



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

Porovnání meticilin rezistentních *Staphylococcus aureus* (MRSA) izolovaných od prasat na jatkách a u lidí v ČR: Nálezy a charakteristika

Renáta Karpíšková, Jan Bardoň, Kristýna Brodíková, Marta Dušková

Abstrakt

Cílem studie bylo porovnat genetické a fenotypové charakteristiky meticilin-rezistentních kmenů *Staphylococcus aureus* (MRSA) klonálního komplexu CC398 izolovaných od prasat, psů, koček a lidí v České republice. Pomocí celogenomové sekvenace byly analyzovány rozdíly mezi animálními (LA-MRSA) a humánními (HO-MRSA) izoláty. Výsledky ukázaly výrazné rozdíly v přítomnosti genů virulence, zejména komplexu IEC a PVL, které byly detekovány výhradně u humánních izolátů ST1232. Animální izoláty ST398 postrádaly tyto faktory, což svědčí o jejich adaptaci na zvířecí hostitele. LA-MRSA a HO-MRSA se liší od ostatních izolátů MRSA zejména typickou rezistencí k tetracyklinu. Metodou celogenomové sekvenace byla potvrzena vysoká genetická diverzita mezi izoláty, včetně zoonotického potenciálu některých klonů. Studie zdůrazňuje význam konceptu „One health“ při sledování vlastností a cest šíření izolátů MRSA a nutnost koordinovaného přístupu mezi humánní a veterinární sférou.

Comparison of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) strains isolated from pigs in slaughterhouses and from humans in the Czech Republic: Findings and characteristics

Abstract

The aim of the study was to compare the genetic and phenotypic characteristics of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) strains of clonal complex CC398 isolated from pigs, dogs, cats, and humans in the Czech Republic. Whole-genome sequencing was used to analyze differences between animal (LA-MRSA) and human (HO-MRSA) isolates. The results revealed significant differences in the presence of virulence genes, particularly the IEC complex and PVL, which were detected exclusively in human ST1232 isolates. Animal ST398 isolates lacked these factors, indicating their adaptation to animal hosts. LA-MRSA and HO-MRSA differ from other MRSA isolates mainly by their typical resistance to tetracycline. Whole-genome sequencing confirmed high genetic diversity among the isolates, including the zoonotic potential of certain clones. The study highlights the importance of the “One Health” concept in monitoring the characteristics and transmission pathways of MRSA isolates and the need for a coordinated approach between human and veterinary sectors.