

syntetický MM transplantovaný v rámci léčby a prevence IMC či dokonce fekální transplantaci jako léčbu některých etiologií urolitiázy.

Kromě bakteriálního MM se výzkum orientuje i na detekci virových a fungálních nukleových kyselin z moči. Charakterizace močového viromu je obtížná z důvodu neexistence virové analogie bakteriální 16S rDNA (7). Dosud se však v lidské moči podařilo prokázat sekvence náležející polyomavirům (JCV a BKV), Torque teno viru (35), a množství bakteriofágů (virů infikujících bakterie) (36). Mezi úskalí zkoumání močového mykobiomu patří obtížnější izolace fungální DNA než v případě bakterií, její ještě nižší koncentrace než v případě 16S rDNA a nejasnosti ohledně stability i formy fungálního osídlení močového měchýře (37). Jestliže o MM toho nyní

víme málo, pak o močovém viromu je známo ještě méně a o mykobiomu prakticky vůbec nic.

ZÁVĚR

Stejně jako jiné lokality lidského organismu má i urogenitální trakt svůj mikrobiom. MM se liší u mužů a u žen a jeho změny jsou spojeny s různými patologickými stavy močového systému. Výzkum vedoucí k odhalení příčinných souvislostí mezi MM a zdravím či nemocí je stále na svém počátku.

Poděkování

Petře Tláskalové (Mikrobiologický ústav Akademie věd ČR) za odbornou revizi a připomínky k textu.

LITERATURA

1. Thomas-White K, Brady M, Wolfe AJ, Mueller ER. The Bladder Is Not Sterile: History and Current Discoveries on the Urinary Microbiome. *Curr Bladder Dysfunct Rep* 2016; 11(1): 18–24.
2. Khasriya R, Sathiananthamoorthy S, Ismail S, et al. Spectrum of Bacterial Colonization Associated with Urothelial Cells from Patients with Chronic Lower Urinary Tract Symptoms. *J Clin Microbiol*. 2013; 51(7): 2054–2062.
3. 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.
4. The Human Microbiome Project Consortium: Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature* [Internet] 2012; 486: 207–214. Dostupné z: <http://dx.doi.org/10.1038/nature11234>, 13. 11. 2020.
5. Zwinsová B, Brychtová V, Hrivňáková M, et al. Vliv mikrobiomu na vznik a vývoj kolorektálního karcinomu. *Klin Onkol* 2019; 32(4): 261–269.
6. Wolfe AJ, Brubaker L. „Sterile Urine“ and the Presence of Bacteria. *Eur Urol*. 2015; 68(2): 173–174.
7. Whiteside SA, Razvi H, Dave S, Reid G, Burton JP. The microbiome of the urinary tract – a role beyond infection. *Nat Rev Urol* [Internet] 2015; 12(2): 81–90. Dostupné z: <http://dx.doi.org/10.1038/nrurol.2014.361>, 3. 5. 2019.
8. Hilt EE, McKinley K, Pearce MM, et al. Urine Is Not Sterile: Use of Enhanced Urine Culture Techniques To Detect Resident Bacterial Flora in the Adult Female Bladder. *J Clin Microbiol* 2014; 52(3): 871–876.
9. 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): 1216–1222.
10. Alberts B, Bray D, Johnson A. DNA Technology. In: *Essential Cell Biology* 1998; 13–46.
11. Pollock J, Glendinning L, Wisedchanwet T, Watson M. The madness of microbiome: Attempting to find consensus „Best Practice“ for 16S microbiome studies. *Appl Environ Microbiol*. 2018; 84(7): e02627–17.
12. Illumina.com [Internet]. Dostupné z: <https://www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/miseq.html>, 21. 11. 2020.
13. Fukuda K, Ogawa M, Taniguchi H, Saito M. Molecular Approaches to Studying Microbial Communities: Targeting the 16S Ribosomal RNA Gene. *J UOEH* 2016; 38(3): 223–232.
14. Mueller ER, Wolfe AJ, Brubaker L. Female urinary microbiota. *Curr Opin Urol*. 2017; 27(3): 282–286.