

**ABSTRAKT****NÁZEV PRÁCE****AUTOR**

titul, jméno příjmení, vědecká hodnost

**PRACOVISŤE AUTORA**

úplný název pracoviště

**Spoluautoři**

příjmení jméno, index pracoviště

**Pracoviště spoluautorů**

index, název pracoviště

**E-mail na autora****TEXT**

maximální rozsah 2500 znaků včetně mezer

**Struktura**

- Úvod
- Cíl
- Metodika
- Výsledky
- Závěr

## Střevní mikrobiota u splenektomovaných pacientů

MUDr. Petr Husa ml., Ph.D.

Klinika infekčních chorob Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice Brno

Svatava Snopková<sup>1</sup>, David Vydráň<sup>1</sup>, Lenka Micenková<sup>2</sup>, Jan Böhm<sup>3</sup>, Petr Husa<sup>1</sup><sup>1</sup> Klinika infekčních chorob Lékařské fakulty Masarykovy univerzity a Fakultní nemocnice Brno<sup>2</sup> Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta Masarykovy univerzity, Brno<sup>3</sup> RECETOX, Přírodovědecká fakulta Masarykovy univerzity, Brno

husa.petr2@fnbrno.cz

**Úvod:** Střevní mikrobiota je již po několik let ve středu zájmu medicínského výzkumu. Změny jejího složení byly popsány u řady onemocnění a patologických stavů. Splenektomie představuje významný zásah do imunitního systému. Jedinci po splenektomii jsou v celoživotním zvýšeném riziku závažných infekcí zejména opouzdřenými bakteriemi. Vztah mikrobioty a imunity je předmětem intenzivního výzkumu, nicméně existuje jen omezené množství prací věnující se změnám ve složení mikrobioty po splenektomii.

**Cíl:** Analyzovat složení mikrobioty u pacientů po anatomické splenektomii a porovnat její složení ve srovnání se skupinou zdravých pacientů s funkční slezinou.

**Metodika:** Analyzovány byly vzorky stolice celkem od 27 pacientů, které byly srovnávány s výsledky kontrolní skupiny. Stanovení bakteriomu proběhlo pomocí profilování hypervariabilní V4 oblasti genu pro 16S bakteriální rRNA. Analýza byla provedena na taxonomické úrovni genus (rod). Pouze bakteriální taxony s četností alespoň 0.5 % v minimálně 10 vzorcích byly podrobeny analýze.

**Výsledky:** Využitím indexů diverzity (Shannon, Pielou\_e, Simpson) nebyly zjištěny významné rozdíly v diverzitě mikrobioty mezi oběma soubory. Rozdíly však byly patrné v zastoupení některých rodů bakterií. U splenektomovaných byly abundantní rody *Eubacterium hallii*, *Blautia*, *Streptococcus*, *Butyricoccus*, *Selimonas*, a *Bifidobacterium* oproti zvýšenému výskytu rodů *Bacteroides*, *Odoribacter*, *Eubacterium eligens* a *Alistipes* ve skupině zdravých jedinců. Rody abundantní u splenektomovaných byly dominantně Gram pozitivní a je jim připisována protektivní funkce zejména antiinflamatorní a antimikrobiální. U zdravých jedinců naopak dominovaly Gram negativní rody, jejichž převaha bývá spojována naopak s proinflamatorními stavy včetně sepse.

**Závěr:** Změny ve složení mikrobioty u splenektomovaných vedoucích k abundanci protektivní rodů s antiinflamatorními a antimikrobiálními vlastnostmi mohou být určitou formou imunologické adaptace. Prezentovaná studie si klade za cíl přispět k poznání mikrobioty aspleniků základní deskriptivní analýzou, na jejichž základech by v budoucnu mohla vzniknout praktická aplikace spočívající v terapeutickém ovlivnění mikrobioty s cílem redukovat riziko infekcí.

**Dedikace:** Projekt Národní institut virologie a bakteriologie (Program EXCELES, ID: LX22NPO5103) – Financováno Evropskou unií – Next Generation EU.

Podpořeno MZ ČR – RVO (FNBr, 65269705)