

Charakterizace netyfoidních sérovarů rodu *Salmonella* izolovaných z migrujících luňáků hnědých (*Milvus migrans*)

Oravcová V^{1*}, Kumprecht D¹, Onrubia A², El Khamlichi R³, Čížek A^{4,5}, Literák I^{1,5}

¹*Ústav biologie a chorob volně žijících zvířat, Fakulta veterinární hygieny a ekologie, Veterinární univerzita Brno*

²*Bird Migration International Centre, CIMMA - Migres Foundation, Tarifa, Spain*

³*Moroccan Association for the Protection of Birds and Wildlife, Fnideq, Morocco*

⁴*Ústav infekčních chorob a mikrobiologie, Fakulta veterinárního lékařství, Veterinární univerzita Brno*

⁵*CEITEC - Středoevropský technologický institut, Veterinární univerzita Brno*

***oravcovav@vfu.cz**

Luňák hnědý

- Volně žijící
- Synantropní
- Indikace kontaminace ŽP
- Migrace





- Možnost **mezikontinentálního šíření** rezistentních bakterií
- Vplyv rozdílné antibiotické politiky, různé spotřeby ATB



Cíle

- **Izolovat a charakterizovat salmonely ze vzorků luňáků hnědých migrujících mezi Evropou a Afrikou.**
- **Zhodnotit jejich antibiotickou rezistenci, virulenci, patogenitu a přítomnost plasmidových replikonů.**
- **Posoudit epidemiologický význam těchto izolátů pro veřejné zdraví.**

METODIKA

Odběr kloakálních vzorků

- 469 Tarifa, Španělsko, podzim 2023
- 15 Jbel Moussa, Maroko, jaro 2024



Kultivace na
selektivních médiích



Identifikace pomocí
MALDI-TOF MS



Testování citlivosti na
antibiotika (disková
difuze).



WGS -
celogenomové
sekvenování

Analýza dat

- sérotypizace - SISTR
- rezistence - ResFinder
- virulence - VirulenceFinder
- cgMLST, patogenita



Výsledky

- **18 izolátů** *Salmonella enterica* (17 ze Španělska, 1 z Maroka).
- **10 různých sérovarů** - *S. Enteritidis* (n=5), *S. Bredeney* (3), *S. Chester* (2), *S. Typhimurium* (2), *S. Hatfield* (1), *S. Infantis* (1), *S. Newport* (1), *S. Toulon* (1), *S. Poona* (1) a *S. Reading* (1)
- 4 izoláty byly **multirezistentní**, nesly geny pro rezistenci vůči tetracyklinům, aminoglykosidům, β -laktamům, fosfomycinu, trimethoprimu, sulfonamidům, chloramfenikolu, fluorchinolonům a těžkým kovům.
- Všechny izoláty vykazovaly **vysokou patogenitu** (PathogenFinder skóre > 0.958).
- **Nejvýznamnější izoláty:**
 - **S. Toulon ST5114:** gen *bla*_{CTX-M-55}
 - **S. Infantis ST32:** multirezistentní, vysoký počet genů virulence, včetně yersiniobaktinu.
 - **S. Reading ST1628:** gen *bla*_{TEM-1}

Závěr

Migrace luňáků hnědých může představovat mechanismus šíření vysoce patogenních, multirezistentních salmonel. **Detekce ESBL-produkujících kmenů** (s geny bla_{CTX-M} , bla_{TEM}) v kloakálních vzorcích naznačuje kontaminaci životního prostředí klinicky významnými patogeny. Studie podtrhuje nutnost dalšího monitoringu a výzkumu zaměřeného na roli volně žijících ptáků v šíření antimikrobiální rezistence.