brdová
Ústav biochemie a mikrobiologie, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Technická 3, 166 28 Praha
Eva Kudová ¹ , Jitka Viktorová ²
¹ Ústav organické chemie a biochemie, Akademie věd České republiky, Flemingovo náměstí 2, 166 10 Praha ² Ústav biochemie a mikrobiologie, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Technická 3, 166 28 Praha
<p>Bakteriální antibiotická rezistence je jednou z hrozeb pro veřejné zdraví 21. století. V současnosti používaná antibiotika již nejsou účinná při léčbě běžných infekčních onemocnění způsobených multi-rezistentními patogeny. Navzdory intenzivnímu výzkumu nebyla po desetiletí vyvinuta nová třída antibiotik. Kombinovaná terapie (kombinace stávajícího antibiotika s neantibiotickým adjuvancem) je dnes velmi slibnou strategií v boji proti antibiotické rezistenci.</p> <p>Tato práce je zaměřena na mechanismus gentamicinové rezistence u methicilin-rezistentního <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), který je podle Světové zdravotnické organizace uveden jako „vysoce prioritní“ pro objevování, výzkum a vývoj nových antibiotik. Primery specifické pro gen udělující rezistenci na gentamicin (gen <i>aacA-aphD</i> kódující bifunkční protein AAC/APH) byly navrženy pomocí Primer-BLAST. Přítomnost tohoto genu v klinickém izolátu multi-rezistentního <i>S. aureus</i> (kmen NEM 449) byla ověřena polymerázovou řetězovou reakcí. Následně byla testována antimikrobiální aktivita 17 steroidních derivátů, které samy o sobě nemají antibakteriální ani toxické účinky.</p> <p>Cílem této studie bylo najít takové deriváty, které mohou zvrátit rezistentní fenotyp <i>S. aureus</i> v přítomnosti gentamicinu. Steroidní deriváty 4, 32 a 69 byly schopny plně revertovat rezistenci na gentamicin v koncentraci 48 µM. Tyto výsledky ukazují, že steroidní deriváty 4, 32 a 69 jsou modulátory stafylokokové gentamicinové rezistence, a měly by být dále testovány pro možnost jejich využití v kombinované terapii.</p> <p><i>Tato studie byla provedena za finanční podpory Grantové agentury České republiky, číslo projektu: 21-00551S.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

One-step growth curve analysis of Tribeč virus in mouse fibroblasts
doc. MVDr. Tomáš Csank, PhD.
Department of Microbiology and immunology; University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Komenského 73, 041 81 Košice
Katarína Peňazziová, Petra Schusterová, Ivana Cingel'ová Maruščáková, Soňa Pivka, Juraj Pistl
Department of Microbiology and immunology; University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice, Komenského 73, 041 81 Košice
Introduction <p>Tribeč virus (TRBV) is a non-enveloped, dsRNA tick-borne orbivirus (<i>Orbivirus, Reoviridae</i>). Seropositive human serum samples suggests its zoonotic potential. There is limited information about the replication kinetics of tick-borne orbiviruses.</p>
Aim of the study <p>The aim was to analyse the replication of a TRBV isolate in mouse fibroblasts (L-929 cell line) by one-step growth curve.</p>
Methods <p>Virus replication was analysed in cultivation medium and cells harvested in different hours post infection (hpi). Newly synthesized intracellular virus RNA was quantified by qPCR during the first 8 hpi developed based on hydrolzyation probes and <i>in vitro</i> transcribed virus RNA. The growth of intra- and extracellular virus progeny was measured by plaque formation test.</p>
Results <p>TRBV RNA in the infected cells was detected as early as 2 hpi. The mean copy number of the intracellular virus RNA gradually increased from 6.58×10^0 (2 hpi) to 1.47×10^5 (8 hpi). Infectious virus progeny first appeared in the cellular fraction 6 hpi. In this time point, the virus reached 3.75×10^1 PFU/ml and continuously increased 5-fold during the first 24 hpi, where it reached 1.98×10^6 PFU/ml. In the following time period the virus amount dropped 2-fold to 1.5×10^4 PFU/ml. First extracellular virus progeny was detected 8 hpi at 1.5×10^1 PFU/ml and reached its maximum at 48 hpi with 6.5×10^5 PFU/ml. After this sampling time the virus amount dropped to 9.25×10^3 PFU/ml.</p>
Conclusion <p>Comparative studies of the replication kinetics of tick-borne orbiviruses in human, rodent and ixodid cell lines are in progress.</p>
Acknowledgements <p>This research was funded by VEGA 1/0354/21 and project implementation: "Open scientific community for modern interdisciplinary research in medicine (OPENMED)", ITMS2014+: 313011V455 supported by the Operational Programme Integrated Infrastructure, funded by the ERDF; COST CA 17 108.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Degradation of tyramine by potential monoamine oxidase from <i>Geotrichum candidum</i>
Mgr. Eva Drobná, PhD.
Department of Cell and Molecular Biology of Drug, Faculty of Pharmacy, Comenius University Bratislava, Kalinčiaková 8, 832 32 Bratislava
Greif Gabriel, Labačková Petra, Greifová Mária
Department of Food Technology, Institute of Food Science and Nutrition Faculty of Chemical and Food Technology, Slovak University of Technology in Bratislava, Radlinského 9, 812 37 Bratislava
<p><i>Geotrichum candidum</i> is an ascomycete yeast involved in the ripening of the cheese by its lipolytic and proteolytic activity and contributes to their specific organoleptic properties. Cheese ripening is often accompanied by the accumulation of biogenic amines, especially tyramine, as a consequence of the metabolism of microorganisms.</p> <p>Three strains of <i>Geotrichum candidum</i> (G, I, CCM 8228 - two isolates from Cottage cheese and lump cheese and the collection strain) were able to degrade tyramine upon co-cultivation with <i>Lactococcus lactis</i>. The aim was to confirm the presence of the monoamine oxidase gene and its role in tyramine degradation.</p> <p>Analysis of the <i>G. candidum</i> CLIB 918 (ATCC 204307) genome available in the NCBI database revealed the presence of the GECA01s04594g gene encoding a potential flavin-dependent monoamine oxidase and 4 other copper-containing amine oxidase genes. Subsequently, a strain of <i>G. candidum</i> G, which showed a significant ability to degrade tyramine was cultured. The expression level of the GECA01s04594g gene was determined in medium without and with added tyramine at time intervals of 24, 48, 72, 96 and 168 h. The oxidation products of tyramine in the culture medium, mainly the content of phenyllactic acid and 4-hydroxyphenylacetic acid, were also determined by HPLC.</p> <p>The presence of the potential monoamine oxidase gene was detected by PCR in all three strains of <i>G. candidum</i>. During the first three days, there was a two-fold increase in GECA01s04594g gene expression in samples cultured in the presence of tyramine compared to the control growing in tyramine-free medium. In addition, the concentration of 4-hydroxyphenylacetic acid as the end product of tyramine oxidation increased continuously in the culture medium.</p> <p>The <i>G. candidum</i> G strain has potential as a production strain that can degrade tyramine from the environment. The GECA01s04594g gene, which encodes a potential flavin-dependent amino oxidase and whose expression has increased significantly in the presence of tyramine, is responsible for this degradation.</p> <p><i>This work was supported by the Scientific Grant Agency MŠVVaŠ SR- VEGA 1/0527/21</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Human breast milk – an attractive source of potential probiotic strains belonging to *Lactobacillaceae* family

PharmDr. Gabriela Greifová, PhD.

Comenius University, Faculty of Pharmacy, Department of Cellular and Molecular Biology of Drugs, Odbojárov 10, 832 32 Bratislava, Slovak Republic

¹Kišňová Sepová, H., ¹Dudík, B., ²Greif, G., ²Pokryvková, D., ²Greifová, M.

¹Comenius University, Faculty of Pharmacy, Department of Cellular and Molecular Biology of Drugs, Odbojárov 10, 832 32 Bratislava, Slovak Republic

²Slovak University of Technology, Faculty of Chemical and Food Technology, Department of Food Technology, Radlinského 9, 812 37 Bratislava, Slovak Republic

Background

The probiotic microflora is an important element of breast milk, including bacteria of the family *Lactobacillaceae*. These bacteria exert a multidirectional, health-promoting effect on the body of a child who consumes breast milk.

Goals

The aim of this study was to isolate and identify potential probiotic bacteria belonging to family *Lactobacillaceae*.

Methods

Human breast milk was derived from healthy women according to the Decision 06/2018 of Ethics Committee for Biomedical Research, Faculty of Pharmacy, Comenius University in Bratislava. Isolates were identified using MALDI-TOF. Basic phenotypic properties of isolates were determined together with metabolic production using HPLC method connected to UV and RI detection. The antimicrobial activity of isolates was determined using the dual-culture overlay diffusion method. Finally, the analysis of probiotic properties was realised.

Results

We identified 5 lactobacilli isolates as *Lactocaseibacillus rhamnosus*. All of them were Gram positive rods, catalase negative, non-hemolytic and they do not produced CO₂. We proved lactic and phenyllactic acid production in all isolates, but the production of histamine and tyramine was not detected. Analysed isolates were able to inhibit the growth of four indicator bacteria (*S. aureus*, *L. monocytogenes*, *E. coli* a *P. aeruginosa*), a microscopic filamentous fungus *A. flavus* and a yeast *C. albicans*. The analysis of probiotic properties including hydrophobicity, autoaggregation, hydrolysis of bile salts and surviving in stomach-like and intestine-like cultivation conditions, suggested the strain 3L7 as the most perspective probiotic candidate, however it did not show satisfactory resistance to acidic environment and bile salts.

Conclusion

Human breast milk represents important source of unique potential probiotic bacteria of the family *Lactobacillaceae*.

The present work was supported by the Grant from The Ministry of Education, Science, Research and Sport of the Slovak Republic, VEGA 1/0527/21 and by Grant of Faculty of Pharmacy FAF/38/2022.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, meno prijmeni, vedecka hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

uplny nazev pracoviste

Spoluautoři

prijmeni jmeno, index pracoviste

Pracoviště spoluautorů

index, nazev pracoviste

Pôvodcovia otítid u psov bakteriálneho pôvodu
MVDr. Vanda Hajdučková, PhD.
Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Katedra mikrobiológie a imunológie
Lacová Ivana ¹ , Koščová Jana ¹ , Pilipčinec Emil ¹
¹ Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach Katedra mikrobiológie a imunológie
<p>Otitída je zápal kože ušnice a vonkajšieho zvukovodu a patrí medzi najčastejšie diagnostikované ochorenia u psov. Ich vznik je podmienený viacerými faktormi ako sú primárne, predispozičné a udržiavacie príčiny.</p> <p>Cieľom práce bola izolácia a identifikácia pôvodcov otítid u psov a testovanie citlivosti na antibiotiká u všetkých izolovaných baktérií.</p> <p>Celkovo bolo odobratých 60 vzoriek, ktoré boli vyšetrené v mikrobiologickom laboratóriu a identifikácia izolátov bola vykonaná kultivačne, mikroskopicky a biochemicky. U všetkých izolátov bola stanovená citlivosť na antibiotiká diskovo-difúznou metódou podľa Kirby-Bauera. Z antibiotík boli použité amoxicilín/kyselina klavulanová 30µg, enrofloxacín 5mj., ciprofloxacín 5µg, moxifloxacín 5 µg, kyselina nalidixová 30 µg, polymyxín B 100mj., cefoxitin 30 µg, cefotaxim 30µg a gentamicin 10µg, ktoré sa využívajú v klinickej praxi.</p> <p>Z celkového počtu vyšetrených vzoriek bolo 48 s pozitívnym nálezom patogénnej alebo oportunistickej mikrobioty. Najviac zastúpeným druhom bol <i>Staphylococcus pseudintermedius</i> (50%). Najvyšiu rezistenciu sme zaznamenali na kyselinu nalidixovú, polymyxín B, amoxicilín/klavulanát a enrofloxacín.</p> <p>Kultivačné vyšetrenie a stanovenie citlivosti na antibiotiká je pri identifikácii pôvodcu a následnej terapii nevyhnutné, hlavne z dôvodu prevencie pred vznikom chronickej alebo rekurentnej otitídy. Ďalším dôležitým aspektom je spomalenie narastajúcej rezistencie baktérií na bežne používané antibiotiká vo veterinárnej medicíne.</p> <p><i>Táto práca vznikla za podpory projektu KEGA 007UVLF-4/2021.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Organ-specific endosymbiotic microbiome of tick <i>Ixodes ricinus</i>
Mgr. Richard Hodoši
Department of Microbiology and Virology, Faculty of Natural Sciences, Comenius University in Bratislava
Šardziková Sára ¹ , Kazimírová Mária ² , Derdáková Markéta ² , Šoltys Katarína ^{1,3}
¹ Department of Microbiology and Virology, Faculty of Natural Sciences, Comenius University in Bratislava ² Institute of Zoology, Slovak Academy of Sciences ³ Comenius University Science Park, Comenius University in Bratislava
<p>The <i>Ixodes ricinus</i> tick harbours a complex microbiome comprised of a large variety of microorganisms, including viruses, endosymbiotic and pathogenic bacteria, fungi and protozoa. Some of these microorganisms may play role in the tick's nutritional adaptation, reproduction and defence against stress.</p> <p>Our research aimed to identify the composition and activity of endosymbiotic bacteria and fungi in individual tick organs in association with tick feeding.</p> <p>Total RNA was isolated from individual organs (gut, salivary glands, ovaries and synganglion). Subsequently, prepared paired-end libraries were sequenced on the Illumina NextSeq550 platform and obtained data were analyzed with the use of bioinformatics tools.</p> <p>The composition and quantity of both bacterial and fungal communities changed depending on tissue type and blood-feeding. Microbial transcripts were detected in all analyzed tissues, which indicates microbial activity. Over 300 bacterial genera were detected. The most prevalent bacteria in the ovaries was <i>Candidatus</i> Midichloria mitochondrii, and its frequency was not affected by feeding. Typical for synganglion of unfed individuals were <i>Delftia</i>, <i>Gordonia</i>, <i>Rickettsia</i>, and <i>Streptococcus</i>. The bacterial abundance within the synganglion increased after 72h of feeding, whereas in the gut and salivary glands an opposite outcome has been observed. The most common fungal genera of the tick were <i>Malassezia</i>, <i>Saccharomyces</i>, <i>Botrytis</i>, <i>Tetrapisispora</i>, and <i>Ustilago</i>.</p> <p>We have identified the presence of bacteria and fungi in the individual organs of the tick <i>I. ricinus</i> suggesting either its endosymbiotic or environmental origin reflecting the process of feeding.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Vliv extraktu avokádového oleje na přežívání „<i>Arcobacter-like</i>“ species
Ing. Leona Hofmeisterová
Katedra biologických a biochemických věd, Fakulta chemicko-technologická, Univerzita Pardubice
Ing. David Šilha, Ph.D.; prof. Mgr. Roman Kandár, Ph.D.
Katedra biologických a biochemických věd, Fakulta chemicko-technologická, Univerzita Pardubice
<p><i>Arcobacter-like</i> species jsou Gram-negativní spirálovitě stočené bakterie patřící do nedávno navržené čeledi <i>Arcobacteraceae</i>. Často jsou izolovány z odpadních i pitných vod, potravin nebo měkkýšů. Některé druhy jsou považovány za významné zoonotické střevní patogeny u zvířat i lidí. Díky schopnosti tvořit biofilmy odolávají arkobaktery působení antimikrobiálních látek.</p> <p>Cílem této studie bylo testovat <i>in vitro</i> účinek extraktu avokádového oleje na přežívání a tvorbu biofilmu. Pro vybrané kmeny byly naměřeny růstové křivky v prostředí extraktu oleje pomocí přístroje RTS-1C. Hodnoty minimálních inhibičních koncentrací (MIC) byly stanoveny bujonovou mikrodiluční metodou a tvorba biofilmu v prostředí různých koncentrací extraktu byla hodnocena upravenou Christensenovou metodou.</p> <p>Kmeny <i>Arcobacter</i> spp. byly schopny růstu zejména při koncentracích nižších než 50 %. Při kratší době expozice buňky přežívaly, avšak k exponenciálnímu nárůstu počtů buněk docházelo až po více než 65 hodinách. Většina kmenů byla inhibována koncentrací 90 %, výjimkou byl kmen <i>A. thereius</i> LMG 24488, pro který byla stanovena hodnota MIC 45 %. Tvorby biofilmu byly schopny všechny testované kmeny již po 24 hodinách expozice. Obecně byla nejvyšší tvorba biofilmu naměřena při nižších koncentracích extraktu oleje (0,09–0,35 %). Kmen <i>A. defluvii</i> LMG 25694 byl hodnocen jako kmen s nejvyšší produkcí biofilmu. Nejméně biofilmu ve všech testovaných koncentracích produkoval naopak kmen <i>A. cryaerophilus</i> CCM 7050. Výsledky ukazují, že avokádový olej má antimikrobiální účinky a lze jím ovlivnit růst i přežívání <i>Arcobacter</i> spp.</p>

NÁZEV PRÁCE

Príprava rybích peliet s obsahom probiotík a následné sledovanie farmaceutických parametrov a prežívateľnosti probiotického kmeňa *Lactobacillus plantarum* R2 BiocenoI™

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PharmDr. Natália Chomová

PRACOVISŤE AUTORA

úplný názov pracoviska

Katedra mikrobiológie a imunológie
Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviska

Franc A.¹, Fečkaninová A.² Nemcová R.³, Koščová J.³, Kiššová, Z.³, Popelka P.⁴, Mudroňová D.³

Pracoviště spoluautorů

index, názov pracoviska

¹Ústav farmaceutické technológie, Masarykova univerzita, Brno, Česká republika

²Katedra farmaceutickej technológie, farmakognózie a botaniky, UVLF, Košice, Slovensko

³Katedra mikrobiológie a imunológie, UVLF, Košice, Slovensko

⁴Katedra hygieny, technológie a zdravotnej bezpečnosti potravín, UVLF, Košice, Slovensko

Úvod

Z dôvodu intenzifikácie chovu rýb a šírenia antimikrobiálnej rezistencie medzi zvieratami, ale aj ľuďmi, je nevyhnutné nachádzať nové alternatívy v terapii a profylaxii chorôb.

Cieľ

Tento experiment bol zameraný na vývoj probiotického prípravku, sledovanie vlastností peliet podľa Európskeho liekopisu a stanovenie miery prežívateľnosti probiotík.

Metodika

Na prípravu probiotických peliet bol zvolený kmeň *Lactobacillus plantarum* R2 BiocenoI™ (CCM 8674). Pelety boli pripravené naadsorbovaním humínových látok v koncentrácii 0,6 % a následne obalené probiotickou kultúrou (10⁹ KTJ/ml). Po vysušení boli uskladnené pri 4 °C, 25 °C a 40 °C a uchovávané v atmosférach - vzduch, CO₂, dusík, hélium.

Výsledky

Prežívateľnosť probiotík bola hodnotená hneď po príprave a následne po 1, 2, 3 a 6 mesiacoch. Z výsledkov možno konštatovať, že nebol zaznamenaný výrazný rozdiel v prežívateľnosti medzi jednotlivými atmosférami. Signifikantné zmeny boli pozorované medzi jednotlivými teplotami uchovávania. Najvyššie počty KTJ boli dlhodobo zaznamenané pri chladničkovej teplote. Pri teplote 40 °C bol už po mesiaci skladovania zaevidovaný výrazný pokles počtov vo všetkých atmosférach.

Záver

Na základe získaných výsledkov môžeme konštatovať, že obalovanie rybích peliet probiotikami nemení jeho kvalitatívne ani liekopisné charakteristiky a je optimálne ho skladovať pri teplote 4 °C bez potreby prídavku inej atmosféry. Tieto výstupy sú kľúčové pre následné podávanie probiotických peliet *in vivo* a ich využitie vo farmových chovoch rýb.

Výskum bol realizovaný v rámci projektu na základe zmluvy č. APVV-19-0234.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Probiotic and adherence features of a novel <i>Lactobacillus</i> isolates
RNDr. Anna Kamlárová, PhD.
Centrum klinického a predklinického výskumu MEDIPARK, Lekárska fakulta UPJŠ v Košiciach
Štofilová Jana ¹ , Kvaková Monika ¹ , Gul'ášová Zuzana ¹
¹ Centrum klinického a predklinického výskumu MEDIPARK, Lekárska fakulta UPJŠ v Košiciach
<p>Lactobacilli are commensal inhabitants of human and animal gastrointestinal tract, as well as the human mouth and vagina. They are important part of food industry (fermented and diary products) and human health as the most commonly used probiotics for many years.</p> <p>Probiotics are microorganisms and their compartments that have beneficial effects on the health and well-being of the host. The main effects of probiotics are inhibition of harmful microbes, stimulation of immune system, improve of intestinal barrier function and its protection against pathogens.</p> <p>The aim of this work was characterization of probiotic and adherence features of 13 novel <i>Lactobacillus</i> isolates from human (8) and traditional homemade fermented sauerkraut (5).</p> <p>The isolates were assigned to eight <i>Lactobacillus</i> species by 16S rDNA sequencing (<i>L. fermentum</i>, <i>L. plantarum</i>, <i>L. salivarius</i>, <i>L. rhamnosus</i>, <i>L. crispatus</i>, <i>L. reuteri</i>, <i>L. buchnerii</i> and <i>L. brevis</i>). Antagonistic effect against enterotoxigenic (It+, st+), and uropathogenic <i>E. coli</i> (O1:K1:H7) was tested by agar diffusion method, and survival in simulated gastrointestinal conditions (low pH and bile content - solo or in combination) were tested by cultivation strategies. The adhesion capabilities of lactobacilli to human epithelial cells were analysed in two <i>in vitro</i> intestinal models composed of differentiated Caco-2 cells, and co-culture of Caco-2 and mucin-producing cells HT29-MTX, respectively.</p> <p>Many of the analyzed isolates showed interesting results and they have promising probiotic potential so they were chosen for subsequent tests.</p> <p><i>This work was supported by the Operational Program Integrated Infrastructure Within the Project: Demand-Driven Research for the Sustainable and Innovative Food, Drive4SIFood 313011V336, co-financed by the European Regional Development Fund and grant VEGA 1/0393/20.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Antibiofilmová aktivita pomiferínu na biofilm tvoriaci Staphylococcus aureus.
RNDr. Ján Király, PhD.
Univerzita veterinárskeho lekárstva v Košiciach, Katedra mikrobiológie a imunológie
Hajdučková Vanda ¹ , Koščová Jana ¹ , Pilipčinec Emil ¹
¹ Univerzita veterinárskeho lekárstva v Košiciach, Katedra mikrobiológie a imunológie
<p>Baktérie <i>Staphylococcus aureus</i> vyvolávajú mnohé ochorenia ľudí a zvierat. Liečbu komplikuje výskyt multirezistentných kmeňov a kmeňov schopných formovať biofilm. Zabránenie tvorby a eradikácia biofilmu sú dôležité z hľadiska prevencie a získania kontroly nad infekciou. Znížený účinok antibiotík vedie k úsiliu nájsť spôsoby zabránenia vzniku biofilmu. Pomiferín je prenylovaný izoflavonoid izolovaný z plodov maklury oranžovej (<i>Maclura pomifera</i>), u ktorého bol sledovaný antibakteriálny aj antibiofilmový účinok a preto je potenciálnym kandidátom na terapeutické použitie.</p> <p>Cieľom práce bolo stanoviť mieru expresie génov zapojených do procesu tvorby biofilmu u <i>S. aureus</i> v prítomnosti pomiferínu relatívnou kvantifikáciou pomocou real-time PCR.</p> <p>Referenčný biofilm tvoriaci kmeň <i>S. aureus</i> CCM 4223 bol inkubovaný s pomiferínom v koncentráciách 1; 0,5; 0,25 a 0,125 μM. Relatívne hladiny mRNA sa určili po 24 hodinovej kultivácii normalizovaním hodnoty C_q vybraných génov (<i>icaA</i>, <i>icaD</i>, <i>icaB</i>, <i>icaC</i>, <i>agrA</i>, <i>srtA</i>, <i>fnbA</i>, <i>fnbB</i>) na priemernú hodnotu C_q referenčného génu pomocou analýzy hodnoty $2^{-\Delta\text{Cq}}$.</p> <p>Výrazne znížená úroveň expresie bola zaznamenaná pri koncentráciách 0,25 a 0,125 μM u génov <i>icaADBC</i> (>1,33x) a <i>srtA</i> (>1,35x).</p> <p>Sledovaný antibiofilmový účinok pomiferínu bol výsledkom zníženej expresie génov operónu <i>icaADBC</i>, ktorých produkty sú nevyhnutné pre tvorbu biofilmu a génu <i>srtA</i> kódujúceho sortázu A, ktorej nadmerná expresia zvyšuje virulenciu gramozitívnych baktérií. Výsledky poukazujú na možné využitie pomiferínu proti biofilmovým infekciám.</p> <p><i>Práca vznikla za podpory projektu KEGA 007UVLF-4/2021.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Hodnotenie cytokínového profilu v IPEC-J2 bunkovej línii po aplikácií rôznych sérovarov *Salmonella enterica*

MVDr. Zuzana Kiššová

Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach
Katedra mikrobiológie a imunológie

prof. MVDr. Ľudmila Tkáčiková, PhD.
prof. MVDr. Emil Pilipčinec, PhD.

Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach
Katedra mikrobiológie a imunológie

Úvod

Výhodou používania IPEC-J2 *in vitro* modelu gastro-intestinálneho traktu (GIT) je vysoká podobnosť medzi bunkami ľudí a ošípaných a tým jednoduchosť v extrapolácii výsledkov *in vitro* na *in vivo*. Zástupcovia rodu *Salmonella* sa vyskytujú celosvetovo a predstavujú pôvodcov salmonelózy nielen ľudí ale aj zvierat. Faktory virulencie umožňujú salmonelám kolonizovať epitel hostiteľa cez rôzne molekulárne mechanizmy. Kľúčovú súčasť infekcie tvorí zápal, kedy hostiteľské bunky v čreve indukujú produkciu rôznych prozápalových cytokínov ako odpoveď na aktiváciu PAMPs.

Ciele práce

Cieľom bolo štúdium cytokínového profilu IPEC-J2 buniek po infekcii rôznymi sérovarmi *S. enterica* hodnotením génovej expresie vybraných cytokínov.

Metodika

Ako experimentálny model sme použili IPEC-J2 bunkovú líniu. Expresiu cytokínového profilu buniek po infekcii rôznymi sérovarmi *S. enterica* (*Salmonella enterica* subsp. *enterica* sérovar Enteritidis 167/3, PT46; *Salmonella* Typhimurium CCM 7205; *Salmonella* Düsseldorf SA31) sme hodnotili pomocou qPCR.

Výsledky

Významný imunostimulačný potenciál sme zistili u kmeňa PT46, ktorý signifikantne ($p \leq 0,0001$) zvýšil expresiu hladiny génov kódujúcich prozápalové polarizačné cytokíny T-buniek (IL-12p35, TNF- α , IL-8) v porovnaní s kontrolnou skupinou. Hladiny génovej expresie mRNA pre molekuly TNF- α a IL-8 boli taktiež signifikantne ($p \leq 0,0001$) zvýšené v prípade ošetrenia buniek kmeňom SA31.

Záver

Výstupy z tohto štúdia slúžia pre výber patogénu z druhov *S. enterica* pre vytvorenie modelu zápalu prasacích intestinálnych epitelálnych buniek pre ďalšie *ex vivo* účely.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Studium redukce biogenních aminů bakterií <i>Lacticaseibacillus casei</i>
Mgr. Lucie Klementová
Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Fakulta technologická, Ústav inženýrství ochrany životního prostředí
Štěpán Beneš ^a , Dagmar Bábková ^a , Khatantuul Purevdorj ^a a Leona Buňková ^a
^a Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Fakulta technologická, Ústav inženýrství ochrany životního prostředí
<p>Kvalita a bezpečnost potravin může být ovlivněna zvýšenou přítomností biogenních aminů (BA). V lidském těle dochází k jejich redukci pomocí detoxifikačního systému, avšak v případě genetické disfunkce těchto enzymů, vlivem inhibitorů nebo nadměrným příjmem BA, může dojít k nadměrnému hromadění v lidském těle a následně mohou mít negativní vliv na konzumenta. Z pohledu výskytu BA rizikovými potravinami jsou fermentované produkty z důvodu přítomnosti mikroorganismů. Jednou z možných strategií je aplikace mikroorganismů, které vlastní enzymy schopné tyto aminy rozkládat. Cílem bylo ověřit degradační schopnost studovaného bakteriálního kmene <i>Lacticaseibacillus casei</i> CCDM 198 během jeho kultivace v závislosti na vybraných parametrech (pH, teplota, přídavek cysteinu) v bujónu. Degradaci bylo podrobeno 5 nejčastěji se vyskytujících BA v potravinách (tyramin, putrescin, histamin, kadaverin a fenylethylamin). Množství jednotlivých aminů bylo v jednotlivých časech odběru stanovováno metodou HPLC-DAD. Největší degradační schopnost v bujónu byla zjištěna při koncentraci BA 0,2 g/l, v polovičním živném médiu, při teplotě 30 °C a pH 6,2, kdy došlo k úbytku putrescinu (až o 61 %), kadaverinu (až o 57 %) a histaminu (až o 51 %). Bylo tedy dokázáno, že testovaný kmen může být potencionálně využit pro redukci BA a zvýšení bezpečnosti fermentovaných produktů.</p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Vývoj diagnostického UP-single-PCR testu na detekciu vírusu hepatitídy E s využitím univerzálnych primerov
RNDr. Božena Kočíková, PhD.
Katedra epizootológie, parazitológie a ochrany spoločného zdravia, Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, SR, bozena.kocikova@uvlf.sk
Sulinová Zlatana, Pavlová Alica, Jacková Anna, Vilček Štefan
Katedra epizootológie, parazitológie a ochrany spoločného zdravia Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, SR
Úvod Vírus hepatitídy E (HEV) predstavuje celosvetovo najčastejšiu príčinu hepatitídy. Hoci bol za posledných 10 rokov v krajinách EÚ zaznamenaný nárast hepatitídy E, ktorej pôvodca bol potvrdený u ľudí, ale aj u ošípaných a diviakov, kvalitné laboratórne testy na rýchlu a citlivú diagnostiku doposiaľ chýbajú.
Cieľ Vývoj a optimalizácia laboratórneho UP-single-PCR testu (UP-S-PCR) na detekciu HEV s využitím chimerických a univerzálnych primerov.
Materiál a metódy V modifikovanej 2-krokovej metóde UP-S-PCR boli v 1. kroku využité chimerické primery (ChP), zložené z dvoch sekvencií: univerzálny primer (UP) + špecifická ORF1 časť primeru HEV. V 2. kroku amplifikačného testu bol využitý iba jeden UP, ktorý hybridizoval na sekvenciu univerzálného primeru v ChP. Metóda UP-S-PCR bola optimalizovaná na HEV pozitívnej klinickej vzorke.
Výsledky Z dvoch dvojíc ChP s rozdielnymi časťami sekvencií špecifickej časti primerov bola na základe predbežných experimentov vybraná vhodná dvojica ChP. V ďalšej optimalizácii testu boli zistené najvhodnejšie koncentrácie ChP (50 nM) v 1. kroku a UP (300 nM) v 2. kroku UP-S-PCR. Porovnávacie experimenty s klasickou PCR s využitím vírus špecifických primerov naznačili, že novovyvíjaný UP-S-PCR test bol citlivejší.
Záver Nasledujúce experimenty budú zamerané na testovanie špecificity a reproducibility vyvinutého testu, ako aj na zavedenie vnútornej kontroly v systéme UP-multiplex-PCR (UP-M-PCR).
<i>Práca bola podporená projektmi VEGA 1/0429/2 a Operačným programom OPENMED, kód ITMS2014+: 313010V455.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Antibakteriálna aktivita éterických olejov voči bakteriálnym patogénom rýb

doc. MVDr. Jana Koščová, PhD.

Katedra mikrobiológie a imunológie
Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach

Hajdučková Vanda¹, Wolaschka Tomáš², Fečkaninová Adriána²

¹Katedra mikrobiológie a imunológie
²Katedra farmaceutickej technológie, farmakognózie a botaniky
Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach

Éterické oleje (EO) predstavujú alternatívu antibiotikám (ATB), ktoré sa používajú na liečbu bakteriálnych ochorení rýb. Obsahujú biologicky aktívne látky, najmä terpény a terpenoidy (fenoly), ktoré pôsobia antimikrobiálne. Cieľom práce bolo stanoviť antibakteriálne účinky oreganového a tymiánového EO voči patogénom rýb (*Aeromonas salmonicida* subsp. *Salmonicida* - AS a *Yersinia ruckeri* - YR) *in vitro*. Na kvalitatívne stanovenie sme použili diskovo-difúznou metódu (DDM), výsledky boli vyhodnotené ako priemery nameraných inhibičných zón v mm a následne, na kvantitatívne stanovenie MIC (minimálnej inhibičnej koncentrácie) sme použili modifikovanú mikrodilučnú metódu podľa štandardov CLSI (2018), so zostupnými koncentraciami EO od 50 % do 0,1 %. MIC bola stanovená ako posledná jamka v každom rade bez viditeľného rastu baktérií a vyhodnotená percentuálne. Všetky merania boli vykonané triplicitne a výsledky boli porovnávané s pozitívnou kontrolou. DDM poukázala na silnejšiu antibakteriálnu aktivitu oreganového EO voči obom testovaným patogénom, AS aj YR (64 ± 1.2 mm; 60 ± 1.4 mm) v porovnaní s tymiánovým EO (38 ± 2.4 mm; 42 ± 1.6 mm). V rámci stanovenia MIC boli najlepšie výsledky získané opäť s oreganovým EO, pričom hodnoty MIC sa pohybovali v rozpätí od 0,1 % do 50 % voči AS a od 0,2 % do 50 % voči YR. V prípade tymiánového EO, hodnoty MIC boli vyššie a pohybovali sa v rozpätí od 0,78 % do 50 % voči obom patogénom. EO môžu byť použité ako naturálna alternatíva ATB, sú však potrebné aj ďalšie *in vivo* štúdie, potvrdzujúce ich účinky.

Práca vznikla s podporou projektu VEGA 1/0731/21.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVÍŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Comparison of the PCR reactions for the detection of genes involved in reuterin synthesis in *Limosilactobacillus reuteri* strains

MVDr. Marián Maďar, PhD.

Department of microbiology and immunology, University of veterinary medicine and pharmacy in Košice, Komenského 73, 04181 Košice

MVDr. Jana Kačírová 1, MVDr. Miriam Sondorová 1, MVDr. Natália Šurin Hudáková 1, MVDr. Eva Stýková, PhD. 2

1, Department of microbiology and immunology, University of veterinary medicine and pharmacy in Košice, Komenského 73, 04181 Košice
2, Clinic of horses, University of veterinary medicine and pharmacy in Košice, Komenského 73, 04181 Košice

Introduction

Reuterin is a substance produced by lactic acid bacteria in process of glycerol fermentation that shows antibacterial, antifungal, antiprotozoal and antiviral properties. The biosynthesis of reuterin involves the conversion of glycerol catalyzed by enzyme glycerol dehydratase (GDH).

Aim

The ability of reuterin synthesis is considered to be one of the probiotic properties, therefore the aim of the study was to detect the genes encoding GDH in *Limosilactobacillus reuteri* strains.

Methods

We compared 5 PCR reactions amplifying the GDH genes using primers GD1, GD2, GD3, GD4 and GD5. Primers GD3 and GD4 were designed by us. We tested 5 our strains and *L. reuteri* DSM 17938 was used as a positive control. All PCR products were sequenced and then analyzed.

Results

The most suitable PCR was using the designed GD3 primers, amplifying a 300 bp product that was present in all tested strains. Similarly, using GD1 primers the products were recorded in 5 strains. The 500 bp products were present in 2 of our strains and the positive control, however the size of other 2 strains was 1081 bp. The PCR using GD5 primers amplified a 225 bp product in only 2 of 6 strains, but not in the positive control. The product using our GD4 primers was recovered in only 1 sample, but there was no product using GD2 primers.

Conclusion

The most suitable PCR reactions for detection of GDH genes were the ones using primers GD3 and GD1. Primers GD4 and GD5 seem to be less suitable and we do not recommend them for the verification of GDH genes. GD2 primers proved to be inappropriate.

Acknowledgement

This research was supported by projects: VEGA 1/0788/19 and VEGA 1/0372/22

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Identifikace řasy *Prototheca* spp. pomocí multiplexní qPCR a testování citlivosti *Prototheca bovis* k amfotericinu B, nystatinu a flukonazolu

Mgr. Monika Morávková, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.

Romana Bačová¹, Monika Beinhauerová¹, Marcela Klimešová², Růžena Seydlová², Ivana Kucharovičová³

¹Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.

²Výzkumný ústav mlékárenský, s.r.o.,

³Státní veterinární ústav Jihlava

Úvod

Zástupci řasy rodu *Prototheca* způsobují především mastitidní onemocnění skotu, ojediněle byly zanameny případy prototékové infekce i u dalších zvířat či lidí. Z epidemiologického hlediska je důležitá přesná identifikace daného druhu. Ačkoliv prototéková mastitida krav je v tuto chvíli neléčitelné onemocnění, vzhledem k možnému přenosu na člověka je potřeba znát citlivost k potenciálním antifungálním látkám.

Cíl

Cílem studie byla přesná identifikace suspektních izolátů *Prototheca* spp. pocházejících z bazénových vzorků kravského mléka a otestování citlivosti k antifungálním látkám.

Metodika

Suspektní izoláty *Prototheca* spp. z bazénových vzorků mléka z České republiky byly identifikovány multiplexním systémem qPCR pro detekci vybraných druhů prototék (*P. bovis*, *P. blaschkeae*, *P. ciferrii* a *P. wickerhamii*). Citlivost k vybraným antifungálním látkám byla testována u 15 vybraných izolátů *P. bovis* pomocí mikrodiluční metody pro testování citlivosti k antifungálním látkám u kvasinek (EUCAST v 7.3.2.1.).

Výsledky

Celkem bylo analyzováno 45 izolátů, z nichž 41 bylo identifikováno jako *P. bovis*, zbylé izoláty byly identifikovány jako *P. blaschkeae* a *P. ciferrii*. U vybraných izolátů byla stanovena minimální inhibiční koncentrace k amfotericinu B, nystatinu a flukonazolu.

Závěr

V bazénových vzorcích mléka v ČR se nejčastěji vyskytuje *P. bovis*, méně často pak *P. blaschkeae* a *P. ciferrii*. Nejvyšší citlivost byla pozorována k amfotericinu B, naopak nejvyšší rezistence byla pozorována u flukonazolu.

Výsledek vznikl v rámci institucionální podpory MZE-RO0518 a grantu QK1910092.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Dekontaminácia *Escherichia coli* na povrchu vybraných semien nízkoteplotnou plazmou generovanou difúznym koplanárnym povrchovým bariérovým výbojom

Ing. Silvia Mošovská, PhD.

Oddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Ústav potravinárstva a výživy, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Slovenská technická univerzita v Bratislave

Veronika Medvecká^b, Ľubomír Valík^a, Anna Mikulajová^a, Anna Zahoranová^b

^aOddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Ústav potravinárstva a výživy, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Slovenská technická univerzita v Bratislave

^bKatedra experimentálnej fyziky, Fakulta matematiky, fyziky a informatiky Univerzity Komenského v Bratislave

Úvod

Kontaminácia potravín patogénnymi mikroorganizmami a ich toxíny môže predstavovať potenciálne zdravotné riziko pre spotrebiteľa (Akanele a kol., 2016). Viaceré obmedzenia doteraz používaných dekontaminčných postupov motivovali k rozvoju alternatívnych technológií (Mandal a kol., 2018), medzi ktoré patrí aj nízkoteplotná plazma (NTP). NTP je netepelná technológia, ktorá umožňuje mikrobiálnu inaktiváciu na povrchu potravín (Hertwig a kol., 2015).

Cieľ

Štúdium devitalizačného účinku NTP generovanej difúznym koplanárnym povrchovým bariérovým výbojom (DCSBD) v atmosfére vzduchu pri atmosférickom tlaku na *E. coli* inokulovanú na povrch sójových bôbov, šošovice a mungo fazule.

Metodika

Zdroj NP: DCSBD (efektívna hrúbka aktívnej plazmy nad povrchom výbojky bola 0,3 – 0,5 mm, príkon zdroja bol 400 W) generovaný v atmosfére vzduchu pri atmosférickom tlaku; čas pôsobenia plazmy na povrch vzoriek bol 0, 1, 2, 3, 4 resp. 5 min.

Stanovenie devitalizačného účinku NTP: platňová zried'ovacia metóda stanovenia počtu kolóniotvorných jednotiek KTJ; výsledné počty KTJ sa vyjadri v KTJ/g vzorky; závislosť zmeny počtu mikroorganizmov od času pôsobenia nízkoteplotnej plazmy bola opísaná log lineárnym a Weibulloým modelom.

Analýza potenciálnych zmien vplyvom NTP u ošetrovaného materiálu: Fourierova infračervená spektroskopía s metódou zoslabeného odrazu (single ATR-FTIR).

Výsledky

Najvýraznejší pokles počtu mikroorganizmov po aplikácii NTP bol zaznamenaný pri vzorke šošovice. Decimálny čas, za ktorý poklesla počiatočná koncentrácia *E. coli* (6,94 KTJ/g) o 90% dosiahol 1.04 s. Po vystavení vzorky plazme po dobu 5 min bolo pozorované zníženie počtu *E. coli* o 4,58 log KTJ/g. Na povrchu všetkých vzoriek došlo k miernym zmenám štruktúry proteínov a škrobu (šošovica a sója) a to najmä pri použití vyššieho expozičného času (5 min).

Záver

Získané výsledky preukázali účinnosť DCSBD na dekontamináciu *E. coli* na povrchu vybraných semien.

Literatúra: u autora

Podakovanie: Práca bola vypracovaná s podporou projektov VEGA 1/0515/21 a VEGA 1/0688/22

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Geny kódující metabolizaci prebiotik a jejich výskyt v rezistentních a patogenních enterobakteriích

Mgr. Tomáš Nohejl^{1,2}

¹CEITEC Veterinární univerzita Brno, ČR

²Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, ČR

Palkovičová Jana^{1,2}, Valček Adam^{1,3,4}, Nešporová Kristína¹, Dolejská Monika^{1,2,5,6}

¹CEITEC Veterinární univerzita Brno, ČR

²Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno, ČR

³Microbial Resistance and Drug Discovery, VIB-VUB Center for Structural Biology, VIB, Flanders Institute for Biotechnology, Belgie

⁴Structural Biology Brussels, Vrije Universiteit Brussel (VUB), Belgie

⁵Biomedicínské centrum, Lékařská fakulta v Plzni, Univerzita Karlova, ČR

⁶Oddělení klinické mikrobiologie a imunologie, Ústav laboratorní medicíny, Fakultní nemocnice Brno, ČR

Geny *fos* odpovědné za metabolizaci běžně užívaných prebiotik, fruktooligosacharidů s krátkým řetězcem, byly nedávno detekovány na chromozomech patogenních bakterií a zároveň na plasmidech sdružených s rezistencí k antibiotikům. Metabolismus prebiotik by mohl být klíčovým faktorem v adaptaci bakterií odolných vůči antimikrobiálním látkám.

Cílem je určit výskyt a genetický kontext genů *fos* ve spojitosti s geny antibiotické rezistence (ARG).

Byl proveden PCR screening genu *fosT* ve více než 11 000 izolátech rezistentních na antibiotika získaných v letech 2005 až 2019 z lidí, potravinových, domácích i volně žijících zvířat a prostředí, z Evropy, Severní a Jižní Ameriky, Afriky a Austrálie. Celogenomové sekvenování (WGS) umožnilo objasnit strukturu a genetický kontext genů *fos* u reprezentativních izolátů.

Získali jsme 307 izolátů s genem *fosT*, což odpovídá asi 2,8 % všech testovaných izolátů. Z 237 reprezentativních izolátů podrobených WGS vykazovalo 162 chromozomální a 75 plazmidové umístění genů *fos*. Plazmidové umístění zahrnovalo plasmidy inkompatibilních skupin IncHI1 (n=27), IncF (n=26), IncK2 (n=14), IncI1 (n=4) a IncY (n=4). Výskyt genů *fos* spolu s ARG byl nalezen na plasmidech IncHI1 (multirezistence), IncK2 (*bla*_{TEM-1A}), IncI1 (*sul2*, *tet(A)*) a IncY fágům podobných plasmidech (*aadA5*, *dfrA17*, *sul2* a *tet(A)*).

Studie demonstruje nově nalezené zdroje izolátů nesoucí ARG spolu s geny kódujícími metabolismus cukrů běžně využívaných jako prebiotika. Naše zjištění naznačují možnou koselekcí a mobilizaci genů na plasmidech, což představuje další potenciální riziko šíření rezistence.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Je voľne žijúca zver rezervoárom vírusu hepatitídy E?

MVDr. Alica Pavlová

Katedra epizootológie, parazitológie a ochrany spoločného zdravia, Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, Slovenská republika
email: alica.pavlova@student.uvlf.sk

Dudášová Katarína¹, Molnár Ladislav², Kottferová Lucia², Kočíková Božena¹, Sulinová Zlatana¹, Vilček Štefan¹, Jacková Anna¹

¹Katedra epizootológie, parazitológie a ochrany spoločného zdravia, Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, Slovenská republika

²Klinika vtákov, exotických a voľne žijúcich zvierat, Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, Slovenská republika

Úvod

Vírus hepatitídy E (HEV) patriaci do čeľade *Hepeviridae* má osem genotypov, z ktorých HEV-3 a HEV-4 majú zoonotický charakter, vyskytujú sa u domácich ošípaných, diviakov, inej voľne žijúcej zveri a u ľudí. V súčasnosti je pozorovaný nárast klinických prípadov vírusovej hepatitídy E v humánnej populácii.

Cieľ

Výskum bol zameraný na detekciu a genetickú charakterizáciu HEV v populácii voľne žijúcej zveri na Slovensku.

Metodika

Na detekciu vírusu bolo použitých 259 vzoriek diviaka lesného a 99 vzoriek iných druhov voľne žijúcej zveri z 31 poľovných revírov. RNA bola izolovaná RNA Fibrous Tissue Kitom (Qiagen) automatickým analyzátorom nukleových kyselín QIAcube (Qiagen). Prítomnosť HEV bola detegovaná pomocou one-step real-time RT-PCR. Pozitívne vzorky boli následne analyzované nested RT-PCR. Dvadsaťpäť PCR produktov bolo osekvenovaných a následne fylogeneticky analyzovaných programom MEGA6.

Výsledky

RNA vírusu bola detegovaná v 39 (15,06 %) vzorkách diviaka lesného a v žiadnej vzorke iných druhov. Fylogenetickou analýzou bolo zistené, že všetky HEV sekvencie patria do zoonotického genotypu HEV-3, kladu HEV-3abchij a boli geograficky klastrované podľa revírov. Vzájomná nukleotidová podobnosť HEV sekvencií bola v rozmedzí 77,6 % až 100 %.

Záver

Z doterajšieho výskumu vyplýva, že diviaky môžu predstavovať jeden z hlavných rezervoárov HEV na Slovensku, čo sa zatiaľ nepotvrdilo u iných druhov voľne žijúcej zveri. Štúdiu plánujeme rozšíriť o väčší počet vyšetrených vzoriek.

Práca bola podporená projektmi VEGA 1/0429/20 a OP OPENMED, kód ITMS2014+: 313011V455.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detection and genetic characterisation of West Nile virus and Usutu virus strains obtained from mosquitoes captured in eastern Slovakia

Mgr. Katarína Peňazziová, PhD.

Department of Microbiology and Immunology, The University of Veterinary Medicine and Pharmacy in Košice (UVLF)

Schusterová Petra¹, Cingel'ová Maruščáková Ivana¹, Korytár Luboš², Barbušinová Eva³, Grešáková Lubomíra⁴, Čabanová Viktória⁵, Pivka Soňa¹, Pisl Juraj¹, Csank Tomáš¹

¹ Department of Microbiology and Immunology, UVLF

² Department of Epizootiology, Parasitology and Protection of One Health, UVLF

³ Department of Breeding and Diseases of Game, Fish and Bees, Ecology and Cynology, UVLF

⁴ Institute of Animal Physiology CBs, Slovak Academy of Sciences (SAS)

⁵ Institute of Virology, Biomedical Research Center SAS

Introduction

West Nile virus (WNV) and Usutu virus (USUV) belong to the genus *Flavivirus* (*Flaviviridae*). Under natural conditions, WNV and USUV are maintained in nature through biological transmission between birds (amplification hosts) and mosquitoes (vectors).

Aim

The detection and genetic characterisation of mosquito-borne flaviviruses - West Nile virus (WNV) and Usutu virus (USUV) from mosquitoes captured in eastern Slovakia.

Material and methods

Altogether, 397 mosquito pools (n=8465) were used for flaviviruses detection. The pools were tested through panflavi and hemi-nested PCR [1; 2]. Specific Real-Time PCR subsequently verified positive pools for WNV [3] and USUV [4]. A 599 bp PCR product [1] was used for partial sequencing. For sequencing of USUV, primers published in Bakonyi et al. 2004 were used.

Results

In total, we detected 2 USUV (153.C/19; E203/19) and 1 WNV (170.C/19) strains in pools containing female mosquitoes from the *Culex pipiens* complex captured in Drienovská wetland (DW) and Košice (KE). Both strains from DW were analysed by partial sequencing, 153.C/19 was assigned to European lineage 2 (EU2) and 170.C/19 to WNV lineage 2. The partially sequenced genome of strain E203/19 from KE, which also belongs to EU2, starts at nt (nucleotide) 1573 and ends at nt 10293. All strains were compared with closely related strains from Europe and Africa at the nt or aa (amino acid) level. The similarity ranged from 84.1 to 100%. In strain E203/19, 3 unique aa substitutions were detected in NS2A and NS3 proteins.

Conclusion

Our study confirmed the circulation of WNV and USUV in mosquitoes captured in urban and suburban locations in eastern Slovakia. We detected three strains of WNV and USUV. All strains were closely related to pathogenic strains isolated in Europe.

References

- Scaramozzino et al. 2001, *J. of clinical microbiology*, vol. 39(5), p. 1922-1927.
Csank et al. 2016, *Arch. of virology*, vol. 161(6), p. 1679-1683.
Kolodziejek et al. 2014, *Plos One*, vol. 9(10), e109905.
Weissenböck et al. 2013, *Em. Inf. Diseases*, vol. 19(2), p. 274-277.
Bakonyi et al. 2004, *Virology*, vol. 328(2), p. 301-310.

Funding: This research was funded by the Slovak Research and Development Agency, grant numbers APVV-19-0440; project implementation: "Open scientific community for modern interdisciplinary research in medicine (OPENMED)", ITMS2014+: 313011V455 supported by the Operational Programme Integrated Infrastructure, funded by the ERDF; COST CA 17 108.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detekcia a izolácia arbovirusov prenášaných kliešťami na Slovensku

Mgr. Soňa Pivka, PhD.

Katedra mikrobiológie a imunológie, Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach (UVLF)

Pivka Soňa¹, Peňazziová Katarína¹, Schusterová Petra¹, Cingel'ová Maruščáková Ivana¹, Pistl Juraj¹, Korytár Ľuboš², Klempa Boris³, Csank Tomáš¹

¹ Katedra mikrobiológie a imunológie, UVLF

² Katedra epizootológie, parazitológie a ochrany spoločného zdravia, UVLF

³ Virologický ústav, Biomedicínske centrum, SAV

Úvod

Kliešte predstavujú jedny z najdôležitejších vektorov arbovirusov ohrozujúcich zdravie ľudí, domácich a voľne žijúcich zvierat. Na území Slovenskej republiky (SR) boli doposiaľ detegované 4 kliešťami prenášané arboviry: vírus kliešťovej encefalitídy (TBEV), Tribeč vírus (TRBV), Lipovník vírus (LIPV) a vírus Uukuniemi (UUKV).

Cieľ

Detekcia a izolácia arbovirusov z odchytených kliešťov.

Metodika

Zbery kliešťov boli realizované v roku 2019, a to vlnovaním a z odchytených vtákov. Celkovo bolo otestovaných 217 poolov kliešťov (vegetácia, n=1132; z odchytených vtákov, n=144). Detekcia vírusov bola vykonaná konvenčnou, hemi-nested PCR a RT-qPCR [1,3,4,5,6]. Homogenáty z pozitívnych poolov boli použité na izoláciu vírusov na bunkovej línii Vero E6.

Výsledky

Celkovo boli detegované 2 kmene UUKV (56.C/19, 68.C/19) a 2 kmene TRBV (248.C/19, 283.C/19) v pooloch s kliešťami druhu *Ixodes ricinus*. Všetky kmene boli úspešne izolované aj na bunkovej línii Vero E6. Kmene UUKV boli detegované v kliešťoch z vegetácie, kmene TRBV boli detegované v kliešťoch odobratých z vtákov (*Prunella modularis*, *Turdus merula*). Všetky pooly boli negatívne na prítomnosť TBEV a LIPV.

Záver

V našej práci boli detegované 2 kmene UUKV a 2 kmene TRBV, čo naznačuje ich aktívny transmisný cyklus na vybraných územiach. Existuje predpoklad, že TRBV môže byť pôvodcom encefalitíd neznámej etiológie. Práve nešpecifické príznaky značne sťažujú diferenciálnu diagnostiku arbovirusových infekcií. Na Slovensku bolo medzi rokmi 2016 – 2018 z celkového počtu vírusových CNS infekcií 40% diagnostikovaných ako bližšie neurčená vírusová infekcia [2]. Detekcia vírusov v kliešťoch môže odhaliť zvýšenú aktivitu arbovirusov, čo je nevyhnutné pri zavádzaní účinných kontrolných a preventívnych opatrení.

This research was funded by the Slovak Research and Development Agency, grant numbers APVV-19-0440; project implementation: "Open scientific community for modern interdisciplinary research in medicine (OPENMED)", ITMS2014+: 313011V455 supported by the Operational Programme Integrated Infrastructure, funded by the ERDF; COST CA 17 108.

Zoznam literatúry

1. Csank, T. et al. *A. of virology*. 2016; 161(6):1679-1683.
2. Kerlik, J. et al. 2018. ISSN 1873-0442, vol. 26, p. 37-42.
3. Klimentov, A. S. et al. *J. Virol. Methods*. 2016; 232:29-32.
4. Kuno, G. et al. *J. Virol*. 1998; 72:73-83.
5. Schwaiger, M. et al. *J. Clin. Virol*. 2003; 27(2):136-45.
6. Peňazziová, K. et al. 2020. ISBN 978- 80-971428-6-5, s. 77-79.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Vliv vybraných protektivních kultur a jejich metabolitů s antimikrobiálními účinky na produkci tyraminu u kmenů izolovaných z fermentovaných potravin

Ing. Khatantuul Purevdorj, Ph.D.

Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Fakulta technologická, Ústav inženýrství ochrany životního prostředí

Buňková Leona¹, Klementová Lucie¹, Dlabajová Andrea¹, Buňka František²,

¹Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Fakulta technologická, Ústav inženýrství ochrany životního prostředí,

²Univerzita obrany, Fakulta vojenského leadershipu, Katedra logistiky

Tyramin je považován za jeden z nejtoxičtějších biogenních aminů a je běžně produkován bakteriemi mléčného kvašení ve fermentovaných potravinách. Cílem této studie bylo zkoumání vlivu vybraných nisin produkujících kmenů *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* a jejich bezbuněčných supernatantů (CFS) na tyrozindekarboxylázovou aktivitu u bakterií izolovaných z fermentovaných potravin. Nejprve byl zkoumán antimikrobiální účinek CFS z kmenů *Lactococcus lactis* na testované kmeny laktobacilů pomocí jamkové difúzní metody. Na základě získaných výsledků bylo vybráno šest protektivních kmenů. Vliv těchto kmenů a jejich příslušných CFS na tyrozindekarboxylázovou aktivitu u testovaných kmenů *Lactobacillus* a *Lactiplantibacillus* byl sledován v MRS bujónu obohaceném o L-tyrosin. Vyprodukovaná množství tyraminu byla monitorována pomocí HPLC-UV.

Tvorba tyraminu nebyla detekována u všech testovaných kmenů *Lactobacillus* a *Lactiplantibacillus* v přítomnosti 2 protektivních kmenů (*Lc. lactis* subsp. *lactis* CCDM 71 a CCDM 702) a jejich CFS. Navíc zbytek zkoumaných protektivních kmenů (CCDM 670, CCDM 686, CCDM 689 a CCDM 731) a jejich CFS významně snížily produkci tyraminu ($P < 0,05$) u 4 ze 6 testovaných tyramin-produkujících kmenů. Výsledky této práce naznačují, že nisin-produkující kmeny a jejich CFS by mohly sloužit jako nástroj pro zajištění kontrolních opatření, která zabrání vysoké kumulaci tyraminu ve fermentovaných potravinách.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Vplyv topickej aplikácie <i>Weissella cibaria</i> na kožnú mikrobiotu koní postihnutých dermatitídou sponky
MVDr. Eva Styková, PhD. ¹
¹ Klinika koní, Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, Slovenská republika
Nemcová Radomíra ² , Valocký Igor ¹ , Kačírová Jana ²
² Katedra mikrobiológie a imunológie, Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach, Komenského 73, 041 81 Košice, Slovenská republika
<p>Dermatitída sponky (podlom) je multifaktoriálne ochorenie spôsobené zmiešanými stafylokoko-fungálnymi infekciami so zmenou ekosystému kože. Cieľom práce bolo overenie účinku kmeňa <i>Weissella cibaria</i> Biocenol™ 4/8D37 CCM 9015 stabilizovaného na alginite na kožnú mikrobiotu modelových pacientov s dermatitídou. Do experimentu bolo zaradených 12 kobýl norika muránskeho s podlomami na panvových končatinách. Šiestim kobylám bol počas 14 dní topicky aplikovaný kmeň <i>W. cibaria</i> na alginitovom nosiči a 6 kobylám samotný nosič. Vzorky kožných sterov boli analyzované amplikonovým sekvenovaním. Výsledky preukázali, že kmeň <i>W. cibaria</i> ovplyvnil rodové zastúpenie mikrobioty kože končatín postihnutých dermatitídou. Počas aplikácie <i>W. cibaria</i> došlo k % poklesu potencionálnych agensov ochorenia z rodov <i>Staphylococcus</i>, <i>Streptococcus</i> a <i>Corynebacterium</i> oproti stavu pred začiatkom aplikácie. Rod <i>Staphylococcus</i> predstavoval pred začiatkom aplikácie <i>W. cibaria</i> 18,18%, na 14. deň 2,43% a po 7 dňoch od ukončenia aplikácie klesol až pod 1%. Rod <i>Streptococcus</i> tvoril pred začiatkom aplikácie <i>W. cibaria</i> 14,68 % a na 14. deň klesol na 1,32%, rod <i>Corynebacterium</i> tvoril pred začiatkom aplikácie <i>W. cibaria</i> 13,25% a na 14. deň tvoril 6,24%. Rod <i>Weissella</i> pred aplikáciou nebol vo vzorkách detegovaný. Počas aplikácie tvoril 75 – 80% mikrobioty získanej z kožných sterov a 7 dní od ukončenia aplikácie predstavoval 10% mikrobioty. Kmeň <i>W. cibaria</i> mal pozitívny vplyv na klinický obraz dermatitídy počas topickej aplikácie a zabraňoval recidívam ochorenia 6 mesiacov po jej ukončení.</p> <p><i>Táto práca bola podporovaná Agentúrou na podporu výskumu a vývoja č. APVV-16-0203 a VEGA 1/0372/22.</i></p>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVIŠTĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

GNOTOBIOTIC PIGLET MODEL OF SALMONELLOSIS
doc. Ing. Bc. Igor Šplíchal, CSc.
Laboratory of Gnotobiology, Institute of Microbiology of the Czech Acad Sci, Nový Hrádek
Alla Šplíchalová ¹ , Ivan Rychlik ² , Zdislava Kindlová ¹ , Eva Vlková ³
¹ Laboratory of Gnotobiology, Institute of Microbiology of the Czech Acad Sci, Nový Hrádek ² Department of Microbiology and Antimicrobial Resistance, Veterinary Research Institute Brno, Brno ³ Department of Microbiology, Nutrition and Dietetics, Czech University of Life Sciences Prague, Prague
Introduction <i>Salmonella enterica</i> serovar Typhimurium causes self-limiting gastroenteritis (salmonellosis) in previously healthy patients. In contrast, it can induce life-threatening illnesses in immunocompromised individuals such as young infants and elders. Its LT2 strain (LT2) is avirulent for conventional piglets with balanced microbiota.
Aim Summary of our experience with the gnotobiotic piglet model of salmonellosis.
Methods Clinical signs, cultivation methods, histology, immunofluorescence, Real-Time PCR, ELISA, xMAP (Luminex).
Results Infection with LT2 induced fever, anorexia, sleepiness, and diarrhea, and it was lethal for one-week-old germ-free piglets. Changes in the intestinal histology, expression of tight junction proteins claudin-1 and occludin, and excessive local and systemic levels of cytokines HMGB1, IL-8, IL-10, and TNF- α documented the detrimental effect of LT2 in these immunocompromised piglets. The virulence of LT2 depended on the truncation of its lipopolysaccharide.
Conclusion The gnotobiotic piglet is a suitable animal model for salmonellosis in weakened individuals. It allows studies for verifying probiotic safety and modulation of colonization resistance induced by defined microbiota.
<i>This work was supported by the grant 21-15621S of the Czech Science Foundation.</i>

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤĚ AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

IMMUNOCOMPROMISED HOST, SYNTHETIC MICROBIOTA, AND COLONIZATION RESISTANCE

MUDr. Alla Šplíchalová, Ph.D.

Laboratory of Gnotobiology, Institute of Microbiology of the Czech Acad Sci, Nový Hrádek

Igor Šplíchal¹, Kristýna Horváthová², Eva Vlková²

¹ Laboratory of Gnotobiology, Institute of Microbiology of the Czech Acad Sci, Nový Hrádek

² Department of Microbiology, Nutrition and Dietetics, Czech University of Life Sciences Prague, Prague

Introduction

Gnotobiotic animals are suitable animal models for studying host-microbiota and microbiota-microbiota interferences. Hysterectomy-derived colostrum-deprived germ-free (GF) piglets are a translational model of immunocompromised hosts, e.g., Cesarean section-born infants and elders. A synthetic microbiota (SM) with defined properties is a promising way to support the health of immunologically weakened individuals.

Aim

Verifying surviving one-day-old hysterectomy-derived colostrum-deprived GF piglets associated with a defined SM composed of pig commensal bacteria and increased colonization resistance of one-week-old piglets with the SM against infection with *Salmonella Typhimurium* (STM).

Methods

Association of GF piglets with the SM. Evaluation of the clinical signs of the piglets and protective role of the SM against STM infection (cultivation methods), histopathology, Real-Time PCR, ELISA, and xMAP technology (Luminex).

Results

The SM-associated STM-infected piglets showed milder clinical signs of salmonellosis (fever, diarrhea, anorexia, sleepiness) than the STM-infected piglets without the SM. The colonization of the gastrointestinal tract with the SM prevented STM translocation and sepsis within 24 hrs after the infection.

Conclusion

Using SM can be a way of increasing colonization resistance in immunologically weakened individuals and their resistance to enteric infections.

This work was supported by the grant 21-15621S of the Czech Science Foundation.

NÁZEV PRÁCE

AUTOR

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

PRACOVISŤE AUTORA

úplný název pracoviště

Spoluautoři

příjmení jméno, index pracoviště

Pracoviště spoluautorů

index, název pracoviště

Detection of beta-lactamases in bacteria of animal origin
Mgr. Veronika Žďárská ¹
¹ Department of Microbiology, Faculty of Medicine and Dentistry, Palacky University Olomouc
Chudobová Hana ² , Procházková Petra ¹ , Hricová Kristýna ¹ , Mezerová Kristýna ¹ , Bardoň Jan ^{1,3} , Kolář Milan ^{1,4} , Dolejská Monika ⁵ , Sukkar Iva ⁵ , Mlynářčík Patrik ¹
¹ Department of Microbiology, Faculty of Medicine and Dentistry, Palacky University Olomouc; ² Laboratory of Growth Regulators, Faculty of Science, Palacky University; ³ State Veterinary Institute Olomouc; ⁴ University Hospital Olomouc; ⁵ CEITEC VETUNI Brno, University of Veterinary Sciences Brno
Introduction The emergence of beta-lactam resistance in bacteria is a serious public health concern mainly due to the production of a large spectrum of beta-lactamases, which ultimately limits human therapeutic possibilities.
Objective This study aimed to (1) design primers to detect a wide range of beta-lactamase genes and (2) to detect the presence of beta-lactam resistance and determine the genes involved in this process.
Methodology So far, a total of 123 strains of enterobacteria and gram-negative non-fermenting bacteria resistant to cefotaxime, ceftazidime or meropenem, which came from chicken farms in Moravia, were examined. PCR amplification using specific primer pairs and whole-genome sequencing (WGS) was used to screen and characterise β -lactamase genes. Sequence analysis was performed using the Resfinder database and Geneious Prime bioinformatics software.
Results In this study, we attempted to design 76 specific primers to specifically detect 3193 different beta-lactamase genes, representing 99.7% of analysed beta-lactamase subtypes and more than 80.9% of the total number of enzymes described so far and are suitable for detection and epidemiological analysis of a wide range of clinically essential beta-lactamase genes in bacteria. Of the 123 isolates of bacteria resistant to cefotaxime, ceftazidime or meropenem analysed contained various AmpC variants, broad-spectrum and extended-spectrum beta-lactamases and oxacillinases. The presence of carbapenemases was also detected. Further, new beta-lactamase variants were found. Moreover, putative genes encoding new so far unknown beta-lactamase genes were found.
Conclusion This study points to various beta-lactamase resistance genes in selected bacteria of animal origin. The current epidemiology of beta-lactamase-producing bacteria in veterinary medicine is not yet fully understood. Data on the presence and distribution of these genes are lacking, so continuous monitoring is essential.
Funding <i>This research was funded by JG_2019_005 and IGA_LF_2022_018.</i>
Keywords beta-lactamase, antibiotic resistance, bacteria, PCR, primer