



*Čo nového v mikrobiológii*  
*Mikroorganizmy okolo nás II*

**ZBORNÍK ABSTRAKTOV Z KONFERENCIE  
MLADÝCH MIKROBIOLÓGOV**

2. – 3. decembra 2021

Vydala Československá spoločnosť mikrobiologická, Bratislava-Praha 2021 ako  
Zborník abstraktov konferencie: Čo nového v mikrobiológii. Mikroorganizmy  
okolo nás II.

**ISBN 978-80-973411-3-8**

**EAN**



9 788097 341138

Zborník zostavili: Alžbeta Medved'ová, Petra Olejníková, Lucia Birošová (Eds.)

Neprešlo jazykovou úpravou, boli použité autorské originály  
Vydala Československá spoločnosť mikrobiologická, Bratislava-Praha 2021 ako  
Zborník abstraktov konferencie: Čo nového v mikrobiológii. Mikroorganizmy  
okolo nás II.

Konferenciu organizuje ČSSM v spolupráci s Katedrou mikrobiológie  
a virológie PriF UK, Ústavom biochémie a mikrobiológie a Oddelením výživy  
a hodnotenia kvality potravín FCHPT STU ako popularizačnú aktivitu  
podporenú projektami APVV-16-0171, APVV-19-0094.

**ISBN 978-80-973411-3-8**

EAN



9 788097 341138

## **ORGANIZAČNÝ VÝBOR**

Lucia Bírošová, Helena Bujdáková,  
Petra Olejníková, Alžbeta Medved'ová, Andrea Horníková

## **VEDECKÝ VÝBOR**

Helena Bujdáková, Lucia Bírošová, Yveta Gbelská,  
Petra Olejníková, Alžbeta Medved'ová,

# ORGANIZÁTORI KONFERENCIE

Československá společnost mikrobiologická



**Slovenská Technická Univerzita v Bratislave**



**Fakulta chemickej a potravinárskej technológie**

**Univerzita Komenského v Bratislave**



**Prírodovedecká fakulta**

# **ABSTRAKTY**

# NON-POLIO ENTEROVIRUSES: THEIR CIRCULATION IN THE ENVIRONMENT AND INTRIGUING PATHOGENESIS

Bopegamage Shubhada

*Slovak Medical University in Bratislava, Faculty of Medicine,  
Enterovirus Laboratory/National Reference Center for Identification of Enteroviruses  
Limbová 14, 833 03 Bratislava  
shubhada.bopegamage@szu.sk*

Genus *Enterovirus* (EV) belongs to family of *Picornaviridae*, it consists of 158 species and 68 genera. This genus comprises of 15 species of which 7 species are human pathogens [1]. The clinical manifestations occur as minor illness with fever to a wide range of serious conditions. Chronic diseases such as type 1 diabetes, chronic myocarditis and dilated cardiomyopathy are also associated with EV infections [2]. Transmission of these viruses is by the fecal–oral route. Infected individuals, with or without symptoms may shed the virus in the feces for several weeks therefore they can be detected in the sewage. WHO mandatory sewage surveillance program monitors the statistics of non-polio enteroviruses (NPEV) and their prevalence [5]. Coxsackievirus (CV) which belongs to the genus *EV* show multiple organ tropism. The pathogenesis clinical manifestations these infections are complex. Mice are the best models for studying the pathogenesis of CVs because they carry the mouse coxsackievirus adenovirus receptor (mCAR) similar to the human CAR (hCAR).

Our aim is to understand the pathogenesis of CVs. We have studied the oral infection of CVBs in mice (all experiments conducted with the university and state ethics committee permissions). It is the natural route of infection in humans. Our focus has been the pancreas, but we have studied other organs (heart, brain, small intestines, large intestines, and spleens). We have investigated different CVB prototypes in mice, using different mice strains (outbred, inbred, a specific model with a cut DEXDc domain), infection during gravidity and infection with different environmental and clinical isolates (in close association with the Public Health Laboratories) [2,5]. Our systematic analysis showed that there was a difference between the oral and intraperitoneal routes of infection. Interferon alpha was not the primary factor in protection of the pancreatic physiology<sup>4</sup>. Study of CVB4-E2 infection of different mouse strains with different genetic backgrounds showed that inflammation of the exocrine pancreas depends not only on the route of infection but also on the CVB strain, mouse genetics and immune system [6]. Our studies on gestational infection by CVB4-E2 on the pancreas of both dams and their challenged pups showed that time of infection during gravidity regulated the effect of virus infection [7]. Altogether, our research has not only enriched understanding different aspects of CVB pathogenesis but has also created questions for future research which will further help in the EV prevention, prophylaxis and for translational studies.

**Acknowledgements:** Mechanism EEA and Slovak Government—Project SK0082.

## References:

- [1] [https://www.picornaviridae.com/sg3\\_ensavirinae/enterovirus/enterovirus.htm](https://www.picornaviridae.com/sg3_ensavirinae/enterovirus/enterovirus.htm)
- [2] Al-Hello H. *et al.* An enterovirus strain isolated from diabetic child belongs to a genetic subcluster of echovirus 11, but is also neutralised with monotypic antisera to coxsackievirus A9. *J Gen Virol.* 2008; 89:1949 -1959.
- [3] Bopegamage S. Enterovirus infections: pivoting role of the adaptive immune response. *Virulence.* 2016;7:495-7.
- [4] Bopegamage S. *et al.* Coxsackie B virus infection of mice: inoculation by the oral route protects the pancreas from damage, but not from infection. *J Gen Virol.* 2005; 86:3271-3280.

- [5] Klement C. *et al.* A concise monitoring report of Human Enteroviruses in the Slovak Republic from 2001 to 2011. *Epid Infect.* 2013; 141:2658–2662
- [6] Precechtelova J. Pathophysiology of the pancreas after oral infection of genetically diverse mice with coxsackievirus B4-E2. *Arch Virol.* 2015;160; 103-115
- [7] Sarmirova S *et al.* (2019) Pancreas of coxsackie virus infected dams and their challenged pups: A complex issue. 2019 Mar 4; *Virulence*, 10:1, 207-221.



## ANTIMIKROBIÁLNA AKTIVITA KOMPLEXOV STRIEBRA

Báčová Ivana<sup>1</sup>, Rendošová Michaela<sup>2</sup>, Vargová Zuzana<sup>2</sup>, Olejníková Petra<sup>1</sup>,

<sup>1</sup>*Slovenská technická univerzita, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Ústav biochémie a mikrobiológie, Radlinského 9, 821 37 Bratislava*

<sup>2</sup>*Univerzita P. J. Šafárika v Košiciach, Prírodovedecká fakulta, Katedra anorganickej chémie, Moyzesova 11, 041 54 Košice*  
ivana.bacova95@gmail.com

Liečba infekcií sa v posledných rokoch stáva čoraz náročnejšou. Príčinou je vznikajúca mikrobiálna rezistencia, kedy si mikroorganizmy budujú odolnosť voči bežne používaným liekom. Z tohto dôvodu je nevyhnutné pracovať na vývoji nových liečiv, respektíve na zvýšení účinnosti tých používaných.

Striebro sa na liečbu infekčných ochorení používalo po stáročia. Hoci s objavom antibiotík upadlo jeho používanie do úzadia, v dnešnej dobe zažíva renesanciu.

Cieľom tejto práce bola príprava a charakterizácia komplexov striebra s aminokyselinovými ligandami. Zamerali sme sa na stanovenie antimikrobiálnej aktivity definovaním inhibičných koncentrácií MIC<sub>90</sub> a IC<sub>50</sub>, okrem modelových mikroorganizmov, ktoré sú citlivé na antibiotiká používané v klinickej praxi, sme medzi mikroorganizmy zaradili aj rezistentný klinický izolát *Staphylococcus aureus* L12. Všetky testované zlúčeniny vykazovali bakteriostatický účinok, pričom citlivosť rezistentných a citlivých kmeňov bola porovnateľná. Potenciálnu mutagénnu aktivitu komplexov sme otestovali prostredníctvom Amesovho testu na *Salmonella* Typhimurium TA98 a *Salmonella* Typhimurium TA100. Ani jeden z komplexov nepreukázal mutagénnu aktivitu. Vplyv na tvorbu biofilmu sme pozorovali farbením kryštálovou violeťou, na tento účel sme použili *Staphylococcus aureus* a tiež niektoré druhy kvasiniek rodu *Candida* sp. Schopnosť tvorby biofilmu sa znížila len v prípade baktérií.

Výsledky tejto štúdie naznačujú, že testované komplexy majú potenciálne využitie pri navrhovaní nových antimikrobiálnych látok, predovšetkým antibakteriálnych. Antibakteriálna aktivita komplexov pravdepodobne závisí od afinity transportérov voči aminokyselinám, resp. dipeptidom (ligandy). Vzhľadom na totožnosť prvej aminokyseliny v testovaných komplexoch (glycín) možno z výsledkov usudzovať, že o afinite rozhoduje druhá naviazaná aminokyselina v poradí – najvyššia afinita bola pozorovaná pre alanín.

**PodĎakovanie:** Táto práca bola podporená grantom VEGA 1/0697/18.

## IZOLÁT Z ODPADOVÝCH VÔD COXSACKIEVÍRUSU B4 INDUKUJE PANKREATITÍDU V MYŠIACH PO ORÁLNEJ INFEKCII

Benkoová Brigita<sup>1</sup>, Pospíšilová Michaela<sup>1</sup>, Kramná Lenka<sup>2</sup>, Kissová Renáta<sup>3</sup>, Beraková Katarína<sup>4</sup>, Klement Klement<sup>3</sup>, Cinek Ondrej<sup>2</sup>, Bopegamage Shubhada<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Slovenská zdravotnícka univerzita, Lekárska fakulta, Ústav mikrobiológie,  
Laboratórium pre enterovírusy, Limbová 12, 833 03 Bratislava*

<sup>2</sup>*Univerzita Karlova, Lékařská fakulta*

*V Úvalu 84, Nemocnica Motol, 150 06 Praha 5, Česká Republika*

<sup>3</sup>*Regionálny úrad verejného zdravotníctva v Banskej Bystrici, Cesta k nemocnici 1,  
975 56 Banská Bystrica*

<sup>4</sup>*Martinské biooptické centrum s.r.o, Vysokoškolákov 1758/3, 010 01 Žilina  
[brigita.benkoova@szu.sk](mailto:brigita.benkoova@szu.sk)*

Početné sérotypy, ktoré patria do rodu Enterovirus (EV), vykazujú variabilitu vo svojej virulencii a klinických prejavoch. Vzhľadom na to, že šírenie enterovírusových infekcií je hlavne fekálno-orálnou cestou, je možné predpokladať ich pretrvávanie a cirkuláciu v prostredí. V podzemných, odpadových a povrchových vodách prevládajú rôzne sérotypy EV. Je tiež známe, že počas obehu v prostredí a populácii prechádzajú zmenami spôsobenými mutáciami a rekombináciami. Naše predchádzajúce štúdie ukázali, že orálna infekcia indukuje pankreatitídu v závislosti od špecifických podmienok, ako je napríklad gravidita, alebo v outbredných myšiach. Naším cieľom v tejto štúdii bolo ďalej preskúmať histopatológiu pankreasu na modeli outbredných myší po orálnej infekcii klinickými izolátmi od pacienta, ktorý mal aseptickú meningitídu, a izolátom z odpadovej vody získanej v oblasti bydliska pacienta. Izoláty boli v tkanivovej kultúre identifikované ako coxsackievírus B4 (CVB4). Tento konkrétny izolát z odpadových vôd vyvolal pankreatitídu po orálnej infekcii. Naopak, pankreatitída po infekcii klinickými izolátmi nebola zistená. Vírusové izoláty (klinické a environmentálne) sa analyzovali sekvenovaním druhej generácie (NGS), a porovnaním získaných genómov s referenčnými genómami z databázy (GeneBank) sa zisťovali rozdiely medzi jednotlivými izolátmi, na základe ktorých sme skonštruovali fylogenetický strom. Porovnanie polyproteínových sekvencií ukázalo, že ošetrované kmene z odpadových vôd sa líšili od izolátov pacienta o 9 a 11 aminokyselín. Dospeli sme k záveru, že izoláty klinického a environmentálneho pôvodu sa líšili vo svojich patogénnych vlastnostiach a vykazovali genetické variácie.

**PodĎakovanie:** Výskum podporili: MZ SR projekt 2016/3-RUVZBB-3; Bohdan Malaniak CSMC - RECOOP Young Scientists (BMYS) Research Grant: BMYS RG 2019-2020 Benkóová & Pospíšilová - Bopegamage #010. Starostlivosť o zvieratá: Táto štúdia bola vykonaná so súhlasom Etickej komisie Slovenskej zdravotníckej univerzity a Štátnej veterinárnej a potravinovej správy SR. Platnosť povolenia: 1.10.2016 až 30.12.2020. Číslo: C.k. Ro 3248/16-221.

# VPLYV KULTÚR KYSLOMLIEČNYCH BAKTÉRIÍ NA INHIBÍCIU *ESCHERICHIA COLI*

Beranová Petra, Medved'ová Alžbeta

*Slovenská technická univerzita v Bratislave, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie,  
Oddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Radlinského 9, 812 37 Bratislava  
[beranova.petra1@gmail.com](mailto:beranova.petra1@gmail.com)*

Pre závažnosť ochorení, častý výskyt v prostredí, dobrý rast v rozličných podmienkach a genetickú vybavenosť, bol cieľovým mikroorganizmus pre túto prácu zvolený práve druh *E. coli*. Druhou mikrobiálnou skupinou boli zvolené komerčne dostupné kyslé kultúry baktérií mliečneho kysnutia, ktoré pôsobia antagonisticky voči *E. coli* v ich spoločnom prirodzenom mliečnom prostredí. Cieľom tohto príspevku je kvantitatívne zhodnotiť vplyv kultúry Fresco DVS 1010 a kultúry A na dynamiku rastu izolátov *E. coli* BR a *E. coli* PSII v mlieku v závislosti od teploty inkubácie. Izolát PSII v spoločnej kultivácii s kultúrou A o počiatočnom množstve (ďalej len  $N_0$ )  $N_0 = 3 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$  rástol s rastovou rýchlosťou (ďalej len  $Gr$ )  $Gr = 0,699 \log \text{KTJ.ml}^{-1}.\text{h}^{-1}$  pričom lag fáza trvala 1,5 h, až dospel ku konečnej hodnote  $7,71 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$ . Vyšší prídavok kultúry A spôsobil zníženie konečného počtu o 33 % a spomalenie rastu o 21 % pri skrátenej lag fáze o polovicu. Pri vyššom prídavku kultúry A bola zaznamenaná dĺžka lag fázy  $pH$  2 hodiny, čo je o 6 hodín menej ako v prípade s nižším prídavkom. Pri teplote  $15^\circ\text{C}$  izolát PSII v ko-kultivácii s kultúrou Fresco (s  $N_0 = 6 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$ ) po 5,7 h lag fáze dosiahol maximálny počet  $5,83 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$  s  $Gr = 0,111 \log \text{KTJ.ml}^{-1}.\text{h}^{-1}$ . Kultúra A nespôsobila väčší pokles konečného počtu *E. coli* PSII ( $6,26 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$ ), pričom rýchlosť rastu bola porovnateľná ako počas spoločného rastu s kultúrou Fresco ( $0,117 \log \text{KTJ.ml}^{-1}.\text{h}^{-1}$ ). Kultúra Fresco dokázala vyprodukovať toľko kyseliny mliečnej, že po 2 dňoch kultivácie klesla hodnota  $pH$  na úroveň 4,5. Na druhej strane, kultúra A za ten istý čas dokázala znížiť  $pH$  mlieka len na hodnotu 5,7, avšak aj napriek pomalému a nevýraznému poklesu  $pH$  bol rast *E. coli* zastavený už po 24 h. Pri dynamike rastu *E. coli* PSII v závislosti od inkubačnej teploty bolo zistené, že izolát PSII pri teplote  $10^\circ\text{C}$  s  $N_0 = 3 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$  a  $Gr = 0,039 \log \text{KTJ.ml}^{-1}.\text{h}^{-1}$  dosiahol stacionárnu fázu po 72 h s počtom  $5,24 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$  v ko-kultivácii s kultúrou Fresco s  $N_0 = 6 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$ . Monokultúrny rast izolátu, bez prídavku kysléj kultúry, dosahoval oveľa vyššie počty v stacionárnej fáze a to  $8,60 \log \text{KTJ.ml}^{-1}$ . Hodnota  $pH$  poklesla o 2 jednotky za 62 h. Naproti tomu, s vyššou teplotou a s tým spojeným rýchlejšim metabolizmom mikroorganizmov sme zaznamenali, že izolát PSII v spoločnom médiu s kultúrou Fresco rástol rýchlejšie takmer o 6 % a pritom dosiahol vyššiu konečnú koncentráciu v stacionárnej fáze až o 78 %, v porovnaní s nižšou teplotou. Dôležité je, že napriek vyššiemu počtu nastala úspešná inhibícia *E. coli* PSII. Hodnota  $pH$  začala klesať po 2 h pričom stacionárna fáza sa dosiahla až po 13 h. Na základe dosiahnutých výsledkov možno konštatovať, že rastová rýchlosť a maximálne dosiahnutý počet v stacionárnej fáze oboch izolátov *E. coli* dosahovali vyššie hodnoty, čím bola teplota inkubácie vyššia a naopak, s vyšším prídavkom baktérií mliečneho kysnutia ich hodnoty klesali.

**Pod'akovanie:** Táto práca vznikla s podporou grantu VEGA 1/0532/18 a APVV-19-0031.

## POROVNANIE PROTILÁTOK NAMIERENÝCH PROTI POVRCHOVÉMU PROTEÍNU CR3-RP A ICH VPLYVU NA KVASINKY RODU *CANDIDA*

Bilská Katarína, Dekkerová Jaroslava, Bujdáková Helena

*Univerzita Komenského, Prírodovedecká fakulta, Katedra mikrobiológie a virológie,  
Ilkovičova 6, Mlynská dolina, 842 15 Bratislava  
[bilaska6@uniba.sk](mailto:bilaska6@uniba.sk)*

Povrchové štruktúry kvasiniek majú významnú úlohu v zabezpečovaní interakcií buniek s okolím. Z nich práve povrchové proteíny nesú nezastupiteľnú úlohu v kontakte s hostiteľskými bunkami a mnohé zohrávajú úlohu aj pri adherencii k povrchom, a následne v tvorbe biofilmu. Jedným z týchto povrchových antigénov kvasiniek rodu *Candida* je komplementovému receptoru 3-podobný proteín (CR3-RP). Cieľom práce bolo porovnať niektoré vlastnosti subklonov myších protilátok proti antigénu CR3-RP. Ako kontrola sa použilo myšie polyklonálne sérum anti-CR3-RP. Porovnávaná bola schopnosť protilátok identifikovať synteticky pripravený proteín CR3-RP a proteín CR3-RP v proteínových lyzátoch kvasiniek rodu *Candida*, a to *C. albicans* SC5314, *C. auris* H261, *C. auris* R, *C. auris* S. Proteín CR3-RP bol exprimovaný vo vyššej miere v 48-h biofilme všetkých testovaných kmeňov kvasiniek v porovnaní s planktonickými bunkami. Výsledky experimentov tiež ukázali vyššiu reaktivitu polyklonálnej protilátky anti-CR3-RP v porovnaní s monoklonálnymi protilátkami pri detekcii antigénu CR3-RP. Pri charakterizácii monoklonálnej protilátky anti-CR3-RP nebola dokázaná jej toxicita *in vivo* na modeli *Galleria mellonella*. Zároveň boli selektované najreaktívnejšie subklony monoklonálnej protilátky anti-CR3-RP, a to 912/88, 912/94 a 413/67. Všetky testované protilátky mali inhibičný účinok na hydrofobicitu bunkového povrchu planktonických buniek kvasiniek v porovnaní so suspenziou buniek, ktoré neboli opracované protilátkou. Najvýraznejší vplyv mali protilátky anti-CR3-RP na hydrofobicitu kvasinky *C. auris* R, pričom všetky testované subklony protilátky znížili percento hydrofóbných buniek o viac ako 41%. Najmenší vplyv mali subklony protilátok anti-CR3-RP na štandardný kmeň *C. albicans* SC5314. Subklony 912/88 a 912/94 znížili percento hydrofóbných buniek o 20,26% a 29,02%, zatiaľ čo subklon 413/67 iba o 2,59%. Protilátky inhibovali aj metabolickú aktivitu 48-h biofilmu kvasiniek v porovnaní s biofilmom, ktorého bunky neboli opracované protilátkami. Štatisticky významný vplyv mala myšia polyklonálna protilátka anti-CR3-RP na 48-h biofilm kmeňov *C. albicans* SC5314 a *C. auris* H261, pričom metabolická aktivita 48-h biofilmu kmeňa *C. albicans* SC5314 opracovaného protilátkou anti-CR3-RP bola znížená o 16,21%. V prípade kmeňa *C. auris* H261 došlo k zníženiu metabolickej aktivity 48-h biofilmu opracovaného myšou polyklonálnou protilátkou o 11,66%. Na 48-h biofilm kvasiniek *C. auris* S a *C. auris* R, ktorých 48-h biofilm mal nižšiu metabolickú aktivitu ako kmene *C. albicans* SC5314 a *C. auris* H261, mala myšia polyklonálna protilátka anti-CR3-RP štatisticky zanedbateľný vplyv. Výsledky práce síce neukázali možnosť priameho využitia subklonov protilátky anti-CR3-RP, no môžu pomôcť k lepšiemu pochopeniu funkcie povrchového proteínu CR3-RP.

**PodĎakovanie:** Práca bola podporená Agentúrou na podporu výskumu a vývoja na základe zmluvy č. APVV-15-0347 a grantom VEGA 1/0537/19 financovaného MŠVVaŠ SR.

## CO VÍME O LIVESTOCK-ASSOCIATED MRSA A JEHO VÝSKYTU V ČR?

Brodíková Kristýna

*Masarykova univerzita, Lékařská fakulta, Ústav veřejného zdraví,  
Kamenice 5, 625 00 Brno, Česká republika  
[460963@mail.muni.cz](mailto:460963@mail.muni.cz)*

Bakterie rezistentní k různým typům antibiotik, mezi které se řadí i meticilin rezistentní *Staphylococcus aureus*, známý pod zkratkou MRSA, jsou významným globálním problémem. Pozornost je věnována zejména kmenům, které kolují v nemocničním prostředí či v komunitě [1]. Vlastní skupinu tvoří kmeny označované jako livestock-associated MRSA (LA-MRSA), které se vyskytují zejména u potravinových zvířat. Jejich přítomnost byla potvrzena především u prasat, není ovšem výjimkou výskyt u skotu, koz, ovcí i drůbeže [2,3]. U této skupiny kmenů existuje riziko přenosu na osoby v blízkém kontaktu se zvířaty a následné další šíření v populaci [3].

Studie shrnuje znalosti o výskytu LA-MRSA na území České republiky [2,3,4]. Studie zahrnuje data z prostředí farem, od zvířat i od ošetřujícího personálu. K detekci MRSA byla použita kultivační metoda s pomnožením v selektivním médiu a následným vyočkováním suspenze na selektivní agar. Takto získané suspektní kolonie byly potvrzeny druhově specifickou PCR. Součástí studií bylo rovněž sledování rezistence k antibiotikům diskovou difúzní metodou. Pro bližší charakterizaci kmenů byly provedeny metody MLST a *spa* typizace.

Z výsledků vyplývá, že na českých farmách kolují kmeny řadící se mezi LA-MRSA a patřící zejména do klonálního komplexu CC398, které se přenášejí mezi zvířaty, ale jsou také schopné šířit se na pracovníky na farmách. Otázkou také zůstává možnost šíření těchto kmenů při jatečném opracování a výrobě potravin a posléze i ke konečným spotřebitelům. Podíl animálních kmenů získaných od pacientů s infekcí krevního řečiště naznačuje šíření v lidské populaci napříč různými regiony České republiky [5].

### **Použitá literatura:**

- [1] Mediavilla JR, Chen L, Mathema B, Kreiswirth BN. Global epidemiology of community-associated methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (CA-MRSA). *Curr Opin Microbiol.* 15(5), 2012.
- [2] Karpíšková R, Koukalová K, Koláčková I. Výskyt a vlastnosti kmenů MRSA izolovaných u prasat na farmách, na jatkách a ve vepřovém mase v tržní síti ČR, *Klin. Mikrobiol. Inf. Lék.* 21(2), 2015.
- [3] Tegegne HA, Koláčková I, Karpíšková R. Diversity of livestock associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Asian Pac J Trop Med.* 10(9), 2017.
- [4] Koláčková I, Gelbíčová T, Klimešová M, Karpíšková R. Meticilin rezistentní *Staphylococcus aureus* u jatečných zvířat v ČR, *Veterinářství*, 12, 2016.
- [5] Pomorska K, Jakubu V, Malisova L, Fridrichova M, Musilek M, Zemlickova H. Antibiotic resistance, *spa* typing and clonal analysis of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolates from blood of patients hospitalized in the czech republic, *antibiotics*, 10(4), 202.

## VÝSKYT REZISTENTNÝCH BAKTÉRIÍ V ODPADOVÝCH VODÁCH

Cverenkárová Klára<sup>1</sup>, Krahulcová Monika<sup>1</sup>, Mackuľak Tomáš<sup>2</sup>, Bírošová Lucia<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Slovenská Technická Univerzita, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Ústav potravinárstva a výživy, Radlinského 9, 81237 Bratislava*

<sup>2</sup>*Slovenská Technická Univerzita, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Ústav chemického a environmentálneho inžinierstva, Radlinského 9, 81237 Bratislava*

[klara.cverenkarova@stuba.sk](mailto:klara.cverenkarova@stuba.sk)

Odpadová voda môže predstavovať vektor mikropolutantov, ako sú reziduá antimikrobiálnych látok či iných farmaceutík a ich metabolitov. Tie môžu v subinhibičnej koncentrácii pôsobiť na mikroorganizmy nachádzajúce sa v odpadovej vode, a tým viesť ku vzniku mikrobiálnej rezistencie voči antibiotikám a biocídom. Odpadové vody sú takisto rezervoárom rezistentných baktérií a génov rezistencie voči antibiotikám. Cieľom tejto práce bolo vyhodnotiť kvantitatívny výskyt rezistentných koliformných baktérií v odpadových vodách z čistiarne odpadových vôd (ČOV) Petržalka v Bratislave a izolovať a identifikovať vybrané kmene koliformných baktérií pre ďalšiu charakterizáciu.

Vzorky prítokovej vody do ČOV boli odobraté automatickým vzorkovačom počas 24 h a transportované do laboratória. Vzorka odpadovej vody bola riedená desiatkovým riedením vo fyziologickom roztoku a príslušné riedenia boli vyočkované na agarové platne s Chromocult Coliform Agarom bez alebo s prídavkom antibiotík ampicilín, gentamicín, ciprofloxacín, chloramfenikol (koncentrácia podľa EUCAST), tetracyklín (koncentrácia podľa CLSI) a biocídu triklozán (100 µg/ml). Inkubácia prebiehala pri 37°C, 24 h. Po inkubácii boli spočítané kolónie koliformných baktérií. Vybrané kolónie boli rozočkované bakteriologickým očkom na agarové platne a identifikované pomocou MALDI-TOF MS.

V priebehu mesiacov október – december 2020 bolo vyhodnotených 6 vzoriek prítokovej vody (október 1, november 4, december 1). Celkové počty koliformných baktérií vo vzorkách sa pohybovali od 4,42 po 5,27 log KTJ/ml, pričom ich najvyšší počet bol zaznamenaný v decembrovej vzorke. Z jednotlivých antibiotík bolo najviac koliformov rezistentných voči ampicilínu – 92,5 až 97,8% z celkového počtu koliformov. Rezistencia voči ampicilínu je u koliformov okrem *E. coli* prirodzená, čiže tento údaj bol očakávaný. Voči gentamicínu bolo rezistentných 76,0 – 97,2% stanovených koliformných baktérií. U ostatných antibiotík bolo percento rezistentných baktérií nižšie (gentamicín 72,0 – 78,8%; chloramfenikol 59,0 – 69,2%; tetracyklín 55,6 – 70,2%). Voči triklozánu bola rezistencia najnižšia, rezistentných bolo 53,9 až 72,8% koliformných baktérií. Z agarových platní bolo izoláciou získaných celkom 29 čistých kultúr koliformných baktérií. Izoláty boli hmotnostným spektrometrom identifikované nasledovne: 21 izolátov (72,4%) *E. coli*, 4 izoláty (13,8%) *Citrobacter freundii* a po 2 izoláty (6,9%) *Klebsiella pneumoniae* a *Morganella morganii*.

Výsledky monitoringu potvrdzujú, že koliformné baktérie nachádzajúce sa v odpadových vodách pritekajúcich na ČOV sú vo veľkej miere rezistentné voči antibiotikám (jednému alebo viacerým). Mikropolutanty obsiahnuté v tejto vode môžu vznik a šírenie rezistencie podporovať. Je preto dôležité, aby procesy v ČOV dokázali v dostatočnej miere odstrániť nielen väčšinu rezistentných baktérií, ale aj mikropolutantov. Na základe získaných výsledkov môžeme tvrdiť, že v priebehu sledovaných mesiacov neboli zaznamenané výrazné výkyvy v počtoch koliformných baktérií v odpadovej vode. Získané izoláty budú podrobené ďalšej charakterizácii (profil rezistencie, tvorba biofilmu, prítomnosť génov rezistencie).

**Pod'akovanie:** Autori ďakujú za finančnú podporu Vedeckej Grantovej agentúre MŠVVaŠ SR a SAV v rámci projektu VEGA 1/0464/21.

## DETEKCIA OXA 48 KARBAPENEMÁZ POMOCOU AUTOMATICKÉHO ANALYZÁTORA INHIBIČNÝCH ZÓN

Dzugasová Barbora, Leonard Siegfried

*Univerzita P. J. Šafárika, Lekárska fakulta, Ústav lekárskej a klinickej mikrobiológie,  
Trieda SNP 1, 040 11 Košice  
barbora.dzugasova@student.upjs.sk*

Karbapenemázy triedy D predstavujú závažné riziko z hľadiska možnosti identifikácie a rýchlosti šírenia. Výskyt OXA-48 bol zaznamenaný pri mnohých rodoch baktérií. Produkcia tohto typu karbapenemázy je zodpovedná za rezistenciu proti penicilínom, cefalosporínom I a II. generácie, aztreonamu a vo väčšej alebo menšej miere aj voči karbapenémovým antibiotikám. Z hľadiska diagnostiky je pomerne náročné určiť spoľahlivú detekciu, práve kvôli slabšej hydrolýze karbapenémových antibiotík. Jednou z možností je diagnostika založená na správne zostavených antibiotikogramoch. Vzorky pochádzali z Univerzitnej nemocnice Louisa Pasteura v Košiciach. Z celkového počtu 40 vzoriek, bolo 20 kmeňov rodu *Pseudomonas aeruginosa* a 20 kmeňov rodu *Acinetobacter baumannii*. Karbapenemázu OXA-48 sa nám podarilo zachytiť pri všetkých kmeňoch *Pseudomonas aeruginosa*. Pri kmeňoch *Acinetobacter baumannii* sa predominantne vyskytovala karbapenemáza OXA-23. Pre detekciu sme použili diskovú difúziu metódu s možnosťou automatického odčítania inhibičných zón prostredníctvom BacMed 6iG2.

**Pod'akovanie:** Projekt bol realizovaný s podporou projektu TRANSFEC 2019/34-UPJŠ-6.

## DELÉCIA GÉNU *CGERG6* OVPLYVŇUJE VLASTNOSTI PLAZMATICKEJ MEMBRÁNY KVASINIEK *CANDIDA GLABRATA*

Eliaš Daniel<sup>1</sup>, Tóth Hervay Nora<sup>1</sup>, Jacko Juraj<sup>2</sup>, Morvová Marcela<sup>2</sup>, Gbelská Yvetta<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Univerzita Komenského, Prírodovedecká fakulta, Katedra mikrobiológie a virológie, Ilkovičová ulica 6, 842 15 Bratislava

<sup>2</sup>Univerzita Komenského, Fakulta matematiky, fyziky a informatiky, Katedra jadrovej fyziky a biofyziky, Mlynská dolina, 842 48 Bratislava  
[elias25@uniba.sk](mailto:elias25@uniba.sk)

Bunky živých organizmov disponujú plazmatickou membránou, ktorá tvorí fyzickú bariéru medzi extracelulárnym a intracelulárnym prostredím. Plazmatická membrána je komplexná a dynamická štruktúra, ktorá obsahuje najmä lipidy a proteíny. Lipidy reprezentujú približne 50 % z celkového obsahu membrány [1]. Významnou skupinou lipidov prítomných v plazmatickej membráne sú steroly. Hlavným sterolom v bunkách kvasiniek je ergosterol, ktorý zodpovedá za mechanickú pevnosť membrány, ovplyvňuje jej fluiditu a permeabilitu, ako aj funkciu resp. aktivitu na membránu viazaných proteínov [2]. Na biosyntéze ergosterolu sa podieľa približne 25 enzýmov, pričom záverečné kroky katalyzujú enzýmy, ktoré sú špecifické pre kvasinky. Špecifickou reakciou kvasiniek je aj reakcia katalyzovaná enzýmom sterol 24-C metyltransferáza, ktorý je kódovaný génom *ERG6*. Erg6p, ktorý pripája metylovú skupinu na alifatický reťazec v štruktúre sterolu, sa považuje za potenciálne nový cieľ antifungálnej terapie [3,4]. V prezentovanej práci sme sa zamerali na analýzu vlastností plazmatickej membrány u delečného mutanta *Cgerg6Δ* oportúnne patogénnej kvasinky *Candida glabrata*. Fenotypová analýza delečného mutanta ukázala, že neprítomnosť CgErg6p vedie k zvýšenej citlivosti mutanta na soli alkalických kovov, ako aj na slabé kyseliny. Získané výsledky poukazujú na zmeny v usporiadaní cytoplazmatickej membrány. Schopnosť delečného mutanta *Cgerg6Δ* rásť je znížená aj v prítomnosti hygromycínu B, spermínu, TMA a SDS. Stanovenie membránového potenciálu ukázalo, že delécia génu *ERG6* v kvasinkách *C. glabrata* vedie k hyperpolarizácii plazmatickej membrány. Analýza fluorescenčnej anizotropie použitím špecifických sond ukázala, že plazmatická membrána delečného mutanta *Cgerg6Δ* má v porovnaní s izogénnym kmeňom štandardného typu štatisticky významne zníženú fluiditu. Neprítomnosť CgErg6p viedla k zníženej osmotickej stabilite protoplastov pripravených z buniek mutanta v porovnaní s rodičovským kmeňom. Ukázali sme tiež, že zmeny v usporiadaní plazmatickej membrány vedú u delečného mutanta *Cgerg6Δ* k zmene v aktivite efluxných transportérov. Získané výsledky naznačujú, že prítomnosť produktu génu *CgERG6* je nevyhnutá pre správnu funkciu plazmatickej membrány kvasiniek *C. glabrata*.

**Pod'akovanie:** Táto práca bola podporená projektom VEGA 1/0697/18, Slovenskou agentúrou na podporu výskumu a vývoja APVV-19-0094 a grantom UK/62/2021.

### Použitá literatúra:

- [1] Ferraz L, Sauer M, Sousa MJ, Branduardi P, The plasma membrane at the cornerstone between flexibility and adaptability: Implications for *Saccharomyces cerevisiae* as a cell factory, Front. Biol., 12, 2021.
- [2] Jordá T, Puig S, Regulation of ergosterol biosynthesis in *S. cerevisiae*, Genes (Basel), 11, 2020.
- [3] Kodedová M, Sychrová H, Changes in the sterol composition of the plasma membrane affect membrane potential, salt tolerance and the activity of multidrug resistance pumps in *Saccharomyces cerevisiae*, PLoS ONE, 10, 2015.
- [4] Kristan K, Rižner TL, Steroid-transforming enzymes in fungi, J Steroid Biochem Mol Bio, 129, 2012.



## PRODUCTION AND APPLICATION OF RECOMBINANT STYRENE MONOOXYGENASE

Gyuranová Dominika<sup>1</sup>, Šťadániová Radka<sup>2</sup>, Hegyi Zuzana<sup>1</sup>, Fischer Róbert<sup>2</sup>, Rebroš Martin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Slovak University of Technology, Faculty of Chemical and Food Technology, Institute of Biotechnology, Radlinského 9, 812 37 Bratislava*

<sup>2</sup>*Slovak University of Technology, Faculty of Chemical and Food Technology, Institute of Organic Chemistry, Catalysis and Petrochemistry, Radlinského 9, 812 37 Bratislava*  
dominika.gyuranova@stuba.sk, martin.rebros@stuba.sk

Styrene monooxygenases (SMOs) are highly enantioselective flavoprotein monooxygenases that catalyse the epoxidation of alkenes to chiral epoxides. SMOs consist of two subunits—FAD-dependent monooxygenase (StyA) and NADH-dependent flavin-reductase (StyB)—encoded by *styA* and *styB* of *styABDE* gene cluster responsible for the degradation of styrene in native bacterial species. Initially, when the question of biocatalytic production of chiral epoxides arose, wild-type SMOs from *Pseudomonas* and *Rhodococcus* were widely studied and used. Since then, many other bacterial species expressing styrene degradation pathways have been described. Such discoveries, together with the expansion of recombinant technologies, metagenomics, and protein engineering, have led to the generation of novel SMOs with improved properties [1-3].

Chiral compounds containing oxirane ring or products of their hydrolysis comprise a group of important building blocks and precursors in organic synthesis in the pharmaceutical industry. However, biocatalysis still suffers from the low availability of enzymes in large quantities and is often replaced by chemical catalysis on an industrial scale. Chiral epoxides production usually involves Sharpless and Jacobsen oxidation that demand extreme reaction conditions and suffer from poor enantioselectivity [4,5]. SMOs, on the other hand, operate under mild conditions, are highly enantioselective, and exhibit an affinity towards a broad substrate spectrum. Thus, the establishment of cost-effective upscaled SMO production and further improvement of their catalytic properties could remarkably reduce the costs of chiral epoxides production and eliminate the environmental burden brought on by their chemical synthesis.

The genes of StyA and StyB originating from *Marinobacterium litorale* encoding SMO were selected by genome mining and designed for fusion via the linker peptide L2 recently published in [2]. SMO was then expressed as a fused protein (StyAL2StyB) in *Escherichia coli* BL21(DE3) under the control of IPTG inducible *lacT7* promoter. Firstly, high cell density fermentation was optimised on the 1.5 L scale reaching 35 g<sub>DCW</sub>/L. SMO was further purified characterised and tested for epoxidation of 34 structurally different alkenes. It was found, that with increasing purity of enzyme, the catalytic activity decreases dramatically. Whole-cell SMO was therefore proven to be the most suitable biocatalyst and chosen for upscale epoxidation of 5 selected alkenes. Eventually, (*S*)-4-chlorostyrene oxide, (*S*)-allylbenzene oxide, (2*R*,5*R*)-1,2:5,6-diepoxyhexane, 2-(3-bromopropyl) oxirane, and (*S*)-4-(oxiran-2-yl)butan-1-ol were produced in excellent enantiopurity (ee > 99%, 95%, 97%, 99%, and 99%, respectively) [1].

**Acknowledgment:** Táto práca bola podporená Agentúrou na podporu výskumu a vývoja na základe Zmluvy č. APVV-18-0254. Táto práca vznikla vďaka podpore v rámci Operačného programu Integrovaná infraštruktúra pre projekt: „Strategický výskum v oblasti SMART monitoringu, liečby a preventívnej ochrany pred koronavírusom (SARS-CoV-2)“, Kód ITMS2014+: NFP313011ASS8, spolufinancovaný zo zdrojov Európskeho fondu regionálneho rozvoja.

**References:**

- [1] D. Gyuranova et al.; *Molecules*, 2021, 26, 1514.
- [2] T. Heine et al.; *Appl Biochem Biotechnol*, 2017, 181, 1590-1610.
- [3] M. Oelschlagel et al.; *Front Microbiol*, 2018, 9, 490.
- [4] M. Breuer et al.; *Angew Chem Int Ed Engl*, 2004, 43, 788-824.
- [5] H. Lin et al.; *Green Biocatalysis*, 2016, 351-372.

**ÚČINOK FOTODYNAMICKEJ INAKTIVÁCIE NA LARVY  
GALLERIA MELLONELLA INFIKOVANÉ CANDIDA ALBICANS  
A STAPHYLOCOCCUS AUREUS**

Kendra Samuel, Štefánek Matúš, Dadi Nitin Chandra Teja, Bujdáková Helena

*Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta,  
Katedra mikrobiológie a virológie, Ilkovičová 6, 842 15 Bratislava  
[kendra4@uniba.sk](mailto:kendra4@uniba.sk)*

V ostatných rokoch narastá počet prípadov polymikrobiálnych infekcií vyvolaných kvasinkou *Candida albicans* a baktériou *Staphylococcus aureus*. Zložitosť týchto zmiešaných infekcií predstavuje náročnú úlohu v hľadaní efektívnych spôsobov ich eradikácie a liečby. Jedným z inovatívnych spôsobov môže predstavovať fotodynamická inaktivácia (photodynamic inactivation - PDI). Predkladaná práca sa zaoberá účinkom PDI v kombinácii s *quorum sensing* molekulou farnezolom (FAR), v *in vivo* modeli – larvách *Galleria mellonella*. V prvom kroku bol optimalizovaný infekčný model na sledovanie priebehu samostatnej infekcie, ako aj koinfekcie štandardných kmeňov *C. albicans* SC5314 a *S. aureus* CCM 3953. Testované boli viaceré infekčné dávky patogénov na larvu (*C. albicans*:  $2,5 \cdot 10^4$ – $5 \cdot 10^5$  b/larva; *S. aureus*:  $3 \cdot 10^5$ – $1 \cdot 10^6$  b/larva). Podľa optimálneho sklonu krivky prežívania bolo následne vybrané optimálne inokulum pre *C. albicans* ( $2,5 \cdot 10^5$  b/larva), *S. aureus* ( $1 \cdot 10^6$  b/larva) a pre koinfekciu (*C. albicans* –  $5 \cdot 10^4$  b/larva; *S. aureus* –  $6 \cdot 10^5$  b/larva). Následne bola stanovená proliferácia *S. aureus* a *C. albicans* počas koinfekcie *in vivo*, vypočítaná ako jednotky tvoriace kolónie (CFU) na larvu na základe počtu vyrastených kolónií pri špecifických riedeniach. Ďalej sa porovnávalo prežívanie lariev *G. mellonella* medzi infikovanými / koinfikovanými skupinami a liečenými skupinami. Terapia lariev zahŕňala aplikáciu metylénovej modrej (MB), MB a PDI, a tiež kombinácie MB s FAR a PDI. Jednotlivé skupiny neodpovedali na liečbu rovnako. Najvyšší terapeutický efekt sa dosiahol pri skupine lariev infikovaných *S. aureus* po aplikácii PDI v kombinácii s 0,5 mM MB a 150  $\mu$ M FAR, v ktorej bol po deviatich dňoch od infekcie pozorovaný 50% rozdiel v prežívaní jedincov medzi liečenou a neliečenou skupinou. V ostatných skupinách sa nepodarilo dosiahnuť dostatočný terapeutický efekt. Výsledky naznačujú, že MB v kombinácii s FAR v procese PDI je pravdepodobne vhodná len na eradikáciu infekcie spôsobenej *S. aureus*.

**Pod'akovanie:** Táto práca bola podporená Grantom UK č. UK/345/2021 s názvom: Fotodynamická inaktivácia – inovatívny spôsob liečby zmiešaných infekcií a biofilmov *Candida albicans* a *Staphylococcus aureus*, projektom VEGA 1/0537/19 a Slovenskou agentúrou na podporu výskumu a vývoja na základe zmluvy č. SK-PT-18-0006

# VYUŽITIE MATEMATICKÝCH MODELOV PREDIKTÍVNEJ MIKROBIOLÓGIE PRI ZVYŠOVANÍ MIKROBIOLOGICKEJ KVALITY MLIEČNYCH VÝROBKOV Z POHLADU RASTU *GEOTRICHUM CANDIDUM*

Koňuchová Martina, Mikušová Dominika, Čipkar Valentina, Valík Ľubomír

*Slovenská Technická Univerzita v Bratislave, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie,  
Oddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Radlinského 9, 812 37 Bratislava  
[martina.konuchova@stuba.sk](mailto:martina.konuchova@stuba.sk)*

V posledných rokoch verejnosť, politika kvality Európskej únie, priemyselná výroba a aj výskumní pracovníci venujú svoju pozornosť kvalite a bezpečnosti potravín. Pre udržanie kvality a bezpečnosti relatívne rýchlo sa kaziacich potravín, ako sú napr. mlieko a mliečne výrobky, je dôležité, aby bol aplikovaný koncept prediktívnej mikrobiológie a mikrobiologického hodnotenia rizika. Výstupy z prediktívneho modelovania môžu navrhnúť nové riešenia pre potravinársku prax tak, aby bola zaručená požadovaná kvalita a doba spotreby produktu [1]. Jedným z mikroorganizmov, ktorý sa často spája s kazením, znížením senzorickej kvality mliečnych výrobkov a k následným ekonomickým stratám je aj mikroskopická huba je *Geotrichum candidum* [2,3]. Cieľom našej práce bolo získať kvantitatívne a kvalitatívne údaje o raste tejto hygienicky relevantnej huby, ktoré umožnia presnejší odhad miery nežiaduceho účinku z mikrobiologického hľadiska. Zamerali sme sa na získanie rastových údajov *G. candidum* na agarových médiách, ktoré čo najviac simulujú prostredie mliečnych produktov (SMA – agar s obsahom odstredeného sušeného mlieka, CHBM - syntetické syrové médium s modifikovaným zložením podľa Kagkli a kol. [4]) a v reálnom mliečnom médiu - jemnom hrudkovitom tvarohu s obsahom tuku 2,5 % (Rajo a.s, Bratislava, Slovenská republika). Obe syntetické kultivačné médiá predstavovali vhodné rastové médium pre rast skúmaných kultúr, ktoré vykazovali rast už pri 6 °C. Podobne aj tvaroh predstavoval nutrične vhodný rastový substrát pre rast *G. candidum*. Navyše, pozorované izoláty dokázali rásť už aj pri teplote 4 °C. Z uvedeného vyplýva, že druh *G. candidum* je schopný rásť aj pri chladiarenských teplotách, a týmto spôsobom kontaminovať mliečne výrobky a zhoršovať ich kvalitu. Získané predikcie sa môžu aplikovať aj v skutočných potravinách na hodnotenie mikrobiálnej záťaže tak, aby sa vyrábali čo najkvalitnejšie finálne mliečne výrobky a zachovala sa čo najdlhšia doba spotreby.

**Pod'akovanie:** Táto práca vznikla vďaka finančnej podpore APVV-19-0031 a VEGA 1/0532/18.

## **Použitá literatúra:**

- [1] Aung MM, Chang YS, Traceability in a food supply chain: Safety and quality perspectives. Food Control, 39, 2014.
- [2] Boutrou R, Guégen M, Interests in *Geotrichum candidum* for cheese technology. Int J Food Microbiol, 102, 1, 2005.
- [3] Koňuchová M, Valík Ľ, Modelling the radial growth of *Geotrichum candidum*: Effects of temperature and water activity. Microorganisms, 9, 3, 2021.
- [4] Kagkli D-M, Tâche R, Cogan TM, Hill C, Casaregola S, *Kluyveromyces lactis* and *Saccharomyces cerevisiae*, two potent deacidifying and volatile-sulphur-aroma-producing microorganisms of the cheese ecosystem. Appl Microbial Cell Physiol, 73, 2, 2006.

## DYNAMIKA RASTU PERZISTENTNÝCH A NEPERZISTENTNÝCH IZOLÁTOV *L. MONOCYTOGENES*

Kvočiková Karolína<sup>1</sup>, Minarovičová Jana<sup>2</sup>, Valík Ľubomír<sup>1</sup>, Medved'ová Alžbeta<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Slovenská technická univerzita, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Oddelenie výživy a hodnotenia kvality potravín, Radlinského 9, 812 37 Bratislava*

<sup>2</sup>*Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Odbor mikrobiológie, molekulárnej biológie a biotechnológií, Mliekarenska 4, 821 08 Bratislava*  
[karolinakvocikova@gmail.com](mailto:karolinakvocikova@gmail.com)

*Listeria monocytogenes* je pôvodcom listeriózy, závažného ochorenia u ľudí a jedného z najvýznamnejších ochorení prenášaných potravinami. *L. monocytogenes* je psychrotrofný mikroorganizmus, bežne sa vyskytujúci v prostredí, kde môže rásť pri nízkych teplotách a širokom rozmedzí hodnôt *pH*. Tieto vlastnosti spôsobujú, že rast *L. monocytogenes* je ťažko kontrolovateľný v zmysle hygienických opatrení, najmä v mliekarenskej výrobe (čerstvé syry, syry z nepasterizovaného mlieka), čo môže viesť k vzniku alimentárnych ochorení, prípadne k vzniku epidémií [1].

*L. monocytogenes* je schopná adherovať na mnohých povrchoch prichádzajúcich do styku s potravinami [2], pričom existujú rôzne teórie, ktoré sa snažia vysvetliť perzistenciu *L. monocytogenes* v potravinárskych závodoch. Jedna teória sa týka prítomnosti obzvlášť perzistentných, spiacich, nedeliacich sa buniek, ktoré predstavujú zvýšenú schopnosť prežiť environmentálne stresy [3,4]. Perzistencia môže súvisieť jednak s neschopnosťou odstrániť bunky z ťažko čistiteľných miest v potravinárskom prostredí, kde môžu prežiť a rásť, ale aj s prítomnosťou izolátov s jedinečnými vlastnosťami vedúcimi k perzistencii. Naopak, ďalšou teóriou je, že bakteriálna perzistencia pravdepodobne súvisí s tvorbou biofilmu, pretože bunky v biofilmoch sú odolnejšie voči biocídom a stresovým podmienkam (vrátane čistenia a dezinfekcie/sanitácie).

Cieľom práce je porovnanie dynamiky rastu dvoch izolátov *L. monocytogenes*, perzistentného (NS1-LM 9611) a sporadicky sa vyskytujúceho izolátu (NS4-LM 120/5/h1) izolovaného z prvovýroby ovčieho mlieka, pri chladiarenských teplotách. Kultivácia sa uskutočnila v modelovom TSB médiu pri 6 °C a 10 °C. Na stanovenie počtov sa použilo TSA agarové médium a Petriho misky sa inkubovali pri 37 °C po dobu 48 hodín. Dynamika rastu *L. monocytogenes* sa sledovala ako závislosť počtu buniek od času pre jednotlivé teploty skladovania použitím D-modelu [5].

Na základe doposiaľ získaných výsledkov vyplýva, že rozdiel medzi izolátmi bol pozorovaný v trvaní lag-fázy pri 6°C, pričom lag-fáza sa pri sporadickom izoláte NS4 predĺžila v priemere o 2 hodiny. Pri 10 °C sa pozoroval rozdiel v rastovej rýchlosti Gr, pričom rastová rýchlosť pre izolát NS1 bola 0,51 log KTJ/ml.h, čo bolo o 9,8 % viac ako v prípade izolátu NS4. Pilotné experimenty poukazujú na možné rozdiely v rastových parametroch (trvanie lag-fázy, rastová rýchlosť) u perzistentného a sporadického izolátu *L. monocytogenes*. Z uvedeného vyplýva, že bude nutné izoláty porovnať aj pri ďalších faktoroch rastu (teplota, hodnota *pH*, aktivita vody), za účelom získania väčšieho množstva dát, potrebných na ich bližšiu charakterizáciu.

Pretože *L. monocytogenes* nájdeme v najrôznejších potravinárskych výrobkoch, väčšina potravinárskeho priemyslu musí byť dôsledná pri dodržiavaní výrobných a sanitačných postupov, ako aj vo svojom dizajne a prevádzke. Rovnako ako v prípade iných potravinových patogénov, návrh a implementácia zásad HACCP môžu byť prvou obrannou líniou pri predchádzaní kontaminácie potravinového výrobku. Rovnako je potrebné dodržiavať zásady správnej výrobnéj a hygienickej praxe a na výrobu potravín používať kvalitné a bezpečné suroviny. Tak isto je potrebné správne zaobchádzať s potravinami, s dôrazom na chladenie,

správne tepelné spracovanie a skladovanie ako aj elimináciu podmienok umožňujúcich tvorbu biofilmu.

**Pod'akovanie:** Táto práca bola podporená projektmi VEGA 1-0532-18 a APVV 15-0006.

**Použitá literatúra:**

- [1] Coelho, M.C., Silva, C.C.G., Ribeiro, S.C., Dapkevicius, M.L.N.E., Rosa, H.J.D. Control of *Listeria monocytogenes* in fresh cheese using protective lactic acid bacteria. *Int. J. Food Microbiol.*, 191, 2014.
- [2] Colagiorgi, A., Bruini, I., DiCiccio, P.A., Zanardi, E., Ghidini, S., Ianieri, A. A look inside the *Listeria monocytogenes* biofilms extracellular matrix. *Microorganisms*, 4, 2016.
- [3] Knudsen, G.M., Ng, Y., Gram, L. Survival of bactericidal antibiotic treatment by a persister subpopulation of *Listeria monocytogenes*. *AEM*, 79, 2013.
- [4] Wen, J., Deng, X., Li, Z., Dudley, E.G., Anantheswaran, R.C., Knabel, S.J., Zhang, W. Transcriptomic response of *Listeria monocytogenes* during the transition to the long-term-survival phase. *AEM*, 77, 2011.
- [5] Baranyi, J., Roberts, T.A., McClure, P. A non- autonomous differential equation to model bacterial growth. *Food Microbiology*, 10, 1993.

# KONFIRMAČNÁ DIAGNOSTIKA VZORIEK PACIENTOV TRPIACICH HEPATITÍDAMI B A C S VYUŽITÍM MODERNÝCH DETEKČNÝCH METÓD

Mihale Jakub Ondrej<sup>1</sup>, Bako Jana<sup>1</sup>, Sedílková Ľubica<sup>1</sup>, Schwarzová Katarína<sup>1</sup>,  
Bopegamage Shubhada<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Slovenská zdravotnícka univerzita, Lekárska fakulta, Národné referenčné centrum pre vírusové hepatitídy, Limbová 12, 833 03, Bratislava*

<sup>2</sup>*Slovenská zdravotnícka univerzita, Lekárska fakulta, Ústav mikrobiológie, Laboratórium pre enterovírusy, Limbová 12, 833 03, Bratislava*  
[kubo.mihale@gmail.com](mailto:kubo.mihale@gmail.com)

Hepatitídy typu B a C patria medzi závažné, krvou prenosné ochorenia ľudskej populácie spôsobujúce celosvetovo významnú morbiditu a mortalitu. Z taxonomického hľadiska zaradujeme ich infekčné agensy do čeľade *Hepadnaviridae*, rod *Orthohepadnavirus* (vírus hepatitídy B; VHB) a čeľade *Flaviviridae*, rod *Hepacivirus* (vírus hepatitídy C; VHC). S nárastom medzinárodného cestovania a migrácie sa za posledné desaťročia pravdepodobnosť infekcie VHB a VHC zvyšuje. Podľa posledných štatistík Svetovej zdravotníckej organizácie (WHO) trpí hepatitídou B až 296 miliónov a hepatitídou C približne 58 miliónov ľudí, pričom pri oboch ochoreniach je evidovaný ročný prírastok 1,5 milióna pacientov [1]. Na Slovensku boli od roku 2019 každoročne zaznamenané v priemere desiatky nových prípadov akútnej (typ B - 25; typ C - 18) a stovky chronickej formy (typ B - 183; typ C - 157) vyššie uvedených hepatitíd [2].

Cieľom nášho pracoviska, Národného referenčného centra pre vírusové hepatitídy, je confirmácia vyšetrení vzoriek pacientov, s potvrdenými sérovými diagnostickými markermi VHB a VHC infekcie. Detekcia týchto markerov je založená na princípe enzýmovej imunoanalýzy (EIA), v prípade antigénov a protilátok, a kvantitatívnej polymerázovej reťazovej reakcie pre potvrdenie prítomnosti príslušnej nukleovej kyseliny.

Diagnostika vykonávaná metódou EIA zahŕňa vyšetrenia na dôkaz povrchového (HBsAg), obalového (HBeAg) a jadrového (HBcAg) antigénu VHB a na dôkaz protilátok proti vyššie uvedeným antigénom VHB (anti-HBs, anti-HBe, anti-HBc) a protilátok proti VHC (anti-HCV). Na confirmáciu týchto markerov sa využívajú súbory typu *Monolisa*<sup>TM</sup> (Bio-Rad). Vírusová záťaž VHB a VHC je detegovaná prostredníctvom dvoch typov súprav, *GeneXpert*<sup>®</sup> (Cepheid) a *EliGene*<sup>®</sup> (*Elisabeth Pharmacon*).

Zo štatistických dát jednotlivých druhov confirmácií v rokoch 2019 až 2021 vyplýva, že za celé obdobie bolo 455 vzoriek sér vyšetrených na VHB vírusovú záťaž s priemernou ročnou 10% pozitivitou, pričom v prípade VHC sa jednalo o 333 vzoriek s priemernou ročnou 26,24% pozitivitou. V časovom rozmedzí 2020-2021 bolo metódou EIA spracovaných 2724 sér. Majoritne sa jednalo o vyšetrenia na prítomnosť HBsAg, pričom miera priemernej ročnej positivity predstavovala 48,72%, anti-HBc (58,86%) a anti-HCV (29,2%).

Na základe týchto informácií sme však zistili, že počet vyšetrení za jednotlivé roky poklesol. Aj keď evidovaný úbytok mohlo spôsobiť viacero faktorov, domnievame sa, že jeho príčinou bolo prednostné zameranie na prebiehajúcu pandémiu COVID-19.

## Použitá literatúra:

- [1] Hiv, G. H. A. S. T. I. P. (2021). Global progress report on HIV, viral hepatitis and sexually transmitted infections, 2021. *World Health Organization*.
- [2] ÚVZ SR. (2019\*). Analýza epidemiologickej situácie a činnosti odborov epidemiológie v SR za rok 2019. <https://www.epis.sk/InformacnaCast/Publikacie/VyroczneSpravy/Files/VSSR2019.aspx>

\* - výročné správy aj pre roky 2020, 2021

# BIOTECHNOLOGICKÝ POTENCIÁL METANOGENNÍCH ARCHEA V PODZEMNÍM ZÁSOBNÍKU PLYNU

Molíková Anna, Buriánková Iva, Vítězová Monika

*Masarykova Univerzita, Přírodovědecká fakulta, Ústav experimentální biologie, Oddělení  
mikrobiologie, Kamenice 5, Brno 62500*  
molikova.anna@gmail.com

Rozsáhlé využívání fosilních zdrojů uhlíku se v posledních dekáдах ukazuje jako problematické vzhledem k negativnímu dopadu na životní prostředí. Biometanizace, mikrobiální produkce metanu z nefosilních zdrojů, je proto jednou z potenciálně slibných technologií otevírající cestu k vhodnější výrobě energie. Strategickou roli v tomto procesu mohou hrát podzemní zásobníky plynu (PZP). Mikrobiologické výzkumy PZP prokázaly přítomnost životaschopných mikroorganismů [1,2] a jejich značný vliv na biologické a geochemické procesy v těchto prostředích [3]. PZP poskytují vhodné prostředí pro metanogenní archea, která jsou schopna přeměnit antropogenní CO<sub>2</sub> a obnovitelný H<sub>2</sub> na biometan, tj. aplikaci technologie Power to (BIO)Methane. Pravděpodobně první, kdo pozoroval změny ve složení městského plynu v PZP vyvolané mikroorganismy, byl Šmigáň v 90. letech [4]. Zaznamenaný pokles objemu H<sub>2</sub> a CO<sub>2</sub> spojený s nárůstem objemu CH<sub>4</sub> poukázal na možnost existence mikrobiálních společenstev osídlujících tyto prostředí. O třicet let později měření stabilních izotopů potvrdila biologickou produkci metanu na původní lokalitě i na dalších zkoumaných PZP v rámci ČR. Současný výzkum byl rozšířen o studium mikrobiálních společenstev pomocí metod sekvenování nové generace (NGS). Pro zjištění početnosti metanogenních archea byla použita kvantitativní RT-PCR. Záměrem studie bylo zjistit, zda toto přirozené prostředí sedimentárních hornin může být vhodné pro výrobu biometanu prostřednictvím technologie Power-to-Methane. Výsledky výzkumu ukazují, že původní předpoklad se podařilo potvrdit a technologie spojená s biometanizací se tak jeví jako velmi slibný přístup, jak v budoucnu přispět ke snížení emisí skleníkových plynů.

**Poděkování:** RWE Gas Storage CZ, s.r.o.

## **Použitá literatura:**

- [1] Basso, O., Lascourreges, J. F., Le Borgne, F., Le Goff, C., Magot, M. Characterization by culture and molecular analysis of the microbial diversity of a deep subsurface gas storage aquifer, *Res. Microbiol.* 160, 2009.
- [2] Ivanova, A. E., Borzenkov, I. A., Tarasov, A. L., Milekhina, E. I., Belyaev, S. S. A microbiological study of an underground gas storage in the process of gas extraction, *Microbiology*, 76, 2007.
- [3] Buzek, F., Onderka, V., Vančura, P., Wolf, I. Carbon isotope study of methane production in a town gas storage reservoir, *Fuel*, 5, 1994.
- [4] Šmigáň, P., Greksák, Kozánková J., Buzek, F., Onderka, V., Wolf, I. Methanogenic bacteria as a key factor involved in changes of town gas stored in an underground reservoir, *FEMS*, 73, 1990.



## SOFOROLIPIDY: POTENCIÁLNE ANTIVÍRUSOVÉ LÁTKY PROTI DNA A RNA VÍRUSOM

Pospišilová Michaela<sup>1</sup>, Bristenská Katarína<sup>2</sup>, Kramná Lenka<sup>3</sup>, Borsányiova Mária<sup>1</sup>,  
Benköová Brigita<sup>1</sup>, Prabhune Asmita<sup>4</sup>, Cínek Ondřej<sup>3</sup>, Místríková Jela<sup>2</sup>,  
Bopegamage Shubhada<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Slovenská zdravotnícka univerzita, Lekárska fakulta, Laboratórium pre enterovírusy,  
Limbová 12, 833 03, Bratislava*

<sup>2</sup>*Univerzita Komenského, Prírodovedecká fakulta, Katedra mikrobiológie a virológie,  
Ilkovičová 6, 842 15 Bratislava*

<sup>3</sup>*Karlova univerzita a Fakultná Nemocnica Motol, 2. Lekárska fakulta, Detská klinika,  
V Úvalu 84, 150 00 Praha, Česko*

<sup>4</sup>*Národné chemické laboratórium, Oddelenie biochemických vied, Pune, India  
[michaela.pospisilova@szu.sk](mailto:michaela.pospisilova@szu.sk)*

Soforolipidy (SLs) sú bioaktívne látky syntetizované pri prirodzenom fermentačnom procese viacerých druhov nepatogénnych kvasiniek. Tieto povrchovo aktívne látky obsahujú hydrofilnú (sacharid) a hydrofóbnu časť (lipidy, mastné kyseliny), ktoré sú spojené  $\beta$ -glykozidickou väzbou. Sú známe od 60. rokov 20. storočia, ale záujem o ne sa zvýšil až v posledných desaťročiach, najmä pre ich šetrnosť k životnému prostrediu, nízkej toxicite a využiteľnosti v rôznych odvetviach od farmaceutického priemyslu a medicíny až po textilný a potravinársky priemysel [1]. V našom laboratóriu sme testovali rôzne soforolipidy. Najvyššiu antivírusovú aktivitu z nich vykazoval kurkumín soforolipid (CSL). Kurkumín je prírodná látka so širokým spektrom biologickej aktivity, ale v organizme sa vstrebáva iba v malej miere. V CSL komplexe je hydrofóbný kurkumín solubilizovaný a nano-kapsulovaný v acidickej forme SLs, ktorý tu pôsobí ako systém na distribúciu kurkumínu v organizme. V dôsledku toho sa zlepšuje jeho rozpustnosť vo vode, stabilita, biologická dostupnosť a tým aj terapeutická aktivita [2]. Cieľom práce bolo študovať antivírusovú aktivitu CSL proti vybraným DNA (MHV-68) a RNA (CVB3 Nancy a CVB4 JVB) vírusom. Cytotoxicitu aj najvyššiu netoxickú koncentráciu látky sme stanovili s použitím MTT testu na Vero bunkovej línii. Testom redukcie plakov sme detekovali antivírusovú aktivitu látky. Pozorovali sme rozdielny vplyv CSL na vybrané vírusy. Bola zistená nízka antivírusová aktivita CSL proti MHV-68. Zlúčenina vyvolala zmeny vo veľkosti a tvare MHV-68 plakov, ale ich počet nebol znížený. V porovnaní s vírusovou kontrolou boli plakky menšie a neboli ostro ohraničené. Zmeny plakov naznačujú, že šírenie vírusu bolo potlačené. Po inkubácii CSL s CVB3 Nancy a CVB4 JVB došlo v oboch prípadoch k redukcii množstva plakov a k miernemu zníženiu titra vírusu. Pri CVB3 Nancy boli vytvorené plakky výrazne menšie ako plakky v kontrole vírusu. Z výsledkov vyplýva, že testovaná zlúčenina inhibovala tvorbu plakov a významne spomalila proces replikácie CVB3 Nancy. Zaujímalo nás, či majú tieto zmeny súvislosť so zmenami vo vírusovom genóme. Plakové purifikáty CVB3 Nancy (vírus po inkubácii s CSL a kontrola vírusu bez ošetrenia skúmanou látkou) sme preto analyzovali metódou celogenomového sekvenovania – sekvenovanie novej generácie (NGS). Získané sekvencie boli namapované na referenčný genóm a výsledné genómy sme medzi sebou porovnávali.

**Pod'akovanie:** Táto práca bola podporená grantom VEGA 1/0617/15, Nórskym grantom, grantom EHP, štátnym rozpočtom SR (SK 0082), vrámci realizácie projektu "Centrum excelentnosti environmentálneho zdravia", ITMS č.24240120033 a grantom RECOOP #010 BMYS RG 2019-2020.

## VPLYV NATÍVNEJ SIGNÁLNEJ SEKVENCIE NA PRODUKCIU REKOMBINANTNEJ MYROZINÁZY V *PICHIA PASTORIS*

Rosenbergová Zuzana, Hegyi Zuzana, Rebroš Martin

*Slovenská Technická univerzita, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Ústav biotechnológie, Radlinského 9, 812 37, Bratislava*  
zuzana.rosenbergova@stuba.sk, martin.rebros@stuba.sk

Proteíny sa v posledných desaťročiach stali dôležitou súčasťou mnohých priemyselných odvetví. Medzi aplikované proteínové preparáty patria nielen priemyselné a diagnostické enzýmy, ale aj liečivá a vakcíny proteínového charakteru. Jednou z hlavných prekážok priemyselnej aplikácie proteínových produktov je ich produkcia v dostatočnom množstve. Izolácia proteínov a enzýmov z ich prirodzeného zdroja je často nákladná a náročná. Použitie rekombinantných technológií a techník génovej manipulácie umožňuje ekonomickú produkciu proteínov s požadovanými vlastnosťami [1].

Expresný systém *Pichia pastoris* je čoraz častejšie využívaný na produkciu priemyselne aplikovaných proteínov. Medzi najväčšie výhody použitia tejto metylotrofnej kvasinky patrí jej schopnosť vykonávať eukaryotické posttranslačné modifikácie, vrátane tvorby disulfidových väzieb či glykozylácie, ktorá je kľúčová najmä pre proteíny s aplikáciou vo farmaceutickom priemysle. Hyperglykozylované proteíny, ktoré sú typické napríklad pre expresný systém *Saccharomyces cerevisiae*, môžu v cieľovom organizme vyvolať imunitnú odpoveď. Proteíny produkované v *Pichia pastoris* sa vyznačujú glykozyláciou podobnou ľudským proteínom, preto je riziko nežiadúcej imunitnej reakcie organizmu výrazne nižšie. Proteíny je navyše možné produkovať extracelulárne do média, čo výrazne uľahčuje ich následnú purifikáciu [2].

Jedným z proteínov, ktoré sú v poslednom období intenzívne skúmané v súvislosti s prevenciou a liečbou rakoviny, je enzým myrozináza. V rastlinách katalyzuje hydrolýzu glukozinolátov – sekundárnych rastlinných metabolitov – na širokú škálu bioaktívnych produktov. Izotiokyanáty, vznikajúce pri neutrálnom pH, boli už v minulosti spojené so zníženým výskytom rakoviny. Glukozinolátovo-myrozinázový systém preto predstavuje zaujímavú alternatívu súčasnej chemoterapeutickej liečby [3,4]. Do dnešného dňa bolo identifikovaných množstvo myrozináz nielen v rastlinách, ale aj hubách či hmyze. Existuje predpoklad, že myrozináza je v rastlinách membránovo viazaná prostredníctvom krátko hydrofóbného signálneho peptidu [5]. Jeho nedokonalé odštiepenie počas rekombinantnej produkcie by mohlo viesť k zadržaniu myrozinázy v hostiteľských bunkách, a tým aj k nižšiemu výťažku rekombinantného proteínu.

V tejto práci bol sledovaný vplyv natívnej signálnej sekvencie na produkciu rekombinantnej TGG1 myrozinázy z *Arabidopsis thaliana* v metylotrofnej kvasinke *Pichia pastoris*. Myrozináza bola produkovaná podľa optimalizovaného protokolu v 3-litrových fermentoroch [6]. Produkovaná myrozináza bola purifikovaná a enzymaticky charakterizovaná. Boli porovnané vlastnosti myrozinázy produkovanej s a bez natívnej signálnej sekvencie. Čistota purifikovanej myrozinázy bola stanovená pomocou kvapalinovej chromatografie a tandemovej hmotnostnej spektrometrie [7].

### **Pod'akovanie:**

This work was supported by the Slovak Research and Development Agency (Contract no. APVV-18-0201). This article was created with the support of the OP Integrated Infrastructure for the project: Research on COVID-19 progressive diagnostic methods and biomarkers

useful in early detection of individuals at increased risk of severe disease, ITMS: 313011ATA2, co-financed by the European Regional Development Fund.

### **Použitá literatúra:**

- [1] Karbalaei, M.; Rezaee, S.A.; Farsiani, H. *Pichia Pastoris*: A Highly Successful Expression System for Optimal Synthesis of Heterologous Proteins. *J Cell Physiol* 2020, jcp.29583, doi:10.1002/jcp.29583.
- [2] Cereghino, J.L.; Cregg, J.M. Heterologous Protein Expression in the Methylotrophic Yeast. *FEMS Microbiology Reviews* 2000, 22.
- [3] Navarro, S.L.; Li, F.; Lampe, J.W. Mechanisms of Action of Isothiocyanates in Cancer Chemoprevention: An Update. *Food Funct.* 2011, 2, 579, doi:10.1039/c1fo10114e.
- [4] Mitsiogianni, M.; Koutsidis, G.; Mavroudis, N.; Trafalis, D.T.; Botaitis, S.; Franco, R.; Zoumpourlis, V.; Amery, T.; Galanis, A.; Pappa, A.; et al. The Role of Isothiocyanates as Cancer Chemo-Preventive, Chemo-Therapeutic and Anti-Melanoma Agents. 2019, 35.
- [5] Thangstad, O.P.; Winge, P.; Husebye, H.; Bones, A. The Myrosinase (Thioglucoside Glucohydrolase) Gene Family in Brassicaceae. *Plant Molecular Biology* 1993, 23, 511–524, doi:10.1007/BF00019299.
- [6] Rosenbergová, Z.; Kántorová, K.; Šimkovič, M.; Breier, A.; Rebroš, M. Optimisation of Recombinant Myrosinase Production in *Pichia Pastoris*. *IJMS* 2021, 22, 3677, doi:10.3390/ijms22073677.
- [7] Rosenbergová, Z.; Hegyi, Z.; Ferko, M.; Andelová, N.; Rebroš, M. Improved Production of Recombinant Myrosinase in *Pichia Pastoris*. *IJMS* 2021, 22, 11889, doi:10.3390/ijms222111889.

## MONITORING SARS-COV-2 V ODPADOVÝCH VODÁCH POMOCOU SEKVENOVANIA 3. GENERÁCIE

Tamáš Michal<sup>1,2</sup>, Konečná Barbora<sup>3</sup>, Potočárová Alena<sup>3</sup>, Krivnjanská Anna<sup>1</sup>, Strečanský Tomáš<sup>1</sup>, Kľučar Ľuboš<sup>4</sup>, Mackuľak Tomáš<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Slovenská Technická univerzita, Fakulta chemickej a potravinárskej technológie, Oddelenie environmentálneho inžinierstva, Radlinského 9, 812 37 Bratislava*

<sup>2</sup>*Univerzita Komenského, Lekárska fakulta, Fyziologický ústav, Sasinkova 2, 813 72 Bratislava*

<sup>3</sup>*Univerzita Komenského, Lekárska fakulta, Ústav molekulárnej biomedicíny, Sasinkova 4, 811 08 Bratislava*

<sup>4</sup>*Slovenská akadémia vied, Ústav molekulárnej biológie, Dúbravská cesta 21, 845 51, Bratislava*  
[mike.tamas@gmail.com](mailto:mike.tamas@gmail.com)

Pandémia koronavírusu ochromila fungovanie takmer celého sveta, pričom sa týmto vírusom nakazilo cez 210 miliónov ľudí a vyše 4 milióny mu priamo podľahlo (20/8/2021, WHO). Kvôli vysokej infektivite je potrebné monitorovať šírenie vírusu, aby sa zabránilo vzniku nových ohnísk. Monitorovanie odpadovej vody ponúka veľmi účinný nástroj na podchytenie ohnísk a úspešne zvládnutie epidemiologickej situácie. Takisto sledovanie výskytu mutácií z odpadových vôd pomocou genetického sekvenovania, môže pomôcť pri nastavovaní opatrení. V našom výskume sme sa zamerali na genetické sekvenovanie odpadovej vody z ČOV Bratislava Petržalka a Vrakuňa. V práci popisujeme metodiku od odberu vzorky, cez predúpravu a izoláciu RNA SARS-CoV-2 až po sekvenovanie a bioinformatickú analýzu, ktorá určuje tzv. „variants of concern“, čiže varianty vírusu obsahujúce mutácie znepokojujúce pre ďalšie možné šírenie.

**Pod'akovanie:** This work was supported by the Slovak Research and Development Agency under contract acts No. APVV-17-0183, APVV-19-0250 and PP-COVID-20-0019. This article was written thanks to the generous support under the Operational Program Integrated Infrastructure for the project: "Strategic research in the field of SMART monitoring, treatment and preventive protection against coronavirus (SARS-CoV-2)", Project no. 313011ASS8, co-financed by the European Regional Development Fund. This study was financially supported by project "VIR-SCAN - Wastewater monitoring data as an early warning tool to alert COVID-19 in the population". EOSCsecretariat. EU has received funding from the European Union, and Horizon Program call H2020-INFRAEOSC- 05-2018-2019, grant Agreement number 831644.

## PREVALENCIA VÝSKYTU *CLOSTRIDIOIDES DIFFICILE* U HOSPITALIZOVANÝCH PACIENTOV

Toporová A<sup>1</sup>, Čurová K<sup>1</sup>, Krůtová M<sup>4</sup>, Ambro L<sup>2</sup>, Kamlárová A<sup>2</sup>,  
Novotný M<sup>3</sup>, Siegfried L<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Univerzita P. J. Šafárika, Lekárska fakulta, Ústav lekárskej a klinickej mikrobiológie,  
Trieda SNP 1, 040 11 Košice

<sup>2</sup>Fakultná nemocnica v Motole, Ústav lekárskej mikrobiologie, V Úvalu 84, 150 00 Praha,  
Česká republika

<sup>3</sup>Univerzita P. J. Šafárika, Lekárska fakulta, Ústav experimentálnej medicíny, Trieda SNP  
1, 040 11 Košice

<sup>4</sup>Univerzitná nemocnica Louisa Pasteura, Klinika infektológie a cestovnej medicíny,  
Rastislavova 43, 041 90 Košice  
[toporova.annamaria@gmail.com](mailto:toporova.annamaria@gmail.com)

Pandémia ochorenia COVID-19 spôsobeného koronavírusom SARS-CoV-2 aj naďalej ostáva celosvetovou výzvou. Pacienti s ochorením COVID-19 sú liečení širokospektrálnymi antibiotikami a sú vystavení vyššiemu riziku vzniku infekcie *Clostridioides difficile* (CDI) [1]. Infekčným agensom CDI sú anaeróbne sporujúce baktérie *Clostridioides difficile* (CD). Príčinou vysokej incidencie CDI sú rýchlo šíriace sa hypervirulentné kmene CD, ku ktorým patria RT 027, 176, 106, 078, 017 [2].

Cieľom tejto štúdie bolo potvrdiť prítomnosť baktérie CD u hospitalizovaných pacientov v UNLP v Košiciach v období pandémie COVID-19 a u izolátov CD stanoviť citlivosť na antimikrobiálne látky, prítomnosť toxínov a určiť ribotypy.

CDI bola diagnostikovaná na základe vyšetrenia stolice rýchlotestom CD. Do štúdie bolo zaradených 42 vzoriek stolice (14 s potvrdením ochorením COVID-19 a 28 bez etiológie COVID-19) s pozitívnym výsledkom rýchlotestu a následnou kultiváciou a identifikáciou CD pomocou MALDI TOF. Multiplexnou PCR boli u izolátov CD detekované 3 toxíny (toxín A, toxín B a binárny toxín). Toxín A a toxín B boli potvrdené pri všetkých izolátoch CD (14 COVID-19 a 28 non-COVID-19). Binárny toxín bol potvrdený v 22 vzorkách stolice (6 COVID-19 a 16 non-COVID-19). Kapilárnou elektroforézou boli určené ribotypy (RT). V našom analyzovanom súbore CD non-COVID-19 dominoval RT 176 (n = 16), ktorý patrí medzi hypervirulentné ribotypy. Potvrdené boli aj RT 001 (n = 8), RT 020 (n = 1), RT 014 (n = 3). V súbore CD COVID-19 boli potvrdené RT 176 (n = 7) a RT 001 (n = 7). Pri všetkých izolátoch bola stanovená citlivosť na 6 antimikrobiálnych látok (metronidazol, vankomycín, rifaxamin, tigecyklín, doxycyklín, tetracyklín). Rezistencia na rifaxamin bola potvrdená u 14 izolátov (7 COVID-19 a 7 non-COVID-19). Dva izoláty non-COVID-19 boli rezistentné na vankomycín a jeden izolát COVID-19 bol rezistentný na doxycyklín. Výsledky tejto práce poukazujú na potrebu zavedenia špecifických protiepidemických opatrení na vybraných oddeleniach UNLP s výskytom hypervirulentných ribotypov CD. U pacientov s COVID-19 je vzhľadom na hospitalizáciu a antimikrobiálnu liečbu riziko infekcie hypervirulentnými kmeňmi CD veľmi vysoké, preto je dôležité pokračovať v zbere a analýze CD a zároveň účinnými opatreniami predchádzať vzniku ďalších infekcií.

**PodĎakovanie:** Tento výskum bol realizovaný s podporou projektov TRANSFEC 2019/34-UPJŠ-6 a VVGS-2019-1300.

### Použitá literatúra:

[1] Khanna, S., The interplay of SARS-CoV-2 and *Clostridioides difficile* infection. In: *Future medicine*, vol. 16, no. 6, 2021.

[2] Burnham et al. Diagnosis of *Clostridium difficile* Infection: an Ongoing Conundrum for Clinicians and for Clinical Laboratories. In: *Clinical Microbiology Reviews*, vol. 26, no. 3, 2013.

## ZMENA ČREVNEJ BAKTERIÁLNEJ KOMUNITY PREDTRANSPLANTAČNOU LIEČBOU U PEDIATRICKÝCH ONKOLOGICKÝCH PACIENTOV

Šardzíkova Sára<sup>1</sup>, Ugrayová Simona<sup>2</sup>, Hric Ivan<sup>2</sup>, Švec Peter<sup>3</sup>, Bielik Viktor<sup>2</sup>, Klučár Ľuboš<sup>5</sup>,  
Beke Gábor<sup>5</sup>, Kolenová Alexandra<sup>3</sup>, Šoltys Katarína<sup>1,4</sup>

<sup>1</sup>Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra mikrobiológie a virológie, Ilkovičova 6, 841 04 Bratislava

<sup>2</sup>Univerzita Komenského v Bratislave, Fakulta telesnej výchovy a športu, Katedra biologických a lekárskeho vied, Nábrežie armádneho generála L. Svobodu 9, 814 69, Bratislava

<sup>3</sup>Národný ústav detských chorôb, Klinika detskej hematológie a onkológie, Limbová 1, 831 01 Bratislava

<sup>4</sup>Vedecský park Univerzity Komenského v Bratislave, Ilkovičova 8, 841 04 Bratislava

<sup>5</sup>Slovenská akadémia vied, Ústav molekulárnej biológie, Dúbravská cesta 5777/21, 845 51 Bratislava

[sardzikova2@uniba.sk](mailto:sardzikova2@uniba.sk)

Onkologickí pacienti podstupujúci alogénnu transplantáciu kostnej drene (TKD) trpia vedľajšími diagnózami ako sú febrilná neutropénia, reakcia štepu proti hostiteľovi alebo gastrointestinálna enteritída. Práve v týchto prípadoch boli komplikácie korelované so zmenami v črevnej mikrobiote. Cieľom práce bola identifikácia zmien v črevnej mikrobiote u pediatrických pacientov pred alogénnou transplantáciou kostnej drene a zdravých detí. Do analýzy sme zahrnuli 21 pacientov transplantačnej jednotky (TJ) Národného ústavu detských chorôb v Bratislave (3-18 rokov) a 14 zdravých detí (4-18 rokov). Zloženie bakteriálnej časti črevnej mikrobioty sme určili na základe bioinformatickej analýzy dát masívne-paralelného sekvenovania *16S rRNA* génu. Stanovením indexov diverzity Simpson a Chao1 sme dokázali nižšiu diverzitu črevnej mikrobioty u pacientov z TJ v porovnaní so zdravými jedincami. Štatistickou analýzou sme u zdravých detí identifikovali 99 signifikantne viac zastúpených OTUs, kým u pacientov pred TKD sme zaznamenali významný nárast početnosti 15 OTUs (LEfSe analýza), z ktorých sme na úrovni rodu identifikovali taxóny *Enterococcus*, *Streptococcus* a *Enterobacter*. Rod *Enterococcus* tvoril ~50% celkovej charakterizovanej bakteriálnej mikrobioty u pacientov pred TKD. U zástupcov tohto rodu sme zaznamenali vysokú diverzitu. Spomedzi týchto zástupcov sme identifikovali 6 štatisticky signifikantne viac zastúpených druhov u pacientov z TJ (*E. asini*, *E. durans*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *E. flavescens*, *E. hirae*). Práve zastúpenie rodu *Enterococcus* je spájané s vedľajšími diagnózami u pacientov podstupujúcich TKD ako sú hnačky, febrilná neutropénia alebo reakcia štepu proti hostiteľovi. Jeho vyššie zastúpenie u pacientov s predtransplantačnou liečbou môže predikovať vznik asociovaných komplikácií [1]. Charakterizáciou bakteriálnej komunity u pacientov podstupujúcich predtransplantačnú liečbu sme dokázali pokles diverzity a rapidný nárast zástupcov baktérií, ktoré sú spájané s predikciou ďalších vedľajších diagnóz.

**Pod'akovanie:** Tento výskum bol financovaný z projektov APVV-17-0099.

### Použitá literatúra:

[1] Hakim H, et al. Gut Microbiome Composition Predicts Infection Risk During Chemotherapy in Children With Acute Lymphoblastic Leukemia. *Clin Infect Dis.* 67(4); 2018.

# KOMPARATÍVNA ANALÝZA LIPIDOV PRI DVOCH KLINICKÝCH IZOLÁTOCH *CANDIDA PARAPSILOSIS* OD JEDNÉHO PACIENTA

Štefánek Matúš<sup>1</sup>, Maria Luísa Jordão<sup>2</sup>, Bujdáková Helena<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra mikrobiológie  
a virológie, Ilkovičova 6, 84104, Bratislava

<sup>2</sup>National Institute of Health Doutor Ricardo Jorge, Lisabon, Portugalsko  
[stefanek8@uniba.sk](mailto:stefanek8@uniba.sk)

*Candida parapsilosis* je stále častejšie sa vyskytujúcou patogénnou kvasinkou počas posledných desaťročí. Rovnako, ako v prípade iných kvasiniek, akou je *Candida albicans*, sa infekcie *C. parapsilosis* objavujú u pacientov s katétami či protetickými náhradami, pričom môže byť táto kvasinka aj nozokomiálnym patogénom. Medzi známe mechanizmy rezistencie voči flukonazolu (FLC) pri *C. parapsilosis* patria mutácie v génoch ergosterolovej dráhy (hlavne *ERG11*), či zmena ich expresie. Testované boli dva klinické izoláty *C. parapsilosis* od toho istého pacienta, pričom zdrojom bol centrálny venózný katéter (CVC) a hemokultúra (HC). Porovnávané boli ku dvom zbierkovým kmeňom *C. parapsilosis* CDC317 a *C. parapsilosis* ATCC 22019. Cieľom práce bolo zistiť, či sa klinické izoláty odlišujú v expresii génov ergosterolovej dráhy, v zastúpení sterolov, fosfolipidov a mastných kyselín. Spektrum citlivosti/rezistencie bolo stanovené pomocou E-testov. Testovali sa 4 antifungálne látky: FLC, vorikonazol (VO), anidulafungín (AND) a amfotericín B (AMB). V prípade FLC a VO neboli pozorované zóny inhibície. Pri AND bola minimálna inhibičná koncentrácia (MIC) stanovená na 0,125 µg/ml pre oba kmene a v prípade AMB 0,5 µg/ml. Keďže oba izoláty boli vysoko rezistentné voči FLC (> 256 µg/ml), bola stanovená aj MIC<sub>50</sub>, a to mikrodilučnou metódou (8 µg/ml). Schopnosť tvoriť biofilm bola stanovená pomocou kryštálovej violete a ich metabolická aktivita bola stanovená pomocou XTT, pričom oba klinické izoláty netvorili robustný biofilm (OD<sub>570</sub> ≤ 0.2). Následne sa študovali zmeny v expresii génov ergosterolovej dráhy (*ERG6*, *ERG9* a *ERG11*) spolu s lipázou 2 (*LIP2*) – dôležitým virulencným faktorom. Ako kontrola bol použitý kmeň *C. parapsilosis* CDC317 normalizovaný na hodnotu 1. Zmena expresie bola vyhodnotená pomocou 2<sup>ΔΔCt</sup> metódy. Výsledky neukázali zmeny v regulácii génov *ERG6* a *ERG9* pri oboch klinických izolátoch. Zníženie regulácie génu *ERG11* bolo pozorované pri oboch izolátoch, pričom pri *C. parapsilosis* CVC bolo výrazné (0,44-krát) oproti štandardnému kmeňu CDC 317. V géne *LIP2* bola pozorovaná znížená regulácia pri *C. parapsilosis* HC (0,8-krát). Na analýzu kvalitatívneho zastúpenia sterolov a fosfolipidov sa použila tenkovrstvová chromatografia (*thin-layer chromatography* – TLC), pomocou plynovej chromatografie (*gas chromatography* – GC) bolo stanovené zloženie prítomných voľných mastných kyselín. Pri oboch izolátoch neboli pozorované kvalitatívne zmeny v zložení sterolov a fosfolipidov, ani výrazné zmeny v percentuálnom zastúpení voľných mastných kyselín. Predpokladá sa, že rezistencia voči FLC môže byť spôsobená zníženou reguláciou *ERG11*, ale aj možnými mutáciami v génoch *ERG6* a *ERG11*. Komparatívna analýza lipidov naznačuje, že medzi klinickými izolátmi nebol pozorovaný rozdiel, ktorý by ovplyvňoval rezistenciu, pričom rozdiel v expresii faktorov virulencie bude predmetom ďalšieho štúdia.

**Pod'akovanie:** Táto práca bola podporená projektom VEGA 1/0537/19 a Slovenskou agentúrou na podporu výskumu a vývoja na základe zmluvy č. SK-PT-18-0006.

## SARS-COV-2 VARIANTS IN SLOVAKIA

Vaňová Veronika<sup>1,2</sup>, Boršová Kristína<sup>1</sup>, Brejová Broňa<sup>3</sup>, Vinař Tomáš<sup>3</sup>, Klempa Boris<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Institute of Virology,  
Dúbravská cesta 9, 845 05 Bratislava*

<sup>2</sup>*Comenius University in Bratislava, Faculty of Natural Sciences, Department  
of Microbiology and Virology, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava*

<sup>3</sup>*Comenius University in Bratislava, Faculty of Mathematics, Physics and Informatics,  
Mlynská dolina, 842 48 Bratislava  
[veronika.vanova@savba.sk](mailto:veronika.vanova@savba.sk)*

COVID-19 pandemic caused by severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), has emerged in the world as well as in Slovakia since the beginning of 2020. The genome of the virus has been continually generating new mutations. This is leading to new variants, including those with higher transmissibility and the ability to evade the immune system response. Consequently, continuous sequencing of SARS-CoV-2 is a necessary tool to monitor the current state of the pandemic and prevent the spread of more dangerous variants in the population.

In this report, we present sequencing data from approximately 2300 SARS-CoV-2 positive clinical samples, collected from all over Slovakia between May to October 2021. MinION nanopore sequencer (Oxford Nanopore Technologies) was used for sequencing. The SARS-CoV-2 sequences were determined on a MinION sequencer (Oxford Nanopore Technologies) using a PCR amplicon-tiling protocol. The early samples from May 2021 showed almost 100% prevalence of Alpha variant (B.1.1.7 pangolin lineage) as a result of the final period of the second wave of the pandemic in Slovakia. Only a few cases of different lineages (B.1.351, C.36.3, and B.1.621) were detected. At the end of Jun 2021 first cases of Delta variant (B.1.617.2) were detected. The proportion of Delta variant sequences quickly increased. Since the end of the August B.1.617.2 variant and its AY pangolin lineages became 100% prevalent. The arrival of new concerning Deltas sub-variants such as AY.4.2 underlines the importance of continuous monitoring of emerging SARS-CoV-2 variants.

**Acknowledgment:** This project was supported by the Slovak Research and Development Agency grant PP-COVID-20-0017.



# FOTODYNAMICKÁ INAKTIVÁCIA ZMIEŠANÝCH BIOFILMOV

Vargová Jarmila, Bujdáková Helena

*Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta, Katedra mikrobiológie a virológie, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava*  
vargova301@uniba.sk

Mikroorganizmy *Candida albicans* a *Staphylococcus aureus* sú súčasťou ľudského mikrobiómu, pričom môžu vyvolať aj ochorenia, a to hlavne u imunokompromitovaných pacientov. Tieto infekcie sa spájajú s formovaním biofilmov, ktoré sú rezistentné voči konvenčným liečivám. Na eradikáciu týchto biofilmov sa preto hľadajú rôzne alternatívne metódy, medzi ktoré patrí aj fotodynamická inaktivácia (photodynamic inactivation - PDI). Predmetom výskumu bola optimalizácia podmienok PDI v prítomnosti fotosenzibilizátora metylénovej modrej (methylene blue - MB) na 24 a 48-h jednodruhových a duálnych biofilmoch tvorených mikroorganizmami *C. albicans* a *S. aureus* s cieľom dosiahnuť maximálnu účinnosť. Testovali sa rôzne koncentrácie MB (0,25 mM; 0,5 mM a 1 mM), rôzne doby predinkubácie s MB (1 h; 2 h; 4 h; 16 h) a dva časy ožarovania biofilmov červeným laserom (190 mW / cm<sup>2</sup>, λ 660 nm; 1x1 min; 3x1 min).

Z výsledkov vyplynulo, že za daných podmienok PDI minimálne redukovala jednodruhový biofilm *C. albicans*, pričom ale bola vysoko účinná na biofilm tvorený *S. aureus*, pri ktorom sa dosiahla vysoká redukcia prežívania baktérií, a to 3,4 log<sub>10</sub>, (16 h; 0,25 mM MB; 1x1 min); 2,5-log<sub>10</sub> (4 h; 0,25 mM MB, 1x1 min) a 2,1-log<sub>10</sub> (2 h; 0,25 mM MB, 1x1 min). PDI znížila aj prežívanie duálnych biofilmov, ktoré bolo závislé od dĺžky predinkubácie s MB, a to 0,3-log<sub>10</sub> (2 h), 2,5-log<sub>10</sub> (4 h), a 2,8-log<sub>10</sub> (16 h) a testovanej koncentrácie MB. Dosiahli sa nasledovné účinnosti PDI: 2,5-log<sub>10</sub> (1 mM), 2,2-log<sub>10</sub> (0,5 mM) a 0,3-log<sub>10</sub> (0,25 mM). Pridanie 2 % glukózy v kombinácii s 0,25 mM MB znížilo prežívanie buniek duálnych biofilmov iba o 1,5-log<sub>10</sub> oproti kontrole.

Celkovo sa potvrdilo, že efektivita PDI je závislá od rôznych testovaných podmienok, pričom sa ukázalo, že najvyššia inhibícia po PDI by sa mohla dosiahnuť na polymikrobiálne biofilmy pri 4-h predinkubácii s 0,5 mM MB.

**Pod'akovanie:** Táto práca bola podporená projektom VEGA 1/0537/19, Slovenskou agentúrou na podporu výskumu a vývoja na základe zmluvy č. SK-PT-18-0006 a Grantom schváleným Európskou komisiou č. 952398 - CEMBO, výzva: H2020-WIDESPREAD-05-2020 – Twinning.

## THE INHIBITION OF *NEUROSPORA CRASSA* BY AZOLES - ADAPTATION TO STRESS CONDITIONS

Víglaš Ján, Olejníková Petra

*Slovak University of Technology in Bratislava, Faculty of Chemical and Food Technology,  
Institute of Biochemistry and Microbiology, Radlinského 9, 81237 Bratislava  
[jan.viglas@stuba.sk](mailto:jan.viglas@stuba.sk)*

The resistance of pathogens from the kingdom Fungi to antifungal drugs is a known phenomenon causing concerns mainly due to the limitation in number of compounds used to treat mycoses. However, for evolving the resistance, the fungus first needs to be able to tolerate the presence of antifungal compound, to adapt to stress caused by such a compound. In this work, we analysed transcriptional response of *Neurospora crassa* – filamentous fungus naturally susceptible to most used antifungal drugs – azoles. Real-time PCR analysis revealed that despite being susceptible to azoles, the expression of the gene *cyp51*, encoding azole target, increased in the cells of *N. crassa*. The same was true for genes encoding enzymes in ergosterol biosynthesis immediately downstream of lanosterol-14 $\alpha$ -demethylase (*CYP51*). Moreover, the stress caused by azoles caused transcriptional changes (just over 2-fold increase in expression) in other genes involved in maintenance of plasma membrane – phospholipid translocators and sphingolipid synthesis enzymes. However, there appeared a difference in the response to tested imidazole (prochloraz) and triazoles (fluconazole, voriconazole and ravuconazole). Surprisingly, we detected the increase in expression of genes encoding chitin synthases, again with response to imidazole slightly differing from that to triazoles. After staining the mycelium of *N. crassa* exposed to azoles with Congo Red (binds to chitin, fluorescent dye), we observed the presence of aberrant, considerably branched hyphae (not present in control) with strong red glow under fluorescence microscope. Finding transcription factors facilitating response of *N. crassa* to azoles may reveal new potential target sites for antifungal compounds. We detected slight response up to 2-fold increase in expression to azoles showed transcription factor genes *ads4*, *acu15* and *ccg8* (only to prochloraz exposure), while the expression of global transcriptional repressor *csp1* decreased, hence allowing the fungus to respond to azole stress. Taken together, our results showed that even fungi naturally susceptible to azoles, respond to the presence of the inhibitory compounds in their environment.

**Acknowledgment:** This work was supported by the Slovak Research and Development Agency under the Contract No. APVV-19-0094, by the Grant Agency of Ministry of Education, Science, Research and Sport of the Slovak Republic, research project No. VEGA-1/0697/18 and by the Grant scheme for Young Scientis, STU The Assessment of the effect of antifungal compounds on the growth and stress genes expression of *Neurospora crassa* (Posúdenie efektu antifungálnych zlúčenín na rast a expresiu génov stresovej odpovede *Neurospora crassa*).

## **Čo nového v mikrobiológii. Mikroorganizmy okolo nás II.**

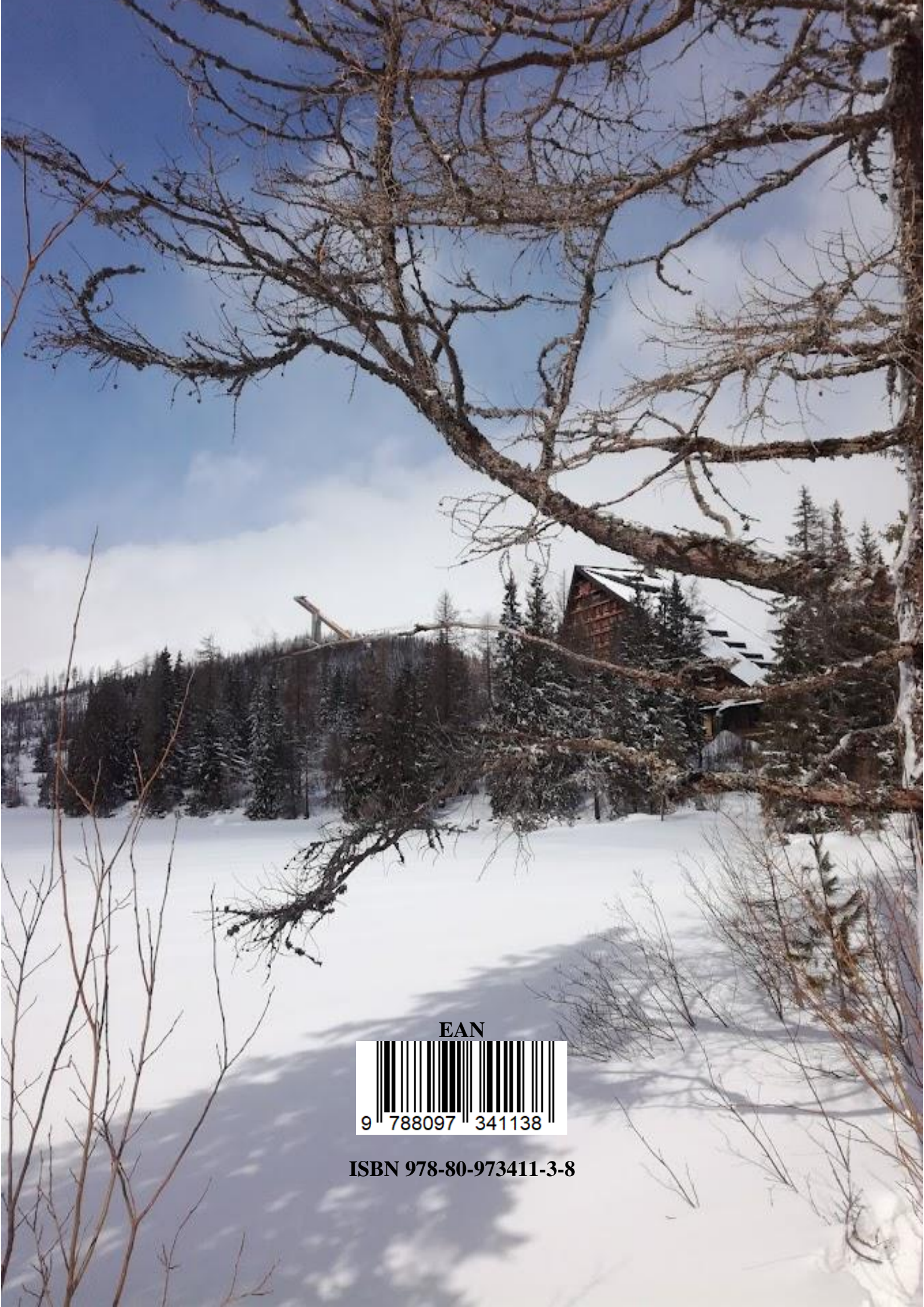
Zborník abstraktov konferencie Mladých mikrobiológov.

Neprešlo jazykovou úpravou, boli použité autorské originály  
Vydala Československá spoločnosť mikrobiologická, Bratislava-Praha 2021 ako  
Zborník abstraktov konferencie: Čo nového v mikrobiológii. Mikroorganizmy  
okolo nás II.

Konferenciu organizuje ČSSM v spolupráci s Katedrou mikrobiológie  
a virológie PriF UK, Ústavom biochémie a mikrobiológie a Oddelením výživy a  
hodnotenia kvality potravín FCHPT STU ako popularizačnú aktivitu podporenú  
projektami APVV-16-0171, APVV-19-0094.

**ISBN 978-80-973411-3-8**





EAN



9 788097 341138

ISBN 978-80-973411-3-8