

**ZÁPADOČESKÁ UNIVERZITA V PLZNI**

**FAKULTA PEDAGOGICKÁ**

**CENTRUM BIOLOGIE, GEOVĚD A ENVIGOGIKY**

**SCREENING LIDSKÝCH KOMENSÁLNÍCH A PATOGENNÍCH  
BAKTERIÍ NA BÝVALÝCH POHŘEBIŠTÍCH**

**DIPLOMOVÁ PRÁCE**

**Bc. Marie-Dorothea Klaisnerová**

*Učitelství biologie pro střední školy*

Vedoucí práce: Mgr. Jaroslav Pavelka, Ph.D.

**Plzeň, 2022**

Prohlašuji, že jsem diplomovou práci vypracovala samostatně s použitím uvedené literatury a zdrojů informací.

V Plzni, 4. srpna 2022

.....  
vlastnoruční podpis

Ráda bych tímto poděkovala vedoucímu mé diplomové práce Mgr. Jaroslavu Pavelkovi, Ph.D. za poskytnutí dat k jejímu vypracování, pomoc při zpracování údajů, odborné vedení, rady a čas a trpělivost které mi věnoval. Také bych ráda poděkovala své rodině za jejich podporu.

## OBSAH

KLÍČOVÁ SLOVA .....	3
1 ÚVOD.....	4
2 TEORETICKÁ ČÁST .....	5
2.1 LOKALITY .....	5
2.1.1 Hostivice.....	5
2.1.2 Semonice .....	7
2.2 BAKTERIE LIDSKÉHO MIKROBIOMU.....	8
2.2.1 Bakteriální orální mikrobiom .....	8
2.2.2 Bakteriální mikrobiom gastrointestinálního traktu.....	9
2.2.3 Bakteriální kožní mikrobiom .....	9
2.2.4 Patogenní bakterie .....	10
2.2.5 Historické mikroorganismy .....	10
2.3 METAGENOMIKA .....	17
2.4 IZOLACE A PURIFIKACE NUKLEOVÝCH KYSELIN .....	18
2.4.1 Izolace nukleových kyselin z bakteriálních buněk .....	19
2.4.2 Izolace nukleových kyselin fenol-chloroformovou metodou .....	21
2.4.3 Izolace DNA s využitím magnetických kuliček.....	23
2.5 POLYMERÁZOVÁ ŘETĚZOVÁ REAKCE (PCR) .....	24
2.5.1 Princip a postup PCR.....	25
2.5.2 Výhody PCR.....	26
2.5.3 Nevýhody PCR.....	26
2.6 SEKVENOVÁNÍ NOVÉ GENERACE .....	27
2.6.1 Illumina Solexa.....	29
2.6.2 Přístup 16S rRNA.....	32
3 MATERIÁL A METODIKA .....	33
3.1 ODBĚR VZORKŮ .....	33
3.2 IZOLACE DNA.....	33
3.3 ZPRACOVÁNÍ VZORKŮ.....	35
3.3.1 Sekvenace vzorků metodou Illumina.....	35
3.3.2 Analýza získaných dat.....	35
4 VÝSLEDKY .....	36
4.1 KOMENZÁLNÍ BAKTERIE .....	36
37	
4.1.1 Hostivice komenzální bakterie .....	40
4.1.2 Semonice komenzální bakterie .....	43
4.2 VÝSLEDKY PATOGENNÍ BAKTERIE.....	46
4.2.1 Hostivice patogenní bakterie .....	49
4.2.2 Semonice patogenní bakterie.....	51
5 DISKUSE .....	55
6 ZÁVĚR .....	65
7 RESUMÉ .....	67
8 SUMMARY .....	68
SEZNAM ZDROJŮ .....	69

---

SEZNAM LITERATURY .....	69
INTERNETOVÉ ZDROJE .....	99
SEZNAM OBRÁZKŮ, TABULEK, GRAFŮ A DIAGRAMŮ.....	100
SEZNAM OBRÁZKŮ .....	100
SEZNAM GRAFŮ .....	100
SEZNAM TABULEK.....	101
PŘÍLOHY .....	I

## **KLÍČOVÁ SLOVA**

Bakterie, metagenomika, patogenní bakterie, komenzální bakterie člověka, identifikace bakterií, sekvenování nové generace, Illumina, PCR, izolace DNA, historické bakterie

# 1 ÚVOD

Tato diplomová práce je zaměřena na metagenomické sekvenování vzorků odebraných ze dvou historických pohřebišť z České republiky se zaměřením na mapování komenzálních a patogenních bakterií člověka, zachovaných na těchto pohřebišťích. První mapovanou lokalitou je pohřebiště v Hostivici, které bylo datováno do období v rozmezí mezi druhou polovinou šestnáctého století a první polovinou století sedmnáctého (Murda et al., 2012; Průchová et al., 2011), druhou mapovanou lokalitou je pohřebiště u Semonice, jenž bylo datováno do osmnáctého století, pravděpodobně do jeho druhé poloviny (Průchová, ústní sdělení).

U všech vzorků byl proveden skreening bakterií, ze zachovalých zubů, půdy z břišní dutiny a kravských kosterních pozůstatků. Pro testování bylo využito metagenomické sekvenování, za využití sekvenačních metod nové generace, které bylo vybráno proto, že je schopné obsáhnout DNA většiny bakterií, případně dokáže zachytit jen samotnou zachovalou bakteriální DNA. Metody mají široké využití v lékařství i výzkumu (Vai a Caramelli, 2016; Xuan et al., 2013). Jednou ze známých výhod? sekvenování nové generace je poměrně rychlé sekvenování značné části genomu vybraného organismu (Margureat, et al 2008).

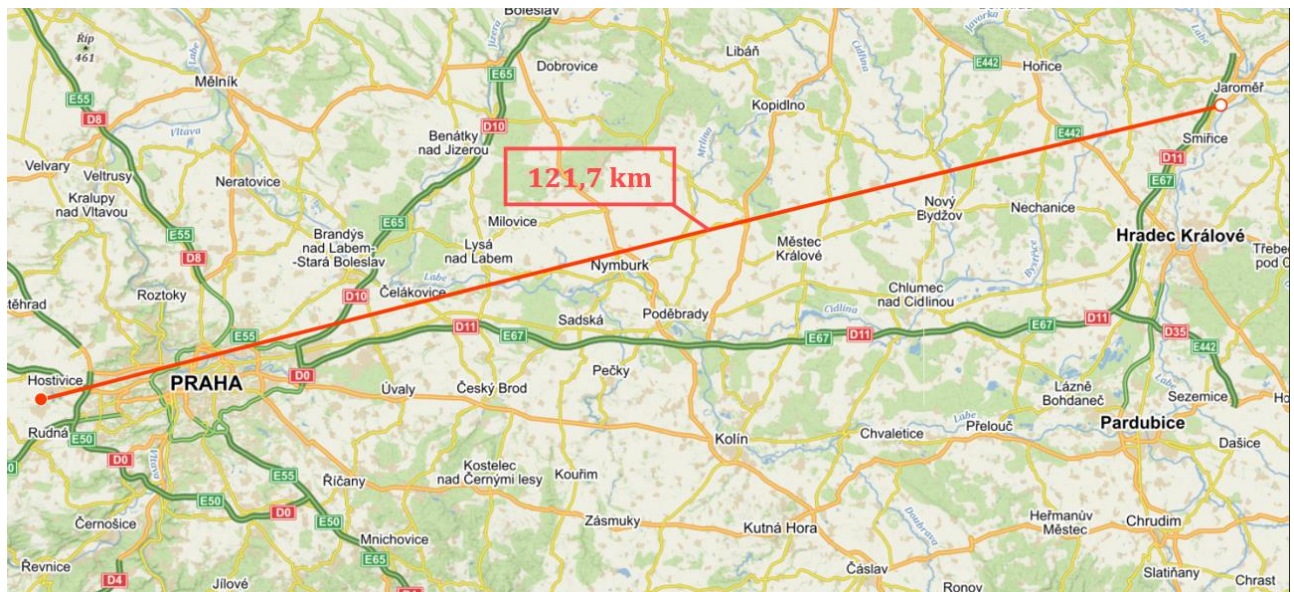
V této studii jsou použity vzorky z normálních kostrových hrobů z pohřebiště uložené v zemině. Pokusíme se o rozlišení nejen na úrovni zubního plaku (Weyrich et al., 2017; White, 1997), ale také o rozlišení a identifikaci lidských bakterií z původní břišní dutiny od bakterií běžně se vyskytujících v hlíně, základní položenou otázkou je, zda se po několika staletích zachovají v půdě v bývalé břišní dutině původně lidské bakterie střevního mikrobiomu. Dále si tato práce vzala za úkol porovnat vzorky mikrobiomu ze dvou novověkých zemědělských lokalit vzdálených vzdušnou čarou asi 125 km. Jedním z cílů této práce je také zjistit, zda se liší lidská ústní mikrobiota v závislosti na změně stravy, při porovnání mikrobiomu zemědělců ve střední Evropě v novověku a mikrobiomu současných lidí.

Hlavním cílem této práce je především rozdělení a klasifikaci bakterií, získaných z historických pohřebišť v Hostivicích a Semonicích, které mohou být součástí lidského mikrobiomu, se zaměřením na komenzální bakterie kůže a ústní dutiny a bakterie pro člověka patogenní.

## 2 TEORETICKÁ ČÁST

### 2.1 LOKALITY

Ke sběru vzorků určených k analýze pro tuto práci došlo na dvou geograficky odlišných historických pohřebištích v České republice, které jsou od sebe vzdáleny cca 122 km vzdušnou čarou (viz Obr. 1).



Obr. 1 Umístění a vzdálenost lokalit Hostivice a Semonice (zdroj: mapy.cz).

První lokalitou je městečko Hostivice (viz Obr. 1), které leží na západním okraji Hlavního města Prahy, v blízkosti Letiště Václava Havla a městské části Zličín, nachází se ve Středočeském kraji. Druhá lokalita, městská část Semonice, se nachází v Královéhradeckém kraji zhruba 15 km jižně od Hradce Králové a spadá pod město Jaroměř (viz Obr. 1).

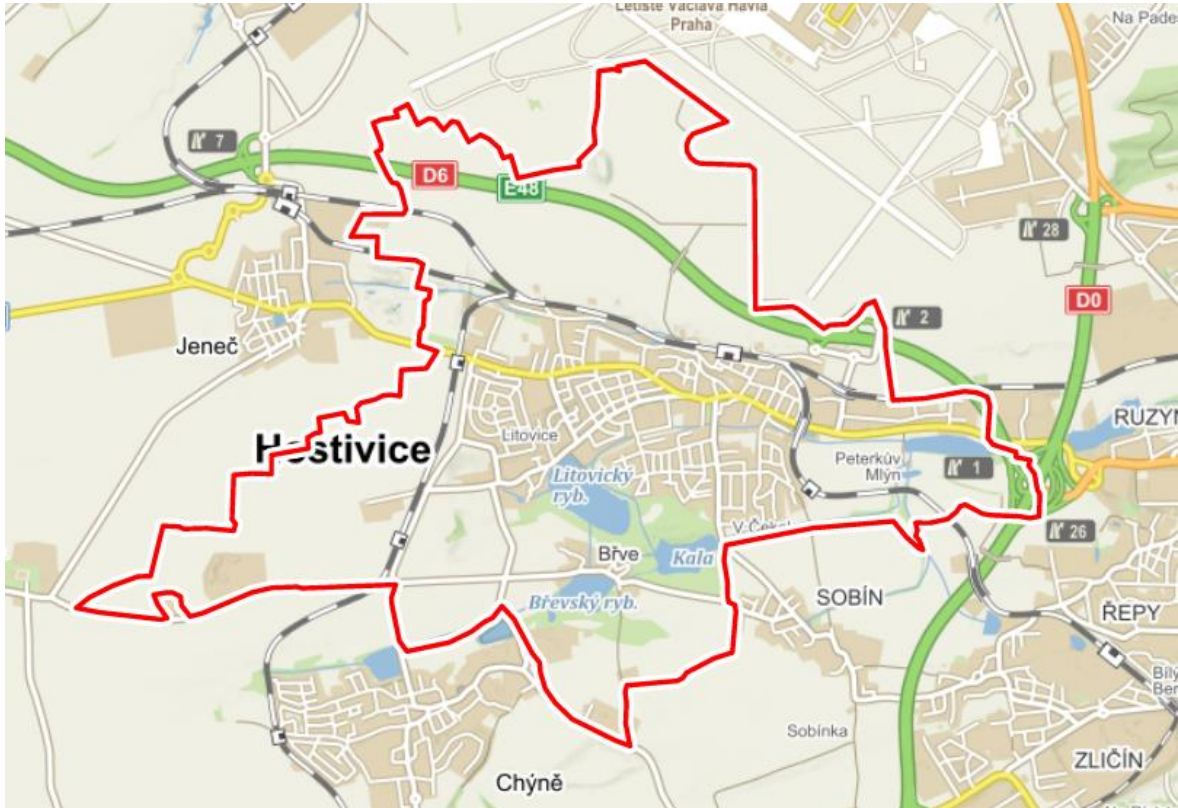
Rozdíl nadmořských výšek mezi oběma lokalitami nepřesahuje 100 m, nacházejí v oblasti s podobnými klimatickými podmínkami. Obě lokality patří do hercynské provincie, každá však spadá do rozdílného biogeografického regionu s odlišnými geologickými podmínkami (Culek et al., 1996).

#### 2.1.1 HOSTIVICE

Městečko Hostivice se nachází v okrese Praha-západ ve Středočeském kraji, od hranice hlavního města je vzdálené přibližně 4 km (viz Obr. 2) a nachází se v nadmořské výšce 341 metrů nad mořem. Nachází se v Řípském bioregionu, což je



samostatná jednotka v biogeografického členění krajiny v rámci regionu. V každém bioregionu najdeme biocenózy se specifickými chronologickými rysy, ty jsou ovlivněny polohou regionu. (Culek et al., 1996).



Obr. 2 Lokalita Hostivice (zdroj: mapy.cz).

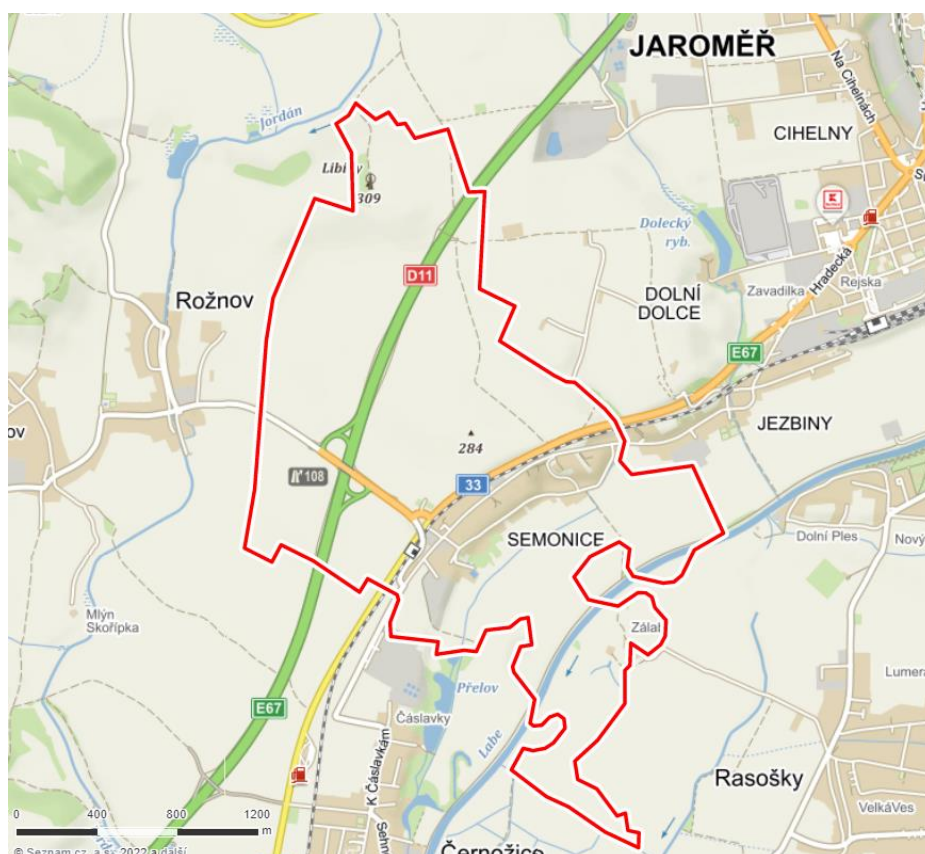
Podle Culka et al. (1996) je pro celý Řípský bioregion specifické suché podnebí se srážkami 450-500 mm, typickými půdami jsou karbonátové černozemě na spraších, jejichž podkladem jsou v okolí Prahy poměrně tenké křídové sedimenty s nesouvislou pokrývkou na vyvýšených plošinách. Culek et al. (1996) se také zmiňuje o tom, že se u nás jedná o území s nejdéle obydlenými oblastmi a to již z období neolitu a v katastru obce se nachází mnoho historicky významných míst jako je tvrz Litovice, Hostivický zámek, kostel sv. Jakuba, Peterkův mlýn a mnoho dalších (viz Obr. 2). Městem protéká Jenečský a Litovický potok, součástí jehož toku je několik vodních nádrží, a který je hlavním odtokem vody ze soustavy Hostivických rybníků, které byly roku 1996 vyhlášeny za přírodní památku, která se nachází ve spodní části obce [1]. Mimo městskou, silniční zástavbu a přírodní rezervaci Hostivické rybníky v okolí převládá zemědělská půda s velmi řídkým lesním porostem (viz Obr. 2).

### 2.1.1.1 Stáří pohřebiště

Stáří historického pohřebiště v Hostivici bylo datováno v rozmezí od druhé poloviny šestnáctého století až do první poloviny století sedmnáctého (Průchová et al., 2011).

### 2.1.2 SEMONICE

Městská část Semonice spadá do evidence města Jaroměř, která patří do okresu Náchod v Královéhradeckém kraji (viz Obr. 3). Nachází se zhruba 15 kilometrů severně od města Hradec Králové v nadmořské výšce 260 metrů nad mořem a nachází se v Cidlinském bioregionu (Culek et al., 1996).



Obr. 3 Lokalita Semonice (zdroj: mapy.cz).

Podnebí Cidlinského bioregionu je podle Culka et al. (1996) na jihozápadu regionu teplé s přechodem v mírně teplé po jeho obvodu, se srážkami v rozmezí mezi 580 až 700 mm, typické jsou zde rozsáhlé plochy černicové černozemě, černice (vertické, oglejené, pelické) a šedozemě, které najdeme severně od Hradce Králové. Jedná se o staroosídlenou oblast, zvláště pak v nížinách a do katastru městské části patří historické objekty jako je kostel sv. Markéty, hřbitov Semonice a další (viz

Obrázek 3). Spodní částí území městské části Semonice protéká Mlýnský náhon a řeka Labe, nachází se zde také dvě umělé nádrže a koupaliště. Mimo městskou a silniční zástavbu v okolí převládá zemědělská půda s velmi řídkým lesním porostem (viz Obr. 3).

#### 2.1.2.1 Stáří pohřebiště

Stáří historického pohřebiště v Semonici je datováno od osmnáctého století a pravděpodobně pochází z jeho druhé poloviny (Průchová, ústní sdělení).

## 2.2 BAKTERIE LIDSKÉHO MIKROBIOMU

Genetická výbava každého jedince lidské populace je skoro identická, i tak ale i ty nejmenší rozdíly v genetické informaci přinášejí neuvěřitelnou fenotypovou rozmanitost naší populace. Vedle toho však metagenom lidského mikrobiomu, neboli celkový obsah genetické informace mikrobů, které obývají lidský organismus, je podstatně variabilnější. Uvádí se, že pouze třetina základních genů lidského metagenomu se nachází u většiny zdravých jedinců (Loyd-Price et al., 2016). Podle současných výzkumů je tedy každý lidský jedinec vybaven ‚sadou‘ svých vlastních mikrobiálních kmenů (Franzosa et al., 2015), které pravděpodobně získává ve velmi raném věku, a které se liší mezi populacemi a prostředím (Koenig et al., 2011). Mikrobiom může být velice stabilní, ale zároveň v něm může docházet k velmi rychlým změnám, ty mohou být způsobeny jak genetické, tak i enviromentální faktory (Blum, 2017). Součástí lidského mikrobiomu jsou různé skupiny mikroorganismů od virů přes archea až po různá eukaryota a jeho velmi podstatnou součástí jsou právě i různé skupiny bakterií (Loyd-Price et al., 2016).

#### 2.2.1 BAKTERIÁLNÍ ORÁLNÍ MIKROBIOM

Orální mikrobiom je vedle mikrobiomu gastrointestinálního traktu nejbohatším mikrobiomem těla člověka. Bakteriální společenstva nalezená v ústech jsou vysoce komplexní a pohybují se v počtu okolo 1000 přítomných druhů (Wade, 2013). Některé z těchto bakterií se podílejí na onemocněních ústní dutiny jako jsou zubní kazy či paradentóza, které patří mezi nejvíce běžné bakteriální infekce člověka (Aas et al., 2005).

V bakteriální komunitě úst dominují kmeny *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Spirochaetes* a *Fusobacteria* (Wade, 2013), což potvrzují Yamashita a Takeshita (2017), kteří u většiny zkoumaných subjektů, u nichž analyzovali slinnou bakteriální mikroflóru detekovali rody *Streptococcus*, *Neisseria*, *Rothia*, *Prevotella*, *Actinomyces*, *Granulicatella*, *Porphyromonas*, *Haemophilus* a *Porphyromonas*. Aas et al., (2005) kromě těchto detekovali rody *Eubacterium*, *Selenomonas*, *Veillonella*, *Atopobium*, *Eikenella*, *Campylobacter*, *Capnocytophaga*, *Fusobacterium* a *Leptotrichia*, zjistili však také, že více jak polovina orální flory představovala dosud nekultivované fylotypy.

### 2.2.2 BAKTERIÁLNÍ MIKROBIOM GASTROINTESTINÁLNÍHO TRAKTU

Bakteriální mikrobiom gastrointestinálního traktu, a zvláště pak střevní mikroflóra, je rozmanitý a komplexní systém, modifikací jehož funkce může dojít ke změně střevní propustnosti, trávení, metabolismu a dokonce i imunitních reakcí (Gomaa, 2020). Střevní mikroflóra se skládá z více než 1500 druhů, které jsou patřící do více než 50 různých kmenů (Guarner a Malagelada 2003), z nichž jsou nejběžnější kmeny *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Proteobacteria* a *Actinobacteria* (Bäumler a Sperandio, 2016), a z nichž se valná většina řadí mezi komenzální či mutualistické organismy (Fan a Pedersen, 2020). Mezi nejběžnější rody bakterií střevní mikroflóry patří *Bacteroides*, *Clostridium*, *Fusobacterium*, *Akkermansia*, *Prevotella*, *Eubacterium*, *Ruminococcus*, *Peptococcus*, *Peptostreptococcus* a *Bifidobacterium* (Davenport et al., 2017; Shanahan et al., 2017).

### 2.2.3 BAKTERIÁLNÍ KOŽNÍ MIKROBIOM

Oproti zbylým orgánovým soustavám není kůže díky své salinitě, aciditě, nedostatku vlhkosti a živin prostředím ideálním pro rozvoj mikroorganismů, ale i přes to se na kůži běžně nachází zhruba 1000 bakterií (Eisenstein, 2020) a mění se v průběhu života jedince. Po narození je základem mikroflory novorozence vaginální mikroflóra matky, kde převládá druh *Lactobacillus*, pokud však dojde k porodu pomocí císařského řezu budou to druhy *Staphylococcus*, *Corynebacterium* a *Cutibacterium* (Luna, 2020). Během života na kůži převládají rody *Propionibacterium*, *Dermacoccus*, *Corynebacterium* a *Staphylococcus* (Lunjani et al., 2019).

## 2.2.4 PATOGENNÍ BAKTERIE

Patogenní bakterie využívají zdroje uhlíku a dusíku pocházející z lidského mikrobiomu jako živiny a regulační signály k podpoře vlastního růstu a virulence. Vyvoláním zánětu mění své okolní prostředí, přičemž používají systémy k získávání kovů a řízení své expanze. Narušením spolupráce mezi přirozenou mikroflórou a hostitelem, tak patogenní bakterie získávají možnost manipulovat přirozenou mikroflóru proti infekčním chorobám, složení lidské mikroflóry tak může způsobit odolnost, či naopak pomoci invazi patogenních bakterií (Bäumler a Sperandio, 2016).

Patogenní bakterií může jednak být bakterie, která se do organismu dostane z prostředí (Staley et al., 2014; West, 1989), může se však také jednat o bakterii komenzální, která se dostala mimo své primární místo výskytu (Hu a Zhang, 2020; Staley et al., 2014). Mezi první skupinu můžeme zařadit například rody *Vibrio*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *Parachlamydia* či *Haemophilus* (Greub, 2009; Christensen et al., 2021; Staley et al., 2014; West, 1989). Mezi komenzální bakterie, které mohou být oportunně patogenní patří rody *Staphylococcus*, *Prevotella*, *Haemophilus* či *Leptotrichia* (Baron et al., 2020; Eribe et al., 2004; Fournière et al., 2020; Hu a Zhang, 2020; Motta et al., 2020).

## 2.2.5 HISTORICKÉ MIKROORGANISMY

### 2.2.5.1 Historický orální mikrobiom člověka

Během posledních let se stále více chápe význam komenzálních mikrobů pro lidské zdraví, avšak jak se změny, které v minulosti nastaly v lidské stravě a kultuře promítly na evoluci komenzální mikrobioty není stále dostatečně prozkoumané. Stravovacích změn je v průběhu lidské historie celá řada, ale uveďme dvě největší. První změnou je neolitická revoluce, kdy došlo k přijetí zemědělské stravy bohaté na sacharidy a druhou, novější změnou je příchod průmyslově zpracované mouky a cukru (zhruba 1850). Dá se předpokládat, že se orální mikrobiom vyvíjel u lovců a sběračů milióny let a relativně nedávný přechod na zemědělství nemusel stačit k vyvinutí optimálního mikrobiálního biomu. Neolit začal podle posledních datování před asi 10 000 lety v Anatólii a v Evropě se zemědělství začalo v různých oblastech rozvíjet mezi lety 6 000 až 2 000 př. n. l. (Bramanti et al. 2009, Shennan et al. 2013). Tím spíše nemuselo dojít k výrazné adaptaci od poloviny 19. století. Řadu informací o

mikrobiomu lidí z minulosti může přinést výzkum zubního plaku. Ukázalo se, že zvápenatělý zubní plak (dentální kámen, kalkul), na starých zubech uchovává z minulosti podrobný genetický záznam (Adler et al. 2013). DNA data z 34 raných evropských koster naznačují, že přechod od lovců a sběračů k farmaření posunul orální mikrobiální komunitu do konfigurace spojené s onemocněním ústní dutiny (Adler et al. 2013). Z údajů, které jsou v současné době k dispozici se zdá, že složení ústní mikroflóry zůstalo nečekaně konstantní v období mezi neolitem a středověkem, v pozdější době se, (nyní všudypřítomné), kariogenní bakterie staly dominantními, k čemuž zřejmě došlo během průmyslové revoluce. Současné orální mikrobiotické ekosystémy jsou výrazně méně rozmanité než historické populace, což může přispívat k chronickým orálním (a dalším) onemocněním v postindustriálním životním stylu (Adler et al. 2013).

Z historických zubních plaků můžeme vyčíst vztah mezi imunitními faktory hostitele, patogeny „červeného komplexu“ (red-complex) a periodontálním onemocněním a sekvencemi DNA odpovídajícími potravinovým zdrojům (Warinner et. al. 2014). „Červený komplex“, složený z *Bacteroides forsythus*, *Porphyromonas gingivalis* a *Treponema denticola*, se podílí na těžkých formách periodontálních onemocnění (Rôças et al. 2001). Přímo zjiřitelný a téměř všudypřítomný zubní kámen umožňuje simultánní zkoumání aktivity patogenů, ve vztahu k hostitelské imunitě a stravě, čímž se rozšiřuje přímé zkoumání běžných nemocí do lidské evoluční minulosti (Warinner et. al. 2014).

Výzkum historických zubních plaků je příležitost prozkoumat bioarcheologické záznamy minulých lidských ústních mikrobiomů a to umožňuje identifikaci faktorů, které v průběhu času změnily zastoupení druhů v ústní dutině. Zubní kámen můžeme chápat jako nástroj, který lze použít k odběru vzorků orálního mikrobiomu minulých lidských populací a ke zkoumání toho, jak se mikrobiom přizpůsobuje a vyvíjí po velkých kulturních a demografických posunech. Zubní kámen (zvápenatělý zubní kámen nebo plak) je dnes rozšířen na moderních lidských zubech po celém světě. Vzniká postupným usazováním mikroorganismů a zbytků potravy na korunce zubu, tento substrát mnohdy zvápenatí díky složitému procesu mineralizace. K tomu dochází díky kombinaci měkkých škrobových potravin a změnám v kyselosti ústního prostředí, svou roli samozřejmě hrají také genetická predispozice či absence

dentální hygieny. V takto vzniklé mineralizované matrici jsou zachyceny a uchovány miliony orálních mikrobů, včetně patogenů spojených s ústní dutinou a dýchacími cestami, lze zde nalézt i zbytky potravin a dalších typů vnějších částic, které během života vstupují do úst. V důsledku toho archeologové a antropologové stále častěji používají starověký lidský zubní kámen k prozkoumání širokých aspektů dřívější lidské stravy a zdraví (Weyrich et al., 2015). Při absenci moderní stomatologie a každodenního čištění zubů se zubní plak, biofilm ústních bakteriálních druhů, hromadí na povrchu zubů a kalcifikuje do supra- (nahore) a sub- (dole) gingiválního kamene (White, 1997). Jak se minerální soli fosforečnanu vápenatého ukládají na povrchu zubu, bakteriální biofilm se zachovává a zachycuje živé a neživotaschopné orální mikroorganismy. Mikroorganismy v zubním kameni představují druhy identifikované ve slinách a zubním plaku a zahrnují více než 600 různých taxonů na úrovni druhu, přičemž na různých stanovištích převládají různé podskupiny (Dewhirst et al., 2010).

Orální mikrobiom byl rozsáhle charakterizován kultivacemi a molekulárními metodami nezávislými na kultivacích, zejména na sekvenování 16S rRNA, což vedlo ke vzniku Human Oral Microbiome Database (HOMD), ([www.homd.org](http://www.homd.org)). HOMD zahrnuje 619 taxonů ve 13 kmenech takto: Actinobacteria, Bacteroidetes, Chlamydiae, Chloroflexi, Euryarchaeota, Firmicutes, Fusobacteria, Proteobacteria, Spirochaetes, SR1, Synergistetes, Tenericutes a TM7 (Dewhirst et al. 2010). Dále došlo k analýze 36 043 klonů genu 16S rRNA izolovaných ze studií orální mikroflóry za účelem stanovení relativní četnosti taxonů a identifikaci nových kandidátních taxonů. Analýza identifikovala 1 179 taxonů, z nichž 24 % bylo pojmenovaných, 8 % bylo kultivovaných, ale nepojmenovaných a 68 % byly nekultivované fylotypy (Dewhirst et al. 2010). Tímto způsobem byl získán poměrně rozsáhlý přehled o taxonech v lidské ústní dutině. V ústní dutině jsou však kromě komenzálních bakteriálních druhů také virové a houbové taxony, zbytky potravy a mikroorganismy způsobující nemoci. Tyto organismy a organické zbytky byly izolované z horních a dolních cest dýchacích současných lidí, ale byly také identifikovány z historických a současných zubních kamenů (Henry a Piperno, 2008, Warinner et al. 2014). Už dříve byly učiněny pokusy o rekonstrukce diet v minulosti na základě rostlinných mikrofosilií jako jsou škrobová zrna a fytolity. Mikrofosilie byly získávány ze sedimentů, kamenných nástrojů, ale

také ze zubního kamene. Existuje však problém ohledně potenciálního poškození zubů po smrti jedince (Henry a Piperno, 2008), který nelze vždy spolehlivě zohlednit. Byly provedeny testy mikrofosilií na vzorku zubů ze středního holocénu v Tell al-Raqā'i, ze Sýrie. Předběžná identifikace rostlinných mikrofosilií naznačuje, že tito jedinci konzumovali různé rostlinné potraviny (Henry a Piperno, 2008). To není příliš překvapivé, více informací přináší sekvenování zachovalé DNA. Téměř všudypřítomný zubní kámen umožňuje zkoumání aktivity patogenů, hostitelské imunity a stravy, čímž se rozšiřuje přímé poznání běžných lidských nemocí a jejich evoluce do minulosti. Průkopnická studie se zaměřila na zubní tkáň čtyř dospělých lidských koster se známkami mírného až těžkého periodontálního onemocnění ze středověkého klášterního místa Dalheim, Německo (cca 950-1200 n.l.) a pro kontrolu byl použit moderní zubní kámen od devíti pacientů se známou zubní historií (Warinner et al. 2014). Prokázalo se, že lidský orální mikrobiom sloužil už v minulosti jako rezervoár pro širokou škálu oportunních patogenů, které se podílejí na lokálních i systémových onemocněních. Zvláštní byla identifikace genů, o kterých se předpokládá, že jsou odpovědné za rezistenci k antibiotikům (Warinner et al. 2014). Což je zvláštní, když uvážíme, že jde o vzorky z doby, která o staletí předchází používání antibiotik. V zubním kameni bylo také nalezeno kromě DNA také 239 bakteriálních a 43 lidských proteinů. Identifikace těchto proteinů potvrzuje existenci dlouhodobého spojení mezi imunitními faktory hostitele proti patogenům „červeného komplexu“ (viz výše), které odpovídají za parodontální onemocnění. Také byly nalezeny DNA sekvence přijímané potravy (Warinner et al. 2014). V identifikovaných bakteriích dominoval jeden archeální a devět bakteriálních kmenů Firmicutes ( $49,5 \pm 10,6$  %), Actinobacteria ( $12,0 \pm 6,1$  %), Proteobacteria ( $11,5 \pm 8,6$  %), Bacteroidetes ( $6,6 \pm 3,6$  %), TM7 ( $4,6 \pm 4,0$  %), Synergistetes ( $3,3 \pm 2,6$  %), Chloroflexi ( $2,7 \pm 1,5$  %), Fusobacteria ( $2,1 \pm 1,8$  %), Spirochaetes ( $0,6 \pm 0,3$  %) a Euryarchaeota ( $0,4 \pm 0,6$  %) (Warinner et al. 2014). Tedy všechny, které jsou dnes také dominantní v lidském ústním mikrobiomu (Dewhirst et al. 2010). Avšak ve vzorcích byl ale vzácný kmen Acidobacteria (Warinner et al. 2014), což je všudypřítomný a hojný bakteriální půdní kmen (Fierer et al. 2007). Zdá se, že tyto vzorky byly půdními bakteriemi kontaminovány poměrně málo. Nicméně kromě proteinů „červeného komplexu“ byla identifikována DNA z parodontálních patogenů „červeného komplexu“ *Tannerella*



*forsythia*, *Porphyromonas gingivalis* a *Treponema denticola*, což dokazuje, že tyto bakterie způsobovaly onemocnění ústní dutiny už během středověku, stejně jako dnes, navzdory významným změnám v ústní hygieně, stravě a životním stylu (Warinner et al. 2014).

Významnou studii představuje analýza kalcifikovaného zubního plaku (kalkulu) z pěti vzorků *Homo neanderthalensis*. Byly testovány zubní kameny ze dvou lokalit, s velmi rozdílnými stravovacími návyky. O stravě *H. neanderthalensis* se mnohdy diskutuje a předpoklad, že převážně konzumovali maso je poněkud v rozporu s důkazy o opotřebením zubů, které naznačují rozmanitější stravu. V jeskyni Spy v Belgii byla strava *H. neanderthalensis* silně založena na mase a zahrnovala nosorožce srstnaté a divoké ovce (muflony), charakteristické pro stepní prostředí. Naproti tomu ve stravě *H. neanderthalensis* z jeskyně El Sidrón ve Španělsku nebylo detekováno žádné maso a složky potravy tvořily houby (*Schizophyllum commune*), piniové oříšky (*Pinus koraiensis*) a mech (*Physcomitrella patens*), což zřejmě odráží sběr v lese (Weyrich et al. 2017). Španělský *H. neanderthalensis* měl zubní absces a žaludeční infekci způsobenou chronickým gastrointestinálním patogenem (*Enterocytozoon bieneusi*). Zdravotní problémy si zřejmě léčil topolem (*Populus trichocarpa*), jako přírodním lékem proti bolesti, a bakterií *Penicillium* produkující antibiotika (Weyrich et al. 2017). Tým také uveřejnil zatím nejstarší mikrobiální téměř kompletní genom u *Methanobrevibacter oralis*, starý přibližně 48 000 let (Weyrich et al. 2017). U *H. neanderthalensis* byly identifikovány druhy jako *Streptococcus mutans*, což je bakterie spojená se zubním kazem (0,08 %–0,18 %) a také zde byly nalezeny bakterie „červeného komplexu“ související s moderním onemocněním parodontu (*Porphyromonas gingivalis*, 0–0,52 %, *Tannerella forsythia*, 0,05–2,4 %; a *Treponema denticola*, 0–1,87 %) (Weyrich et al. 2017). To souhlasí se zjištěním, že u *H. neanderthalensis* existoval zubní kámen i periodontálního onemocnění. Z genu *Methanobrevibacter oralis* lze odhadnout, že k divergenci mezi kmeny *M. oralis* u *H. neanderthalensis* a moderních lidí došlo v době asi mezi 112–143 tisíci lety (Weyrich et al. 2017).

Srovnání dvou populací s odlišnými potravními specifikacemi bylo provedeno na vzorcích z Japonska. První část vzorků byla z období lovců a sběračů kultury Jomon, která se datuje přibližně 3000 let před současností a druhá část pocházela ze

zemědělců z období Edo, takže byla stará jen 150–400 let (Eisenhofer et al. 2020). Zemědělci z kontinentální Asie přišli na japonské souostroví a přimísili se s lidmi kultury Jomon během raného období Yayoi kolem roku 3000 BP (Jinam et al. 2012, Kanzawa-Kiriyama et al. 2017). Moderní i starověké studie DNA naznačují, že migranti převažovali a příměs lidí kultury Jomon do současné populace představuje méně než 20 % (Kanzawa-Kiriyama et al. 2017, 2019). Před příchodem těchto migrantů se podle mitochondriální DNA divergence odhaduje že jomonská a kontinentální asijská populace byly více než 22 000 let odděleny (Adachi et al. 2011). Archeologické důkazy naznačují, že jomonští lovci a sběrači se spoléhali na pozemské i mořské zdroje, včetně ořechů, jelenů, kanců, mořských ryb a měkkýšů (Tomioka 2010). Poměr izotopů uhlíku v lidských zubech také naznačuje, že hlavními zdroji potravy pro kulturu Jomon byly rostliny C3 a suchozemští savci (Kusaka 2015). To je v příkrém rozporu s jedinci z období Edo, kteří se živili převážně zemědělskou stravou (Tsutaya et al. 2016). Jak toto dlouhé oddělení od asijské populace, tak rozdíl ve stravě a nesourodý životní styl (lovec-sběrač versus zemědělec), by mělo vést k rozdílům, zejména by měla být znatelná koevoluce ústních mikrobiomů těchto dvou testovaných populací. S překvapením ale autoři zjistili, že nejsou velké rozdíly mezi složením mikrobiomu z období Jomon a Edo, naopak větší rozdíly byly mezi jednotlivci z období Edo (Eisenhofer et al. 2020). Mezi mikrobiomy Jomon a Edo byly nalezeny pouze dvě odlišné linie *Anaerolineaceae* sp. (Eisenhofer et al. 2020). Autoři si tyto nečekané výsledky vysvětlují malým množstvím testovaných vzorků (4 z období Jomon a 10 z období Edo). Ale je možné, že orální mikrobiota je vysoce stabilní v průběhu času (Eisenhofer et al. 2020). Jsou to tedy dost odlišné informace, než uvádí dříve Adler et al. (2013), i když v tomto případě se jednalo o vzorky evropské.

Zubní kámen, ale nemusí být přítomen vždy. U moderních populací je zubní kámen téměř všudypřítomný, zatímco mezi starověkými a moderními skupinami lovců a sběračů může být vzácnější, pravděpodobně kvůli rozdílům ve stravě (Aufderheide a Conrado 1998). U některých vzorků fosilního a archeologického materiálu mohl být také odstraněn při konzervaci kostí, nebo může dojít k jeho oddělení a ztrátě při sušení a smrštění a během skladování v muzeu (Weyrich et al.

2014). Proto se tato studie pokouší dokázat, že relevantní vzorky je možno získat i ze zubů bez zubního kamene.

### 2.2.5.2 *Historický gastrointestinální mikrobiom člověka*

Ovšem zubní plak, či mikrobiom ze zubů nemusí být jediným informačním zdrojem o mikrobiomu našich předků. Střevní bakterie představují podobný, a ještě složitější mikrobiom. Ale kvůli rozpadu tkání nedochází ke konzervaci jako u zubního kamene. Je otázkou, zda v břišní dutině mezi půdními bakterie přežijí dlouhodobě také původní střevní bakterie z lidského těla. Dá se očekávat, že u střevního mikrobiomu našich předků a současných populací budou rozdíly. Většina studií lidského mikrobiomu se zaměřila na současné západní lidské populace, které žijí v majoritně konzumní technické společnosti. Tedy v podmínkách, které snižují mikrobiální přežití a přenos, případně jsou testovány tradiční společnosti, které však jsou na úrovni přechodu k západnímu stylu života (Clemente et al. 2015). Byly však získány informace od členů izolované vesnice původních obyvatel Jižní Ameriky z kmene Yanomami bez zdokumentovaného předchozího kontaktu se západními lidmi. Bylo testováno 34 subjektů mezi 4 a 50 lety. Vesničané jedli divoké banány a sezónní ovoce, jitrocel, palmová srdce a maniok. Jejich lov sestával převážně z ptáků a malých savců, stejně jako malých krabů, žab a malých ryb z okolních potoků a příležitostně ulovili pekari, opice či tapíry. Vodu odebírali z potoka asi 5 minut chůze od vesnice. Znali také slovo Medicina od původních obyvatel Jižní Ameriky z kmene Yanomami z jiných vesnic, ale jediná mise s lékařskou lékárnou (Mahecoto) byla odhadem nejméně 2 týdny pěšky horským terénem (Clemente et al. 2015). Před tím, než zdravotní tým očkoval děti a podal jim antibiotika, byly odebrány vzorky kůže na předloktí, ústní sliznice a stolice. Vzorky byly okamžitě zmrazeny v kapalném dusíku a zůstaly zmrazené, dokud nebyla provedena extrakce DNA a bakteriální kultivace (Clemente et al. 2015). Vzorky byly následně kultivovány na různých médiích za aerobních a anaerobních podmínek (Clemente et al. 2015). Zjistilo se, že původní obyvatelé Jižní Ameriky z kmene Yanomami nesou mikrobiom s nejvyšší diverzitou bakterií a genetickými funkcemi, jaké kdy byly u lidské skupiny identifikovány. Navzdory své izolaci, pravděpodobně již více než 11 000 let od doby, kdy jejich předkové dorazili do Jižní Ameriky, při žádné známé expozici antibiotikům, však mají bakterie, které nesou geny funkční antibiotické rezistence, včetně těch, které

propůjčují rezistenci k syntetickým antibiotikům (Clemente et al. 2015). Tato studie se však zabývá dosud existujícími populacemi. Práce, které studují ancient mikrobiom se příliš nevěnují odlišení, současných půdních bakterií, které v tomto případě představují kontaminace od mikrobiomu, který byl původně součástí lidského těla.

## 2.3 METAGENOMIKA

Metagenomika je poměrně nový vědní obor, který se zabývá analýzou kombinovaných genomů organismů koexistujících ve společenstvích. Tento obor vznikl na základě využití vysoce výkonného sekvenování při analýze mikrobiálních společenstev spojených s lidskými a zvířecími těly, ale také s různými přírodními prostředími (Ghurye et al., 2016). Jedná se o kombinaci procesu statistického kombinování samostatných analýz a genomiky, během které dochází ke genomické analýze mikrobiálních kolonií, které nejsou kultivované (Rondon et al., 2000).

Jedná se o metodu, která může být použita jako řešení problému studia prokaryotických organismů v prostředí, které dosud nebylo kultivované a které v běžném prostředí představují více než 99 % veškerých organismů (Schlos a Handelsman, 2003). Výzkum v této oblasti byl z počátku zaměřený na klonování enviromentální DNA, na nějž navazoval screening funkční exprese, doplněný přímým náhodným sekvenováním enviromentální DNA. Tyto počáteční projekty prokázaly důkaz principu metagenomického přístupu a pomohly při odkrývání vysoké genomové diverzity mikroorganismů v ekosystémech kolem nás (Thomas et al., 2012).

Metagenomický přístup staví na poměrně nedávných pokrocích v oboru mikrobiální genomiky spojené s amplifikací a klonováním genů přímo z odebraných enviromentálních vzorků za využití polymerázové řetězové reakce. Oproti klasické amplifikaci pomocí PCR, ke které je nejprve k zapotřebí vytvoření primeru za využití již známé sekvence genu pro navržení primerů pro amplifikaci, přímá extrakce a klonování DNA pro genomiku může teoreticky přistupovat ke genům jakékoli sekvence nebo funkce. Při přímém klonování genomu vzniká příležitost zachycení operonů či genů kódujících dráhy, které mohou být řídicím prvkem při vzniku komplexních molekul (antibiotik apod.) Dále mohou být zdrojem sekvenčních informací o genech, ležících v okolí genu zvláštního zájmu, což může potencionálně

vést k nahlédnutí do genomového prostředí genu či fylogenetické příslušnosti organismu, ze kterého byl tento gen odvozen (Schlos a Handelsman, 2003).

Podle Ghurye et al. (2016) je kritickým krokem takovýchto analýz metagenomické sestavení jednotlivých sekvencí DNA do genů či organismů. Algoritmy sestavování genomu jsou důležitou součástí snah o zjištění charakteristiky genomů jednotlivých organismů a jsou klíčem k moderní genomické revoluci. V kontextu jednotlivých organismů je problém sestavení genomu důkladně prostudován a byla vyvinuta řada účinných strategií, které jsou dnes základem moderních nástrojů sestavení.

Pokroky v technologiích sekvenování vedly ke zvýšenému používání vysoce výkonného sekvenování při charakterizaci mikrobiálních komunit spojených s našimi těly a naším prostředím (Ghurye et al., 2016). Zatímco metagenomika se objevila jako technologie volby pro analýzu bakteriálních populací, sestavení metagenomických dat zůstává náročné, což potlačuje biologické objevy. Nedávné studie navíc odhalily, že komplexní bakteriální populace mohou být složeny z desítek příbuzných kmenů, což dále zesiluje výzvu metagenomického sestavení (Nurk et al., 2017). Rozhodující pro analýzu výsledných dat jsou sekvenční algoritmy schopné rekonstruovat geny a organismy z komplexních směsí (Ghurye, 2016).

## **2.4 IZOLACE A PURIFIKACE NUKLEOVÝCH KYSELIN**

Izolace makrobiomolekul, jako jsou nukleové kyseliny (DNA a RNA) či proteiny, od ostatních buněčných složek patří mezi nejdůležitější metodou používanou v molekulární biologii (Šmarda, 2005; Tan a Yiap, 2009). Jedná se o výchozí bod pro další procesy a vývoj produktů včetně diagnostických souprav. Nukleové kyseliny i proteiny mohou být izolovány z jakéhokoli biologického materiálu, jako jsou živé či konzervované tkáně, buňky prokaryotického i eukaryotického typu, virové částice či jiné vzorky pro analytické či preparativní účely (Tan a Yiap, 2009).

Pro úspěšnost průběhu postupů navazujících na izolaci nukleových kyselin je kvalita izolovaného materiálu – především pak vysoká čistota vzorku a integrita molekul (Šmarda, 2005; Tan a Yiap, 2009). Cílová nukleová kyselina by neměla obsahovat kontaminanty jako jsou proteiny, sacharidy, lipidy či jiné nukleové kyseliny, například vzorek DNA purifikován od molekul RNA a naopak (Tan a Yiap,

2009). Požadavky na kvalitu výsledné nukleové kyseliny jsou při použití různých analyzačních metod odlišné, pro příklad pulzní elektroforéza vyžaduje vysokou integritu molekul izolované nukleové kyseliny, k průběhu polymerázové řetězové reakce k není zapotřebí velké množství nukleových kyselin vstupujících do reakce, kdežto jiné genetické analýzy vyžadují vysoké množství vstupního materiálu (Šmarda, 2005).

Dvě kategorie, které se podílejí na čištění DNA, zahrnují izolaci konstruktů rekombinantní DNA, jako jsou plazmidy nebo bakteriofágy, a izolaci chromozomální či genomové DNA z prokaryotických nebo eukaryotických organismů (Tan a Yiap, 2009).

Při izolaci RNA je třeba brát v potaz, že se jedná o nestabilní molekulu a po extrakci z buňky nebo tkáně má velmi krátký poločas rozpadu. Rozeznáváme několik typů přirozeně se vyskytující RNA včetně ribozomální RNA (rRNA) (80 %–90 %), messenger RNA (mRNA) (2,5 %–5 %) a transferové RNA (tRNA) (Tan a Yiap, 2009). Jedná se o látky náchylné na degradaci v průběhu izolace, tato nestabilita je dána hlavně všudypřítomností RNáz, což jsou nukleázni enzymy přítomné v krvi, ve všech tkáních a také ve většině bakterií a hub v životním prostředí a způsobují hydrolytické štěpení fosfodiesterové vazby (McMurry, 2007; Tan a Yiap, 2009). Jedná se o tepelně velice stabilní látku, kterou je obtížné inaktivovat, proto se metody izolace RNA opírají o techniku bez RNáz. K inhibici endogenních RNáz a izolaci intaktní RNA se využívají silné denaturanty (Tyn a Yiap, 2009).

#### 2.4.1 IZOLACE NUKLEOVÝCH KYSELIN Z BAKTERIÁLNÍCH BUNĚK

V případě izolace bakteriální DNA může docházet k problémům při rozrušování buněk vzhledem k extrémní odolnosti některých bakterií vůči narušení jejich buněčných stěn. To je typické pro grampozitivní bakterie jako jsou rody *Mycobacterium* či *Rhodococcus*, stejně tak pro některé organismy z domény Archea, například pro Archea methanogenní. Všeobecně se jedná o organismy s tlustými buněčnými stěnami tvořenými polysacharidy či pseudopeptidoglykanem, platí to také pro mnoho druhů hub i rostlin (Moore et al., 2004).

Rozrušování buněk je tedy nejobtížnější krok při získávání bakteriální DNA, tyto obtíže vyplývají z nutnosti omezení manipulace s látkami, které jsou nezbytné pro

získávání genomové DNA o vysoké kvalitě. K tomuto účelu se obecně využívá několika základních postupů (Moore et al., 2004), nejběžněji se využívá enzymatického štěpení a lýzy za využití detergentu (Green a Sambrook, 2016; Moore et al., 2004). Účinnost těchto postupů je zároveň posílena ošetřením příslušných buněk činidlem chelatujícím kovy, jakým je například kyselina ethylendiamintetraoctová, zkráceně EDTA (McMurry, 2007; Moore et al., 2004; Šmarda, 2004), k čemuž dochází v alkalickém pufovaném médiu s pH v rozsahu 8-9, jelikož takové pH snižuje elektrostatické interakce mezi DNA a bazickými proteiny, pomáhá při denaturaci jiných buněčných proteinů a inhibuje aktivity nukleázy. EDTA váže především dvoumocné kationty kovů, zejména potom  $Mn^{2+}$  a  $Mg^{2+}$ , díky čemuž dohází ke snížení stability buněčných membrán a inhibici nukleáz (Moore et al., 2004).

K enzymatickému narušení peptidoglykanové vrstvy buněčných stěn bakterií jsou využívány dva základní enzymy – lysozym, komerčně izolovaný z vaječného bílku, proteinázu K, což je proteináza produkovaná houbou *Tritirachium album*, a enzymi k nim analogické (Salton, 1974). Takovéto enzymy jsou užitečné pro narušení buněk široké škály bakteriálních druhů, nepůsobí však například u bakterií, jejichž povrch je kryt vrstvami proteinu či kapsulárního slizu, chránících peptidoglykan. Dále se nedá využít k lýze buněčných stěn Archeí, jelikož neobsahují peptidoglykan (Moore et al., 2004).

Detergenty jsou látky, které se pro rozrušení buněk váží na přítomné proteiny a způsobují jejich ireversibilní denaturaci. Zvláště účinné jsou pro rozrušení bakteriálních buněčných obalů, v případě jejich předešlého poškození (např. působením činidel chelatujících kovy, lysozymu a proteinázy K) před jejich dodáním do buněčné suspenze (Moore et al., 2004). Nejběžněji využívanými detergenty jsou dodecylsulfát sodný (zkráceně SDS), který reaguje na hydrofobních místech proteinů, váže buněčné proteiny a lipoproteiny, vytváří micelární komplexy SDS-polypeptid a účinně je denaturuje a podporuje disociaci nukleových kyselin (Salton, 1958), a cetyltrimethylamoniumbromid (CTAB), což je kationtový detergent široce používaný při získávání nukleových kyselin z hub a rostlin, kdy velká množství polysacharidových materiálů mají tendenci interferovat s extrakcí. CTAB se však také ukázal jako užitečný pro extrakci DNA z bakteriálních buněk denurací a precipitací

lipopolysacharidů a proteinů buněčné stěny (Joones, 1953). Dalším běžně využívaným detergentem je N-lauroylsarkosinát sodný, který může být empiricky účinnější při denaturaci buněčného polysacharidového materiálu a může být tak použit místo SDS (Moore et al., 2004).

Posledním řešením, které využíváme při rozrušování bakteriálních buněk jsou metody fyzikální či mechanické. Tyto metody jsou využívány v případě, že se buněčné stěny nepovede rozrušit za využití metody enzymatické či detergentního ošetření (Salton, 1974). Při využití těchto metod je výsledná nukleová kyselina často roztržena na menší segmenty, přičemž jednotlivé segmenty jsou různorodé a nemají jednotnou molekulovou hmotnost, které je možné dosáhnout při využití obou předchozích metod (Moore et al., 2004). Mezi metody mechanického rozrušení buněk patří například tlakové kyvety, sonikátory využívající ultrazvukové vlnové délky. K rozrušení bakteriálních buněk a přípravu jejich nukleových kyselin jsou často využívány drobné skleněné částice, v některých případech se dají bakteriální nukleové kyseliny z buněk extrahovat za využití mikrovlnné trouby (Bollet et al., 1991). Využití těchto metod je však většinou účinné u specifických skupin bakterií a vyžadují dodatečné specializované vybavení. Poslední nejúčinnější a nejvyužívanější metodou je technika zmrazení (kapalným dusíkem) a rychlého rozmrazení při teplotách mezi 95 až 98 °C. Tato metoda se často používá v postupech pro extrakci nukleových kyselin přímo ze vzorků životního prostředí, jako je půda a sediment (Tsai a Olson, 1992). Takové ošetření zvyšuje narušení bakteriálních buněk – zejména u druhů produkujících ochranný kapsulární sliz a druhů tvořících biofilmy – indukci fázových změn v buněčných membránách prostřednictvím postupných, rychlých, extrémních teplot, které činí buňky náchylnějšími k enzymatické a detergentní lýze (Moore et al., 2004).

#### 2.4.2 IZOLACE NUKLEOVÝCH KYSELIN FENOL-CHLOROFORMOVOU METODOU

Podle Šmardy (2005) je jedním z klasických a stále často využívaných způsobů získávání nukleových kyselin jejich izolace pomocí fenol-chloroformu. Jedná se o látky, které nejsou mísitelné s vodou, proto jejich smíchání s vodným vzorkem buněčného lyzátu způsobí vznik dvou fází (vrstev). Jedná se o metodu, která je náročná jak časově, tak i z hlediska vykonané práce, výsledkem je však vysoké



množství silně purifikovaných nukleových kyselin (Green a Sambrook, 2012, Šmarda, 2005).

Podle Greena a a Sambrooka (2012) je metoda založena na rozdílech v polaritě jednotlivých látek. DNA je díky své struktuře silně polární látka, která se dobře rozpouští v polárních rozpouštědlech jako je voda, usazuje se tedy ve vodné fázi (McMurry, 2007). Fenol i chloroform jsou látky, které mají v porovnání s vodou podstatně nižší polaritu, DNA se v těchto roztocích tedy rozpouští podstatně hůře (Green a Sambrook, 2012). Pokud je k izolaci nukleových kyselin použit fenol ekvilibrovaný neutrálním či alkalickým pufrům, do vodné fáze přechází do vodné fáze obě nukleové kyseliny, v případě že je fenol kyselý, však do vodné fáze přechází pouze DNA a RNA se rozpouští ve fázi organické (Šmarda, 2005). Poslední důležitou složkou směsi buněčného lyzátu s fenol-chloroformem jsou buněčné proteiny. Proteiny jsou látky složené až z 23 aminokyselin, každá z těchto kyselin má specifickou strukturu, která ovlivňuje jejich polaritu (McMurry, 2007), proto se liší i polarita samotného řetězce proteinu, některé části jsou více polární, některé jsou polární méně. Proto se buněčné proteiny kumulují na rozhraní obou fází, opakovanou purifikací dané fáze tak dochází k pročištění nukleových kyselin (Green a Sambrook, 2012).

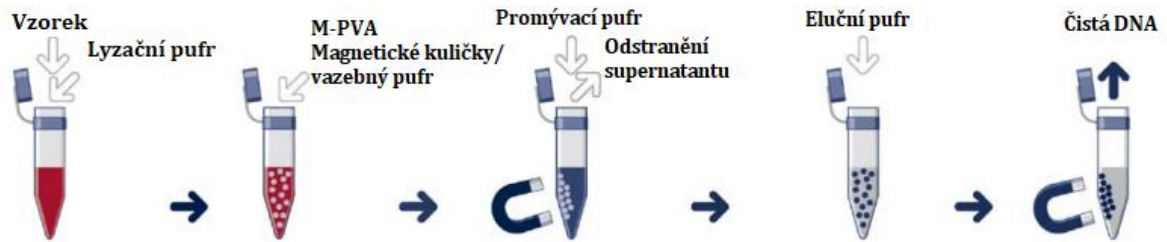
Prvním krokem při získávání nukleových kyselin je mechanické rozrušení pletiv či tkání, které následuje narušení buněčných stěn buněk a chemické narušení proteinů pomocí lyzačního roztoku (Green a Sambrook, 2012). Při rozrušování buněčné stěny bakterií je důležité, aby lyzační roztok obsahoval lyzozom, celulázu, CTAB (cetyltrimethylamoniumbromid) (Moore et al., 2004), dodecylsírán sodný či chelační činidla, jako je například EDTA (kyselina ethylendiamintetraoctová) (Šmarda, 2005). Tyto látky, jednak rozpad vnější buněčné membrán, denaturaci proteinů a zároveň způsobují inhibici deoxyribonukleáz (Moore et al., 2004; Šmarda, 2005; Tan a Yian, 2009). Následuje cyklus purifikace nukleových kyselin a odstraňování proteinů z roztoku za využití kombinace roztoku fenol-chloroformu a následné centrifugace, k čemuž dochází v cyklech. Po ukončení purifikace přichází na řadu vysrážení nukleových kyselin z roztoku dodáním ethanolu a octanu sodného. Sraženina nukleových kyselin je poté extrahována z roztoku, a dále upravována – výsledný roztok je připraven rozpuštěním DNA v pufru či vodě. Nakonec dochází ke

kontrole integrity pomocí elektroforetické separace a stanovení koncentrace nukleových kyselin ve výsledném roztoku (Green a Sambrook, 2012).

### 2.4.3 IZOLACE DNA S VYUŽITÍM MAGNETICKÝCH KULIČEK

Využití magnetických kuliček k separaci nukleových kyselin spadá mezi fyzikální neboli mechanické způsoby separace (Salton, 1974). Jedná se o poměrně jednoduchou a cenově dostupnou metodu, která neznečišťuje získaný materiál, jelikož použité magnetické částice se dají ze vzorku odstranit použitím permanentního magnetu při aplikaci magnetického pole. K samotnému procesu izolace jsou často využívány magnetické nosiče s imobilizovanými afinitními ligandy nebo připravené z biopolymeru vykazujícího afinitu k cílové nukleové kyselině. Například magnetické částice, které jsou vyrobeny z různých syntetických polymerů, biopolymerů, porézního skla nebo magnetických částic na bázi anorganických magnetických materiálů, jako je povrchově upravený oxid železa. Materiály s velkým povrchem jsou výhodné pro použití při vazbě nukleových kyselin. Proto je využití magnetických částicových materiálů, jako jsou kuličky, jsou výhodnější jako podpora v procesu izolace díky jejich větší vazebné kapacitě. Procesu vázání může napomáhat samotná nukleová kyselina, která „obalí“ nosič. Na stěnu nádoby lze poté přiložit magnet, ten pak dokáže zadržet směs vzorku u stěny nádoby, a tak umožní odlít supernatantu (odpadní část vzorku) (Berensmeier, 2006).

Extrakční souprava založená na principu čištění nukleových kyselin na bázi magnetických kuliček je jednou z metod pro provádění separací na bázi technologie magnetických částic. Zvláštností této soupravy je, že dodávaná činidla jsou určena pro použití s magnetickým separátorem a jeho využití je doporučeno zvláště při práci ve formátu mikrozkušavek. Souprava nevyžaduje žádná organická rozpouštědla a eliminuje potřebu opakované centrifugace, vakuové filtrace nebo separace na koloně. Celá metoda (viz Obr. 4) je založena na modifikovaném postupu alkalické lýzy následované vazbou nukleové kyseliny na magnetické částice. Magnetický separátor se používá k zachycení magnetických částic s navázanou nukleovou kyselinou a kontaminanty jsou následně odstraněny promytím dodaným promývacím pufrem. Nakonec je vzorek eluován z magnetických částic elučním pufrem, čímž je získána purifikovaná nukleová kyselina (Tan a Yiap, 2009).



Obr.4 Schéma metody purifikace DNA pomocí magnetických kuliček (Berensmeier, 2006; vlastní překlad).

## 2.5 POLYMERÁZOVÁ ŘETĚZOVÁ REAKCE (PCR)

Polymerázová řetězová reakce neboli Polymerase chain reaction, zkráceně PCR, je biochemická metoda, která jako první umožnila specifickou detekci a výrobu velkého množství přesně určených úseků nukleových kyselin. Tuto metodu objevil v 80. letech minulého století objevil americký biochemik Karry Banks Mullis, který za její objev mimo jiné získal v roce 1993 Nobelovu cenu za biochemii, kterou sdílel s kanadským biochemikem Michaellem Smithem, který vyvinul postup známý jako místně řízená mutagenese a aplikoval jej na studium proteinů. Tato metoda umožňuje výzkumníkům přeprogramovat genetický kód a následně konstruovat proteiny s novými vlastnostmi. Společně tyto dvě metody podnítily základní biochemický výzkum a otevřely cestu novým aplikacím v medicíně a biotechnologiích (Mullis, 1990; Shampo a Kyle, 2002).

PCR je ve své zásadě velice jednoduchý enzymatický proces, který umožňuje mnohonásobné namnožení určitého úseku nukleové kyseliny, která má velice široké uplatnění. Využívá se v evoluční biologii, ke studiu drobných vzorků DNA extrahovaných z fosilních pozůstatků, či v lékařské diagnostice, kde umožňuje identifikaci původců mikrobiologických infekcí z malých vzorků genetického materiálu. Často je využívána také ve forenzních vědách k identifikaci podezřelých z trestných činů či obětí pomocí genetického materiálu získaného z místa činu. A v neposlední řadě se jedná o důležitou metodu využívanou při sekvenování genů (Garibyan a Avashia, 2013; Shampo a Kyle, 2002).

### 2.5.1 PRINCIP A POSTUP PCR

Základním principem polymerázové řetězové reakce je replikace nukleových kyselin. K tomuto procesu je potřeba několik základních složek, první složkou je takzvaná templátová DNA. Jedná se o dvouvláknový segment DNA, který je následně replikován. Další důležitou složkou jsou dva krátké segmenty jednovláknové DNA, z nichž je každý komplementární ke krátké sekvenci jednoho z vláken templátové DNA. Tyto segmenty označujeme jako oligonukleotidové primery. Nakonec jsou za potřebí samostatné nukleotidy, které se skládají ze čtyř bází – adeninu, thyminu, cytosinu a guaninu (A, T, C, G) a které jsou základními stavebními kameny DNA a polymerázový enzym DNA-polymeráza, který kopíruje templátovou DNA spojením volných nukleotidů ve správném pořadí (Shampo a Kyle, 2002; Šmarda, 2005).

K tvorbě nových kopií templátové DNA dochází ve třech krocích, které se pravidelně střídají, díky čemuž je DNA tvořena v cyklech, které na sebe navazují. Ke každému z těchto kroků dochází při určitých teplotních podmínkách. V prvním kroku dochází k zahřátí směsi na teplotu kolem 94 °C, kdy dojde k denaturaci templátové DNA, která se rozdělí na dvě samostatná vlákna. V druhém kroku dochází k ochlazení směsi na teplotu mezi 30-65 °C, toto ochlazení umožňuje, aby se primery připojily ke komplementárním místům na templátových vláknech. Ve třetím, posledním kroku, dochází při mírně zvýšené teplotě v rozmezí od 65 až 75 °C ke kopírování templátového řetězce. Jedná se o enzymatickou reakci, během které DNA-polymeráza přiřazuje nukleotidy na konce primerů, čímž dvě molekuly dvouřetězcové DNA. Cyklickým opakováním tohoto procesu dochází k exponenciálnímu zvýšení množství příslušné DNA, kdy zhruba během 30 cyklů vzniká více než 1 miliarda kopií původní sekvence DNA. Každý cyklus trvá pouze několik minut, takže se jedná o časově poměrně nenáročnou metodu (Shampo a Kyle, 2002; Šmarda, 2005).

Všechny složky potřebné pro reakci jsou smíchány ve zkumavkách, které jsou zahřívány v termocykleru, ve kterém automaticky v předem nastavených intervalech mění teplota potřebná pro průběhu jednotlivých částí cyklu (Šmarda, 2005).

### 2.5.2 VÝHODY PCR

Použití metody PCR má několik výhod. Jedná se o proces, který je vysoce specifický a při jehož použití vznikají miliony až miliardy konkrétního produktu, a to i z velmi malých vzorků, které by nebylo možné získat z kultivace na agaru a barvení. Při selektivním využití je zároveň nákladově efektivnější než tyto dvě metody. Navíc se jedná o techniku, která časově nenáročná – výsledky přináší v průběhu několika hodin (Liu et al., 2019).

V praxi jsou výhody použití PCR asi nejjasněji pozorovatelné při lékařské diagnostice nemocí. Jak bylo již zmíněno, jedná se o časově nenáročnou metodu, to lékařům umožňuje rychlé získání výsledků, které vede k rychlejšímu určení diagnózy, což může zabránit předepsání nepotřebných léků (především potom antibiotik) či omezit další případné testování, jako je například ultrazvuk, endoskopie a mnoho dalších (Valones et al., 2009).

### 2.5.3 NEVÝHODY PCR

Přestože se jedná o metodu, jejíž využití má mnohé výhody, najdou se u ní i určitá omezení. Především se jedná právě o její vysokou citlivost a specifitu, které ač mohou být počítány i mezi výhody, mohou způsobovat problémy například při případné kontaminaci vzorku i jedinou molekulou cizorodé DNA, jejíž přítomnost může vést k získání falešného signálu a zkreslit tak výsledek testu (Šmarda, 2005).

Dále je při jejím použití potřeba úzkého seznamu kauzálních agens pro použití specifických primerů, PCR tedy pomáhá pouze při identifikaci známých genů a patogenů (Liu et al., 2019). Také může dojít k nespecifické hybridizaci primerů se sekvencemi, které jsou si navzájem podobné, ale které neodpovídají původní DNA (Garibyan a Avashia, 2013). Může také dojít k zařazení nesprávných nukleotidů do syntetizovaného řetězce DNA-polymerázou, což vede k mutacím, které netvoří problém, pokud jsou vzniklé sekvence použity v molekulární diagnostice. Problém však nastává v případě použití takovéto DNA k její další replikaci (Šmarda, 2005).

Mezi další nevýhody PCR můžou patřit náklady k nákupu chemikálií, poplatky za stroje a náklady za školený personál (Liu et al., 2019).

## 2.6 SEKVENOVÁNÍ NOVÉ GENERACE

Podle Gupta a Verma (2019) je sekvenování nové generace (anglicky Next-generation sequencing, zkráceně NGS) všeobecné označení pro technologie, které umožňují souběžný průběh milionů sekvenčních reakcí na pevném substrátu. Výhodou těchto reakcí je fakt, že není potřeba fyzicky oddělit jednotlivé reakce pomocí jamek, drah či zkumavek, ale postačuje jejich prostorové oddělení. Díky tomuto faktu dochází k drastickému snížení vynaložené práce v porovnání s ostatními konvenčními metodami, což vede k vysokému snížení celkových nákladů. Tyto metody jsou založeny na několika komerčních platformách NGS, která vycházejí z různých technologií, jejich základem je však několik společných kroků:

- příprava knihovny – náhodná fragmentace genomu, ligace s vhodnými adaptéry,
- amplifikace knihovny,
- sekvenování založené na různých metodách.

Jedná se o technologie navazující na sekvenování první generace, jejichž historie začíná v druhé polovině 70. letech 20. století, kdy Allan Maxam a Walter Gilbert vytvořili metodu sekvenování DNA, která byla založená na chemických změnách a štěpení DNA na specifických místech (Maxam a Gilbert, 1977) a která byla o rok později nahrazena metodou vytvořenou Fredem Sangerem a Alanem Coulsonem, která techniky sekvenování DNA výrazně zlepšila. Výraznými výhodami této metody bylo snížení manipulace s toxickými chemikáliemi a radioizotopy, díky čemuž se Sangerova metoda stala v následujících třiceti letech hlavní metodou používanou k sekvenování DNA (Schuster, 2008).

V roce 2005 se začaly objevovat první masivně paralelní platformy pro skenování DNA, které zahájily éru sekvenování nové generace. Tyto platformy vedly k výraznému zrychlování tempa generování dat, a to v řádu stovek gigabází nukleotidové sekvence na běh přístroje, přičemž došlo ke snížení nákladů na skenování o více než pět řádů (Xuan et al., 2013). Prvními metodami sekvenování nové generace byly v roce 2005 technologie sekvenování po syntéze vyvinuté společností 454 Life Sciences a protokolu multiplexního skenování polony (malého

vzorku DNA) z laboratoře George Churche. Obě technologie využívají postupy, které významně redukuje potřebný reakční objem a zároveň markantně zvyšují počet sekvenčních reakcí. Technologie zahrnuje uspořádání několika set tisíc sekvenčních templátů, takže dochází k paralelní analýze sekvencí, což je významný nárůst oproti původnímu maximu – 96 sekvenačních templátů na Sangerově sekvenátoru (Schuster, 2008). Právě díky těmto výhodám jsou NGS používány pro široké spektrum aplikací (Xuan et al., 2013).

Technologie sekvenování nové generace byly zpočátku aplikovány při analýzách mikrobiálních rozmanitostí environmentálních vzorků. V nedávné minulosti byly tyto technologie využity k dekodování moderních genomů od mikroorganismů až po sekvenování kompletního lidského genomu. Navíc je tato technologie stále více využívána k opětovnému sekvenování kmenů a jedinců, pro které jsou vytvořené referenční genomové sekvence pro vzorkování genomové diverzity. Díky těmto studiím byly například identifikovány mutace v bakteriálních kmenech (Margureat et al., 2008). Nedávná řada objevů zdůraznila lékařský dopad těchto technologií na mendelovské a komplexní nemoci, zejména na rakovinu (Xuan et al., 2013). Zároveň se jedná o technologie, které se stávají důležitým nástrojem při analýze DNA v degradovaných vzorcích v molekulární evoluci, populační genetice, archeozoologii a antropologii. Kdy jsou tyto metody aplikovány při určování druhového původu pravěkých a historických předmětů, charakterizaci konkrétních vzorků důležitých pro historické, archeologické či evoluční rekonstrukce či zhodnocování důležitosti kulturního dědictví, a velké řadě dalších výzkumů (Vai a Caramelli, 2016).

Sekvenování nové generace se kromě zavedených analýz genomových sekvencí dostává k spouštění nových testů a aplikací, které přímo sekvenují komplexní vzorky nukleových kyselin tak, aby byl určen jejich obsah. Díky dostupným referenčním genomům stačí k mapování jejich umístění čtení krátkých sekvencí (kromě opakovaných oblastí). Jakmile jsou zmapovány dojde je určena genetická distribuce jednoduchým spočítáním milionů sekvenčních zásahů. Tyto postupy vycházejí z metod, jako je sériová genová exprese a masivně paralelní sekvenování signatur, oproti nim však sekvenování nové generace přináší mnohem vyšší množství informací za výrazně snížené náklady a je snadno implementovatelné pro širší škálu aplikací (Margureat, et al 2008). Generované výsledky se pak mohou lišit s ohledem

na délku čtení, kvalitu a množství dat na základě použité platformy (Gupta a Verma, 2019).

### 2.6.1 ILLUMINA SOLEXA

V roce 2001 tuto metodu poprvé popsala malá firma s názvem Solexa, založená v roce 1998 Davidem Klenermanem a Shankarem Balasubramanianem v Cambridge, a která vyvinula a roku 2006 uvedla na trh technologii založenou na skenování pomocí syntézy a využití čtyřbarevných reversibilních terminačních nukleotidů, nazvanou Solexa Genome Analyzer (Gupta a Verma, 2019; Stranneheim a Lundeberg, 2012). Tuto technologii odkoupila v roce 2007 Illumina, Inc., společnost se sídlem v San Diegu, která se zabývá genomickými nástroji, a která v současnosti vyvíjí a prodává integrované systémy a testy založené na poli pro širokou škálu aplikací včetně genotypizace, genové exprese a epigenetiky (illumina.com, 2017; Steemers a Gunderson 2005).

David Klenerman a Shankar Balasubramanian vycházeli z výzkumu, který započal již v polovině 90. letech dvacátého století a který byl zaměřen na využití fluorescenčně označených nukleotidů k pozorování pohybu polymerázy na úrovni jedné molekuly v průběhu syntetizace DNA imobilizované na povrchu. Bohatá historie výzkumu DNA na univerzitě v Cambridge pak vedla oba vědce k myšlence využití této metody při sekvenování DNA (illumina.com, 2017). V průběhu léta roku 1997 dospěli oba vědci k metodě, která se stala základem nového přístupu ke skenování DNA, ta byla založena na využití klonálních polí a masivně paralelního sekvenování krátkých čtení pomocí sekvenování na pevné fázi pomocí reverzibilních terminátorů (následně označované jako sekvenování pomocí technologie syntézy, nebo SBS) (illumina.com, 2017).

Podle Koubkové et al. (2014) a Xuana et al. (2013) využívá sekvenační systém Illumina technologii sekvenování DNA na základě syntézy chemicky reverzibilními terminátory ve spojení s tzv. bridge amplifikací. Proces zahrnuje hybridizaci templátové DNA na pevný, opticky transparentní povrch reakční komůrky (tzv. průtoková buňka, anglicky flow cell), k čemuž se využívají chemicky reversibilní terminátory, jedná se o chemicky modifikované nukleotidy, z nichž je každý označen jiným odstranitelným fluorescenčním barvivem a amplifikaci pomocí upevnění obou



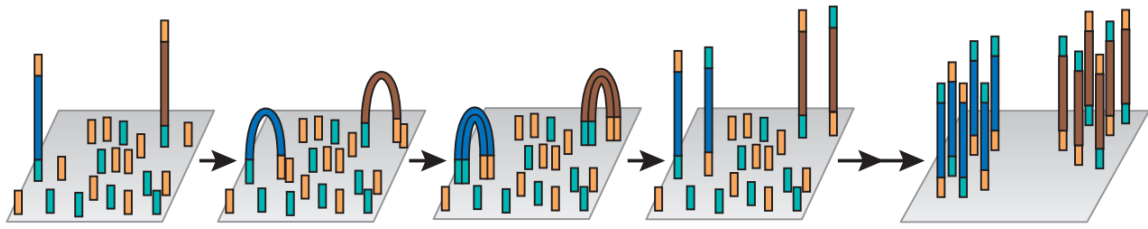
konců vzniklé dvoušroubovice DNA na pevný povrch reakční komůrky (bridge amplifikace). Průtoková buňka obsahuje osm nezávislých pruhů, paralelní sekvenaci několika knihoven současně, lze tak generovat miliony klonálních shluků (Xunan et al., 2013). Celý proces probíhá následovně:

#### 2.6.1.1 Založení knihovny

Proces na platformě Illumina začíná náhodnou fragmentací DNA, a ligací fragmentů vhodnými adaptéry, což jsou procesy, které jsou základem pro založení knihovny. Na počátku je purifikovaná templátová DNA fragmentována na úseky kratší než 800 bází (Koubková et al., 2014), konce fragmentované DNA jsou zarovnány a následně fosforylovány a na 3' koncích aldehydovány (Xuan et al., 2013). K oběma upraveným koncům DNA jsou připojeny 2 typy adaptérů, které jsou specifické pro 3' a 5' konec, takto upravené fragmenty jsou denaturovány a hybridizovány na oligonukleotidy, což jsou komplementární adaptory vázané na povrchu průtokové buňky, každý fragment je tak jedním koncem upevněn na povrch buňky, oligonukleotidy jsou komplementární k použitým adapterům (Koubková et al., 2014; a Xuan et al., 2013).

#### 2.6.1.2 Amplifikace DNA

Poté následuje proces amplifikace DNA, který začíná přidáním reagenční směsi, která umožňuje průběh PCR, do systému. Oligonukleotidy ukotvené na povrchu průtokových buněk slouží při amplifikacích DNA jako primery umožňují tvorbu dvouvláknové struktury DNA, která je vzápětí je dále denaturována (Xuan et al., 2013). Původní templát je následně odmyt, přičemž vzniklé vlákno nukleové kyseliny zůstává kovalentně upevněno na povrchu průtokové buňky. V dalším kroku dochází k hybridizaci volných konců čerstvě upevněných vláken DNA na oligonukleotidy na povrchu průtokové buňky, a tak dochází k jeho přemostění (Koubková et al., 2014). V následujícím PCR cyklu dochází k opětovnému prodloužení primeru pomocí polymerázy, vzniká tak dvouvláknový most (viz Obr. 5). Proces amplifikace je cyklicky opakován, dokud není v systému dostatečný počet kopií původního fragmentu DNA (Koubková et al., 2014; a Xuan et al., 2013).



Obr. 5 Illumina princip "bridge" amplifikace (Shendure a Ji, 2008).

V závěru procesu amplifikace jsou vzniklé mosty denaturovány, dochází k chemickému odštěpení a odmytí reverzních řetězců, na povrchu buňky tak zůstávají pouze takzvané klastry, které tvoří zhruba 1 000 kopií identických fragmentů DNA a které jsou využity při následné sekvenaci (Koubková et al., 2014).

### 2.6.1.3 Sekvence DNA

Posledním krokem je sekvence DNA, ke které dochází za pomoci sekvenčních oligo-primerů, ty jsou hybridizovány na adaptorové sekvence, k tomu dochází v průtokové buňce v přítomnosti směsi polymerázy a čtyř nukleotidů, z nichž je každý označený specifickým fluorochromem s inaktivovanou 3' hydroxylovou skupinou, což zajišťuje specifitu umístění nukleotidu (Koubková et al., 2014; Mardis, 2008). Po začlenění báze detektor zachytí signál příslušného fluorochromu, poté jsou terminační značka a fluorochrom odstraněny a dochází k navázání dalšího nukleotidu, celý cyklus se poté opakuje (Koubková et al., 2014). Tato série kroků pokračuje po určitý počet cyklů, který udává nastavení přístroje. Algoritmus přístroje přiřazuje sekvence a související hodnoty kvality každému čtení, kontroluje a vyhodnocuje data z každého běhu a odstraňuje sekvence nízké kvality (Mardis, 2008).

### 2.6.1.4 Výhody a nevýhody metody Illumina

Cílem společnosti Illumina je vývoj vysoce výkonných metod a přístrojů, které výzkumníkům umožní rozšíření experimentálního rozsahu a zároveň snížení nákladů na rozsáhlý výzkum (Illumina.com, 2017; Steemers a Gunderson, 2005). Navzdory ultravysoké propustnosti a nákladově efektivním výhodám je užitečnost systémů Illumina omezena na sekvenování krátkého čtení, což závisí hlavně na typu používaného přístroje (Xuan et al., 2013). Například přístroj MiSeq využitý při analýze vzorků z historických pohřebišť v Hostivicích a Semonicích dokáže sekvenovat  $2 \times 300$  bází (Koubková et al., 2014). Toto omezení je způsobeno především efekty rozfázování. Snížená nebo zvýšená účinnost inkorporace nukleotidu

a selhání při odstraňování nebo přidávání koncových skupin v jakémkoli daném cyklu může způsobit neúplné či nadměrné prodloužení rostoucího vlákna podél templátu, což má za následek defázi zaostávajícího vlákna či vedoucího vlákna (Koubková et al., 2014; a Xuan et al., 2013). Defázování signálu může být kromě toho způsobeno rozpadem fluorescenčního signálu, začleněním nukleotidů bez fluorescenční značky (tmavé nukleotidy) nebo neúplným odstraněním fluorescenčních značek, což vede k chybám při volání báze. V důsledku toho se zvyšuje chybovost základní substituce s délkou čtení (Xuan et al., 2013). Navíc bylo v regionech bohatých na AT a GC sekvence odhaleno nerovnoměrné pokrytí (Koubková et al., 2014). Při využití metody Illumina tak dochází rychle k produkci vysokého množství dat, avšak v porovnání se sekvenátory první generace dochází častěji k chybovému čtení, které vede k falešné pozitivě výsledku (Metzker, 2010). Sekvenátory Illumina jsou však i přes to jedním z nejvyužívanějších sekvenátorů na trhu, to je dáno především cenovou hospodárností jejich provozu, vysokou výkoností a kapacitou (Shokralla et al., 2012).

## 2.6.2 PŘÍSTUP 16S rRNA

Molekula 16S rRNA (neboli ribozomální RNA) je zhruba 1500 nukleotidů dlouhá prastará, funkčně a evolučně homologní ve všech organismech, která obsahuje velmi konzervované, ale zároveň variabilní oblasti, které umožňují srovnání sekvencí a fylogenetickou analýzu na úrovni rodu i druhu (Rossello-Mora a Amann, 2001). Právě studie částečných sekvencí této molekuly vedla Carla Woese k rozdělení organismů do tří základních domén – Archea, Bacteria a Eucaryota (Woese a Fox, 1977). Přístup ribozomální RNA se stal nedílnou součástí environmentální mikrobiologie a od jeho vývoje byla odhalena nesmírná rozmanitost bakteriálních metagenomu (Pace, 2009).

## 3 MATERIÁL A METODIKA

### 3.1 ODBĚR VZORKŮ

Materiál určený k odběru vzorků byl odebrán z exkavací archeoložkou a antropoložkou Mgr. Erikou Průchovou, jejíž výzkum je zaměřen na tafonomii lidského těla. Vzorky byly odebírány ve sterilním prostředí laboratoře, konkrétně se jednalo o vzorky z dutiny ústní, ze které byl vybrán vhodný kompaktní zub, který byl následně extrahován a vzorky půdy z oblasti dutiny břišní (ileocekální oblast). Dále byl odebrán vzorek z kravské kosti, která pocházela z celé, podle všeho nekonzumované krávy nalezené na lokalitě. Což navozuje podezření, že se jednalo o nemocného či uhynulého jedince u kterého došlo k obavě z konzumace infikovaného masa (Průchová, ústní sdělení).

Z pohřebiště v Hostivici byly odebrány celkem čtyři vzorky, tři vzorky z dutiny ústní s označením ‚Hostivice zub 1399‘, ‚Hostivice zub 1487B‘ a ‚Hostivice zub1491‘ a jeden vzorek půdy z dutiny břišní pod názvem ‚Hostivice hlína 1487B‘.

Z pohřebiště v Semonici bylo odebráno celkem deset vzorků, z toho šest vzorků z dutiny ústní s označením ‚Semonice zub 1‘, ‚Semonice zub 62‘, ‚Semonice zub 107-1‘, ‚Semonice zub 107-3‘, ‚Semonice zub 108-3‘ a ‚Semonice zub 407‘. Dále byly odebrány tři vzorky půdy z dutiny břišní pod názvy ‚Semonice hlína 234‘, ‚Semonice hlína 322‘ a ‚Semonice hlína 418\_S17‘. Posledním odebraným vzorkem byl odštěpek kravské kosti s označením ‚Semonice kost kráva 65‘.

### 3.2 IZOLACE DNA

K izolaci DNA z půdních vzorků i kosterních vzorků došlo podle kroků následujícího postupu dle Zichové (2021):

- 1) nadrcení vzorků zubní tkáně se stopami zeminy, vzorků půdy a kravské kosti,
- 2) rozmixování každého vzorku v 1,5 ml zkumavce eppendorf s 400 µl destilované vody, přidání 700 µl ROTI®-FENOL/CHLOROFORM/ISOAMYLALKOHOLU (roztok TE pufry), následované 3 minutami vortexování,

- 3) centrifugace směsi po dobu 7 minut ( $11\ 000\times g$ ), opatrné odebrání supernatantu a jeho přenesení do sterilní zkumavky eppendorf 1,5 ml (pozor na kontaminaci bílkoviny vysrážených na rozhraní obou fází),
- 4) viz krok č. 2,
- 5) viz krok č. 3,
- 6) rozmixování vzorku v 1,5 ml zkumavce eppendorf s 400  $\mu$ l destilované vody, přidání 700  $\mu$ l chloroformu, vortexování směsi po dobu 3 minut,
- 7) centrifugace směsi po dobu 7 minut, následovaná odebráním 200  $\mu$ l supernatantu a jeho přenesením do sterilní zkumavky eppendorf 1,5 ml,
- 8) přidání 100  $\mu$ l 5M vodného roztoku NaCl, 200  $\mu$ l 40 % polyethylenglykolu a 50  $\mu$ l roztoku s magnetickými kuličkami Clean NGS, následované 15 minutovou inkubací směsi,
- 9) umístění směsi do magnetického separátoru vlastní výroby po dobu 5 minut,
- 10) opatrné odebrání supernatantu (odpad), tak, aby nedošlo k odebrání magnetických kuliček s navázanou DNA,
- 11) promytí získané směsi DNA a magnetických kuliček 500  $\mu$ l 70 % roztokem ethanolu,
- 12) vložení směsi do magnetického separátoru na dobu 5 minut, následované odstraněním supernatantu,
- 13) promytí získané směsi DNA a magnetických kuliček 200  $\mu$ l 70 % roztokem ethanolu,
- 14) vložení směsi do magnetického separátoru na dobu 5 minut, odstranění supernatantu následované odpařováním zbytkového ethanolu za laboratorních podmínek do vyschnutí vzorku,
- 15) vyjmutí ze separátoru následovaná elucí DNA vázané na magnetické kuličky směsi v 50  $\mu$ l TE pufru po dobu 1 hodiny za laboratorních podmínek,

- 16) vložení směsi TE pufru a DNA do magnetického separátoru na dobu 5 minut, odpipetování supernatantu následované odstraněním magnetických kuliček ze směsi pomocí separátoru,
- 17) odebrání eluátu s DNA a jeho uložení do sterilní, řádně popsané zkumavky.

### **3.3 ZPRACOVÁNÍ VZORKŮ**

#### **3.3.1 SEKVENACE VZORKŮ METODOU ILLUMINA**

Vzorky byly zpracovány v Bioptické laboratoři s.r.o. Jedná se o největší cytologickou a bioptickou laboratoř v České republice, která je akreditována akreditovaná ČIA dle ČSN EN ISO 15189 a sídlí na Mikulášském náměstí 628/4, 326 00 Plzeň Slovany. Pro skreening bakterií laboratoř využila přístroj MiSeq od společnosti Illumina. Teoretický postup jejíž metody je popsán v kapitole 2.6.1 Illumina Solexa.

#### **3.3.2 ANALÝZA ZÍSKANÝCH DAT**

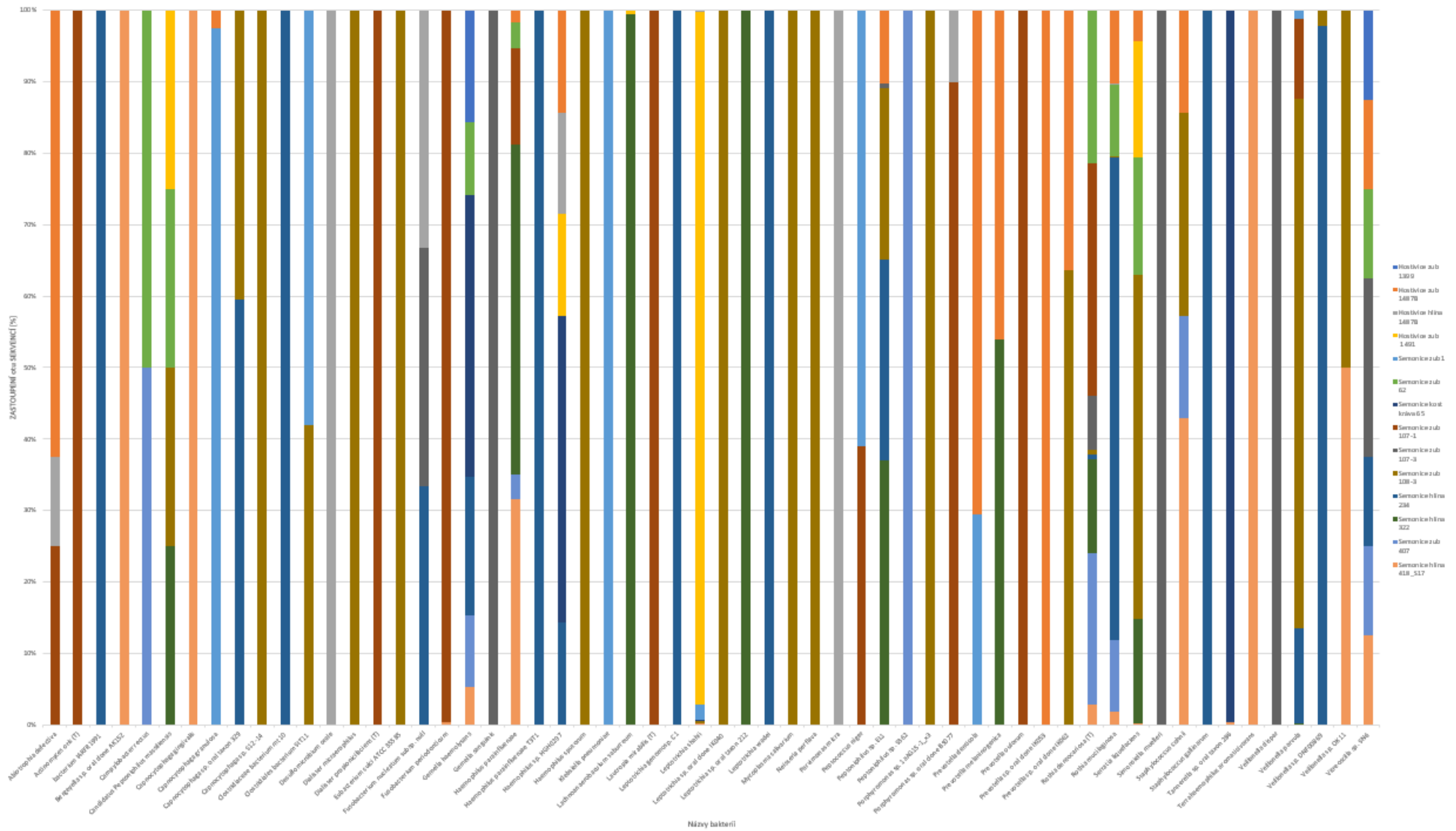
K další analýze vzorků byly využity programy CosmosID a SEED2. Získaná data byla zkatégorizována v programu Microsoft Excel, ve kterém byla vytvořena funkce, která při porovnání s databází půdních bakterií z databáze bakterií ze zemědělské půdy [6] vyřadila půdní bakterie s ní shodné. Vyhledávání bylo provedeno na úrovni rodů. Jedná se o databázi, která byla vytvořena pomocí podobného analogického postupu. U zbylých bakterií bylo binárně určeno (0 – nepatří do této skupiny, 1 – patří do této skupiny), zda se jedná o bakterie půdní, vodní, zda jsou lidské, ty byly rozděleny na bakterie kožní a orální, dále bylo určeno, zda se jedná o bakterie patogenní, zda jsou přítomny v trusu živočichů, a nakonec zda se jedná o extremofily. Poté byly vybrány bakterie, které byly jakýmkoliv způsobem spojeny s lidským organismem – bakterie komenzální, ty byly rozřazeny na bakterie orální, kožní, gastrointestinálního a respiračního traktu a zbylé komenzály, které nepatří a ni do jedné z těchto skupin. K určování typů výskytu bakterií jsme využili několik online databází bakterií – European Nucleotide Archive [2], BacDive [3], National Center of Biotechnology information (NCBI) Taxonomy Browser [4] články z databáze NCBI National Library of Medicine – PubMed [5].

## 4 VÝSLEDKY

Bylo provedeno porovnání výsledků s poměrně rozsáhlou databází půdních bakterií, která je hojně citována a obsahuje 12 118 položek [6]. Pro tyto analýzy byly odebrány vzorky půdy ze „zdravé“ a „nezdravé“ zemědělské půdy. „Zdraví“ půdy bylo určeno na základě produktivity rostlin a vnímání farmářů. DNA bakterií byla extrahována z různých půd a podrobena metagenomické analýze [6]. Porovnávání získaných vzorků s touto databází bylo získány vzorky, které zřejmě z větší části představují ty bakterie, které zbyly po rozkladu pohřbených těl v minulosti (viz Příloha Tab. 1-5, Tab. 15, Tab. 16, Tab. 17). Přesto se mezi vzorky při podrobné identifikaci objevily některé bakterie, které jsou čistě půdní a některé které jsou jak lidské ať už patogeny, nebo komenzální bakterie. To bylo vyřešeno v tabulkách, kde byla uvedena jen klasifikace převážně výlučně lidských bakterií. Jedná se o tabulky 1-14, ve kterých jsou uvedeny bakterie komenzální a tabulky 15, 18 a 21 (Příloha), ve kterých jsou uvedeny bakterie lidského mikrobiomu, které se mohou být oportunními patogeny. V tabulkách 16, 19 a 22 jsou uvedeny patogenní bakterie člověka, které mají původ v environmentu a tabulky 17, 20 a 23 (Příloha) uvádějí patogenní bakterie živočichů. Výskyt bakterií je vyjádřen pomocí počtu OTU sekvencí daného bakteriálního druhu detekovaných ve vzorku.

### 4.1 KOMENZÁLNÍ BAKTERIE

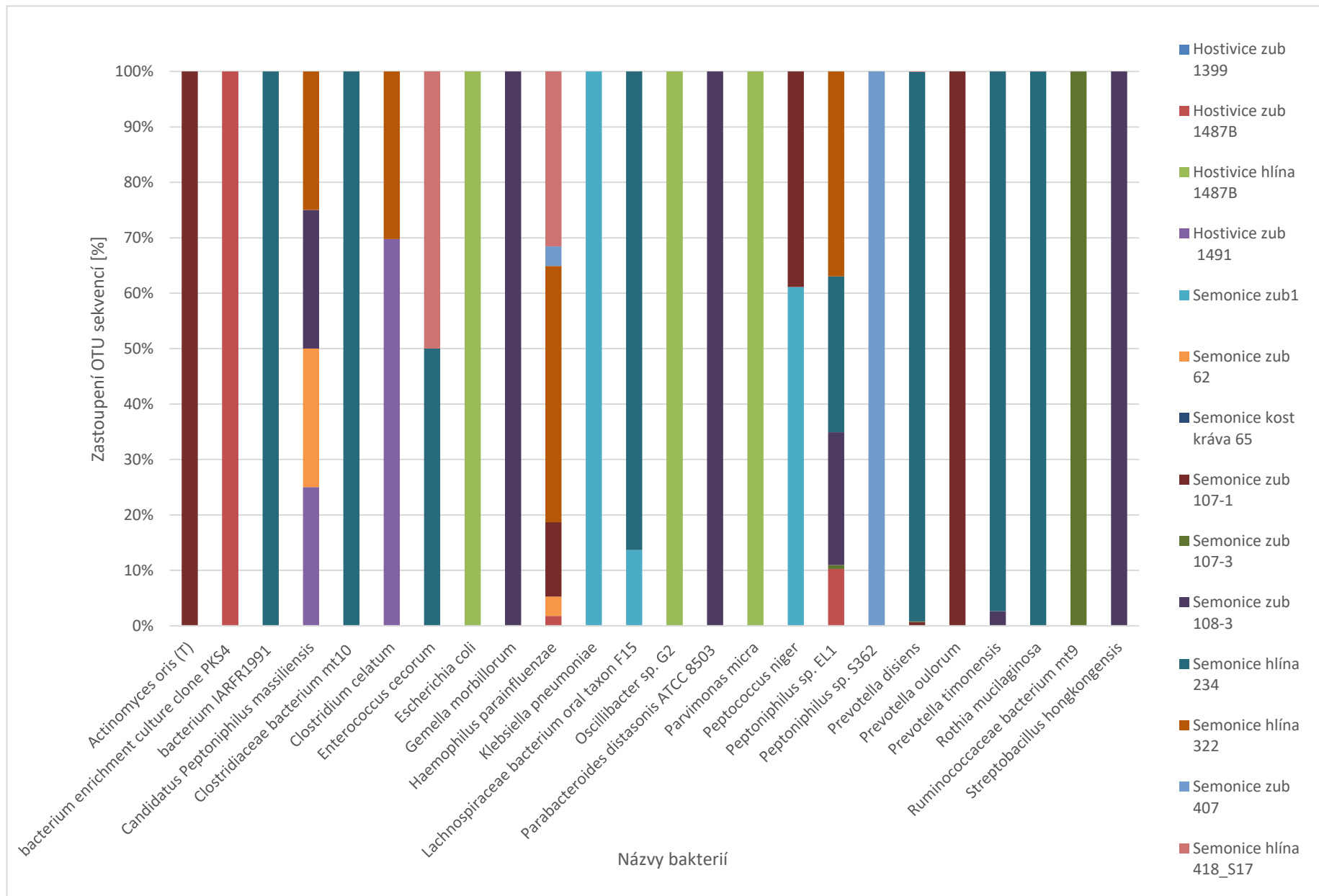
Ve všech 14 vzorcích bylo celkem identifikováno 101 komenzálních bakterií lidského mikrobiomu. Z toho 58 druhů těchto bakterií patří mezi orální komenzální bakterie (viz Graf 1, Tab. 1), 19 druhů patří mezi komenzální bakterie kůže (viz Graf 2, Tab. 2), 24 druhů patří mezi komenzální bakterie gastrointestinálního traktu (viz Graf 4, Tab. 3), 13 druhů patří mezi komenzální bakterie respiračního traktu (viz Graf 3, Tab. 4), dále bylo identifikováno 19 druhů dalších komenzálních bakterií lidského mikrobiomu, které nespádají ani do jedné z předchozích kategorií a byly proto zařazeny do tabulky 5 (viz Graf 5) jako „zbylé komenzální bakterie lidského mikrobiomu. Pokud sečteme počet bakterií v jednotlivých kategoriích, dojdeme k celkovému počtu 133 druhů, je tomu tak proto, že bakterie, jako je například *Gemella haemolysans* či *Klebsiella pneumoniae* spadají do dvou či více vyčleněných kategorií.



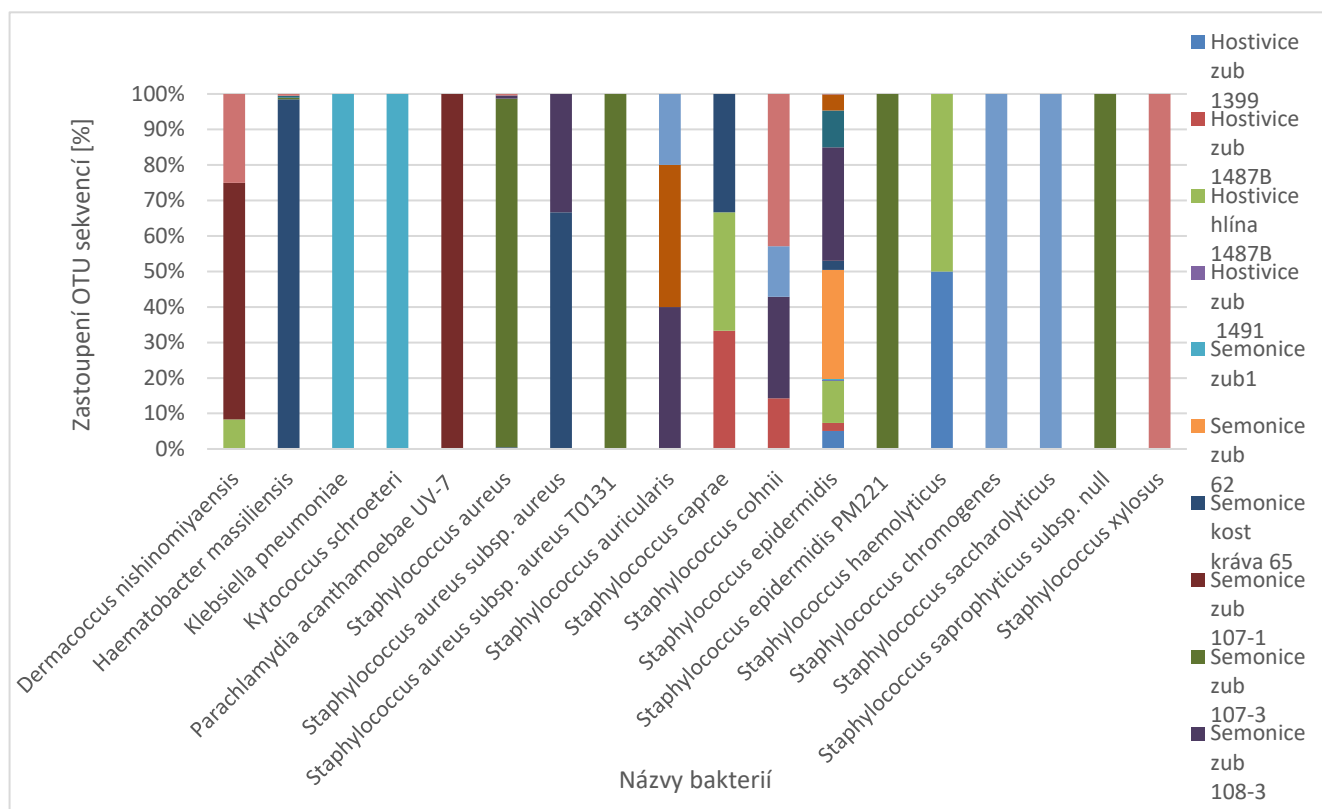
Graf 1 Četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.



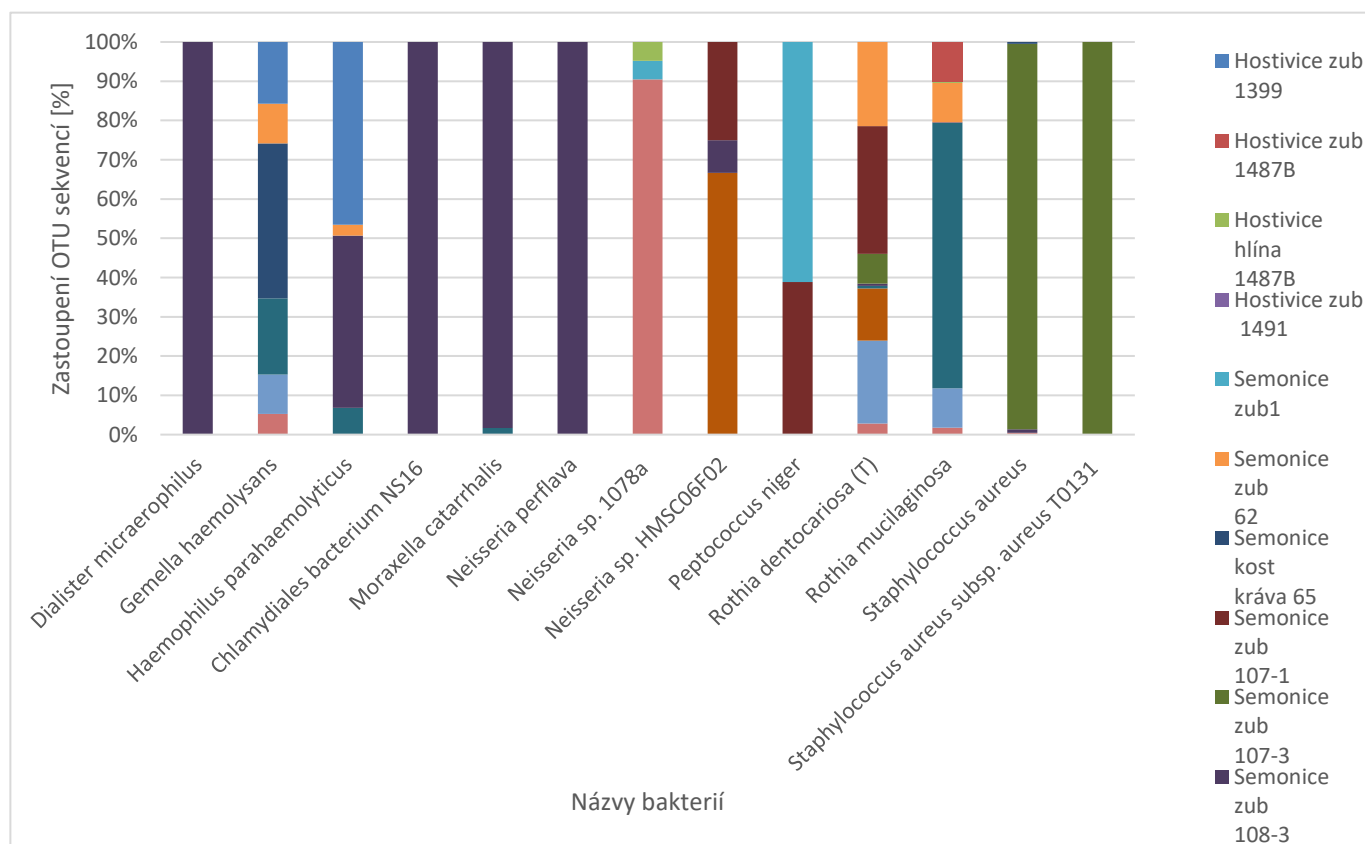
## 4 VÝSLEDKY



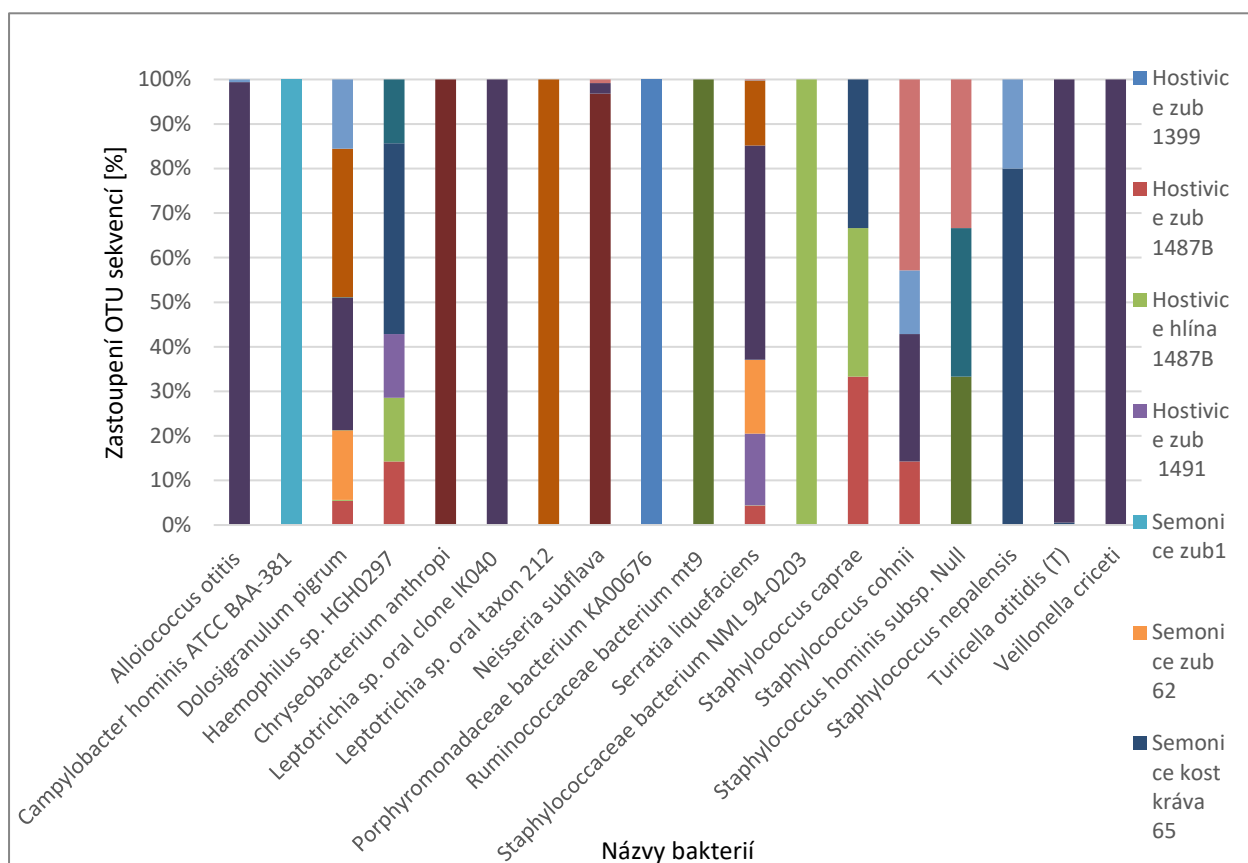
Graf 2 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.



Graf 4 Četnost OTU kmenů komenzálních bakterií kůže.



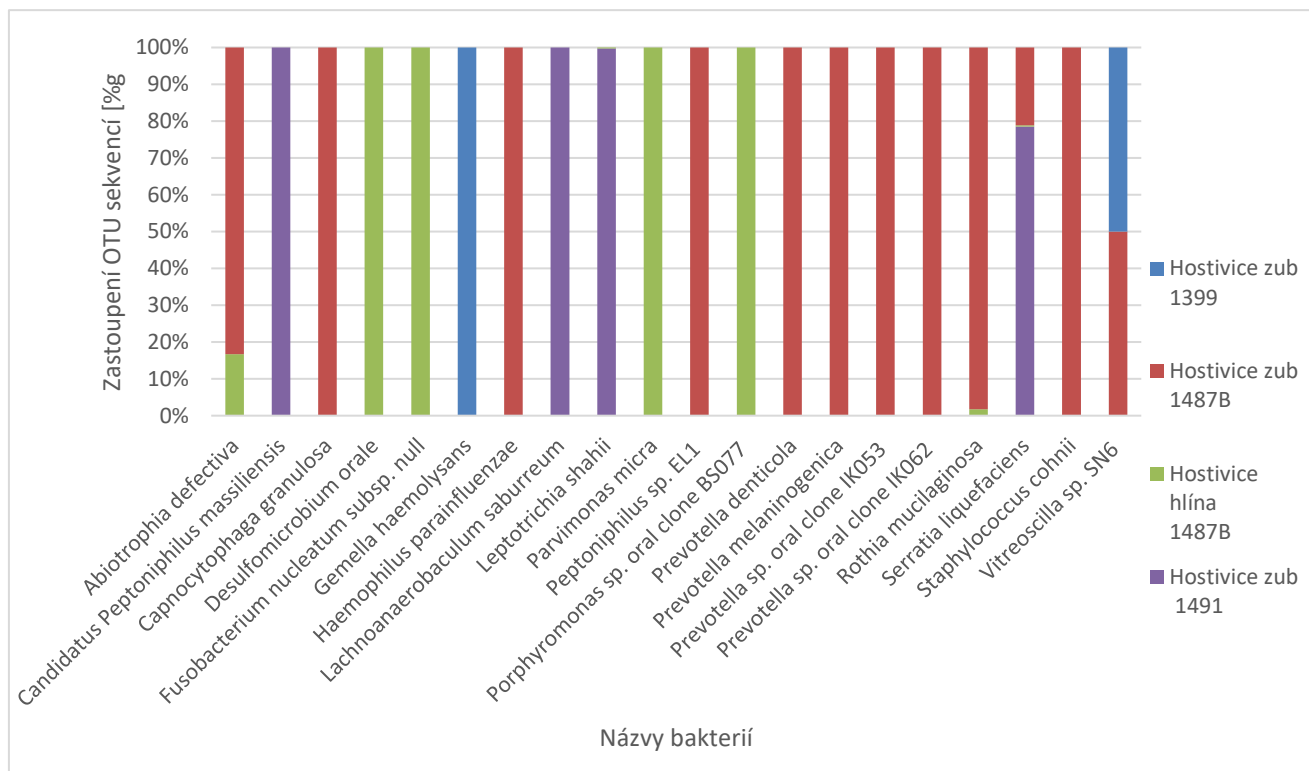
Graf 3 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.



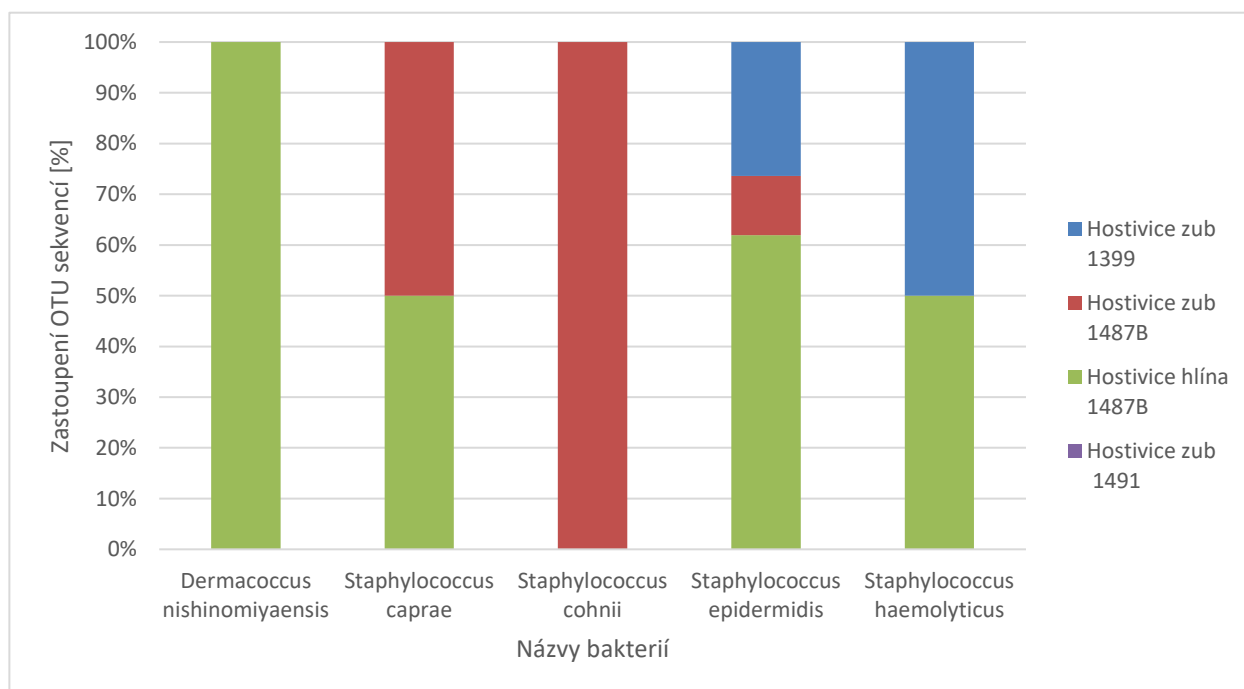
Graf 5 Četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského těla.

#### 4.1.1 HOSTIVICE KOMENZÁLNÍ BAKTERIE

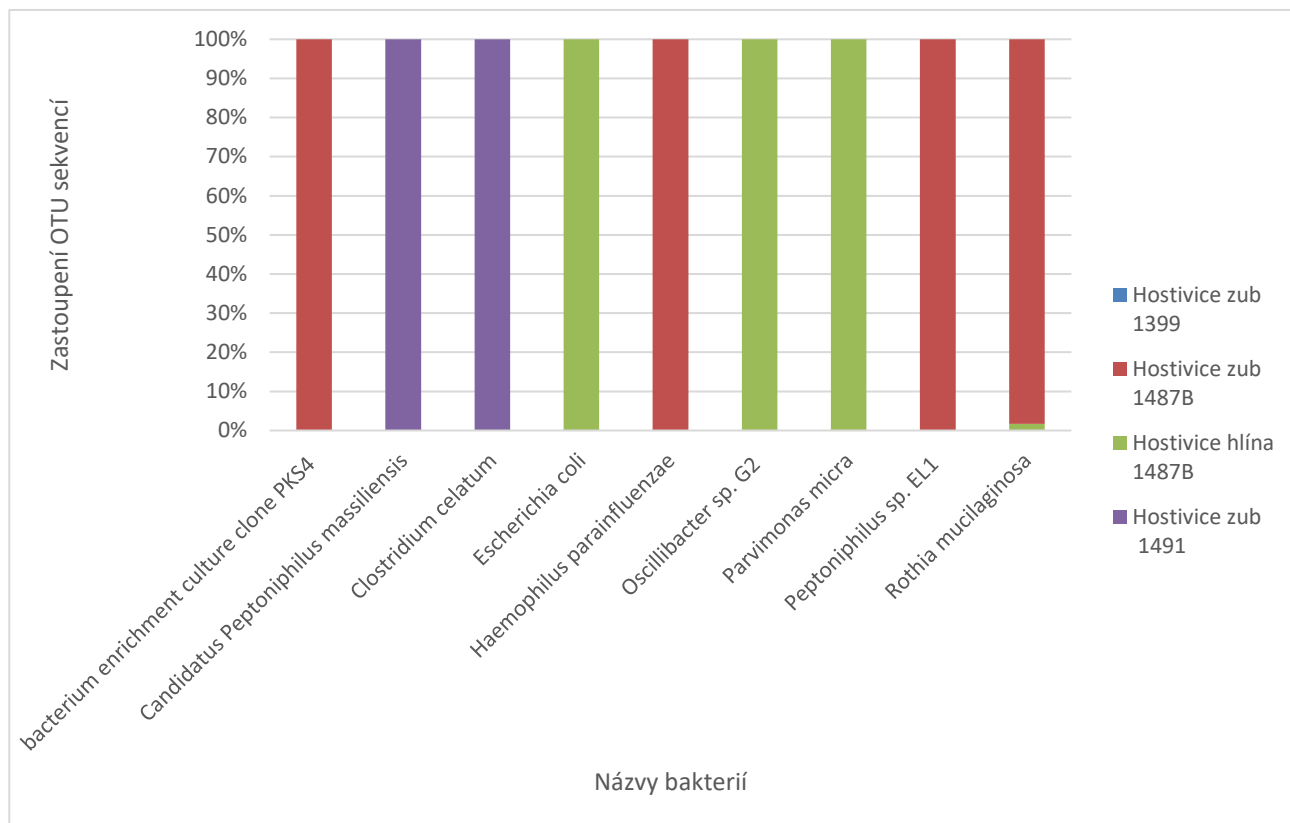
Ve 4 vzorcích z pohřebiště v Hostivici bylo celkem identifikováno 33 komenzálních bakterií lidského mikrobiomu. Z čehož nejhojnější zastoupení mají orální komenzální bakterie s celkovým počtem 20 druhů (viz Graf 7, Tab. 6), 5 druhů patří mezi komenzální bakterie kůže (viz Graf 6, Tab. 7), 9 druhů patří mezi komenzální bakterie gastrointestinálního traktu (viz Graf 8, Tab. 8), komenzálních bakterií respiračního traktu bylo velice málo, proto byly do jedné tabulky se zbylými komenzálními bakteriemi lidského mikrobiomu, pod označením zbylé lidské komenzální bakterie, dohromady se v ní nachází 11 druhů (viz Graf 9, Tab. 9). Pokud sečteme počet bakterií v jednotlivých tabulkách dojdeme k celkovému počtu 45 bakterií, je tomu tak proto, že bakterie, jako je například *Haemophilus parainfluenzae* či *Staphylococcus caprae* patří do dvou či více vyčleněných kategorií.



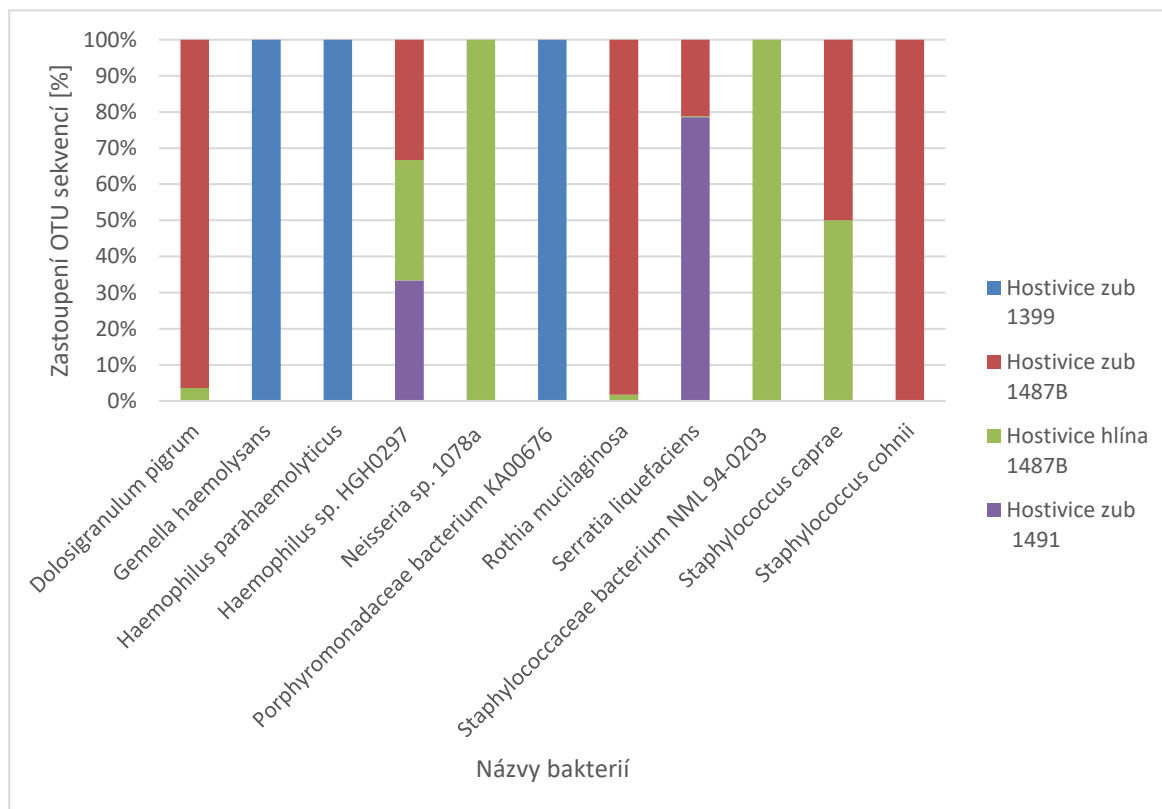
Graf 7 Hostivice – četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.



Graf 6 Hostivice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.



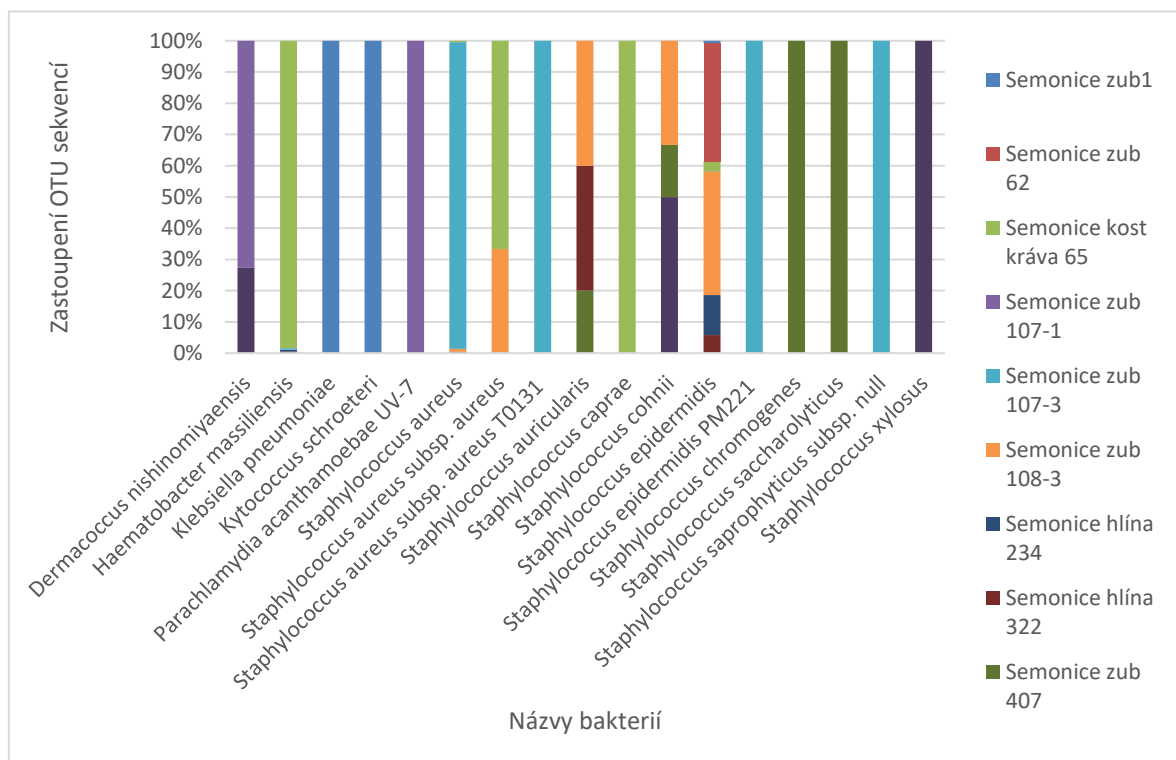
Graf 8 Hostivice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.



Graf 9 Hostivice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského mikrobiomu.

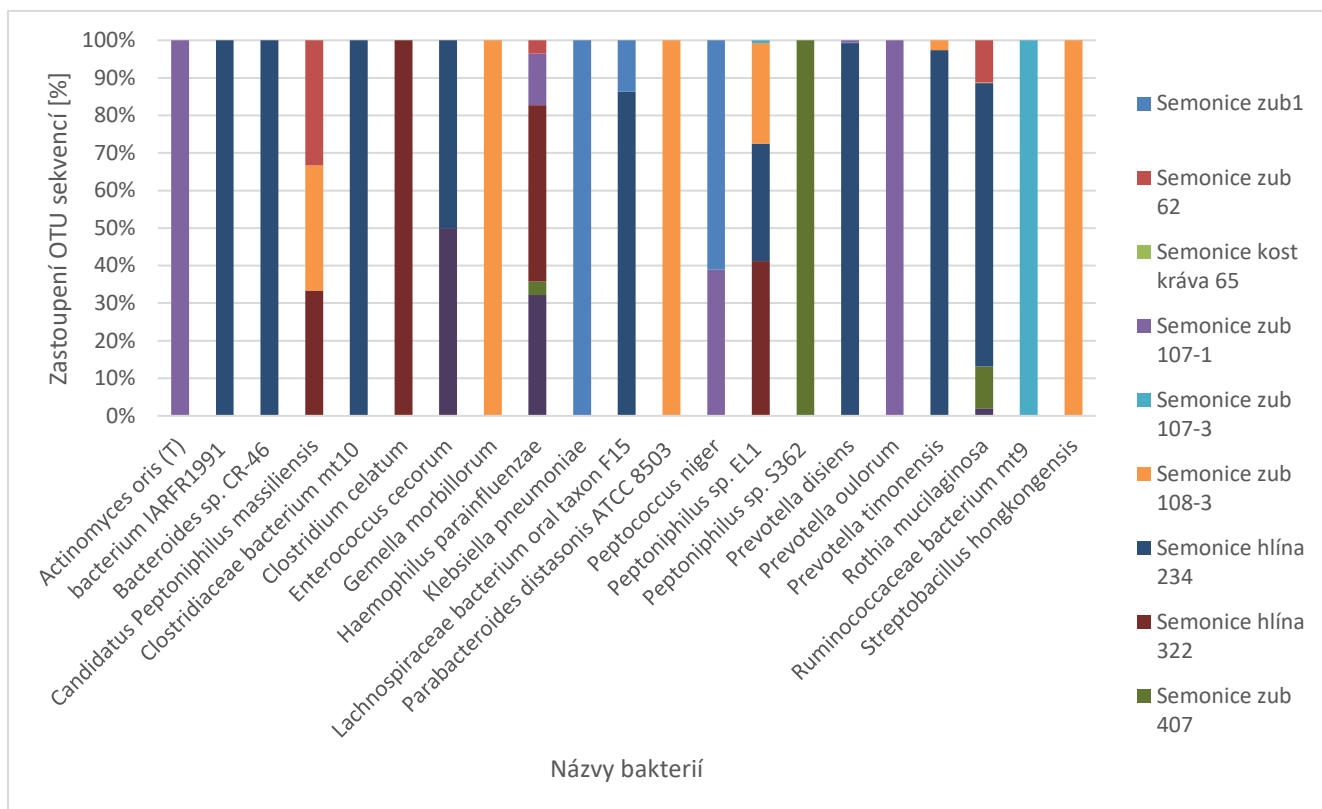
#### 4.1.2 SEMONICE KOMENZÁLNÍ BAKTERIE

Ve 10 vzorcích z pohřebiště v Semonicích bylo celkem identifikováno 91 komenzálních bakterií lidského mikrobiomu. Z toho 53 druhů těchto bakterií patří mezi orální komenzální bakterie (viz Graf 11, Tab. 10), 17 druhů patří mezi komenzální bakterie kůže (viz Graf 10, Tab. 11), 21 druhů patří mezi komenzální bakterie gastrointestinálního traktu (viz Graf 13, Tab. 12), 13 druhů patří mezi komenzální bakterie respiračního traktu (viz Graf 12, Tab. 13), dále bylo identifikováno 15 druhů dalších komenzálních bakterií lidského mikrobiomu, které nespádají ani do jedné z předchozích kategorií a byly proto zařazeny do samostatné tabulky jako zbylé komenzální bakterie lidského mikrobiomu (viz Graf 14, Tab. 14). Pokud sečteme počet bakterií v jednotlivých kategoriích, dojdeme k celkovému počtu 119 druhů, jako v předchozích případech je tomu proto, že některé bakterie spádají do dvou či více vyčleněných kategorií.

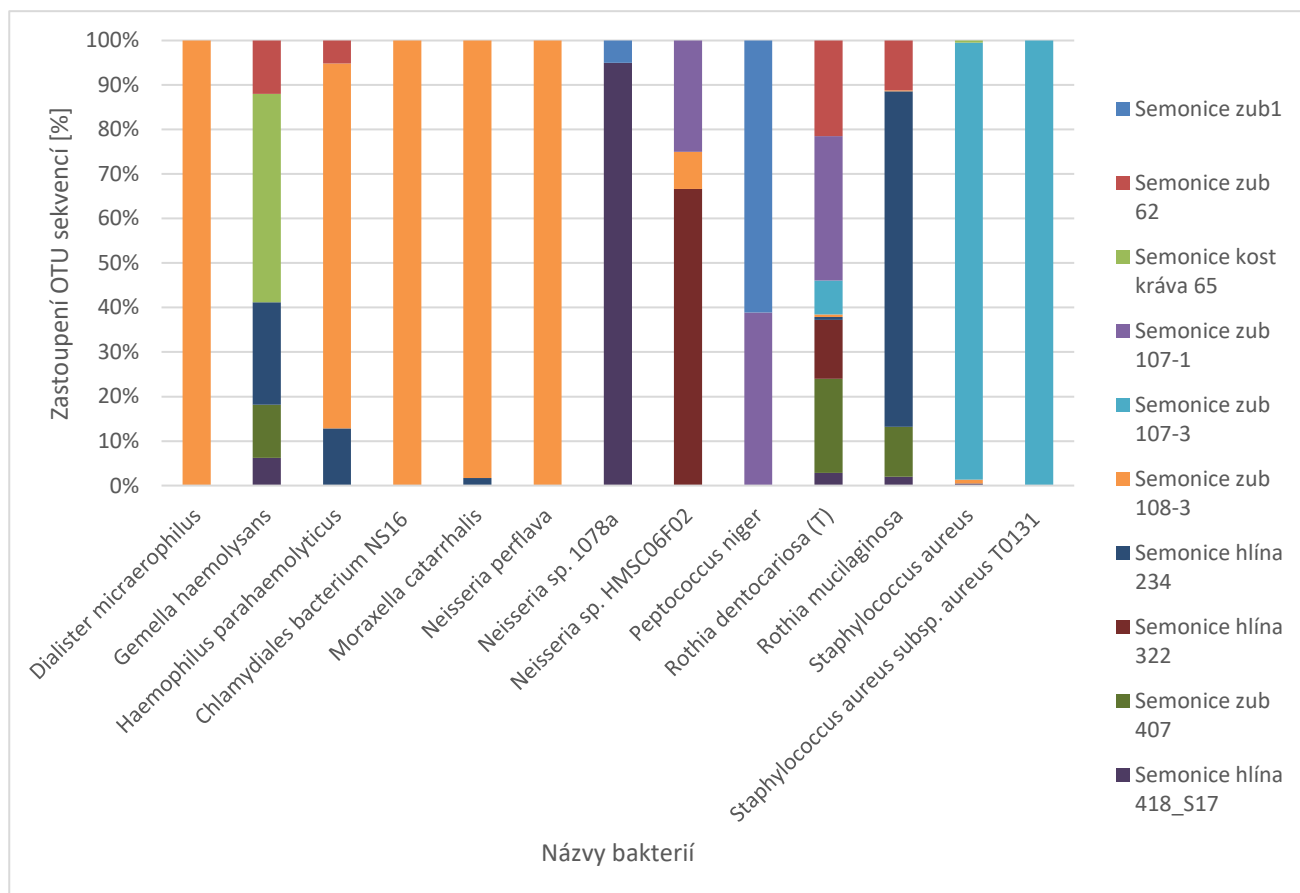


Graf 10 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.



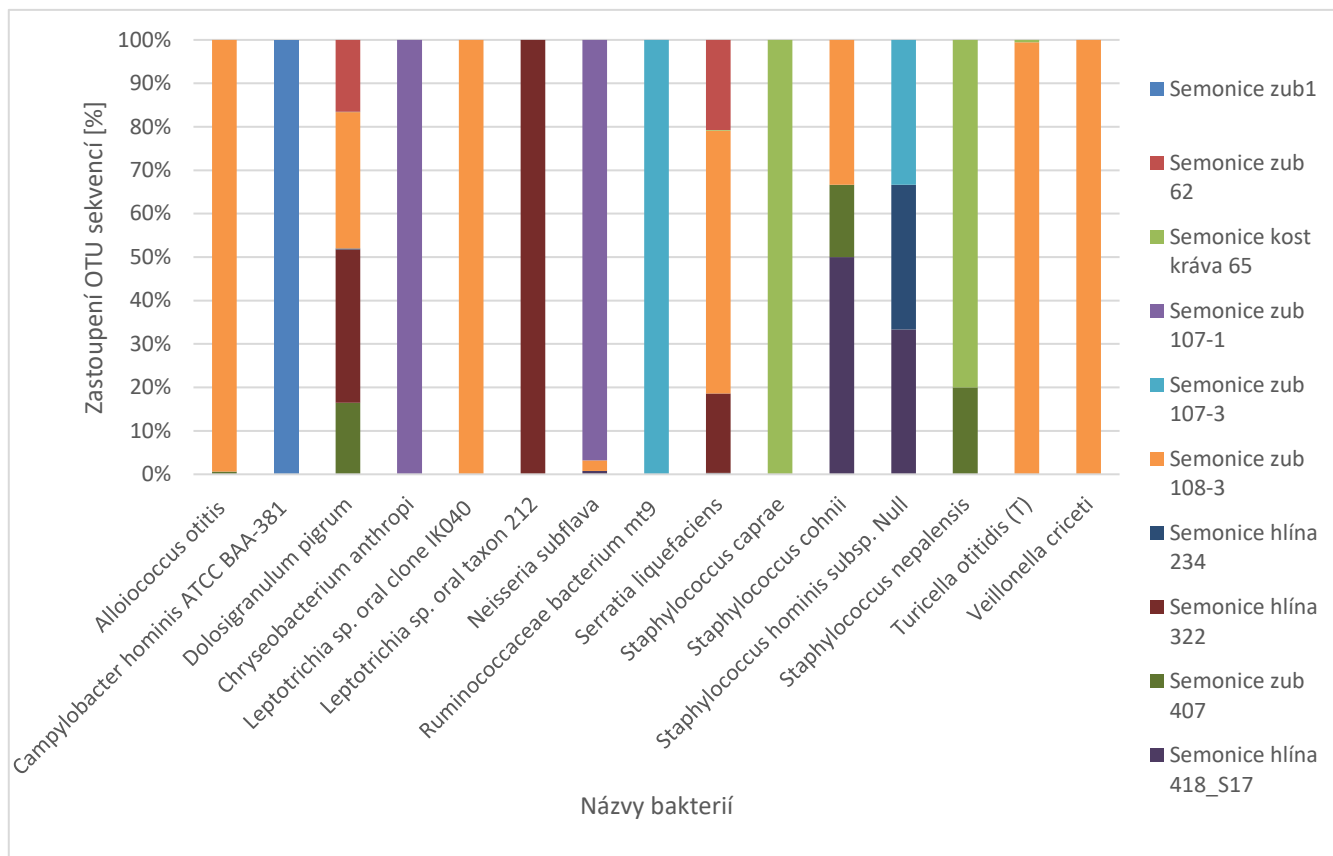


Graf 13 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.



Graf 12 Semonice – četnost zastoupení OTU sekvencí komenzálních bakterií respiračního traktu.

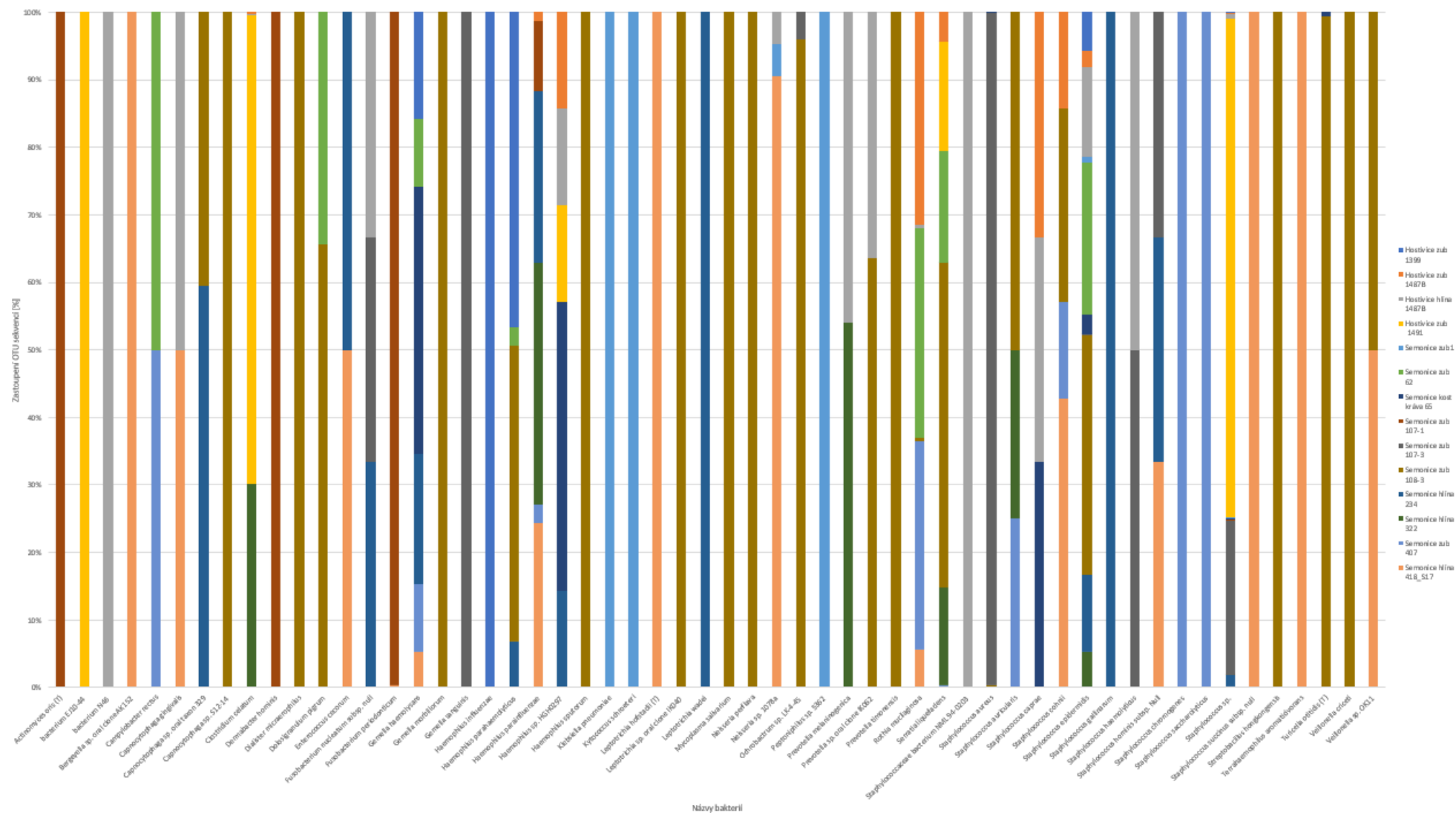


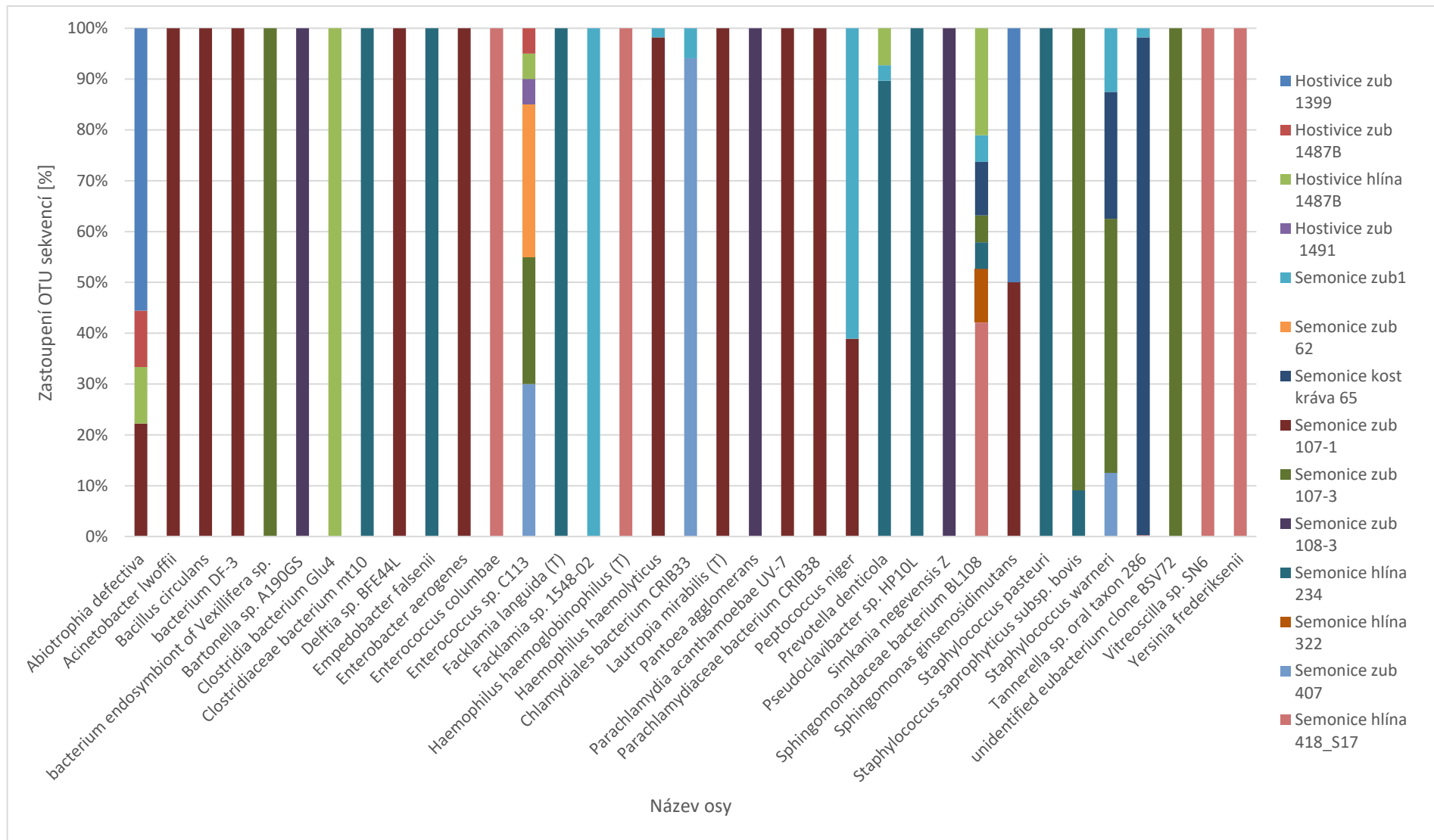


Graf 14 Semonice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského mikrobiomu.

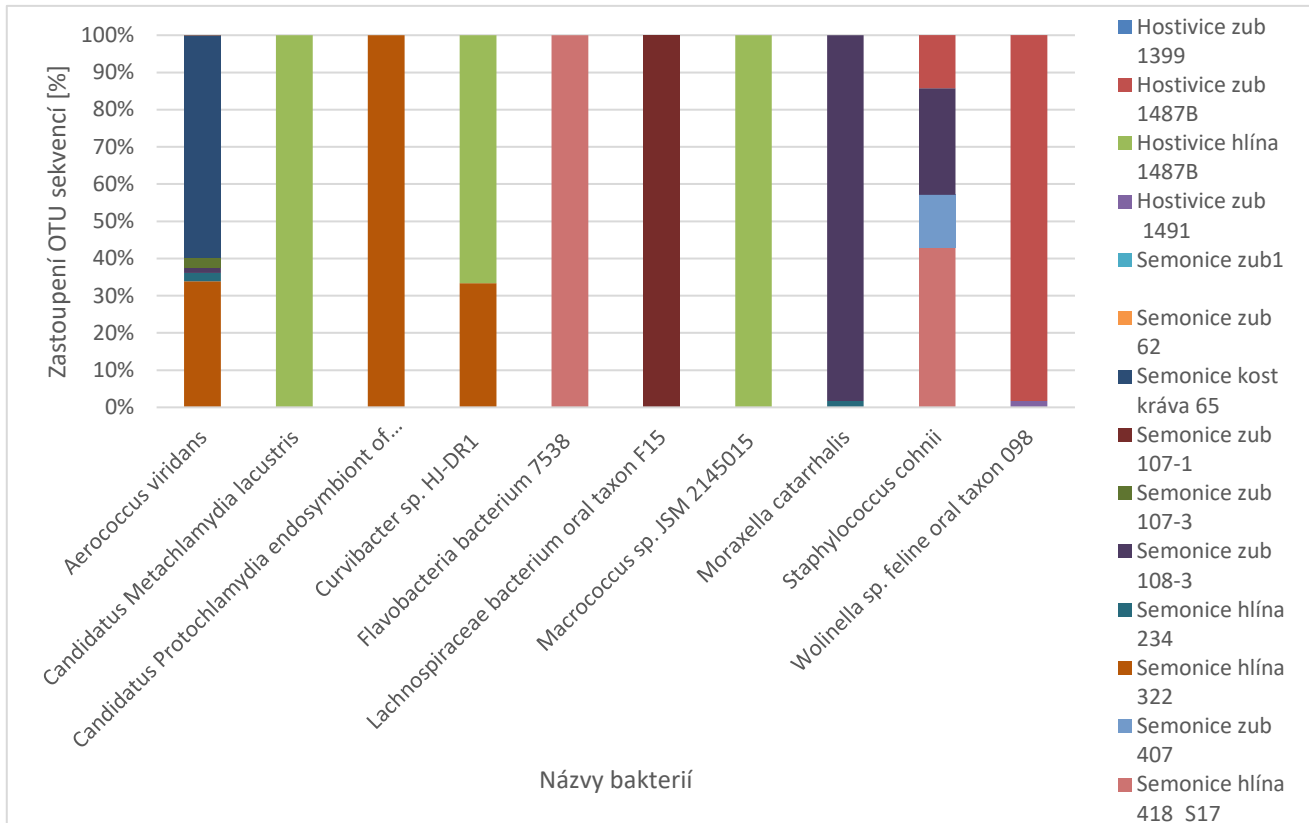
## 4.2 VÝSLEDKY PATOGENNÍ BAKTERIE

Ve všech 14 vzorcích bylo celkem identifikováno 102 patogenních bakterií, které byly rozděleny do tří kategorií. První kategorií jsou typicky lidské patogeny, včetně oportunních patogenů lidského mikrobiomu, celkem se jedná o 56 druhů bakterií (viz Graf 15, Tab. 15) pod označením oportunní patogenní bakterie lidského mikrobiomu. Do druhé kategorie spadají environmentální bakterie, které mohou být patogenní pro člověka, dohromady se jedná o 35 druhů (viz Graf 16, Tab. 16). Do poslední kategorie byly zařazeny patogenní bakterie živočichů, jedná se o nejméně druhově početnou kategorii s celkovým počtem 10 druhů (viz Graf 17, Tab. 17). Pokud sečteme počet bakterií v jednotlivých kategoriích, dojdeme k celkovému počtu 110 druhů, jako v případě komenzálních bakterií je tomu proto, že některé bakterie spadají do dvou či více vyčleněných kategorií.





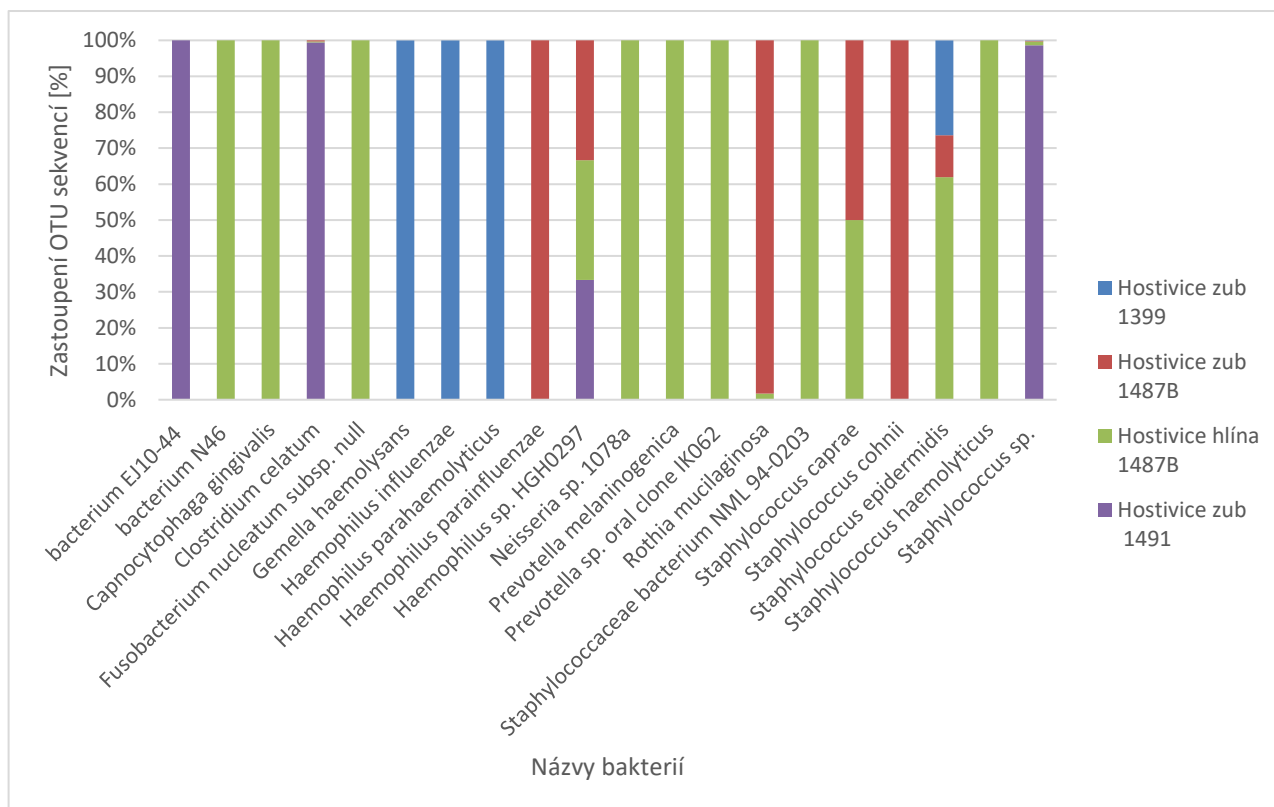
Graf 16 Četnost OTU sekvencí enviromentálních bakterií patogenních pro člověka.



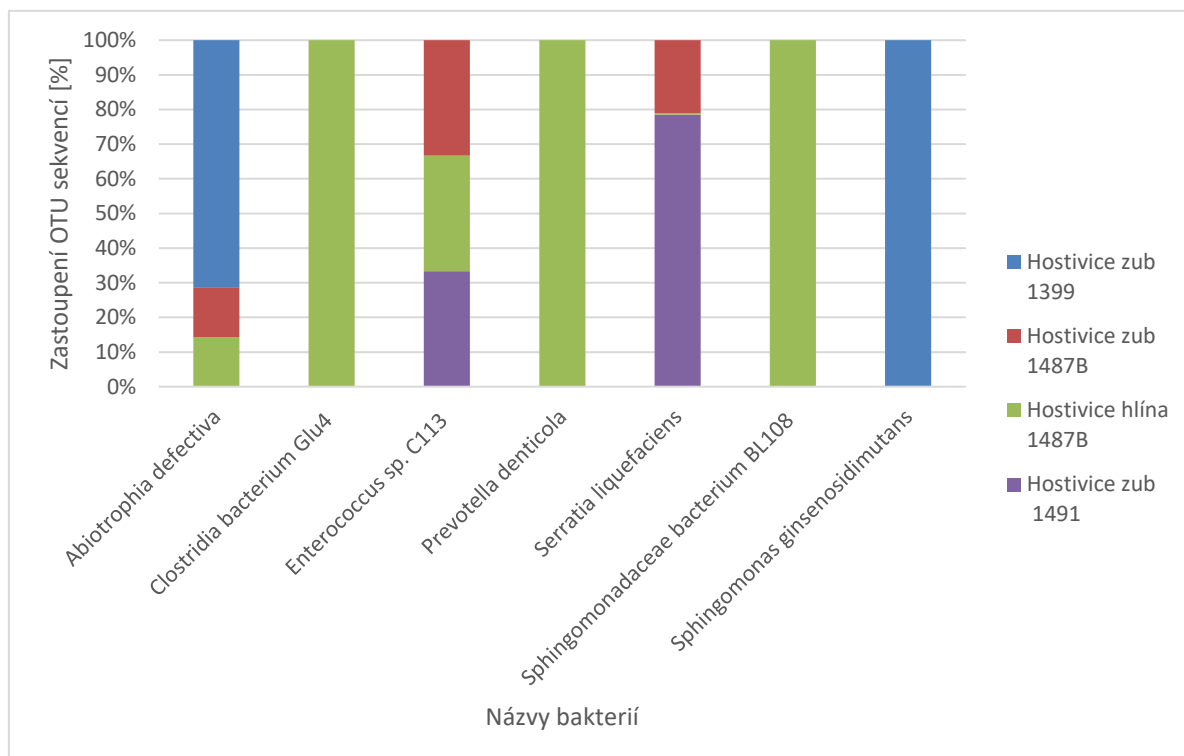
Graf 17 Četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.

#### 4.2.1 HOSTIVICE PATOGENNÍ BAKTERIE

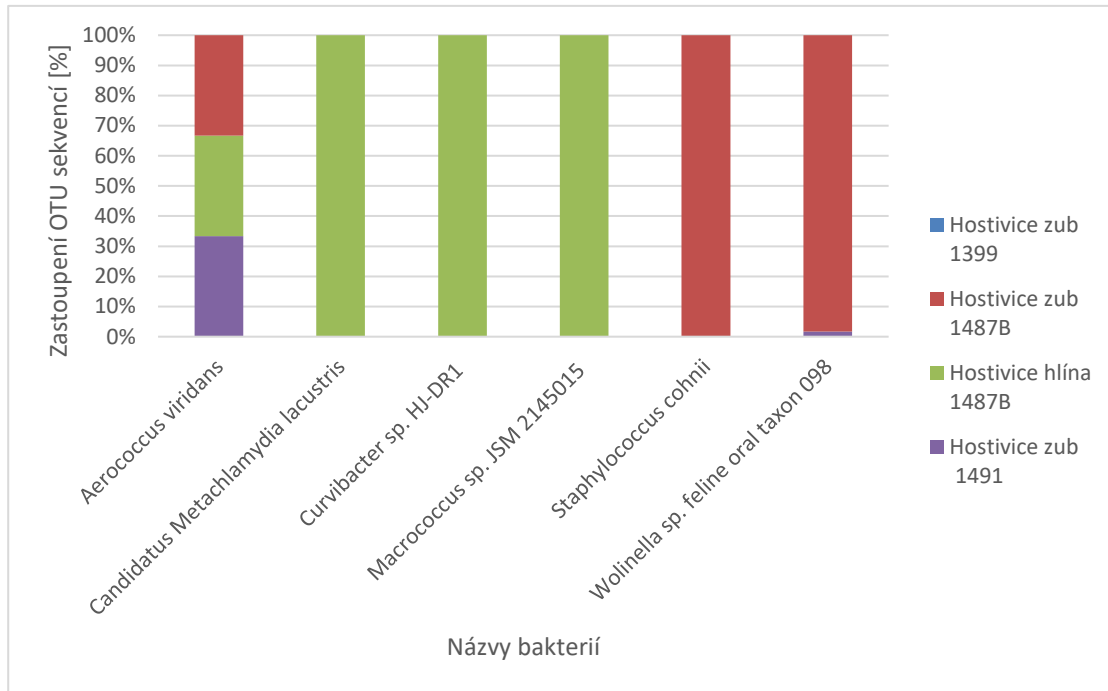
Ve 4 vzorcích z pohřebiště v Hostivici bylo celkem identifikováno 33 druhů patogenních bakterií. Z toho bylo 20 druhů bakterií zařazeno mezi oportunní bakterie lidského mikrobiomu (viz Graf 18, Tab. 18). Do skupiny enviromentálních patogenů člověka bylo zařazeno 7 druhů (viz Graf 19, Tab. 19) a 6 identifikovaných druhů patří do skupiny patogenních bakterií živočichů (viz Graf 20, Tab. 20). Pokud sečteme počet bakterií v jednotlivých kategoriích, dojdeme k celkovému počtu 33 druhů, bakterie v případě vzorků z pohřebiště v Hostivici v jednotlivých kategoriích neopakují.



Graf 19 Hostivice - četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu.



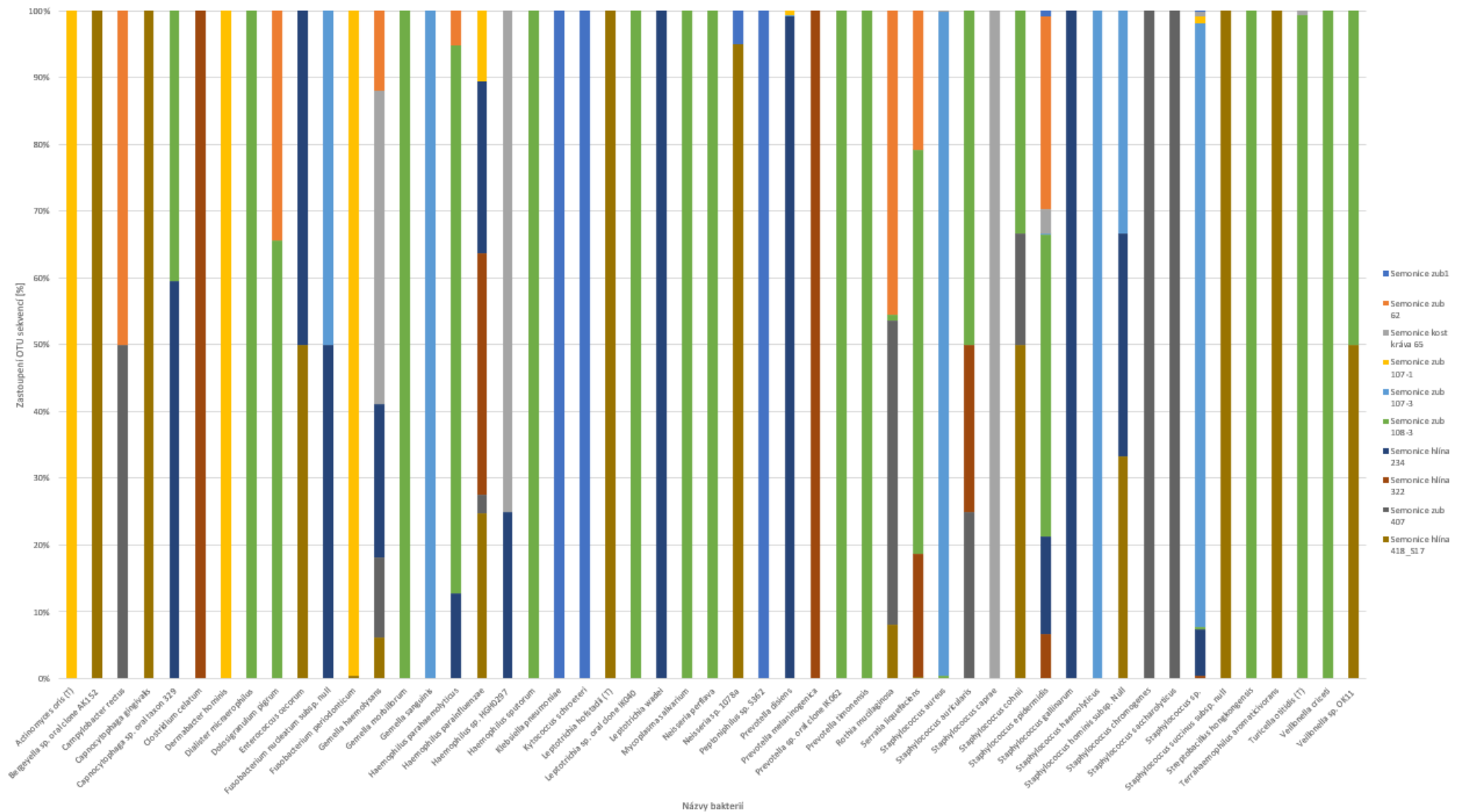
Graf 18 Hostivice - četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka.



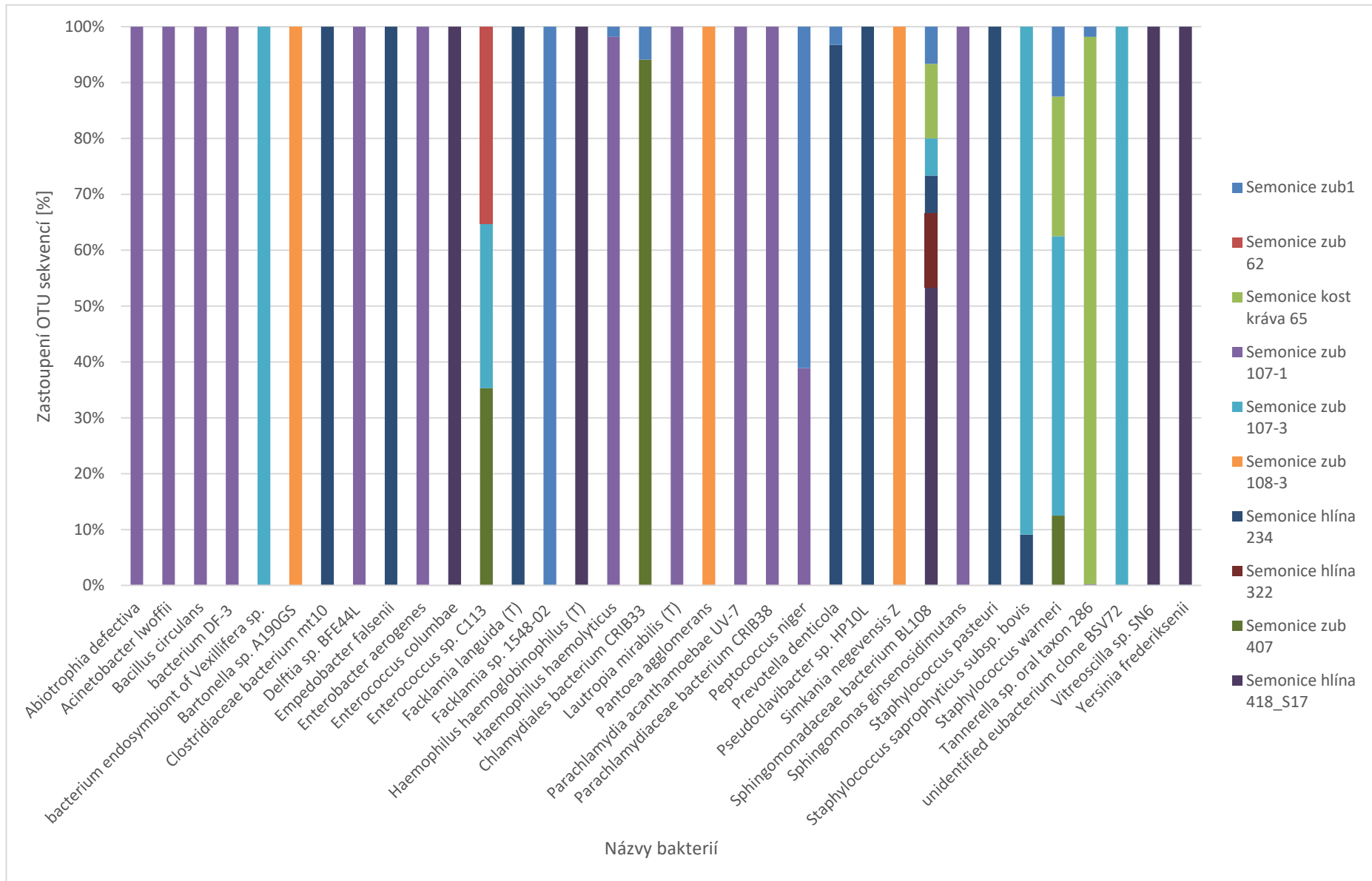
Graf 20 Hostivice – četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.

#### 4.2.2 SEMONICE PATOGENNÍ BAKTERIE

V 10 vzorcích z pohřebiště v Semonících bylo celkem identifikováno 92 druhů patogenních bakterií. Z toho bylo 51 druhů bakterií zařazeno mezi oportunní bakterie lidského mikrobiomu (viz Graf 21, Tab. 21). Do skupiny enviromentálních patogenů člověka bylo zařazeno 34 druhů (viz Graf 22, Tab. 22) a 7 identifikovaných druhů patří do skupiny patogenních bakterií živočichů (viz Graf 23, Tab. 23). Pokud sečteme počet bakterií v jednotlivých kategoriích, dojdeme k celkovému počtu 92 druhů, bakterie se stejně jako v případě vzorků z pohřebiště v Hostivici v jednotlivých kategoriích neopakují.

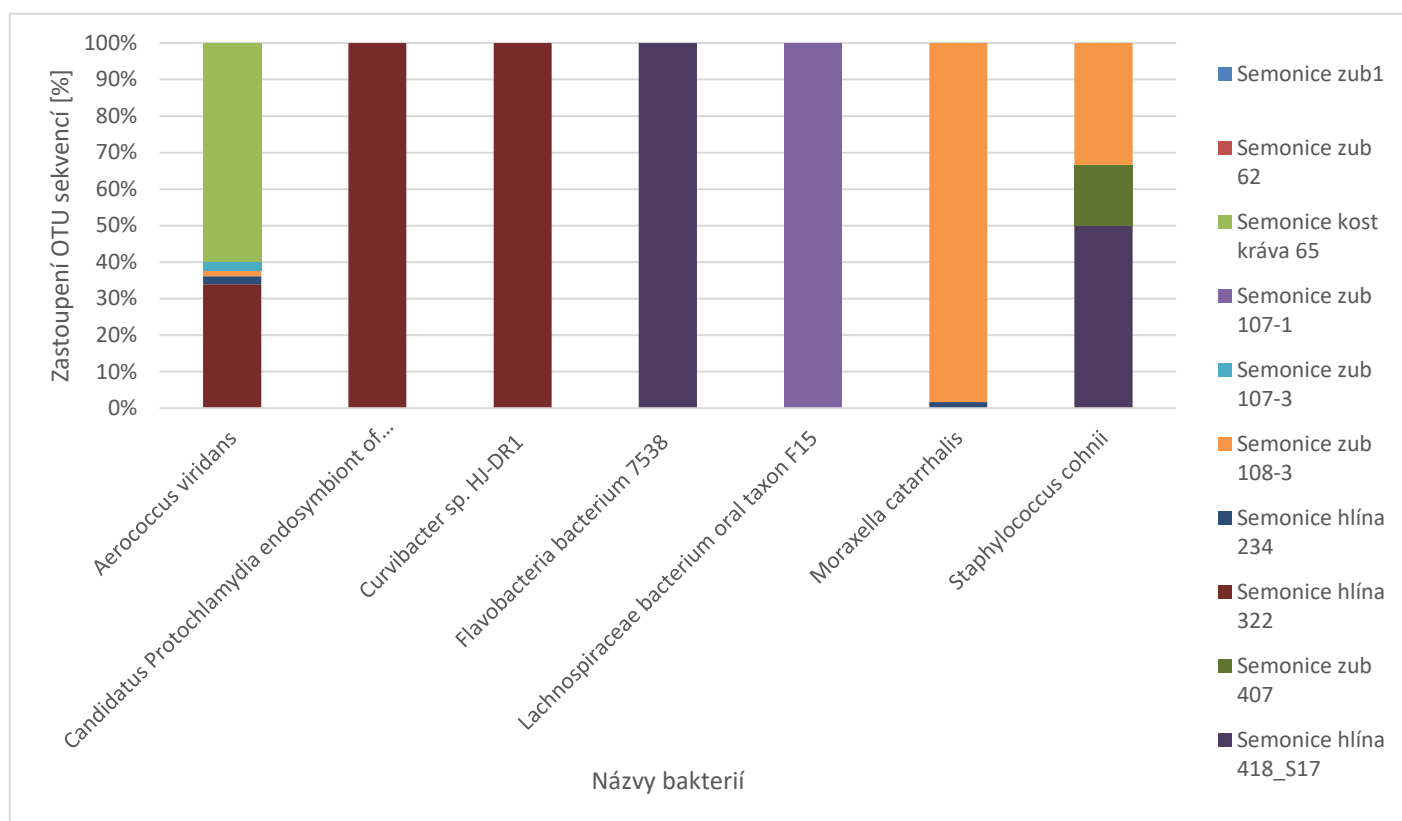


Graf 21 Semonice – četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu



Graf 22 Semonice – četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka.





Graf 23 Semonice - četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.

## 5 DISKUSE

Tato studie si vytkla pokračovat ve výzkumech metagenomiky bakterií na zbytcích těl z minulých populací, podobné výsledky byly dosud prováděné zejména na zubním plaku, a to jak na relativně nedávných, tak mnoho století starých vzorcích (Adler et al., 2013; Eisenhofer et al., 2020; Weyrich et al., 2015). Pro účely předkládané studie byly testovány bakterie z celých zubů a byl také učiněn pokus o odlišení půdních bakterií od přežívajících bakterií, či zbytků DNA bakterií, které byly původní součástí lidského mikrobiomu, a to nejen ústního jako v předchozích studiích, tak také na střevního mikrobiomu.

Po odfiltrování půdních bakterií z výsledků na první pohled plyne, že nejlépe v zemině v otevřeném půdním prostředí z lidských bakterií dlouhodobě přežívá rod *Staphylococcus*, a zvláště druh *Staphylococcus epidermidis* (viz Tab. 3, 8, 12, 16, 19, 22), ale dají se identifikovat další druhy např. *S. succinus*, nebo *S. aureus* atd. *S. epidermidis* je běžná symbiontní bakterie, která se může stát infekční, vyskytuje se na kůži, ale i v nosohltanu [7]. Není jasné, proč právě tento rod, respektive druh se ve vzorcích ze zubů, či zemině původní břišní dutiny, zcela dominuje, protože se nejedná se nejzastoupenějšího komenzála živých lidí, to je spíše rod *Streptococcus*. Zároveň se nejedná o půdní bakterii, je tudíž vysoce pravděpodobné, že skutečně v největším množství přežívá z těla mrtvého člověka a zřejmě ji půdní prostředí příliš nevdá. Zmíněný rod *Streptococcus*, který je u živých lidí poměrně hojný, se vyskytoval rovněž ve všech vzorcích ze zubů i z břišní dutiny, zvláště druh *S. tigurinus*, v menší míře *S. oralis* a *S. phocae*, nicméně tento rod byl při porovnávání s půdními bakteriemi, vyřazen z lidských bakterií, protože je to bakterie, která se vyskytuje i půdě. V hodnocení byl kladen důraz na, pokud možno, striktní určení bakterií, které skutečně pochází z těla zkoumaných mrtvých lidí. Další více zastoupené druhy, respektive rody jsou hojné jen u některých vzorků, nikoliv u všech jako v případě rodu *Staphylococcus*. Mezi další druhy, které byly zastoupené u více vzorků patří *Dolosigranulum pigrum* (viz Tab. 6, 10, 15, 16, 22), což je druh nalezený u osmi vzorků, i když v různých frekvencích. Uvádí se, že *D. pigrum* je pro člověka prospěšná bakterie, kupříkladu potlačuje nazální/nasofaryngeální (nosní/nosohltanovou) kolonizaci patogenními druhy *Staphylococcus aureus* a *Streptococcus pneumoniae*. Při experimentech *D.*

*pigrum* inhiboval růst *S. aureus in vitro*, zatímco silná inhibice *S. pneumoniae* vyžadovala společnou přítomnost jednak *D. pigrum*, tak nazální bakterie *Corynebacterium* (Brugger et al., 2020). Rod *Corynebacterium* se nepodařilo detekovat, tak není možné platnost ověřit, nicméně *S. aureus* a *D. pigrum* ve vzorcích nalezeny byly, a tak lze prokázat, zda se vylučují. Ve vzorku „Semonice kost kráva 65“ je jen slabá přítomnost *S. aureus* (3 OTU), tento případ asi můžeme zanedbat, ale ve vzorku „Semonice zub 107-3“ je nepatrná přítomnost *D. pigrum* (1 OTU), naopak vysoká *S. aureus* (1801 OTU), ve všech dalších pěti případech, kde byla přítomnost *D. pigrum* výraznější (54-331 OTU), nebyl *S. aureus* detekován vůbec. Na jednoznačné potvrzení výsledků od autorů Brugger et al. (2020) je málo zpracovaných vzorků, nicméně zdá se, že alespoň v některých případech lze vztahy lidských bakterií studovat i post mortem po řadě staletí. Podobným případem je *Gemella haemolysans* (Tab. 2, 7, 10, 11, 14, 16, 19, 22), což je bakterie nalezená u 7 vzorků (13-98 OTU). Přítomnost *G. haemolysans* ve slinách by měla být spojena se zdravím parodontu, tato bakterie inhibuje *in vitro* růst *Porphyromonas gingivalis* (Miyoshi et al., 2021). Naše výsledky to potvrzují jen částečně. V šesti případech je skutečně *G. haemolysans* a žádná bakterie *Porphyromonas*, (tuto bakterii se podařilo určit jen do rodu), v dalším případě je *Porphyromonas* (149 OTU) bez *G. haemolysans*, nicméně u jednoho vzorku jsou zaznamenány obě bakterie, rod *Porphyromonas* (11 OTU) oproti *G. haemolysans* (39 OTU).

Dalšími bakteriemi, které byly nalezeny ve více vzorcích jsou bakterie rodu *Haemophilus* (viz Tab. 1, 9, 13, 15, 18, 21), konkrétně druhy *H. parahaemolyticus*, *H. parainfluenzae* a *H. sputorum*. Pro tyto bakterie je typický výskyt ve sliznici horních cest dýchacích, v ústech, pochvě a střevním traktu. V tomto rodu nalézáme druhy komenzální i patogenní. Nejznámější je druh *H. influenzae*, který je příčinou sepse a bakteriální meningitidy u malých dětí (Wang et al., 2016), ten ale v našich sekvenacích zachycen nebyl. Místo toho tam ve třech případech identifikujeme *H. parainfluenzae* (23,54,79 OTU) což je vzácný a málo hlášený patogen. *H. parainfluenzae* způsobuje infekce dýchacích cest, měkkých tkání a centrálního nervového systému (CNS) a endokarditidu (Onafowokan et al., 2021). Ve všech třech případech jde o lokalitu Semonice, což možná naznačuje, že jde o výskyt omezený na blízké jedince, snad o členy jedné domácnosti. *H. sputorum*, (225 OTU) byl nalezen jen v jednom případě,

opět na lokalitě Semonice, jedná se o nepatogenní komenzál (Nørskov-Lauritsen et al. 2014). Poslední druh *H. parahaemolyticus* (6-102 OTU) byl nalezen ve čtyřech případech. Jedná se o bakterii vyskytující se v horních dýchacích cestách a je často spojena s faryngitidou (zánět hltanu) a občas způsobuje subakutní endokarditidu, méně prudký zánět než akutní zánět vnitřní výstelky srdce (Devaraj et al., 2020). V tomto případě nelze určit, nakolik byl výskyt tohoto druhu pro tyto čtyři nositele závažný. Nicméně lze tento rod asi zařadit mezi dobře přežívající bakterie post mortem, vyskytoval se v zubech i v hlíně z břišní dutiny.

Dalším druhem u většiny vzorků byl *Aerococcus viridans* (Tab. 17, 20, 23), který se však omezeně vyskytoval se na lokalitě Hostivice (3x1 OTU), ale výrazněji byl identifikován na lokalitě Semonice, nejvíce u vzorku z krávy (1237 OTU) a také u dalších pěti lidských vzorků (1-701 OTU). Jedná se o oportunní patogen známý u myší, prasat a jako původce gaffkemie u humrů, ta se vyznačuje letargií, anorexií a růžová barva na ventrální straně břicha (Battison et al., 2003; Pan et al., 2017). Tyto bakterie se zřídka vyskytují jako lidské patogeny, mohou způsobovat bakteriémii, endokarditidu a infekce močových cest (Parrey et al., 2016). Jde o bakterii poměrně běžnou u savců, a zřejmě i v tomto případě se jedná o druh, který disponuje poměrně velkým potenciálem k dlouhodobému přežívání po smrti nositele.

U pěti vzorků, z nichž jen jeden je z Hostivic, ostatní jsou ze Semonice (1-54 OTU) byl rod *Peptoniphilus* (Tab. 1, 3, 6, 8, 10, 12, 15, 21), tento rod je spojován s infekcí ženského genitálního traktu (Sharma et al., 2014). Vzhledem k tomu, že byl nalezen i u mužů, zřejmě výskyt těchto bakterií není v lidském těle omezen jen na ženy, což potvrzuje i další studie, ke je rod *Peptoniphilus* spojován s infekcí krevního řečiště, případně byl zaznamenán i u dalších pacientů kteří s pneumonií, kde byl zaznamenán předčasný porod, infekce měkkých tkání nebo onemocnění tlustého střeva či močového měchýře (Brown et al., 2014).

U devíti vzorků byl nalezen druh *Serratia liquefaciens* (1-763 OTU) (Tab. 1, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 19, 21), jedná se o bakterii, která podle použité databáze nebyla určena jako půdní, avšak měla by být takto označená, protože se vyskytuje jak v půdě či vodě (Cheng et al., 2020), i když může být také lidským patogenem (Remuzgo-Martínez et al., 2020), její původ v našich vzorcích je proto nejistý. Oproti tomu druh

*Veillonella parvula* (viz Tab. 10) zaznamenaný u pěti vzorků (1-453 OTU), není podle všeho půdní, ale je normální součástí ústní flóry. *V. parvula* je zvláštní tím, že může tvořit vícedruhové biofilmy především s rodem *Streptococcus*, které vedou k nižší náchylnosti k antimikrobiální léčbě, což má za následek parodontitidu a zubní kazy (Luppens et al., 2008). U této bakterie lze předpokládat, že je z pohřbených těl. U osmi vzorků byla nalezena bakterie *Rothia dentocariosa* (2-103 OTU) (Tab. 1, 10, 13), která normálně pochází z ústní dutiny (Greve et al., 2021). *Rothia sp.* jsou grampozitivní bakterie ze třídy *Actinobacteria*, které jsou součástí fyziologické ústní flóry. Ve vzácných případech mohou *R. aeria* a *R. dentocariosa* způsobit infekční endokarditidu. Biofilmový potenciál *Rothia* u endokarditidy není znám (Greve et al., 2021).

Některé druhy bakterií se vyskytovaly výrazně jen u jednoho vzorku a u ostatních slabě, nebo absentovaly zcela. Je otázka proč tomu tak je. Můžeme spekulovat proč např. rod *Alloiococcus* (Tab. 5, 14) se vyskytuje v jednom vzorku zubu (Semonice hlína 234) velmi silně (1846 OTU) a kromě tohoto jednoho vzorku, byla identifikována už jen jediná OTU sekvence v dalším. Tato bakterie je spojena s vodním kalem nebo zánětem středního ucha u děti (Harimaya et al., 2006). Jedná se o vzorek ze zubu, ale nicméně snad lze podle výrazného výskytu uvažovat o u daného jedince o zánětu středního ucha. Můžeme uvést několik dalších příkladů. Např. u jednoho jedince (viz Tab. 13), vzorek Semonice hlína 234), se podařilo identifikovat bakterii *Prevotella timonensis* (1033 OTU), která byla izolována z abscesu lidského prsu (Glazunova et al. 2007), případně se vyskytuje v biomu střev [9] a *Prevotella disiens* (1034 OTU), která bývá součástí bakteriální vaginózy (Spiegel, 1991). Jedná se o bakterie z hlíny břišní dutiny, které se běžně v půdě nevyskytují. Dalo by se předpokládat, že se jednalo o pozůstatky ženy, nicméně zdá se, že podle antropologického určení šlo o muže (Průchová, ústní sdělení). Je možné, že obě bakterie se vyskytují i u mužů. Pro naše závěry je podstatné, že také tyto bakterie jsou poměrně dlouho schopny přežívat v půdě. Na druhou stranu se zdá možné, že i studium ze starých pohřebišť může někdy doplnit naše znalosti o výskytu některých bakterií na živých lidech. Podobně jen v jednom vzorku (viz Tab. 22), vzorek Semonice zub 107-1), ale za to poměrně výrazně byl identifikován druh *Acinetobacter lwoffii* (658 OTU) (Tab. 16, 22), což je závažný lidský patogen, který byl určen jako

původce nozokomiálních infekcí (nozokomiální infekce jsou onemocnění exogenního nebo endogenního původu, která vznikají v příčinné souvislosti s hospitalizací pacientů v nemocničním zařízení), jako je bakteriémie, zápal plic a meningitida. Existuje však několik studií uvádějících *A. lwoffii* jako patogen ryb (Cao et al., 2018). V tomto případě je otázka, zda se jednalo o lidskou infekci, nebo o pozůstatek po potravě, protože vzorek je ze zubu. Pokud se zaměříme na tento jeden vzorek (Semonice zub 107-1), tak se zde ve významném množství vyskytovaly také druh *Bacillus circulans* (463 OTU) (Tab. 16, 22) což je významný lidský patogen (Russo et al., 2021) žijící také v půdě (Middleton et al., 2017) a rod *Delftia* (184 OTU) (Tab. 16, 22), taktéž patogen, který se vyskytuje volně v půdě (Ranc et al., 2018), podobně i *Enterobacter aerogenes* (199 OTU) (Tab. 16, 22) (Tuon et al., 2015), proto zde nemůžeme rozhodnout, zda tyto bakterie pochází z okolní půdy, nebo z uloženého těla. Naproti tomu *Haemophilus haemoglobinophilus* (54 OTU) (Tab. 16, 22), se v normální půdě příliš nevyskytuje, proto tento druh můžeme pravděpodobně považovat za přežívající z původního těla, i když se uvádí nikoliv u lidí, ale ve spojení s infekcemi dýchacích cest a urogenitálního traktu u psů (Christensen et al., 2021). Také bakterie *Lautropia mirabilis* (177 OTU) (Tab. 1, 10, 16, 22) izolovaná z úst a horních cest dýchacích s nejasným patogenním potenciálem (Calheiros et al., 2022), může být původní, nicméně opět, pokud má šanci přežít v půdě, proč je jen v jednom vzorku? A opět u téhož vzorku (viz Tab. 10), vzorek Semonice zub 107-1), je silně zastoupeno několik druhů, které se jinde ve studovaných vzorcích nevyskytují. Druh *Fusobacterium periodonticum* (258 OTU) (Tab. 1, 10, 15, 21) byl nalezen v jednom vzorku (Semonice zub 107-1) a pak jen podruhé, ale velmi slabě (1 OTU). Jedná se o orální bakterie, ale mohou pocházet z lidského gastrointestinálního traktu (Strauss et al., 2008). Tedy zřejmě pochází z původního těla. Analogická situace je u rodu *Paracoccus* (383 OTU) (Do tabulek nebyl zařazen, jelikož může pocházet z půdy), který byl silněji zaznamenán jen v jenom případě a poměrně slabě jen ještě v dalším. Rod má řadu druhů, řada je půdních, i když některé mohou být i na lidské kůži (Lim et al., 2018). Pokud je však tato bakterie původem z okolní půdy, není jasné, proč není i u dalších vzorků. *Peptococcus niger* (14 OTU, u jiného vzorku 22 OTU) (Tab. 1, 3, 10, 12, 13, 16, 22) je kožní bakterie, vyskytuje se nejen u člověka, ale také na kůži zvířat a zvířecí vlně (Chen et al., 2012), byl také izolován ze střevní flóry potkanů a lidí (Van Eldere et al., 1988). V našich

zjištěních je to jeden z mála případů, kdy se druh vyskytuje sice jen ve dvou případech, ale s podobným zastoupením. Opět ojediněle je zde ještě několik dalších druhů, můžeme uvést *Parachlamydia acanthamoebae* (59 OTU) (Tab. 2, 11, 16, 22). *P. acanthamoebae* je organismus podobný chlamydiím, který snadno roste v *Acanthamoeba* spp. Pravděpodobně tedy využívá tyto rozšířené volně žijící améby jako replikační niku, kosmopolitní vodní nádrž a vektor. Potenciální role *P. acanthamoebae* jako původce infekce dolních cest dýchacích byla původně naznačena jeho izolací v *Acanthamoeba* sp. získané z vody zvlhčovače během vyšetřování ohniska horečky. Další sérologická a molekulární vyšetření dále podpořila jeho patogenní roli, zejména u bronchiolitidy, bronchitidy, aspirační pneumonie a komunitní pneumonie. Bylo prokázáno, že *P. acanthamoebae* přežívá a replikuje se v lidských makrofázích, plicních fibroblastech a pneumocytech (Greub et al., 2009). U vzorku Semonice zub 107-1 se ještě výrazněji vyskytuje rod *Alloprevotella* (28 OTU) (Tab. 1, 10, 15, 18, 21), což je orální bakterie (Downes et al., 2013) a podle databáze orálních bakterií patří k nejrozšířenějším v ústní dutině [11], proč je tedy jen u jednoho vzorku? U druhu *Streptobacillus hongkongensis* (147 OTU) (Tab. 3, 13, 15, 21) je možné, že se jedná o oportunní patogen spíše než komenzální druh, proto ho bylo v jednom případě hodně a byl sekvenačně identifikován. Taktéž se jedná o jediný výskyt v našem souboru. Tento druh byl izolován v Hong Kongu z hnisu odsátého z pravého peritonzilárního abscesu jednoho pacienta a z levého loketního kloubu jiného pacienta s tofickou dnou a septickou artritidou tohoto lokte (Woo et al., 2014). U vzorku Semonice zub 107-1 byl identifikován druh *Turicella otitidis* (172 OTU) (Tab. 5, 14, 15, 21), další případ měl pouze 1 OTU, takže v zásadě jde o opět izolovaný případ u jednoho vzorku, přestože tady byl druh zaznamenán ještě jinde, ale za to velmi omezeně. Druh *T. otitidis* byl izolován především ze zevního zvukovodu a středoušní tekutiny. A v jednom případě byl nalezen v palmoplantárním ekzému u 74leté ženy (Koumaki et al., 2020). Zvláště v případě se *Streptobacillus hongkongensis*, nebo *Turicella otitidis* se nabízí odpověď, že u těchto jedinců byly nějaké zdravotní problémy spojené s těmito bakteriemi a díky nim byly tyto bakterie v těle v mnohem větším množství než u jiných vzorků, proto se více zachovaly a byly detekovány. U jiných jedinců to zase mohly být jiné druhy. Nicméně role náhody může být značná. Pokusím se tento problém ještě více rozebrat.

Pokud se tedy zaměříme na rody a druhy, které se vyskytují specificky, například jestliže se podíváme na dva vzorky ze stejné lokality kupříkladu na výše popsaný vzorek Semonice zub 107-1, je zřejmé, že výrazněji jsou přítomny některé rody a druhy, které se většinou vyskytují právě a převážně jedině u tohoto daného vzorku, jedná se o *Actinomyces oris* (117 OTU), *Dialister micraerophilus* (22 OTU), *Fusobacterium periodonticum* (258 OTU), *Haemophilus parainfluenzae* (23 OTU), *Chryseobacterium anthropi* (45 OTU), rod *Leptotrichia* (117 OTU), *Neisseria subflava* (122 OTU), rod *Paracoccus* (383 OTU), *Peptococcus niger* (14 OTU), rod *Phenylobacterium* (84 OTU), *Rothia dentocariosa* (103 OTU) (viz Tab. 1, 3, 10, 12, 15, 21). U jiného vzorku Semonice zub 108-3 jsou převažující zas odlišné druhy a rody bakterií, zejména rod *Alloiococcus* (1846 OTU), *Simonsiella muelleri* (750 OTU), *Staphylococcus aureus* (1584 OTU) a *Staphylococcus saprophyticus* (10 OTU) (Tab 1, 3, 10, 12, 15, 21). V obou případech jde o zuby, jedná se o stejnou lokalitu, a přitom jsou výsledky značně odlišné. Co z toho plyne? Je to náhoda, nebo se u daného člověka vyskytovaly z nějakého důvodu, (zejména zdravotního), více a u jiného méně, a proto tak vyšly ze sekvenování? Nebo je to důsledek samotné metody, která do určité míry náhodně namnoží některé sekvence více než jiné? To je problém, který zasluhuje pozornost, ale z omezeného počtu vzorků je nesnadné něco jednoznačně tvrdit. Bylo by zřejmě vhodné udělat větší kolekce vzorků a na druhou stranu udělat sekvenaci jinou technologií, než je pouze metoda Illumina. Zejména by asi byla vhodná metoda Oxford Nanopore Technologies, což je sekvenování čtvrté generace, které je založeno nikoliv na PCR, ale spočívá v průchodu jednotlivých řetězců molekul DNA nebo RNA malým proteinovým kanálem (nanopórem) zapuštěným do elektricky odolné membrány. Jak molekula DNA prochází nanopórem, způsobuje změny v iontovém proudu, které lze použít k určení sekvence i modifikací bází. Pomocí nanopórového sekvenování lze sekvenovat jednu molekulu DNA nebo RNA bez nutnosti PCR amplifikace nebo chemického značení vzorku [10]. Bohužel takovou možnost dvojího sekvenování stejné izolované genomové DNA ze vzorků zatím nemáme, ale pokud v budoucnu taková možnost bude, pak by se možná dalo lépe určit v čem je podstata výskytu těchto izolovaných rodů a druhů ve vzorcích. Zda je to tedy zdravotní hledisko u konkrétních jedinců, nebo záležitost metody sekvenace DNA.



Pokud porovnáme bakterie mezi sebou podle lokalit např. orální komenzální bakterie, tak vidíme, že u Semonic je 53 druhů, zatímco u Hostivic jen 20. První, co se dá uvažovat je, že vzorky z lokality Hostivice jsou datovány do druhé poloviny šestnáctého, až první poloviny sedmnáctého století (Mudra et al., 2012; Průchová et al., 2011), zatímco vzorky ze Semonic pochází z 18. století, pravděpodobně z jeho druhé poloviny (Průchová, ústní sdělení). S ubíhajícím časem tedy klesá počet bakterií původně z těl zemřelých, které obtížněji přežívají v půdě. Ale když se na to podíváme jednoduchou matematikou, zdá se, že je to spíše z důvodů počtu vzorků a náhodně zachovalých bakterií. U Hostivice byly testovány 4 vzorky a u Semonice 10 vzorků, takže pokud se některé bakterie zachovávají spíše náhodně, nebo proto, že u hostitelů byly z nějakého důvodu ve větším množství mělo by u vzorků ze Semonice být 2,5 více druhů, či rodů bakterií, (když zanedbáme druhy, které jsou u většiny vzorků). U vzorků z Hostivic bylo nalezeno např. orálních komenzálních bakterií 20 (Tab. 1, 6), takže by u vzorků ze Semonic mělo být 50 orálních komenzálních bakterií (Tab. 1, 10). A vidíme, že jich je tam 53. Jako další můžeme porovnat komenzály kůže (Tab. 2, 7, 11). V případě Hostivic se jedná o 5 detekovaných druhů (rodů), takže u v případě Semonice by mělo být detekováno 12,5 druhů (rodů) a bylo jich detekováno 17. U komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu (Tab. 3, 8, 12), je to v případě Hostivic 9 druhů (rodů), takže u Semonice se dá očekávat 22,5 a bylo identifikováno 21. U kategorie bakterií respiračního traktu a „zbylých“ je jasné odlišení do kategoriích horší, ale můžeme se podívat na situaci u oportunních patogenů. V případě Hostivic je to 20 a u Semonic je to 50, což je přesný násobek 2,5. Údaje nejsou zcela přesné, kupříkladu *Staphylococcus* patří do kategorie komenzálů i do kategorie patogenů, v údajích je *Staphylococcus sp.* uveden jako rod vedle jednotlivých druhů (*S.epidermidis*, *S. gallinarum*, *S. caprae* atd.). Avšak trend je vcelku jasný. Vyšší počet druhů a rodů v případě Semonic je dán větším počtem mapovaných vzorků, nikoliv větším stářím vzorků z Hostivic. To je nadějně i pro další výzkumy na ještě starších vzorcích.

Pokud porovnáme orální bakterie, nebo bakterie gastrointestinálního traktu živých lidí se získanými výsledky čistě na základě výskytu, můžeme přibližně stanovit jaké procento bakteriálních druhů, či rodů je schopno přežít stovky let po pohřbení jedince. Pokud z našich údajů vyčleníme tabulku (Tab. 1) orálně komenzálních

bakterií a porovnáme ji s údaji např. Belstrøm et al. (2016), zjišťujeme, že skupina Belstrøm et al. (2016) určila do druhů 477 bakterií, i když jsou tam v podstatě v některých případech zahrnuty rody nikoliv druhy. V našem případě je k dipozici pouze 55 položek. Což je 11,5 %. Máme tedy zachyceno asi 11,5 % bakterií, co se normálně vykytují v současnosti u zdravých lidí. Toto číslo je však přibližné, v tabulce Belstrøm et al. (2016) např. *Actinomyces sp oral taxon* zahrnuje 12 položek, nebo *Capnocytophaga sp oral taxon* představuje 9 položek, v naší tabulce se podobná klasifikace v takové míře nevyskytuje, lze proto považovat reálné procento zachycených druhů bakterií za větší než 11,5 %. Avšak i kdyby to představovalo ve skutečnosti 20 %, velká většina orálních bakterií zachycena nebyla. Protože naše práce je v některých směrech pilotní, nevyužívá zubního plaku jako předchozí studie je nutno konstatovat, že je nutno pro ucelenější závěry získat více podobných údajů, zdá se pravděpodobné, že některé druhy bakterií dlouhodobě po smrti nepřežívají. V případě bakterií gastrointestinálního traktu (Tab. 3) byly porovnávány rody (Segata et al., 2012), což je na jedné straně méně informativní, na druhé jsou údaje přehlednější. Segata et al. (2012) uvádí 342 rodů bakterií, v našich identifikacích se jedná o 52 rodů, jde tedy o 15,2 %. Jedná se o podobné číslo jako orálních bakterií, ale možná je o něco hodnověrnější, protože jednotlivé rody se neopakovaly jako v případě orálních bakterií. I zde můžeme konstatovat, že asi 85 % bakteriálních druhů zachyceno nebylo. Samozřejmě složení bakterií u lidí z minulosti se může lišit od současných, strava je poněkud odlišná, přesto je nutné vzít potaz, že podobná stanovení neposkytnou správný a vyčerpávající přehled bakterií původních živých lidí. Také je třeba uvážit, že některé rody a druhy, které se vyskytují u člověka a současně v půdě, byly z výsledných tabulek vyřazeny. Nicméně, pokud bude přesvědčivě stanoveno, které bakterie dlouhodobě přežívají a jaké ne, bylo by možné v budoucnu z toho vycházet při studiu jejich proporcionálních změn a zastoupení druhů a rodů na různých lokalitách a v různých dobách.

Byly také zachyceny patogeny živočichů, je zajímavé, že zde nejsou tak velké rozdíly v počtu druhů u obou lokalit, ale zachycených patogenů je poměrně málo (Tab. 17, 20), zvláště rozšířená byla *Aerococcus viridans* u devíti vzorků (1-1237 OTU). Tato bakterie způsobuje bovinní mastitidu, což je zánětlivé onemocnění, které se často vyskytuje na začátku laktace nebo v období sucha a je primárně způsobeno

bakteriálními infekcemi (Xi et al., 2020). Podle očekávání je nejvíce zastoupena u vzorku z kosti krávy, ale její značný výskyt je i u vzorků z hlíny z břišní dutiny u vzorku Semonice hlína 322, kde bylo 701 OTU. Dá se předpokládat, že se jedná o bakterie z potravy, i když se může tento druh vyskytovat i u člověka (Varshini et al., 2022), lidé se mohli opakovaně infikovat stykem s dobyt看kem, ale nejpravděpodobnější je infekce z mléka.

Závěrem je nutno konstatovat, že asi 10-20 % bakteriálních druhů orálních, nebo z trávicího traktu je schopno přežít smrt nositele, i když není jasné, zda se jedná o životaschopné bakterie, nebo jen kusy jejich DNA. Některé druhy je možno detekovat u většiny vzorků, ale značnou část druhů se podařilo najít jen v jednom, či dvou jedincích, což si zatím vysvětlujeme, že buď u konkrétního člověka se tento druh z nějakého důvodu vyskytoval ve větší míře, případně jde důsledek metody Illumina.

## 6 ZÁVĚR

Studie se zabývala rozdělením a klasifikací bakterií získaných screeningem vzorků odebraných ze dvou historických pohřebišť (Hostivice a Semonice) se zaměřením na komenzální bakterie lidského mikrobiomu a bakterie patogenní. Odebrány byly 3 typy vzorků, vzorky z ústní dutiny (neporušený zub), vzorky půdy z oblasti břišní dutiny a vzorek kravské kosti. Celkem bylo odebráno 14 vzorků – 4 vzorky z pohřebiště v Hostivici, z toho se jednalo o 3 vzorky z ústní dutiny a jeden vzorek z břišní oblasti, a 10 vzorků z pohřebiště v Semonicích, z toho bylo 7 vzorků z ústní dutiny, 3 vzorky z břišní oblasti a 1 vzorek kravské kosti.

Vzorky byly zpracovány pomocí metagenomických metod, byla provedena izolace DNA následovaná metodou Illumina (přístroj MiSeq). Výsledné knihovny byly analyzovány za pomoci programů CosmosID a SEED2, díky kterým bylo získáno vysoké množství dat (na úrovni rodů), ty byly porovnány s databází půdních bakterií [6], shody byly vyřazeny, zbylé bakterie určeny a zkatégorizovány. Komenzální bakterie lidského mikrobiomu byly rozřazeny do 5 kategorií – orální komenzální bakterie, komenzální bakterie kůže, komenzální bakterie gastrointestinálního traktu, komenzální bakterie respiračního traktu a zbylé komenzální bakterie lidského mikrobiomu. Patogenní bakterie byly rozřazeny do 3 kategorií – oportunní patogenní bakterie lidského mikrobiomu, enviromentální patogeny člověka a patogenní bakterie živočichů. Ke každé kategorii bakterií byla vytvořena tabulka a graf znázorňující výskyt bakterie za využití četnosti OTU sekvencí.

Porovnáním s databází půdních bakterií odhalilo, že mnohé druhy lidských bakterií byly zachovány na pozůstatcích těl, respektive na místě jejich pohřbení minimálně po dobu 400 let, pravděpodobně však i déle. Mezi nejčteněji detekovanými komenzálními bakteriemi byly rody *Staphylococcus*, *Dolosigranulum*, *Gemella*, *Haemophilus*, *Rothia* a *Veillonella*, z nichž je většina součástí mikroflóry ústní dutiny a neliší se výrazně od mikroflóry současné populace. Dále jsme detekovali bakterie, které jsou součástí střevního biomu člověka, např rody *Peptoniphilus*, *Peptococcus*, u jednoho vzorku se dokonce podařilo detekovat 1 OTU sekvenci *Escherichia coli*. Rozdíl v zastoupení jednotlivých rodů komenzálních bakterií na obou lokalitách však nebyl markantní.

Většina detekovaných patogenních bakterií patřila mezi oportunní patogeny lidského mikrobiomu jedná se např o rody *Clostridium*, *Gemella*, *Haemophilus*, *Serratia* či *Staphylococcus*. Zachyceny byly také patogeny živočichů, a je zajímavé, že zde nejsou tak velké rozdíly v počtu druhů u obou lokalit.

## 7 RESUMÉ

Práce je zaměřena na výzkum patogenních komenzálních bakterií člověka na historických pohřebištích ze dvou lokalit v České republice – Hostivice a Semonice. Celkem bylo z obou lokalit odebráno 14 vzorků. Jednalo se o vzorky z ústní dutiny, půdy z břišní oblasti a jeden vzorek kravské kosti. Ze vzorků byla izolována DNA, která byla analyzována pomocí metagenomické sekvenační metody Illumina MiSeq. Výsledky byly identifikovány a taxonomicky zařazeny na úroveň rodů pomocí programů CosmosID a SEED2.

Z výsledných bakterií byl vytvořen přehled patogenních a komenzálních bakterií lidského mikrobiomu a patogenních bakterií živočichů. Bylo zjištěno, že některé bakterie lidského mikrobiomu mohou být detekovány i po více jak 400 letech, což je významné hlavně u půdních vzorků z břišní dutiny, kde nebyly bakterie chráněny před vlivem okolního prostředí. Vznikla tak unikátní databáze patogenních a komenzálních bakterií historického pohřebiště ze střední Evropy, která může být využita pro další výzkum.

## 8 SUMMARY

This work is focused on the research of pathogenic human commensal bacteria in historical burial grounds from two locations in the Czech Republic – Hostivice and Semonice. A total of 14 samples were taken from both locations. These included samples from the oral cavity, soil from the abdominal area and one cow bone sample. DNA was isolated from the samples and analyzed using the Illumina MiSeq metagenomic sequencing method. The results were identified and taxonomically classified to genus level using CosmosID and SEED2 programs.

An overview of pathogenic and commensal bacteria of the human microbiome and pathogenic bacteria of animals was created from the resulting bacteria. It was found that some bacteria of the human microbiome can be detected even after more than 400 years, which is significant mainly in soil samples from the abdominal cavity, where the bacteria were not protected from the influence of the surrounding environment. A unique database of pathogenic and commensal bacteria of a historical burial ground from Central Europe was thus created, which can be used for further research.

## SEZNAM ZDROJŮ

### SEZNAM LITERATURY

Aas, J. A., Paster, B. J., Stokes, L. N., Olsen, I., & Dewhirst, F. E. (2005). Defining the normal bacterial flora of the oral cavity. *Journal of clinical microbiology*, *43*(11), 5721–5732. <https://doi.org/10.1128/JCM.43.11.5721-5732.2005>

Abdolmohammadi Khiav, L., & Zahmatkesh, A. (2021). Vaccination against pathogenic clostridia in animals: a review. *Tropical animal health and production*, *53*(2), 284. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02728-w>

Adachi, N., Shinoda, K., Umetsu, K., Kitano, T., Matsumura, H., Fujiyama, R., Sawada, J., & Tanaka, M. (2011). Mitochondrial DNA analysis of Hokkaido Jomon skeletons: remnants of archaic maternal lineages at the southwestern edge of former Beringia. *American journal of physical anthropology*, *146*(3), 346–360. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21561>

Adler, C. J., Dobney, K., Weyrich, L. S., Kaidonis, J., Walker, A. W., Haak, W., Bradshaw, C. J., Townsend, G., Sołtysiak, A., Alt, K. W., Parkhill, J., & Cooper, A. (2013). Sequencing ancient calcified dental plaque shows changes in oral microbiota with dietary shifts of the Neolithic and Industrial revolutions. *Nature genetics*, *45*(4), 450–455e1. <https://doi.org/10.1038/ng.2536>

Agergaard, C. N., Hoegh, S. V., Holt, H. M., & Justesen, U. S. (2016). Two Serious Cases of Infection with *Clostridium celatum* after 40 Years in Hiding?. *Journal of clinical microbiology*, *54*(1), 236–238. <https://doi.org/10.1128/JCM.01938-15>

Ahle, C. M., Stødkilde, K., Afshar, M., Poehlein, A., Ogilvie, L. A., Söderquist, B., Hüpeden, J., & Brüggemann, H. (2020). *Staphylococcus saccharolyticus*: An Overlooked Human Skin Colonizer. *Microorganisms*, *8*(8), 1105. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8081105>

Ahmad, M. I., Ijaz, M. U., Haq, I. U., & Li, C. (2020). The Role of Meat Protein in Generation of Oxidative Stress and Pathophysiology of Metabolic Syndromes. *Food science of animal resources*, *40*(1), 1–10. <https://doi.org/10.5851/kosfa.2019.e96>



Anani, H., Hasni, I., Zgheib, R., Fadlane, A., Raoult, D., & Fournier, P. E. (2019). Whole-Genome Sequence of French Clinical *Peptoniphilus catoniae* Strain P8546. *Microbiology resource announcements*, 8(45), e01241-19. <https://doi.org/10.1128/MRA.01241-19>

Aufderheide, A. C., Rodriguez-Martin, C., & Langsjoen, O. (1998). *The Cambridge encyclopedia of human paleopathology*. Cambridge, UK: Cambridge University Press.

Bagelman, S., & Zvigule-Neidere, G. (2021). Insight into *Kytococcus schroeteri* Infection Management: A Case Report and Review. *Infectious disease reports*, 13(1), 230–238. <https://doi.org/10.3390/idr13010026>

Baker-Austin, C., Oliver, J. D., Alam, M., Ali, A., Waldor, M. K., Qadri, F., & Martinez-Urtaza, J. (2018). *Vibrio* spp. infections. *Nature reviews. Disease primers*, 4(1), 8. <https://doi.org/10.1038/s41572-018-0005-8>

Bank, N. C., Singh, V., & Rodriguez-Palacios, A. (2022). Classification of *Parabacteroides distasonis* and other Bacteroidetes using O- antigen virulence gene: RfbA-Typing and hypothesis for pathogenic vs. probiotic strain differentiation. *Gut microbes*, 14(1), 1997293. <https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1997293>

Baron, J. E., Shamrock, A. G., Volkmar, A. J., & Westermann, R. W. (2020). Haemophilus Parainfluenzae Septic Arthritis Following Primary All-Inside Meniscus Repair: A Case Report and Review of the Literature. *The Iowa orthopaedic journal*, 40(1), 111–114.

Battison, A., Cawthorn, R., & Horney, B. (2003). Classification of *Homarus americanus* hemocytes and the use of differential hemocyte counts in lobsters infected with *Aerococcus viridans* var. *homari* (Gaffkemia). *Journal of invertebrate pathology*, 84(3), 177–197. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2003.11.005>

Bäumler, A. J., & Sperandio, V. (2016). Interactions between the microbiota and pathogenic bacteria in the gut. *Nature*, 535(7610), 85–93. <https://doi.org/10.1038/nature18849>

Bavbek, M., Caner, H., Arslan, H., Demirhan, B., Tunçbilek, S., & Altinörs, N. (1998). Cerebral *Dermabacter hominis* abscess. *Infection*, 26(3), 181–183. <https://doi.org/10.1007/BF02771848>

Beall, C. J., Campbell, A. G., Griffen, A. L., Podar, M., & Leys, E. J. (2018). Genomics of the Uncultivated, Periodontitis-Associated Bacterium *Tannerella* sp. BU045 (Oral Taxon 808). *mSystems*, 3(3), e00018-18. <https://doi.org/10.1128/mSystems.00018-18>

Belstrøm, D., Holmstrup, P., Bardow, A., Kokaras, A., Fiehn, N. E., & Paster, B. J. (2016). Temporal Stability of the Salivary Microbiota in Oral Health. *PloS one*, 11(1), e0147472. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0147472>

Berensmeier S. (2006). Magnetic particles for the separation and purification of nucleic acids. *Applied microbiology and biotechnology*, 73(3), 495–504. <https://doi.org/10.1007/s00253-006-0675-0>

Blot, S., Vandewoude, K., & Colardyn, F. (1998). *Staphylococcus aureus* infections. *The New England journal of medicine*, 339(27), 2025–2027. <https://doi.org/10.1056/NEJM199812313392716>

Blum H. E. (2017). The human microbiome. *Advances in medical sciences*, 62(2), 414–420. <https://doi.org/10.1016/j.advms.2017.04.005>

Bollet, C., Gevaudan, M. J., de Lamballerie, X., Zandotti, C., & de Micco, P. (1991). A simple method for the isolation of chromosomal DNA from gram positive or acid-fast bacteria. *Nucleic acids research*, 19(8), 1955. <https://doi.org/10.1093/nar/19.8.1955>

Borisy, G. G., & Valm, A. M. (2021). Spatial scale in analysis of the dental plaque microbiome. *Periodontology* 2000, 86(1), 97–112. <https://doi.org/10.1111/prd.12364>

Bou Khalil, J. Y., Benamar, S., Di Pinto, F., Blanc-Tailleur, C., Raoult, D., & La Scola, B. (2017). *Protochlamydia phocaeensis* sp. nov., a new Chlamydiales species with host dependent replication cycle. *Microbes and infection*, 19(6), 343–350. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2017.02.003>

Bramanti B. (2008). *Ancient DNA: genetic analysis of aDNA from sixteen skeletons of the Vedrovice*. Brno: Anthropologie.

Brennan, C. A., & Garrett, W. S. (2019). *Fusobacterium nucleatum* – symbiont, opportunist and oncobacterium. *Nature reviews. Microbiology*, 17(3), 156–166. <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0129-6>

Brown, K., Church, D., Lynch, T., & Gregson, D. (2014). Bloodstream infections due to *Peptoniphilus* spp.: report of 15 cases. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 20(11), 0857–0860. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12657>

Brugger, S. D., Eslami, S. M., Pettigrew, M. M., Escapa, I. F., Henke, M. T., Kong, Y., & Lemon, K. P. (2020). *Dolosigranulum pigrum* Cooperation and Competition in Human Nasal Microbiota. *mSphere*, 5(5), e00852-20. <https://doi.org/10.1128/mSphere.00852-20>

Cafferkey, M. T., Sloane, A., McCrae, S., & O'Morain, C. A. (1993). *Yersinia frederiksenii* infection and colonization in hospital staff. *The Journal of hospital infection*, 24(2), 109–115. [https://doi.org/10.1016/0195-6701\(93\)90072-8](https://doi.org/10.1016/0195-6701(93)90072-8)

Calheiros Cruz, G., Sousa, M., Vilela, S., Teixeira E Costa, F., & Silva, F. J. (2022). *Lautropia mirabilis*: An Exceedingly Rare Cause of Peritoneal Dialysis-Associated Peritonitis. *Case reports in nephrology and dialysis*, 12(2), 81–84. <https://doi.org/10.1159/000524494>

Cao, S., Geng, Y., Yu, Z., Deng, L., Gan, W., Wang, K., Ou, Y., Chen, D., Huang, X., Zuo, Z., He, M., & Lai, W. (2018). *Acinetobacter lwoffii*, an emerging pathogen for fish in *Schizothorax* genus in China. *Transboundary and emerging diseases*, 65(6), 1816–1822. <https://doi.org/10.1111/tbed.12957>

Carandina, G., Bacchelli, M., Virgili, A., & Strumia, R. (1984). *Simonsiella* filaments isolated from erosive lesions of the human oral cavity. *Journal of clinical microbiology*, 19(6), 931–933. <https://doi.org/10.1128/jcm.19.6.931-933.1984>

Ciantar, M., Spratt, D. A., Newman, H. N., & Wilson, M. (2001). *Capnocytophaga granulosa* and *Capnocytophaga haemolytica*: novel species in subgingival plaque. *Journal of clinical periodontology*, 28(7), 701–705. <https://doi.org/10.1034/j.1600-051x.2001.028007701.x>

Clemente, J. C., Pehrsson, E. C., Blaser, M. J., Sandhu, K., Gao, Z., Wang, B., Magris, M., Hidalgo, G., Contreras, M., Noya-Alarcón, Ó., Lander, O., McDonald, J., Cox, M., Walter, J., Oh, P. L., Ruiz, J. F., Rodriguez, S., Shen, N., Song, S. J., Metcalf, J., &

Dominguez-Bello, M. G. (2015). The microbiome of uncontacted Amerindians. *Science advances*, 1(3), e1500183. <https://doi.org/10.1126/sciadv.1500183>

Corsaro, D., & Venditti, D. (2015). Detection of novel Chlamydiae and Legionellales from human nasal samples of healthy volunteers. *Folia microbiologica*, 60(4), 325–334. <https://doi.org/10.1007/s12223-015-0378-y>

Corsaro, D., Michel, R., Walochnik, J., Müller, K. D., & Greub, G. (2010). *Saccamoeba lacustris*, sp. nov. (Amoebozoa: Lobosea: Hartmannellidae), a new lobose amoeba, parasitized by the novel chlamydia 'Candidatus Metachlamydia lacustris' (Chlamydiae: Parachlamydiaceae). *European journal of protistology*, 46(2), 86–95. <https://doi.org/10.1016/j.ejop.2009.11.002>

Crespo Quirós, J., Tornero Molina, P., Martín-Rabadán, P., Cuevas Bravo, C., & Baeza Ochoa de Ocáriz, M. L. (2021). *Sphingomonas ginsenosidimutans* and *Bacillus cereus*: New agents associated with hypersensitivity pneumonitis. *The journal of allergy and clinical immunology. In practice*, 9(2), 1035–1036.e1. <https://doi.org/10.1016/j.jaip.2020.10.017>

Davenport, E. R., Sanders, J. G., Song, S. J., Amato, K. R., Clark, A. G., & Knight, R. (2017). The human microbiome in evolution. *BMC biology*, 15(1), 127. <https://doi.org/10.1186/s12915-017-0454-7>

de Allori, M. C., Jure, M. A., Romero, C., & de Castillo, M. E. (2006). Antimicrobial resistance and production of biofilms in clinical isolates of coagulase-negative *Staphylococcus* strains. *Biological & pharmaceutical bulletin*, 29(8), 1592–1596. <https://doi.org/10.1248/bpb.29.1592>

Devaraj, N. K., & Amin Nordin, S. (2020). A rare case of *Haemophilus parahaemolyticus* pneumonia. *Malaysian Journal of Medicine and Health Sciences*, 16(SP1): 41-43.

Devriese, L. A., Ceysens, K., Rodrigues, U. M., & Collins, M. D. (1990). *Enterococcus columbae*, a species from pigeon intestines. *FEMS microbiology letters*, 59(3), 247–251. [https://doi.org/10.1016/0378-1097\(90\)90228-i](https://doi.org/10.1016/0378-1097(90)90228-i)

Dewhirst, F. E., Chen, T., Izard, J., Paster, B. J., Tanner, A. C., Yu, W. H., Lakshmanan, A., & Wade, W. G. (2010). The human oral microbiome. *Journal of bacteriology*, *192*(19), 5002–5017. <https://doi.org/10.1128/JB.00542-10>

Diop, K., Diop, A., Michelle, C., Richez, M., Rathored, J., Bretelle, F., Fournier, P. E., & Fenollar, F. (2019). Description of three new *Peptoniphilus* species cultured in the vaginal fluid of a woman diagnosed with bacterial vaginosis: *Peptoniphilus pacaensis* sp. nov., *Peptoniphilus raoultii* sp. nov., and *Peptoniphilus vaginalis* sp. nov. *MicrobiologyOpen*, *8*(3), e00661. <https://doi.org/10.1002/mbo3.661>

Dirain, C. O., Silva, R. C., Collins, W. O., & Antonelli, P. J. (2017). The Adenoid Microbiome in Recurrent Acute Otitis Media and Obstructive Sleep Apnea. *The journal of international advanced otology*, *13*(3), 333–339. <https://doi.org/10.5152/iao.2017.4203>

Downes, J., Dewhirst, F. E., Tanner, A., & Wade, W. G. (2013). Description of *Alloprevotella rava* gen. nov., sp. nov., isolated from the human oral cavity, and reclassification of *Prevotella tanneriae* Moore et al. 1994 as *Alloprevotella tanneriae* gen. nov., comb. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, *63*(Pt 4), 1214–1218. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.041376-0>

Duell, B. L., Su, Y. C., & Riesbeck, K. (2016). Host-pathogen interactions of nontypeable *Haemophilus influenzae*: from commensal to pathogen. *FEBS letters*, *590*(21), 3840–3853. <https://doi.org/10.1002/1873-3468.12351>

Dutkiewicz, J., Mackiewicz, B., Kinga Lemieszek, M., Golec, M., & Milanowski, J. (2016). *Pantoea agglomerans*: a mysterious bacterium of evil and good. Part III. Deleterious effects: infections of humans, animals and plants. *Annals of agricultural and environmental medicine: AAEM*, *23*(2), 197–205. <https://doi.org/10.5604/12321966.1203878>

Eastment, M. C., Balkus, J. E., Richardson, B. A., Srinivasan, S., Kimani, J., Anzala, O., Schwebke, J., Fiedler, T. L., Fredricks, D. N., & McClelland, R. S. (2021). Association Between Vaginal Bacterial Microbiota and Vaginal Yeast Colonization. *The Journal of infectious diseases*, *223*(5), 914–923. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiaa459>

Eisenhofer, R., Kanzawa-Kiriyama, H., Shinoda, K. I., & Weyrich, L. S. (2020). Investigating the demographic history of Japan using ancient oral microbiota. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 375(1812), 20190578. <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0578>

Eisenstein M. (2020). The skin microbiome. *Nature*, 588(7838), S209. <https://doi.org/10.1038/d41586-020-03523-7>

Eltwisy, H. O., Abdel-Fattah, M., Elsisy, A. M., Omar, M. M., Abdelmoteleb, A. A., & El-Mokhtar, M. A. (2020). Pathogenesis of *Staphylococcus haemolyticus* on primary human skin fibroblast cells. *Virulence*, 11(1), 1142–1157. <https://doi.org/10.1080/21505594.2020.1809962>

Eribe, E., & Olsen, I. (2017). *Leptotrichia* species in human infections II. *Journal of oral microbiology*, 9(1), 1368848. <https://doi.org/10.1080/20002297.2017.1368848>

Eribe, E., Paster, B. J., Caugant, D. A., Dewhirst, F. E., Stromberg, V. K., Lacy, G. H., & Olsen, I. (2004). Genetic diversity of *Leptotrichia* and description of *Leptotrichia goodfellowii* sp. nov., *Leptotrichia hofstadii* sp. nov., *Leptotrichia shahii* sp. nov. and *Leptotrichia wadei* sp. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 54(Pt 2), 583–592. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02819-0>

Fan, Y., & Pedersen, O. (2021). Gut microbiota in human metabolic health and disease. *Nature reviews. Microbiology*, 19(1), 55–71. <https://doi.org/10.1038/s41579-020-0433-9>

Fierer, N., Bradford, M. A., & Jackson, R. B. (2007). Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology*, 88(6), 1354–1364. <https://doi.org/10.1890/05-1839>

Fluit, A. C., Bayjanov, J. R., Aguilar, M. D., Cantón, R., Tunney, M. M., Elborn, J. S., van Westreenen, M., & Ekkelenkamp, M. B. (2021). Characterization of clinical *Ralstonia* strains and their taxonomic position. *Antonie van Leeuwenhoek*, 114(10), 1721–1733. <https://doi.org/10.1007/s10482-021-01637-0>

Fournière, M., Latire, T., Souak, D., Feuilloley, M., & Bedoux, G. (2020). *Staphylococcus epidermidis* and *Cutibacterium acnes*: Two Major Sentinels of

Skin Microbiota and the Influence of Cosmetics. *Microorganisms*, 8(11), 1752. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8111752>

Franzosa, E. A., Huang, K., Meadow, J. F., Gevers, D., Lemon, K. P., Bohannan, B. J., & Huttenhower, C. (2015). Identifying personal microbiomes using metagenomic codes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112(22), E2930–E2938. <https://doi.org/10.1073/pnas.1423854112>

Gariyban, L., & Avashia, N. (2013). Polymerase chain reaction. *The journal of investigative dermatology*, 133: 1–3. <https://doi.org/10.1038/jid.2013.1>

Getzenberg, R. B., Hijano, D. R., Hakim, H., Dallas, R. H., Ferrolino, J. A., Brazelton de Cardenas, J., Garner, C. D., Tang, L., Su, Y., Wolf, J., Hayden, R. T., & Maron, G. (2021). *Rothia mucilaginosa* Infections in Pediatric Cancer Patients. *Journal of the Pediatric Infectious Diseases Society*, 10(3), 341–344. <https://doi.org/10.1093/jpids/piaa047>

Ghurye, J. S., Cepeda-Espinoza, V., & Pop, M. (2016). Metagenomic Assembly: Overview, Challenges and Applications. *The Yale journal of biology and medicine*, 89(3), 353–362. Dostupné z: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27698619/>

Glazunova, O. O., Launay, T., Raoult, D., & Roux, V. (2007). *Prevotella timonensis* sp. nov., isolated from a human breast abscess. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 57(Pt 4), 883–886. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64609-0>

Gomaa E. Z. (2020). Human gut microbiota/microbiome in health and diseases: a review. *Antonie van Leeuwenhoek*, 113(12), 2019–2040. <https://doi.org/10.1007/s10482-020-01474-7>

González, C. J., Santos, J. A., García-López, M. L., & Otero, A. (2000). Psychrobacters and related bacteria in freshwater fish. *Journal of food protection*, 63(3), 315–321. <https://doi.org/10.4315/0362-028x-63.3.315>

Goodrich, J. K., Waters, J. L., Poole, A. C., Sutter, J. L., Koren, O., Blekhman, R., Beaumont, M., Van Treuren, W., Knight, R., Bell, J. T., Spector, T. D., Clark, A. G., & Ley, R. E. (2014). Human genetics shape the gut microbiome. *Cell*, 159(4), 789–799. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.09.053>

Gouze, H., Noussair, L., Padovano, I., Salomon, E., de Laroche, M., Duran, C., Felter, A., Carlier, R., Breban, M., & Dinh, A. (2019). *Veillonella parvula* spondylodiscitis.

*Medecine et maladies infectieuses*, 49(1), 54–58.  
<https://doi.org/10.1016/j.medmal.2018.10.001>

Green, H. D., Bright-Thomas, R., Kenna, D. T., Turton, J. F., Woodford, N., & Jones, A. M. (2017). Ralstonia infection in cystic fibrosis. *Epidemiology and infection*, 145(13), 2864–2872. <https://doi.org/10.1017/S0950268817001728>

Green, M. R., & Sambrook, J. (2016). Precipitation of DNA with Ethanol. *Cold Spring Harbor protocols*, 2016(12), 10.1101/pdb.prot093377. <https://doi.org/10.1101/pdb.prot093377>

Green, M.R., & Sambrook, J. (2012). *Molecular Cloning This is a free sample of content from Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 4th edition*. United States of Amerika: Cold Spring Harbor Laboratory Press.

Greub G. (2009). Parachlamydia acanthamoebae, an emerging agent of pneumonia. *Clinical microbiology and infection: the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 15(1), 18–28. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02633.x>

Greve, D., Moter, A., Kleinschmidt, M. C., Pfäfflin, F., Stegemann, M. S., Kursawe, L., Grubitzsch, H., Falk, V., & Kikhney, J. (2021). Rothia aerea and Rothia dentocariosa as biofilm builders in infective endocarditis. *International journal of medical microbiology: IJMM*, 311(2), 151478. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2021.151478>

Grund, A., Rautenschlein, S., & Jung, A. (2021). Tenacity of Enterococcus cecorum at different environmental conditions. *Journal of applied microbiology*, 130(5), 1494–1507. <https://doi.org/10.1111/jam.14899>

Guarner, F., & Malagelada, J.-R. (2003). Gut flora in health and disease. *The Lancet*, 361(9356), 512–519. doi:10.1016/s0140-6736(03)12489-0

Guilloux, C. A., Lamoureux, C., Beauruelle, C., & Héry-Arnaud, G. (2021). Porphyromonas: A neglected potential key genus in human microbiomes. *Anaerobe*, 68, 102230. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2020.102230>

Gupta, N., & Verma, V. K. (2019). Next-Generation Sequencing and Its Application: Empowering in Public Health Beyond Reality. *Microbial Technology for the Welfare of Society*, 17, 313–341. [https://doi.org/10.1007/978-981-13-8844-6\\_15](https://doi.org/10.1007/978-981-13-8844-6_15)



Hadjadj, L., Tidjani Alou, M., Sokhna, C., Lagier, J. C., Raoult, D., & Rolain, J. M. (2016). Genome sequence and description of *Desnuesiella massiliensis* gen. nov., sp. nov. a new member of family Clostridiaceae. *New microbes and new infections*, *11*, 84–90. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2016.03.003>

Hájek, V., Meugnier, H., Bes, M., Brun, Y., Fiedler, F., Chmela, Z., Lasne, Y., Fleurette, J., & Freney, J. (1996). *Staphylococcus saprophyticus* subsp. *bovis* subsp. nov., isolated from bovine nostrils. *International journal of systematic bacteriology*, *46*(3), 792–796. <https://doi.org/10.1099/00207713-46-3-792>

Harimaya, A., Takada, R., Hendolin, P. H., Fujii, N., Ylikoski, J., & Himi, T. (2006). High incidence of *Alloiococcus otitidis* in children with otitis media, despite treatment with antibiotics. *Journal of clinical microbiology*, *44*(3), 946–949. <https://doi.org/10.1128/JCM.44.3.946-949.2006>

Harris L. F. (1981). *Neisseria subflava* endocarditis. *Archives of internal medicine*, *141*(4), 545–546.

Henne, K., Schilling, H., Stoneking, M., Conrads, G., & Horz, H. P. (2018). Sex-specific differences in the occurrence of *Fusobacterium nucleatum* subspecies and *Fusobacterium periodonticum* in the oral cavity. *Oncotarget*, *9*(29), 20631–20639. <https://doi.org/10.18632/oncotarget.25042>

Henry, A.G., & Piperno, D.R. (2008). Using plant microfossils from dental calculus to recover human diet: a case study from Tell al-Raqa'i, Syria. *Journal of Archaeological Science*. *35* (7):1943–1950. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2007.12.005>

History of Illumina Sequencing. Illumina | Sequencing and array-based solutions for genetic research [online]. © 2022 [cit. 24.05.2022]. Dostupné z: <https://www.illumina.com/technology/next-generation-sequencing/solexa-technology.html>

Hu, Z., & Zhang, W. (2020). Signaling Natural Products from Human Pathogenic Bacteria. *ACS infectious diseases*, *6*(1), 25–33. <https://doi.org/10.1021/acsinfecdis.9b00286>

Huebner, R., Mugabi, R., Hetesy, G., Fox, L., De Vlieghe, S., De Visscher, A., Barlow, J. W., & Sensabaugh, G. (2021). Characterization of genetic diversity and population

structure within *Staphylococcus chromogenes* by multilocus sequence typing. *PloS one*, 16(3), e0243688. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243688>

Chen, Y., Gao, H., Zhang, Y., Deng, M., Wu, Z., Zhu, L., Duan, Q., Xu, B., Liang, C., Yue, Z., & Xiao, X. (2012). Analysis of the bacterial diversity existing on animal hide and wool: development of a preliminary PCR-restriction fragment length polymorphism fingerprint database for identifying isolates. *Journal of AOAC International*, 95(6), 1750–1754. <https://doi.org/10.5740/jaoacint.11-482>

Cheng, C., Nie, Z. W., He, L. Y., & Sheng, X. F. (2020). Rice-derived facultative endophytic *Serratia liquefaciens* F2 decreases rice grain arsenic accumulation in arsenic-polluted soil. *Environmental pollution (Barking, Essex: 1987)*, 259, 113832. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2019.113832>

Christensen, H., Kuhnert, P., Foster, G., & Bisgaard, M. (2021). Reclassification of [*Haemophilus*] *haemoglobinophilus* as *Canicola haemoglobinophilus* gen. nov., comb. nov. including Bisgaard taxon 35. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 71(7), 10.1099/ijsem.0.004881. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004881>

Christodoulides, M., Humbert, M. V., & Heckels, J. E. (2021). The potential utility of liposomes for *Neisseria* vaccines. *Expert review of vaccines*, 20(10), 1235–1256. <https://doi.org/10.1080/14760584.2021.1981865>

Chu, X. J., Cao, N. W., Zhou, H. Y., Meng, X., Guo, B., Zhang, H. Y., & Li, B. Z. (2021). The oral and gut microbiome in rheumatoid arthritis patients: a systematic review. *Rheumatology (Oxford, England)*, 60(3), 1054–1066. <https://doi.org/10.1093/rheumatology/keaa835>

Jang, J., Hur, H. G., Sadowsky, M. J., Byappanahalli, M. N., Yan, T., & Ishii, S. (2017). Environmental *Escherichia coli*: ecology and public health implications—a review. *Journal of applied microbiology*, 123(3), 570–581. <https://doi.org/10.1111/jam.13468> Conrads, G., Wendt, L. K., Hetrod, F., Deng, Z. L., Pieper, D., Abdelbary, M., Barg, A., Wagner-Döbler, I., & Apel, C. (2019). Deep sequencing of biofilm microbiomes on dental composite materials. *Journal of oral microbiology*, 11(1), 1617013. <https://doi.org/10.1080/20002297.2019.1617013>

Japanese Archipelago Human Population Genetics Consortium, Jinam, T., Nishida, N., Hirai, M., Kawamura, S., Oota, H., Umetsu, K., Kimura, R., Ohashi, J., Tajima, A., Yamamoto, T., Tanabe, H., Mano, S., Suto, Y., Kaname, T., Naritomi, K., Yanagi, K., Niikawa, N., Omoto, K., Tokunaga, K., & Saitou, N. (2012). The history of human populations in the Japanese Archipelago inferred from genome-wide SNP data with a special reference to the Ainu and the Ryukyuan populations. *Journal of human genetics*, 57(12), 787–795. <https://doi.org/10.1038/jhg.2012.114>

Jarvie T. (2005). Next generation sequencing technologies. *Drug discovery today. Technologies*, 2(3), 255–260. <https://doi.org/10.1016/j.ddtec.2005.08.003>

Jones A. S. (1953). The isolation of bacterial nucleic acids using cetyltrimethylammonium bromide (cetavlon). *Biochimica et biophysica acta*, 10(4), 607–612. [https://doi.org/10.1016/0006-3002\(53\)90304-7](https://doi.org/10.1016/0006-3002(53)90304-7)

Joron, C., Roméo, B., Le Flèche-Matéos, A., Rames, C., El Samad, Y., & Hamdad, F. (2019). *Derma*coccus nishinomiyaensis as a cause of persistent paediatric catheter-related bacteraemia. *Clinical microbiology and infection: the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 25(8), 1054–1055. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2019.02.023>

Joshi, N., Kocher, G. S., Kalia, A., & Banga, H. S. (2021). *Bacillus circulans* MTCC 7906 aided facile development of bioconjugate nano-silica alkaline protease formulation with superlative dehairing potential. *Environmental pollution (Barking, Essex: 1987)*, 285, 117181. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.117181>

Kämpfer, P., Vanechoutte, M., Lodders, N., De Baere, T., Avesani, V., Janssens, M., Busse, H. J., & Wauters, G. (2009). Description of *Chryseobacterium anthropi* sp. nov. to accommodate clinical isolates biochemically similar to *Kaistella koreensis* and *Chryseobacterium haifense*, proposal to reclassify *Kaistella koreensis* as *Chryseobacterium koreense* comb. nov. and emended description of the genus *Chryseobacterium*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 59(Pt 10), 2421–2428. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.008250-0>

Kanzawa-Kiriyama, H., Jinam, T. A., Kawai, Y., Sato, T., Hosomichi, K., Tajima, A., Adachi, N., Matsumura, H., Kryukov, K., Saitou, N., & Shinoda, K.-I. (2019). Late Jomon

male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan. *Anthropol. Sci.* 127, 83–108.

Kanzawa-Kiriyama, H., Kryukov, K., Jinam, T. A., Hosomichi, K., Saso, A., Suwa, G., Ueda, S., Yoneda, M., Tajima, A., Shinoda, K. I., Inoue, I., & Saitou, N. (2017). A partial nuclear genome of the Jomons who lived 3000 years ago in Fukushima, Japan. *Journal of human genetics*, 62(2), 213–221. <https://doi.org/10.1038/jhg.2016.110>

Kaur, P., Behera, U. C., Singh, A., & Mitra, S. (2019). Traumatic Staphylococcus gallinarum endophthalmitis and detachment of a pallid retina. *BMJ case reports*, 12(8), e230126. <https://doi.org/10.1136/bcr-2019-230126>

Kloos, W. E., George, C. G., Olgiate, J. S., Van Pelt, L., McKinnon, M. L., Zimmer, B. L., Muller, E., Weinstein, M. P., & Mirrett, S. (1998). Staphylococcus hominis subsp. novobiosepticus subsp. nov., a novel trehalose- and N-acetyl-D-glucosamine-negative, novobiocin- and multiple-antibiotic-resistant subspecies isolated from human blood cultures. *International journal of systematic bacteriology*, 48 Pt 3, 799–812. <https://doi.org/10.1099/00207713-48-3-799>

Koenig, J. E., Spor, A., Scalfone, N., Fricker, A. D., Stombaugh, J., Knight, R., Angenent, L. T., & Ley, R. E. (2011). Succession of microbial consortia in the developing infant gut microbiome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 108 Suppl 1(Suppl 1), 4578–4585. <https://doi.org/10.1073/pnas.1000081107>

Kogan, M. I., Pasechnik, D. G., Naboka, I., Ibishev, K., Gazaev, Z. I., & Gudima, I. A. (2012). *Urologiia (Moscow, Russia : 1999)*, (2), 8–13.

Koubková, L., Vojtěšek, B., & Vyzula, R. (2014). Sekvenování nové generace a možnosti jeho využití v onkologické praxi [Next generation sequencing - application in clinical practice]. *Klinická onkologie: časopis České a Slovenské onkologické společnosti*, 27 Suppl 1, S61–S68. <https://doi.org/10.14735/amko20141s61>

Koumaki, D., Koumaki, V., Boumpoucheropoulos, S., Katoulis, A., Bitados, P., Stefanidou, M., & Krasagakis, K. (2020). *Turicella otitidis* as an Unusual Agent Causing Palmoplantar Eczema: An Emerging Pathogen. *European journal of case reports in internal medicine*, 7(2), 001458. [https://doi.org/10.12890/2020\\_001458](https://doi.org/10.12890/2020_001458)

Kusaka, S., Uno, K. T., Nakano, T., Nakatsukasa, M., & Cerling, T. E. (2015). Carbon isotope ratios of human tooth enamel record the evidence of terrestrial resource consumption during the Jomon period, Japan. *American journal of physical anthropology*, *158*(2), 300–311. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22775>

Langendijk, P. S., Kulik, E. M., Sandmeier, H., Meyer, J., & van der Hoeven, J. S. (2001). Isolation of *Desulfomicrobium orale* sp. nov. and *Desulfovibrio* strain NY682, oral sulfate-reducing bacteria involved in human periodontal disease. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, *51*(Pt 3), 1035–1044. <https://doi.org/10.1099/00207713-51-3-1035>

Lau, S. K., Chan, J. F., Tsang, C. C., Chan, S. M., Ho, M. L., Que, T. L., Lau, Y. L., & Woo, P. C. (2016). Human oropharynx as natural reservoir of *Streptobacillus hongkongensis*. *Scientific reports*, *6*, 24419. <https://doi.org/10.1038/srep24419>

Lawal, F. J., & Baer, S. L. (2021). Capnocytophaga gingivalis Bacteremia After Upper Gastrointestinal Bleeding in Immunocompromised Patient. *Journal of investigative medicine high impact case reports*, *9*, 23247096211020672. <https://doi.org/10.1177/23247096211020672>

Lawson, P. A., Collins, M. D., Falsen, E., Sjöden, B., & Facklam, R. R. (1999). *Facklamia languida* sp. nov., isolated from human clinical specimens. *Journal of clinical microbiology*, *37*(4), 1161–1164. <https://doi.org/10.1128/JCM.37.4.1161-1164.1999>

Le Floch, A. S., Cassir, N., Hraiech, S., Guervilly, C., Papazian, L., & Rolain, J. M. (2013). *Haemophilus parahaemolyticus* septic shock after aspiration pneumonia, France. *Emerging infectious diseases*, *19*(10), 1694–1695. <https://doi.org/10.3201/eid1910.130608>

Li, W. H., Yu, Y. C., & Lee, W. S. (2021). Vertebral osteomyelitis caused by *Fusobacterium periodonticum*. *The Journal of infection*, *82*(3), e42–e44. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.11.020>

Lieberman, D., Dvoskin, B., Lieberman, D. V., Kahane, S., & Friedman, M. G. (2002). Serological evidence of acute infection with the Chlamydia-like microorganism *Simkania negevensis* (Z) in acute exacerbation of chronic obstructive pulmonary

disease. *European journal of clinical microbiology & infectious diseases: official publication of the European Society of Clinical Microbiology*, 21(4), 307–309. <https://doi.org/10.1007/s10096-002-0703-7>

Lim, J. Y., Ganzorig, M., Huang, S. L., & Lee, K. (2019). First Complete Genome Sequence of *Haematobacter massiliensis* OT1 (Chromosome and Multiple Plasmids), Isolated from Human Skin. *Microbiology resource announcements*, 8(18), e00292-19. <https://doi.org/10.1128/MRA.00292-19>

Lim, J. Y., Hwang, I., Ganzorig, M., Pokhriyal, S., Singh, R., & Lee, K. (2018). Complete Genome Sequence of *Paracoccus yeei* TT13, Isolated from Human Skin. *Genome announcements*, 6(3), e01514-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.01514-17>

Lim, Y. K., Park, S. N., Lee, W. P., Shin, J. H., Jo, E., Shin, Y., Paek, J., Chang, Y. H., Kim, H., & Kook, J. K. (2019). *Lautropia dentalis* sp. nov., Isolated from Human Dental Plaque of a Gingivitis Lesion. *Current microbiology*, 76(11), 1369–1373. <https://doi.org/10.1007/s00284-019-01761-1>

Liu, H. Y., Hopping, G. C., Vaidyanathan, U., Ronquillo, Y. C., Hoopes, P. C., & Moshirfar, M. (2019). Polymerase Chain Reaction and Its Application in the Diagnosis of Infectious Keratitis. *Medical hypothesis, discovery & innovation ophthalmology journal*, 8(3), 152–155. Dostupné z: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6778471/>

Lloyd-Price, J., Abu-Ali, G., & Huttenhower, C. (2016). The healthy human microbiome. *Genome medicine*, 8(1), 51. <https://doi.org/10.1186/s13073-016-0307-y>

Loch, T. P., & Faisal, M. (2018). Flavobacteria colonizing the early life stages of hatchery-incubated Chinook salmon *Oncorhynchus tshawytscha* (Walbaum 1792) are markedly diverse. *Journal of fish diseases*, 41(5), 829–845. <https://doi.org/10.1111/jfd.12795>

Luna P. C. (2020). Skin Microbiome as Years Go By. *American journal of clinical dermatology*, 21(Suppl 1), 12–17. <https://doi.org/10.1007/s40257-020-00549-5>

Lunjani, N., Hlela, C., & O'Mahony, L. (2019). Microbiome and skin biology. *Current opinion in allergy and clinical immunology*, 19(4), 328–333. <https://doi.org/10.1097/ACI.0000000000000542>

Luppens, S. B., Kara, D., Bandounas, L., Jonker, M. J., Wittink, F. R., Bruning, O., Breit, T. M., Ten Cate, J. M., & Crielaard, W. (2008). Effect of *Veillonella parvula* on the antimicrobial resistance and gene expression of *Streptococcus mutans* grown in a dual-species biofilm. *Oral microbiology and immunology*, 23(3), 183–189. <https://doi.org/10.1111/j.1399-302X.2007.00409.x>

Madhaiyan, M., Wirth, J. S., & Saravanan, V. S. (2020). Phylogenomic analyses of the *Staphylococcaceae* family suggest the reclassification of five species within the genus *Staphylococcus* as heterotypic synonyms, the promotion of five subspecies to novel species, the taxonomic reassignment of five *Staphylococcus* species to *Mammaliicoccus* gen. nov., and the formal assignment of *Nosocomiicoccus* to the family *Staphylococcaceae*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 70(11), 5926–5936. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004498>

Maraki, S., Plevritaki, A., Kofteridis, D., Scoulica, E., Eskitzis, A., Gikas, A., & Panagiotakis, S. H. (2019). Bicuspid aortic valve endocarditis caused by *Gemella sanguinis*: Case report and literature review. *Journal of infection and public health*, 12(3), 304–308. <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2019.01.001>

Mardis E. R. (2008). Next-generation DNA sequencing methods. *Annual review of genomics and human genetics*, 9, 387–402. <https://doi.org/10.1146/annurev.genom.9.081307.164359>

Marguerat, S., Wilhelm, B. T., & Bähler, J. (2008). Next-generation sequencing: applications beyond genomes. *Biochemical Society transactions*, 36(Pt 5), 1091–1096. <https://doi.org/10.1042/BST0361091>

Marchandin, H., Teyssier, C., Jumas-Bilak, E., Robert, M., Artigues, A. C., & Jean-Pierre, H. (2005). Molecular identification of the first human isolate belonging to the *Veillonella ratti*-*Veillonella criceti* group based on 16S rDNA and *dnaK* gene sequencing. *Research in microbiology*, 156(4), 603–607. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2005.01.013>

Mashima, I., & Nakazawa, F. (2013). Identification of *Veillonella tobetsuensis* in tongue biofilm by using a species-specific primer pair. *Anaerobe*, 22, 77–81. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2013.04.015>

Maxam, A. M., & Gilbert, W. (1977). A new method for sequencing DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74(2), 560–564. <https://doi.org/10.1073/pnas.74.2.560>

McMurry, J. (2007). *Organická chemie* (přeložil Jonas, J.). VUTIUM. Praha.

Metzker M. L. (2010). Sequencing technologies – the next generation. *Nature reviews. Genetics*, 11(1), 31–46. <https://doi.org/10.1038/nrg2626>

Middleton, D. R., Lorenz, W., & Avci, F. Y. (2017). Complete Genome Sequence of the Bacterium *Bacillus circulans* Jordan Strain 32352. *Genome announcements*, 5(19), e00289-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00289-17>

Miyoshi, T., Oge, S., Nakata, S., Ueno, Y., Ukita, H., Kousaka, R., Miura, Y., Yoshinari, N., & Yoshida, A. (2021). *Gemella haemolysans* inhibits the growth of the periodontal pathogen *Porphyromonas gingivalis*. *Scientific reports*, 11(1), 11742. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-91267-3>

Mohan, B., Zaman, K., Anand, N., & Taneja, N. (2017). *Aerococcus Viridans*: A Rare Pathogen Causing Urinary Tract Infection. *Journal of clinical and diagnostic research : JCDR*, 11(1), DR01–DR03. <https://doi.org/10.7860/JCDR/2017/23997.9229>

Moore, E. R. B., Arnscheidt, A., Krüger, A., Strömpl, C., & Mau, M. (2004). *Simplified protocols for the preparation of genomic DNA from bacterial cultures*. *Molecular Microbial Ecology Manual*, Second Edition 1.01: 3–18.

Motta, J. C., Forero-Carreño, C., Arango, Á., & Sánchez, M. (2020). *Staphylococcus cohnii* endocarditis in native valve. *New microbes and new infections*, 38, 100825. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2020.100825>

Mougeot, J. C., Beckman, M. F., Langdon, H. C., Brennan, M. T., & Bahrani Mougeot, F. (2020). Oral Microbiome Signatures in Hematological Cancers Reveal Predominance of *Actinomyces* and *Rothia* Species. *Journal of clinical medicine*, 9(12), 4068. <https://doi.org/10.3390/jcm9124068>



Mullis K. B. (1990). The unusual origin of the polymerase chain reaction. *Scientific American*, 262(4), 56–65. <https://doi.org/10.1038/scientificamerican0490-56>

Narciso-da-Rocha, C., Vaz-Moreira, I., & Manaia, C. M. (2014). Genotypic diversity and antibiotic resistance in Sphingomonadaceae isolated from hospital tap water. *The Science of the total environment*, 466-467, 127–135. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2013.06.109>

Natsis, N. E., & Cohen, P. R. (2018). Coagulase-Negative Staphylococcus Skin and Soft Tissue Infections. *American journal of clinical dermatology*, 19(5), 671–677. <https://doi.org/10.1007/s40257-018-0362-9>

Newton, R. J., Vandewalle, J. L., Borchardt, M. A., Gorelick, M. H., & McLellan, S. L. (2011). Lachnospiraceae and Bacteroidales alternative fecal indicators reveal chronic human sewage contamination in an urban harbor. *Applied and environmental microbiology*, 77(19), 6972–6981. <https://doi.org/10.1128/AEM.05480-11>

Ngo, C. T., Aujoulat, F., Veas, F., Jumas-Bilak, E., & Manguin, S. (2015). Bacterial diversity associated with wild caught Anopheles mosquitoes from Dak Nong Province, Vietnam using culture and DNA fingerprint. *PloS one*, 10(3), e0118634. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0118634>

Nørskov-Lauritsen N. (2014). Classification, identification, and clinical significance of Haemophilus and Aggregatibacter species with host specificity for humans. *Clinical microbiology reviews*, 27(2), 214–240. <https://doi.org/10.1128/CMR.00103-13>

Nørskov-Lauritsen, N., Bruun, B., Andersen, C., & Kilian, M. (2012). Identification of haemolytic Haemophilus species isolated from human clinical specimens and description of Haemophilus sputorum sp. nov. *International journal of medical microbiology: IJMM*, 302(2), 78–83. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2012.01.001>

Nováková, D., Pantůček, R., Petrás, P., Koukalová, D., & Sedláček, I. (2006). Occurrence of Staphylococcus nepalensis strains in different sources including human clinical material. *FEMS microbiology letters*, 263(2), 163–168. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2006.00408.x>

Nowroozilarki, N., Jamshidi, S., Zahraei Salehi, T., & Kolahian, S. (2017). Identification of *Helicobacter* and *Wolinella* spp. in Oral Cavity of Toy Breed Dogs With Periodontal Disease. *Topics in companion animal medicine*, 32(3), 96–99. <https://doi.org/10.1053/j.tcam.2017.07.004>

Nurk, S., Meleshko, D., Korobeynikov, A., & Pevzner, P. A. (2017). metaSPAdes: a new versatile metagenomic assembler. *Genome research*, 27(5), 824–834. <https://doi.org/10.1101/gr.213959.116>

Onafowokan, O. O., Mateo, R., & Bonatti, H. (2021). A Series of *Haemophilus parainfluenzae* Surgical Infections and Review of the Literature. *Surgical infections*, 22(9), 940–947. <https://doi.org/10.1089/sur.2020.172>

Pace N. R. (2009). Mapping the tree of life: progress and prospects. *Microbiology and molecular biology reviews: MMBR*, 73(4), 565–576. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00033-09>

Pan, Z., Ma, Y., Ma, J., Dong, W., & Yao, H. (2017). Acute meningitis of piglets and mice caused by co-infected with *Streptococcus suis* and *Aerococcus viridans*. *Microbial pathogenesis*, 106, 60–64. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2016.10.024>

Parks, D. H., Imelfort, M., Skennerton, C. T., Hugenholtz, P., & Tyson, G. W. (2015). CheckM: assessing the quality of microbial genomes recovered from isolates, single cells, and metagenomes. *Genome research*, 25(7), 1043–1055. <https://doi.org/10.1101/gr.186072.114>

Parrey, A. H., Sofi, F., Ahmad, M., & Kuchay, A. (2016). *Aerococcus viridans* infection presenting as cutaneous vasculitis in an immunocompetent patient. *Reumatologia*, 54(6), 318–320. <https://doi.org/10.5114/reum.2016.64909>

Pereira, E. M., de Mattos, C. S., Dos Santos, O. C., Ferreira, D. C., de Oliveira, T., Laport, M. S., de Oliveira Ferreira, E., & Dos Santos, K. (2019). *Staphylococcus hominis* subspecies can be identified by SDS-PAGE or MALDI-TOF MS profiles. *Scientific reports*, 9(1), 11736. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48248-4>

Petrina, M., Cosentino, L. A., Rabe, L. K., & Hillier, S. L. (2017). Susceptibility of bacterial vaginosis (BV)-associated bacteria to secnidazole compared to

metronidazole, tinidazole and clindamycin. *Anaerobe*, 47, 115–119. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2017.05.005>

Phichaphop, C., Apiwattanakul, N., Wanitkun, S., & Boonsathorn, S. (2020). Bacterial Endocarditis Caused by *Actinomyces oris*: First Reported Case and Literature Review. *Journal of investigative medicine high impact case reports*, 8, 2324709620910645. <https://doi.org/10.1177/2324709620910645>

Pickering, J., Richmond, P. C., & Kirkham, L. A. (2014). Molecular tools for differentiation of non-typeable *Haemophilus influenzae* from *Haemophilus haemolyticus*. *Frontiers in microbiology*, 5, 664. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00664>

Prochazkova, P., Roubalova, R., Dvorak, J., Kreisinger, J., Hill, M., Tlaskalova-Hogenova, H., Tomasova, P., Pelantova, H., Cermakova, M., Kuzma, M., Bulant, J., Bilej, M., Smitka, K., Lambertova, A., Holanova, P., & Papezova, H. (2021). The intestinal microbiota and metabolites in patients with anorexia nervosa. *Gut microbes*, 13(1), 1–25. <https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1902771>

Průchová, E., Daneček, D., & Smíšek, K. (2011). *Prostorová distribuce jedinců v závislosti na demografických parametrech na pohřebišti v Hostivici*. Archeologie & antropologie, Národní muzeum, konference. Praha.

Rahmati, E., Martin, V., Wong, D., Sattler, F., Petterson, J., Ward, P., Butler-Wu, S. M., & She, R. C. (2017). *Facklamia* Species as an Underrecognized Pathogen. *Open forum infectious diseases*, 4(1), ofw272. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofw272>

Rakitin, A. L., Ermakova, A. Y., Beletsky, A. V., Petrova, M., Mardanov, A. V., & Ravin, N. V. (2021). Genome Analysis of *Acinetobacter lwoffii* Strains Isolated from Permafrost Soils Aged from 15 Thousand to 1.8 Million Years Revealed Their Close Relationships with Present-Day Environmental and Clinical Isolates. *Biology*, 10(9), 871. <https://doi.org/10.3390/biology10090871>

Ramos, G., Vigoder, H. C., & Nascimento, J. S. (2021). Technological Applications of *Macroccoccus caseolyticus* and its Impact on Food Safety. *Current microbiology*, 78(1), 11–16. <https://doi.org/10.1007/s00284-020-02281-z>

Rams, T. E., Feik, D., & Slots, J. (1993). *Campylobacter rectus* in human periodontitis. *Oral microbiology and immunology*, 8(4), 230–235. <https://doi.org/10.1111/j.1399-302x.1993.tb00565.x>

Ranc, A., Dubourg, G., Fournier, P. E., Raoult, D., & Fenollar, F. (2018). *Delftia tsuruhatensis*, an Emergent Opportunistic Healthcare-Associated Pathogen. *Emerging infectious diseases*, 24(3), 594–596. <https://doi.org/10.3201/eid2403.160939>

Rathinavelu, S., Zavros, Y., & Merchant, J. L. (2003). *Acinetobacter lwoffii* infection and gastritis. *Microbes and infection*, 5(7), 651–657. [https://doi.org/10.1016/s1286-4579\(03\)00099-6](https://doi.org/10.1016/s1286-4579(03)00099-6)

Raz, R., Colodner, R., & Kunin, C. M. (2005). Who are you--*Staphylococcus saprophyticus*?. *Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America*, 40(6), 896–898. <https://doi.org/10.1086/428353>

Remuzgo-Martínez, S., Aranzamendi-Zaldunbide, M., Pílares-Ortega, L., Icardo, J. M., Acosta, F., Martínez-Martínez, L., & Ramos-Vivas, J. (2013). Interaction of macrophages with a cytotoxic *Serratia liquefaciens* human isolate. *Microbes and infection*, 15(6-7), 480–490. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2013.03.004>

Reyman, M., Clerc, M., van Houten, M. A., Arp, K., Chu, M., Hasrat, R., Sanders, E., & Bogaert, D. (2021). Microbial community networks across body sites are associated with susceptibility to respiratory infections in infants. *Communications biology*, 4(1), 1233. <https://doi.org/10.1038/s42003-021-02755-1>

Richards, V. P., Alvarez, A. J., Luce, A. R., Bedenbaugh, M., Mitchell, M. L., Burne, R. A., & Nascimento, M. M. (2017). Microbiomes of Site-Specific Dental Plaques from Children with Different Caries Status. *Infection and immunity*, 85(8), e00106-17. <https://doi.org/10.1128/IAI.00106-17>

Rôças, I. N., Siqueira, J. F., Jr, Santos, K. R., & Coelho, A. M. (2001). "Red complex" (*Bacteroides forsythus*, *Porphyromonas gingivalis*, and *Treponema denticola*) in endodontic infections: a molecular approach. *Oral surgery, oral medicine, oral pathology, oral radiology, and endodontics*, 91(4), 468–471. <https://doi.org/10.1067/moe.2001.114379>

Rondon, M. R., August, P. R., Bettermann, A. D., Brady, S. F., Grossman, T. H., Liles, M. R., Loiacono, K. A., Lynch, B. A., MacNeil, I. A., Minor, C., Tiong, C. L., Gilman, M., Osburne, M. S., Clardy, J., Handelsman, J., & Goodman, R. M. (2000). Cloning the soil metagenome: a strategy for accessing the genetic and functional diversity of uncultured microorganisms. *Applied and environmental microbiology*, 66(6), 2541–2547. <https://doi.org/10.1128/AEM.66.6.2541-2547.2000>

Rosselló-Mora, R., & Amann, R. (2001). The species concept for prokaryotes. *FEMS microbiology reviews*, 25(1), 39–67. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2001.tb00571.x>

Russo, A., Tarantino, U., d'Ettorre, G., Della Rocca, C., Ceccarelli, G., Gasbarra, E., Venditti, M., & Iundusi, R. (2021). First report of spondylodiscitis caused by *Bacillus circulans* in an immunocompetent patient: Clinical case and review of the literature. *IDCases*, 23, e01058. <https://doi.org/10.1016/j.idcr.2021.e01058>

Ryan, P. M., & Shin, C. P. (2021). Native joint infections caused by *Parvimonas micra*. *Anaerobe*, 71, 102412. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2021.102412>

Ryu, S. W., Kim, J. S., Oh, B. S., Yu, S. Y., Lee, J. S., Park, S. H., Kang, S. W., Lee, J., Lee, M. K., Rhee, M. S., Jung, H., Hur, T. Y., Kim, H. B., Kim, J. K., Lee, J. H., & Lee, J. H. (2021). *Peptoniphilus faecalis* sp. nov., isolated from swine faeces. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 71(6), 10.1099/ijsem.0.004836. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004836>

Salton M. R. (1958). The lysis of micro-organisms by lysozyme and related enzymes. *Journal of general microbiology*, 18(2), 481–490. <https://doi.org/10.1099/00221287-18-2-481>

Salton M. R. (1974). Isolation of cell walls from Gram-positive bacteria. *Methods in enzymology*, 31, 653–667. [https://doi.org/10.1016/0076-6879\(74\)31071-3](https://doi.org/10.1016/0076-6879(74)31071-3)

Santoiemma, P. P., Kalainov, D. M., Mehta, M. P., & Bolon, M. K. (2020). An unusual case of *Staphylococcus pasteurii* osteomyelitis. *Infectious disease reports*, 12(2), 8523. <https://doi.org/10.4081/idr.2020.8523>

Sárvári, K. P., & Schoblocher, D. (2020). The antibiotic susceptibility pattern of gas gangrene-forming *Clostridium* spp. clinical isolates from South-Eastern

Hungary. *Infectious diseases (London, England)*, 52(3), 196–201.  
<https://doi.org/10.1080/23744235.2019.1696472>

Sasaki, M., Shimoyama, Y., Kodama, Y., & Ishikawa, T. (2021). Abiotrophia defectiva DnaK Promotes Fibronectin-Mediated Adherence to HUVECs and Induces a Proinflammatory Response. *International journal of molecular sciences*, 22(16), 8528.  
<https://doi.org/10.3390/ijms22168528>

Sato, T., Matsuyama, J., Sato, M., & Hoshino, E. (1997). Differentiation of Veillonella atypica, Veillonella dispar and Veillonella parvula using restricted fragment-length polymorphism analysis of 16S rDNA amplified by polymerase chain reaction. *Oral microbiology and immunology*, 12(6), 350–353.  
<https://doi.org/10.1111/j.1399-302x.1997.tb00737.x>

Scaioli, E., Biondi, R., Liverani, E., Sartini, A., Troiano, A., Fuccio, L., Muratori, R., Lombardi, G., Onorini, D., Dal Monte, P., Donati, M., & Belluzzi, A. (2019). Simkania negevensis in Crohn's Disease. *Digestive diseases and sciences*, 64(11), 3284–3290.  
<https://doi.org/10.1007/s10620-019-05632-4>

Segata, N., Haake, S. K., Mannon, P., Lemon, K. P., Waldron, L., Gevers, D., Huttenhower, C., & Izard, J. (2012). Composition of the adult digestive tract bacterial microbiome based on seven mouth surfaces, tonsils, throat and stool samples. *Genome biology*, 13(6), R42. <https://doi.org/10.1186/gb-2012-13-6-r42>

Shampo, M. A., & Kyle, R. A. (2002). Kary B. Mullis--Nobel Laureate for procedure to replicate DNA. *Mayo Clinic proceedings*, 77(7), 606.  
<https://doi.org/10.4065/77.7.606>

Shanahan, F., van Sinderen, D., O'Toole, P. W., & Stanton, C. (2017). Feeding the microbiota: transducer of nutrient signals for the host. *Gut*, 66(9), 1709–1717.  
<https://doi.org/10.1136/gutjnl-2017-313872>

Shantiae, S., Tajbakhsh, E., & Momtaz, H. (2022). Molecular characterization of Enterobacter aerogenes isolated from urinary tract infections in Iran. *Acta tropica*, 232, 106485. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2022.106485>

- Sharma, H., Tal, R., Clark, N. A., & Segars, J. H. (2014). Microbiota and pelvic inflammatory disease. *Seminars in reproductive medicine*, 32(1), 43–49. <https://doi.org/10.1055/s-0033-1361822>
- Shendure, J., & Ji, H. (2008). Next-generation DNA sequencing. *Nature biotechnology*, 26(10), 1135–1145. <https://doi.org/10.1038/nbt1486>
- Shennan, S., Downey, S. S., Timpson, A., Edinborough, K., Colledge, S., Kerig, T., Manning, K., & Thomas, M. G. (2013). Regional population collapse followed initial agriculture booms in mid-Holocene Europe. *Nature communications*, 4, 2486. <https://doi.org/10.1038/ncomms3486>
- Sherret, J., Gajjar, B., Ibrahim, L., Mohamed Ahmed, A., & Panta, U. R. (2020). Dolosigranulum pigrum: Predicting Severity of Infection. *Cureus*, 12(8), e9770. <https://doi.org/10.7759/cureus.9770> <https://doi.org/10.1128/mSphere.00852-20>
- Shiroma, A., Terabayashi, Y., Nakano, K., Shimoji, M., Tamotsu, H., Ashimine, N., Ohki, S., Shinzato, M., Teruya, K., Satou, K., & Hirano, T. (2015). First Complete Genome Sequences of Staphylococcus aureus subsp. aureus Rosenbach 1884 (DSM 20231T), Determined by PacBio Single-Molecule Real-Time Technology. *Genome announcements*, 3(4), e00800-15. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00800-15>
- Shokralla, S., Spall, J. L., Gibson, J. F., & Hajibabaei, M. (2012). Next-generation sequencing technologies for environmental DNA research. *Molecular ecology*, 21(8), 1794–1805. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05538.x>
- Scherler, A., Jacquier, N., & Greub, G. (2018). Chlamydiales, Anaplasma and Bartonella: persistence and immune escape of intracellular bacteria. *Microbes and infection*, 20(7-8), 416–423. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2017.11.002>
- Schleifer, K.H., & Kloos, W.E. (1975). Isolation and Characterization of Staphylococci from Human Skin I. Amended Descriptions of Staphylococcus epidermidis and Staphylococcus saprophyticus and Descriptions of Three New Species: Staphylococcus cohnii, Staphylococcus haemolyticus, and Staphylococcus xylosus. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 25, 50-61. <https://doi.org/10.1099/00207713-25-1-50>

Schloss, P. D., & Handelsman, J. (2003). Biotechnological prospects from metagenomics. *Current opinion in biotechnology*, 14(3), 303–310. [https://doi.org/10.1016/s0958-1669\(03\)00067-3](https://doi.org/10.1016/s0958-1669(03)00067-3)

Schuster S. C. (2008). Next-generation sequencing transforms today's biology. *Nature methods*, 5(1), 16–18. <https://doi.org/10.1038/nmeth1156>

Soge, O. O., Beck, N. K., White, T. M., No, D. B., & Roberts, M. C. (2008). A novel transposon, Tn6009, composed of a Tn916 element linked with a *Staphylococcus aureus* mer operon. *The Journal of antimicrobial chemotherapy*, 62(4), 674–680. <https://doi.org/10.1093/jac/dkn255>

Spiegel C. A. (1991). Bacterial vaginosis. *Clinical microbiology reviews*, 4(4), 485–502. <https://doi.org/10.1128/CMR.4.4.485>

Staley, C., Dunny, G. M., & Sadowsky, M. J. (2014). Environmental and animal-associated enterococci. *Advances in applied microbiology*, 87, 147–186. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800261-2.00004-9>

Stemers, F. J., & Gunderson, K. L. (2005). Illumina, Inc. *Pharmacogenomics*, 6(7), 777–782. <https://doi.org/10.2217/14622416.6.7.777>

Steinberg, V. I., Hart, E. J., Handley, J., & Goldberg, I. D. (1976). Isolation and characterization of a bacteriophage specific for *Neisseria perflava*. *Journal of clinical microbiology*, 4(1), 87–91. <https://doi.org/10.1128/jcm.4.1.87-91.1976>

Stranneheim, H., & Lundeberg, J. (2012). Stepping stones in DNA sequencing. *Biotechnology journal*, 7(9), 1063–1073. <https://doi.org/10.1002/biot.201200153>

Strauss, J., White, A., Ambrose, C., McDonald, J., & Allen-Vercoe, E. (2008). Phenotypic and genotypic analyses of clinical *Fusobacterium nucleatum* and *Fusobacterium periodonticum* isolates from the human gut. *Anaerobe*, 14(6), 301–309. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2008.12.003>

Stricker, R. B., Pompilio, K. J., Axelrod, J. L., Kochman, R. S., & Newman, J. C. (1982). *Neisseria subflava* endophthalmitis. *American journal of ophthalmology*, 94(3), 423–424. [https://doi.org/10.1016/0002-9394\(82\)90380-4](https://doi.org/10.1016/0002-9394(82)90380-4)



Šmarda, J. (2005). *Metody molekulární biologie*. 1. vydání. Brno: Masarykova univerzita. ISBN 80-210-3841-1.

Tan, R., Tan, B. Q., & Rao, N. (2021). The first case of peritoneal dialysis-associated peritonitis due to *Lautropia mirabilis*. *Nephrology (Carlton, Vic.)*, 26(7), 634–635. <https://doi.org/10.1111/nep.13866>

Tan, S. C., & Yiap, B. C. (2009). DNA, RNA, and protein extraction: the past and the present. *Journal of biomedicine & biotechnology*, 574398. <https://doi.org/10.1155/2009/574398>

Tandon, A., Tay-Kearney, M. L., Metcalf, C., & McAllister, L. (2001). *Bacillus circulans* endophthalmitis. *Clinical & experimental ophthalmology*, 29(2), 92–93.

Tanner, A. C., & Izard, J. (2006). *Tannerella forsythia*, a periodontal pathogen entering the genomic era. *Periodontology 2000*, 42, 88–113. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0757.2006.00184.x>

Tano, K., von Essen, R., Eriksson, P. O., & Sjöstedt, A. (2008). *Alloiococcus otitidis*-otitis media pathogen or normal bacterial flora?. *APMIS: acta pathologica, microbiologica, et immunologica Scandinavica*, 116(9), 785–790. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0463.2008.01003.x>

Thomas, T., Gilbert, J., & Meyer, F. (2012). Metagenomics – a guide from sampling to data analysis. *Microbial informatics and experimentation*, 2(1), 3. <https://doi.org/10.1186/2042-5783-2-3>

Tomioka, N. (2010). *Animal resources and subsistence range during the Jomon period. Jomon archaeology*, vol. 4, relationship between humans and animals [**In Japanese**]. Tokyo, Japan: Doseisha.

Tong, S. Y., Davis, J. S., Eichenberger, E., Holland, T. L., & Fowler, V. G., Jr (2015). *Staphylococcus aureus* infections: epidemiology, pathophysiology, clinical manifestations, and management. *Clinical microbiology reviews*, 28(3), 603–661. <https://doi.org/10.1128/CMR.00134-14>

Totten, A. H., Xiao, L., Crabb, D. M., Ratliff, A. E., Waites, K. B., Hwangpo, T., & Atkinson, T. P. (2021). Septic polyarthrititis with *Mycoplasma salivarium* in a patient

with common variable immunodeficiency: case report and review of the literature. *Access microbiology*, 3(4), 000221. <https://doi.org/10.1099/acmi.0.000221>

Tsai, Y. L., & Olson, B. H. (1992). Rapid method for separation of bacterial DNA from humic substances in sediments for polymerase chain reaction. *Applied and environmental microbiology*, 58(7), 2292–2295. <https://doi.org/10.1128/aem.58.7.2292-2295.1992>

Tsutaya, T., Nagaoka, T., Kakinuma, Y., Kondo, O., & Yoneda, M. (2016). The diet of townspeople in the city of Edo: carbon and nitrogen stable isotope analyses of human skeletons from the Ikenohata-Shichikencho site. *Anthropological Science*, 124, 17–27. <https://doi.org/10.1537/ase.150914>

Tuon, F. F., Scharf, C., Rocha, J. L., Cieslinsk, J., Becker, G. N., & Arend, L. N. (2015). KPC-producing *Enterobacter aerogenes* infection. *The Brazilian journal of infectious diseases: an official publication of the Brazilian Society of Infectious Diseases*, 19(3), 324–327. <https://doi.org/10.1016/j.bjid.2015.01.003>

Ural, S., Gul Yurtsever, S., Ormen, B., Turker, N., Kaptan, F., El, S., Akyildiz, Z. I., & Coskun, N. A. (2014). *Gemella morbillorum* Endocarditis. *Case reports in infectious diseases*, 2014, 456471. <https://doi.org/10.1155/2014/456471>

Vai, S., Lari, M., & Caramelli, D. (2016). DNA Sequencing in Cultural Heritage. *Topics in current chemistry (Cham)*, 374(1), 8. <https://doi.org/10.1007/s41061-015-0009-8>

Valero-Guillén, P. L., Fernández-Natal, I., Marrodán-Ciordia, T., Tauch, A., & Soriano, F. (2016). Ether-linked lipids of *Dermabacter hominis*, a human skin actinobacterium. *Chemistry and physics of lipids*, 196, 24–32. <https://doi.org/10.1016/j.chemphyslip.2016.02.002>

Valones, M. A., Guimarães, R. L., Brandão, L. A., de Souza, P. R., de Albuquerque Tavares Carvalho, A., & Crovela, S. (2009). Principles and applications of polymerase chain reaction in medical diagnostic fields: a review. *Brazilian journal of microbiology: [publication of the Brazilian Society for Microbiology]*, 40(1), 1–11. <https://doi.org/10.1590/S1517-83822009000100001>

Van Eldere, J., Robben, J., De Pauw, G., Merckx, R., & Eyssen, H. (1988). Isolation and identification of intestinal steroid-desulfating bacteria from rats and humans. *Applied and environmental microbiology*, 54(8), 2112–2117. <https://doi.org/10.1128/aem.54.8.2112-2117.1988>

Varshini, K., Ganesan, V., & Charles, J. (2022). *Aerococcus viridans* Bacteremia: A Rare Case Report from India. *Indian journal of critical care medicine: peer-reviewed, official publication of Indian Society of Critical Care Medicine*, 26(1), 127–128. <https://doi.org/10.5005/jp-journals-10071-24072>

Vergheese, A., & Berk, S. L. (1991). *Moraxella* (Branhamella) *catarrhalis*. *Infectious disease clinics of North America*, 5(3), 523–538.

von Graevenitz, A., & Funke, G. (2014). *Turicella otitidis* and *Corynebacterium auris*: 20 years on. *Infection*, 42(1), 1–4. <https://doi.org/10.1007/s15010-013-0488-x>

Vuong, C., & Otto, M. (2002). *Staphylococcus epidermidis* infections. *Microbes and infection*, 4(4), 481–489. [https://doi.org/10.1016/s1286-4579\(02\)01563-0](https://doi.org/10.1016/s1286-4579(02)01563-0)

Wade W. G. (2013). The oral microbiome in health and disease. *Pharmacological research*, 69(1), 137–143. <https://doi.org/10.1016/j.phrs.2012.11.006>

Wang, K., Lu, W., Tu, Q., Ge, Y., He, J., Zhou, Y., Gou, Y., Van Nostrand, J. D., Qin, Y., Li, J., Zhou, J., Li, Y., Xiao, L., & Zhou, X. (2016). Preliminary analysis of salivary microbiome and their potential roles in oral lichen planus. *Scientific reports*, 6, 22943. <https://doi.org/10.1038/srep22943>

Wang, Y., Zhang, J., Chen, X., Jiang, W., Wang, S., Xu, L., Tu, Y., Zheng, P., Wang, Y., Lin, X., & Chen, H. (2017). Profiling of Oral Microbiota in Early Childhood Caries Using Single-Molecule Real-Time Sequencing. *Frontiers in microbiology*, 8, 2244. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02244>

Warinner, C., Rodrigues, J. F., Vyas, R., Trachsel, C., Shved, N., Grossmann, J., Radini, A., Hancock, Y., Tito, R. Y., Fiddyment, S., Speller, C., Hendy, J., Charlton, S., Luder, H. U., Salazar-García, D. C., Eppler, E., Seiler, R., Hansen, L. H., Castruita, J. A., Barkow-Oesterreicher, S., Teoh, K. Y., Kelstrup, C. D., Olsen, J. V., Nanni, P., Kawai, T., Willerslev, E., von Mering, C., Lewis, C. M. Jr., Collins, M. J., Gilbert, M. T., Rühli, F., &

Cappellini, E. (2014). Pathogens and host immunity in the ancient human oral cavity. *Nature genetics*, 46(4), 336–344. <https://doi.org/10.1038/ng.2906>

Wein, T., Dagan, T., Fraune, S., Bosch, T., Reusch, T., & Hülter, N. F. (2018). Carrying Capacity and Colonization Dynamics of *Curvibacter* in the *Hydra* Host Habitat. *Frontiers in microbiology*, 9, 443. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00443>

West P. A. (1989). The human pathogenic vibrios--a public health update with environmental perspectives. *Epidemiology and infection*, 103(1), 1–34. <https://doi.org/10.1017/s0950268800030326>

Weyrich, L. S., Duchene, S., Soubrier, J., Arriola, L., Llamas, B., Breen, J., Morris, A. G., Alt, K. W., Caramelli, D., Dresely, V., Farrell, M., Farrer, A. G., Francken, M., Gully, N., Haak, W., Hardy, K., Harvati, K., Held, P., Holmes, E. C., Kaidonis, J., Lalueza-Fox C., de la Rasilla, M., Rosas, A., Semal, P., Soltysiak, A., Townsend, G., Usai, D., Wahl, J., Huson, D. H., Dobney, K., & Cooper, A. (2017). Neanderthal behaviour, diet, and disease inferred from ancient DNA in dental calculus. *Nature*, 544(7650), 357–361. <https://doi.org/10.1038/nature21674>

White D. J. (1997). Dental calculus: recent insights into occurrence, formation, prevention, removal and oral health effects of supragingival and subgingival deposits. *European journal of oral sciences*, 105(5 Pt 2), 508–522. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0722.1997.tb00238.x>

Wilkins, T.D., Moore, W.E., West, S.E., & Holdeman, L.V. (1975). *Peptococcus niger* (Hall) Kluver and van Niel 1936: Emendation of Description and Designation of Neotype Strain. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 25, 47–49. <https://doi.org/10.1099/00207713-25-1-47>

Woese, C. R., & Fox, G. E. (1977). Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74(11), 5088–5090. <https://doi.org/10.1073/pnas.74.11.5088>

Woo, P., Wu, A., Tsang, C. C., Leung, K. W., Ngan, A., Curreem, S., Lam, K. W., Chen, J., Chan, J., & Lau, S. (2014). *Streptobacillus hongkongensis* sp. nov., isolated from patients with quinsy and septic arthritis, and emended descriptions of the genus

Streptobacillus and Streptobacillus moniliformis. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(Pt 9), 3034–3039. <https://doi.org/10.1099/ij.s.0.061242-0>

Wu, C. C., Johnson, J. L., Moore, W. E., & Moore, L. V. (1992). Emended descriptions of *Prevotella denticola*, *Prevotella loescheii*, *Prevotella veroralis*, and *Prevotella melaninogenica*. *International journal of systematic bacteriology*, 42(4), 536–541. <https://doi.org/10.1099/00207713-42-4-536>

Wyres, K. L., Lam, M., & Holt, K. E. (2020). Population genomics of *Klebsiella pneumoniae*. *Nature reviews. Microbiology*, 18(6), 344–359. <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0315-1>

Xi, H., He, D., Li, D., Liu, S. S., Wang, G., Ji, Y., Wang, X., Wang, Z., Bi, L., Zhao, R., Zhang, H., Yang, L., Guo, Z., Han, W., & Gu, J. (2020). Bacteriophage Protects Against *Aerococcus viridans* Infection in a Murine Mastitis Model. *Frontiers in veterinary science*, 7, 588. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00588>

Xuan, J., Yu, Y., Qing, T., Guo, L., & Shi, L. (2013). Next-generation sequencing in the clinic: promises and challenges. *Cancer letters*, 340(2), 284–295. <https://doi.org/10.1016/j.canlet.2012.11.025>

Yamashita, Y., & Takeshita, T. (2017). The oral microbiome and human health. *Journal of oral science*, 59(2), 201–206. <https://doi.org/10.2334/josnusd.16-0856>

Yao, T., Han, X., Guan, T., Zhai, C., Liu, C., Liu, C., Zhu, B., & Chen, L. (2021). Exploration of the microbiome community for saliva, skin, and a mixture of both from a population living in Guangdong. *International journal of legal medicine*, 135(1), 53–62. <https://doi.org/10.1007/s00414-020-02329-6>

Zaman, K., Gupta, P., Kaur, V., Mohan, B., & Taneja, N. (2017). *Empedobacter falsenii*: a rare non-fermenter causing urinary tract infection in a child with bladder cancer.

Zheng, S. W., Xu, P., Cai, L. T., Tan, Z. W., Guo, Y. T., Zhu, R. X., & He, Y. (2021). The presence of *Prevotella melaninogenica* within tissue and preliminary study on its role in the pathogenesis of oral lichen planus. *Oral diseases*, 10.1111/odi.13862. Advance online publication. <https://doi.org/10.1111/odi.13862>

Zhou, T., Wu, J., Zeng, Y., Li, J., Yan, J., Meng, W., Han, H., Feng, F., He, J., Zhao, S., Zhou, P., Wu, Y., Yang, Y., Han, R., Jin, W., Li, X., Yang, Y., & Li, X. (2022). SARS-CoV-2 triggered oxidative stress and abnormal energy metabolism in gut microbiota. *MedComm*, 3(1), e112. <https://doi.org/10.1002/mco2.112>

Zhu, X., Yu, S., Kang, Q., Qiu, Y., Tian, M., & Cao, E. (2021). *Campylobacter rectus* Infection Leads to Lung Abscess: A Case Report and Literature Review. *Infection and drug resistance*, 14, 2957–2963. <https://doi.org/10.2147/IDR.S316818>

Zhuang, P., Li, H., Jia, W., Shou, Q., Zhu, Y., Mao, L., Wang, W., Wu, F., Chen, X., Wan, X., Wu, Y., Liu, X., Li, Y., Zhu, F., He, L., Chen, J., Zhang, Y., & Jiao, J. (2021). Eicosapentaenoic and docosahexaenoic acids attenuate hyperglycemia through the microbiome-gut-organs axis in db/db mice. *Microbiome*, 9(1), 185. <https://doi.org/10.1186/s40168-021-01126-6>

Zichová, E. (2021). *Screening mikroorganismů a patogenů na vybraném historickém pohřebišti*. MS. Bakalářská práce. depon. in Západočeská univerzita v Plzni, Fakulta Pedagogická, 27-29. Plzeň.

## INTERNETOVÉ ZDROJE

- [1] [https://drusop.nature.cz/customer\\_data/vyhlasaky/v\\_9650\\_3.pdf](https://drusop.nature.cz/customer_data/vyhlasaky/v_9650_3.pdf)
- [2] <https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home>
- [3] <https://bacdive.dsmz.de/>
- [4] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi>
- [5] <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>
- [6] <https://doi.org/10.15468/rguc4r> přístupný přes GBIF.org dne 26.07.2022.
- [7] [https://www.homd.org/taxa/abundance\\_by\\_site/species](https://www.homd.org/taxa/abundance_by_site/species)
- [8] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/67783>
- [9] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/biosample/9736923>
- [10] <https://nanoporetech.com/>
- [11] [https://www.homd.org/taxa/abundance\\_by\\_site/species](https://www.homd.org/taxa/abundance_by_site/species)

**SEZNAM OBRÁZKŮ, TABULEK, GRAFŮ A DIAGRAMŮ****SEZNAM OBRÁZKŮ**

Obrázek 1 Umístění a vzdálenost lokalit Hostivice a Semonice (zdroj: mapy.cz). .....	5
Obrázek 2 Lokalita Hostivice (zdroj: mapy.cz). .....	6
Obrázek 3 Lokalita Semonice (zdroj: mapy.cz). .....	7
Obrázek 4 Schéma metody purifikace DNA pomocí magnetických kuliček (Berensmeier, 2006; vlastní překlad).....	24
Obrázek 5 Illumina princip "bridge" amplifikace (Shendure a Ji, 2008).....	31

**SEZNAM GRAFŮ**

Graf 1 Četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.....	37
Graf 2 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu. ....	38
Graf 3 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu. ....	39
Graf 4 Četnost OTU komenzálních bakterií kůže. ....	39
Graf 5 Četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského těla.....	40
Graf 6 Hostivice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.....	41
Graf 7 Hostivice – četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií. ....	41
Graf 8 Hostivice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu. ....	42
Graf 9 Hostivice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského mikrobiomu. ....	42
Graf 10 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže. ....	43
Graf 11 Semonice – četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.....	44
Graf 12 Semonice – četnost zastoupení OTU sekvencí komenzálních bakterií respiračního traktu.....	45
Graf 13 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.....	45
Graf 14 Semonice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského mikrobiomu. ....	46
Graf 15 Četnost OTU sekvencí oportunních patogenních bakterií. ....	47
Graf 16 Četnost OTU sekvencí enviromentálních bakterií patogenních pro člověka. ....	48
Graf 17 Četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů. ....	49
Graf 18 Hostivice – četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka. .....	50
Graf 19 Hostivice - četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu. ....	50
Graf 20 Hostivice – četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.....	51
Graf 21 Semonice – četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu .....	52
Graf 22 Semonice – četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka. .....	53
Graf 23 Semonice - četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.....	54

**SEZNAM TABULEK**

Tab. 1 Četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.....	I
Tab. 2 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.....	IV
Tab. 3 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.....	VI
Tab. 4 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií respiračního traktu.....	VIII
Tab. 5 Četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského těla.....	IX
Tab. 6 Hostivice – četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.....	X
Tab. 7 Hostivice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.....	XI
Tab. 8 Hostivice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.....	XII
Tab. 9 Hostivice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského těla.....	XII
Tab. 10 Semonice – četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.....	XIII
Tab. 11 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.....	XVI
Tab. 12 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.....	XVII
Tab. 13 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií respiračního traktu.....	XVIII
Tab. 14 Semonice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského těla.....	XIX
Tab. 15 Četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu.....	XXI
Tab. 16 Četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka.....	XXIV
Tab. 17 Četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.....	XXVII
Tab. 18 Hostivice – četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu.....	XXVIII
Tab. 19 Hostivice – četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka.....	XXIX
Tab. 20 Hostivice – četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.....	XXX
Tab. 21 Semonice – četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu.....	XXXI
Tab. 22 Semonice – četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka.....	XXXIII
Tab. 23 Semonice – četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.....	XXXVI



## PŘÍLOHY

Tab. 1 Četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost krava 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Abiotrophia defectiva</i>	<i>Abiotrophia</i>	0	5	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	endokarditida	(Sasaki et al., 2021)
<i>Actinomyces oris</i> (T)	<i>Actinomyces</i>	0	0	0	0	0	0	0	117	0	0	0	0	0	0	střevní biom, endokarditida	(Phichaphop et al., 2020; Zhou et al., 2022)
bacterium IARFR1991	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	kultura obohacená o lidské výkaly v modifikovaném Wilkins-Chalgernově médiu s mucinem a kyselinou fytovou	bez publikace
<i>Bergeyella</i> sp. oral clone AK152	<i>Bergeyella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	vzorek orálních bakterií	(Wang et al., 2017)
<i>Campylobacter rectus</i>	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	5	0	<i>Wolinella recta</i> , patogen chronické periodontitidy	(Rams et al., 1993)
<i>Candidatus Peptoniphilus massiliensis</i>	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	stolice, čelist	(Anani e al., 2019)
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální komenzál, oportunní patogen	(Lawal a Baer, 2021)
<i>Capnocytophaga granulosa</i>	<i>Capnocytophaga</i>	0	1	0	0	38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	orální komenzál	(Ciantar et al., 2001)
<i>Capnocytophaga</i> sp. oral taxon 329	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	22	0	0	0	neklasifikované <i>Capnocytophaga</i> , ústní mikrobiom, potenciální patogen	(Parks et al., 2015)
<i>Capnocytophaga</i> sp. S12-14	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	0	orální, možný patogen (kultivovaný ze vzorku tkáně chirurgicky odebraného muži s karcinomem dutiny ústní)	bez publikace

PŘÍLOHY

<i>Clostridiaceae</i> bacterium mt10	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>Desnuesiella massiliensis</i> , izolováno z trávicí mikroflóry dítěte trpícího kwashiorkorem	(Hadjadj et al., 2016)
<i>Clostridiales</i> bacterium SIT11	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	0	36	0	0	0	0	0	26	0	0	0	0	0	orální komenzál člověk, prase	(Anani et al., 2019; Ryu et al., 2021)
<i>Desulfomicrobium orale</i>	<i>Desulfomicrobium</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	orální komenzál	(Langendijk et al., 2001)
<i>Dialister micraerophilus</i>	<i>Dialister</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Brugger et al., 2020; Sherret et al., 2020)
<i>Dialister propionicifaciens</i> (T)	<i>Dialister</i>	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0	0	0	0	0	0	0	výskyt s kvasinkovou infekcí	(Eastment et al., 2021)
<i>Eubacterium sulci</i> ATCC 35585	<i>Eubacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	0	bakterie zubního kompozitu	(Conrads et al., 2019)
<i>Fusobacterium nucleatum</i> subsp. null	<i>Fusobacterium</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	orální komenzál, vzácně oportunní patogen	(Brennan a Garrett, 2019)
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	258	0	0	0	0	0	0	0	1	vertebrální osteomyelitida, dutina ústní	(Henne et al., 2018; Li et al., 2021)
<i>Gemella haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	39	0	0	0	0	25	98	0	0	0	48	0	25	13	0	0	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Gemella sanguinis</i>	<i>Gemella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	orální komenzál, vzácně srdeční infekce	(Maraki et al., 2019)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	3	0	0	0	6	0	23	0	0	0	0	79	6	54	0	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i> T3T1	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	56	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Yao et al., 2021)
<i>Haemophilus</i> sp. HGH0297	<i>Haemophilus</i>	0	1	1	1	0	0	3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	kultivar z lidského mikrobiomu	bez publikace
<i>Haemophilus sputorum</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	225	0	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Nørskov-Lauritsen et al., 2012)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella</i>	0	0	0	0	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál úst, kůže a gastrointestinálního traktu, oportunní patogen	(Wyres et al., 2020)
<i>Lachnoanaerobaculum saburreum</i>	<i>Lachnoanaerobaculum</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	184	0	0	0	orální komenzál – součást zubního plaku	(Borisov a Valm, 2021)
<i>Lautropia mirabilis</i> (T)	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	177	0	0	0	0	0	0	0	0	peritonitida, gingivitida	(Lim et al., 2019; Tan et al., 2021)

PŘÍLOHY

<i>Leptotrichia</i> genomsp. C1	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	81	0	0	0	vzorek z ústní dutiny	bez publikace (Richards et al., 2017)
<i>Leptotrichia shahii</i>	<i>Leptotrichia</i>	0	0	1	404	9	0	1	0	0	1	0	0	0	1	orální kmenzál	(Erbe et al., 2004)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral clone IK040	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	104	0	0	0	0	orální kmenzál a kmenzál urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Erbe et al., 2004)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral taxon 212	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	64	0	0	v ústní dutině a některých dalších částech lidského těla, u zvířat a dokonce i v oceánských sedimentech	(Erbe a Olsen, 2017)
<i>Leptotrichia wadei</i>	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	orální kmenzál, oportunní patogen	(Erbe et al., 2004)
<i>Mycoplasma salivarium</i>	<i>Mycoplasma</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0	0	0	orální kmenzál, oportunní patogen	(Totten et al., 2021)
<i>Neisseria perflava</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	kmenzál orofarynxu, oportunní patogen	(Steinberg et al., 1976)
<i>Parvimonas micra</i>	<i>Parvimonas</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	kmenzál trávicího traktu (ústní dutina, gastrointestinálním traktem)	(Ryan a Shin, 2021)
<i>Peptococcus niger</i>	<i>Peptococcus</i>	0	0	0	0	22	0	0	14	0	0	0	0	0	0	kmenzál úst, horních cest dýchacích a tlustého střeva, pyelonefritida	(Wilkins et al 1975)
<i>Peptoniphilus</i> sp. EL1	<i>Peptoniphilus</i>	0	15	0	0	0	0	0	0	1	35	41	54	0	0	stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Peptoniphilus</i> sp. S362	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	<i>Peptoniphilus lacydonensis</i> , stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Porphyromonas</i> sp. 1aAG15-1_x3	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	149	0	0	0	0	sputum pacienta s cystickou fibrózou	bez publikace
<i>Porphyromonas</i> sp. oral clone BS077	<i>Porphyromonas</i>	0	0	1	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	lidský mikrobiom	(Guilloux et al., 2021)
<i>Prevotella denticola</i>	<i>Prevotella</i>	0	84	0	0	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	orální kmenzál, oportunní patogen	(Wu et al., 1992)
<i>Prevotella melaninogenica</i>	<i>Prevotella</i>	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	27	0	0	orální kmenzál, oportunní patogen	(Zheng et al., 2021)
<i>Prevotella oulorum</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	orální a gastrointestinální kmenzál, oportunní patogen	(Chu et al., 2021)
<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK053	<i>Prevotella</i>	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	vzorek izolován z dutiny ústní	bez publikace
<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	<i>Alloprevotella</i>	0	16	0	0	0	0	0	0	0	28	0	0	0	0	vzorek izolován z dutiny ústní	bez publikace
<i>Rothia dentocariosa</i> (T)	<i>Rothia</i>	0	0	0	0	0	68	0	103	24	2	2	42	67	9	kmenzál dýchacího traktu a ústního ústrojí, patogen sliznic	(Mougeot et al., 2020)
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	57	1	0	0	56	0	0	0	1	377	0	56	10	kmenzál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	69	1	256	0	262	1	0	0	763	0	231	1	3	kmenzál ústní dutiny a	(Soge et al.,

PŘÍLOHY

<i>Simonsiella muelleri</i>	<i>Simonsiella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	750	0	0	0	0	0	urogenitálního traktu, oportunní patogen	(2008)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	orální komenzál	(Carandina et al., 1984)
<i>Staphylococcus gallinarum</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Tannerella</i> sp. oral taxon 286	<i>Tannerella</i>	0	0	0	0	0	0	380	0	0	0	0	0	0	1	orální komenzál, oportunní patogen	(Kaur et al., 2019)
<i>Terrahaemophilus aromaticivorans</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	<i>Tannerella</i> sp. BU063, podílí se na onemocnění periodontu	(Beall et al., 2018)
<i>Veillonella dispar</i>	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Dirain et al., 2017)
<i>Veillonella parvula</i>	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	7	0	0	69	0	453	82	1	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Sato et al., 1998)
<i>Veillonella</i> sp. DNF00869	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	43	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen kostí a kloubů	(Gouze et al., 2019)
<i>Veillonella</i> sp. OK11	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	orální komenzál, ale i respirační infekce, periodontitida a další	(Reyman et al., 2021)
<i>Vitreoscilla</i> sp. SN6	<i>Vitreoscilla</i>	1	1	0	0	0	1	0	0	2	0	1	0	1	1	orální komenzál, oportunní patogen	(Aas et al., 2005)
																orální, půda, voda, potenciální patogen	(Mashima a Nakazawa, 2013)

Tab. 2 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_517	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Dermaococcus nishinomiyaensis</i>	<i>Dermaococcus</i>	0	0	1	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	3	bakteriémie	(Joron et al., 2019)
<i>Haematobacter massiliensis</i>	<i>Haematobacter</i>	0	0	0	0	0	0	193	0	1	0	1	0	0	1	kožní komenzál	(Lim et al., 2019)

PŘÍLOHY

<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella</i>	0	0	0	0	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál úst, kůže a gastrointestinálního traktu, oportunní patogen	(Wyres et al., 2020)
<i>Kytococcus schroeteri</i>	<i>Kytococcus</i>	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	kožní komenzál, patogen u imunosuprimovaných hostitelů	(Bagelman a Zvigule-Neidere, 2021)
<i>Parachlamydia acanthamoebae</i> UV-7	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	0	0	0	0	59	0	0	0	0	0	0	0	patogen pneumonie	(Greub, 2009)
<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	217	2	0	0	0	1	0	komenzál kůže a horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Tong et al., 2015)
<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Shiroma et al., 2015)
<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i> T0131	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1584	0	0	0	0	0	0	komenzál kůže a horních cest dýchacích, oportunní patogen	bez publikace
<i>Staphylococcus auricularis</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	1	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Natsis a Cohen, 2018)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<i>Staphylococcus</i>	9000	3969	2112	1	111	5382	4542	4	0	5632	1818	8072	1	211	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Staphylococcus epidermidis</i> PM221	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	245	0	0	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Vuong a Otto, 2002)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Eltwisy et al., 2020)
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	komenzál kůže hospodářských zvířat, v mléce a sýrech, oportunní patogen i u člověka	(Huebner et al., 2020)
<i>Staphylococcus saccharolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	komenzál kůže, endokarditidy, infekce krve při transfuzích	(Ahle et al., 2020)
<i>Staphylococcus saprophyticus</i> subsp. <i>null</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	koenzál kůže, oportunní patogen	(Natsis a Cohen, 2018)
<i>Staphylococcus xylosus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	kožní komenzál, oportunní patogen, vejce, mléčné produkty, enviromentální vzorky	(Schleifer a Kloos, 1975)

Tab. 3 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Semomnice zub1	Semomnice zub 62	Semomnice kost kráva 65	Semomnice zub 107-1	Semomnice zub 107-3	Semomnice zub 108-3	Semomnice hlína 234	Semomnice hlína 322	Semomnice zub 407	Semomnice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Actinomyces oris</i> (T)	<i>Actinomyces</i>	0	0	0	0	0	0	0	117	0	0	0	0	0	0	střevní biom, endokarditida	(Phichaphop et al., 2020; Zhou et al., 2022)
bacterium enrichment culture clone PKS4	<i>Christensenella</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	střevní biom	(Goodrich et al., 2014)
bacterium IARFR1991	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	kultura obohacená o lidské výkaly v modifikovaném Wilkins-Chalgernově médiu s mucinem a kyselinou fytoovou	bez publikace
<i>Candidatus Peptoniphilus massiliensis</i>	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Clostridiaceae bacterium mt10</i>	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	63	0	0	0	<i>Desnuesiella massiliensis</i> , izolováno z trávicí mikroflóry dítěte trpícího kwashiorkorem	(Hadjadj et al., 2016)
<i>Clostridium celatum</i>	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	0	0	339	0	0	0	0	0	0	0	147	0	0	biom střev, oportunní patogen	(Agergaard et al., 2016)
<i>Enterococcus cecorum</i>	<i>Enterococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	komenzál střev člověka i zvířat, oportunní patogen	(Grund et al., 2021)
<i>Escherichia coli</i>	<i>Escherichia/Shigella</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	střevní biom	(Jang et al., 2017)
<i>Gemella morbillorum</i>	<i>Gemella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	181	0	0	0	0	komenzál hltanu, oportunní patogen	(Ural et al., 2014)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	3	0	0	0	6	0	23	0	0	0	79	6	54	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella</i>	0	0	0	0	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál úst, kůže a gastrointestinálního traktu, oportunní patogen	(Wyres et al., 2020)

PŘÍLOHY

<i>Lachnospiraceae</i> bacterium oral taxon F15	<i>Clostridium</i> XIVa	0	0	0	0	19	0	0	0	0	0	120	0	0	0	střevní biom	(Newton et al., 2011)
<i>Oscillibacter</i> sp. G2	<i>Oscillibacter</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	střevní biom	(Ahmad et al., 2020)
<i>Parabacteroides</i> <i>distasonis</i> ATCC 8503	<i>Parabacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	37	0	0	0	0	biom střev	(Bank et al., 2022)
<i>Parvimonas</i> <i>micra</i>	<i>Parvimonas</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komezál trávicího traktu (ústní dutina, gastrointestinálním trakt)	(Ryan a Shin, 2021)
<i>Peptococcus</i> <i>niger</i>	<i>Peptococcus</i>	0	0	0	0	22	0	0	14	0	0	0	0	0	0	komezál úst, horních cest dýchacích a tlustého střeva, pyelonefritida	(Wilkins et al 1975)
<i>Peptoniphilus</i> sp. EL1	<i>Peptoniphilus</i>	0	15	0	0	0	0	0	0	1	35	41	54	0	0	stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Peptoniphilus</i> sp. S362	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	<i>Peptoniphilus lacydonensis</i> , stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Prevotella</i> <i>disiens</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	0	0	7	1	0	1034	0	0	1	biom střev, oportunní patogen	bez publikace
<i>Prevotella</i> <i>oulorum</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	orální a gastrointestinální komezál, oportunní patogen	(Chu et al., 2021)
<i>Prevotella</i> <i>timonensis</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	28	1033	0	0	0	komezál střev, infekce urogenitálního traktu	(Petrina et al., 2017)
<i>Rothia</i> <i>mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	57	1	0	0	56	0	0	0	1	449995 3	0	56	10	komezál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Ruminococcacea</i> <i>e</i> bacterium mt9	<i>Clostridium</i> IV	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	biom střev a mozku	(Prochazkova et al., 2021)
<i>Streptobacillus</i> <i>hongkongensis</i>	<i>Streptobacillus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	147	0	0	0	0	komezál hltanu, oportunní patogen	(Lau et al., 2016)

Tab. 4 Četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií respiračního traktu.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Dialister micraerophilus</i>	<i>Dialister</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Brugger et al., 2020; Sherret et al., 2020)
<i>Gemella haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	39	0	0	0	0	25	98	0	0	0	48	0	25	13	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Haemophilus parahaemolyticus</i>	<i>Haemophilus</i>	102	0	0	0	0	6	0	0	0	96	15	0	0	0	komenzál nosohltanu, oportunní patogen	(Le Floch et al., 2013)
<i>Chlamydiales bacterium NS16</i>	<i>Simkania</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	ve vzorku z nosní dutiny	(Corsaro a Venditti, 2015)
<i>Moraxella catarrhalis</i>	<i>Moraxella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	175	3	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Verghese a Berk, 1991)
<i>Neisseria perflava</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	komenzál orofarynxu, oportunní patogen	(Steinberg et al., 1976)
<i>Neisseria sp. 1078a</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	19	výtěry z krku	(Christodoulides et al., 2021)
<i>Neisseria sp. HMSC06F02</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	1	0	8	0	0	respirační trakt	bez publikace
<i>Peptococcus niger</i>	<i>Peptococcus</i>	0	0	0	0	22	0	0	14	0	0	0	0	0	0	komenzál úst, horních cest dýchacích a tlustého střeva, pyelonefritida	(Wilkins et al 1975)
<i>Rothia dentocariosa (T)</i>	<i>Rothia</i>	0	0	0	0	0	68	0	103	24	2	2	42	67	9	komenzál dýchacího traktu a ústního ústrojí, patogen sliznic	(Mougeot et al., 2020)
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	57	1	0	0	56	0	0	0	1	377	0	56	10	komenzál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	217	2	0	0	0	1	komenzál kůže a horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Tong et al., 2015)



PŘÍLOHY

<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i> T0131	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1584	0	0	0	0	0	komenzál kůže a horních cest dýchacích, oportunní patogen	bez publikace
---	-----------------------	---	---	---	---	---	---	---	---	---	------	---	---	---	---	---	---	---------------

Tab. 5 Četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského těla.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Alloiococcus otitis</i>	<i>Alloiococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	162	0	0	1	0	komenzál středního uch, možný patogen	(Tano et al., 2008)
<i>Campylobacter hominis</i> ATCC BAA-381	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	0	36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	izolované z výkalů zdravého člověka	bez publikace
<i>Dolosigranulum pigrum</i>	<i>Dolosigranulum</i>	0	54	2	0	0	155	0	0	1	295	2	331	155	0	lidský komenzál	(Brugger et al., 2020)
<i>Haemophilus</i> sp. HGH0297	<i>Haemophilus</i>	0	1	1	1	0	0	3	0	0	0	1	0	0	0	kultivar z lidského mikrobiomu	bez publikace
<i>Chryseobacterium anthropi</i>	<i>Chryseobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	0	0	tělní tekutiny, infekce	(Kämpfer et al., 2009)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral clone IK040	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	104	0	0	0	0	orální komenzálové a komenzálové urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Eribe et al., 2004)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral taxon 212	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	64	0	0	v ústní dutině a některých dalších částech lidského těla, u zvířat a dokonce i v oceánských sedimentech	(Eribe a Olsen, 2017)
<i>Neisseria subflava</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	0	0	0	0	122	0	3	0	0	0	1	endoftalmitida, endokarditida	(Stricker et al., 1982)
<i>Porphyromonadaceae</i> bacterium KA00676	<i>Porphyromonas</i>	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	vaginální vzorek, Washington University, Genome Sequencing Center	bez publikace
<i>Ruminococcaceae</i> bacterium mt9	<i>Clostridium</i> IV	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	biom střev a mozku	(Prochazkova et al., 2021)

PŘÍLOHY

<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	69	1	256	0	262	1	0	0	763	0	231	1	3	komenzál ústní dutiny a urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Soge et al., 2008)
<i>Staphylococcaceae</i> bacterium NML 94-0203	<i>Nosocomiicoccus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	získán z krevního vzorku	(Madhaiyan et al., 2020)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus hominis</i> subsp. <i>Null</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	tělní tekutiny, možná infekce	(Kloos et al., 1998)
<i>Staphylococcus nepalensis</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	1	0	úsytní dutiny savců, netopíří guano, lidská moč, pravděpodobně nepatogenní	(Nováková et al., 2006)
<i>Turicella otitidis</i> (T)	<i>Turicella</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	172	0	0	0	0	<i>Corynebacterium otitidis</i> , <i>Corynebacterium auris</i> , komenzál středního ucha, oportunní patogen	(Graevenitz a Funke 2013)
<i>Veillonella criceti</i>	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	orální komenzál savců; člověk urogenitální trakt	(Marchandin et al., 2005)

Tab. 6 Hostivice – četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Abiotrophia defectiva</i>	<i>Abiotrophia</i>	0	5	1	0	endokarditida	(Sasaki et al., 2021)
<i>Candidatus Peptoniphilus massiliensis</i>	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	1	stolice, čelist	(Anani e al., 2019)
<i>Capnocytophaga granulosa</i>	<i>Capnocytophaga</i>	0	1	0	0	orální komenzál	(Ciantar et al., 2001)
<i>Desulfomicrobium orale</i>	<i>Desulfomicrobium</i>	0	0	1	0	orální komenzál	(Langendijk et al., 2001)
<i>Fusobacterium nucleatum</i> subsp. <i>null</i>	<i>Fusobacterium</i>	0	0	1	0	orální komenzál, vzácně oportunní patogen	(Brennan a Garrett, 2019)
<i>Gemella haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	39	0	0	0	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	3	0	0	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)

<i>Lachnoanaerobaculum saburreum</i>	<i>Lachnoanaerobaculum</i>	0	0	0	1	orální komenzál – součást zubního plaku	(Borisy a Valm, 2021)
<i>Leptotrichia shahii</i>	<i>Leptotrichia</i>	0	0	1	404	orální komenzál	(Richards et al., 2017)
<i>Parvimonas micra</i>	<i>Parvimonas</i>	0	0	1	0	komenzál trávicího traktu (ústní dutina, gastrointestinálním trakt)	(Ryan a Shin, 2021)
<i>Peptoniphilus</i> sp. EL1	<i>Peptoniphilus</i>	0	15	0	0	stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Porphyromonas</i> sp. oral clone BS077	<i>Porphyromonas</i>	0	0	1	0	lidský mikrobiom	(Guilloux et al., 2021)
<i>Prevotella denticola</i>	<i>Prevotella</i>	0	84	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Wu et al., 1992)
<i>Prevotella melaninogenica</i>	<i>Prevotella</i>	0	23	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Zheng et al., 2021)
<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK053	<i>Prevotella</i>	0	11	0	0	vzorek izolován z dutiny ústní	bez publikace
<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	<i>Alloprevotella</i>	0	16	0	0	vzorek izolován z dutiny ústní	bez publikace
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	57	1	0	komenzál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	69	1	256	komenzál ústní dutiny a urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Soge et al., 2008)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Vitreoscilla</i> sp. SN6	<i>Vitreoscilla</i>	1	1	0	0	orální, půda, voda, potenciální patogen	(Mashima a Nakazawa, 2013)

Tab. 7 Hostivice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Dermacoccus nishinomiyensis</i>	<i>Dermacoccus</i>	0	0	1	0	<i>Micrococcus nishinomiyensis</i> , kožní komenzál, bakteriémie	(Joron et al., 2019)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	1	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<i>Staphylococcus</i>	9000	3969	21122	1	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	1	0	1	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Eltwisy et al., 2020)

Tab. 8 Hostivice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>bacterium</i> enrichment culture clone PKS4	<i>Christensenella</i>	0	1	0	0	střevní biom	(Goodrich et al., 2014)
<i>Candidatus Peptoniphilus massiliensis</i>	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	1	stolice, čelist	(Anani e al., 2019)
<i>Clostridium celatum</i>	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	0	0	339	biom střev, oportunní patogen	(Agergaard et al., 2016)
<i>Escherichia coli</i>	<i>Escherichia/Shigella</i>	0	0	1	0	střevní biom	(Jang et al., 2017)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	3	0	0	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)
<i>Oscillibacter</i> sp. G2	<i>Oscillibacter</i>	0	0	1	0	střevní biom	(Ahmad et al., 2020)
<i>Parvimonas micra</i>	<i>Parvimonas</i>	0	0	1	0	komenzál trávicího traktu – ústní dutina, gastrointestinálním trakt	(Ryan a Shin, 2021)
<i>Peptoniphilus</i> sp. EL1	<i>Peptoniphilus</i>	0	15	0	0	stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	57	1	0	komenzál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)

Tab. 9 Hostivice – četnost OTU sekvencí zbylých komenzálních bakterií lidského těla.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Dolosigranulum pigrum</i>	<i>Dolosigranulum</i>	0	54	2	0	lidský komenzál	(Brugger et al., 2020)
<i>Gemella haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	39	0	0	0	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Haemophilus parahaemolyticus</i>	<i>Haemophilus</i>	102	0	0	0	komenzál nosohltanu, oportunní patogen	(Le Floch et al., 2013)

<i>Haemophilus</i> sp. HGH0297	<i>Haemophilus</i>	0	1	1	1	kultivar z lidského mikrobiomu	bez publikace
<i>Neisseria</i> sp. 1078a	<i>Neisseria</i>	0	0	1	0	výtěry z krku	(Christodoulides et al., 2021)
<i>Porphyromonadaceae</i> bacterium KA00676	<i>Porphyromonas</i>	11	0	0	0	vaginální vzorek, Washington University, Genome Sequencing Center	bez publikace
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	57	1	0	komenzál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	69	1	256	komenzál ústní dutiny a urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Soge et al., 2008)
<i>Staphylococcaceae</i> bacterium NML 94-0203	<i>Nosocomiicoccus</i>	0	0	1	0	získán z krevního vzorku	(Madhaiyan et al., 2020)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	1	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)

Tab. 10 Semonice – četnost OTU sekvencí orálních komenzálních bakterií.

Druh	Rod	Semonice zub 1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Abiotrophia defectiva</i>	<i>Abiotrophia</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	endokarditida	(Sasaki et al., 2021)
<i>Actinomyces oris</i> (T)	<i>Actinomyces</i>	0	0	0	117	0	0	0	0	0	0	střevní biom, endokarditida	(Phichaphop et al., 2020; Zhou et al., 2022)
<i>Bergeyella</i> sp. oral clone AK152	<i>Bergeyella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	vzorek orálních bakterií	(Wang et al., 2017)
<i>Campylobacter rectus</i>	<i>Campylobacter</i>	0	5	0	0	0	0	0	0	5	0	<i>Wolinella recta</i> , patogen chronické periodontitidy	(Rams et al., 1993)
<i>Candidatus Peptoniphilus massiliensis</i>	<i>Peptoniphilus</i>	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	stolice, čelist	(Anani e al., 2019)
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální komenzál, oportunní patogen	(Lawal a Baer, 2021)
<i>Capnocytophaga granulosa</i>	<i>Capnocytophaga</i>	38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	orální komenzál	(Ciantar et al., 2001)
<i>Capnocytophaga</i> sp. oral taxon 329	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	15	22	0	0	0	neklasifikované <i>Capnocytophaga</i> , ústní mikrobiom, potenciální patogen	(Parks et al., 2015)

PŘÍLOHY

<i>Capnocytophaga</i> sp. S12-14	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	15	0	0	0	0	orální, možný patogen (kultivovaný ze vzorku tkáně chirurgicky odebraného 65letému muži se spinocelulárním karcinomem dutiny ústní)	bez publikace
<i>Clostridiaceae</i> bacterium mt10	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	0	0	0	0	0	63	0	0	0	<i>Desnuesiella massiliensis</i> , izolovano z trávící mikroflóry dítěte trpícího kwashiorkorem	(Hadjadj et al., 2016)
<i>Clostridiales</i> bacterium SIT11	<i>Peptoniphilus</i>	36	0	0	0	0	26	0	0	0	0	orální komenzál člověk, prase	(Anani et al., 2019; Ryu et al., 2021)
<i>Dialister microaerophilus</i>	<i>Dialister</i>	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Brugger et al., 2020; Sherret et al., 2020)
<i>Dialister propionificiens</i> (T)	<i>Dialister</i>	0	0	0	22	0	0	0	0	0	0	výskyt s kvasinkovou infekcí	(Eastment et al., 2021)
<i>Eubacterium sulci</i> ATCC 35585	<i>Eubacterium</i>	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	bakterie zubního kompozitu	(Conrads et al., 2019)
<i>Fusobacterium nucleatum</i> subsp. null	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	orální komenzál, vzácně oportunní patogen	(Brennan a Garrett, 2019)
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	258	0	0	0	0	0	1	vertebrální osteomyelitida, dutina ústní	(Henne et al., 2018; Li et al., 2021)
<i>Gemella haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	0	25	98	0	0	0	48	0	25	13	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Gemella sanguinis</i>	<i>Gemella</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	orální komenzál, vzácně srdeční infekce	(Maraki et al., 2019)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	6	0	23	0	0	0	79	6	54	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i> T3T1	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	56	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Yao et al., 2021)
<i>Haemophilus sputorum</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	225	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Nørskov-Lauritsen et al., 2012)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella</i>	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál úst, kůže a gastrointestinálního traktu, oportunní patogen	(Wyres et al., 2020)
<i>Lachnoanaerobaculum saburreum</i>	<i>Lachnoanaerobaculum</i>	0	0	0	0	0	0	0	184	0	0	orální komenzál – součást zubního plaku	(Borisy a Valm, 2021)
<i>Lautropia mirabilis</i> (T)	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	177	0	0	0	0	0	0	peritonitida, gingivitida	(Lim et al., 2019; Tan et al., 2021)
<i>Leptotrichia</i> genomosp. C1	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	81	0	0	0	vzorek z ústní dutiny	bez publikace
<i>Leptotrichia shahii</i>	<i>Leptotrichia</i>	9	0	1	0	0	1	0	0	0	1	orální komenzál	(Richards et al., 2017)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral clone IK040	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	104	0	0	0	0	orální komenzálové a komenzálové urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Eribe et al., 2004)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral taxon 212	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	64	0	0	v ústní dutině a některých dalších částech lidského těla, u zvířat a dokonce i v oceánských sedimentech	(Eribe a Olsen, 2017)
<i>Leptotrichia wadei</i>	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Eribe et al., 2004)
<i>Mycoplasma salivarium</i>	<i>Mycoplasma</i>	0	0	0	0	0	22	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Totten et al., 2021)

PŘÍLOHY

<i>Neisseria perflava</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	komezál orofarynxu, oportunní patogen	(Steinberg et al., 1976)
<i>Peptococcus niger</i>	<i>Peptococcus</i>	22	0	0	14	0	0	0	0	0	0	komezál úst, horních cest dýchacích a tlustého střeva, pyelonefritida	(Wilkins et al 1975)
<i>Peptoniphilus</i> sp. EL1	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	0	1	35	41	54	0	0	stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Peptoniphilus</i> sp. S362	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	<i>Peptoniphilus lacydonensis</i> , stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Porphyromonas</i> sp. 1aAG15-1_x3	<i>Porphyromonas</i>	0	0	0	0	0	149	0	0	0	0	sputum pacienta s cystickou fibrózou	bez publikace
<i>Prevotella denticola</i>	<i>Prevotella</i>	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	orální komezál, oportunní patogen	(Wu et al., 1992)
<i>Prevotella melaninogenica</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	0	0	27	0	0	orální komezál, oportunní patogen	(Zheng et al., 2021)
<i>Prevotella oulorum</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	orální a gastrointestinální komezál, oportunní patogen	(Chu et al., 2021)
<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	<i>Alloprevotella</i>	0	0	0	0	0	28	0	0	0	0	vzorek izolován z dutiny ústní	bez publikace
<i>Rothia dentocariosa</i> (T)	<i>Rothia</i>	0	68	0	103	24	2	2	42	67	9	komezál dýchacího traktu a ústního ústrojí, patogen sliznic	(Mougeot et al., 2020)
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	56	0	0	0	1	377	0	56	10	komezál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	262	1	0	0	763	0	231	1	3	komezál ústní dutiny a urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Soge et al., 2008)
<i>Simonsiella muelleri</i>	<i>Simonsiella</i>	0	0	0	0	750	0	0	0	0	0	orální komezál	(Carandina et al., 1984)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	komezál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus gallinarum</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	orální komezál, oportunní patogen	(Kaur et al., 2019)
<i>Tannerella</i> sp. oral taxon 286	<i>Tannerella</i>	0	0	380	0	0	0	0	0	0	1	<i>Tannerella</i> sp. BU063, podílí se na onemocnění parodontu	(Beall et al., 2018)
<i>Terrahaemophilus aromaticivorans</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální komezál, oportunní patogen	(Dirain et al., 2017)
<i>Veillonella dispar</i>	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	orální komezál, oportunní patogen	(Sato et al., 1998)
<i>Veillonella parvula</i>	<i>Veillonella</i>	7	0	0	69	0	453	82	1	0	0	orální komezál, oportunní patogen kostí a kloubů	(Gouze et al., 2019)
<i>Veillonella</i> sp. DNF00869	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	1	43	0	0	0	orální komezál, ale i respirační infekce, periodontitida a další	(Reyman et al., 2021)
<i>Veillonella</i> sp. OK11	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	orální komezál, oportunní patogen	(Aas et al., 2005)
<i>Vitreoscilla</i> sp. SN6	<i>Vitreoscilla</i>	0	1	0	0	2	0	1	0	1	1	orální, půda, voda, potenciální patogen	(Mashima a Nakazawa, 2013)

Tab. 11 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií kůže.

Druh	Rod	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Dermacoccus nishinomiyaensis</i>	<i>Dermacoccus</i>	0	0	0	8	0	0	0	0	0	3	<i>Micrococcus nishinomiyaensis</i> , kožní komenzál, bakteriémie	(Joron et al., 2019)
<i>Haematobacter massiliensis</i>	<i>Haematobacter</i>	0	0	193	0	1	0	1	0	0	1	kožní komenzál	(Lim et al., 2019)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella</i>	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál úst, kůže a gastrointestinálního traktu, oportunní patogen	(Wyres et al., 2020)
<i>Kytococcus schroeteri</i>	<i>Kytococcus</i>	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	kožní komenzál, patogen u imunosuprimovaných hostitelů	(Bagelman a Zvigule-Neidere, 2021)
<i>Parachlamydia acanthamoebae UV-7</i>	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	59	0	0	0	0	0	0	patogen pneumonie	(Greub, 2009)
<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	217	2	0	0	0	1	komenzál kůže a horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Tong et al., 2015)
<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	2	0	0	1	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Shiroma et al., 2015)
<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i> T0131	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	1584	0	0	0	0	0	komenzál kůže a horních cest dýchacích, oportunní patogen	bez publikace
<i>Staphylococcus auricularis</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	2	0	2	1	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Natsis a Cohen, 2018)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<i>Staphylococcus</i>	1119	53820	4542	4	0	56323	18183	8072	1	211	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Staphylococcus epidermidis</i> PM221	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	245	0	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Vuong a Otto, 2002)
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	komenzál kůže hospodářských zvířat, v mléce a sýrech, oportunní patogen i u člověka	(Huebner et al., 2020)
<i>Staphylococcus saccharolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	komenzál kůže, endokarditidy, infekce krve při transfuzích	(Ahle et al., 2020)



<i>Staphylococcus saprophyticus</i> subsp. null	<i>Staphylococcus null</i>	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	komenzál kůže, oportunní patogen	(Natsis a Cohen, 2018)
<i>Staphylococcus xylosus</i>	<i>Staphylococcus xylosus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	kožní komenzál, oportunní patogen, vejce, mléčné produkty, enviromentální vzorky	(Schleifer a Kloos, 1975)

Tab. 12 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií gastrointestinálního traktu.

Druh	Rod	Semonice zub 1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Actinomyces oris</i> (T)	<i>Actinomyces</i>	0	0	0	117	0	0	0	0	0	0	střevní biom, endokarditida	(Phichaphop et al., 2020; Zhou et al., 2022)
bacterium IARFR1991	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	kultura obohacená o lidské výkaly v modifikovaném Wilkins-Chalgermově médiu s mucinem a kyselinou fytoovou	bez publikace
<i>Bacteroides</i> sp. CR-46	<i>Parabacteroides</i>	0	0	0	0	0	0	54	0	0	0	slepé střevo myši (chovatel Charles River) Japonsko	(Momose et al., 2011)
<i>Candidatus Peptoniphilus massiliensis</i>	<i>Peptoniphilus</i>	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	stolice, čelist	(Anani e al., 2019)
<i>Clostridiaceae</i> bacterium mt10	<i>Clostridium</i> sensu stricto	0	0	0	0	0	0	63	0	0	0	<i>Desnuesiella massiliensis</i> , izolováno z trávicí mikroflóry dítěte trpícího kwashiorkorem	(Hadjadj et al., 2016)
<i>Clostridium celatum</i>	<i>Clostridium</i> sensu stricto	0	0	0	0	0	0	0	147	0	0	biom střev, oportunní patogen	(Agergaard et al., 2016)
<i>Enterococcus cecorum</i>	<i>Enterococcus</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	komenzál střev člověka i zvířat, oportunní patogen	(Grund et al., 2021)
<i>Gemella morbillorum</i>	<i>Gemella</i>	0	0	0	0	0	181	0	0	0	0	komenzál hltanu, oportunní patogen	(Ural et al., 2014)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	6	0	23	0	0	0	79	6	54	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella</i>	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál úst, kůže a gastrointestinálního traktu, oportunní patogen	(Wyres et al., 2020)

<i>Lachnospiraceae</i> bacterium oral taxon F15	<i>Clostridium XIVa</i>	19	0	0	0	0	0	120	0	0	0	střevní biom	(Newton et al., 2011)
<i>Parabacteroides</i> <i>distasonis</i> ATCC 8503	<i>Parabacteroides</i>	0	0	0	0	0	37	0	0	0	0	biom střev	(Bank et al., 2022)
<i>Peptococcus niger</i>	<i>Peptococcus</i>	22	0	0	14	0	0	0	0	0	0	komenzál úst, horních cest dýchacích a tlustého střeva, pyelonefritida	(Wilkins et al 1975)
<i>Peptoniphilus</i> sp. EL1	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	0	1	35	41	54	0	0	stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Peptoniphilus</i> sp. S362	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	<i>Peptoniphilus lacydonensis</i> , stolice, čelist	(Anani et al., 2019)
<i>Prevotella disiens</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	7	1	0	1034	0	0	1	biom střev, oportunní patogen	bez publikace
<i>Prevotella oulorum</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	orální a gastrointestinální komenzál, oportunní patogen	(Chu et al., 2021)
<i>Prevotella</i> <i>timonensis</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	28	1033	0	0	0	komenzál střev, infekce urogenitálního traktu	(Petrina et al., 2017)
<i>Rothia</i> <i>mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	56	0	0	0	1	377	0	56	10	komenzál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Ruminococcaceae</i> bacterium mt9	<i>Clostridium IV</i>	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	biom střev a mozku	(Prochazkova et al., 2021)
<i>Streptobacillus</i> <i>hongkongensis</i>	<i>Streptobacillus</i>	0	0	0	0	0	147	0	0	0	0	komenzál hltanu, oportunní patogen	(Lau et al., 2016)

Tab. 13 Semonice – četnost OTU sekvencí komenzálních bakterií respiračního traktu.

Druh	Rod	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Dialister</i> <i>micraerophilus</i>	<i>Dialister</i>	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Brugger et al., 2020; Sherret et al., 2020)
<i>Gemella</i> <i>haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	0	25	98	0	0	0	48	0	25	13	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Haemophilus</i> <i>parahaemolyticus</i>	<i>Haemophilus</i>	0	6	0	0	0	96	15	0	0	0	komenzál nosohltanu, oportunní patogen	(Le Floch et al., 2013)

<i>Chlamydiales</i> bacterium NS16	<i>Simkania</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	ve vzorku z nosní dutiny	(Corsaro a Venditti, 2015)
<i>Moraxella</i> <i>catarrhalis</i>	<i>Moraxella</i>	0	0	0	0	0	175	3	0	0	0	komezál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Verghese a Berk, 1991)
<i>Neisseria perflava</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	komezál orofarynxu, oportunní patogen	(Steinberg et al., 1976)
<i>Neisseria</i> sp. 1078a	<i>Neisseria</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	19	výtěry z krku	(Christodoulides et al., 2021)
<i>Neisseria</i> sp. HMSC06F02	<i>Neisseria</i>	0	0	0	3	0	1	0	8	0	0	respirační trakt	bez publikace
<i>Peptococcus niger</i>	<i>Peptococcus</i>	22	0	0	14	0	0	0	0	0	0	komezál úst, horních cest dýchacích a tlustého střeva, pyelonefritida	(Wilkins et al 1975)
<i>Rothia dentocariosa</i> (T)	<i>Rothia</i>	0	68	0	103	24	2	2	42	67	9	komezál dýchacího traktu a ústního ústrojí, patogen sliznic	(Mougeot et al., 2020)
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	56	0	0	0	1	377	0	56	10	komezál hltanu, infekce dýchacích cest, meningitidy	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	217	2	0	0	0	1	komezál kůže a horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Tong et al., 2015)
<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i> T0131	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	1584	0	0	0	0	0	komezál kůže a horních cest dýchacích, oportunní patogen	bez publikace

Tab. 14 Semonice – četnost OTU sekvencí zbylých komezálních bakterií lidského těla.

Druh	Rod	Semonice zub 1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Alloiococcus otitis</i>	<i>Alloiococcus</i>	0	0	0	0	0	162	0	0	1	0	komezál středního uch, možný patogen	(Tano et al., 2008)
<i>Campylobacter hominis</i> ATCC BAA-381	<i>Campylobacter</i>	36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	izolované z výkalů zdravého člověka	bez publikace
<i>Dolosigranulum pigrum</i>	<i>Dolosigranulum</i>	0	155	0	0	1	295	2	331	155	0	lidský komezál	(Brugger et al., 2020)
<i>Chryseobacterium anthropi</i>	<i>Chryseobacterium</i>	0	0	0	45	0	0	0	0	0	0	tělní tekutiny, infekce	(Kämpfer et al., 2009)

PŘÍLOHY

<i>Leptotrichia</i> sp. oral clone IK040	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	104	0	0	0	0	orální komenzálové a komenzálové urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Eribe et al., 2004)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral taxon 212	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	64	0	0	v ústní dutině a některých dalších částech lidského těla, u zvířat a dokonce i v oceánských sedimentech	(Eribe a Olsen, 2017)
<i>Neisseria subflava</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	122	0	3	0	0	0	1	endoftalmitida, endokarditida	(Stricker et al., 1982)
<i>Ruminococcaceae</i> bacterium mt9	<i>Clostridium</i> IV	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	biom střev a mozku	(Prochazkova et al., 2021)
<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	262	1	0	0	763	0	231	1	3	komenzál ústní dutiny a urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Soge et al., 2008)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus hominis</i> subsp. Null	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	tělní tekutiny, možná infekce	(Kloos et al., 1998)
<i>Staphylococcus nepalensis</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	4	0	0	0	0	0	1	0	ústní dutiny savců, netopýří guano, lidská moč, pravděpodobně nepatogenní	(Nováková et al., 2006)
<i>Turicella otitidis</i> (T)	<i>Turicella</i>	0	0	1	0	0	172	0	0	0	0	<i>Corynebacterium otitidis</i> , <i>Corynebacterium auris</i> , komenzál středního uch, oportunní patogen	(Graevenitz a Funke 2013)
<i>Veillonella criceti</i>	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	orální komenzál savců; člověk urogenitální trakt	(Marchandin et al., 2005)

Tab. 15 Četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Actinomyces oris</i> (T)	<i>Actinomyces</i>	0	0	0	0	0	0	0	117	0	0	0	0	0	0	endokarditida, střevo	(Phichaphop et al., 2020; Zhou et al., 2022)
bacterium EJ10-44	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
bacterium N46	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Bergeyella</i> sp. oral clone AK152	<i>Bergeyella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	vzorek orálních bakterií	(Wang et al., 2017)
<i>Campylobacter rectus</i>	<i>Campylobacter</i>	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	5	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Zhu et al., 2021)
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální flóra a mohou hrát roli v paradentóze	(Lawal a Baer, 2021)
<i>Capnocytophaga</i> sp. oral taxon 329	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	22	0	0	0	neklasifikované <i>Capnocytophaga</i> , ústní mikrobiom, potenciální patogen	(Parks et al., 2015)
<i>Capnocytophaga</i> sp. S12-14	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	0	orální, možný patogen (kultivovaný ze vzorku tkáně chirurgicky odebraného 65letému muži s spinocelulárním karcinomem dutiny ústní)	bez publikace
<i>Clostridium celatum</i>	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	1	1	339	0	0	0	0	0	0	0	147	0	0	izolován z lidských výkalů, možnost infekce	(Agergaard et al., 2016)
<i>Dermabacter hominis</i>	<i>Dermabacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	76	0	0	0	0	0	0	cerebrální absces, lidská kůže	(Bavbek et al., 1998; Valero-Guillén et al., 2016)
<i>Dialister micraerophilus</i>	<i>Dialister</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Brugger et al., 2020; Sherret et al., 2020)
<i>Dolosigranulum pigrum</i>	<i>Dolosigranulum</i>	0	0	0	0	0	155	0	0	0	295	0	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Brugger et al., 2020)

PŘÍLOHY

<i>Enterococcus cecorum</i>	<i>Enterococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	komenzál střev člověka i zvířat, oportunní patogen	(Grund et al., 2021)
<i>Fusobacterium nucleatum</i> subsp. null	<i>Fusobacterium</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	orální vzácně oportunní infekce	(Brennan a Garrett, 2019)
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	258	0	0	0	0	0	0	0	1	vertebrální osteomyelitida, dutina ústní	(Henne et al., 2018; Li et al., 2021)
<i>Gemella haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	39	0	0	0	0	25	98	0	0	0	48	0	25	13	0	0	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Gemella morbillorum</i>	<i>Gemella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	181	0	0	0	0	0	0	komenzál hltanu, oportunní patogen	(Ural et al., 2014)
<i>Gemella sanguinis</i>	<i>Gemella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	orální vzácně infekce srdce	(Maraki et al., 2019)
<i>Haemophilus influenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, infekce doprovázející chřipková onemocnění	(Duell et al., 2016)
<i>Haemophilus parahaemolyticus</i>	<i>Haemophilus</i>	102	0	0	0	0	6	0	0	0	96	15	0	0	0	0	0	komenzál nosohltanu, oportunní patogen	(Le Floch et al., 2013)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	3	0	0	0	0	0	23	0	0	56	79	6	54	0	0	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)
<i>Haemophilus</i> sp. HGH0297	<i>Haemophilus</i>	0	1	1	1	0	0	3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	kultivar z lidského mikrobiomu	bez publikace
<i>Haemophilus sputorum</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	225	0	0	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Nørskov-Lauritsen et al., 2012)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella</i>	0	0	0	0	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	v normální flóře úst, kůže a střev, [7] může způsobit destruktivní změny v lidských a zvířecích plicích	(Wyres et al., 2020)
<i>Kytococcus schroeteri</i>	<i>Kytococcus</i>	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen – endokarditidy	(Bagelman a Zvigule-Neidere, 2021)
<i>Leptotrichia hofstadii</i> (T)	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	orální komenzál	(Richards et al., 2017)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral clone IK040	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	104	0	0	0	0	0	0	orální komenzál a komenzál urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Eribe a Olsen, 2004)
<i>Leptotrichia wadei</i>	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Eribe a Olsen, 2004)
<i>Mycoplasma salivarium</i>	<i>Mycoplasma</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Totten et al., 2021)
<i>Neisseria perflava</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	komenzál orofarynxu, oportunní patogen	(Steinberg et al., 1976)
<i>Neisseria</i> sp. 1078a	<i>Neisseria</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	19	výtěry z krku	(Christodoulides et al., 2021)

PŘÍLOHY

<i>Ochrobactrum</i> sp. LK-4-45	<i>Ochrobactrum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	24	0	0	0	0	<i>O. anthropi</i> kolonizuje dýchací cesty a rány a následně může způsobit celou řadu oportunních infekcí, fekální a jako patogen u vaginální mykózy	(Diop et al., 2019)		
<i>Peptoniphilus</i> sp. S362	<i>Peptoniphilus</i>	0	0	0	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
<i>Prevotella melaninogenica</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	27	0	0	0	0	orální kmenzál, oportunní patogen	(Zheng et al., 2021)
<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	<i>Alloprevotella</i>	0	0	16	0	0	0	0	0	0	28	0	0	0	0	0	0	vzorek izolován z dutiny ústní	bez publikace
<i>Prevotella timonensis</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	28	0	0	0	0	0	0	komenzál střev, infekce urogenitálního traktu	(Petrina et al., 2017)
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	57	1	0	0	56	0	0	0	1	0	0	56	10	0	0	komenzál hltanu, infekce dýchacích cest meningitida	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	69	1	256	0	262	1	0	0	763	0	231	1	3	0	0	komenzál ústní dutiny a urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Soge et al., 2008)
<i>Staphylococcaceae</i> bacterium NML 94-0203	<i>Nosocomiicoccus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	získán z krevního vzorku	(Madhaiyan et al., 2020)
<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	3	0	1801	6	0	0	0	1	0	0	v horních cestách dýchacích a na kůži kmenzál oportunní patogen	(Blot et al., 1998)
<i>Staphylococcus auricularis</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	1	0	0	0	kožní kmenzál, oportunní patogen	(Natsis a Cohen, 2018)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<i>Staphylococcus</i>	9000	3969	2112	1	111	3582	4542	4	245	5632	1818	8072	1	211	0	0	kožní kmenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Staphylococcus gallinarum</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	orální kmenzál, oportunní patogen	(Kaur et al., 2019)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	kožní bakterie a oportunní patogen	(de Allori et al., 2006)
<i>Staphylococcus hominis</i> subsp. Null	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	součástí normálního lidského mikrobiomu	(Pereira et al., 2019)
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	komenzál kůže hospodářských zvířat, v mléce a sýrech, oportunní patogen i u člověka	(Huebner et al., 2020)
<i>Staphylococcus saccharolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	komenzál kůže, endokarditidy, infekce krve při transfuzích	(Ahle et al., 2020)
<i>Staphylococcus</i> sp.	<i>Staphylococcus</i>	2	5	24	2244	1	0	5	8	691	3	52	4	0	0	0	0	kožní kmenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Staphylococcus succinus</i> subsp. null	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	kožní kmenzál, oportunní patogen, vejce, mléčné produkty, enviromentální vzorky	(Schleifer a Kloos, 1975)
<i>Streptobacillus hongkongensis</i>	<i>Streptobacillus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	147	0	0	0	0	0	0	komenzál hltanu, oportunní patogen	(Lau et al., 2016)

<i>Terraemophilus aromaticivorans</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální komenzál, oportunní patogen	(Dirain et al., 2017)
<i>Turicella otitidis</i> (T)	<i>Turicella</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	172	0	0	0	0	<i>Corynebacterium otitidis</i> , <i>Corynebacterium auris</i> , komenzál středního ucha, oportunní patogen	(Graevenitz a Funke, 2013)
<i>Veillonella criceti</i>	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	orální komenzál savců; člověk urogenitální trakt	(Marchandin et al., 2005)
<i>Veillonella</i> sp. OK11	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	orální komenzál, oportunní patogen	(Aas et al., 2005)

Tab. 16 Četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Abiotrophia defectiva</i>	<i>Abiotrophia</i>	5	1	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	Endokarditida	(Sasaki et al., 2021)
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	<i>Acinetobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	658	0	0	0	0	0	0	gastritida, permafrostové půdy, sladké vody	(Rakitin et al., 2021; Rathinavelu et al., 2003)
<i>Bacillus circulans</i>	<i>Bacillus</i>	0	0	0	0	0	0	0	463	0	0	0	0	0	0	depilace kůže, endoftalmitida	(Fluit et al., 2001; Joshi et al. 2020)
bacterium DF-3	<i>Ralstonia</i>	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	cystická fibróza	(Fluit et al., 2021; Green et al., 2017)
bacterium endosymbiont of <i>Vexillifera</i> sp.	<i>Simkania</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	87	0	0	0	0	0	jeden z druhů napadá makrofágy	(Scaioli et al., 2019)
<i>Bartonella</i> sp. A190GS	<i>Bartonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	krvni cévy, spojeno s volně chycenými komáry z rodu <i>Anopheles</i> z provincie Dak Nong (Vietnam)	(Ngo et al., 2015)



PŘÍLOHY

<i>Clostridia</i> bacterium Glu4	<i>Clostridium</i> sensu stricto	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	V přírodě hojně rozšířené, vyskytují se v půdě, v bahně (rybníků, řek, mořského pobřeží), v prachu, na vegetaci. Řada druhů saprofytuje ve střevě obratlovců, i člověka. LOOKUP(A20;\$Data.A:Q;16;0	(Abdolmohammadi Khiav a Zahmatkesh, 2021)
<i>Clostridiaceae</i> bacterium mt10	<i>Clostridium</i> sensu stricto	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	63	0	0	0	<i>Desnuesiella massiliensis</i> , izolováno z trávicí mikroflóry dítěte trpícího kwashiorkorem	(Hadjadj et al., 2016)
<i>Delftia</i> sp. BFE44L	<i>Delftia</i>	0	0	0	0	0	0	0	184	0	0	0	0	0	0	různé druhy jsou různými patogeny	(Joron et al., 2019)
<i>Empedobacter</i> <i>falsenii</i>	<i>Empedobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	oportunní patogen	(Zaman et al., 2017)
<i>Enterobacter</i> <i>aerogenes</i>	<i>Enterobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	199	0	0	0	0	0	0	infekce močových cest	(Henne et al., 2018; Shantiae et al., 2022)
<i>Enterococcus</i> <i>columbae</i>	<i>Enterococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	střeva holubů, lidský patogen	(Devriese et al., 1990)
<i>Enterococcus</i> sp. C113	<i>Aerococcus</i>	0	1	1	1	0	6	0	0	5	0	0	0	6	0	Vzácný patogen způsobující infekci močových cest	(Mohan et al., 2017)
<i>Facklamia</i> <i>languida</i> (T)	<i>Facklamia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	124	0	0	0	v klinických vzorcích a čerstvém mléce	(Lawson et al., 1999)
<i>Facklamia</i> sp. 1548-02	<i>Facklamia</i>	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	vzácné lidský patogen	(Rahmati et al., 2017)
<i>Haemophilus</i> <i>haemoglobinophilus</i> (T)	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	<i>Canicola haemoglobinophilus</i> , reprodukční trakt u psů a koček	(Christensen et al., 2021)
<i>Haemophilus</i> <i>haemolyticus</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	1	0	0	54	0	0	0	0	0	0	Virulentní kmeny mohou být původcem nebezpečných dětských epiglotitid, hnisavých respiračních infekcí či meningitid.	(Pickering et al., 2014)
<i>Chlamydiales</i> bacterium CRIB33	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	32	0	intracelulární bakterie, které mají vývojový cyklus replikace podobný chlamydiím	(Scherler et al., 2017)
<i>Lautropia</i> <i>mirabilis</i> (T)	<i>Lautropia</i>	0	0	0	0	0	0	0	177	0	0	0	0	0	0	peritonitida, gingivitida	(Lin et al., 2019; Tan et al., 2021)
<i>Pantoea</i> <i>agglomerans</i>	<i>Citrobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	infekce	(Dutkiewicz et al., 2016)
<i>Parachlamydia</i> <i>acanthamoebae</i> UV-7	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	0	0	0	0	59	0	0	0	0	0	0	patogen pneumonie	(Greub, 2009)
<i>Parachlamydiaceae</i> bacterium CRIB38	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	0	0	0	0	65	0	0	0	0	0	0	patogen pneumonie	(Greub, 2009)
<i>Peptococcus</i> <i>niger</i>	<i>Peptococcus</i>	0	0	0	0	22	0	0	14	0	0	0	0	0	0	pyelonefritida	(Kogan et al., 2012)

PŘÍLOHY

<i>Prevotella denticola</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	84	0	35	0	0	0	0	0	103	0	0	1	onemocnění parodontu u člověka	(Wu et al., 1992)
<i>Pseudoclavibacter</i> sp. HP10L	<i>Pseudoclavibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	48	0	0	0	oportunní patogen	bez publikace
<i>Simkania negevensis</i> Z	<i>Simkania</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	40	0	0	0	0	respirační a urogenitální infekce	(Lieberman et al., 2002)
<i>Sphingomonadaceae</i> bacterium BL108	<i>Parasphingopyxis</i>	0	0	4	0	1	0	2	0	1	0	1	2	0	8	vodní vzácně oportunní patogen	(Narciso-da-Rocha et al., 2014)
<i>Sphingomonas ginsenosidimutans</i>	<i>Sphingomonas</i>	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	hypersenzitivní pneumonitida	(Crespo Quirós et al., 2021)
<i>Staphylococcus pasteurii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	environment, vzácně patogen	(Santoiemma et al., 2020)
<i>Staphylococcus saprophyticus subsp. bovis</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	1	0	0	0	nozdry skotu, potenciální patogen	(Hájek et al., 1996)
<i>Staphylococcus warneri</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	1	0	2	0	4	0	0	0	1	0	hlavní příčinou cystitidy u mladých žen. <i>S. saprophyticus</i> sdílí mnoho klinických příznaků infekce močových cest způsobené <i>Escherichia coli</i> , ale liší se patogenezí	(Raz et al., 2005)
Tannerella sp. oral taxon 286	<i>Tannerella</i>	0	0	0	0	7	0	380	0	0	0	0	0	0	1	Podílí se na onemocnění parodontu	(Tanner a Izard, 2000)
unidentified eubacterium clone BSV72	<i>Clostridium</i> III	0	0	0	0	0	0	0	0	106	0	0	0	0	0	Tento rod zahrnuje několik významných lidských patogenů, včetně původců botulismu a tetanu	(Sárvári a Schoblocher, 2020)
<i>Vitreoscilla</i> sp. SN6	<i>Vitreoscilla</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální, půda, voda, potenciální patogen	(Mashima a Nakazawa, 2013)
<i>Yersinia frederiksenii</i>	<i>Yersinia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	gastrointestinální infekce	(Cafferkey et al., 1993)

Tab. 17 Četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Aerococcus viridans</i>	<i>Aerococcus</i>	0	1	1	1	0	0	1237	0	55	30	46	701	0	1	mastitida skotu	(Xi et al., 2020)
<i>Candidatus Metachlamydia lacustris</i>	<i>Parachlamydia</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	parazit améby	(Corsaro et al., 2010)
<i>Candidatus Protochlamydia endosymbiont of Acanthamoeba sp.</i>	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	162	0	0	vnitřní parazit améb	(Bou Khalil et al., 2017)
<i>Curvibacter sp.</i> HJ-DR1	<i>Curvibacter</i>	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	vodní nebo parazit <i>Hydra sp.</i>	(Wein et al., 2018)
<i>Flavobacteria bacterium</i> 7538	<i>Salinirepens</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	naklasifikovaná <i>Flavobacteria</i> patogen ryb	(Loch a Faisal, 2018)
<i>Lachnospiraceae bacterium oral taxon F15</i>	<i>Clostridium XIVa</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	střevní mikrobiom myší	(Zhuang et al., 2021)
<i>Macrocococcus sp.</i> JSM 2145015	<i>Macrocococcus</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	relevantní veterinární patogeny a jejich přítomnost byla hlášena v potravinách živočišného původu.	(Ramos et al., 2021)
<i>Moraxella catarrhalis</i>	<i>Moraxella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	175	3	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Verghese a Berk, 1991)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Wolinella sp.</i> feline oral taxon 098	<i>Wolinella</i>	0	59	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	onemocnění parodontu jsou nejčastější infekční onemocnění dutiny ústní u dospělých psů.	(Nowroozilarki et al., 2017)

Tab. 18 Hostivice – četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU		
bacterium EJ10-44	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	1	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
bacterium N46	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	1	0	orální flóra a mohou hrát roli v paradentóze	(Lawal a Baer, 2021)
<i>Clostridium celatum</i>	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	1	1	339	izolován z lidských výkalů, možnost infekce	(Agergaard et al, 2016)
<i>Fusobacterium nucleatum</i> subsp. null	<i>Fusobacterium</i>	0	0	1	0	orální vzácně oportunní infekce	(Brennan a Garrett, 2019)
<i>Gemella haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	39	0	0	0	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Haemophilus influenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	21	0	0	0	komenzál horních cest dýchacích, infekce doprovázející chřipková onemocnění	(Duell et al., 2016)
<i>Haemophilus parahaemolyticus</i>	<i>Haemophilus</i>	102	0	0	0	komenzál nosohltanu, oportunní patogen	(Le Floch et al., 2013)
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	3	0	0	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)
<i>Haemophilus</i> sp. HGH0297	<i>Haemophilus</i>	0	1	1	1	kultivar z lidského mikrobiomu	bez publikace
<i>Neisseria</i> sp. 1078a	<i>Neisseria</i>	0	0	1	0	výtěry z krku	(Christodoulides et al., 2021)
<i>Prevotella melaninogenica</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	23	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Zheng et al., 2021)
<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	<i>Alloprevotella</i>	0	0	16	0	vzorek izolován z dutiny ústní	bez publikace
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	57	1	0	komenzál hltanu, infekce dýchacích cest meningitida	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Staphylococcaceae</i> bacterium NML 94-0203	<i>Nosocomiicoccus</i>	0	0	1	0	získán z krevního vzorku	(Madhaiyan et al., 2020)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	1	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<i>Staphylococcus</i>	9000	3969	2112 2	1	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)

<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	kožní bakterie a oportunní patogen	(de Allori et al., 2006)
<i>Staphylococcus</i> sp.	<i>Staphylococcus</i>	2	5	24	2244	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)

Tab. 19 Hostivice – četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Výskyt	Citace
		OT U	OT U	OT U	OT U		
<i>Abiotrophia defectiva</i>	<i>Abiotrophia</i>	5	1	1	0	endokarditida	(Sasaki et al., 2021)
<i>Clostridia</i> bacterium Glu4	<i>Clostridium</i> <i>sensu stricto</i>	0	0	1	0	v přírodě hojně rozšířené, vyskytují se v půdě, v bahně (rybníků, řek, mořského pobřeží), v prachu, na vegetaci. Řada druhů saprofytuje ve střevě obratlovců, i člověka	(Abdolmohammadi Khiav a Zahmatkesh, 2021)
<i>Enterococcus</i> sp. C113	<i>Aerococcus</i>	0	1	1	1	Vzácný patogen způsobující infekci močových cest	(Mohan et al., 2017)
<i>Prevotella denticola</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	84	0	onemocnění parodontu u člověka	(Wu et al., 1992)
<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	69	1	25 6	někdy neškodná někdy patogen	(Bennett et al., 2020)
<i>Sphingomonadaceae</i> bacterium BL108	<i>Parasphingopy xis</i>	0	0	4	0	vodní vzácně oportunní patogen	(Narciso-da-Rocha et al., 2014)
<i>Sphingomonas</i> <i>ginsenosidimutans</i>	<i>Sphingomonas</i>	1	0	0	0	hypersenzitivní pneumonitida	(Crespo Quirós et al., 2021)

Tab. 20 Hostivice – četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.

Druh	Rod	Hostivice zub 1399	Hostivice zub 1487B	Hostivice hlína 1487B	Hostivice zub 1491	Výskyt	Citace
		OTU	OTU	OTU	OTU		
<i>Aerococcus viridans</i>	<i>Aerococcus</i>	0	1	1	1	mastitida skotu	(Xi et al., 2020)
<i>Candidatus Metachlamydia lacustris</i>	<i>Parachlamydia</i>	0	0	1	0	parazit améby	(Corsaro et al., 2010)
<i>Curvibacter</i> sp. HJ-DR1	<i>Curvibacter</i>	0	0	4	0	vodní nebo parazit <i>Hydra</i> sp.	(Wein et al., 2018)
<i>Macroccoccus</i> sp. JSM 2145015	<i>Macroccoccus</i>	0	0	3	0	relevantní veterinární patogeny a jejich přítomnost byla hlášena v potravinách živočišného původu.	(Ramos et al., 2021)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	1	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Wolinella</i> sp. feline oral taxon 098	<i>Wolinella</i>	0	59	0	1	onemocnění parodontu dutiny ústní u dospělých psů	(Nowroozilarki et al., 2017)

Tab. 21 Semonice – četnost OTU sekvencí oportunně patogenních bakterií lidského mikrobiomu.

Druh	Rod	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418, \$17	Výskyt	Citace
		OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U		
<i>Actinomyces oris</i> (T)	<i>Actinomyces</i>	0	0	0	11 7	0	0	0	0	0	0	endokarditida, střevo	(Phichaphop et al., 2020; Zhou et al., 2022)
<i>Bergeyella</i> sp. oral clone AK152	<i>Bergeyella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	vzorek orálních bakterií	(Wang et al., 2017)
<i>Campylobacter rectus</i>	<i>Campylobacter</i>	0	5	0	0	0	0	0	0	5	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Zhu et al., 2021)
<i>Capnocytophaga gingivalis</i>	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální flóra a mohou hrát roli v paradentóze	(Lawal a Baer, 2021)
<i>Capnocytophaga</i> sp. oral taxon 329	<i>Capnocytophaga</i>	0	0	0	0	0	15	22	0	0	0	neklasifikované <i>Capnocytophaga</i> , ústní mikrobiom, potenciální patogen	(Parks et al., 2015)
<i>Clostridium celatum</i>	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	0	0	0	0	0	0	14 7	0	0	izolován z lidských výkalů, možnost infekce	(Agergaard et al., 2016)
<i>Dermabacter hominis</i>	<i>Dermabacter</i>	0	0	0	76	0	0	0	0	0	0	cerebrální absces, lidská kůže	(Bavbek et al., 1998; Valero-Guillén et al., 2016)
<i>Dialister micraerophilus</i>	<i>Dialister</i>	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	komezál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Brugger et al., 2020; Sherret et al., 2020)
<i>Dolosigranulum pigrum</i>	<i>Dolosigranulum</i>	0	155	0	0	0	295	0	0	0	0	komezál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Brugger et al., 2020)
<i>Enterococcus cecorum</i>	<i>Enterococcus</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	komezál střev člověka i zvířat, oportunní patogen	(Grund et al., 2021)
<i>Fusobacterium nucleatum</i> subsp. null	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	orální vzácně oportunní infekce	(Brennan a Garrett, 2019)
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	<i>Fusobacterium</i>	0	0	0	25 8	0	0	0	0	0	1	vertebrální osteomyelitida, dutina ústní	(Henne et al., 2018; Li et al., 2021)
<i>Gemella haemolysans</i>	<i>Gemella</i>	0	25	98	0	0	0	48	0	25	13	orální komenzál, komenzál horních cest dýchacích oportunní patogen	(Miyoshi et al., 2021)
<i>Gemella morbillorum</i>	<i>Gemella</i>	0	0	0	0	0	181	0	0	0	0	komezál hltanu, oportunní patogen	(Ural et al., 2014)
<i>Gemella sanguinis</i>	<i>Gemella</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	orální vzácně infekce srdce	(Maraki et al., 2019)
<i>Haemophilus parahaemolyticus</i>	<i>Haemophilus</i>	0	6	0	0	0	96	15	0	0	0	komezál nosohltanu, oportunní patogen	(Le Floch et al., 2013)

PŘÍLOHY

<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	23	0	0	56	79	6	54	komenzál ústní dutiny a hltanu, oportunní patogen	(Baron et al., 2020)
<i>Haemophilus</i> sp. HGH0297	<i>Haemophilus</i>	0	0	3	0	0	0	1	0	0	0	kultivar z lidského mikrobiomu	bez publikace
<i>Haemophilus sputorum</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	225	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Nørskov-Lauritsen et al., 2012)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Klebsiella</i>	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	v normální flóře úst, kůže a střev, [7] může způsobit destruktivní změny v lidských a zvířecích plicích	(Wyres et al., 2020)
<i>Kytococcus schroeteri</i>	<i>Kytococcus</i>	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen – endokarditidy	(Bagelman a Zvigule-Neidere, 2021)
<i>Leptotrichia hofstadii</i> (T)	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	orální komenzál	(Richards et al., 2017)
<i>Leptotrichia</i> sp. oral clone IK040	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	104	0	0	0	0	orální komenzálové a komenzálové urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Eribe a Olsen, 2004)
<i>Leptotrichia wadei</i>	<i>Leptotrichia</i>	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Eribe a Olsen, 2004)
<i>Mycoplasma salivarium</i>	<i>Mycoplasma</i>	0	0	0	0	0	22	0	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Totten et al., 2021)
<i>Neisseria perflava</i>	<i>Neisseria</i>	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	komenzál orofaryngu, oportunní patogen	(Steinberg et al., 1976)
<i>Neisseria</i> sp. 1078a	<i>Neisseria</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	19	výtěry z krku	(Christodoulides et al., 2021)
<i>Peptoniphilus</i> sp. S362	<i>Peptoniphilus</i>	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	fekální a jako patogen u vaginální mykózy	(Diop et al., 2019)
<i>Prevotella disiens</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	7	1	0	$10^3$ 4	0	0	1	biom střev, oportunní patogen	bez publikace
<i>Prevotella melaninogenica</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	0	0	27	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Zheng et al., 2021)
<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	<i>Alloprevotella</i>	0	0	0	0	0	28	0	0	0	0	vzorek izolován z dutiny ústní	bez publikace
<i>Prevotella timonensis</i>	<i>Prevotella</i>	0	0	0	0	0	28	0	0	0	0	komenzál střev, infekce urogenitálního traktu	(Petrina et al., 2017)
<i>Rothia mucilaginosa</i>	<i>Rothia</i>	0	56	0	0	0	1	0	0	56	10	komenzál hltanu, infekce dýchacích cest meningitida	(Getzenberg et al., 2021)
<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia</i>	0	262	1	0	0	763	0	$23$ 1	1	3	komenzál ústní dutiny a urogenitálního traktu, oportunní patogen	(Soge et al., 2008)
<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	3	0	$18$ 01	6	0	0	0	1	v horních cestách dýchacích a na kůži komenzál oportunní patogen	(Blot et al., 1998)
<i>Staphylococcus auricularis</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	2	0	1	1	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Natsis a Cohen, 2018)
<i>Staphylococcus caprae</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	komenzál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	<i>Staphylococcus</i>	11 19	358 20	45 42	4 4	24 5	563 23	181 83	80 72	1	21 1	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Staphylococcus gallinarum</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	orální komenzál, oportunní patogen	(Kaur et al., 2019)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	kožní bakterie a oportunní patogen	(de Allori et al., 2006)



PŘÍLOHY

<i>Staphylococcus hominis</i> subsp. <i>Null</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	součástí normálního lidského mikrobiomu	(Pereira et al., 2019)
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	komenzál kůže hospodářských zvířat, v mléce a sýrech, oportunní patogen i u člověka	(Huebner et al., 2020)
<i>Staphylococcus saccharolyticus</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	komenzál kůže, endokarditidy, infekce krve při transfuzích	(Ahle et al., 2020)
<i>Staphylococcus</i> sp.	<i>Staphylococcus</i>	1	0	5	8	<sup>69</sup> <sub>1</sub>	3	52	4	0	0	kožní komenzál, oportunní patogen	(Fournière et al., 2020)
<i>Staphylococcus succinus</i> subsp. <i>null</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	kožní komenzál, oportunní patogen, vejce, mléčné produkty, enviromentální vzorky	(Schleifer a Kloos, 1975)
<i>Streptobacillus hongkongensis</i>	<i>Streptobacillus</i>	0	0	0	0	0	147	0	0	0	0	komenzál hltanu, oportunní patogen	(Lau et al., 2016)
<i>Terraheamophilus aromaticivorans</i>	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální komenzál, oportunní patogen	(Dirain et al., 2017)
<i>Turicella otitidis</i> (T)	<i>Turicella</i>	0	0	1	0	0	172	0	0	0	0	<i>Corynebacterium otitidis</i> , <i>Corynebacterium auris</i> , komenzál středního uch, oportunní patogen	(Graevenitz a Funke, 2013)
<i>Veillonella criceti</i>	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	orální komenzál savců; člověk urogenitální trakt	(Marchandin et al., 2005)
<i>Veillonella</i> sp. OK11	<i>Veillonella</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	orální komenzál, oportunní patogen	(Aas et al., 2005)

Tab. 22 Semonice – četnost OTU sekvencí enviromentálních patogenních bakterií člověka.

Druh	Rod	Semonice zub1	Semonice zub62	Semonice kost kráva65	Semonice zub107-1	Semonice zub107-3	Semonice zub108-3	Semonice hlína234	Semonice hlína322	Semonice zub407	Semonice hlína418 S17	Výskyt	Citace
		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
<i>Abiotrophia defectiva</i>	<i>Abiotrophia</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	endokarditida	(Sasaki et al., 2021)
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	<i>Acinetobacter</i>	0	0	0	658	0	0	0	0	0	0	gastritida, permafrostové půdy, sladké vody	(Rakitin et al., 2021; Rathinavelu et al., 2003)
<i>Bacillus circulans</i>	<i>Bacillus</i>	0	0	0	463	0	0	0	0	0	0	depilace kůže, endoftalmitida	(Fluit et al., 2001; Joshi et al. 2020)

PŘÍLOHY

bacterium DF-3	<i>Ralstonia</i>	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	cystická fibróza	(Fluit et al., 2021; Green et al., 2017)
bacterium endosymbiont of <i>Vexillifera</i> sp.	<i>Simkania</i>	0	0	0	0	87	0	0	0	0	0	jeden z druhů napadá makrofágy	(Scaiola et al., 2019)
<i>Bartonella</i> sp. A190GS	<i>Bartonella</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	krevní cévy, spojeno s volně chycenými komáry z rodu <i>Anopheles</i> z provincie Dak Nong (Vietnam)	(Ngo et al., 2015)
<i>Clostridiaceae</i> bacterium mt10	<i>Clostridium sensu stricto</i>	0	0	0	0	0	0	63	0	0	0	<i>Desnuesiella massiliensis</i> , izolováno z trávicí mikroflóry dítěte trpícího kwashiorkorem	(Hadjadj et al., 2016)
<i>Delftia</i> sp. BFE44L	<i>Delftia</i>	0	0	0	18 4	0	0	0	0	0	0	různé druhy jsou různými patogeny	(Joron et al., 2019)
<i>Empedobacter falsenii</i>	<i>Empedobacter</i>	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	oportunní patogen	(Zaman et al., 2017)
<i>Enterobacter aerogenes</i>	<i>Enterobacter</i>	0	0	0	19 9	0	0	0	0	0	0	infekce močových cest	(Henne et al., 2018; Shantiae et al., 2022)
<i>Enterococcus columbae</i>	<i>Enterococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	střeva holubů, lidský patogen	(Devriese et al., 1990)
<i>Enterococcus</i> sp. C113	<i>Aerococcus</i>	0	6	0	0	5	0	0	0	6	0	Vzácný patogen způsobující infekci močových cest	(Mohan et al., 2017)
<i>Facklamia languida</i> (T)	<i>Facklamia</i>	0	0	0	0	0	0	12 4	0	0	0	v klinických vzorcích a čerstvém mléce	(Lawson et al., 1999)
<i>Facklamia</i> sp. 1548-02	<i>Facklamia</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	vzácně lidský patogen	(Rahmati et al., 2017)
<i>Haemophilus haemoglobinophilus</i> (T)	<i>Haemophilus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	<i>Canicola haemoglobinophilus</i> , reprodukční trakt u psů a koček	(Christensen et al., 2021)
<i>Haemophilus haemolyticus</i>	<i>Haemophilus</i>	1	0	0	54	0	0	0	0	0	0	virulentní kmeny mohou být původcem nebezpečných dětských epiglottitid, hnisavých respiračních infekcí či meningitid	(Pickering et al., 2014)
<i>Chlamydiales</i> bacterium CRIB33	<i>Parachlamydia</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	32	0	intracelulární bakterie, které mají vývojový cyklus replikace podobný chlamydiím	(Scherler et al., 2017)
<i>Lautropia mirabilis</i> (T)	<i>Lautropia</i>	0	0	0	17 7	0	0	0	0	0	0	peritonitida, gingivitida	(Lin et al., 2019; Tan et al., 2021)
<i>Pantoea agglomerans</i>	<i>Citrobacter</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	infekce	(Dutkiewicz et al., 2016)
<i>Parachlamydia acanthamoebae</i> UV-7	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	59	0	0	0	0	0	0	patogen pneumonie	(Greub, 2009)
<i>Parachlamydiaceae</i> bacterium CRIB38	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	65	0	0	0	0	0	0	patogen pneumonie	(Greub, 2009)
<i>Peptococcus niger</i>	<i>Peptococcus</i>	2 2	0	0	14	0	0	0	0	0	0	pyelonefritida	(Kogan et al., 2012)
<i>Prevotella denticola</i>	<i>Prevotella</i>	3 5	0	0	0	0	0	10 34	0	0	1	onemocnění parodontu u člověka	(Wu et al., 1992)
<i>Pseudoclavibacter</i> sp. HP10L	<i>Pseudoclavibacter</i>	0	0	0	0	0	0	48	0	0	0	oportunní patogen	bez publikace
<i>Simkania negevensis</i> Z	<i>Simkania</i>	0	0	0	0	0	40	0	0	0	0	respirační a urogenitální infekce	(Lieberman et al., 2002)

PŘÍLOHY

<i>Sphingomonadaceae</i> bacterium BL108	<i>Parasphingo</i> <i>pyxis</i>	1	0	2	0	1	0	1	2	0	8	vodní vzácně oportunní patogen	(Narciso-da-Rocha et al., 2014)
<i>Sphingomonas</i> <i>ginsenosidimutans</i>	<i>Sphingomon</i> <i>as</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	hypersenzitivní pneumonitida	(Crespo Quirós et al., 2021)
<i>Staphylococcus</i> <i>pasteuri</i>	<i>Staphylococ</i> <i>us</i>	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	environment, vzácně patogen	(Santoiemma et al., 2020)
<i>Staphylococcus</i> <i>saprophyticus</i> subsp. <i>bovis</i>	<i>Staphylococ</i> <i>us</i>	0	0	0	0	10	0	1	0	0	0	nozdry skotu, potenciální patogen	(Hájek et al., 1996)
<i>Staphylococcus</i> <i>warneri</i>	<i>Staphylococ</i> <i>us</i>	1	0	2	0	4	0	0	0	1	0	hlavní příčinou cystitidy u mladých žen. <i>S. saprophyticus</i> sdílí mnoho klinických příznaků infekce močových cest způsobené <i>Escherichia coli</i> , ale liší se patogenezí	(Raz et al., 2005)
<i>Tannerella</i> sp. oral taxon 286	<i>Tannerella</i>	7	0	38 0	0	0	0	0	0	0	1	podílí se na onemocnění parodontu	(Tanner a Izard, 2000)
unidentified eubacterium clone BSV72	<i>Clostridium</i> III	0	0	0	0	10 6	0	0	0	0	0	tento rod zahrnuje několik významných lidských patogenů, včetně původců botulismu a tetanu	(Sárvári a Schoblocher, 2020)
<i>Vitreoscilla</i> sp. SN6	<i>Vitreoscilla</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	orální, půda, voda, potenciální patogen	(Mashima a Nakazawa, 2013)
<i>Yersinia frederiksenii</i>	<i>Yersinia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	gastrointestinální infekce	(Cafferkey et al., 1993)

Tab. 23 Semonice – četnost OTU sekvencí patogenních bakterií živočichů.

Druh	Rod	Semonice zub1	Semonice zub 62	Semonice kost kráva 65	Semonice zub 107-1	Semonice zub 107-3	Semonice zub 108-3	Semonice hlína 234	Semonice hlína 322	Semonice zub 407	Semonice hlína 418_S17	Výskyt	Citace
		OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U	OT U		
<i>Aerococcus viridans</i>	<i>Aerococcus</i>	0	0	123 7	0	55	30	46	701	0	1	mastitida skotu	(Xi et al., 2020)
<i>Candidatus Protochlamydia</i> endosymbiont of <i>Acanthamoeba</i> sp.	<i>Parachlamydia</i>	0	0	0	0	0	0	0	162	0	0	vnitřní parazit améb	(Bou Khalil et al., 2017)
<i>Curvibacter</i> sp. HJ-DR1	<i>Curvibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	vodní nebo parazit <i>Hydra</i> sp.	(Wein et al., 2018)
<i>Flavobacteria</i> bacterium 7538	<i>Salinirepens</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	neklasifikovaná <i>Flavobacteria</i> , patogen ryb	(Loch a Faisal, 2018)
<i>Lachnospiraceae</i> bacterium oral taxon F15	<i>Clostridium</i> XIVa	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	střevní mikrobiom myší	(Zhuang et al., 2021)
<i>Moraxella catarrhalis</i>	<i>Moraxella</i>	0	0	0	0	0	175	3	0	0	0	komezál horních cest dýchacích, oportunní patogen	(Verghese a Berk, 1991)
<i>Staphylococcus cohnii</i>	<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	1	3	komezál kůže a sliznic, endokarditida	(Motta et al., 2020)