

řetězové reakce (qPCR). Párové vzorky vždy z HMC a DMC byly porovnány z hlediska struktury bakteriálního společenstva a přítomnosti vybraných DNA virů.

Výsledek: Zařazeno bylo devět pacientů (8 mužů a 1 žena) průměrného věku 49,7 let, z nichž u osmi byla provedena sekvenace bakteriálních nukleových kyselin a u sedmi qPCR na přítomnost sedmi běžných DNA virů. Bohatost a diverzita mikrobiomu (alfa diverzita) HMC a DMC nebyla statisticky významně odlišná. Struktura mikrobiálních komunit z HMC a DMC (beta diverzita) vykazala větší podobnost v rámci jednoho pacienta, než byla podobnost všech vzorků HMC, resp. všech vzorků DMC. Virová DNA byla detekována jak v HMC, tak v DMC.

Závěr: Výsledky naší pilotní studie poukazují na přítomnost bakteriálního a virového osídlení horních močových cest u pacientů s urolitiázou.

KLÍČOVÁ SLOVA

Lidský mikrobiom, horní močový trakt, virom, ledvina, močový měchýř.

ABSTRACT

Hrbáček J, Hanáček V, Tláskal V, Saláková M, Čermák P, Tachezy R, Zachoval R. Profiling upper urinary tract microbiota: a feasibility study in patients with urinary stone disease.

Aim: To investigate the putative existence of upper urinary tract microbiota and if present, to compare the microbial communities from the kidney with those in the urinary bladder.

Patients and Methods: Patients were undergoing endoscopic procedures under anesthesia for upper urinary tract stones. Bladder urine was obtained by aseptic catheterisation, renal urine samples were collected via ureteric catheter inserted into the renal pelvis under cystoscopic and radiographic guidance. Pairwise comparison of urine samples from the same individual were made with regard to their bacteriome and virome.

Results: A total of nine patients (8 males, 1 female) provided both samples for analysis. Next-generation sequencing of the V4 hypervariable region of the 16S rDNA using primers 515F and

806R was performed on eight of them and quantitative polymerase chain reaction for the presence of viral nucleic acids of seven common DNA viruses was performed on seven of them. There were no significant differences in alpha diversity measures (number of OTUs, iChao1, ACE, Shannon and Simpson indices) of samples from the kidney and bladder from the same individual. Likewise, microbial communities from the upper and lower urinary tract within the same individual were more similar to each other than samples within the respective group (e.g. all kidney samples). Viral nucleic acids were detected in the upper as well as lower urinary tract.

Conclusion: Upper urinary tracts seem to be inhabited by microbial communities whose composition resembles that of the lower urinary tract.

KEY WORDS

Human microbiome, upper urinary tract, virome, kidney, urinary bladder.

.....

ÚVOD

Výzkum lidského mikrobiomu – mikrobiálních populací žijících v různých anatomických lokalitách našeho těla, tzv. nikách – dosáhl v posledních dvou dekádách významného pokroku. Na rozdíl od mikrobiomu např. gastrointestinálního traktu, jehož znalost již významně pokročila, jsou ostatní niky probídané daleko méně. Že moč zdravých asymptomatických žen není sterilní, nýbrž obsahuje kultivovatelné mikroorganismy a k tomu DNA desítek či stovek dalších, jejichž kultivace je problematická až nemožná, víme od roku 2011 (1), respektive 2016 (2). Následující práce prokázaly odlišnosti ve složení mikrobiomu u různých klinických situací, např. u žen s urgentní inkontinencí ve srovnání se zdravými kontrolami (3) nebo u žen s intersticiální cystitidou ve srovnání se zdravou populací (4). Mužský močový mikrobiom začal být zkoumán s určitým zpožděním. Dosud byly popsány mj. odlišnosti ve složení mikrobiálních komunit u mužů