

Prvé krůčky molekulární epidemiologie SARS-CoV-2 v České republice v březnu 2020

Alexander Nagy, Helena Jiřincová

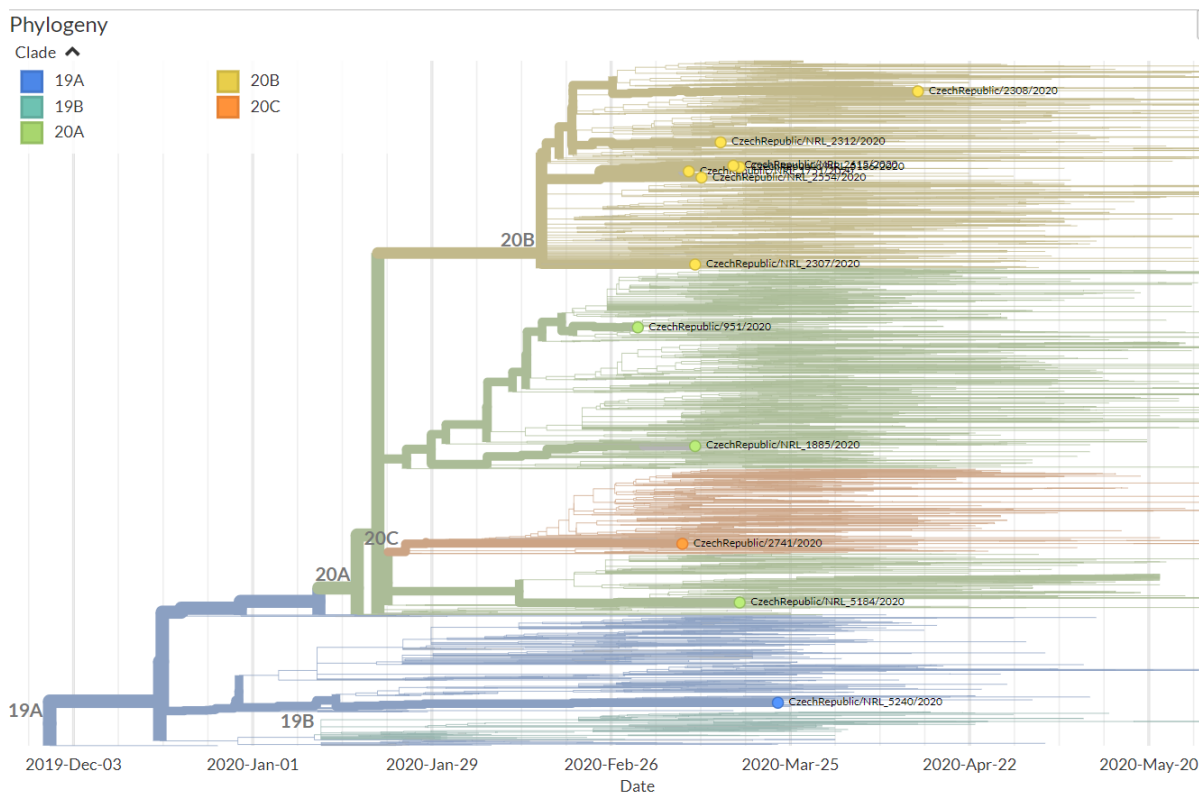
NRL pro chřipku a nechřipková virová onemocnění SZU ve spolupráci s Oddělením virologie a serologie SVU Praha od prvního záchytu pozitivního případu s onemocněním COVID19 cíleně sbírala různé pozitivní materiály, aby bylo zajištěno co možná nejširší spektrum variant viru a současně optimalizovala protokol pro sekvenaci NGS. Laboratoře využívají technologie sekvenace na čipu (MinION, Oxford Nanopore).

Prvé výsledky naznačují, že strategie výběru a použitá metodika umožní molekulární epidemiologii bez nutnosti izolace viru v buněčné kultuře. Doposud bylo získáno a do databáze GISAID nahráno celkem 12 celogenomových sekvencí pocházejících přímo z NRL.

Za Českou republiku je do databáze GISAIS nahráno celkem 37 sekvencí od dalších autorských týmu z FN Motol pod vedením profesora Cinka, profesora Macka a 2 sekvence pocházejí z kmenů zaslaných v rámci konfirmačního procesu do WHO referenční laboratoře í Charité (Berlín).

Sekvence pokrývají všechny varianty SARS-CoV-2 sekvenované v různých částech světa a kopírují distribuci v Evropě, včetně nejpostiženějších zemí. Tato skutečnost je patrná z přiloženého obrázku, kde je vidět rozmístění sekvenovaných virů získaných v ČR v měsíci březnu.

NRL v mapování situace pokračuje, proto děkuje za zaslání materiálu z nově zachycených ohnisek, současně se NRL omlouvá za pomalou odezvu.



V Praze, 26. června 2020