



Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů

DOKTORSKÝ STUDIJNÍ PROGRAM

NÁVRH TÉMATU/PROPOSAL OF THEME

Studijní program/*Study Program*: **Zootechnika**

Studijní obor/*Branch of Study*: **Obecná zootechnika**

Katedra/*Department of*: **mikrobiologie, výživy a dietetiky**

Školitel (včetně titulů), email/*Supervisor, email*: **doc. Ing. Věra Neužil Bunešová, Ph.D., bunesova@af.czu.cz**

Konzultant (včetně titulů)/*Co-supervisor*: **Assoc. Prof. Clarissa Schwab, Ph.D.**

Forma studia/*Form of Study*: **prezenční**

Typ tématu/*Type of Theme*: **Rámcové**

Téma/Theme: *Interakce probiotických bakterií s patogenními organismy*

Hypotéza/Hypothesis: Mobilní genetické elementy mohou přinést mnoho kmenově specifických vlastností bifidobakterií. Předpokládáme, že bifidobakterie a další rody probiotických bakterií, vyskytující se v prostředí bohatém na patogenní mikroorganismy a dysbiotické stavy, mohou obohatit svůj genom o geny kódující například adhesiny a invaziny, které využívají patogeny pro jejich virulenci; což by mohlo podpořit jejich konkurenční schopnost proti patogenům. Na druhou stranu zde může docházet k získání genů pro antibiotickou rezistenci a produkci nežádoucích metabolitů a specifických vlastností.

Anotace/Annotation: Výskyt patogenních bakterií v potravinách, krmivech a trávicím traktu člověka a zvířat je ovlivněn celou řadou vnějších i vnitřních faktorů. Tyto faktory významně ovlivňují jak jejich další rozvoj v daném prostředí, tak i produkci jednotlivých metabolitů a schopnost virulence. Jednou z možností eliminace patogenních bakterií a jejich virulence je přítomnost a případná aplikace probiotických bakterií, jako jsou například bifidobakterie. Výběr vhodného probiotického kmene, který bude schopen dlouhodobě či po určité době kolonizovat trávicí trakt hostitele a potlačovat přítomné patogeny je předpokladem omezení použití antibiotik a eliminace jejich narůstající rezistence. Výskyt bakterií rodu *Bifidobacterium* je detekován v nejrůznějších ekologických nikách, jako jsou například tepelně neošetřené fermentované mléčné produkty, odpadní vody a trávicí trakt hmyzu žijícím sociálním způsobem života. Nicméně jejich hlavním rezervoárem je trávicí trakt teplokrevných zvířat a člověka. Všechny uvedené ekosystémy představují, co se týče množství a variability mikroorganismů, obsáhlé a komplexní niky. Lze tudíž předpokládat, že zde bude docházet k interakcím mezi komensálními bakteriemi s probiotickým statutem jako je rod *Bifidobacterium* a případně přítomnými patogenními mikroorganismy. Cílem této práce je detekce genů kódujících virulentní faktory, antibiotickou rezistenci a produkci specifických metabolitů v genomu bifidobakterií a dalších probiotických roků. Tato detekce bude využita k designu primerů pro tyto geny a jejich následnou detekci na molekulárně genetické úrovni u bifidobakterií a dalších probiotických rodů pocházejících z nejrůznějších hostitelů, prostředí a podmínek. Získané poznatky budou využity pro testování interakcí s patogeny v *in vitro* podmínkách, testování adheze na buněčných liniích a popřípadě i na zvířecích modelech. Součástí experimentů budou také analýzy mikrobiomu fekálních vzorků, s cílem monitoringu vybraných probiotických a patogenních skupin. Cílem bude objasnit schopnost adaptace bifidobakterií a jejich přínos pro hostitele.

Zdroj financování/Source of: Projekt bude financován z interních zdrojů katedry a částečně z projektu NutRisk. Problematika daného tématu je součástí projektu GAČR a TAČR připravovaného k podání.

Datum/*Date*: 13.1.2020

Podpis/*Signature*: