

MIKROBIOMNOVINY

Informační servis

České mikrobiomové společnosti ČLS JEP, z.s.

Motto měsíce:

Messieurs, c'est les microbes qui auront le dernier mot.

Přátelé, to mikrobi budou mít poslední slovo.

Louis Pasteur

Upozornění na akce:

Konference:

28. - 31.1. 2025

27. Colours of sepsis

Ostrava

Přednáškový blok Mikrobiom v intenzivní péči, intenzivní péče o mikrobiom, s podnázvem: Za vším hledej mikrobiom? byl připraven ve spolupráci s naší Mikrobiomovou společností a uskuteční se **29.1.2024** od **10:30 do 12:30**. Sledujte [ZDE](#)



18.- 21.3. 2025

Mechanisms of drug resistance and tolerance in bacteria, fungi, and cancer

Heidelberg [ZDE](#)



Editorial

Milé čtenářky, milí čtenáři, milá čtenářčata

Ač se to zdá neuvěřitelné, držíte v ruce už poslední číslo letošního roku. Ve srovnání s našimi začátky před třemi lety jsme počet čísel snížili na polovinu, ale rozsah se nám oproti „dvoustránce ke kávě“ značně zvětšil. Nyní zvažujeme, kterým směrem se vydat do budoucna. Logicky jsme se na radu zeptali právě vás. Bohužel, přestože jsme získali již krásných 33 odpovědí a vymysleli jste několik super témat na příští novinky, stále v něčem nemáme jasno. Budeme tedy moc rádi, když nám v rozhodování pomůžete i vy, kteří jste tak ještě neučinili. Dotazník <https://forms.gle/PmK26snUXSJqnts6> vyhodnotíme až před prosincovou redakční radou, tak máte určitě ještě čas. Každopádně za vaše odpovědi MOC DĚKUJEME!

A co vás čeká v tomto čísle?

S přicházející zimou a v souvislosti se Světovým antibiotickým týdnem, který jsme si připomněli na konci listopadu, to asi nemůže být aktuálnější. Jak už naznačuje motto, bude řeč o bakteriálních rezistencích. Po objevu antibiotik kdekdo považoval boj s infekcemi za vyhraný, a přestože WHO dávno bije na poplach, mnozí lékaři stále ještě předepisují antibiotika bez rozmyslu a mnozí pacienti je nesmlouvavě vyžadují. Rezistence jsou ale velmi reálnou hrozbou a my považujeme za důležité toto téma čas od času znovu otevřít.

8. 4. 2025

19. Symposium Společnosti pro probiotika a probiotika, Praha

[ZDE](#)

**16.6 - 19.6. 2025**

3rd Food, microbiota and immunity 2025, Praha [ZDE](#)



V novinkách se podíváme na svět trochu optimističtěji. Skoro vizionářsky jsme se trefili do jednoho z témat, o která jste si dotazníku psali nejčastěji – zdravý mikrobiom u dětí. Recentní práci publikovanou v Nature communications za vás přečetly a přehledně zpracovaly Monika Cahová a Eliška Pivrcová. V metodickém okénku pokračujeme s dlouhými ready, tentokrát vám Petra Vídeňská zprostředkuje zkušenosti uživatele se sekvenováním na platformě PacBio. A na závěr máme zajímavý kulinářský typ pro ty z vás, kdo si chtějí dopřávat jogurt, ale nemohou jíst mléčné výrobky.

Doufáme, že vám toto číslo přinese radost i poučení. Přejeme Vám, abyste se s rezistencemi setkávali výhradně v roli čtenářek/ů zajímavých článků a abyste do nového roku vstupovali ve zdraví a plni radosti a elánu.

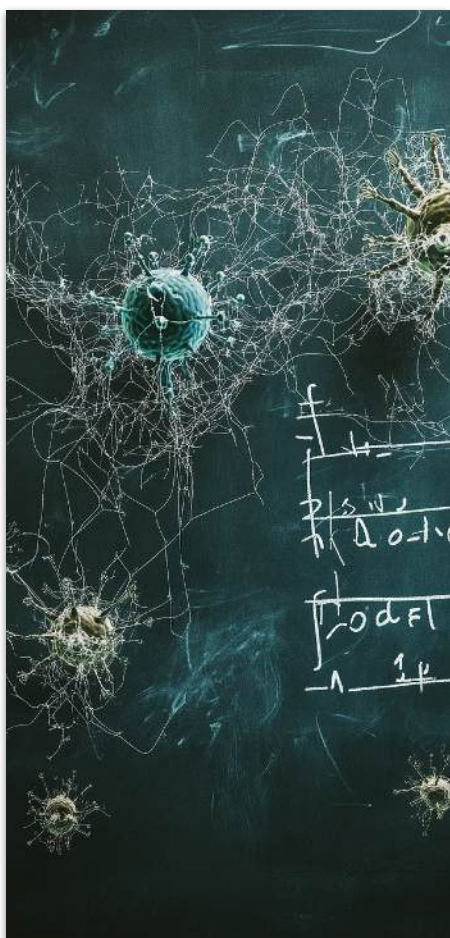
Za redakční radu

Lucie Najmanová

Téma měsíce:

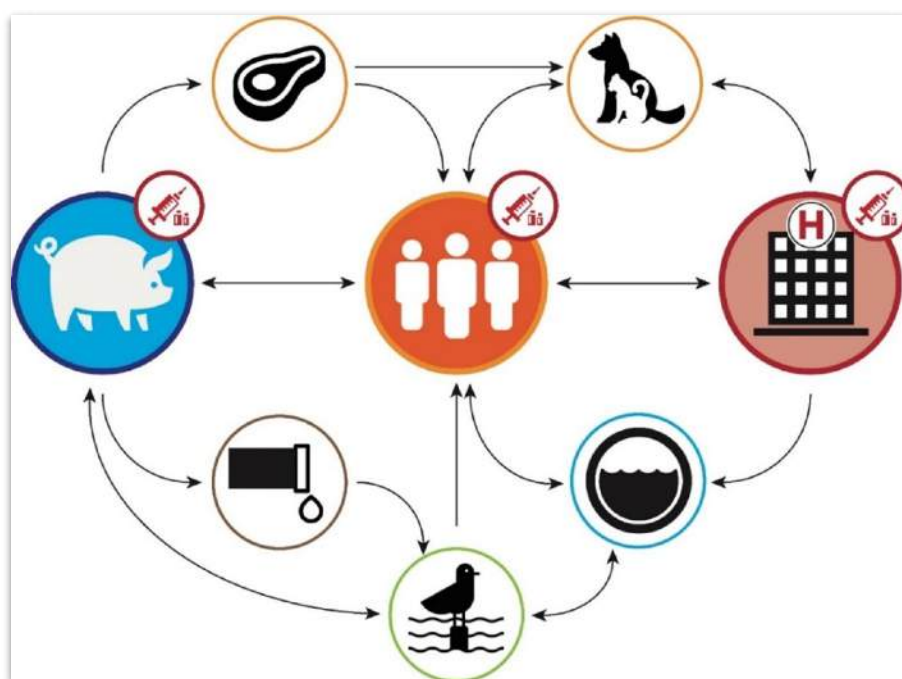
Antibiotická rezistence — od zázračného léku po světovou krizi

Antibiotika představují jeden z nejvýznamnějších objevů v historii medicíny. Tato léčiva přinesla zásadní zlom v naší schopnosti čelit smrtelným nemocem způsobeným mikroby. Umožnila terapii dříve neléčitelných infekcí, provádění chirurgických výkonů, transplantací a jsou s nimi spjaty další pokroky v medicíně. Pro svoji schopnost rychle a účinně léčit infekce byla antibiotika doporučována jako zázračný a všemocný lék. To se za několik desítek let odrazilo v jednom ze současných palčivých problémů, kterým je rezistence bakterií k antibiotikům. Bakterie totiž na široce zavedenou aplikaci antibiotik velmi rychle zareagovaly a vytvořily si způsoby, jak se jim účinně bránit. Nebo lépe řečeno zlepšily a rozšířily své obranné mechanismy, protože mechanismy obrany vůči těmto látkám existovaly již dávno před tím, než lidé existenci antibiotik objevili. Rezistence vůči antibiotikům celosvětově narůstá a stoupá četnost multirezistentních bakterií, které odolávají několika různým antibiotikům současně. Dnešní situace se označuje jako antibiotická krize. Snižuje se účinnost klinicky významných antibiotik užívaných k léčbě infekcí člověka i zvířat a dochází k nárůstu počtu a šíření bakterií, které odolávají tzv. lékům poslední volby používaným pro léčbu život ohrožujících infekcí, kde běžná antibiotika již nezabírají.



Objevitel penicilinu Alexander Fleming by se jistě divil, jak daleko zvládlo lidstvo fenomén rezistence posunout kupředu. Hledání místa prostého rezistentních bakterií nebo alespoň fragmentů jejich genomu na Zemi dnes připomíná hledání jehly v kupce sena. Antibiotická rezistence představuje rozsáhlý a složitý problém, který postihuje všechny složky ekosystému a celou naši planetu. Jde o velmi proměnlivý a dynamický proces, který odráží nadměrné a často nesprávné používání antibiotik u člověka, zvířat a v zemědělství.

Obr. 1. Selektce a přenos rezistentních bakterií a genů rezistence mezi člověkem, zvířaty a prostředím :



Antibiotika podávaná zvířatům v chovech a lidem v komunitě a v nemocnicích vedou k selekci rezistentních bakterií. To má pak důsledky na celý ekosystém. Rezistentní bakterie se z těchto klíčových zdrojů přenáší do prostředí a k volně žijícím zvířatům cestou odpadů. Člověk a zvířata si mohou tyto bakterie vyměňovat mezi sebou přímým kontaktem nebo nepřímo cestou potravin. A nejde jen o šíření živých bakterií jako takových, může se přenášet genetický materiál bakterií v podobě genů rezistence a plazmidů (převzato z habilitační práce doc. Dolejské).

Jak to tedy bakterie dělají, že jsou schopné odolat antibiotikům? Prostřednictvím procesu darwinovské selekce si bakterie, které čelí selekčnímu tlaku v podobě antibiotik, zvyšují odolnost získáváním a expresí genů rezistence a poté sdílením těchto genů s jinými bakteriemi. Bakterie disponují rozličnými mechanismy rezistence - produkují enzymy inaktivující antibiotikum, jsou schopné snížit příjem antibiotika nebo jej aktivně vyloučit z buňky prostřednictvím tzv. effluxních pump, případně modifikují zásahová místa antibiotik, kdy takto změněná místa antibiotikum nerozpozná, a nemůže tak účinkovat. A všechny tyto mechanismy

rezistence může jedna bakteriální buňka vzájemně kombinovat, a stát se tak odolnou k nejrůznějším skupinám antibiotik. Extrémní situací jsou pak infekce s vysokou úmrtností vyvolané panrezistentními bakteriemi, kdy jsou popisovány nemocniční kmeny gramnegativních bakterií druhů *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii* nebo *Klebsiella pneumoniae* odolávající prakticky všem dostupným antibiotikům [1].

Antibiotická rezistence má svůj genetický základ aneb za vším hledej DNA. Tento genetický základ spočívá v mutačních změnách zásahových míst antibiotika nebo v získání specifických genů kódujících různorodé mechanismy odolnosti bakterií. Díky pokrokům v oblasti sekvenování nové generace a analýzy genomu jsou stále popisovány nové a nové mechanismy bakteriální rezistence. Jedním z nejvýznamnějších objevů za poslední dekády byl objev nových genů rezistence k antibiotikům poslední volby. Jednalo se o beta-laktamázu NDM (New Delhi metallo-beta-laktamáza) schopnou degradovat karbapenemová antibiotika (ATB „poslední volby“ určená k léčbě těžkých, život ohrožujících infekcí, odolná proti beta-laktamázám) popsanou v roce 2009 u švédského pacienta, který cestoval do Indie [2] a dále o přenosnou rezistenci ke kolistinu spojenou s genem *mcr-1* (jméno gen získal z počátečních písmen anglického termínu mobile colistin resistance) popsanou v roce 2015 [3] u hospodářských zvířat v Číně. Tyto objevy zahájily intenzivní hledání v dalších zemích, které vedlo k odhalení masivního rozšíření těchto mechanismů ve velmi krátkém čase po celém světě a v dalších typech vzorků včetně prostředí.

Kde se vlastně antibiotická rezistence vzala? Většina antibiotik používaných v terapii jsou produkty půdních mikroorganismů, zejména plísní a aktinomycet. Ty ve svém genomu nesou kromě „návodu na výrobu příslušného antibiotika“ i geny rezistence jako přirozené mechanismy sebeobrany před nežádoucím účinkem vlastních antibiotik, případně na ochranu před antibiotiky, která produkují mikroorganismy přítomné v jejich životním prostoru. Předpokládá se tedy, že právě půdní prostředí je jedním z hlavních zdrojů genů rezistence,

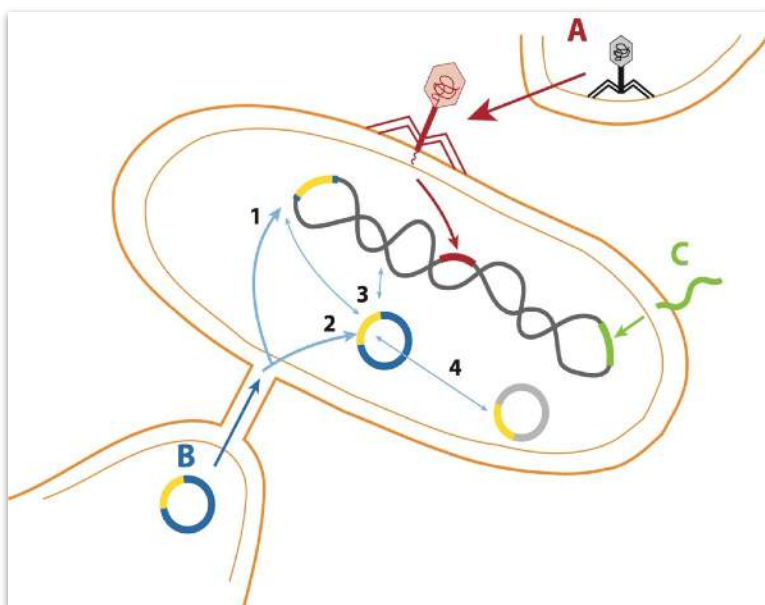


odkud se tyto geny přenesly dál k patogenům zvířat a člověka a v důsledku nadměrného používání antibiotik se dále rozšířily.

Předpokládá se také, že geny rezistence mohly v původních mikrobech vedle vlastní odolnosti k antibiotikům plnit i jiné primární funkce (metabolické, strukturní, signální). Současný výzkum je proto zaměřen na hledání původu jednotlivých mechanismů rezistence například ve vzorcích permafrostu z dob mamutů [4] nebo ve vzorcích z jeskyní starých několik milionů let [5]. V této oblasti výzkumu nachází široké uplatnění analýza mikrobiomu a funkční metagenomika, které v mikrobiomu půdy a mořských sedimentů pomohly identifikovat geny kódující enzymy degradující beta-laktamová antibiotika, geny rezistence k aminoglykosidům, tetracyklinům, vankomycinu a mnoha dalším antibiotikům. Je tedy vysoce pravděpodobné, že v přirozených ekosystémech existuje nespočetné množství doposud nepopsaných genů, které tvoří komplexní rezistom neboli soubor všech genů rezistence v daném bakteriálním ekosystému.

Vedle selekčního tlaku antibiotik je šíření antibiotické rezistence spojené se schopností bakterií mezi sebou sdílet genetickou informaci prostřednictvím horizontálního přenosu genů. Při tomto procesu dochází k přesunu celé molekuly DNA nebo její části z jedné buňky do druhé. Tento přenos je zprostředkován vektory, tzv. mobilními genetickými elementy, které zajišťují pohyb genů mezi bakteriálními buňkami (intercelulární přenos), ale také umožňují jejich přesakování v rámci jednoho bakteriálního genomu (intracelulární přenos). Byly nalezeny prakticky ve všech prokaryotických genomech. Přenos genů horizontální cestou do určité míry kompenzuje jinak vysoce klonální charakter života prokaryotických organismů, které nedisponují pohlavním rozmnožováním. Byly popsány tři hlavní procesy horizontálního přenosu genů zahrnující konjugaci, transformaci a transdukcii (Obr. 2) a ty se společně podílí na šíření genů rezistence v bakteriálních populacích.

Obr. 2. Horizontální přenos genetické informace a genů rezistence k antibiotikům



(A) Transdukce = přenos DNA zprostředkovaný bakteriofágem. Po kontaktu fága s cílovou buňkou dochází k injekci DNA do buňky. (B) Konjugace. Plazmid je přenášén z jedné buňky do druhé konjugací, která vyžaduje fyzický kontakt buněk zprostředkovaný tzv. pili, strukturami podobnými bičíkům. Gen přenášený konjugací v podobě plazmidu se může začlenit do chromozomu cílové bakterie (1) nebo zůstane volně v cytoplazmě v podobě samostatně se replikující jednotky (2)

Může také dojít k výměně dílčích genů s bakteriálním chromozomem (3) nebo jiným plazmidem přítomným v buňce (4). (C) Transformace. Při tomto procesu se do bakterie dostává volná DNA (v lineární nebo kružnicové podobě) z okolního prostředí. Jde obvykle o DNA uvolněnou z mrtvých bakteriálních buněk (převzato z habilitační práce doc. Dolejské).

Asi nejdůležitějšími mobilními genetickými elementy, spojenými s šířením rezistence, jsou plazmidy. Plazmidy jsou dvouvláknové úseky DNA, které existují v bakteriální buňce nezávisle na chromozomu a jsou schopné autonomní (samostatné) replikace. Nesou nejen geny antibiotické rezistence, ale i geny pro další funkce jako jsou virulence, odolnost k dezinfekčním látkám, těžkým kovům a vysoké teplotě, geny pro produkci toxinů, metabolismus cukrů nebo degradaci polutantů v prostředí. Geny pro všechny tyto funkce se mnohou na jednom plazmidu vzájemně kombinovat a bakterie pak může získat spolu s plazmidem celou řadu výhodných funkcí. Současné výzkumy také ukazují, že výměna plazmidů může být navíc účinně stimulována a urychlována působením různým skupin antibiotik.

Plazmidy sice poskytují bakterii řadu výhodných vlastností, ale udržovat plazmid je pro bakterii velmi energeticky náročný proces. Jelikož plazmidy nesou pouze přídatné funkce, které bakterie potřebuje jen za určitých podmínek (například v přítomnosti antibiotika), tak pro ni může být výhodné se plazmidu zbavit, a tyto náklady si tak snížit. Plazmidy si však vytvořily různé nástroje, jak se těmto ztrátám bránit a jak se v bakteriální buňce udržet. Jedním z nich je velmi chytrý systém tzv. toxinu-antitoxinu, který způsobí, že v případě ztráty plazmidu dojde ke smrti bakteriální buňky. Tímto procesem je zajištěno, že budou přežít pouze buňky nesoucí plazmid, zatímco ty, které ho ztratily, zahynou. Bohužel i díky těmto systémům, které si plazmidy vytvořily, jde jen těžko předpokládat, že se rezistentních bakterií zbavíme, i kdybychom úplně přestali používat antibiotika. Díky mobilním elementům, jako jsou plazmidy, si budou bakterie rezistenci zachovávat i při absenci selekčního tlaku antibiotik. Svět rezistentních bakterií je skutečně velmi fascinující...

Monika Dolejská

Medailonek

Doc. RNDr. Monika Dolejská, Ph.D.

vystudovala obor Mikrobiologie na Přírodovědecké fakultě Masarykovy univerzity, kde se následně v roce 2018 habilitovala v tomtéž oboru. Titul Ph.D. získala v roce 2009 na Veterinární univerzitě Brno, kde se věnuje problematice antimikrobiální rezistence bakterií u zvířat a v prostředí. Od roku 2013 působí také jako výzkumná pracovnice a lektorka na Lékařské fakultě UK v Plzni a veterinární téma antimikrobiální rezistence úspěšně propojuje s problematikou u pacientů a ve zdravé lidské populaci. Pracuje také jako zástupkyně přednostky Ústavu laboratorní medicíny při Fakultní nemocnici Brno pro vědu a výzkum, což ji umožňuje přenést aktuální vědecké poznatky přímo do praxe.



Literatura:

- [1] Karakostas, Stamatis et al. "Pandrug-resistant Gram-negative bacteria: a systematic review of current epidemiology, prognosis and treatment options." *The Journal of antimicrobial chemotherapy* vol. 75,2 (2020): 271-282. doi:10.1093/jac/dkz401
- [2] Yong, Dongeun et al. "Characterization of a new metallo-beta-lactamase gene, bla(NDM-1), and a novel erythromycin esterase gene carried on a unique genetic structure in *Klebsiella pneumoniae* sequence type 14 from India." *Antimicrobial agents and chemotherapy* vol. 53,12 (2009): 5046-54. doi:10.1128/AAC.00774-09
- [3] Liu, Yi-Yun et al. "Emergence of plasmid-mediated colistin resistance mechanism MCR-1 in animals and human beings in China: a microbiological and molecular biological study." *The Lancet. Infectious diseases* vol. 16,2 (2016): 161-8. doi:10.1016/S1473-3099(15)00424-7
- [4] D'Costa, Vanessa M et al. "Antibiotic resistance is ancient." *Nature* vol. 477,7365 457-61. 31 Aug. 2011, doi:10.1038/nature1038
- [5] Bhullar, Kirandeep et al. "Antibiotic resistance is prevalent in an isolated cave microbiome." *PloS one* vol. 7,4 (2012): e34953. doi:10.1371/journal.pone.0034953

Metodické okénko aneb proč o střevním mikrobiomu stále h...o, pardon, STOLICI víme

Drazí čtenáři, ještě nikdy jsem nepracovala na příspěvku, u něhož jsem měla tak silný dojem, že předběhl svoji dobu. V rámci vyrovnané novinařiny jsem vás chtěla za pomoci uživatelů PacBio sekvenátorů obohatit o znalosti využívání této technologie, podobně jako v minulých příspěvcích o ONT. Ale narazila jsem na silný nedostatek informací, a to nejen v českých luzích a hájích, ale i v celosvětovém měřítku. Proto si nesmírně vážím toho, že mi poskytl rozhovor asi nejzkušenější uživatel PacBio v České republice, Dr. Ibrahim Bitar. Bohužel nemá zkušenosti přímo s metagenomickými projekty, ale protože má tato technologie velmi dobře našlápnuto, věřím, že nebude trvat dlouho a v okénku se dočtete osobní zkušenosti se sekvenováním jak celého genu pro 16S rRNA, tak s WMGS.

Medailonek

Ibrahim Bitar získal bakalářský titul v oboru lékařské laboratorní technologie s vedlejším zaměřením na veřejné zdraví na Americké univerzitě v Bejrútu. Následně dokončil magisterské studium molekulární biologie se specializací na mikrobiologii na Libanonské americké univerzitě. Doktorské studium v oboru genetiky, molekulární a buněčné biologie, rovněž se specializací na mikrobiologii, dokončil na Univerzitě v Pavii v Itálii.

V současné době působí jako odborný asistent na Lékařské fakultě Univerzity Karlovy v Plzni. Jeho odborné zaměření



spočívá ve sledování šíření genů antibiotické rezistence, přičemž se specializuje na metody sekvenování nové generace (NGS) včetně technologií druhé generace a třetí generace, kam patří platformy ONT a PacBio.

Dr. Bitar má sedmiletou zkušenost s technologií PacBio (Sequel) a jeho laboratoř je zatím jediným pracovištěm v České republice s touto technologií. Spolupracoval také s bioinformatickým týmem PacBio na vývoji pipeline pro „Microbial assembly“, která je nyní dostupná v softwaru SMRT Link. Podílí se na mnoha spolupracích s různými vědeckými skupinami a aplikacemi zaměřenými na sekvenování pomocí PacBio.

Na co technologii PacBio nejčastěji používáte?

Hlavním cílem naší skupiny je sekvenování mikrobiálních genomů a s nimi spojených mobilních elementů. Zaměřujeme se na celogenomové sekvenování bakteriálních izolátů, především gramnegativních bakterií, méně často grampozitivních. Příležitostně také sekvenujeme izoláty kvasinek (zejména *Candida spp.*), fragmenty lidské DNA (například dlouhé oblasti bohaté na GC páry) a jednou jsme tuto technologii použili k sekvenování izolátu mandelinky bramborové.

Jaké výhody má PacBio sekvenování s dlouhými čteními pro váš výzkum?

Hlavní výhodou v našem výzkumu je schopnost této technologie vyřešit hlavní problém platform s krátkými čteními – repetitivní regiony. Bakteriální genomy obsahují velké množství mobilních genetických elementů, které mají vysokou sekvenční podobnost a mohou se nacházet na různých místech genomu a také na plasmidech. Na platformách s krátkými čteními se plasmidy často fragmentují do mnoha kontigů a vyžadují dodatečné analýzy k vytvoření kompletní kruhové sekvence. Mezi tyto analýzy patří např. navrhování primerů a přesekvencování vzniklých mezer nebo časově náročné metody, jako je S1 PFGE. Technologie PacBio dokáže zobrazit genom i plasmidy jako kompletní kruhové kontigy, čímž eliminuje potřebu dodatečných analýz.

Kombinujete PacBio s jinými sekvenačními platformami?

Sekvenování s PacBio eliminovalo potřebu hybridního sestavování pomocí jiných platform. Na rozdíl od sekvenování ONT, PacBio produkuje HIFI čtení (dříve známé jako kruhové konsenzuální sekvenování), kde je každý fragment DNA opakovaně sekvenován za účelem korekce chyb. Díky vysoké přesnosti PacBio není nutné provádět sekvenování s krátkými čteními pro dodatečnou korekci.

Jaké výzvy jste zaznamenali při přípravě vzorků pro PacBio? Jak se to liší od přípravy pro sekvenování druhé generace?

Příprava vzorků není problematická, protože protokol je jednoduchý a uživatelsky přívětivý. Analýza dat je navíc mnohem jednodušší než u sekvenačních systémů druhé generace nebo ONT. PacBio nabízí software SMRTLINK, což je rozhraní, které umožňuje například sestavení genomu na jedno kliknutí, na rozdíl od příkazového řádku u jiných technologií.

PacBio umožňuje detekci modifikací DNA. Využíváte tuto funkci? Je spolehlivá?

Ano, tuto funkci využíváme v našich projektech. Podle mého názoru je velmi spolehlivá, protože detekce probíhá v reálném čase a informace jsou k dispozici při každém běhu. Nová chemie umožňuje detekci nových typů metylací, které dříve nebyly dostupné, což výsledky činí cennějšími. Výsledky jsou snadno interpretovatelné a přehledně prezentované.

Máte zkušenosti se sekvenováním na přístroji Revio? Umožnil vám tento přístroj sekvenovat nové typy projektů?

Vysoký výkon nového sekvenátoru Revio umožňuje analyzovat velké sady vzorků za nižší cenu. Pro naše projekty to znamená, že můžeme sekvenovat všechny izoláty za nižší náklady, pro naše typy projektů dokonce za nižší náklady než při sekvenaci pomocí druhé generace. Výsledky navíc obsahují kompletní genomy namísto neúplných nebo částečně sestavených genomů, což výrazně zlepšuje kvalitu výzkumu. Možnost analyzovat modifikace DNA nás velmi zaujala a začali jsme tento fenomén zkoumat u bakterií.

Jaké kvalitativní parametry aktuálně dosahujete?

Kvalita se pohybuje okolo Q30, ale v závislosti na kvalitě vzorků a jejich přípravě se může pohybovat mezi Q20 a Q30.

Co považujete za silné a slabé stránky technologie PacBio?

Slabiny v tuto chvíli prakticky neexistují. Na začátku byla nevýhodou vysoká cena systému, ale nedávno byl uveden na trh nový stolní systém za dostupnou cenu, což znamená, že si tuto technologii může dovolit každá laboratoř.

Hlavní výhody PacBio:

1. Velmi přesná dlouhá čtení, která eliminují potřebu sekvenování na jiné platformě pro korekci sekvencí.
2. Software SMRTLINK pro analýzu dat s uživatelsky přívětivým rozhraním, které nevyžaduje znalosti bioinformatiky.

S jakými problémy jste se setkali během sekvenování, například v souvislosti s výkonem běhu nebo stabilitou přístroje?

Přístroje jsou dobře navrženy a stabilní. Problémy, se kterými se můžete setkat (pokud není přístroj na pravidelné roční údržbě), zahrnují kalibraci robota, doplňování chladicí kapaliny do chladiče nebo nutnost restartování systému v případě kolísání teploty v místnosti.

Petra Vídeňská



Mikrobio(m)novinky a zajímavosti

Zdravá mikrobiota začíná v kolébce – a už i začínáme tušit, jaká to je.

Začátkem září byla v časopise Nature Communications publikována unikátní studie [1] finsko-holandské provenience popisující vývoj složení mikrobioty v raném dětství. Od jiných studií podobného typu se odlišuje velikostí sledované populace (984 dětí, 6203 vzorků odebraných během prvních dvou let života), frekvencí odběru vzorků (odběry ve věku 3, 6, 13, 26, 39, 52, 78 a 104 týdnů) a délkou sledování zdravotního stavu účastníků (5 let). Závěry studie lze shrnout následovně:

Dynamický počátek života

Během prvních dvou let života se mikrobiota výrazně proměňuje (to už víme), ale pravděpodobně nikoli chaoticky, nýbrž jako posloupnost na sebe navazujících společenstev.

Během prvních 26 týdnů života je za normálních okolností střevní mikrobiota novorozence (v článku označovaná jako komunita C1) charakterizována převahou bakterií rodu *Bifidobacterium* (relativní

abundance 39.2%) a *Bacteroides* (12.8%). V tomto období se může vyskytovat i komunita C2, pro kterou je typické menší zastoupení bifidobakterií (4,8%) a naopak vysoké zastoupení Clostridiaceae (13.4%) a Enterobacteriaceae (25.7%) včetně bakterií rodů *Klebsiella* a *Clostridium*. V komunitě typu 3 (C3), která je typická pro období 9-12 měsíců, převládají zástupci čeledí Bifidobacteriaceae (27.3%), Lachnospiraceae (18.5%) a Veillonellaceae (20.1%) zatímco v komunitě typu 4 (C4), která se objevuje po prvním roce života, dominují Lachnospiraceae (30.0%) a Ruminococcaceae (30.0%).



Na pořadí a časování záleží

Z hlediska rizika rozvoje zdravotních komplikací v pozdějším věku je proto podstatné načasování posloupnosti mikrobiálních společenstev, zejména komunit C1 a C2 v raném vývoji střevní mikrobioty.

Výzkumný tým identifikoval ve sledované populaci několik možných vzorců nazývaných trajektorie (T). Nejběžnější T1 je charakteristická sledem C1 (0-6M) - C3 (do 9M) - C4 (do 12/18M). Pro další možné trajektorie (T2-T5) je typická přítomnost komunity C2 během prvních 6 měsíců života, buď kontinuálně (T5) anebo jako různé oscilace mezi C1 a C2 (T2-T4). Trajektorie T1 byla asociovaná se sníženým rizikem alergií, infekcí horních cest dýchacích, vyššího BMI a zpomalení růstu. Ostatní trajektorie se naopak pojily se zvýšeným rizikem různých zdravotních obtíží včetně atopického ekzému.

Jak zajistit správné osídlování střeva

Jako obvykle, solidní vědecká publikace žádný zaručený návod neposkytuje. Je však možné určit faktory, které mají na formování mikrobioty v různých fázích největší vliv – případná doporučení už si musí laskavý čtenář/ka dovodit samostatně. Poměrně nepřekvapivě během prvních 26 týdnů života má největší vliv způsob porodu, ať už se jedná o císařský řez, vaginální porod nebo vaginální porod s antibiotickou profylaxí, což jen potvrzuje jeho význam během prvotní kolonizace. V druhém půlroce života dítěte modely přisoudily největší váhu četnosti a rychlosti defekace, zatímco od jednoho roku převládá význam stravy a počtu dětí v rodině. V průběhu celého období nejsou bez vlivu ani faktory jako podávání ATB, kojení, vyšší BMI matky a další.

Proč považuji tuto studii za důležitou? Stručně – kromě tématu (co je „zdravá mikrobiota“) je to i zajímavý přístup k problému. Tedy nikoli hledání několika zaručeně „prospěšných taxonů“ a „zlotřilých patogenů“, ale naopak pokus o popis komplexní dynamiky systému. I když rozhodně jedna studie na necelé tisícovce subjektů ze dvou podobných evropských zemí nemůže dát odpověď na otázku „co je zdravá mikrobiota dítěte“, jedná se pravděpodobně o krok správným směrem.

Monika Cahová, Eliška Pivrcová

Literatura:

[1] Hickman, Brandon et al. "Gut microbiota wellbeing index predicts overall health in a cohort of 1000 infants." *Nature communications* vol. 15,1 8323. 27 Sep. 2024, doi:10.1038/s41467-024-52561-6

Kulinářské mikrookénko

Miluji kefír a domácí jogurt, rozdávám keřirová zrna kudy chodím a stále častěji narážím na to, že byste rádi kvasili a podporovali svůj mikrobiom, ale z nejrůznějších důvodů nechcete, nebo nemůžete jíst mléčné výrobky. Veganské a bezlaktóзовé varianty jogurtu se sice dají koupit, ale nic nepředčí tu radost z vlastní výroby (a navíc se tak vyhnete bankovním loupežím, protože ta domácí varianta je o dost méně nákladná)

Zkušenost, o kterou se s Vámi chci podělit, pochází z rovníkové Afriky, ale určitě to půjde uskutečnit i v Čechách, jen to možná bude trvat trochu déle (anebo přistrčte sklenici blíž k topení)

Tak tedy, jak vyrobit kokosový jogurt?

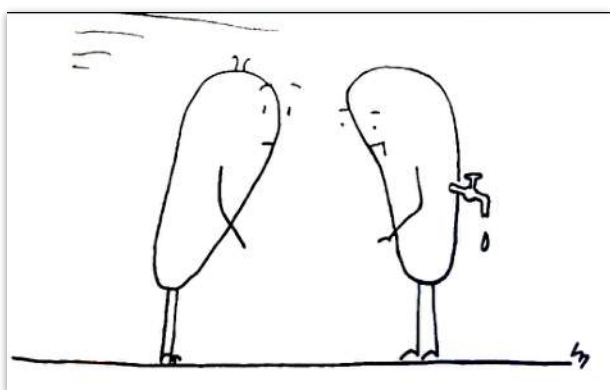
400 ml kokosového krému (hustota je základ – kvašením hustší konzistence nedosáhnete – z běžného kokosového mléka by tedy vznikl spíš jogurtový nápoj, než krémová pochoutka) smíchejte se 2 kapslemi běžných probiotik z lékárny (odzkoušeno několik variant, na obrázcích kvašeno s použitím Biopron premium). Směs dobře promíchejte a uložte v uzavřené nádobě na teplé místo.



Na okně poblíž rovníku, kde je přes den 32 a v noci 25 byl jogurt hotový za 24 hodin. Časování budete muset doladit podle Vašich domácích podmínek, to ale každý zkušený kvasič hravě zvládne. Ať se daří! A budeme rádi, pokud se s námi i vy podělíte o vaše typy a zkušenosti.

Experiment a fotografie Irena Hamplová, text L. Najmanová

Mikrobio - humor



Dej na mne a vyhýbej se genetickým inženýrům!
Já jsem tehdy neposlechl - a od té doby vyrábím
inzulín!

Velké poděkování patří rodině pana Leoše Mandela za svolení ke zveřejnění laskavého mikrobiálního kresleného humoru a také RNDr. Iljovi Trebichavskému, CSc., který obrázky Leoše Mandela shromáždil a knižně vydal.

Redakční rada Mikrobio(m)novin:

doc. RNDr. Monika Cahová, Ph.D., IKEM, Praha
Mgr. Lucie Najmanová, Ph.D., Mikrobiologický
ústav AV ČR, v.v.i., Praha
MUDr. Jakub Hurych, Ph.D., Ústav lékařské
mikrobiologie, 2.LF UK a FN Motol, Praha
Mgr. Petra Vídeňská, Ph.D., Mendelova
univerzita v Brně, Ústav chemie a biochemie,
Brno
Ing. Mgr. Hana Sechovcová, Ph.D., Ústav
živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i,
Praha; Česká zemědělská univerzita v Praze
Mgr. Eliška Pivrcová, Ph.D. Mikrobiologický
ústav AV ČR, v.v.i., Praha
MUDr. Jiří Vejmelka, Interní klinika 3. LF UK
a Fakultní Thomayerova nemocnice, Praha

Grafické zpracování: Mgr. Michaela Bartoňová
www.michaelabartonova.cz

ISSN 3029-5408

Vychází 4-6x/rok

Ilustrační foto jsou generovaná na Ai

Těšíme se na vaše reakce, podněty a zajímavé příspěvky, které můžete zasílat na adresu:
cms@mikrobiom-cms.cz