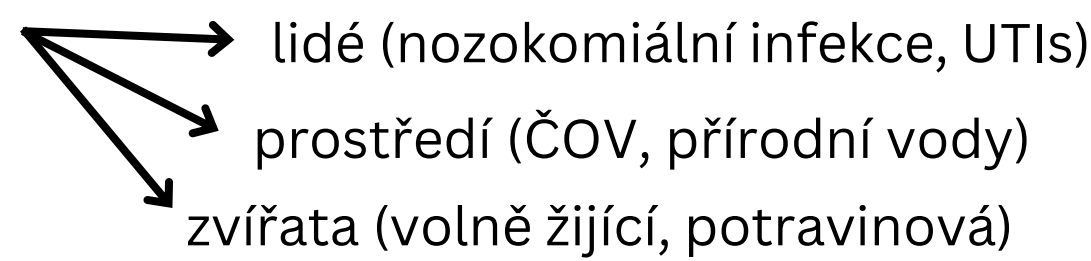


Komparativní genomika izolátů *Escherichia coli* ST131 humánního, veterinárního a environmentálního původu pocházejících z České republiky

Michaela RŮŽIČKOVÁ, Ivana KAROLA, Tomáš NOHEJL, Iva SUKKAR, Jana PALKOVIČOVÁ,
Ivo PAPOUŠEK, Max CUMMINS, Steven DJORDJEVIC, Monika DOLEJSKÁ

Úvod

- jeden z celosvětově nejrozšířenějších klonů podílející se na diseminaci antibiotické rezistence



Clade	Produkce fimbrií	Rezistence k beta-laktamům	Rezistence k fluorochinolonům
A	<i>fimH41</i>	CTX-M-27	žádná
B	<i>fimH22</i>	CTX-M-14	žádná
C0	<i>fimH30</i>	různá CTX-M	žádná
C1 (H30R)	<i>fimH30</i>	CTX-M-27	<i>gyrA</i> + <i>parC</i>
C2 (H30Rx)	<i>fimH30</i>	CTX-M-15	<i>gyrA</i> + <i>parC</i>

Cíle studie

1 Genomická struktura

Obsah genů antibiotické rezistence, virulence a plazmidů ve sbírce.

2 Fylogenetika

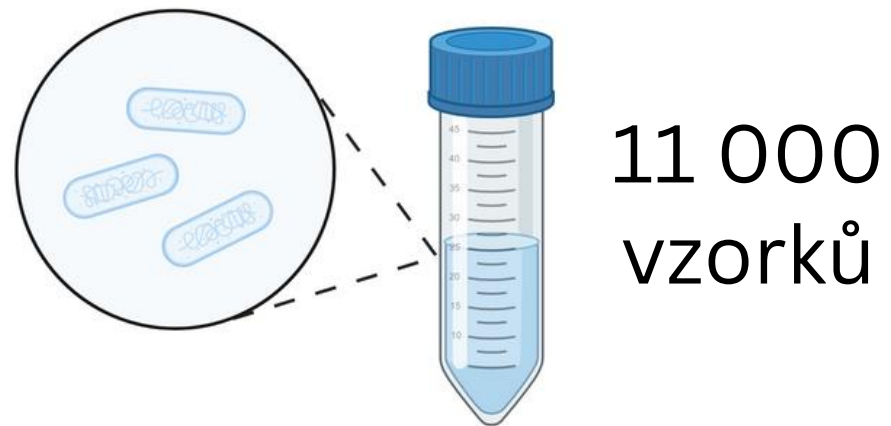
Blízké skupiny izolátů založené na fylogenetické příbuznosti.

3 Asociace se zdroji

Přítomnost určitých genů a plazmidů napříč různými zdroji. Fylogenetika izolátů z různých zdrojů.

Design projektu

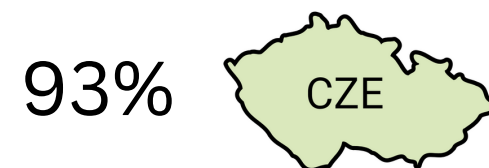
Sběr vzorků



Zpracování vzorků

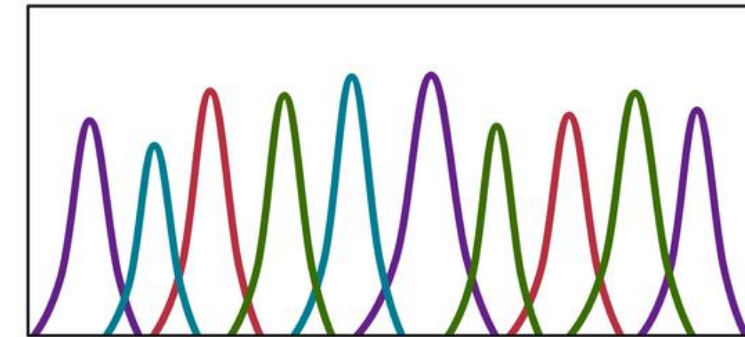


1026 ST131 izolátů



944 ST131 izolátů

WGS



G A C T A G T C T G

898 ST131 izolátů

79%



15%



4%



2%

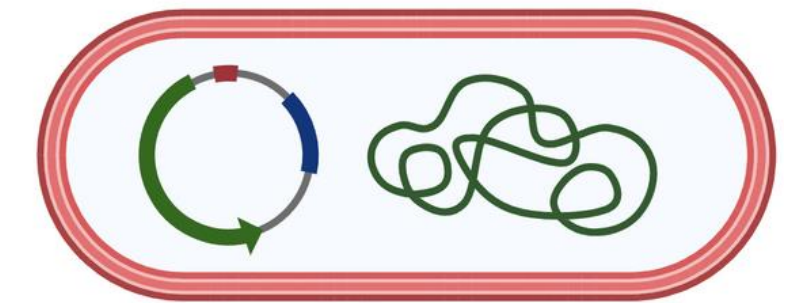


<1%

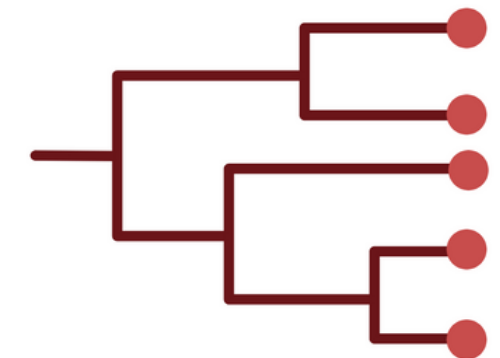


Zpracování dat

přítomnost genů
přítomnost plazmidů



fylogenetické stromy

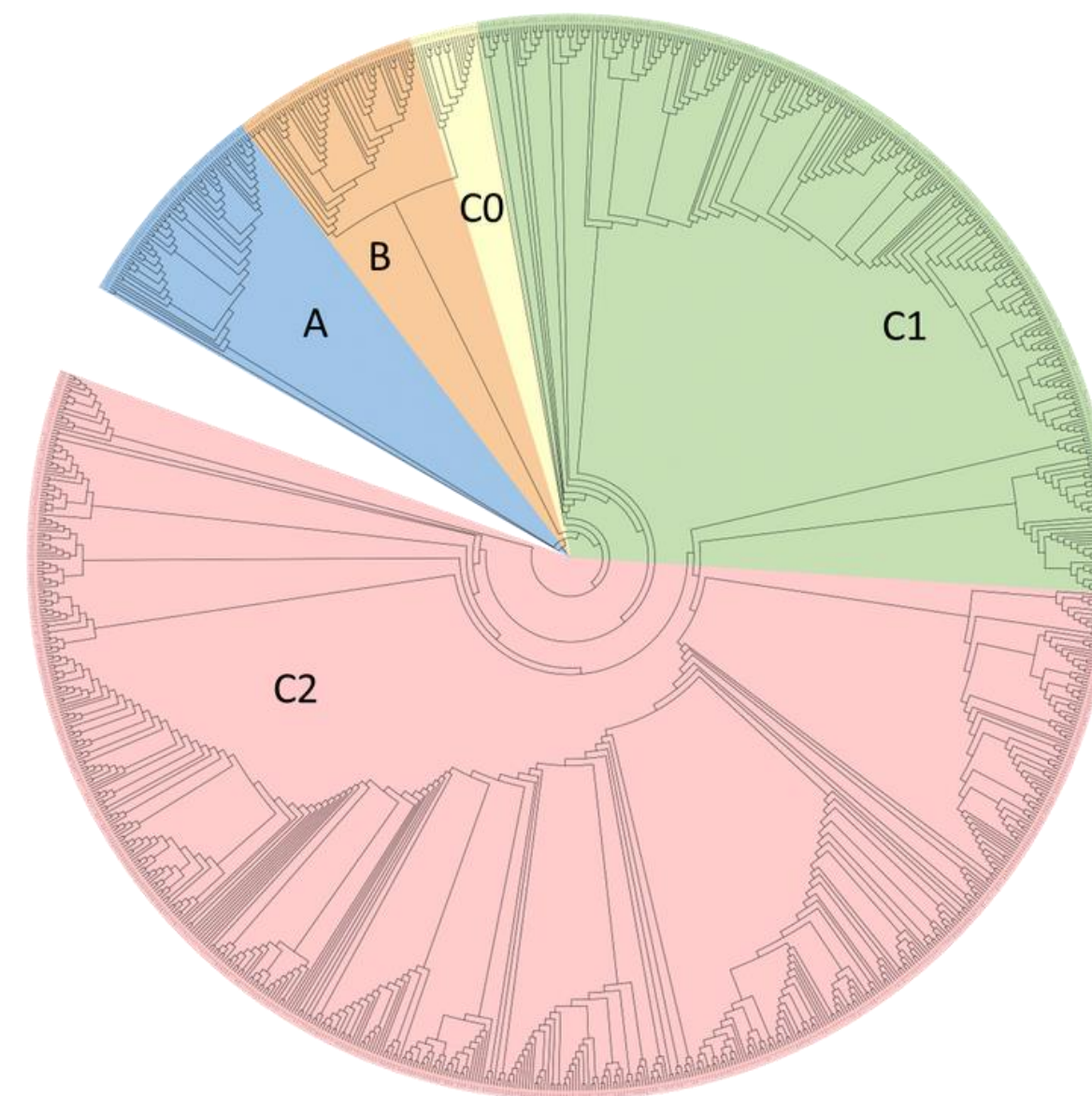


Závěr

Důležitost výzkumu zaměřeného na dříve neprozkoumané části světa.

Vážnost globální hrozby představované rezistentními bakteriemi.

- Nejvíce prevalentní clades C1 a C2 zároveň nejrezistentnější.
- Nízká diverzita mezi izoláty bez ohledu na jejich původ nebo rok sběru.
- Sdružení vybraných sublinií s epidemiologicky relevantními IncF plazmidy.



Poster č. 10



CEITEC



Financováno IGA VETUNI 209/2023/FVHE a AZV ČR NU22-09-00645.