

(22) a je vyšší u imunokompromitovaných osob (23) a pacientů s nádorovými onemocněními (24).

V naší studii byly u dvou pacientů vzorky z HMC pozitivní na BKV a TTV (pac. č. 2), resp. JCV (pac. č. 9), zatímco moč z měchýře DNA těchto virů neobsahovala. K přítomnosti virů v jednotlivých oblastech močového traktu neexistují v literatuře prakticky žádné informace. Rozdílné výsledky jsou patrně způsobeny metodickým omezením při izolaci DNA z moči a qPCR. Zajímavé by do budoucna bylo využití ještě citlivějších metod, jako je masivní paralelní sekvenování nebo digitální PCR (ddPCR). Metoda ddPCR předčí svou citlivostí qPCR: téměř 7× snižuje detekční limit pro DNA JCV v mozkomíšním moku (25).

Za hlavní limitaci v metodice naší pilotní studie považujeme odběr moči z HMC ureterálním katétrem zavedeným cystoskopicky přes močový měchýř. Zde nelze vyloučit kontaminaci vzorku z HMC moči z měchýře, kterou může vysoce citlivá polymerázová řetězová reakce a následné sekvenování interpretovat jako přítomnost bakteriálního

osídlení i přes stopové množství kontaminující DNA. Kvantifikace přítomné DNA totiž sekvenováním není možná. Určit množství DNA ve vzorku umožňuje použití qPCR – v našem případě použitá k detekci močového viromu. Zde však byly koncentrace DNA ve vzorcích z HMC a z DMC podobné. Druhou limitací je fakt, že všichni pacienti měli litiázu močových cest, a proto výsledky nemusejí platit pro jedince bez močových kamenů. Pro vyloučení pochybností o existenci mikrobiomu HMC by bylo vhodné v budoucnu porovnat moč z DMC se vzorky odebranými z HMC perkutánně. Jak ovšem ze zkušenosti víme, legitimní klinická indikace tohoto typu je řídkým jevem.

ZÁVĚR

Výsledky naší pilotní studie poukazují na pravděpodobnou přítomnost mikrobiálního osídlení horních močových cest u pacientů s urolitiázou.

LITERATURA

1. Siddiqui H, Nederbragt AJ, Lagesen K, Jeansson SL, Jakobsen KS. Assessing diversity of the female urine microbiota by high throughput sequencing of 16S rDNA amplicons. *BMC Microbiol.* 2011; (11): 1–12.
2. Price TK, Dune T, Hilt EE, et al. The Clinical Urine Culture: Enhanced Techniques Improve Detection of Clinically Relevant Microorganisms. *J Clin Microbiol.* 2016; 54(5): 1216–22.
3. Pearce MM, Hilt EE, Rosenfeld AB, et al. The female urinary microbiome: a comparison of women with and without urgency urinary incontinence. *MBio.* 2014; 5(4).
4. Siddiqui H, Lagesen K, Nederbragt AJ, Jeansson SL, Jakobsen KS. Alterations of microbiota in urine from women with interstitial cystitis. *BMC Microbiol* [Internet]. 2012; 12: 205. Available from: <http://www.biomedcentral.com/1471-2180/12/205>.
5. Bajic P, Kuiken ME van, Burge BK, et al. Male Bladder Microbiome Relates to Lower Urinary Tract Symptoms. *Eur Urol Focus* [Internet]. 2020; 15(6): 376–82. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.euf.2018.08.001>.
6. Wu P, Zhang G, Zhao J, et al. Profiling the Urinary Microbiota in Male Patients With Bladder Cancer in China. *Front Cell Infect Microbiol.* 2018; 8: 167.
7. Novotná E, Viklický O. BK virová infekce po transplantaci ledvin. *Vnitř Lék.* 2008; 54(9): 835–41.
8. Miller-Ensminger T, Garretto A, Brenner J, Thomas-white K, Zambom A, Wolfe AJ. Bacteriophages of the Urinary Microbiome. *J Bacteriol.* 2018; 200(7): e00738-17.
9. Sigdel TK, Mercer N, Nandoe S, Nicora CD. Urinary Virome Perturbations in Kidney Transplantation. *Front Med.* 2018; 5(April): 72.
10. Garretto A, Thomas-White K, Wolfe AJ, Putonti C. Detecting viral genomes in the female urinary microbiome. *J Gen Virol.* 2018; 99: 1141–6.