

VLIV MIKROVLÁKEN NA HORIZONTNÁLNÍ PŘENOS GENŮ MEZI MIKROORGANISMY VE VODNÍM PROSTŘEDÍ

Bc. Martina Marušková

- Sekce –MECHATRONIKA,
Fakulta mechatroniky, 2. ročník
Magisterský navazující studijní program – NANOTECHNOLOGIE

Abstrakt: Tato práce se zabývá vlivem mikrovláken na horizontální přenos genů antibiotické rezistence v bakteriálních společenstvech sladkovodního prostředí. Ačkoliv byla frekvence přenosu rezistentních genů vyšší u volně žijících bakterií, mikrovlákna podporovala tvorbu biofilmů a zvyšovala abundanci bakteriálních komunit. Sekvenční analýza ukázala, že více než 70 % taxonomů, které přijaly rezistentní gen, tvořily oportunní patogeny. Vzhledem k tomu, že mikrovlákna představují nejrozšířenější formu mikroplastového znečištění, mohou díky svému vysokému měrnému povrchu a schopnosti podporovat šíření rezistentních bakterií představovat významné riziko pro životní prostředí i lidské zdraví.

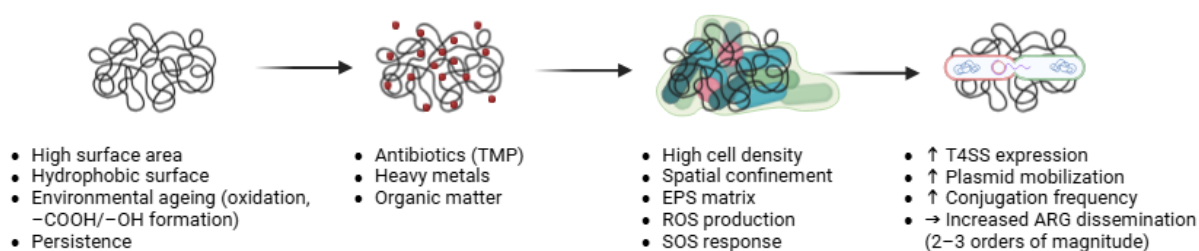
Klíčová slova: horizontální přenos genů, antibiotická rezistence, mikrovlákna, biofilm, sladkovodní prostředí, bakteriální společenstva, plastisféra, oportunní patogeny

1 Úvod

Antibiotika (ATB) představují jeden z nejdůležitějších milníků moderní medicíny (Abdollahi et al., 2025). Jejich současné nadužívání a plýtvání v humánní i veterinární medicíně a zemědělství vedlo k vážné ekologické krizi (Abdollahi et al., 2025). Alarmujícím faktem je, že po požití lidmi nebo zvířaty se 30 % až 90 % aktivních látek vylučuje v nezměněné formě močí a výkaly přímo do odpadních vod (Danner et al., 2019). Současné čistírny odpadních vod (ČOV) nejsou technologicky navrženy k účinnému odstraňování těchto farmaceutických mikropolutantů (Kulik et al., 2023). Ty se tak kontinuálně dostávají do vodních ekosystémů. Šíření antibiotické rezistence (AR) je úzce spjato s přítomností těchto látek v prostředí (Kulik et al., 2023).

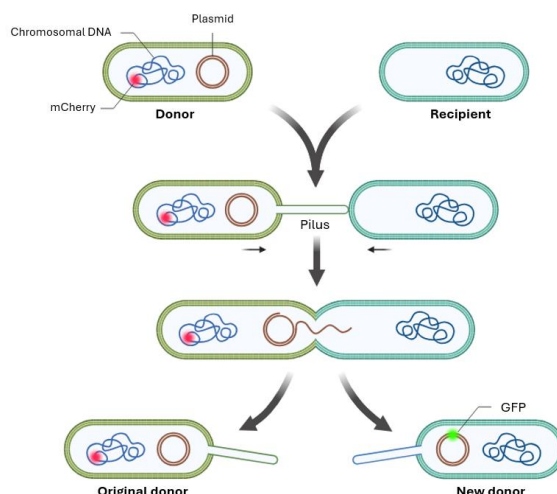
Bakterie si rezistenci osvojují právě při setkání se selekčním tlakem ATB (Barancheshme a Munir, 2018). Do povrchových vod, jako jsou jezera využívaná k rekreaci, se ATB a rezistentní bakterie dostávají nejen z ČOV, ale i z dalších zdrojů (Barancheshme a Munir, 2018). Významným přispěvatelem je zemědělství (He et al., 2020). Ať už jde o přímé používání ATB k ochraně rostlin nebo hnojení polí močůvkou a hnojem od hospodářských zvířat, která jsou jimi preventivně dopována (He et al., 2020). I během běžného koupání mohou lidé do vody vylučovat zbytky léčiv či rezistentní kmeny, čímž se vodní prostředí stává rezervoárem genů rezistence (Kulik et al., 2023).

Paralelně s chemickým znečištěním čelí vodní světy invazi mikrovláken (Gaylarde et al., 2021). Jedná se o nejvíce abundantní formu mikroplastového znečištění, charakteristickou svým protáhlým tvarem a velkým povrchem (Henry et al., 2019). Během jediného pracovního cyklu se z textilního oblečení může uvolnit $6,4 \times 10^5$ až $1,5 \times 10^6$ mikrovláken, která tvoří dominantní frakci plastových částic v přítocích ČOV (Gaylarde et al., 2021). Kromě praní je velkým zdrojem také mechanické opotřebení textilií při nošení. Dále pak používání netkaných textilií v zemědělství a odpad ze zdravotnictví (Issac a Kandasubramanian, 2021).



Obrázek 1 : Schématické znázornění faktorů podporujících HGT antibiotické rezistence na povrchu mikrovláken. Vytvořeno s pomocí Biorender.com.

Ve vodním prostředí se tyto dva polutanty, ATB a mikrovlákna, setkávají (Obrázek 1) a vytvářejí specifické biologické niky zvané plastisféra (Nguyen et al., 2023). Povrch mikrovláken poskytuje ideální substrát pro kolonizaci bakteriemi a tvorbu biofilmu (Nguyen et al., 2023). V plastisféře, nasycené rezidui ATB, jsou bakterie vystaveny selekčnímu tlaku (Luo et al., 2023). Buď si osvojí AR, nebo zahynou. Toto prostředí tak aktivně podporuje horizontální přenos genů (HGT) (Luo et al., 2023).



Obrázek 2 : Schéma konjugativního horizontálního přenosu plasmidu mezi donorovou a recipientní bakterií. Vytvořeno s pomocí Biorender.com.

Vzhledem k vysoké hustotě buněk v biofilmu je nejčastějším způsobem HGT konjugace, jejíž mechanismus je zobrazen na obrázku 2 (Abe et al., 2020). Při tomto ději dochází k přímému kontaktu dárce rezistentního genu a příjemce (Arias-Andres et al., 2018). Tyto buňky se propojí pomocí konjugačního pilusu, což je komplex proteinů, který spojuje membrány obou bakterií (Abe et al., 2020). Gen rezistence, umístěný na plasmidu, se v dárcovské buňce zdvojnásobí (Tokuda a Shintani, 2024). Jedna kopie je ve formě jednořetězcové DNA předána skrze pilus do buňky příjemce (Michealis, 2023). Klíčovým rizikem je, že příjemce, který získal nový plasmid, se sám stává dárce (Tokuda a Shintani, 2024). Což vede k exponenciálnímu šíření AR v populaci (Michealis, 2023).

Tento fenomén představuje kritické riziko pro lidské zdraví (Arias-Andres et al., 2018). Světová zdravotnická organizace (WHO) řadí AR mezi deset největších globálních hrozeb (Michealis, 2023). Pokud bude současný trend pokračovat, odhaduje se, že do roku 2050 zemře na následky infekcí způsobených rezistentními bakteriemi až 10 milionů lidí ročně (Luo et al., 2023). V reakci na tuto hrozbu se i Česká republika v rámci EU zavázala ke konkrétním cílům, jako je snížení celkové spotřeby ATB a omezení šíření multirezistentních patogenů (Žemličková, 2023). Tato práce se proto zaměřuje na objasnění role mikrovláken v tomto nebezpečném procesu šíření rezistence ve vodním prostředí.

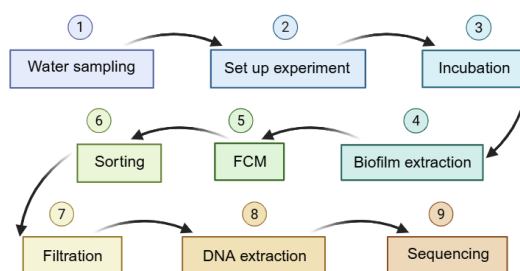
2 Materiál a metody

2.1 Materiály

V experimentu byly použity čtyři typy textilních materiálů získaných z Textilní fakulty Technické univerzity v Liberci: syntetický polyester (PES_blue a PES_red od firmy JamiTex), recyklovaný polyester (rPES_black od Polartec) a přírodní bavlna (Cotton_pink od Dětské látky). Aby bylo možné materiály objektivně porovnat, byl jejich vstup normalizován podle povrchu (1 cm²), přičemž z textilií byla manuálně oddělena jednotlivá vlákna simulující reálné znečištění.

Jako modelový donorový systém sloužil kmen *E. coli* MG1655 (poskytnutý laboratoří IGB v Berlíně), nesoucí plasmid pKJK5::gfpmut3 s geny rezistence a fluorescenčními markery mCherry a GFP. GFP slouží k identifikaci bakteriálních transkonjugantů, tedy bakterií, které přijaly rezistentní gen na trimetoprim (TMP). Příjemcem byla přirozená mikrobiální komunita z jezera Stechlin. Donorový kmen byl kultivován v médiu DEV za přítomnosti ATB sloužících k udržení selekčního tlaku. Použitá ATB jako TMP a kanamycin (KAN) byla získána od společnosti Sigma-Aldrich.

2.2 Metodika



Obrázek 3 : Schéma metodiky diplomové práce, hlavní experiment. Vytvořeno s pomocí Biorender.com.

Experiment (Obrázek 3) začal odběrem čerstvé vody z jezera Stechlin. Pro zachování integrity přirozené komunity byla voda obohacena kultivačním médiem DEV v poměru 1000:1. Následně byla voda podrobena 48hodinové aklimatizaci při 25 °C. Tento krok sloužil ke stabilizaci mikroorganismů před samotným pokusem.

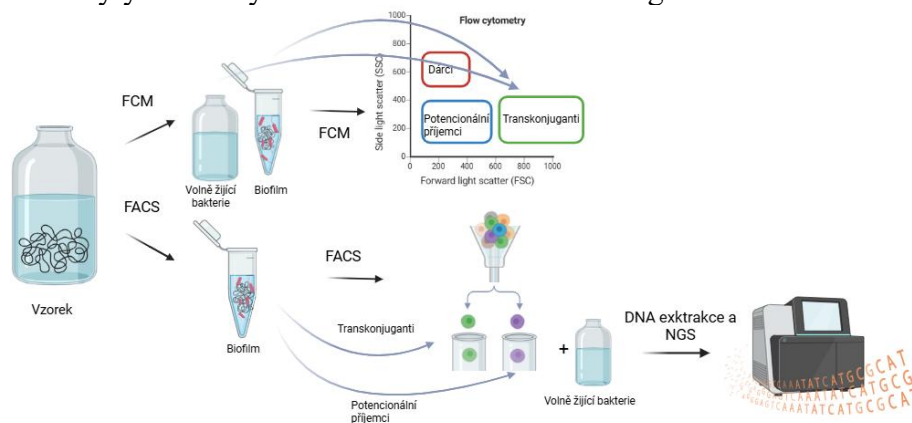
Do skleněných lahvíček s 20 ml aklimatizované jezerní vody byly přidány fragmenty mikrovláken o ploše 1 cm². Následně byla vpravena donorová kultura *E. coli* (standardizovaná na OD₆₀₀ = 0,431) v objemu 116 µl na vzorek. Byly vytvořeny dvě paralelní sady. Sada bez přidání ATB (no-ATB) a sada s přidáním TMP v environmentální koncentraci 300 ng/l.

Vzorky byly inkubovány 5 dní při 25 °C za stálého míchání (150 rpm), což simulovalo podmínky vhodné pro růst biofilmu a kontakt bakterií s vlákny. Poté následovala stabilizační fáze (5 dní při 4 °C). Ta zastavila metabolickou aktivitu a umožnila plné vyvinutí fluorescenčních proteinů (GFP) pro následnou detekci transkonjugantů, kteří přijali rezistentní gen.

Po inkubaci byla vlákna manuálně vyjmuta sterilní pinzetou. Pro uvolnění bakterií z povrchu vláken byl použit sekvenční chemicko-mechanický protokol. Nejprve se k vláknům přidal fyziologický roztok a vzorky se vortexovaly. Následoval přidavek pyrofosfátu sodného a 3 – 4 cykly vortexování s 10 min přestávkami pro rozrušení extracelulární matrix. Tento protokol byl zakončen ultrazvukovou lázní po dobu 30 s, která se opakovala dvakrát.

Následně byly vzorky analyzovány pomocí průtokové cytometrie (FCM, Obrázek 4). Vzorky z biofilmu i volné vody byly naředěny v roztoku PBS a filtrovány přes nylonové síto, aby se

zabránilo ucpání přístroje zbytky vláken. Analýza probíhala při akvizici 20 000 událostí na vzorek. Bakterie byly rozlišeny na základě fluorescenčních signálů.



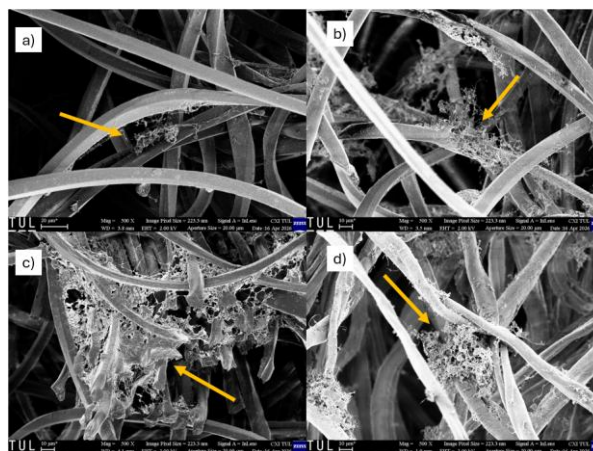
Obrázek 4 : Schéma procesu FCM a třídění bakterií FACS, pro následnou sekvenaci NGS. Vytvořeno s pomocí Biorender.com.

Pro následnou analýzu DNA (Obrázek 4) byly buňky z biofilmové frakce tříděny pomocí speciální metody FCM, která umí třídit buňky do separovaných cel (FACS). Cílem byla izolace 15 000 – 20 000 transkonjugantů a přibližně 600 000 – 700 000 potenciálních příjemců na vzorek. V případech nízké abundance transkonjugantů byly biologické replikáty slévány.

Izolace DNA proběhla podle standardních protokolů institutu IGB. Následovala příprava knihoven pro sekvenování genu 16S rRNA pomocí dvoukrokové PCR s využitím polymerázy KAPA HiFi. Produkty byly purifikovány pomocí magnetických kuliček AMPure XP a kvantifikovány fluorometricky (Qubit). Finální knihovny byly naředěny na 1 nM, smíchány do ekvimolárního poolu a sekvenovány na platformě Genexus (Obrázek 4).

3 Výsledky a diskuse

Pomocí skenovacího elektronového mikroskopu (Obrázek 5) byla potvrzena úspěšná kolonizace povrchu mikrovláken bakteriálními společenstvy. Snímky ukazují, že vlákna neslouží pouze jako pasivní nosiče, ale poskytují stabilní substrát pro tvorbu komplexní trojrozměrné struktury biofilmu. Bakterie jsou do povrchu pevně fixovány pomocí extracelulární matrix.



Obrázek 5 : Snímky ze skenovacího elektronového mikroskopu, zachycující biofilm na mikrovláknech. a) představuje recyklovaný polyester (rPES_black), b) polyester (PES_blue), c) polyester (PES_red), d) balvněný vzorek (Cotton_pink).

Tato vizualizace je klíčová, protože hustý biofilm na mikrovláknech vytváří ideální mikroprostředí s vysokou buněčnou hustotou. To radikálně zvyšuje pravděpodobnost vzájemného kontaktu mezi bakteriemi a vytváří ideální podmínky pro HGT.

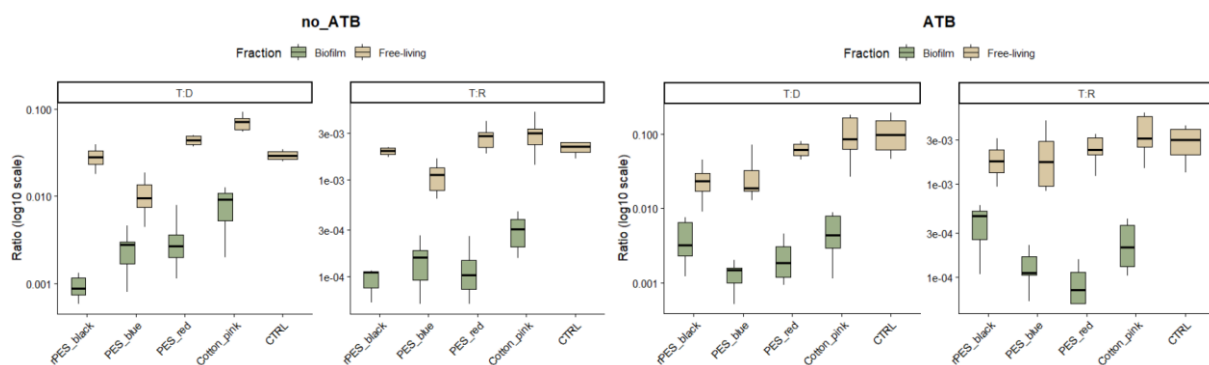
3.1 FCM

Analýza FCM mezi planktonní a biofilmovou frakcí byla provedena na základě T:D a T:R ratií. T:D ratio představuje, jak efektivní byli donoři při předávání rezistentních genů v plazmidech, a vypočítá se jako poměr transkonjugantů ku donorům. Oproti tomu T:R souvisí s úspěšností, s níž příjemci přijali rezistentní gen; vypočítá se jako transkonjuganti ku původním recipientům.

Tabulka 1 : Mediánové hodnoty abundance transkonjugantů, donorů, příjemců a HGT efektivity (T:R, T:D) v biofilmové frakci napříč testovanými mikrovláknými za no-ATB a ATB podmíněk.

no-ATB					
Material	HGT/g	Donors/g	Recipients/g	T:R	T:D
rPES_black	109215	82566553	923496981	0.000111	0.00088
PES_blue	192562	99983151	1921920809	0.000159	0.00278
PES_red	23285	8465989	224026390	0.000104	0.00269
Cotton_pink	171189	19390354	529593953	0.000307	0.00923
ATB					
Material	HGT/g	Donors/g	Recipients/g	T:R	T:D
rPES_black	277860	78079381	734310163	0.000457	0.00321
PES_blue	122589	85916043	993700037	0.000107	0.00099
PES_red	71740	56889498	1377902391	0.000052	0.00094
Cotton_pink	61294	6442181	125262441	0.000209	0.00433

Tabulka 1 shrnuje klíčové metriky HGT v biofilmu a poskytuje srovnání mezi absolutní abundancí bakterií a efektivitou přenosu vyjádřenou poměry T:D a T:R. Data potvrzují paradox, že vysoká bakteriální hustota nemusí znamenat nejvyšší frekvenci HGT. V setu bez selekčního tlaku vykazovala bavlna nejvyšší hodnoty u obou frekvencí, jak u T:D tak u T:R. Zde ale byly nejvyšší abundance transkonjugantů (HGT/g), dárců (Donors/g) i recipientů (Recipient/g) u polyesterového vzorku PES_blue. Tento trend se prohloubil u ATB setu, kde vykazovala bavlna (Cotton_pink) nejnižší abundance bakteriálních populací, ale naproti tomu nejvyšší frekvenci T:D = 0.00433. Nejvyšší T:R ratio u ATB setu pak bylo u vzorku s recyklovaným polyesterem (rPES_black) T:R = 0.000457. V ATB setu byla navíc prokázána silná pozitivní Spearmanova korelace mezi abundancí transkonjugantů a hustotou donorů ($\rho = 0,77$; $p = 2 \times 10^{-5}$). Tedy dostupnost dárcovských buněk nesoucích rezistentní plasmid je v tomto systému klíčovým faktorem určujícím celkový rozsah HGT na povrchu mikrovláken.



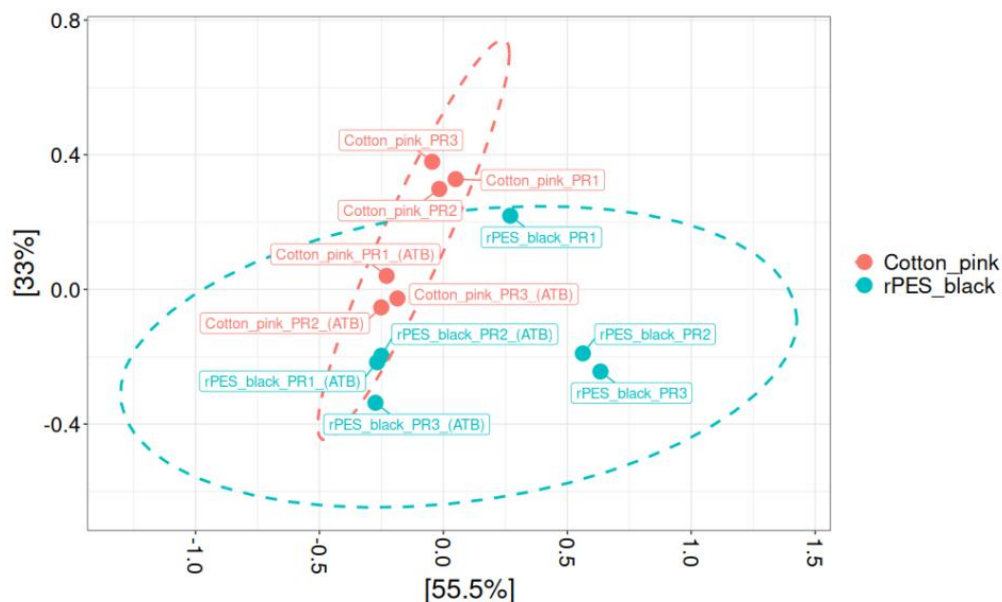
Obrázek 6 : Porovnání efektivity HGT (T:D a T:R) mezi biofilmovou a volně žijící frakcí v no-ATB a ATB experimentálních sadách.

Efektivita HGT byla signifikantně vyšší u volně žijící frakce v porovnání s biofilmovou frakcí (Obrázek 6, Tabulka 1). Statistická významnost byla prokázána u každého materiálu v rámci setů ATB a no-ATB (Wilcoxonův párový test, $p = 7.45 \times 10^{-9}$). Mediánové hodnoty poměrů byly v planktonní fázi často o více než řád vyšší.

Toto zjištění je v přímém rozporu s modelem, který publikovali (Arias-Andres et al., 2018). Ti ve své studii uvádějí, že biofilmy na mikroplastech fungují jako primární hotspoty HGT. Frekvence přenosu převyšovala volně žijící bakterie o dva až tři řády. Zásadní rozdíl ve výsledcích lze vysvětlit odlišnou morfologií částic. Zatímco Arias-Andres et al. (2018) pracovali se sférickými mikroplasty, tato práce využívá mikrovlnky, která mají extrémně vysoký poměr povrchu k objemu a odlišnou topologii. Mechanistické vysvětlení nižší efektivity v biofilmu nabízí studie (Wit et al., 2022), podle které mohou být buňky v biofilmu prostorově „uvězněny“ v matrix mimobuněčných polymerních látek, což omezuje jejich pohyblivost a kontakt s dárci. Biofilmy navíc často tvoří klonální shluky, které fyzicky brání interakci mezi odlišnými kmeny. Naproti tomu kontinuální míchání (150 rpm) v planktonní fázi zvyšovalo frekvenci srážek buněk a umožnilo překonat bariéry, které v biofilmu HGT brzdí. Recyklovaný polyester pod selekčním tlakem TMP naznačuje, že pozměněný povrch s chemickým stresem může modifikovat bakteriální odpověď a zvýšit tak přenos rezistentních genů.

Při srovnání vlivu substrátu se ukázalo, že bavlna (Cotton_pink) vykazovala nejvyšší efektivitu přenosu genů v téměř všech případech, přestože byla osídlena méně než syntetické materiály (Obrázek 6, Tabulka 1). Jedinou výjimkou byl recyklovaný polyester (rPES_black), který v sadě ATB vykazoval v biofilmu nejvyšší poměr T:R (Obrázek 6, Tabulka 1). Tento paradox potvrzuje i studie (Jaffer et al., 2026), která zjistila vyšší frekvenci HGT na přírodních materiálech (PLA) ve srovnání s konvenčními plasty, což naznačuje, že kvalita povrchu a mikro-niky jsou pro HGT důležitější než celková abundance bakterií.

3.2 Sekvence

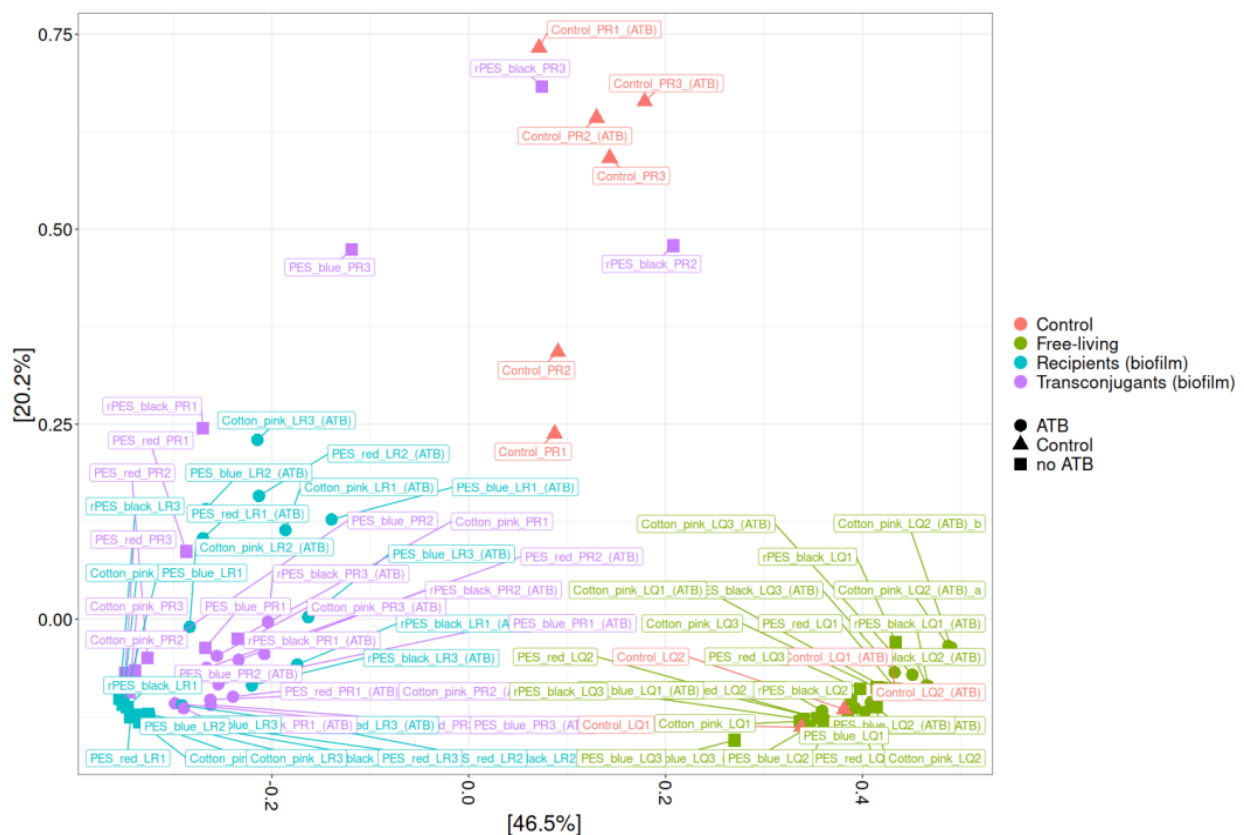


Obrázek 7 : PCoA analýza beta diverzity transkonjugantních komunit asociovaných s mikrovlnky Cotton_pink a rPES_black.

Materiálový rozdíl mezi přírodní bavlnou a recyklovaným polyesterem je patrný i na obrázku 7, který představuje rozdělení na základě beta diverzity, konkrétně PCoA. Mezi

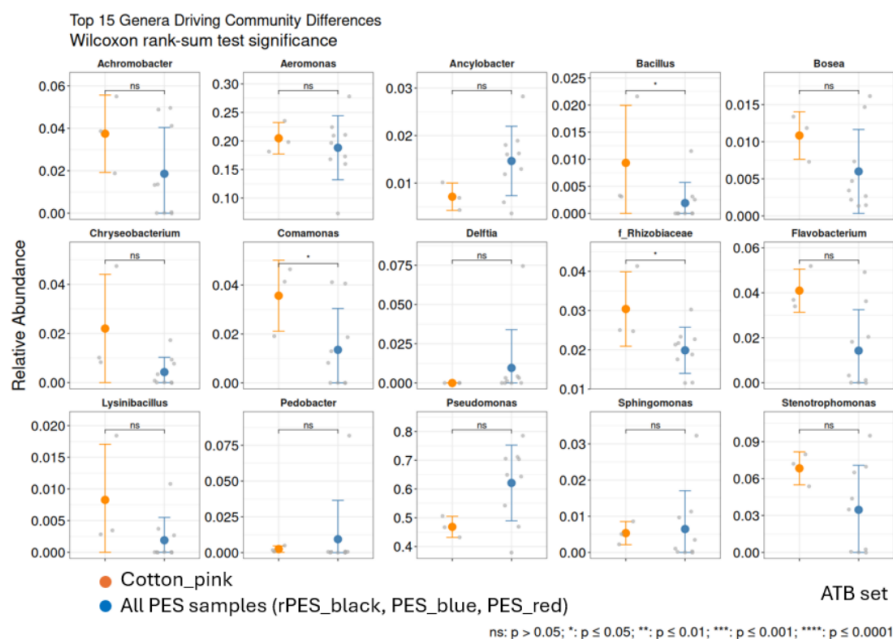
určitými vzorky těchto materiálů byla zjištěna statistická rozdílnost. Materiál mikrovláken tedy neurčuje pouze kvantitu přenosu genů, ale zásadně ovlivňuje taxonomickou identitu jejich příjemců. Bavlna díky své hydrofilní a struktuře selektuje specifické a stabilní populace. Heterogenní povrch recyklovaného polyesteru vytváří odlišné adhezní podmínky vedoucí k větší variabilitě transkonjugantů.

Na obrázku 8 je také zobrazena analýza beta diverzity pomocí PCoA, která vykazuje striktní rozdělení bakteriálních komunit podle jejich životního stylu. Volně žijící frakce (pravý dolní shluk), tvořila zcela oddělenou část od biofilmové frakce (levý dolní shluk). Toto potvrzuje vytváření speciálních plastisfér v rámci biofilmu na mikrovlákněch. Povrch vláken tak funguje jako selektivní bariéra umožňující růst pouze adaptovaným taxonomům. Zajímavým zjištěním je, že v tomto celkovém pohledu není patrné silné shlukování vzorků podle přítomnosti TMP, což naznačuje, že mikrobiální životní styl má na strukturu komunity silnější vliv než samotný selekční tlak ATB.



Obrázek 8 : Analýza beta diverzity (PCoA) zobrazující taxonomické rozdíly mezi biofilmovými transkonjuganty, biofilmovými příjemci a volně žijící frakcí v přítomnosti a nepřítomnosti TMP.

Tato výrazná separace komunit potvrzuje existenci tzv. plastisféry, kterou mikrovláknem ve vodním prostředí vytvářejí. Zjištěná data jsou v souladu se studiemi (Arias-Andres et al., 2018) a (Nguyen et al., 2023), které rovněž popisují, že mikroplasty selektují unikátní společenstva bakterií, jež se funkčně i taxonomicky liší od okolního vodního sloupce.



Obrázek 9 : Nejvýznamnější rozdíly v relativní abundanci bakteriálních rodů mezi biofilmy na bavlněných a polyesterových mikrovláknech v ATB experimentální sadě.

Klíčovým zjištěním sekvenační analýzy (Obrázek 9) byla výrazná dominance gramnegativních bakterií mezi transkonjuganty, které v obou experimentálních sadách (no-ATB i ATB) tvořily přibližně 87 % detekovaných taxonů. Tento trend je pravděpodobně dán mechanickou kompatibilitou s dárcovským kmenem *E. coli* (rovněž gramnegativním), kde konjugace HGT probíhá efektivněji skrze sdílené struktury buněčné stěny a proteinový pilusový komplex.

Nejzávažnější environmentální riziko pak ilustruje obrázek 9, který zobrazuje 15 nejvýznamnějších rodů účastnících se HGT pod selekčním tlakem TMP. Výsledky ukazují, že až 80 % transkonjugantů v sadě s TMP patřilo mezi oportunní patogeny. Dominantní roli hrál zejména rod *Pseudomonas*, jehož relativní abundance v transkonjugantní komunitě dosahovala 40 % až 80 %. Společně s rody *Aeromonas* a *Stenotrophomonas* tak mikrovlákna v přítomnosti reziduí ATB selektivně „vyzbrojují“ geny rezistence právě ty bakterie, které představují hrozbu pro lidské zdraví. V rekreačním prostředí jezera Stechlin, kde dochází k přímému kontaktu lidí s vodou, fungují mikrovlákna jako vysoce rizikové biologické vektory šíření AR.

Z hlediska veřejného zdraví představují tato zjištění vážnou hrozbu pro rekreační lokality, jako je jezero Stechlin. Mikrovlákna zde nefungují pouze jako pasivní polutanti, ale jako aktivní biologické vektory, které selektivně „vyzbrojují“ rezistenci taxony nebezpečné pro člověka. Vzhledem k tomu, že se mikrovlákna uvolňují ve velkém množství z ČOV a přetrvávají v prostředí, mohou tyto rezistentní patogeny transportovat napříč ekosystémy. Tak se může zvyšovat riziko expozice u lidí během koupání nebo jiných vodních aktivit. Mikrovlákna v kombinaci s chemickým znečištěním vytvářejí v přírodních vodách vysoce rizikové hotspoty, které přímo přispívají ke globální krizi antibiotické rezistence.

4 Závěr

Ačkoliv byla celková bakteriální abundance konzistentně vyšší ve frakci asociované s biofilmem, efektivita HGT byla o řád vyšší u volně žijících bakterií. Tento trend, vyjádřený poměry T:R a T:D, naznačuje, že prostorová organizace biofilmu a přítomnost mimobuněčné polymerní matrix fungují jako fyzikální bariéra, která omezuje přímý kontakt mezi dárce a příjemcem. Naproti tomu dynamické prostředí volné vody doprovázené mícháním (150 rpm) pravděpodobně zvyšovalo frekvenci vzájemných srážek buněk. Čímž se planktonní fáze stala hotspotem pro šíření antibiotických rezistentních genů.

V rámci biofilmové frakce se jako klíčový determinant ukázala materiálová identita mikrovláken, která v mnoha ohledech převážila nad vlivem samotné buněčné hustoty. Vzorek bavlny (Cotton_pink) vykazoval nejvyšší frekvenci přenosu rezistentního genu na jednoho donora téměř ve všech testovaných případech, a to navzdory nižší míře celkové kolonizace ve srovnání se syntetickými materiály. Tento trend byl překonán pouze recyklovaným polyesterem (rPES_black) za přítomnosti TMP. To lze přisoudit specifické heterogenitě a chemicky modifikovanému povrchu recyklovaného materiálu, který pod selekčním tlakem zvyšuje stabilitu konjugace. Vzhledem k rostoucí oblíbě přírodních a recyklovaných textilií vnímaných jako ekologičtější náhrady, představují tato zjištění vážné varování o jejich roli v environmentálním šíření antibiotické rezistence.

Sekvenační analýza NGS odhalila, že 87 % všech příjemců tvořily gramnegativní bakterie. Ty se pravděpodobně spojují konjugačním pilusem s gramnegativním dárce (*E. coli*) mnohem efektivněji, díky sdílené struktuře buněčné stěny a stabilitě konjugačního pilusu. Zásadním environmentálním rizikem je fakt, že pod selekčním tlakem ATB patřilo 80 % transkonjugantů mezi oportunní patogeny. Zejména pak rody *Pseudomonas*, *Aeromonas* a *Stenotrophomonas*. V prostředí jezera Stechlin, které slouží k rekreaci a kde dochází k přímému kontaktu lidí s vodou, představují mikrovlákna, fungující jako aktivní biologické vektory rezistentních patogenů, významnou hrozbu pro veřejné zdraví a ekosystémovou stabilitu.

Literatura

ABDOLLAHI, Sedigheh; Heidar RAISSI a Farzaneh FARZAD, 2025. The role of microplastics as vectors of antibiotic contaminants via a molecular simulation approach. online. *Scientific Reports*, roč. 15, č. 1, s. 27007. Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/s41598-025-12799-6>.

ABE, Kimihiro; Nobuhiko NOMURA a Satoru SUZUKI, 2020. Biofilms: hot spots of horizontal gene transfer (HGT) in aquatic environments, with a focus on a new HGT mechanism. online. *FEMS Microbiology Ecology*, roč. 96, č. 5, s. f1aa031. Dostupné z: <https://doi.org/10.1093/femsec/f1aa031>.

ARIAS-ANDRES, Maria; Uli KLÜMPER; Keilor ROJAS-JIMENEZ a Hans-Peter GROSSART, 2018. Microplastic pollution increases gene exchange in aquatic ecosystems. online. *Environmental Pollution*, roč. 237, s. 253–261. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2018.02.058>.

BARANCHESHME, Fateme a Mariya MUNIR, 2018. *Frontiers | Strategies to Combat Antibiotic Resistance in the Wastewater Treatment Plants*. Webové sídlo. Dostupné z: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2017.02603/full>. [citováno 2025-03-04].

DANNER, Marie-Claire; Anne ROBERTSON; Volker BEHRENDTS a Julia REISS, 2019. Antibiotic pollution in surface fresh waters: Occurrence and effects. online. *Science of The Total Environment*, roč. 664, s. 793–804. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.01.406>.

- GAYLARDE, Christine; Jose Antonio BAPTISTA-NETO a Estefan Monteiro da FONSECA, 2021. Plastic microfibre pollution: how important is clothes' laundering? online. *Heliyon*, roč. 7, č. 5. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e071105>.
- HE, Ya; Qingbin YUAN; Jacques MATHIEU; Lauren STADLER; Naomi SENEHI et al., 2020. Antibiotic resistance genes from livestock waste: occurrence, dissemination, and treatment. online. *npj Clean Water*, roč. 3, č. 1, s. 1–11. Dostupné z: <https://doi.org/10.1038/s41545-020-0051-0>.
- HENRY, Beverley; Kirsi LAITALA a Ingun Grimstad KLEPP, 2019. Microfibres from apparel and home textiles: Prospects for including microplastics in environmental sustainability assessment. online. *Science of The Total Environment*, roč. 652, s. 483–494. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.10.166>.
- ISSAC, Merlin N. a B. KANDASUBRAMANIAN, 2021. Effect of microplastics in water and aquatic systems. online. *Environmental Science and Pollution Research International*, roč. 28, s. 19544–19562. Dostupné z: <https://doi.org/10.1007/s11356-021-13184-2>.
- JAFFER, Yousuf Dar; Fazel ABDOLAHPUR MONIKH; Nhung H.A. NGUYEN; Alena SEVCU; Nafiu ABDULKADIR et al., 2026. Bio-based microplastics increase the horizontal transfer of antibiotic resistance genes in aquatic environments. online. *NanoImpact*, roč. 41, s. 100613. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.impact.2026.100613>.
- KULIK, Klaudia; Anna LENART-BORÓN a Kinga WYRZYKOWSKA, 2023. Impact of Antibiotic Pollution on the Bacterial Population within Surface Water with Special Focus on Mountain Rivers. online. 2023-03-03. Dostupné z: <https://www.mdpi.com/2073-4441/15/5/975>.
- LUO, Tianyi; Xiaohu DAI; Zhijie CHEN; Lan WU; Wei WEI et al., 2023. Different microplastics distinctively enriched the antibiotic resistance genes in anaerobic sludge digestion through shifting specific hosts and promoting horizontal gene flow. online. *Water Research*, roč. 228, s. 119356. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.watres.2022.119356>.
- MICHEALIS, Claudia, 2023. *Horizontal Gene Transfer of Antibiotic Resistance Genes in Biofilms*. Webové sídlo. Dostupné z: <https://www.mdpi.com/2079-6382/12/2/328>. [citováno 2025-11-24].
- NGUYEN, Nhung H. A.; Marlita MARLITA; Yehia S. EL-TEMSAH; Pavel HRABAK; Jakub RIHA et al., 2023. Early stage biofilm formation on bio-based microplastics in a freshwater reservoir. online. *The Science of the Total Environment*, roč. 858, č. Pt 1, s. 159569. Dostupné z: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.159569>.
- TOKUDA, Maho a Masaki SHINTANI, 2024. Microbial evolution through horizontal gene transfer by mobile genetic elements. online. *Microbial Biotechnology*, roč. 17, č. 1, s. e14408. Dostupné z: <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14408>.
- WIT, Gitta De; Luka SVET; Bram LORIES a Hans P. STEENACKERS, 2022. Microbial Interspecies Interactions and Their Impact on the Emergence and Spread of Antimicrobial Resistance. online. *Annual Review of Microbiology*, roč. 76, č. Volume 76, 2022, s. 179–192. Dostupné z: <https://doi.org/10.1146/annurev-micro-041320-031627>.
- ŽEMLIČKOVÁ, Helena, 2023. Cíle pro snížení antibiotické rezistence. Jak jich do roku 2030 dosáhnout? In: *SZÚ | Oficiální web Státního zdravotního ústavu v Praze*. 2023-11-16. Dostupné z: <https://szu.gov.cz/tiskove-zpravy/cile-pro-snizeni-antibioticke-rezistence-jak-jich-do-roku-2030-dosahnout/>. [citováno 2026-02-11].