

Upřesnění k článku „Taxonomické změny v rodu *Staphylococcus*“

*An update to the article „Taxonomic changes to the genus *Staphylococcus*“*

Petr Petráš

Příspěvek byl publikován v listopadovém čísle našeho časopisu Zprávy CEM (SZÚ, Praha). 2020; 29(11): 444–446 [1].

Nová jména nových bakteriálních taxonomických jednotek, která jsou uveřejněna v jiném časopise než v *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM), musí být následně validována uvedením v tzv. validačních listech publikovaných pravidelně v IJSEM. Také originální popisy uveřejněné v IJSEM jsou potvrzovány v tzv. notifikačním listě, který vychází obvykle v následujícím čísle. K reklasifikaci indických autorů, která v listopadovém čísle IJSEM uváděla na základě výsledků moderních genetických metod řadu změn v rodu *Staphylococcus* [2] vyšel notifikační list až v únoru 2021 [3].

V tomto notifikačním listu byly potvrzeny reklasifikace 8 dosavadních stafylokokových poddruhů na úroveň druhu (viz tabulka 1 v [1]) a přeřazení 5 novobiocin rezistentních a oxidáza pozitivních stafylokoků bývalé „*S. sciuri* group“ do nově vytvořeného rodu *Mammaliicoccus* (viz tabulka 3 v [1]). Nebylo zde však akceptováno sloučení 4 dvojic poddruhů z publikace [2] (viz tabulka 2 v [1]), takže *S. aureus* subsp. *aureus* a *S. aureus* subsp. *anaerobius* zůstávají i nadále samostatnými poddruhy – stejně jako ostatní 3 dvojice.

Jméno „*S. ursi*“, navržené pro nový druh izolovaný ze zdravých černých medvědů v Národním parku Great Smoky Mountains v Tennessee [4], také dosud validováno nebylo. Důvodem je požadavek Federální správy Národního parku o dodatečný souhlas s uvolněním typové kultury z americké sbírky ATCC. Jedním ze základních požadavků při popisu nového druhu je uložení typového kmene v minimálně dvou veřejných sbírkách mikroorganismů v různých zemích a jeho

dostupnost z těchto sbírek bez jakéhokoliv omezení, což v tomto případě splněno nebylo.

V rodu *Staphylococcus* je v současnosti tedy 56 validně popsanych druhů, z nichž 7 má po dvou poddruzích (*S. aureus*, *S. saprophyticus*, *S. capitis*, *S. hominis*, *S. carnosus*, *S. equorum* a *S. petrasii*). Z nich 11 je koaguláza pozitivních, z těch *S. hyicus* a *S. agnetis* variabilně. *S. aureus* subsp. *anaerobius* a *S. saccharolyticus* jsou anaerobní, zbývající stafylokoky preferují normální atmosféru.

LITERATURA

- [1] Petráš P, Švec P. Taxonomické změny v rodu *Staphylococcus*. *Zprávy CEM (SZÚ, Praha)*. 2020; 29(11): 444–446.
- [2] Madhaiyan M, Wirth JS, Saravanan VS. 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*. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2020; 70(11): 5926–5936.
- [3] Oren A, Garrity GM. Notification that new names of prokaryotes, new combinations, and new taxonomic opinions have appeared in volume 70, part 11 of the IJSEM. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2021; 71(2). <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004732>.
- [4] Perreten V, Kania SA, Bemis D. *Staphylococcus ursi* sp. nov., a new member of the ‘*Staphylococcus intermedius* group’ isolated from healthy black bears. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2020; 70(8): 4637–4645.

15. 3. 2021

Petr Petráš

Identifikace koaguláza negativních stafylokoků z klinického materiálu v NRL pro stafylokoky v letech 2000–2020

Identification of coagulase-negative staphylococci from clinical specimens by the National Reference Laboratory for Staphylococci in 2000–2020

Petr Petráš, Tereza Měřínská, Radoslava Hutníková

Souhrn • Summary

V článku je popsána analýza 2449 kmenů koaguláza negativních stafylokoků (KNS) izolovaných z humánního klinického materiálu, které byly zaslány do NRL pro stafylokoky k identifikaci v letech 2000–2020. Celkem bylo zjištěno 35 různých (pod)druhů KNS, nejčastěji kmene *Staphylococcus epidermidis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis* a *S. lugdunensis*, z moči potom *S. saprophyticus*. Dále byla identifikována řada stafylokoků vyskytujících se spíše

ve veterinárním materiálu nebo v prostředí. Zachyceny byly i oxidáza pozitivní kmeny nově uvedeného rodu *Mammaliicoccus* (bývalá „*S. sciuri* group“).

In total, 2 449 strains of coagulase-negative staphylococci (CNS) isolated from human clinical specimens were referred to the National Reference Laboratory for Staphylococci for identification in 2000–2020. Thirty-five CNS species and subspecies were identified, and the most frequent were *Staphylococcus epidermidis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis* and *S. lugdunensis*. *S. saprophyticus* was the most common isolate from urine. A number of staphylococcal species normally detected in veterinary or environmental specimens were also recorded. In addition, oxidase-positive strains of the newly described genus *Mammaliicoccus* (former „*S. sciuri* group“) were identified.

Zprávy CEM (SZÚ, Praha) 2021; 30(2): 61–67

Klíčová slova: koaguláza negativní stafylokoky, humánní klinický materiál

Key words: coagulase-negative staphylococci, human clinical specimens

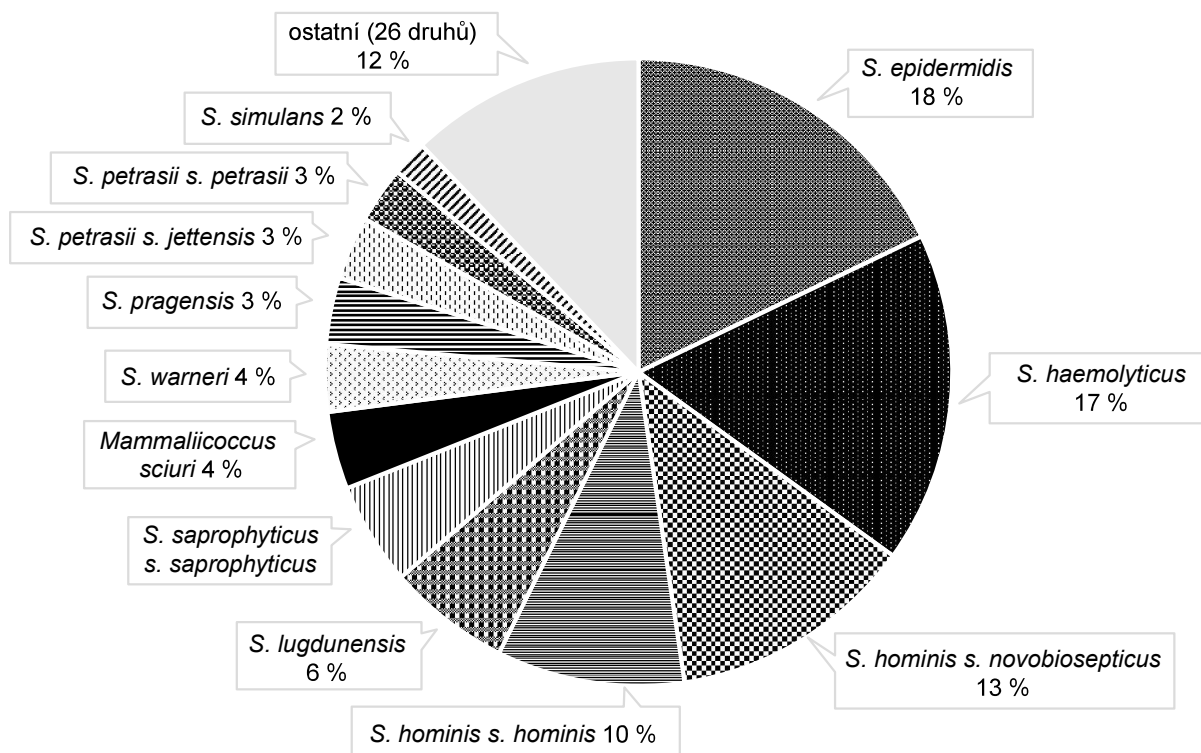
ÚVOD

Koaguláza negativní stafylokoky (KNS) jsou dnes považovány za podmíněné patogeny, které mohou vyvolat velké spektrum onemocnění podobně jako dominantní druh rodu *Staphylococcus aureus*. Tato skutečnost se týká hlavně imunitně nebo věkem oslabených osob, intravenózních narkomanů a pacientů se zavedenými nebo implantovanými pomůckami, např. kontaminované intravenózní katetry, které jsou příčinou infekcí krevního řečiště. Časté jsou také infekce KNS umělých srdečních chlopní. Kontaminované močové cévky mohou vyvolat infekci močového traktu. Nepříjemné a těžko terapeuticky

zvládnutelné jsou infekce kloubů způsobené stafylokoky z kontaminovaných kovových náhrad. U těchto nemocí se uplatňuje jeden z důležitých faktorů virulence KNS – produkce slizu, který umožní bakteriím vytvořit biofilm, ve kterém jsou do jisté míry chráněny jak vůči imunitním reakcím pacienta, a též proti antibiotikům [1].

Podle analýzy výsledků moderních genetických metod, především celogenomového sekvenování, došlo na konci minulého roku v rodu *Staphylococcus* k velkým taxonomickým změnám. V listopadovém čísle časopisu *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* bylo osm poddruhů reklasifikováno na samostatné druhy a pět stafylokoků bylo přeřazeno do nově ustanoveného rodu *Mammaliicoccus* [2]. Indičtí autoři popsali v reklasifikačním článku i sloučení čtyř dvojic stafylokokových poddruhů (viz též [3]), ale v notificačním listě, který byl recentně prezentován na on-line stránkách časopisu [4], tyto změny nebyly uznány.

Graf 1: Nejčastější druhy KNS z klinického materiálu v NRL/St 2000–2020 (počet vzorků = 2 449)



V rodě *Staphylococcus* zůstalo 56 druhů, z nich 7 má po dvou poddruzích. Obvykle se udává, že necelou polovinu z nich je možné zachytit z humánního klinického materiálu.

MATERIÁL A METODY

Kmeny koaguláza negativních stafylokoků

Ve studii jsou zpracovány výsledky identifikace 2 449 kmenů KNS, které byly zaslány do NRL pro stafylokoky CEM SZÚ (NRL/St) z humánního klinického materiálu přibližně z 90 bakteriologických pracovišť celé naší republiky v letech 2000–2020. Nejvíce kmenů poslalo Odd. lékařské mikrobiologie v Hořovicích a Odd. klinické mikrobiologie a parazitologie Oblastní nemocnice v Příbrami. Na dalších místech v zasílání potom jsou Odd. klinické mikrobiologie a ATB středisko Nemocnice Strakonice a Laboratoř bakteriologie ZÚ Ostrava.

Pro potřeby analýzy byly kmeny rozděleny do 4 souborů dle původu materiálu:

1. „**krev**“ – celkem 1 209 kmenů – kmeny z hemokultur, z katétrů a z kardiostimulačních elektrod; tento soubor představuje prakticky polovinu všech vzorků (49,4 %);
2. „**hnis**“ – celkem 516 kmenů v souboru je především ze stěrů ran, z abscesů, furunklů, píštělí, punktátů a zhnisaných spálenin;
3. „**moč**“ – celkem 376 kmenů – kromě izolátů z močí i stěry z močového a pohlavního ústrojí;
4. „**ostatní**“ – celkem 348 kmenů – stěry z nosů, očí, uší, krků, stolic, výjimečně i stěry nemocničního prostředí.

Metody

V prvních letech jsme kmeny KNS identifikovali pomocí komerčních setů STAPHYtest16 (Lachema, Cz), APIStaph a ID32 Staph (oba BioMerieux, Fr) a pomocí konvenčních zkumavkových reakcí. K vyhodnocování jsme používali program TNW (Lachema, Cz) a kódovou knihu BioMerieux.

Od roku 2003 jsme začali používat set STAPHYtest24 (Erba-Lachema, Cz). Protože jsme si ověřili, že identifikace je srovnatelná, ne-li lepší než francouzskými sety, přešli jsme v podstatě na tento český diagnostický set, který jsme v případě potřeby doplňovali výsledky klasických biochemických testů. Program TNW byl později nahrazen programem ErbaExpert (Erba-Lachema, Cz).

Od ledna 2011 máme v CEM SZÚ možnost využít MALDI-TOF hmotnostní spektrometrii (Microflex LT, Bruker Daltonics, USA), která se záhy stala hlavní identifikační metodou. Databáze je výrobcem průběžně aktualizována, v současnosti používáme MBT 8468 MSP Library. Klasické fenotypové reakce nasazujeme v případě ne zcela jasných výsledků, při odlišování poddruhů a při identifikaci vzácných, zřídka se vyskytujících stafylokoků.

VÝSLEDKY

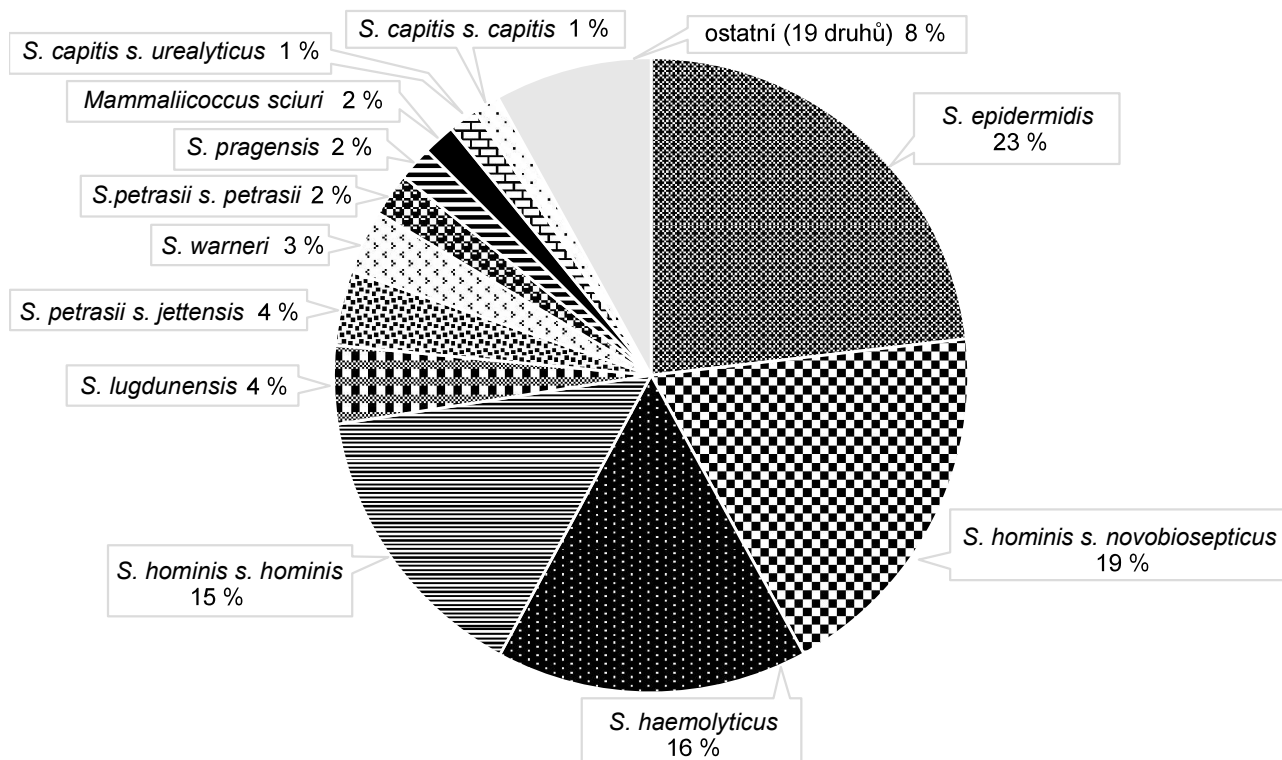
V celku 2 449 kmenů bylo identifikováno 35 (pod) druhů stafylokoků a 3 druhy bývalých oxidáza pozitivních stafylokoků „*S. sciuri* group“, nově zařazených do rodu *Mammaliococcus* [2, 3]. Nejčastěji to byly *S. epidermidis*, *S. haemolyticus* a dva poddruhy *S. hominis*, které dohromady představovaly 57,3 % – viz tabulka 1 a graf 1. Spolu

Tabulka 1: Koaguláza negativní stafylokoky identifikované v NRL/St z humánního klinického materiálu 2000–2020

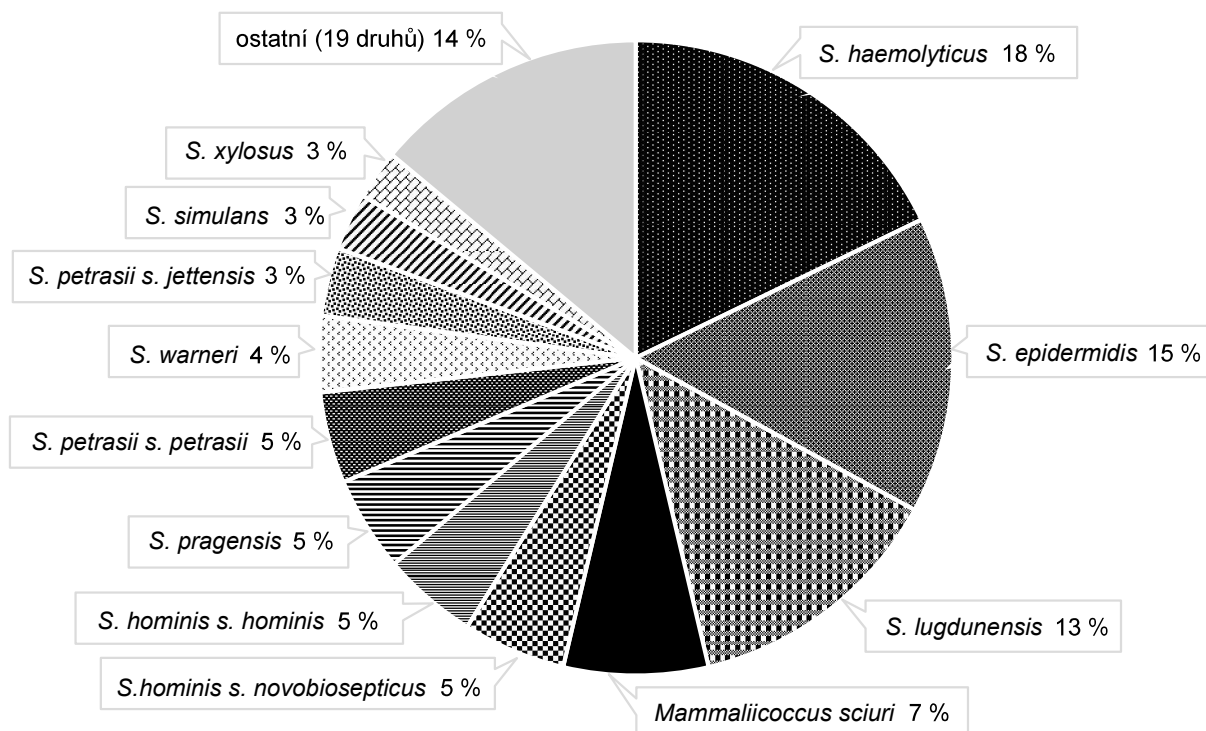
Č.	taxon	počet kmenů	%
1	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	438	87,9 %
2	<i>S. haemolyticus</i>	418	
3	<i>S. hominis</i> subsp. <i>novobiosepticus</i>	311	
4	<i>S. hominis</i> subsp. <i>hominis</i>	237	
5	<i>S. lugdunensis</i>	155	
6	<i>S. saprophyticus</i> subsp. <i>saprophyticus</i>	130	
7	<i>Mammaliococcus sciuri</i> *)	98	
8	<i>S. warneri</i>	85	
9	<i>S. pragensis</i>	84	
10	<i>S. petrasii</i> subsp. <i>jettensis</i>	80	
11	<i>S. petrasii</i> subsp. <i>petrasii</i>	71	
12	<i>S. simulans</i>	45	
13	<i>S. xylosus</i>	36	
14	<i>S. capitis</i> subsp. <i>urealyticus</i>	31	
15	<i>S. capitis</i> subsp. <i>capitis</i>	28	
16	<i>S. caprae</i>	23	
17	<i>S. ureilyticus</i>	23	
18	<i>S. pettenkoferi</i>	19	
19	<i>S. pasteurii</i>	18	
20	<i>S. croceilyticus</i>	13	
21	<i>S. auricularis</i>	12	
22	<i>S. schleiferi</i>	12	
23	<i>S. cohnii</i>	11	
24	<i>Mammaliococcus vitulinus</i> *)	11	
25	<i>S. condimentii</i>	10	
26	<i>S. equorum</i> subsp. <i>equorum</i>	10	
27	<i>Mammaliococcus lentus</i> *)	9	
28	<i>S. felis</i>	8	
29	<i>S. saccharolyticus</i>	4	
30	<i>S. succinus</i>	4	
31	<i>Staphylococcus</i> sp. **)	3	
32	<i>S. casei</i>	3	
33	<i>S. gallinarum</i>	2	
34	<i>S. chromogenes</i>	2	
35	<i>S. nepalensis</i>	2	
36	<i>S. arletae</i>	1	
37	<i>S. carnosus</i> subsp. <i>carnosus</i>	1	
38	<i>S. kloosii</i>	1	
CELKEM		2 449	

*) mammaliokoky byly dříve zástupci „*Staphylococcus sciuri* group“ **) zatím neurčeno

Graf 2: Nejčastějších 12 KNS identifikovaných v NRL/St 2000–2020 izolovaných z krve (počet vzorků = 1 209)



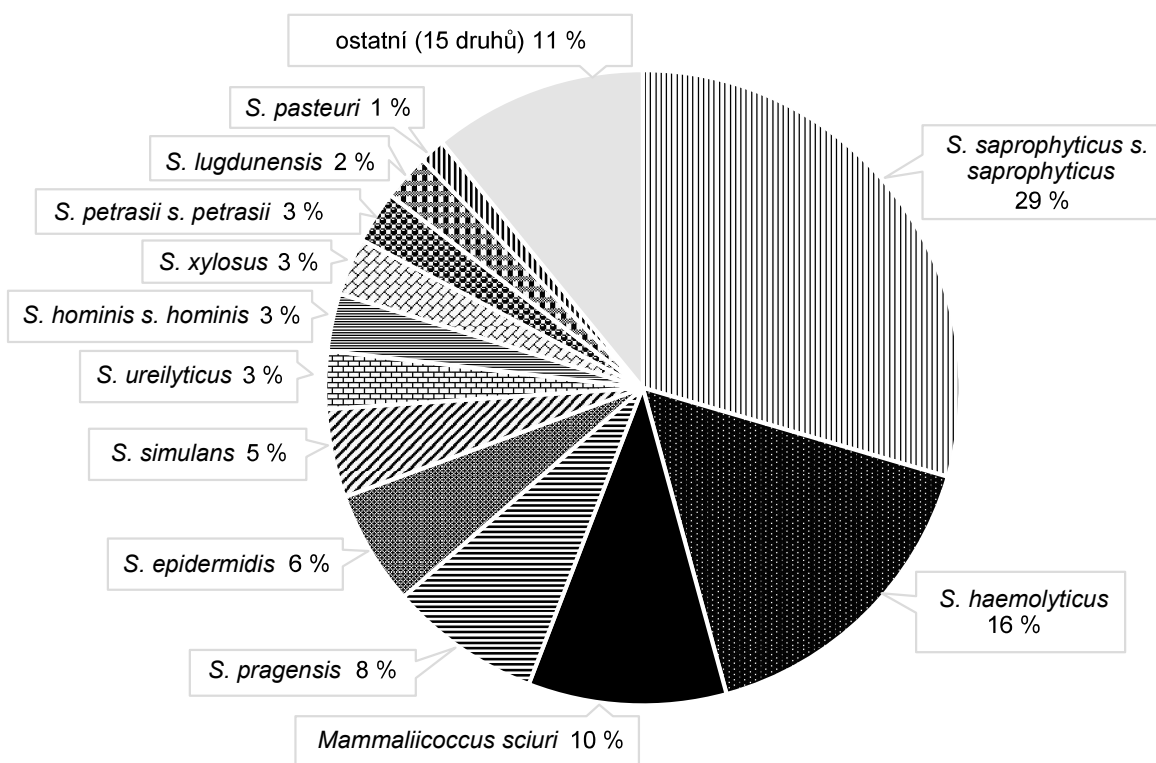
Graf 3: Nejčastějších 12 KNS identifikovaných v NRL/St 2000–2020 izolovaných z hnisu (počet vzorků = 516)



s dalšími 8 KNS tvořilo těchto 12 nejčastějších 87,9 %. Na dalších 26 druhů připadlo 12,1 %, v celém souboru bylo 38 různých taxonů. Ve výčtu je i 118 kmenů (4,8 %) mammaliikoků: *Mammaliicoccus sciuri*, *M. vitulinus* a *M. lentus*.

V souboru „krev“ bylo identifikováno 1 209 kmenů. Nejčastějším z celkem 32 identifikovaných taxonů byl *S. epidermidis*, následovaný *S. hominis* subsp. *novobiosepticus* a *S. haemolyticus*. Spolu s poddruhem *S. hominis* subsp. *hominis* tvořily skoro ¾ všech záchytů (72,8 %),

Graf 4: Nejčastějších 12 KNS identifikovaných v NRL/St 2000–2020 izolovaných z moče (počet vzorků = 376)



12 nejčastějších pak znamenalo 92 %. Na zbývajících 20 dalších taxonů zbylo pouze 8 % (graf 2).

Do souboru „**hnis**“ bylo zařazeno 516 kmenů. Nejčastější byl *S. haemolyticus*, *S. epidermidis* a *S. lugdunensis*. Hned za nimi potom byly kmeny bývalého *S. sciuri*, dnešní *Mammaliococcus sciuri*. Na dalších pozicích jsou dva poddruhy *S. hominis*: subsp. *hominis* a subsp. *novobiosepticus*, *S. petrasii* subsp. *petrasii* a *S. pragensis*. Nejčastějších 12 taxonů z celkových 31 identifikovaných obsadilo 86 %, zbývajících 14 % tvoří 19 dalších druhů KNS (graf 3).

V souboru 376 kmenů izolovaných převážně z močí dominoval známý patogen infekcí močových cest *S. saprophyticus* (29,5 %), na druhém místě *S. haemolyticus* a na třetím *Mammaliococcus sciuri*. Dále to byly kmeny *S. pragensis*, které přeskočily i druh *S. epidermidis*. Z močí byl zachycen nejmenší počet různých taxonů: 27 (graf 4).

U 348 kmenů posledního souboru „**ostatní**“ se po *S. haemolyticus* a *S. epidermidis* dostal na třetí pozici opět *S. lugdunensis*, častější jsou i kmeny *S. warneri*. Nejčastějších 12 taxonů tvoří 81 %, celkem jich bylo v tomto souboru identifikováno 32 (graf 5).

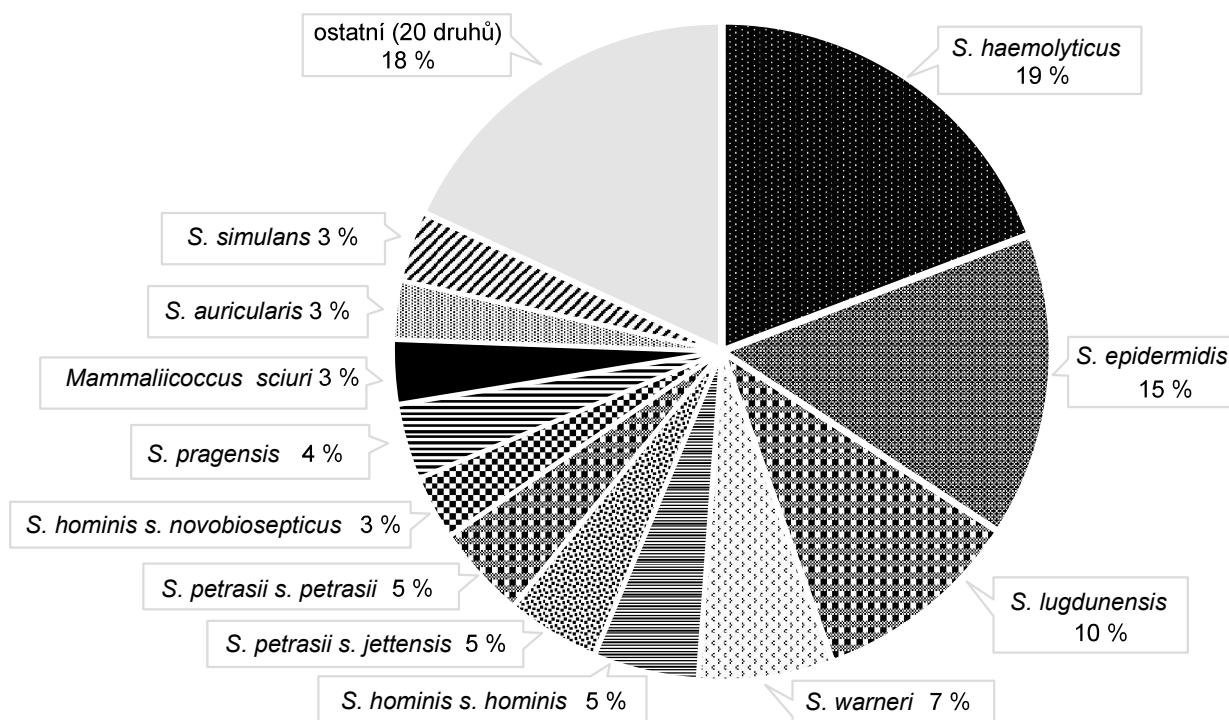
DISKUZE

Postupně přibývá pracovišť, která mohou pracovat s MALDI-TOF hmotnostní spektrometrií, a s tím i klesá počet kmenů, která jsou do NRL/St k identifikaci zasílány. V roce 2020 jich bylo už jen 53.

Naše laboratoř začala využívat MALDI-TOF MS od ledna 2011. Hned na začátku jsme provedli srovnávací studii identifikace přes 400 klinických izolátů vybraných z 31 různých stafylokokových druhů a poddruhů fenotypovým způsobem a hmotnostní spektrometrií. Zjistili jsme, že MALDI-TOF MS umí stafylokoky velice dobře identifikovat a její výsledky jsou ve velice dobré shodě s fenotypovým způsobem identifikace. V „zelené“ kategorii na 3+ nebo 2+ bylo 79 % kmenů, ve „žluté“ na 1 křížek 16 % kmenů, pouze 5 % bylo v kategorii „nri“ [6].

V souboru kmenů „**krev**“ izolovaných v souvislosti s krevním řečištěm, který představoval polovinu všech analyzovaných kmenů, se téměř ze 75 % uplatňovaly tři nejznámější druhy KNS: *S. epidermidis*, *S. haemolyticus* a *S. hominis*. Především kmeny poddruhu *S. hominis* subsp. *novobiosepticus* jsou velice rezistentní, a tudíž představují problém při terapii infekcí krevního řečiště. MALDI-TOF MS neumí tyto dva poddruhy rozlišit, ale stačí jednoduchý test rezistence k novobiocinu, který je u subsp. *novobiosepticus* pozitivní (inhibiční zóna je ≤ 16 mm). Z hemokultur byly zachyceny i 4 kmeny *S. condimenti*. První kmeny tohoto druhu byly izolovány v roce 1998 ze směsi k přípravě sójových omáček a byly považovány za nepatogenní. V roce 2014 byl však poprvé popsán případ katérové sepse vyvolané tímto koaguláza negativním stafylokokem u 17leté dívky v Japonsku [7]. V naší laboratoři se podařilo potvrdit tento druh z hemokultury 61letého onkologického pacienta, který byl 19 dní hospitalizován na KARIM. Případ byl uzavřen jako

Graf 5: Nejčastějších 12 KNS identifikovaných v NRL/St 2000–2020 izolovaných z materiálu „ostatní“ (počet vzorků = 348)



septický šok při pankreatitidě se sekundární peritonitidou vyvolanou kmenem *S. condimentii* [8].

V souboru „hnis“ byly nejčastějšími KNS *S. haemolyticus* a *S. epidermidis* a na třetí pozici se dostal *S. lugdunensis*. Tento KNS s pozitivním testem vázané koagulázy (clumping-faktor) je popisován jako častá příčina hnisavých infekcí kůže a podkoží. Snadno ho konfirmuje u stafylokoků téměř výjimečná schopnost produkovat ornitin dekarboxylázu (pouze asi 5 % kmenů *S. epidermidis* je také ornitin pozitivních). Podobně jako v ostatních souborech jsou relativně četné kmeny českých druhů *S. pragensis*, *S. petrasii* subsp. *petrasii* a belgického *S. petrasii* subsp. *jettensis*. Tato čísla ale neodpovídají výskytu v běžné terénní populaci, protože kolegové vědí, že je v naší laboratoři podrobně studujeme a posílají nám je do laboratorní sbírky. Indickými taxonomy navržené sloučení poddruhů subsp. *petrasii* a subsp. *jettensis* [2] nebylo notifikováno, a tak zůstaly dva poddruhy [4]. MALDI-TOF MS tyto taxony odlišit neumí, biochemicky je možné je dobře oddělit: kmeny subsp. *petrasii* mají proti subsp. *jettensis* pozitivní test ureázy a manózy. Izoláty subsp. *jettensis* jsou často rezistentní vůči antibiotikům, včetně oxacilinu.

U kmenů pocházejících z infekcí **urogenitálního traktu** byl nejčastějším *S. saprophyticus* (taxonomicky přesně *S. saprophyticus* subsp. *saprophyticus*) – téměř 30 % izolátů. Tento stafylokok je už od 50. let minulého staletí považován za původce močových infekcí. Má významně větší schopnost adherovat na uroepiteliální buňky než ostatní stafylokoky. Byl třetím rozpoznávaným

stafylokokovým druhem (po *S. aureus* a *S. epidermidis*) a vlastně prvním, který upozornil na skutečnost, že i KNS mohou vyvolat onemocnění. Relativně často jsme identifikovali bývalé oxidáza pozitivní „veverčí“ stafylokoky, dnes *Mammaliicoccus sciuri*. Také kmeny *S. pragensis* mají zřejmě větší afinitu k urogenitálnímu traktu.

V posledním souboru „ostatní“ byly identifikovány nejčastěji *S. haemolyticus* a *S. epidermidis* (v obráceném pořadí, než je obvyklé), podobně jako u kmenů z hnisavých ran byl na třetím místě *S. lugdunensis*. Častější byly i kmeny *S. warneri*, který také patří k prvním, které byly popsány již v roce 1975 [9], který byl začátkem prezentace nových KNS a rozpoznání jejich role v etiologii lidských onemocnění.

Ve všech našich souborech bylo identifikováno 35 různých stafylokokových taxonů a 3 zástupci dnešního nového rodu *Mammaliicoccus* [2]. Nejvzácnějšími – po jednom izolátu – byly: *S. arlettae* (nejčastější záchyt je u divokých ptáků – v našem souboru z moče), *S. carnosus* subsp. *carnosus* (obvykle z uzenin – u nás ze stolice), *S. kloosii* (od divokých zvířat – u nás opět z moče).

Po dvou izolátech jsme našli *S. gallinarum*, který byl původně popsán u drůbeže. Dnes už je několik publikací uvádějících ho jako agens humánních infekcí. V našem souboru se jednalo o izolát z hemokultury při sepsi po poklování dolní končetiny kohoutem, a dále o výtěr z vnějšího zvukovodu. Potom to byly dva izoláty *S. nepalensis*, který byl prvně popsán v roce 2003 u himalájských koz – u nás z moče a zhnisané rány [10]. *S. chromogenes* je obvykle spojován s mastitidou u krav, v našem souboru je jeden kmen z nosu a jeden z ucha.

Za vzácné identifikace považujeme i 4 kmeny *S. succinus*. Tento stafylokok byl popsán v r. 1998, kdy byly dva kmeny izolovány ze zbytků rostlin ve zkamenělém jantaru z třetihor starém 25–35 milionů let [11]. Naše izoláty pocházely ze stěrů zhnisaných ran, z moče a z hemokultury [12].

Všechny tyto raritní kmeny si uchováváme v laboratorní sbírce NRL. U starších izolátů jsme tak mohli potvrdit jejich původní biochemickou identifikaci metodou MALDI-TOF MS. Při ne zcela přesvědčivých výsledcích nám identifikaci potvrdili pomocí molekulárních metod kolegové v České sbírce mikroorganismů (CCM) a v Ústavu experimentální biologie PŘF MU v Brně.

Ani MALDI-TOF MS není všemocná, i když u stafylokoků – v porovnání s některými jinými rody bakterií – vychází identifikace velice dobře v soulase s konvenčními biochemickými i novými molekulárními metodami. Existují dvojice taxonů, u kterých nám při nejasnosti pomůžou fenotypové reakce (např. u již zmíněných poddruhů *S. hominis* a *S. petrasii*). Někdy je ale nutné použít nejmodernější genetické metody.

ZÁVĚR

Řada KNS představuje hlavní součást mikroflóry kůže a sliznic člověka, mohou se však uplatnit jako významné oportunní patogeny. Některé jsou specifické pro jisté druhy zvířat (např. *S. muscae* u mouchy, *S. microti* u hraboše polního, *S. felis* u koček atd.). Některé jsou typické pro různá prostředí (např. *S. condimentii* je nalézán v sojové omáčce, *S. carnosus* v uzeninách). I tyto KNS je možné zachytit v humánním klinickém materiálu, jak se i v naší laboratoři několikrát potvrdilo. Typickým je např. záchyt *S. felis* ve zhnisané ráně po poškrábání kočkou. V této studii bylo nalezeno přes 55 % všech v současnosti známých (pod)druhů KNS. Jako podmíněné patogeny je důležité kmeny KNS, zvláště ty izolované z hemokultur a dalších normálně sterilních lokalit, podrobně identifikovat a zjistiť jejich antibiotickou rezistenci.

Poděkování

Autoři děkují všem svým bývalým kolegyním, které se na práci NRL pro stafylokoky za celou dobu podílely.

Velký dík patří pracovníkům České sbírky mikroorganismů (CCM) a Ústavu experimentální biologie Přírodovědecké fakulty Masarykovy univerzity v Brně za úžasnou mnohaletou spolupráci ve stafylokokové problematice.

Děkujeme i všem kolegyním a kolegům z terénních laboratoří, kteří nám zajímavé kmeny KNS izolované z humánního klinického materiálu posílají. Nejčastěji to jsou dr. Věra Hásková z Hořovic, dr. Petr Ježek z Příbrami, Mgr. Tereza Prokopová z Ostravy a dr. Eva Šimečková ze Strakonice.

LITERATURA

- [1] Votava M, a kol. Rod *Staphylococcus* in: Lékařská mikrobiologie speciální. Brno Neptun 2003; str. 99–109.
- [2] Madhaiyan M, Wirth JS, Saravanan VS. 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*. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2020; 70(11): 5926–5936.
- [3] Petráš P, Švec P. Taxonomické změny v rodu *Staphylococcus*. Zprávy CEM (SZÚ, Praha). 2020; 29(11): 444–446.
- [4] Oren A, Garrity GM. Notification that new names of prokaryotes, new combinations, and new taxonomic opinions have appeared in volume 70, part 11 of the IJSEM. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2021; 71(2). <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004732>.
- [5] Perreten V, Kania SA, Bemis D. *Staphylococcus ursi* sp. nov., a new member of the '*Staphylococcus intermedius* group' isolated from healthy black bears. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2020; 70(8): 4637–4645.
- [6] Petráš P, Pantůček R, Šedo O, Machová I, Zdráhal Z, Švec P. Identification of clinical isolates from the genus *Staphylococcus* by MALDI-TOF MS and conventional phenotypic methods. Abstract book: 25th International Symposium on Staphylococci and Staphylococcal Infections ISSI 2012, Lyon, France 26.–30. 8. 2012, str. 140. Poster P17 – 326.
- [7] Misawa Y, Yoshida A, Okugawa S, Moriya K. First reported case of *Staphylococcus condimentii* infection associated with catheter-related bacteraemia. *New Microbes New Infect*. 2014; 3: 18–20.
- [8] Vítková I, Lengerová M, Kratochvíl M, Agalarev V, Sokolová J, Petráš P. *Staphylococcus condimentii* jako původce sepse o oslabeného pacienta – kazuistika. Zprávy CEM (SZÚ, Praha). 2017; 26(4): 150–152.
- [9] Kloos WE, Schleifer KH. Isolation and characterization of Staphylococci from human skin. II. Description of four new species: *S. warneri*, *S. capitis*, *S. hominis*, and *S. simulans*. *Int J Syst Bacteriol* 1975; 25(1): 62–79.
- [10] Nováková D, Pantůček R, Petráš P, Koukalová D, Sedláček I. Occurrence of *Staphylococcal nepalensis* strains in different sources including human clinical material. *FEMS Microbiol Lett*. 2006; 263: 163–168.
- [11] Lambert LH, Cox T, Mitchell K, et al. *Staphylococcus succinus* sp. nov., isolated from Dominican amber. *Int J Syst Bacteriol*. 1998; 48: 511–518.
- [12] Nováková D, Sedláček I, Pantůček R, Štětina V, Švec P, Petráš P. *Staphylococcus equorum* and *Staphylococcus succinus* isolated from human specimens. *J Med Microbiol*. 2006; 55(5): 523–528.

Petr Petráš, Tereza Měřínská,
Radoslava Hutníková
NRL pro stafylokoky, CEM SZÚ