



**VĚDECKÝ VÝBOR VETERINÁRNÍ**

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Hudcova 296/70, Brno 621 00

<https://www.vri.cz/vyzkum/vedecky-vybor-veterinari/>

tel +420 533 331 111

## **Genetická diverzita a rezistence k antibiotikům u izolátů *Listeria monocytogenes* získaných od zvířat**

Renáta Karpíšková, Kristýna Brodíková, Hana Bulawová

### **Abstrakt**

Tato studie, vypracovaná pro Vědecký výbor veterinární, se zabývá genetickou diverzitou a rezistencí k antibiotikům u bakterií *Listeria monocytogenes* (LM) izolovaných od zvířat. Cílem studie bylo získat soubor klinických izolátů listerií od zvířat (SVÚ Jihlava – NRL pro listerie MZe), provést u nich serotypizaci, multilokusovou sekvenční analýzu (MLST), stanovit rezistenci k antibiotikům a výsledky porovnat s kmeny LM cirkulujícími v humánní populaci, v potravinách a přírodním prostředí v ČR, výsledky vyhodnotit a sledovat možné epidemické souvislosti.

Celkem bylo v období let 2020-2023 získáno 28 izolátů od hospodářských zvířat, z toho 22 od velkých, malých a volně žijících přežvýkavců, 5 od drůbeže a 1 od králíka. U 15 vzorků od přežvýkavců (53,6 %) byla LM izolována z CNS (cerebrum a cerebellum). Hypervirulentní kmeny byly detekovány u 10 izolátů, ST1 8krát, ST4 a ST6 1krát. K nejvíce rozšířeným sekvenčním typům patřil ST1. V souboru humánních a animálních klinických izolátů bylo detekováno více hypervirulentních kmenů než v izolátech z potravin a z prostředí.

Rezistence k antimikrobiálním látkám byla zjištěna jen ke třem látkám, konkrétně k penicilinu, ampicilinu a co-trimoxazolu. Mezi izoláty od zvířat nebyl detekován žádný multirezistentní izolát LM.

## **Genetic diversity and resistance to antibiotics in *Listeria monocytogenes* isolated from animals**

### **Abstract**

This study, prepared for the Scientific Veterinary Committee, investigates genetic diversity and resistance to antibiotics in *Listeria monocytogenes* (LM) isolated from animals. The aim of the study was to obtain a set of clinical isolates of LM from animals (SVI Jihlava - NRL for Listeria MZe), to serotype them, to perform multilocus sequence analysis (MLST), to determine antibiotic resistance and to compare the results with LM strains circulating in the human population, in food chain and in the natural environment in the Czech Republic, and to evaluate the results for possible epidemic associations.

A total of 28 isolates were obtained from livestock during the period 2020-2023, 22 from large, small and wild ruminants, 5 from poultry and 1 from rabbit. In 15 samples from ruminants (53.6%), LM was isolated from the CNS (cerebrum and cerebellum). Hypervirulent strains were detected in 10 isolates, ST1 8 times, ST4 and ST6 1 time. The most prevalent sequence type was ST1. More hypervirulent strains were detected in human and animal clinical isolates than in isolates from food and environment.

Antimicrobial resistance was detected to only three agents, namely penicillin, ampicilin, and co-trimoxazole. No multidrug-resistant LM isolates were detected among the isolates from animals.