

MIKROBIOMNOVINY

Informační servis

České mikrobiomové společnosti ČLS JEP, z.s.

Motto měsíce:

„Kojení je první vakcínou dítěte.“

Světová zdravotnická organizace (WHO) a Dětský fond OSN

Upozornění na akce:

Městská knihovna, Praha:

ČMS ve spolupráci s Městskou knihovnou v Praze vás srdečně zvou na další přednášky z cyklu Známe své spolubydlící?

Místo konání: malý sál
Ústřední městské knihovny
Mariánské náměstí, Praha 1
Čas konání: 19:00

27.11. 2024

PhDr. Eva Ferrarová: Jídlo jako kulturní fenomén

Konference:

7. 10. 2024

InterMicro: Mluvíme s mikroby napříč přírodními a společenskými vědami, Praha

[ZDE](#)



Editorial

Vážení mikrobiomoví nadšenci,
s radostí vám představujeme nové vydání...

Mikrobio(m)novin! A hned se nabízí řada zajímavých otázek – tak třeba: měla vaše mikrobiota to štěstí okusit alespoň první 4 měsíce života mateřské mléko? A co Romulus a Remus – skutečně je odkojila vlčice? A jak tomu bylo třeba s kojnými u nás v českých zemích?...

...Kojení je spjato s řadou otázek, příběhů, legend a také překvapivých zjištění.

S úctou a respektem vzhlížíme k ženám, které kojí. Jejich úloha se zrcadlí i v umění – navštívme třeba chrámy nebo galerie a hledejme Galaktotrofusu.

Jaký význam má mateřské mléko pro mikroby? A jak ovlivňují jejich svět první příkrmy?

Tajemství fascinujícího propojení světa mikrobiomu a lidského života se nám postupně odkrývají. Tyto objevy chceme zachytit. V rozhovorech. V aktualitách. V hlavních tématech. V humoru. A v divadle! Zkrátka a dobře – podzimní Mikrobio(m)noviny jsou na světě.

Tak ať máme chuť a radost se vzdělávat – podobně jako školáci, kteří netrpělivě vstupují do nové třídy.

Šťastný začátek školního a akademického roku a pamatujte, naši milí čtenáři: buďte opatrní nejen na sebe, ale i na svou mikrobiotu.

Přejeme příjemné mikrobiální čtení.

Jiří Vejmelka

21. - 23. 10. 2024

EUSEV 2024, 11th European Seminar In Virology, Bertinoro (Italy)

[ZDE](#)**23. - 29. 10. 2024**

IUMS 2024, 18th Congress of the International Union of Microbiological Societies, Florence (Italy)

[ZDE](#)**14.11. 2024**

Malé a velké světy, Michaela Bartoňová, divadlo Prám, Praha

[ZDE](#)**14. - 15. 11. 2024**

CZEPAR: Antibiotická rezistence v ČR: Jak společně zastavit nezastavitelné, Praha

[ZDE](#)

Téma měsíce:

Mikrobiota mateřského mléka: černí pasažéři, nebo skrytí hrdinové?

Když přemýšlíme o mateřském mléce, obvykle se na něj díváme jako na zdroj výživy plný bílkovin, sacharidů, tuků, vitamínů a minerálních látek. Současně však často myslíme i na propojení mezi matkou a dítětem, na blízký kontakt, který při kojení vzniká. Toto pouto ale není jen o fyzické blízkosti, ochraně proti patogenům a výživě – jedná se také o sdílení unikátního složení mikroorganismů, které skrze mateřské mléko matka předává svému dítěti.

Mléko jako dynamický ekosystém

Mateřské mléko již dávno není považováno za sterilní a přítomnost bakterií v něm není spojována pouze s onemocněním. Právě naopak! Vědecké metody od kultivačních technik až po pokročilé a sekvenční metody odhalily, že mateřské mléko může obsahovat více než 800 bakteriálních druhů. Množství bakterií v mléce se může značně lišit mezi jednotlivými matkami, přičemž se odhaduje, že jejich množství se odpovídá cca 1×10^2 /ml. Když si představíme, kolik mléka dítě vypije za jeden den, je zřejmé, že mateřské mléko představuje významný každodenní přísun bakterií, který může hrát klíčovou roli ve vývoji střevní mikrobioty kojence [1]. Bakterie z mateřského mléka, kůže a střeva matky jsou totiž významně zastoupeny ve střevech kojenců v prvním měsíci života. Podle výzkumu Pannaraj a kolektivu, kojenečtí získávají až 27,7 % své střevní mikrobioty právě z mateřského mléka [2]. Složení mateřského mléka se ale neustále mění v závislosti na celé řadě faktorů – od genetických predispozic matky, její stravy a zdravotního stavu, až po zdravotní stav dítěte nebo stádium laktace. Tyto změny se mohou projevit nejen v průběhu roku, ale i během jednoho dne, čímž zajišťují, že mléko je vždy přizpůsobeno aktuálním potřebám dítěte. Tato komplexní dynamika se odráží i v proměnlivosti bakteriálního zastoupení, a to jak mezi jednotlivými ženami, tak i v průběhu času u téže matky. Moossavi a kolektiv provedli studii na jedné z největších kohort zahrnující 393 kojících žen, kde zjistili, že mikrobiota mateřského mléka vykazuje vysokou míru interindividuální variability, přičemž pouze menšina taxonů je sdílena napříč celou populací [3]. Mezi nejhojněji zastoupené patřily *Streptococcus*, *Ralstonia* a *Staphylococcus*. Základní mikrobiota zahrnovala pouhých 12 ASV (unikátní kódující sekvence), které byly přítomny u více než 95 % žen. Tato studie také ukázala, že složení a diverzita mikrobioty mateřského mléka byly ovlivněny faktory jako je BMI matky, počet porodů a způsob porodu, stejně jako praktikami kojení a dalšími složkami mléka, u kterých se nyní zastavíme.

Třetí nejzastoupenější složkou v mateřském mléce jsou oligosacharidy, jejichž hlavní funkcí je podpora správného rozvoje mikrobioty. V současnosti velmi diskutovaným faktorem je tzv. "sekreční status", což je geneticky určená schopnost matky produkovat fukosylované oligosacharidy jako je například 2'-fukosyllaktóza (2'FL). Matky sekrečního typu, které mají funkční FUT2 gen, produkují vyšší koncentrace těchto oligosacharidů (přes 4 g/l), zatímco nesekreční typ téměř žádné 2'FL v mléce nemají [4]. Tato odlišnost není jen chemickou kuriozitou, má to přímý vliv na vývoj střevní mikrobioty dítěte, zejména na růst bakterií rodu *Bifidobacterium*. Právě ty se vyskytují častěji u dětí matek se sekrečním statutem. S narůstajícím množstvím experimentálních důkazů o tom, že zastoupení různých oligosacharidů ovlivňuje vývoj mikrobioty dítěte, se nabízí otázka, jaký vliv mají oligosacharidy přímo na mikrobiotu mateřského mléka. Ukazuje se, že matky sekrečního typu mohou mít stabilnější mikrobiální složení mléka. Oproti tomu matky nesekrečního typu vykazují ve svém mléce vyšší zastoupení bakteriálních rodů, které jsou jinak vzácné [5].



Odkud pocházejí bakterie v mateřském mléce?

To, co zůstává předmětem bádání, je, odkud tyto bakterie pocházejí a jakými cestami se dostávají do mléka. Kojení je dynamickým procesem, ve kterém se těžko odděluje kontakt mléka s kůží matky, kontakt prsa s ústní dutinou dítěte a interakce s různými pomůckami, které se používají při kojení. Tento komplexní systém zahrnuje několik faktorů, které ovlivňují mikrobiotu mléka. Zpočátku se předpokládalo, že bakterie v mléce pocházejí z povrchu kůže matky. To by vysvětlovalo přítomnost typických kožních bakterií, jako jsou *Streptococcus*, *Corynebacterium* a *Propionibacterium*, které byly v mléce identifikovány. Postupem času se ale zjistilo, že se jedná o mnohem komplexnější téma. Bakterie, které se nacházejí v mateřském mléce, pocházejí z různých zdrojů, včetně dutiny ústní dítěte, a dokonce i z matčina trávicího traktu. Tento fakt podporují studie, které pomocí ultrazvukových zobrazovacích technik prokázaly retrográdní tok mléka z úst dítěte zpět do mléčné žlázy během kojení [6]. Tento zpětný tok by mohl vysvětlovat, proč se běžné orální bakterie, jako například druhy rodu *Streptococcus*, *Veillonella*, *Gemella* a *Rothia*, nacházejí také v mateřském mléce. Výzkumy využívající perorální probiotika také naznačují, že bakterie se mohou dostávat do mléka

prostřednictvím entero-mamární dráhy [7]. Zprostředkovatelem jsou dendritické buňky ve střevech, které přenášejí bakterie do lymfatických uzlin. Odtud jsou pak přenášeny lymfatickým systémem do různých částí těla, včetně mléčné žlázy. Tento mechanismus je klíčovým faktorem ve vysvětlení přítomnosti především striktních anaerobů v mateřském mléce. Jak si tyto bakterie udrží svoji životaschopnost během transportu a zda dendritické buňky skutečně hrají přímou roli v jejich přenosu, je předmětem současných studií. V neposlední řadě tu máme ještě mikroorganismy z prostředí nebo pomůcek při kojení. Kanadská studie CHILD se zaměřila na použití odsávaček, což je naprosto běžnou praxí, zvláště když matky nastupují zpět do práce nebo mají problémy s přímým kojením [8]. Absence přímého kontaktu s dítětem a nahrazení tohoto kontaktu mechanickou odsávačkou však mění složení mikrobiomu mléka. Studie odhalila, že při použití odsávačky se v mléce častěji nacházejí bakterie rodu *Pseudomonas*, což naznačuje, že mechanické pomůcky a absence přímého kontaktu s dítětem mohou ovlivnit nejen diverzitu, ale i zastoupení jednotlivých druhů bakterií v mléce.



Výzvy ve výzkumu

Zkoumání mikrobiomu mateřského mléka není ale jednoduchou disciplínou. Jedním z důvodů je obsah tuků v mléce, které komplikují izolaci a analýzu bakterií. Jak se ukazuje, tak ani vysokorychlostní centrifugací se neoddelí všechny buňky mateřského mléka. Některé bakterie tak mohou zůstat uvězněny v tukové části a to může ovlivnit interpretaci výsledků [9]. Mléko navíc obsahuje relativně málo bakterií ve srovnání s jinými tělesnými tekutinami. To vede k tomu, že u některých matek může být mikrobiom mateřského mléka těžko detekovatelný nebo zaměnitelný s kontaminací. Některým studiím se nepodařilo prokázat přítomnost bakterií v některých vzorcích mateřského mléka [10]. Rozdíly ve výsledcích mohou být způsobeny použitou metodologií, ať už se bavíme o načasování odběru vzorků přes extrakci DNA až po samotné sekvenování a analýzu dat. Metagenomické studie často podhodnocují bakterie, které

jsou běžně spojovány se střevní mikrobiotou kojenců a izolovány z mateřského mléka, jako například zástupci rodu *Lactobacillus* a *Bifidobacterium*. Toto podhodnocení je způsobeno zejména metodikou izolace DNA a amplifikací genu pro 16S rRNA. Metagenomické metody nám oproti kultivačním metodám odhalují mnoho informací o přítomnosti bakterií, které nejsme schopni kultivovat. Co nám však metagenomické studie neprozradí, je životaschopnost těchto bakterií – tedy zda DNA pochází z mrtvých či živých buněk. To může být důležitým faktorem pro pochopení mikrobiální kolonizace kojence a vývoje jeho střevního mikrobiomu. Další bias vnáší dosud převažující technika sekvenování zaměřená pouze na krátké úseky genu pro 16S rRNA, protože touto metodou nezachytíme další zástupce mikrobioty mateřského mléka, jako jsou houby a kvasinky, archea či viry.

Potenciál pro zdraví dítěte

Budoucí směr výzkumu mikrobiomu mateřského mléka se bude nepochybně zaměřovat na otázku jeho potenciálu v kontextu zdraví kojence. Už teď víme, že mikrobiota mléka může hrát roli v rozvoji imunitního systému nebo že pomáhá inhibovat růst patogenních mikroorganismů [11]. Otázka ale zůstává: Které konkrétní bakterie jsou za tyto procesy zodpovědné? Jak spolupracují s dalšími mikroorganismy, jako jsou houby, kvasinky, archea nebo viry, které jsou také přítomny v mléce? A jaký vliv mají všechny tyto interakce na produkci metabolitů? Pochopení individuálního složení mikrobioty je zásadní, protože ne všechny mikroorganismy v mateřském mléce mohou být pro dítě vždy přínosné. Zatímco některé fungují jako skrytí hrdinové, jiné se mohou chovat jako "černí pasažéři". Tento výzkum nám může otevřít cestu nejen k lepšímu pochopení toho, jak mateřské mléko funguje jako první „koktejl“ mikroorganismů pro dítě, ale také jak by se tyto poznatky daly využít. Ať už vylepšením probiotických kultur, které by podpořily zdraví dětí, které nejsou kojeny, nebo v rámci zdokonalení náhrad mateřského mléka či darovaného mléka. Potenciál je obrovský.

Eliška Pivrcová

Literatura:

[1] Fernández L, Langa S, Martín V, Maldonado A, Jiménez E, Martín R, et al. The human milk microbiota: origin and potential roles in health and disease. *Pharmacol Res.* 2013 Mar;69(1):1–10.

[2] Pannaraj PS, Li F, Cerini C, Bender JM, Yang S, Rollie A, et al. Association Between Breast Milk Bacterial Communities and Establishment and Development of the Infant Gut Microbiome. *JAMA Pediatr.* 2017 Jul;171(7):647–54.

[3] Moossavi S, Sepehri S, Robertson B, Bode L, Goruk S, Field CJ, et al. Composition and Variation of the Human Milk Microbiota Maternal and Early-Life Factors. *Cell Host Microbe.* 2019 Feb 13;25(2):324–335.e4.

[4] Bode L. The functional biology of human milk oligosaccharides. *Early Human Development.* 2015 Nov 1;91(11):619–22.

[5] Meyer KM, Mohammad M, Autran C, Bode L, Haymond M, Aagaard K. 283: Maternal secretor status and the milk microbiota composition. *American Journal of Obstetrics & Gynecology.* 2018 Jan 1;218(1):S180.

[6] Ramsay DT, Kent JC, Owens RA, Hartmann PE. Ultrasound imaging of milk ejection in the breast of lactating women. *Pediatrics.* 2004 Feb;113(2):361–7.

[7] Rodríguez JM. The Origin of Human Milk Bacteria: Is There a Bacterial Entero-Mammary Pathway during Late Pregnancy and Lactation? *Adv Nutr.* 2014 Nov 3;5(6):779–84.

[8] Fehr K, Moossavi S, Sbihi H, Boutin RCT, Bode L, Robertson B, et al. Breastmilk Feeding Practices Are Associated with the Co-Occurrence of Bacteria in Mothers' Milk and the Infant Gut: the CHILd Cohort Study. *Cell Host & Microbe.* 2020 Aug 12;28(2):285–297.e4.

[9] Stinson LF, Ma J, Rea A, Dymock M, Geddes DT. Centrifugation does not remove bacteria from the fat fraction of human milk. *Sci Rep.* 2021 Jan 12;11(1):572.

[10] Leech SM, Gilbert MC, Clifton VL, Kumar S, Rae KM, Borg D, et al. Insufficient Evidence of a Breastmilk Microbiota at Six-Weeks Postpartum: A Pilot Study. *Nutrients.* 2023 Jan;15(3):696.

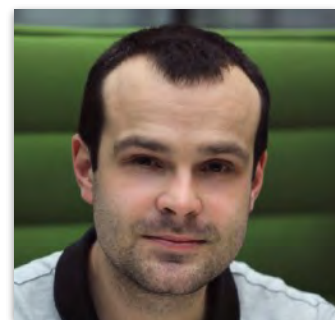
[11] Selma-Royo M, Calvo Lerma J, Cortés-Macias E, Collado MC. Human milk microbiome: From actual knowledge to future perspective. *Semin Perinatol.* 2021 Oct;45(6):151450.

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

A máme tu další metodické okénko a dneska vyzpovídám uživatele Oxford Nanopore Technologies (ONT), tedy technologii umožňující sekvenování dlouhých readů, jinak známou též pod pojmy sekvenování třetí generace nebo single molecule sequencing (Ano, metodické okénko na mě někdy klade obtížné úkoly ve stylu sakrblé - ti co nemají malé děti si sem mohou doplnit i jadrnější slovo - jak mám tohle přeložit?!!, takže třeba: Sekvenování jednotlivých molekul?). Tato technologie se nám rozmáhá v našich mikrobiomových luzích a hájích a neboť jsem v tomto pouze teoretička, přizvala jsem dva pokročilé praktiky, aby se s vámi, drazí čtenáři, podělili o své zkušenosti.

Mgr. Filip Pardy (FP)

Vystudoval Molekulární biologii a genetiku na Přírodovědecké fakultě Masarykovy univerzity v Brně. Je výzkumným pracovníkem v Genomické laboratoři brněnského CEITEC MU. Odborně se věnuje technologii NGS a jejímu použití pro výzkumné a diagnostické účely. Se sekvenátory Oxford Nanopore pracuje od doby jejich uvedení na trh v roce 2014 a od té doby je pokročilým uživatelem rozmanitých aplikací, které tato platforma nabízí.



Prof. RNDr. Petr Baldrián, Ph.D (PB)

Petr Baldrian vystudoval obor Mikrobiologie na Přírodovědecké fakultě Univerzity Karlovy, kde v roce 2000 získal titul Ph.D, v roce 2021 se na Karlově Univerzitě stal profesorem v oboru Environmentální vědy. Zabývá se složením mikrobiomů v životním prostředí a významem mikroorganismů - hub a bakterií v ekosystémových procesech, zejména v lesních půdách. Je vedoucím Laboratoře environmentální mikrobiologie v Mikrobiologickém ústavu Akademie věd České republiky v Praze-Krči.



Na co ONT nejčastěji využíváte?

FP: Nejčastěji využíváme ONT pro celogenomové sekvenování (WGS). Například nedávno jsme sekvenovali genom, kde jsme se zaměřovali na strukturní varianty včetně transpozonových elementů, které mohou hrát klíčovou roli v genomové variabilitě a regulaci genové exprese. Poslední dobou narůstá počet i aplikací, jako je celotranskriptomové sekvenování, které umožňuje hledat transkripční isoformy nebo obohacení cílových sekvencí pomocí CRISPR-Cas9, což je nová metoda, která umožňuje velmi přesně rozpoznat cílové sekvence a následně se vytváří knihovna obohacená o tyto sekvence, tedy v podstatě se jedná o alternativu ke klasickým nyní využívaným cíleně obohaceným knihovnám.

PB: ONT využíváme pro sekvenaci komplexních metagenomů, zejména z lesních půd. Sekvence dlouhých úseků totiž velmi usnadňuje assembly (skládání) sekvencí a jsme tak schopni poskládat dlouhé úseky bakteriálních, archaeálních i eukaryotních genomů. V některých případech dosahujeme i toho, že genom bakterie z půdy složíme úplně celý.

Dříve bylo velmi časté kombinovat druhou a třetí generaci sekvenování, tedy pomocí třetí generace poskytující dlouhé ready a dobrou prosekvenovanost GC bohatých oblastí vytvořit „kostru“ a následně pomocí druhé generace vygenerovat dostatečné pokrytí s vysokou kvalitou. Jak je to nyní, posunula se technologie a stačí využívat pouze ONT?

FP: Ano, pokud je cílem sekvenace pouze seskládat genom, stačí využití ONT. Obvykle dosahujeme při assembly pokrytí 20x, což je dostačující pro správnou interpretaci. Nevhodné je to ale při studiu např. somatických variant.

PB: Vzhledem k nákladům na sekvenaci nedává kombinace ONT a platformy druhé generace pro metagenomiku smysl. Tam, kde potřebujeme velký počet sekvencí, například při studiu metatranskriptomů mikrobiálních společenstev, je možné využít sekvenace krátkých čtení na platformě druhé generace a jejich mapování na komplexní metagenom, získaný sekvenací ONT.

Na jaké problémy jste při přípravě vzorku naráželi/narážíte?

FP: Největší vliv má počáteční kvalita DNA, proto je dobré věnovat pozornost samotné izolaci DNA. Pokud bych měl nějak seřadit důležitost parametrů, které měříme u vstupní DNA, patří sem:

- a) Čistota - Pozor, nanodrop často měří i věci, které by měřit neměl, a naopak neměří věci, které by měl, a tak, i když se DNA zdá čistá, může obsahovat zbytky nějakých metabolitů či chemikálií, a při přípravě knihovny a sekvenování to dělá velké problémy, mnohem větší, než u příprav knihoven pro druhou generaci sekvenování. Většinou se to odhalí, měří - li člověk koncentraci jak na nanodropu, tak fluorometru. Pokud se naměřené koncentrace výrazně liší (násobně), pak je dobré DNA přečistit nebo přeizolovat.
- b) Kvantita - na přípravu ONT knihoven je lepší mít více DNA, než je běžné u druhé generace sekvenování, bavíme se o množstvích v řádech mikrogramů. Když je jí méně, jde to, ale jak se říká, dře to.
- c) Integrita DNA - pokud je velmi degradovaná DNA, nelze z ní osekvenovat dlouhá čtení, takže je dobré pracovat s co nejvíce vysokomolekulární DNA, která vyžaduje specifické zacházení, aby se příliš nenarušila. Existují výjimky, kdy se ONT využívá i pro degradovanou DNA, jako například krátkou cell free DNA.

Jinak je při menším množství vzorků práce s přípravou knihovny relativně rychlá a jednoduchá, ale je dobré si osvojit několik triků nutných pro práci s vysokomolekulární DNA. Patří sem pomalé pipetování širokou špičkou, DNA se nevortexuje, ale promíchává „cvrnkáním“ do epinky a eluci z magnetických kuliček je lepší dělat při 37 °C, aby se „pustily“ i delší molekuly DNA.



PB: Vzhledem k tomu, že ONT sekvenuje přímo, bez předchozí amplifikace molekul (což je ohromná výhoda), narážíme někdy na limity dostupnosti DNA ve vzorcích. Například hluboké anaerobní vrstvy půdy obsahují málo mikrobiální biomasy a málo DNA a to může být limitující, pokud výchozího vzorku není dostatečné množství. Rovněž i v našem případě některé vzorky, například z půdních nebo rostlinných materiálů, obsahují přirozené inhibitory, které mohou narušit enzymatické reakce při přípravě knihoven, jako je například ligace adaptérů. Tyto inhibitory, pocházející z fenolů, huminových kyselin nebo jiných organických látek, často nelze efektivně odstranit během extrakce DNA. U vzorků s nízkou koncentrací DNA, například u vzácných nebo obtížně izolovatelných materiálů, bývá zase problém získat dostatečné množství DNA pro přípravu knihovny. V takových případech je nutné použít speciální metody a často optimalizovat protokoly, což může být časově i finančně náročné.

A jaké problémy provází sekvenaci?

FP: Zatímco přípravu knihovny považuji za relativně jednoduchou, samotné nanášení vzorku flowcell už chce jistou zkušenost, obzvláště u MinIONu. Je potřeba se vyvarovat vzduchovým bublinkám (ničí samotnou flowcell) a je také potřeba dodržet přesně jednotlivé kroky. Doporučuji videa od ONT, které se této problematice věnují. Také využíváme reloading, to znamená, že po 24h sekvenaci zastavíme, provedeme několik kroků zahrnujících odmytí knihovny, promytí flowcell a inkubaci a následně nanese danou knihovnu podruhé. Některé póry se totiž během první sekvenace zablokují a již se nevyužívají a tento postup je umožní odblokovat. Je tak možno zvýšit si output o 20-30 %.

PB: Bohužel, kvalita flowcell na přístroji PS2, i když je výrazně lepší než u MinIONu, je variabilní, což se projevuje ne na kvalitě, ale na kvantitě získaných sekvencí. To samozřejmě trochu ztěžuje práci. Při přípravě vzorků se často setkáváme s problémy týkajícími se stability a kvality flowcell. I při optimální přípravě knihovny může docházet k variabilitě výkonu flowcells, což se projevuje

sníženým počtem aktivních pórů (obvykle v rozmezí 5–7 tisíc), což vede k nižší výtěžnosti dat. Každou flowcell je nezbytné před použitím pečlivě zkontrolovat, protože její životnost je omezena na pouhé dva měsíce. Z tohoto důvodu je důležité pečlivé plánování dodávek, aby se předešlo expiraci materiálu před samotným sekvenováním, což by mohlo negativně ovlivnit průběh experimentů. V neposlední řadě časová náročnost přípravy knihoven představuje další významnou výzvu, zejména při práci s větším počtem vzorků. Každý krok, počínaje izolací DNA až po aplikaci knihovny na flowcellu, vyžaduje dodržování postupů a vysokou míru přesnosti. To prodlužuje celkovou dobu přípravy a může vytvářet tlak na dodržování časových harmonogramů, obzvláště v případě rozsáhlých projektů, kde je nezbytné zpracovat velké objemy vzorků v omezeném čase.

V minulém okénku zaznělo, že s novou flowcell v kombinaci s novou kvalitou výrazně stoupla kvalita výstupních dat, jakých kvalit nyní obvykle dosahujete?

FP: Ano, nová chemie a flowcell skutečně značně zvýšila průměrnou kvalitu čtení bází. Zatímco v minulosti jsme byli průměrně na Q12-15, nyní se pohybujeme kolem Q20, což už je pro mnoho aplikací dostačující kvalita. Např. nyní, když zvolíme zhruba 30x pokrytí při celogenomovém sekvenování, jsme schopni rozlišit jednotlivé haplotypy.

PB: Typický běh dosahuje průměrně Q18-20 po SUP basecall. Přibližně 80 % bází má alespoň kvalitu Q20.

Kde vidíte klady a zápory této technologie?

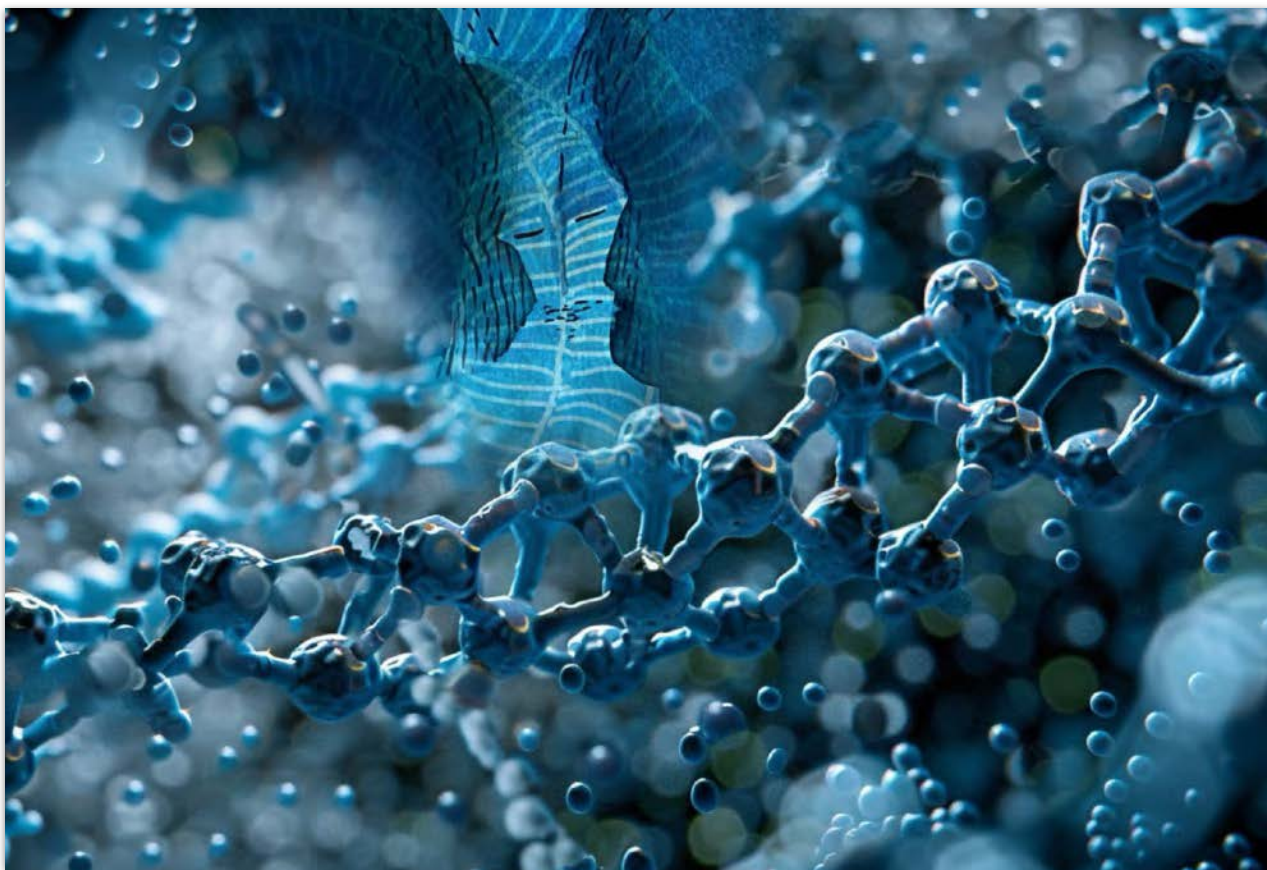
FP: Kladem jsou samozřejmě dlouhé ready, které umožňují studovat např. strukturální varianty, celé RNA transkripty apod., což u druhé generace nelze, nebo jen s velkými obtížemi. S výhodou lze využívat i to, že pomocí ONT lze detekovat i modifikace na jednotlivých bázích DNA, a to bez jakékoliv předchozí úpravy knihovny, jedná se např. o mC, hmC, a mA. Další výhodou je přenositelnost zařízení, zaměřují se na využití této technologie v terénu, a i jistá podpora celé komunity, zejména co se týká softwarových záležitostí a vyhodnocování. Jako limity dané technologií vidím stále nižší kvalitu, která je nezbytná u mnoha nejen diagnostických aplikací a také jisté technologické omezení při přípravě knihovny, kdy při malém počtu vzorků se připravuje knihovna snadno, ale s rostoucím počtem vzorků se to stává problematictější. Není zcela vhodné využívat destičkový formát a není běžně dostupná automatizace.

PB: Ohromnou výhodou ONT je přímá sekvenace molekul DNA a RNA. Ze zkušenosti víme, že jakýkoli amplifikační krok je selektivní a vnáší do výsledků šum, tím větší, čím více jsou výchozí molekuly nukleových kyselin pomnoženy. Omezením je kvalita sekvencí, která je dosud výrazně nižší než u platform druhé generace. Je tak takřka nemožné získat dlouhou molekulu, která by byla „zcela bezchybná“, proto, aby se chyby odstranily – tam, kde to výrazně vadí – je nutné provést assembly (sestavení) sekvencí. Výhody ONT pro metagenomické projekty jsou jednoznačné. Genomy sestavené z metagenomické DNA na základě dlouhých readů jsou podstatně spolehlivější, nedochází tak často ke vzniku chimér, které jsou občas u výsledků druhé generace sekvenování eufemisticky označovány jako „kontaminace“.

Jakým způsobem ONT technologie ovlivňuje analýzu vzorků v reálném čase a co to znamená pro moderní výzkum?

FP: Real-time sequencing je úžasná aplikace, jejíž význam je podle mě zatím v klinickém výzkumu a diagnostice v ČR ne zcela doceněný. Velice se mi líbí např. aplikace kterou využívají v nemocnici v Oslu či v Utrechtu, která umožňuje velice rychlou klasifikaci neurologických nádorů v podstatě paralelně s prováděným chirurgickým zákrokem, a tak zvyšuje informovanost a rozhodovací schopnost provádějícího chirurga. V naší laboratoři jsme Holanďany kontaktovali a celou metodu na pár vzorcích z liberecké nemocnice otestovali. Takto jsme si potvrdili, že opravdu dobře funguje. Nikdo z kliniků však zatím neprojevil zájem, setrvačnost v diagnostice je přeci jen značná.

PB: ONT umožňuje analýzu vzorků v reálném čase, což představuje zásadní posun v přístupu k vědeckému výzkumu. V reálném čase je možné sledovat průběh sekvenace, provádět úpravy experimentů a okamžitě analyzovat první výsledky. To přináší výhody především v oblastech, kde je třeba rychlá diagnostika, například u infekčních chorob, nebo sledování mikrobiomů v environmentálních vzorcích. Tato schopnost výrazně zkracuje dobu mezi odběrem vzorku a výslednou analýzou, což umožňuje rychlejší rozhodování a přizpůsobení výzkumných strategií.



Mikrobio(m)novinky a zajímavosti

Slazené nápoje – raději se jim vyhněte, aneb nejedná se jen o zdraví v dutině ústní

Vysoké teploty lákají k osvěžení v podobě nápojů s vysokým obsahem cukru (HSB – high sugar beverages), jako jsou ovocné šťávy či sycené nápoje. Zatímco je obecně známo, že HSB zvyšují riziko zubního kazu a obezity, studie publikovaná v časopise *Scientific Reports* z června 2024 [1] přináší nové poznatky o vlivu těchto nápojů na orální mikrobiom.

Orální mikrobiom, který obsahuje více než 700 druhů bakterií a další mikroorganismy (archea, houby, viry), hraje klíčovou roli nejen ve zdraví ústní dutiny (zubní kaz, paradentóza), ale také ovlivňuje celkové zdraví organismu (např. diabetes, kardiovaskulární choroby a některé druhy rakoviny).

Studie ukázala silnou korelaci mezi konzumací HSB a změnami ve složení mikrobiomu, což může být spojeno s dalšími systémovými onemocněními. Výsledky byly navíc konzistentní napříč dvěma nezávislými kohortami. Ve studii vědci zkoumali mikrobiální profily 989 osob pomocí sekvenace genu pro 16S rRNA. Účastníci byli rozděleni do tří skupin dle příjmu HSB: nízký (<1 porce/týden), střední (1–3 porce/týden) a vysoký (>3 porce/týden).

Výsledky ukázaly sníženou přítomnost komenzálních bakterií (např. Lachnospiraceae, Peptostreptococcaceae, *Alloprevotella rava*) u osob s vysokým příjmem HSB, zatímco se zvýšila přítomnost acidogenních bakterií (např. Bifidobacteriaceae, *Lactobacillus rhamnosus*), které přispívají ke snížení pH a ke vzniku zubního kazu. Bakterie řádu Fusobacteriales, rodu *Leptotrichia* a další bakterie byly méně zastoupeny, což ukazuje na mikrobiální dysbiózu.

HSB obsahují kyseliny a fermentované sacharidy, které vedou ke snížení pH v ústní dutině. Toto prostředí usnadňuje růst bakterií preferujících nižší pH, což podporuje fermentaci cukrů, mění bakteriální složení biofilmu na povrchu zubů a narušuje jeho strukturu. To vede k mikrobiální dysbióze a podporuje vznik zubního kazu a zánětlivých procesů v dutině ústní. U konzumentů HSB byly zvýšené i mikrobiální markery zubního kazu (*Streptococcus mutans*) a parodontitidy (*Porphyromonas gingivalis*).

Nižší druhová bohatost mikrobiomu, která byla zaznamenána u obou skupin s vyšším příjmem HSB, je spojena s vyšším rizikem ústních a systémových onemocnění. Nižší mikrobiální rozmanitost může mít závažné důsledky nejen pro ústní zdraví, ale i pro systémová onemocnění.

Hana Sechovcová

Literatura

[1] Fan et al. (2024) Altered salivary microbiota associated with high-sugar beverage consumption, *Scientific Reports*: 14:13386, doi: 10.1038/s41598-024-64324-w.



Nový výzkum odhaluje propojení mezi mikrobiomem potravin a lidským střevem

Tým vědců vedený Nicolou Segatou, uznávaným odborníkem na počítačovou metagenomiku, z Univerzity v Trentu, nedávno provedl průlomový výzkum, který odhalil komplexní vztahy mezi mikrobiomy v potravinách a lidským střevem [1]. Výzkumníci analyzovali 2 500 metagenomů¹⁾ potravin, což jim umožnilo identifikovat mikroorganismy přítomné v různých kategoriích potravin, a zároveň objevili mikroorganismy, které se přirozeně vyskytují jak v potravinách, tak v lidském střevě. Tento výzkum, publikovaný v prestižním časopise Cell, zahrnoval potraviny od mléčných výrobků přes fermentované maso a nápoje až po nefermentované ryby a maso.

Pod vedením Segaty tým využil metagenomických postupů a pokročilých bioinformatických metod, aby překonal omezení tradičních kultivačních metod. Tímto způsobem se jim podařilo sestavit téměř 10 900 genomů sestavených z metagenomů (MAGs)²⁾, které zahrnují více než 1 000 prokaryotních genomových skupin na úrovni druhu (SGBs)³⁾ a více než 100 eukaryotních SGBs. Z těchto genomových skupin bylo identifikováno 320 dosud neznámých .



Studie odhalila významnou mikrobiální diverzitu mezi jednotlivými kategoriemi potravin. Například mléčné výrobky vykazovaly značnou variabilitu mikrobiálního složení, zatímco fermentované nápoje měly relativně uniformní mikrobiální složení, dané dominancí specifických mikroorganismů zapojených do fermentačního procesu. Zajímavé je, že různé potraviny z určitého geografického místa měly často mikrobiálně blíže k sobě než ke stejným typům potravin z jiných oblastí.

Kromě analýzy potravinových mikrobiomů tým vedený Segatou porovnal tyto údaje s daty z lidských střevních a orálních mikrobiomů téměř 20 000 jedinců z 39 zemí. Výsledky ukázaly, že přibližně 3 % mikrobů v lidském střevním mikrobiomu pochází z potravin. U kojenců se toto procento zvyšuje na 56 %, což naznačuje silný vliv potravin na vývoj střevního mikrobiomu v raném věku, kdy je mikrobiom teprve formován a závisí převážně na stravě.

Je však důležité zdůraznit, že výsledky této studie jsou založeny výhradně na bioinformatických metodách. Tyto metody sice umožňují získat velké množství dat z komplexních vzorků, avšak

nesou s sebou omezení. Například samotná přítomnost mikroorganismů v potravinách nemusí potvrzovat jejich přenos a kolonizaci lidského střeva – detekovaná DNA může pocházet z potravin a nemusí znamenat, že mikroorganismy skutečně kolonizovaly lidský trávicí trakt. Přesný mechanismus přenosu a vliv těchto mikroorganismů na lidský mikrobiom tak zůstává nejasný. Pro potvrzení těchto hypotéz budou nutné další experimentální kroky, jako je izolace, kultivace a charakterizace mikroorganismů, aby se lépe pochopil jejich vliv na lidské zdraví.

Autoři studie plánují pokračovat ve výzkumu, aby lépe porozuměli tomu, jak různé potraviny, kulturní zvyky a životní styl ovlivňují mikrobiom člověka. Tento výzkum, vedený Nicolou Segatou, má potenciál přinést revoluci do našeho chápání výživy a jejího vlivu na lidské zdraví, otevírající nové možnosti v oblasti personalizované výživy a prevence nemocí.

1) **Metagenom:**

Metagenom je soubor veškeré genetické informace (DNA) získané přímo z komplexních vzorků prostředí, jako jsou půda, voda, střevo nebo potraviny, bez potřeby izolace jednotlivých mikroorganismů. Na rozdíl od tradičních metod, které vyžadují kultivaci mikroorganismů v laboratoři, metagenomika umožňuje sekvenování a studium všech mikroorganismů ve vzorku najednou, včetně těch, které by se v laboratorních podmínkách obtížně pěstovaly. To poskytuje mnohem komplexnější pohled na mikrobiální diverzitu a funkci v přirozených prostředích.

2) **MAGs (Metagenomově sestavené genomy):**

Představte si metagenomické sekvenování jako metodu, která umožňuje studovat veškerou genetickou informaci z komplexního vzorku, třeba z potravin nebo střeva, bez nutnosti izolovat jednotlivé mikroorganismy. Na rozdíl od klasické mikrobiologie, kde se mikroorganismy obvykle kultivují v laboratoři a teprve poté analyzují, tato metoda umožňuje přímo získat genetické sekvence všech organismů ve vzorku. MAGs jsou kompletní nebo téměř kompletní genomové sekvence mikroorganismů, které byly z těchto složitých vzorků „sestaveny“. To znamená, že pomocí pokročilých počítačových metod se podaří rekonstruovat genomy jednotlivých mikroorganismů, aniž by bylo nutné je kultivovat.

3) **SGBs (Genomové skupiny na úrovni druhů):**

Jakmile jsou genomy jednotlivých mikroorganismů (MAGs) z metagenomických dat sestaveny, je nutné je nějak klasifikovat. SGBs představují skupiny těchto genomů, které patří k mikroorganismům na úrovni druhu. Každý SGB tedy zahrnuje mikroorganismy, jejichž genomy jsou si velmi podobné, a které pravděpodobně patří ke stejnému druhu, i když v klasické mikrobiologii by možná nebyly všechny druhy známé nebo kultivovatelné.

Jakub Hurych

Literatura:

[1] Carlino, Niccolò et al. "Unexplored microbial diversity from 2,500 food metagenomes and links with the human microbiome." *Cell*, S0092-8674(24)00833-X. 16 Aug. 2024, doi:10.1016/j.cell.2024.07.039

Mikrokulturní okénko

Milí přátelé, srdečně vás a samozřejmě také vaši mikrobiotu zveme na strhující divadelní představení „Velké a malé světy“ v podání divadla Tineola. Autorce unikátního projektu jsme položili několik otázek.

Michaelo, děkujeme za úžasná grafická zpracování našich Mikrobio(m)novin. Kdy se u Vás začal utvářet vztah k umění a co vedlo k tomu, že jste před žurnalistikou dala přednost divadlu, kreslení, grafice a elegantnímu propojování vědy s uměním?

Děkuji za pozvání k rozhovoru a začnu rovnou: vystudovala jsem žurnalistiku, protože mi nebylo dovoleno studovat umění. O což jsem se pokoušela osm let. Přesto nelituju. Malba, ilustrace, prostě tvorba vůbec mě naplňovala od dětství. Studium na žurnalistice při zaměstnání mi dodalo zkušenosti, které jsem později mohla uplatnit na volné noze. A v práci pro divadlo se to všechno slučovalo. Divadlo je komplex různých uměleckých přístupů. Když se setkávají, může vznikat živoucí vzkaz různým lidem a dětem. Tak to bylo za Shakespeara, a tak to je i v loutkovém divadle dnes. Nejdřív jsem vymýšlela a tvořila loutky pro jiná divadla, nebo na výstavy. Design samozřejmě vychází z myšlenky na konkrétní charakter, postavu nebo objekt. Začala jsem spolupracovat s německými divadly. Pak jsem založila své vlastní divadlo Tineola. Historie divadla Tineola [ZDE](#). Píšu o tom všem ve své knížce [Loutka v digitálním světě](#), která právě vyšla v nakladatelství KANT.

Jak často používáte ve své práci moderní technologie a jak se na rozvoj těchto technologií díváte? Dáváte přednost papíru nebo spíše obrazovce tabletu?

Od roku 2012, kdy se mi dostal do ruky první iPad, jsem pochopila, že i to je cesta pro umělecké vyjádření, že to usnadňuje některé procesy a dává mi to další nástroj do ruky. Vedle štětců, barev, vody, rytí do plechu, mechanického tisku jsem dokázala dělat ilustrace, grafiky rychle a snadno a jinak. A to už byl jen krok k tomu začlenit kresbu v pohybu do divadla. Lidé rádi pozorují, jak se obraz tvoří, jak kresba vzniká... ale trvá to dlouhou dobu (jako vědecké výzkumy) a umělec obvykle prezentuje až hotové dílo, tak jako vědec. Kresba v pohybu je proces, který se díky projekci odehrává přímo na scéně živě, tak jako hudební produkce. Volím nástroje malby tak, abych mohla být dostatečně rychlá.



Pokaždé je to trochu jinak, ale živě. Divadlo zrcadlí společnost, ve které žijeme, a tedy bylo zcela logické, že digitální tvorba se musí objevit i v loutkovém divadle. Hledala jsem možnost skutečně na scéně divadla TVOŘIT digitálně. Dnes je to náš stěžejní způsob vyjadřování :

[Drawing in Motion](http://www.drawinginmotion.com) (www.drawinginmotion.com). Pomáhá nám vizuálně oslovit diváka. Někdy beze slov s komponovanou nebo živou hudbou. Vždycky pracujeme s divákovými asociacemi. Slovo a informace jsou na jiné straně komunikace, my se snažíme oslovovat představivost a podněcovat kreativitu. Ale samozřejmě tu informační funkci digitálních zdrojů využívám. Každý může najít všechny informace na netu, každý se na netu může učit. Když něco nevíte, tak si to prostě vygooglíte. Dozvíte se všechno, co se děje ve všech koutech planety. Zájem jsem měla o přírodu, mým hlavním tématem se stalo životní prostředí, ekosystémy a neviditelný svět mikroorganismů. Jsme informovaní a můžeme mít přehled. O všech tragédiích a zápasech. Hledala jsem inspiraci. A zároveň si víc a víc potvrdovala myšlenku, že se řítíme – už dlouho – do pěkného průšvihů. Tak jsem si řekla, že zkusím něco málo dělat alespoň v dosahu, který mám: kultura a vzdělávání. Oslovit diváky v divadle jinak. A využila jsem toho, co jsem načetla v knihách nebo objevila na internetu. Pak jsem si vše ověřila u vědců a lidí, kteří se přírodou zabývají celý svůj život. Život na planetě zemi mi připadá stále jako zázrak. Astronomové říkají, že přinejmenším v okruhu sta světelných let je taková planeta opravdu jenom jedna... To, že používáme digitální nástroje vedle analogových mi přijde naprosto v pořádku. Nezáleží totiž na tom, jaké nástroje používáte, protože ten skutečný nástroj jsi ty. Skrze tebe se svět, který tě obklopuje, stane viditelnější... nebo se zaostří, získá pozornost. A o to nám jde hlavně v posledních hrách: Jak spolu stromy mluví a nové představení [Velké a malé světy](#).

Propojení velkých a malých světů je samo o sobě fascinující, ale je zároveň zahaleno mnoha tajemstvími. Mám rád motto „Co je důležité, je očím neviditelné.“ Co Vás přivedlo k nápadu, že by se dalo toto tajemné propojení světů srozumitelnou a poučnou, ale zároveň i umělecky cennou formou prezentovat široké veřejnosti? Daří se Vám pronikat do tajů „neviditelného“ mikrosvěta?



Ano, Exupéry to řekl přesně „Co je důležité, je očím neviditelné.“. Měl na mysli hlavně lásku a city. A to je svatá pravda. My to ovšem vnímáme v souvislosti s naším novým představením i jinak. Čtvrtým rokem pro vás graficky zpracovávám Mikrobio(m)noviny. Baví mě to. Abych to mohla dělat, musím si vaše vysoce odborné články číst. A to není

jednoduché. Nejsem biolog. Při tom je to nesmírně zajímavé. Ten neviditelný svět podněcuje moji zvědavost i představivost. A také obdivuji vaši schopnost a vytrvalost odhalovat neznámé. Když se ptám dětí při workshopech, co si představují pod pojmem „neznámo“, rozvine se naše

diskuze do dlouhých filozofických úvah. Ale často je to pro děti i dospělé cosi temného a nebezpečného. Já to vnímám jinak - pro mne je neznámo lákavé, skrývající překvapení a někdy i krásné. A protože jsem vizuální člověk, vidím to. A vidím to i ve vaší práci. Proto jsem se vydala touhle cestou. Pokusit se přeložit vaši cennou práci do srozumitelnějšího jazyka pro širší veřejnost a pro starší děti. A hledáme způsob jak neviditelné zviditelnit. Dělali jsme to už v představení Jak spolu stromy mluví, kde šlo o mikrosvět pod povrchem lesa, o propojenost stromů, hub a bakterií v lese. Je to vizuální podívaná spojená s příběhem Suzanne Simard, kanadské bioložky a profesorky. O své knize napsala: Není to kniha o tom, jak můžeme zachránit stromy. Je to kniha o tom, jak stromy mohou zachránit nás. Naši výtvarnou a uměleckou hru Jak stromy mluví, která je zároveň vzdělávací, hrajeme ve školách, v knihovnách a v divadlech. Bohužel je o to větší zájem v Německu než u nás.

Kde čerpáte inspiraci a energii k přípravě představení? Múzy přicházejí spíše z mikro- nebo makrosvěta nebo právě z propojení těchto světů?

Určitě je to o propojení světů, vnímám to při pohledu na noční oblohu i při četbě o DNA, nebo u stolu s dobrým jídlem. Inspiraci nacházím prostě všude kolem sebe, když vidím zázračné jaro, jak každým rokem znovu najde sílu vypučet a přežít např. letošní pozdní mrazy. Když vidím malé děti, jak jsou plné zájmu a chtějí vědět víc a co všechno se naučí během prvního roku života. Inspiraci vidím v tom, kolik lidí se snaží upozornit na všechny chyby, co naše civilizace stále a stále dělá a nechápu, že vlivní lidé a politici stále nekonají. A z bezmoci, přispívám nepatrnou částí své práce na zviditelnění faktu, že všechno souvisí se vším, a že musíme spolupracovat. Tak, jako například bakterie, nebo mycelium.

Na co se mohou návštěvníci představení „Velké a malé světy“ těšit? Je představení vhodné i pro děti?

Polapit Velké a malé světy je obtížné. Už na tom pracujeme od minulého roku a premiéra bude v lednu 2025 v Berlíně. V Praze stále nemáme divadlo, ani vhodný a dostupný prostor, kde českou premiéru uvést. Představení bude o hledání. Bude o vědcích a umělcích. O člověku.



Bude o zvědavosti. Bude pro děti od 9 let. Těšit se můžete na mikroorganismy a kosmos. Malinké a obrovské. Obojí těžko uchopitelné. Naším hrdinou je bakterie. Je úžasné, že něco tak malého může mít tak stěžejní dopad na naši existenci. Pomocí obrazů a akcí na jevišti můžeme odhalit ukrytou krásu a komplexnost života bakterií. Všichni žijeme v koexistenci se světem vnějším a vnitřním. To, co nás formuje zvenčí, je stejně důležité jako to, co je uvnitř našich těl – mikroorganismy...

Chtěli bychom přitáhnout pozornost veřejnosti ke světům, které jsou pro nás neuchopitelné, ale důležité ve všech aspektech našeho života. Jde o naše zdraví, o slunce, hvězdy a vodu, o spolubytí ve společnosti, o sociální vztahy mezi námi a mezi námi a přírodou, ale i mezi bakteriemi. Současné objevy vědců díky technologiím ohromují a rozšiřují se do obrovské míry. Je dobře sledovat ty vzorce v přírodě: jak spolupracují houby se stromy, jak bakterie pomáhají chobotničkám svítit a mravencům vyrábět antibiotika. Chceme umělecky interpretovat některé trochu šokující poznatky vědců. Naše tělo vytváří samostatný kosmos pro miliony organismů, bez nichž bychom nemohli ani dýchat, ani jíst, ani milovat. A dnes už víme, že nikdo z nás není sám. Jsme entita mnoha spolupracujících organismů. Jejich příklady nám ukazují, co všechno se naučily po milionech let bytí na naší planetě a co umí, aby dokázaly přežít v turbulentní přírodě. To je i náš celkem akutní úkol. Abychom se naučili, jak přežít civilizaci.

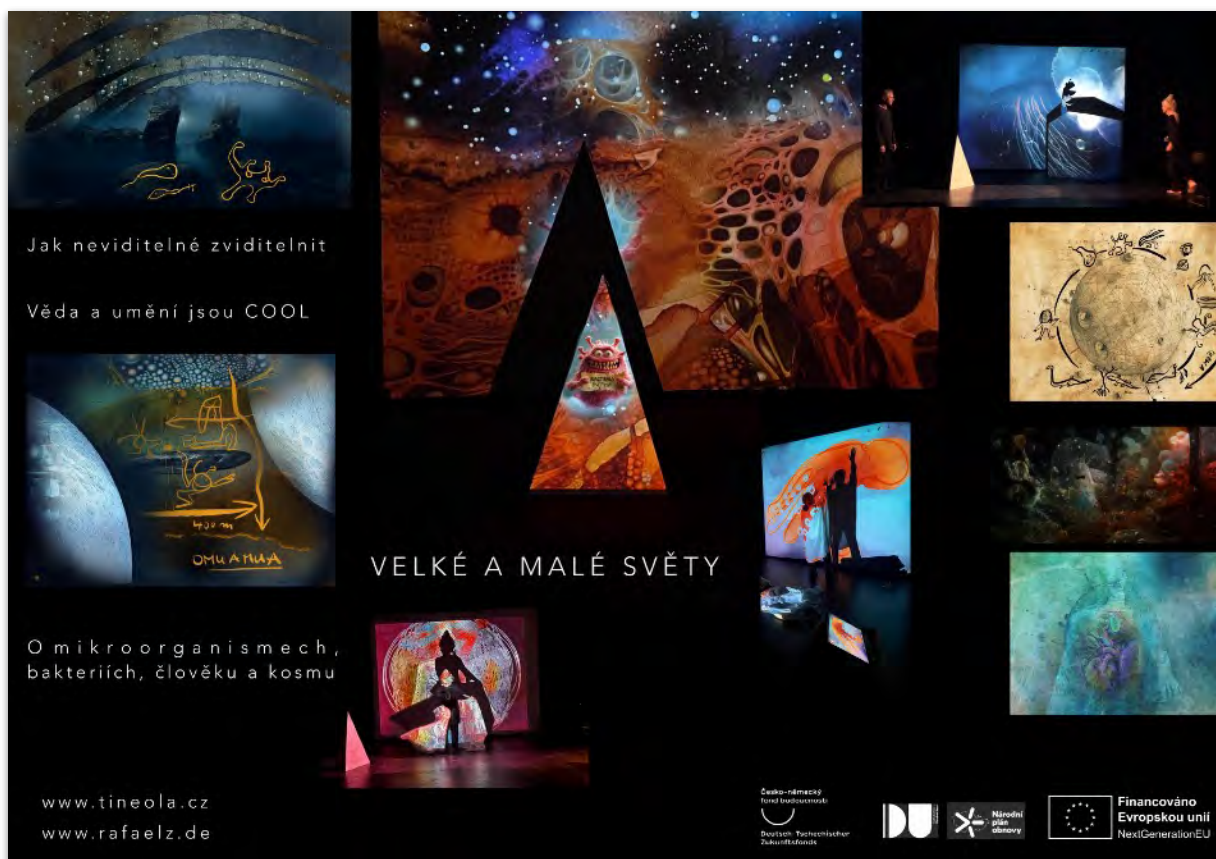
Děkujeme za rozhovor a přejeme Vám, ať se představení podaří.

Jiří Vejmelka

www.drawinginmotion.com

www.tineola.cz

www.michaelabartonova.cz



Mikrobi gratulují (a my s nimi):

Prof. Heleně Tlaskalové-Hogenové k ocenění Akademií věd ČR a Českou lékařskou společností JEP za dlouhodobý základní výzkum v oblasti imunologie se zaměřením na význam střevní mikrobioty pro vznik chronických nemocí



Mgr. Michaela Bartoňové k nové knize Loutka v digitálním světle, kterou vydalo nakladatelství KANT.



Mikrobio - humor



Milý deníčku! Včera jsem se poprvé rozmnožila dělením.
Krásný zážitek!

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, 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