

MASARYKOVA UNIVERZITA
Přírodovědecká fakulta
Ústav experimentální biologie

LABORATOŘ MOLEKULÁRNÍ DIAGNOSTIKY MIKROORGANISMŮ

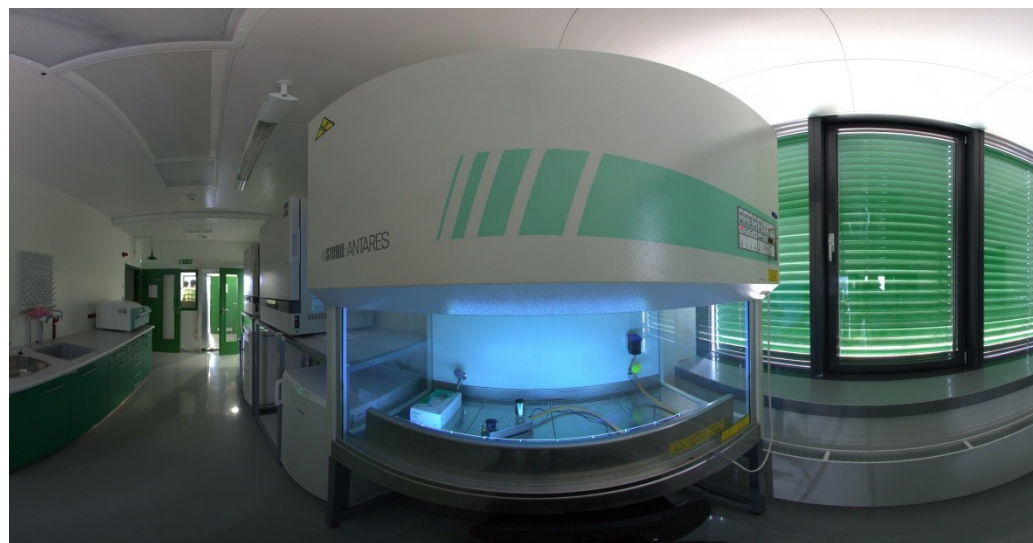


Mgr. Ivana Mašlaňová, Ph.D.

iva.maslanova@gmail.com

Umístění laboratoře:

Pavilon A25, II. podlaží, Kamenice 5, UKB, Brno - Bohunice



MASARYKOVA UNIVERZITA
PŘÍRODOVĚDECKÁ FAKULTA
ÚSTAV EXPERIMENTÁLNÍ BIOLOGIE

LABORATOŘ MOLEKULÁRNÍ DIAGNOSTIKY MIKROORGANISMŮ

Personální obsazení laboratoře:

Prof. RNDr. Jiří Doškař, CSc.
vedoucí laboratoře



VĚDECKO-PEDAGOGIČTÍ PRACOVNÍCI

Doc. RNDr. Roman Pantůček, Ph.D.

Doc. RNDr. Vladislava Růžičková, CSc.

Mgr. Ivana Mašlaňová, Ph.D.

Mgr. Lucie Kuntová, Ph.D.

Mgr. Tibor Botka, Ph.D.

LABORANTKA

Dana Kadaňková

DOKTORANDI

Mgr. Tibor Botka

Mgr. Veronika Vrbovská

Mgr. Dagmar Štveráková

Mgr. Lenka Fišarová

Mgr. Michal Zeman

Mgr. Adéla Indráková

Mgr. Pavol Bárdy

Mgr. Vojtěch Kovařovic

Mgr. Hana Šimečková

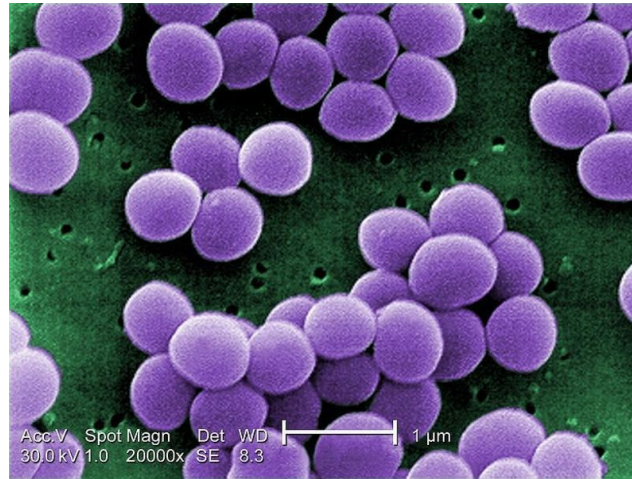
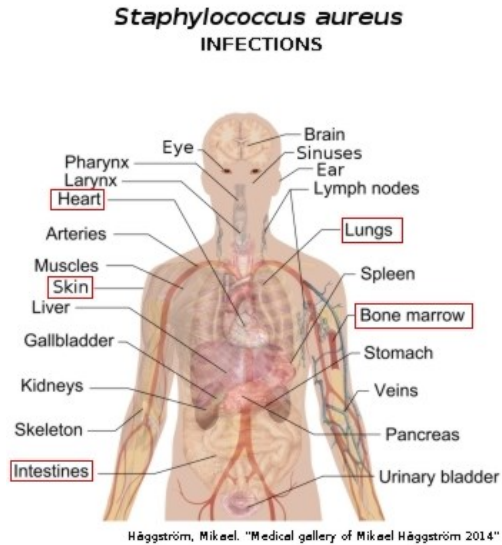


HISTORIE LABORATOŘE:



- vedoucím laboratoře byl **prof. RNDr. Stanislav Rosypal, DrSc.**
- již od 60. let je pozornost zaměřena na studium patogenních stafylokoků a jejich bakteriofágů
- 80. léta – studium polyvalentního stafylokokového bakteriofága → fágová terapie
- 90. léta – pracoviště se zaměřilo na aplikaci molekulárních přístupů ve studiu stafylokoků

Zaměření výzkumné práce laboratoře *Staphylococcus aureus* a jeho bakteriofágy



- *Staphylococcus aureus* je **nejvýznamnějším patogenem** ze všech druhů rodu *Staphylococcus*
- jeho kmeny podléhají rychlé evoluci díky horizontálnímu přenosu genů virulence a rezistence
- infekce jsou obtížně léčitelné –většina kmenů vykazuje multirezistenci k antibiotikům

Klinický význam stafylokoků

Původce mnoha závažných onemocnění

Zánětlivá a invazivní onemocnění

- folikulitida, furunkl
- karbunkl
- impetigo
- puerperální mastitida
- septická artritida
- pseudomembranózní enterokolitida
- bakteriemie
- endokarditida
- pneumonie
- stafylokoková osteomyelitida
- pórůrazové a pooperační infekce

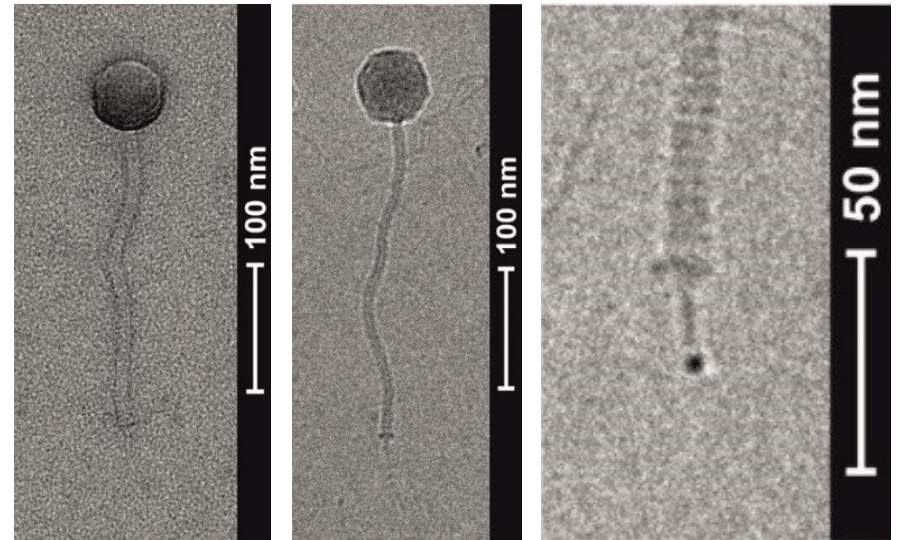
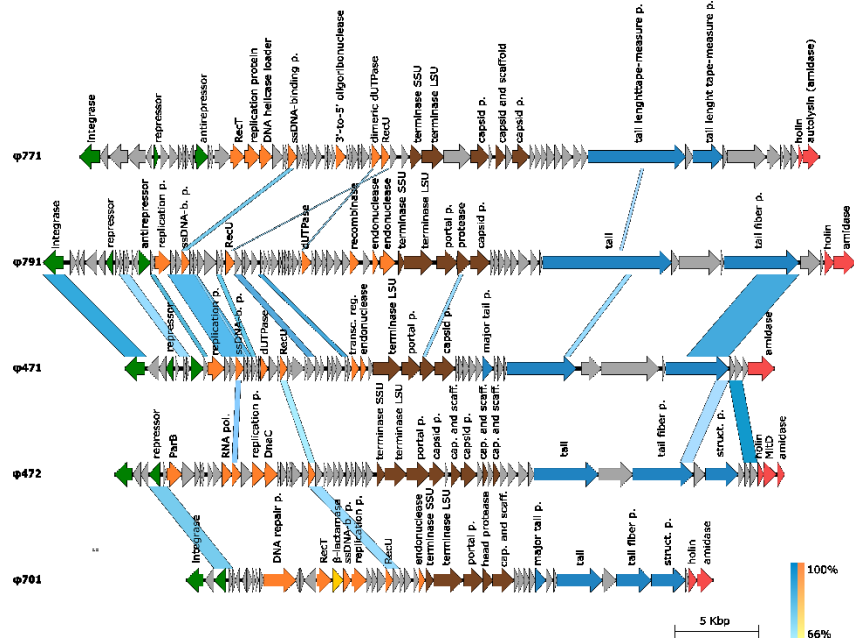
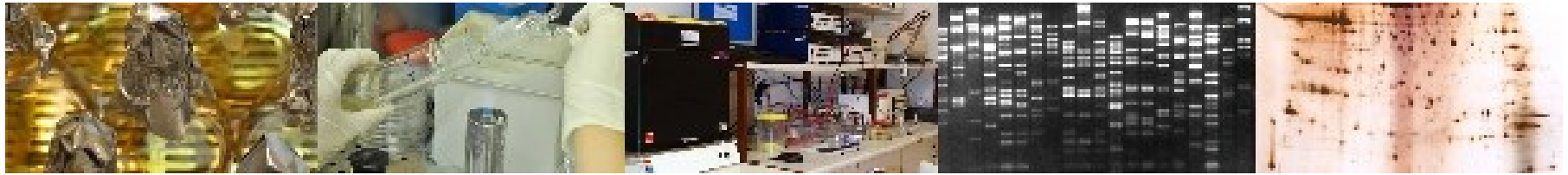
Toxikózy

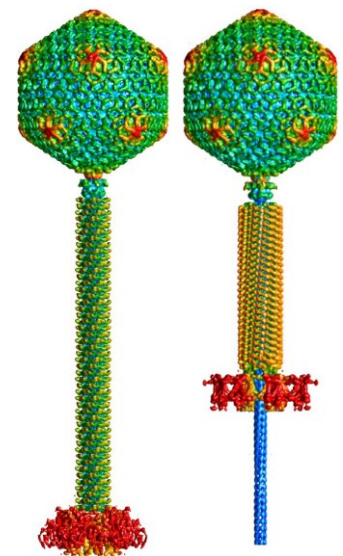
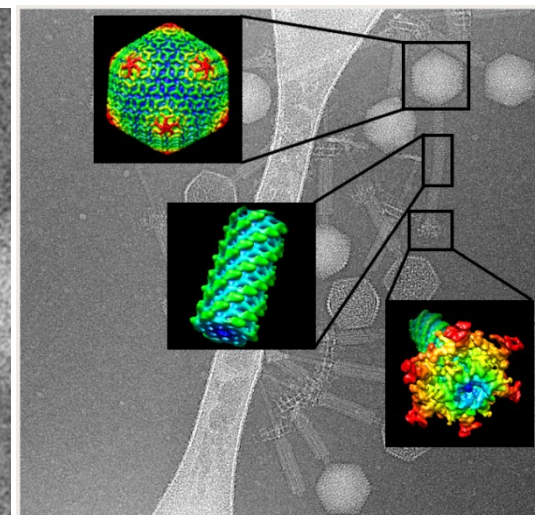
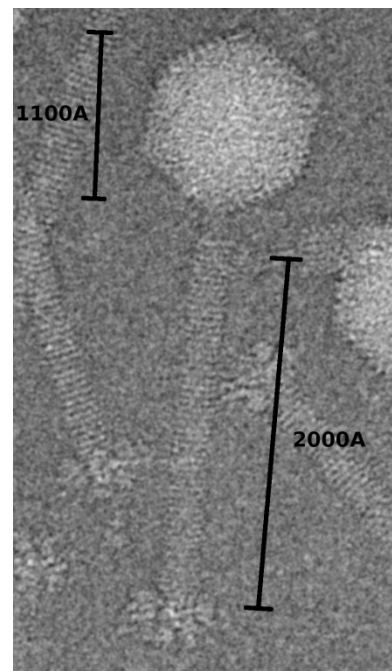
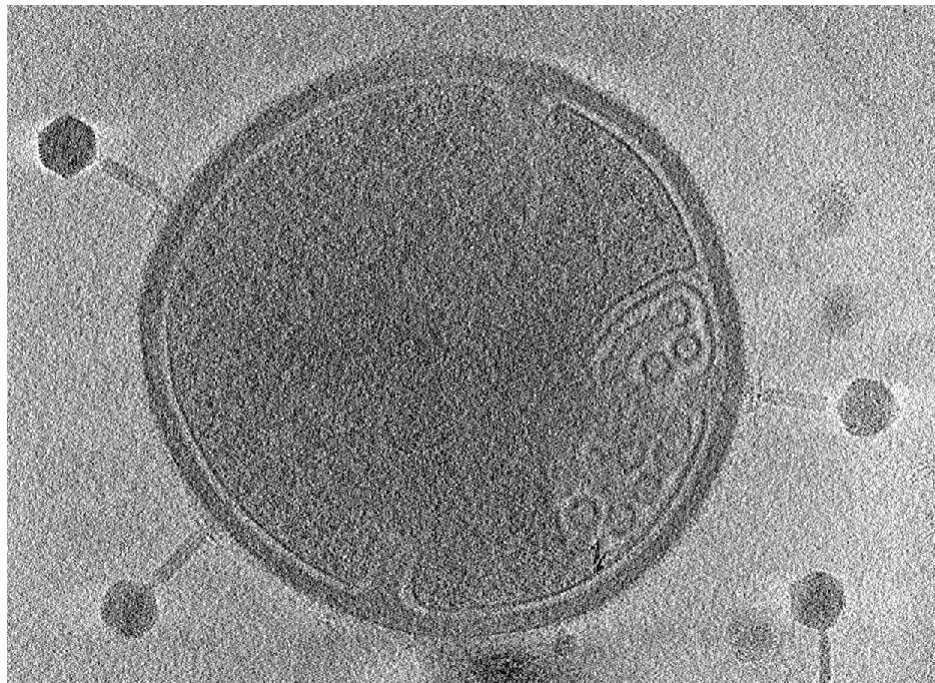
- otravy z potravy kontaminované stafylokokovými enterotoxiny
- syndrom toxického šoku
- syndrom opařené kůže
- nekrózou doprovázené pneumonie a kožní infekce

Zaměření výzkumné práce laboratoře

Srovnávací genomika a proteomika stafylokokových bakteriofágů.

Výzkum je zaměřen na analýzu genomu mírných a virulentních bakteriofágů pomocí fyzikálního mapování a sekvenční analýzy, vyhledávání genů a specifických sekvencí DNA pomocí metod PCR a použití genomických nástrojů ke studiu modulární struktury a evoluce fágových genomů. Při proteomických studiích zaměřených na analýzu struktury fágových částic laboratoř spolupracuje s laboratořemi **CEITEC MU Centrální laboratoř - Proteomika, Strukturní virologie a Kryo-elektronová mikroskopie a tomografie.**





rozlišení 3,8 – 4,2 Å

Strukturní model nekontrahovaného a kontrahovaného fága 812

www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1605883113

PNAS | August 16, 2016 | vol. 113 | no. 33 |

Structure and genome release of Twort-like Myoviridae phage with a double-layered baseplate

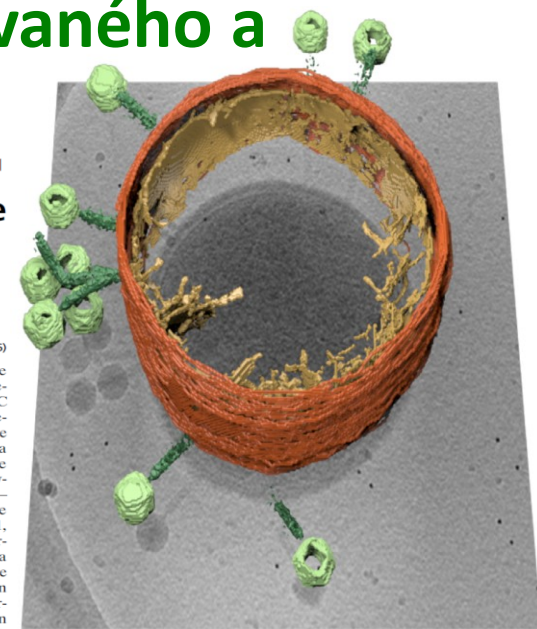
Jiří Nováček^a, Marta Šiborová^a, Martin Benešik^b, Roman Pantůček^b, Jiří Doškař^b, and Pavel Plevka^{a,1}

^aCentral European Institute of Technology, Masaryk University, 625 00 Brno, Czech Republic; and ^bDepartment of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University, 611 37 Brno, Czech Republic

Edited by Wolfgang Baumeister, Max Planck Institute of Biochemistry, Martinsried, Germany, and approved June 21, 2016 (received for review April 12, 2016)

Bacteriophages from the family Myoviridae use double-layered contractile tails to infect bacteria. Contraction of the tail sheath enables the tail tube to penetrate through the bacterial cell wall and serve as a channel for the transport of the phage genome into the cytoplasm. However, the mechanisms controlling the tail contraction and genome release of phages with “double-layered” baseplates were unknown. We used cryo-electron microscopy to show that the binding of the Twort-like phage phi812 to the *Staphylococcus aureus* cell wall requires a 210° rotation of the heterohexameric receptor-binding and tripod protein complexes within its baseplate about an axis perpendicular to the sixfold axis of the tail. This rotation reorients the receptor-binding proteins to point away from the phage head, and also results in disruption of the interaction of the tripod proteins with the tail sheath, hence triggering its contraction. However, the tail sheath contraction of Myoviridae phages is not sufficient to induce genome ejection. We show that the end of the phi812 double-stranded DNA genome is bound to one protein subunit from a connector complex that also forms an interface between the phage head and tail. The tail sheath contraction induces conformational changes of the neck and connector that result in disruption

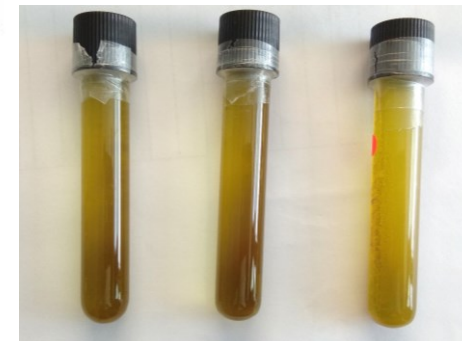
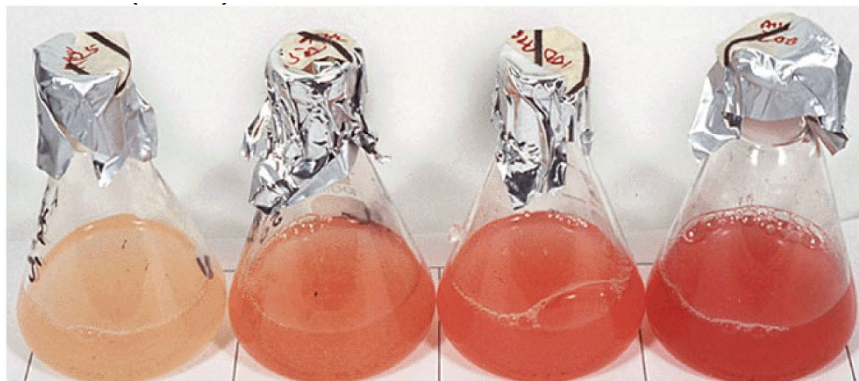
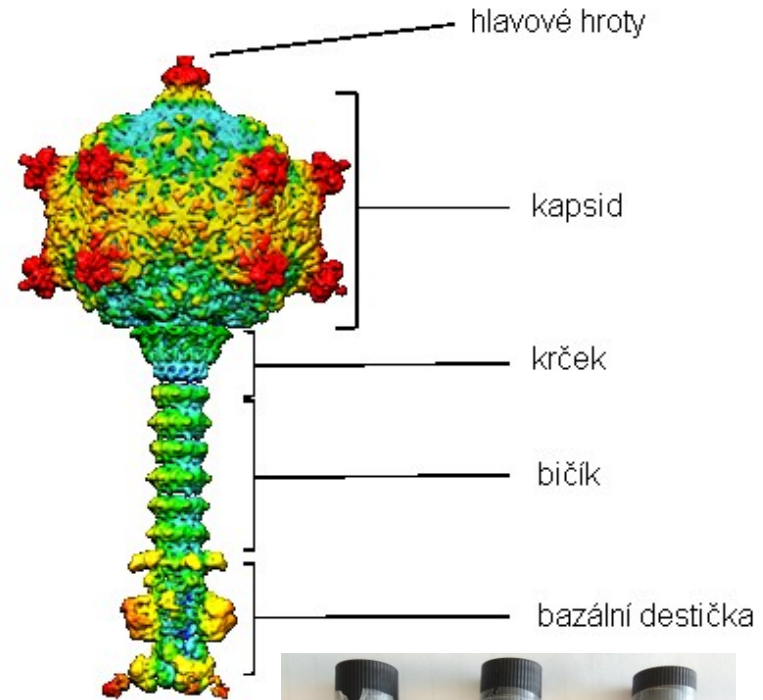
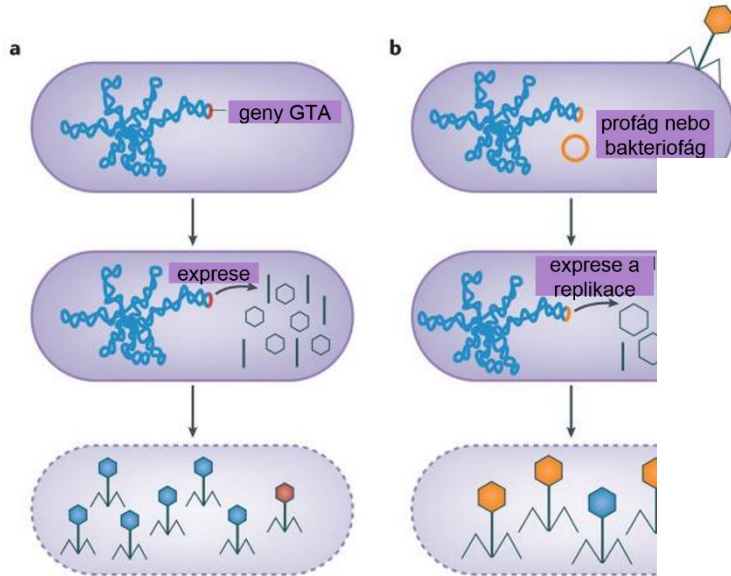
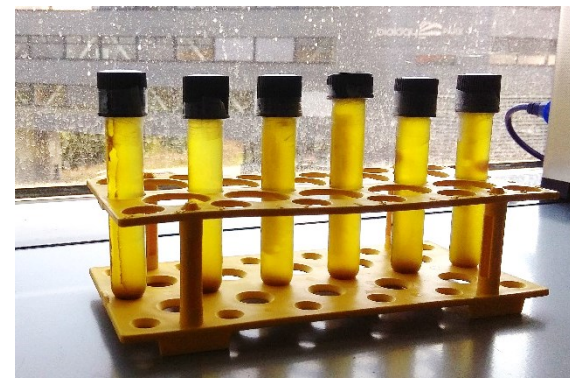
of tripod proteins constitute the narrow tip of the cone and three elongated protrusions that form peripheral regions of the receptor-tripod complex base. Virulence associated proteins VriC were previously suggested to organize the structures of the double-layered baseplates (6, 8), and may therefore correspond to the tripod proteins. A complex of proteins gp122 and gp123 is a candidate for the phi812 VriC (SI Appendix, Table S2). Sequence identities of virion proteins between phi812 and related staphylococcal phages K, ASW, ISP, and G1 are in the range of 99–100% (9). In addition, phi812 shares more than 30% sequence identity with the *Staphylococcus* phage Twort, *Listeria* phage A511, and *Bacillus* phage SPO1 (SI Appendix, Table S2). The receptor-binding protein complex of phi812 (gp125 and gp127) consists of a central domain, three of which form a bowl-like structure in the center of the receptor-tripod complex base, a peripheral domain that protrudes laterally from the central domain, and a receptor-binding domain that is visible at lower electron density levels than the rest of the receptor-tripod complex, indicating its flexibility (SI Appendix, Fig. S3).

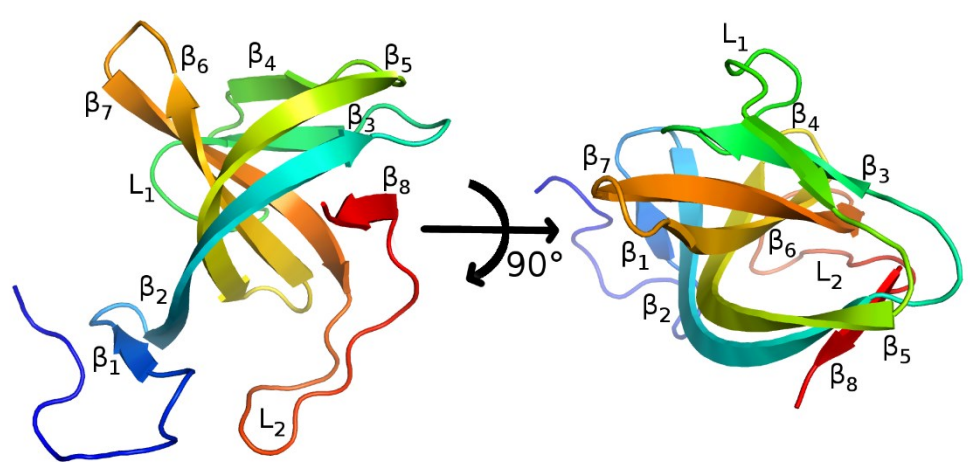
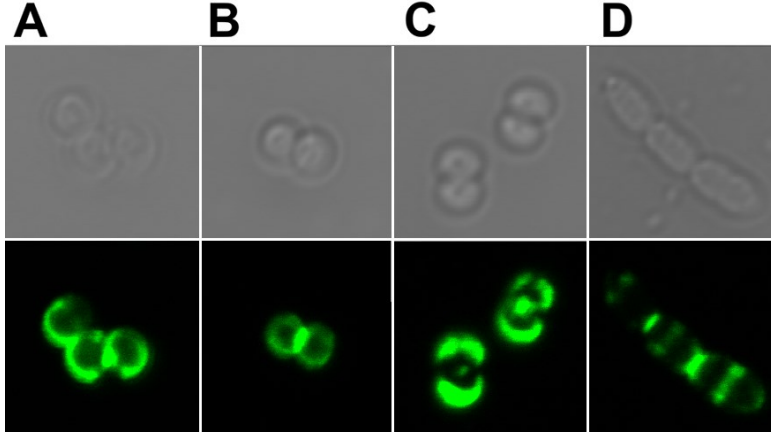


Nováček a kol., 2016, PNAS

GTA – gene transfer agent

Rhodobacter capsulatus

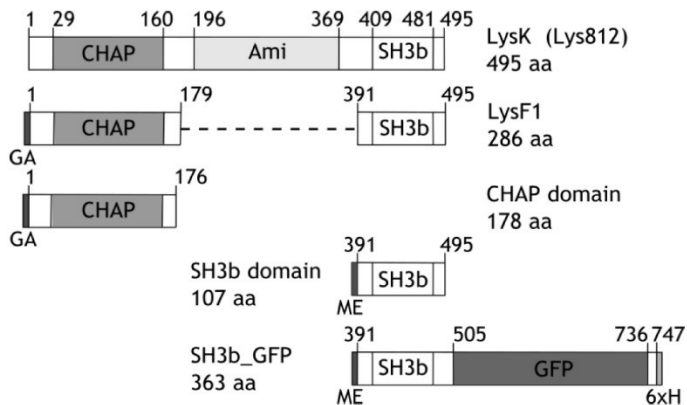




Role of SH3b binding domain in a natural deletion mutant of Kayvirus endolysin LysF1 with a broad range of lytic activity

Martin Benešík a kol., 2017, Virus Genes

Virus Genes
DOI 10.1007/s11262-017-1507-2



Role of SH3b binding domain in a natural deletion mutant of Kayvirus endolysin LysF1 with a broad range of lytic activity

Martin Benešík¹ · Jiří Nováček² · Lubomír Janda² · Radka Dopitová^{2,3} · Markéta Pernisová^{2,3} · Kateřina Melková² · Lenka Tišáková⁴ · Jiří Doškař¹ · Lukáš Žídek^{2,3} · Jan Hejátko^{2,3} · Roman Pantůček¹

Received: 25 May 2017 / Accepted: 17 August 2017
© Springer Science+Business Media, LLC 2017

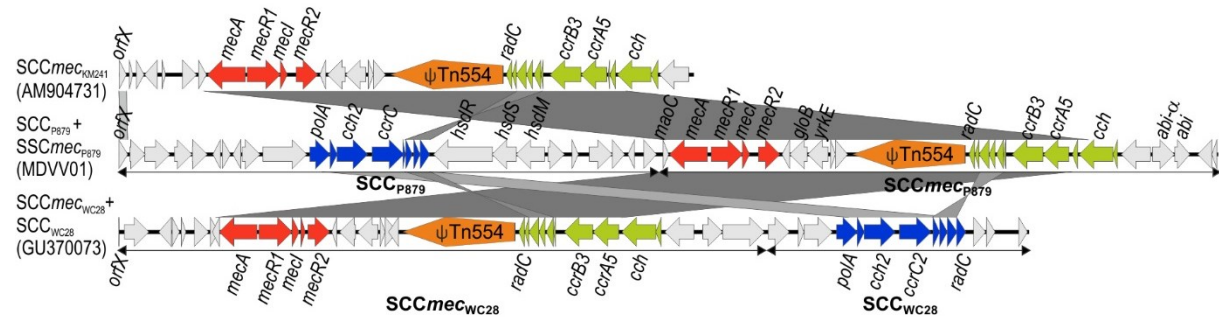
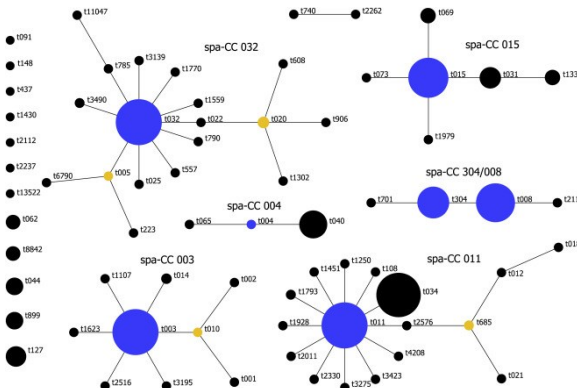
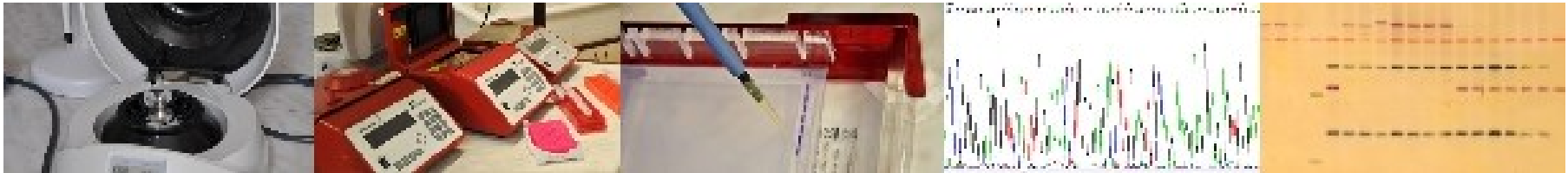
Abstract The spontaneous host-range mutants 812F1 and K1/420 are derived from polyvalent phage 812 that is almost identical to phage K, belonging to family *Myoviridae* and genus *Kayvirus*. Phage K1/420 is used for the

the CHAP domain alone was decreased. The results of a co-sedimentation assay of SH3b domain showed that it was able to bind to three types of purified staphylococcal peptidoglycan 11.2, 11.3, and 11.8 that differ in their peptide

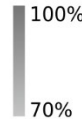
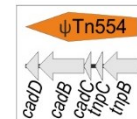
Zaměření výzkumné práce laboratoře

Vývoj a aplikace genotypizačních metod pro molekulární diagnostiku a srovnávací genomiku patogenních stafylokoků.

Výzkum v této oblasti je zaměřen na analýzu genomu kmenů *Staphylococcus aureus* a dalších druhů stafylokoků s cílem vyhledání specifických genů a sekvencí DNA, které lze využít pro identifikaci stafylokokových druhů a typizaci kmenů. Analyzovány jsou především geny, které zodpovídají za virulenci kmenů a rezistence k antimikrobiálním látkám, zejména antibiotikům. Novým trendem ve výzkumu je analýza dynamiky mobilních genetických elementů, zejména profágů kazet, SCCmec a plazmidů a objasnění jejich role při evoluci bakteriálních kmenů. Laboratoř provádí rutinní identifikaci kmenů *S. aureus* prostřednictvím jednolokusové [spa-typizace](#) a [multilokusové sekvenční typizace \(MLST\)](#).



■ mec gene complex ■ ccrC gene complex
■ ccrAB gene complex ■ other



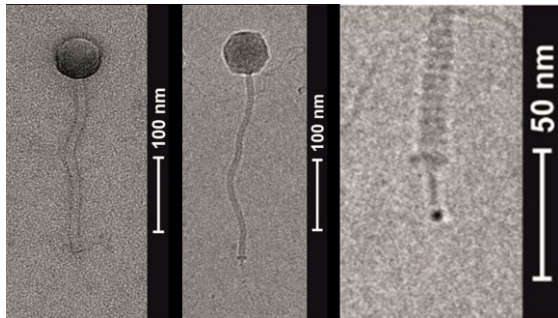
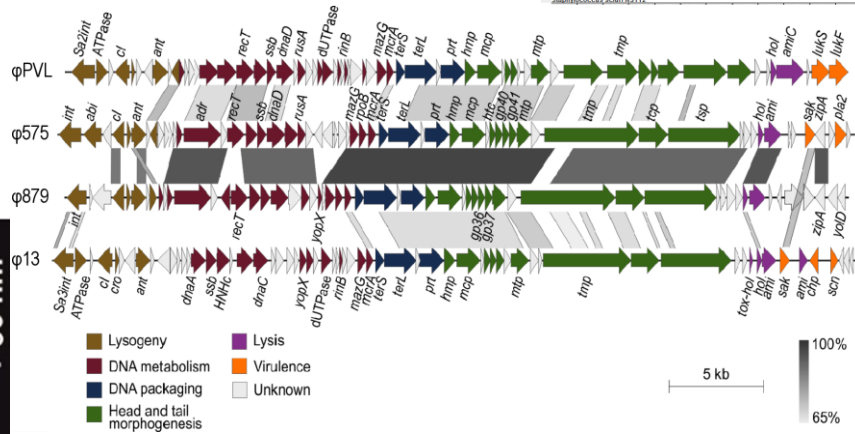
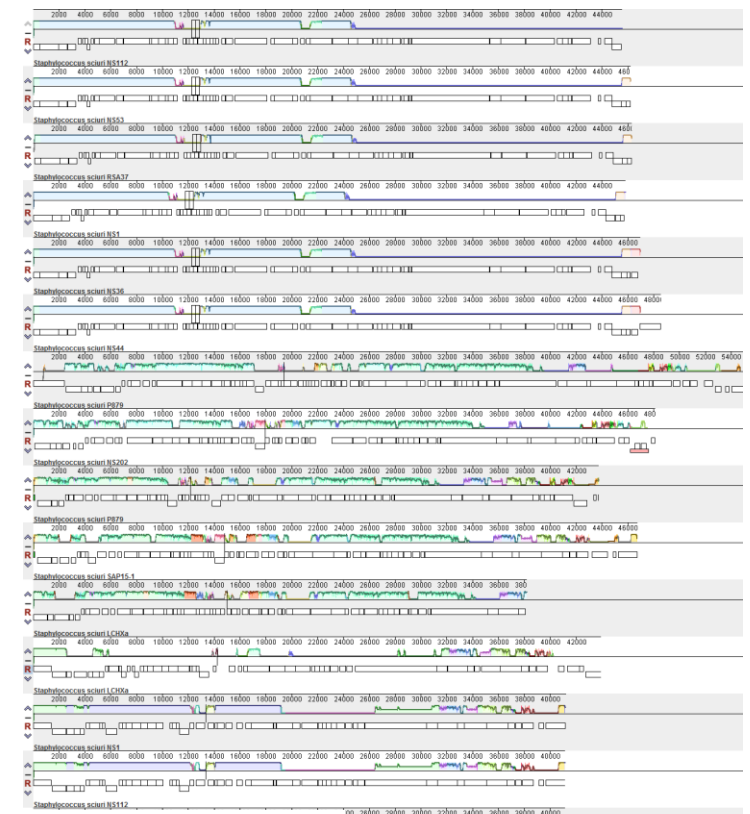
OPEN

Staphylococcus sciuri bacteriophages double-convert for staphylokinase and phospholipase, mediate interspecies plasmid transduction, and package *mecA* gene

Received: 04 January 2017
Accepted: 14 March 2017
Published: 13 April 2017

M. Zeman¹, I. Mašláňová², A. Indráková², M. Šiborová², K. Mikulášek², K. Bendíčková², P. Plevka², V. Vrbovská^{1,3}, Z. Zdráhal², J. Doška² & R. Pantůček²

Staphylococcus sciuri is a bacterial pathogen associated with infections in animals and humans, and represents a reservoir for the *mecA* gene encoding methicillin-resistance in staphylococci. No *S. sciuri* siphophages were known. Here the identification and characterization of two temperate *S. sciuri* phages from the *Siphoviridae* family designated ϕ 575 and ϕ 879 are presented. The phages have icosahedral heads and flexible noncontractile tails that end with a tail spike. The genomes of the phages are 42,160 and 41,448 bp long and encode 58 and 55 ORFs, respectively, arranged in functional modules. Their head-tail morphogenesis modules are similar to those of *Staphylococcus aureus* ϕ 13-like serogroup F phages, suggesting their common evolutionary origin. The genome of phage ϕ 575 harbours genes for staphylokinase and phospholipase that might enhance the virulence of the bacterial hosts. In addition both of the phages package a homologue of the *mecA* gene, which is a requirement for its lateral transfer. Phage ϕ 879 transduces tetracycline and aminoglycoside pST57-like resistance plasmids from its host to other *S. sciuri* strains and to *S. aureus*. Furthermore, both of the phages efficiently adsorb to numerous staphylococcal species, indicating that they may contribute to interspecies horizontal gene transfer.

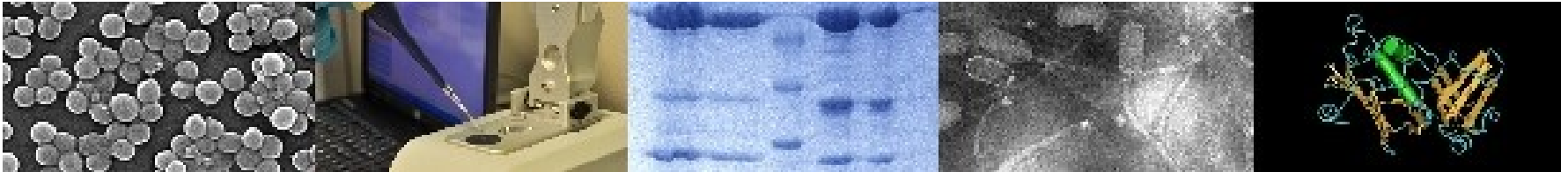


Zaměření výzkumné práce laboratoře

Molekulární biologie toxinogenních kmenů *Staphylococcus aureus*.

Cílem tohoto studia je identifikace genů a mobilních genetických elementů, které kódují stafylokokové toxiny a enzymy, např. hemolyziny, nukleázy, enterotoxiny, exfoliativní toxiny, TSST-1, PVL aj.), které jsou příčinou závažných onemocnění u lidí a zvířat.

Pozornost je věnována studiu molekulárních mechanismů vzniku toxicity a divergence u stafylokokových kmenů. Novým trendem je zavedení moderních diagnostických metod detekce bakteriálních toxinů a enzymů s využitím MALDI-TOF MS systému. V této oblasti laboratoř spolupracuje s [Národní referenční laboratoří pro stafylokoky SZÚ v Praze](#) a [Výzkumnou skupinou Proteomika CEITEC](#).



Plasmidy a bakteriofágy kódující exfoliativní toxiny



TOXICKÁ EPIDERMOLÝZA

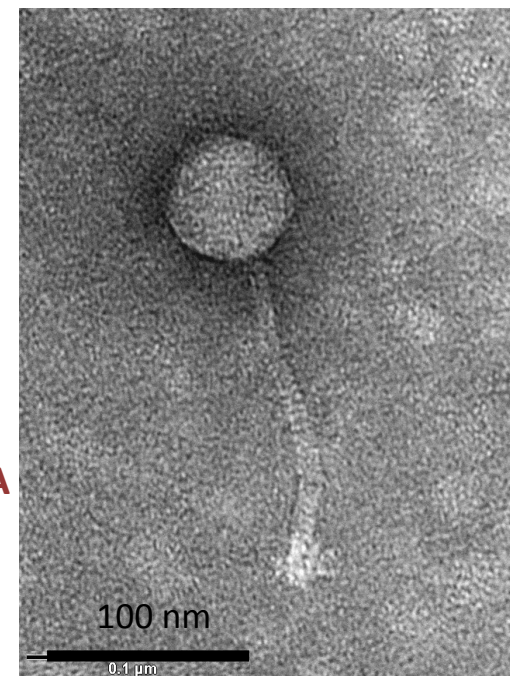
International Journal of Medical Microbiology 307 (2017) 291–296



Contents lists available at ScienceDirect

International Journal of Medical Microbiology

journal homepage: www.elsevier.com/locate/ijmm



S. aureus ETA-phage (2010)

Two highly divergent lineages of exfoliative toxin B-encoding plasmids revealed in impetigo strains of *Staphylococcus aureus*

Tibor Botka^a, Vladislava Růžičková^{a,*}, Karla Svobodová^a, Roman Pantůček^a, Petr Petráš^b, Darina Čejková^c, Jiří Doškar^a

^a Department of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 2, 611 37 Brno, Czech Republic

^b National Institute of Public Health, National Reference Laboratory for Staphylococci, Šrobárova 48, 100 42 Prague, Czech Republic

^c Veterinary Research Institute, Hudcova 70, 621 00 Brno, Czech republic

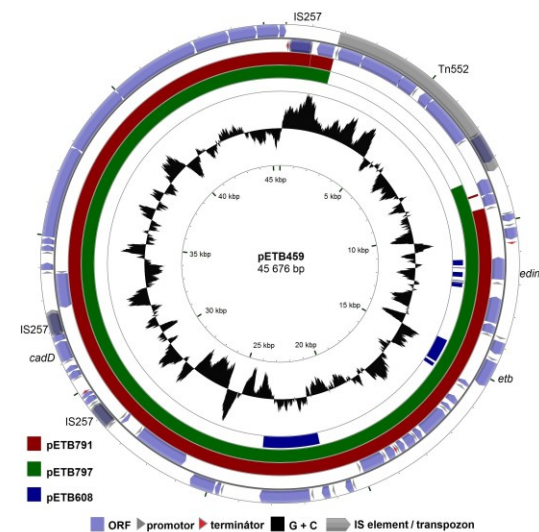


ARTICLE INFO

Keywords:
Staphylococcus aureus
 Exfoliative toxin B
 ETB plasmids
 Bullous impetigo
 Phylogeny

ABSTRACT

Exfoliative toxin B (ETB) encoded by some large plasmids plays a crucial role in epidermolitic diseases caused by *Staphylococcus aureus*. We have found as yet unknown types of *etb* gene-positive plasmids isolated from a set of impetigo strains implicated in outbreaks of pemphigus neonatorum in Czech maternity hospitals. Plasmids from the strains of clonal complex CC121 were related to archetypal plasmid pETB_{TY4}. Sharing a 33-kb core sequence including virulence genes for ETB, EDIN C, and lantibiotics, they were assigned to a stand-alone lineage, named pETB_{TY4}-based plasmids. Differing from each other in the content of variable DNA regions, they formed four

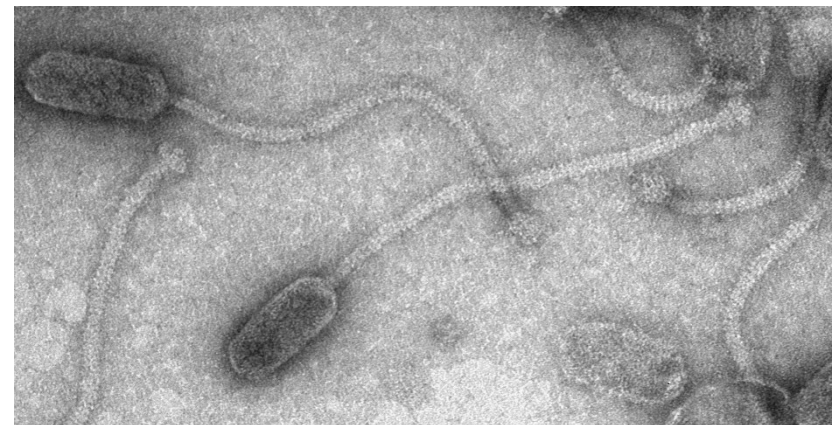
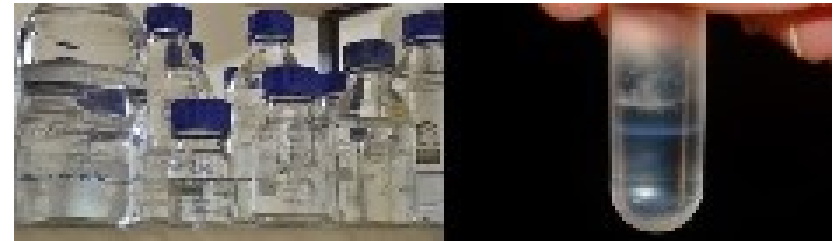
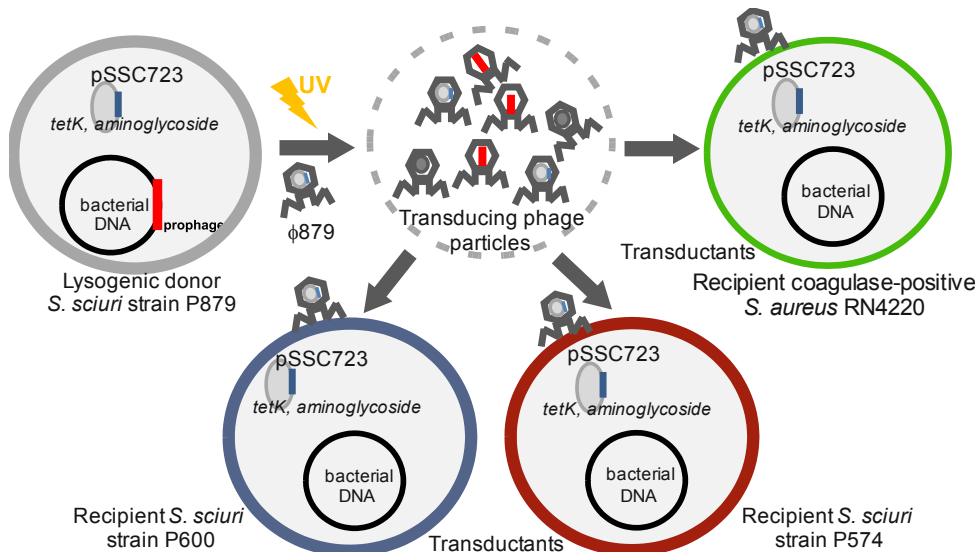


Mapa ETB plasmidu

Zaměření výzkumné práce laboratoře

Studium horizontálního přenosu genů v rámci rodu *Staphylococcus*.

Významnou složkou genomu většiny stafylokokových kmenů je řada variabilních genetických elementů (plazmidy, transpozony, profágy, genomické ostrovy a kazety SCC), které se snadno přenášejí horizontálně mezi jednotlivými kmeny i druhy a podílejí se na jejich rychlé evoluci. Řada těchto elementů nese geny pro tvorbu toxinů a determinant antibiotikové rezistence. V rámci tohoto výzkumu jsou tyto elementy a jimi nesené geny identifikovány a přesně charakterizovány. Pro horizontální přenos těchto genů mezi kmeny *S. aureus* jsou využívány mírné bakteriofágy, které se vyznačují schopností transdukce. Pozornost je proto věnována též analýze transdukujících bakteriofágů a studiu jejich schopnosti zabalovat do svých virionů různé geny a genomové elementy.



Studium horizontálního přenosu genů

RESEARCH LETTER – Pathogens & Pathogenicity

Efficient plasmid transduction to *Staphylococcus aureus* strains insensitive to the lytic action of transducing phage

Ivana Mašlaňová[†], Sabina Stříbná, Jiří Doškař and Roman Pantůček[‡]

Department of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 2, CZ-611 37 Brno, Czech Republic

*Corresponding author: Department of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 2, CZ-611 37 Brno, Czech Republic.
 Tel: +420 54949-7973; E-mail: iva.maslanova@gmail.com

One sentence summary: The plasmid transduction mediated by both propagated and induced bacteriophages proceeds efficiently into *Staphylococcus aureus* strains insensitive to the lytic action of transducing phage.

Editor: Mark Enright

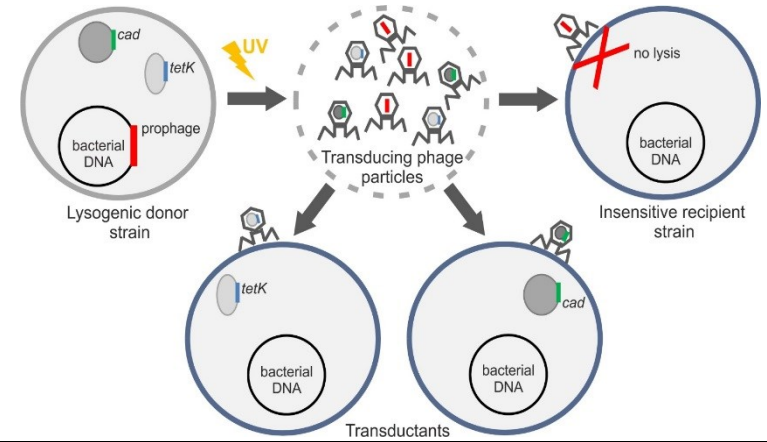
[†]Ivana Mašlaňová, <http://orcid.org/0000-0002-2597-2848>

[‡]Roman Pantůček, <http://orcid.org/0000-0002-3950-675X>

ABSTRACT

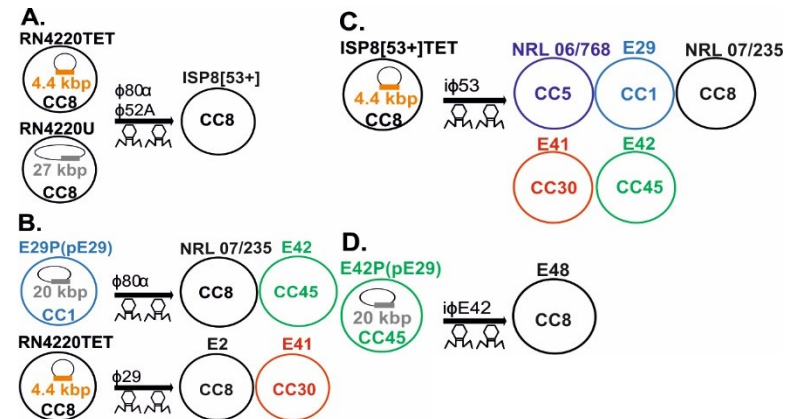
The transduction mediated by bacteriophages is considered to be one of the primary driving forces in horizontal gene transfer in staphylococci, which is crucial to their adaptation and successful evolution. For a transduction to be effective, it is generally accepted that the recipient strain should be susceptible to the transducing phage. In this study, we demonstrate that the plasmid DNAs are effectively transduced into the recipient *Staphylococcus aureus* strains in spite of their insensitivity to the lytic action of the transducing phage, provided that these phages adsorb effectively to the bacterial cells. The tetracycline and penicillinase plasmids were transduced to insensitive laboratory and clinical strains by bacteriophages ϕ 29, ϕ 52A and ϕ 80 α as well as by prophage ϕ 53 and naturally occurring prophages induced from donor lysogenic strains. Comparable frequencies of transduction were achieved in both phage-sensitive and phage-insensitive recipient strains. We have demonstrated that such mechanisms as the restriction of DNA and lysogenic immunity which are responsible for insensitivity of cells to phages may not be a barrier to the transfer, maintenance and effective spread of plasmids to a wider range of potential recipients in the staphylococcal population.

Keywords: *Staphylococcus aureus*; horizontal gene transfer; antimicrobial drug resistance; bacteriophage; plasmid transduction



RN4220 (pT181)	ϕ 52A	4.4: tetK	2.9×10^8	ISP8	1.6×10^4	sensitive	97.5
RN4220 (pT181)	ϕ 52A	4.4: tetK	2.9×10^8	RN4220 Δ TagO	none	non-sensitive	0.5
RN4220 (pT181)	ϕ 52A	4.4: tetK	2.9×10^8	ISP8 [E3+]	1.1×10^4	non-sensitive	98.7
RN4220 (pUSA-HOUMR-like)	ϕ 52A	27: caoD, blaZ	6.5×10^8	ISP8	1.5×10^4	sensitive	97.5
RN4220 (pUSA-HOUMR-like)	ϕ 52A	27: caoD, blaZ	6.5×10^8	none	none	non-sensitive	0.5
RN4220 (pUSA-HOUMR-like)	ϕ 52A	27: caoD, blaZ	6.5×10^8	ISP8 [E3+]	8.3×10^3	non-sensitive	98.7
RN4220 (pT181)	ϕ 29	4.4: tetK	1×10^8	RN4220 Δ TagO	none	sensitive	0.5
RN4220 (pT181)	ϕ 29	4.4: tetK	1×10^8	E2	1.1×10^4	non-sensitive	85.9
RN4220 (pT181)	ϕ 29	4.4: tetK	1×10^8	E41	2×10^7	non-sensitive	97.2
ISP8 [E3+] (pT181)	induced ϕ 53	4.4: tetK	1×10^8	RN4220 Δ TagO	none	non-sensitive	3.7
ISP8 [E3+] (pT181)	induced ϕ 53	4.4: tetK	1×10^8	E41	7×10^7	non-sensitive	97.22
ISP8 [E3+] (pT181)	induced ϕ 53	4.4: tetK	1×10^8	E42	1.1×10^7	non-sensitive	95.17
ISP8 [E3+] (pT181)	induced ϕ 53	4.4: tetK	1×10^8	NRL_06/768	6×10^3	non-sensitive	99.38
ISP8 [E3+] (pT181)	induced ϕ 53	4.4: tetK	1×10^8	E29	1.3×10^4	non-sensitive	97.24
ISP8 [E3+] (pT181)	induced ϕ 53	4.4: tetK	1×10^8	NRL_07/235	1.9×10^7	non-sensitive	91.22
E42(pE29)	induced ϕ E42	20: caoD, blaZ	none	RN4220 Δ TagO	none	non-sensitive	5
E42(pE29)	induced ϕ E42	20: caoD, blaZ	none	E48	1.25×10^4	non-sensitive	21.8

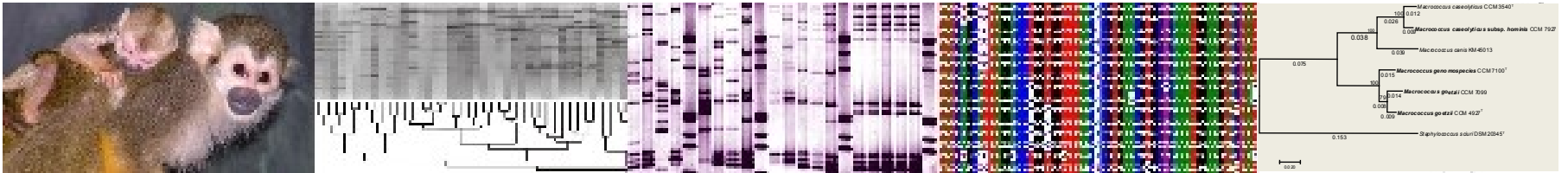
Mašlaňová a kol., 2016, FEMS



Zaměření výzkumné práce laboratoře

Molekulární taxonomie rodu *Staphylococcus*.

Vzhledem k důležitosti přesné, rychlé a spolehlivé identifikace druhů, posuzování jejich klinického významu, se laboratoř věnuje **molekulární taxonomii**. Výsledky těchto studií mají značný význam pro stanovení biodiverzity uvnitř skupiny gram pozitivních koků a z praktického hlediska ukazují na možnosti aplikovaných genetických metod pro identifikaci nových potenciálně patogenních bakteriálních druhů. Aplikace metod molekulární taxonomie umožnila ve spolupráci s [Českou sbírkou mikroorganismů \(CCM\)](#) popis několika nových druhů gram pozitivních koků s nízkým obsahem G+C z rodů *Staphylococcus*, *Micrococcus* a *Enterococcus*.





Description and Comparative Genomics of *Macrococcus caseolyticus* subsp. *hominis* subsp. nov., *Macrococcus goetzii* sp. nov., *Macrococcus epidermidis* sp. nov., and *Macrococcus bohemicus* sp. nov., Novel *Macrococci* From Human Clinical Material With Virulence Potential and Suspected Uptake of Foreign DNA by Natural Transformation

OPEN ACCESS

Edited by:

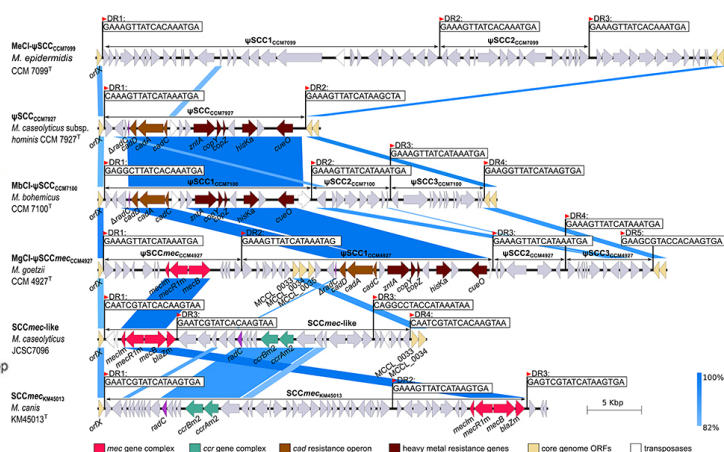
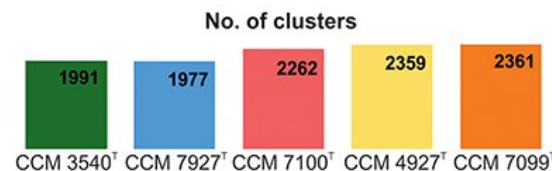
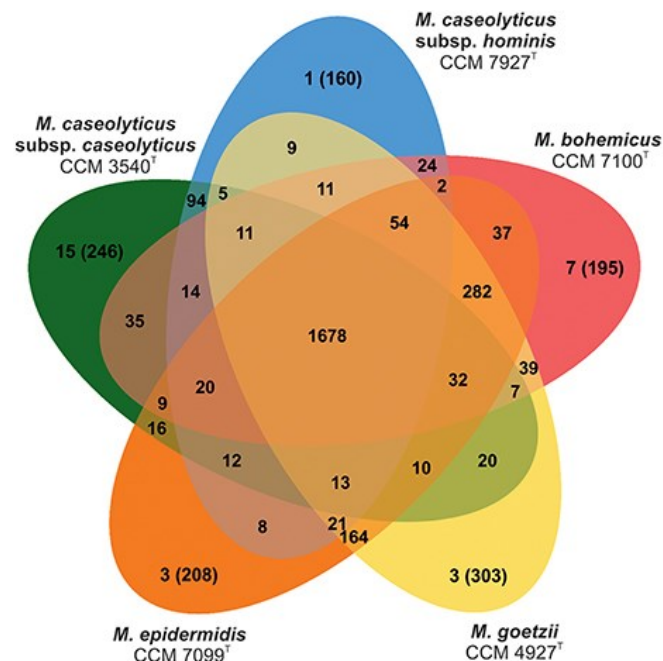
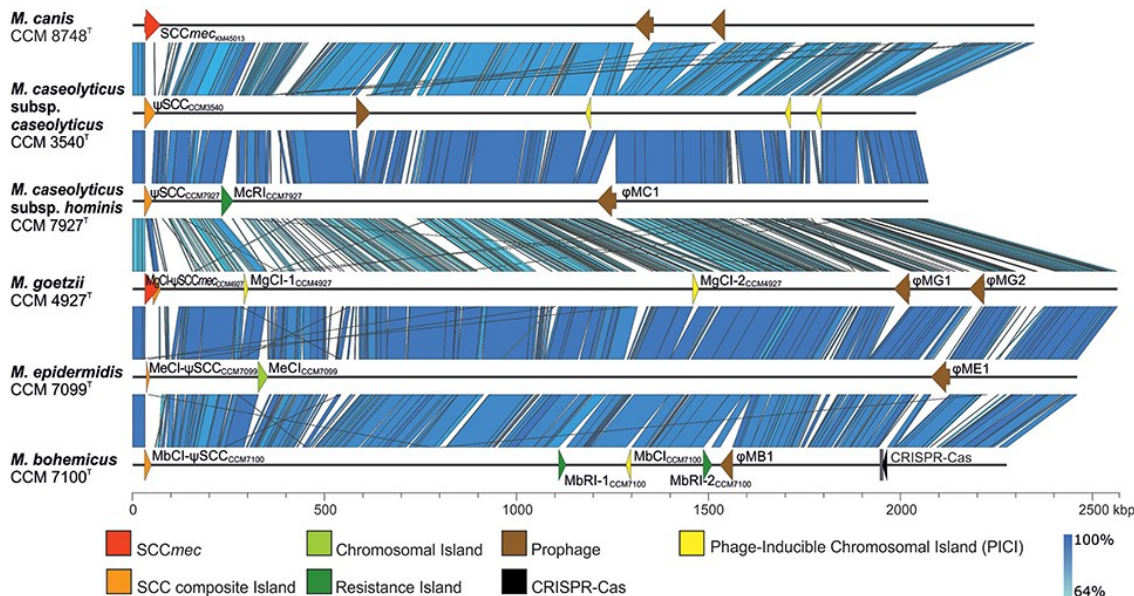
Iain Sutcliffe,
Northumbria University,
United Kingdom

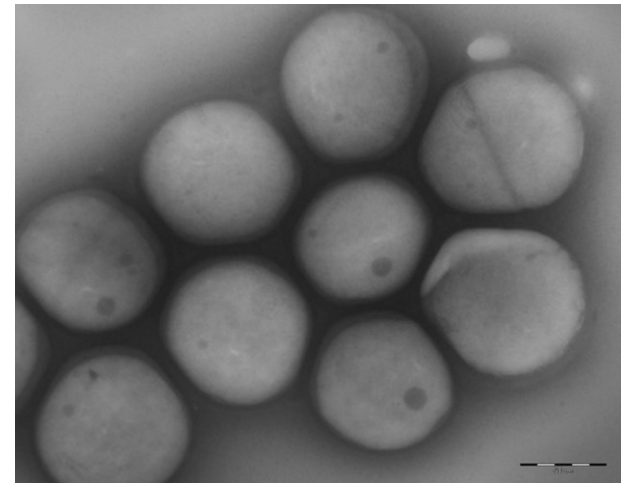
Reviewed by:

Maher Glari,
Carthage University, Tunisia
Martin W. Hahn,
University of Innsbruck, Austria
Aharon Oren,
Hebrew University of Jerusalem, Israel

*Correspondence:

Roman Pantuček
pantucek@sci.muni.cz





Staphylococcus edaphicus sp. nov., Isolated in Antarctica, Harbors the *mecC* Gene and Genomic Islands with a Suspected Role in Adaptation to Extreme Environments

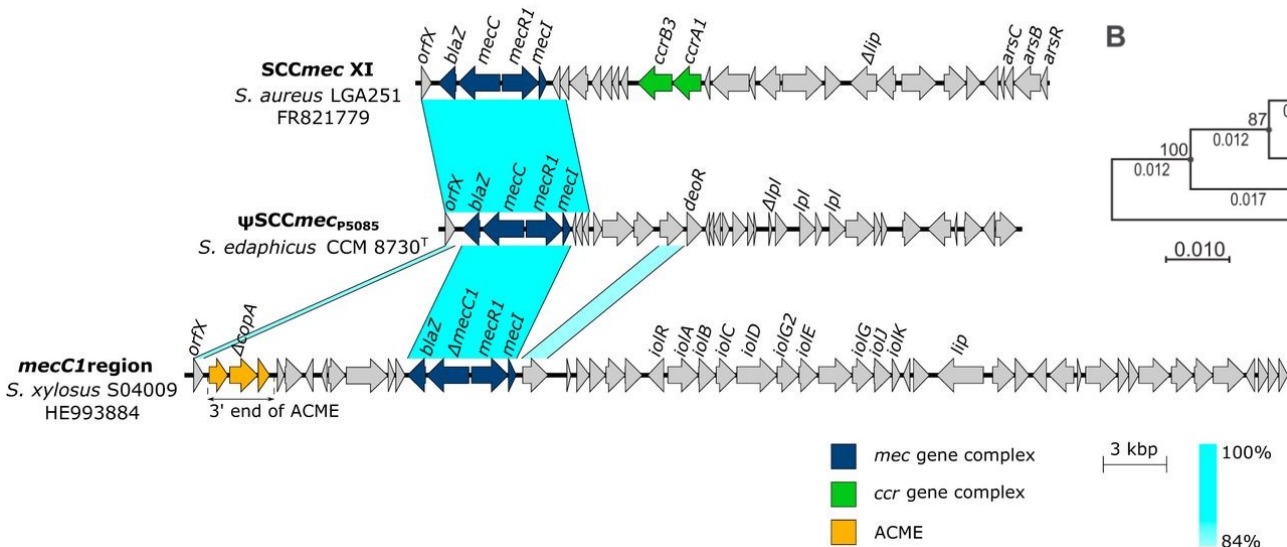
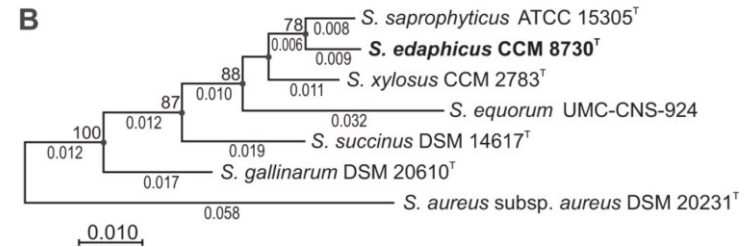
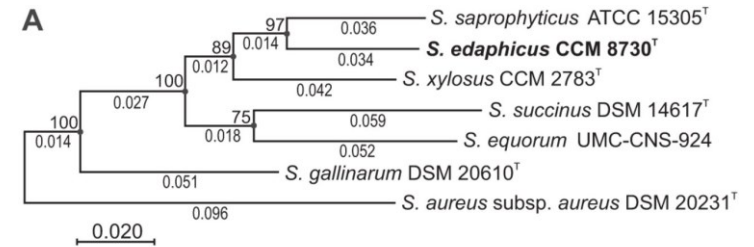
Roman Pantůček,^a Ivo Sedláček,^b Adéla Indráková,^a Veronika Vrbovska,^{a,b} Ivana Mašláňová,^a Vojtěch Kovařovic,^a Pavel Švec,^b Stanislava Králová,^b Lucie Křištofová,^b Jana Kekláková,^c Petr Petráš,^c Jiří Doškař^a

^aDivision of Genetics and Molecular Biology, Department of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University, Brno, Czech Republic

^bCzech Collection of Microorganisms, Department of Experimental Biology, Faculty of Science, Masaryk University, Brno, Czech Republic

^cReference Laboratory for Staphylococci, National Institute of Public Health, Prague, Czech Republic

ABSTRACT Two Gram-stain-positive, coagulase-negative staphylococcal strains were isolated from abiotic sources comprising stone fragments and sandy soil in James Ross Island, Antarctica. Here, we describe properties of a novel species of the genus



Red-pink pigmented *Hymenobacter coccineus* sp. nov.,
Hymenobacter lapidarius sp. nov. and *Hymenobacter glacialis* sp.
nov., isolated from rocks in Antarctica

Ivo Sedláček,^{1,*} Stanislava Králová,¹ Kamila Kýrová,¹ Ivana Mašlaňová,² Hans-Jürgen Busse,³ Eva Staňková,¹
Veronika Vrbovská,^{1,2} Miroslav Němec,⁴ Miloš Barták,⁵ Pavla Holochová,¹ Pavel Švec¹ and Roman Pantůček²

Aquitalea pelogenes sp. nov., isolated from
mineral peloid

Ivo Sedláček,¹ Soon-Wo Kwon,² Pavel Švec,¹ Ivana Mašlaňová,¹
Kamila Kýrová,¹ Pavla Holochová,¹ Jitka Černohlávková¹ and
Hans-Jürgen Busse³

Pedobacter psychrophilus sp. nov., isolated from fragmentary
rock

Pavel Švec,^{1,*} Stanislava Králová,¹ Hans-Jürgen Busse,² Tanita Kleinhagauer,² Kamila Kýrová,¹ Roman Pantůček,³
Ivana Mašlaňová,³ Eva Staňková,³ Miroslav Němec,⁴ Miloš Barták,⁵ and Ivo Sedláček¹

Mucilaginibacter terrae sp. nov., isolated from Antarctic soil

Ivo Sedláček,¹ Roman Pantůček,² Stanislava Králová,¹ Ivana Mašlaňová,² Pavla Holochová,¹ Eva Staňková,¹
Roman Sobotka,³ Miloš Barták,⁴ Hans-Jürgen Busse⁵ and Pavel Švec^{1,*}

Staphylococcus petrasii subsp. *pragensis*
subsp. nov., occurring in human clinical material

Pavel Švec,¹ Annelies De Bel,² Ivo Sedláček,¹ Petr Petráš,³
Tereza Gelbíčová,¹ Jitka Černohlávková,¹ Ivana Mašlaňová,⁴
Margo Cnockaert,⁵ Ivana Varbanovová,³ Fedoua Echahidi,²
Peter Vandamme⁵ and Roman Pantůček⁴

Vědecko-výzkumné projekty laboratoře

Řešené projekty

Období řešení	Číslo projektu	Investor	Název
2016-2019	NT16-29916A	Ministerstvo zdravotnictví ČR, AZV - Program na podporu zdravotnického aplikovaného výzkumu a vývoje na léta 2015-2022	Využití bakteriofágů v léčbě nozokomiálních infekcí spojených s multirezistencí či tvorbou biofilmu
2017	MUNI/A/0877/2016	MU, Podpora studentských projektů na MU, Kategorie A - Grantové projekty specifického výzkumu	Podpora výzkumné činnosti studentů molekulární biologie a genetiky 5
2015-2018	QJ1510216	Ministerstvo zemědělství ČR, Komplexní udržitelné systémy v zemědělství 2014 - 2018 "KUS"	Fágová terapie infekcí vyvolaných <i>Staphylococcus aureus</i> v chovech hospodářských zvířat
2017	MUNI/FR/1451/2016	Masarykova univerzita, Fond rozvoje MU	Pokročilé metody editace bakteriálních genomů pro Praktikum z genového inženýrství

Spolupráce

- Česká sbírka mikroorganismů (CCM)
- CEITEC Masarykova univerzita
- Biologický ústav Lékařské fakulty MU
- Národní referenční laboratoř pro stafylokoky, SZÚ v Praze
- Ústav lékařské mikrobiologie 2. LF UK a FN Motol
- Ústav mikrobiologie Lékařské fakulty UP Olomouc
- Výzkumný ústav veterinárního lékařství, oddělení bakteriologie
- Katedra genetiky, Přírodovědecké fakulty Univerzity Komenského
- Mikrobiologický ústav LF MU a FN U Svaté Anny v Brně
- Ústav analytické chemie AV ČR
- Biofyzikální ústav AV ČR
- Ústav chemie potravin a biotechnologií, Fakulta chemická VUT v Brně
- MB Pharma s.r.o.

ZAHRANIČNÍ

Univerzita v Tübingenu, Německo

Univerzita v Groningenu, Holandsko



Vzdělávací aktivity zajišťované laboratoří

PŘEDNÁŠKY

- Bi4020 Molekulární biologie
- Bi7120 Molekulární biologie prokaryot
- Bi7140 Molekulární biologie virů
- Bi8090 Genové inženýrství
- Bi5000 Bioinformatika I – nukleové kyseliny

- Bi8360 Molekulární diagnostika mikroorganismů
- Bi6400 Metody molekulární biologie

CVIČENÍ

- Bi4035 Praktikum z molekulární biologie
- Bi7311 Praktikum z mol. biologie prokaryot
- Bi8312 Praktikum z molekulární biologie virů
- Bi8313 Praktikum z genového inženýrství
- Bi9061 Bioinformatika - cvičení

Vedení disertačních, diplomových a bakalářských prací

Kontakty a webové stránky laboratoře:



www.sci.muni.cz/lmdm/

O nás Historie Lidé Publikace Výzkum Výuka Kontakt



Úvod

O nás

Laboratoř molekulární diagnostiky mikroorganismů (LMDM)

Laboratoř molekulární diagnostiky mikroorganismů je jednou ze šesti laboratoř začleněných do Oddělení genetiky a molekulární biologie Ústavu experimentální biologie PFF MU.

Naše výzkumné projekty jsou zaměřeny na molekulární diagnostiku a genomiku patogenních a klinicky významných bakteriálních kmenů druhů rodu *Staphylococcus* a studium molekulární biologie bakteriofágů. Cílem projektů je vývoj nových diagnostických metod pro molekulární epidemiologii a taxonomii, studium interakcí bakteriofág-hostitel, studium horizontálního přenosu bakteriálních genů prostřednictvím bakteriofágů a charakterizace polyvalentních stafylokokových bakteriofágů s potencionálním využitím ve fágové terapii.

V laboratoři se koná pravidelná teoretická i praktická výuka molekulární biologie prokaryot, virů a genového inženýrství studentů Přírodovědecké fakulty MU v Brně v rámci akreditovaných bakalářských, magisterských a doktorských programů. Laboratoř je školícím pracovištěm doktorského studia v oborech **Molekulární a buněčná biologie** a **Mikrobiologie**.

Přehled nabízených témat prací pro doktorské studium v laboratoři molekulární diagnostiky mikroorganismů na rok 2013/2014.

[K nahlédnutí zde](#)

Konference

Proběhne:

23. - 25.4.2013 - Bacteriophages: Theoretical and Practical Aspects of Their Application in Medicine, Veterinary and Food (Uljanovsk, Ruská federace) URL

9. - 13. 6. 2013 - 12th Symposium on Bacterial Genetics and Ecology (Ljubljana).

facebook [Zaregistrovat se](#) [Přihlásit se](#)

Zapomněli jste přístup k účtu?



Laboratoř molekulární diagnostiky mikroorganismů, MU, Brno

<https://www.facebook.com/LMDM.Bрно>

