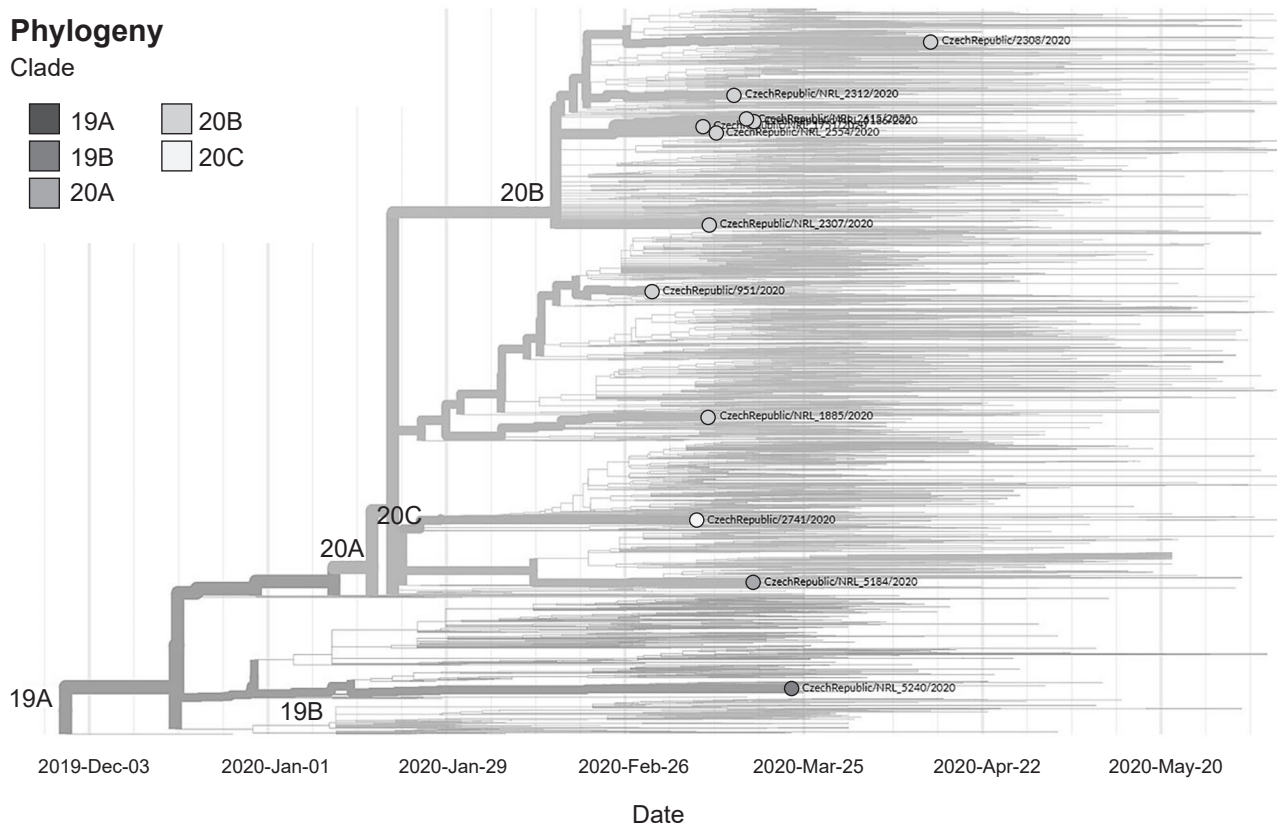


První výsledky molekulární epidemiologie SARS-CoV-2 v České republice *The first results of molecular epidemiology analysis of SARS-CoV-2 performed in the Czech Republic*

Alexander Nagy, Helena Jiřincová

Obrázek 1: Fylogenetický strom celogenomových sekvencí SARS CoV-2 včetně 37 sekvencí z České republiky z období březen–duben 2020



NRL pro chřipku a nechřipková virová onemocnění SZU ve spolupráci s Oddělením virologie a sérologie Státního veterinárního ústavu (SVÚ) 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 nedisponují přístrojovým vybavením, ale 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 ze vzorků vyšetřených v 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 i Charité (Berlín).

Sekvence pokrývají všechny varianty SARS-CoV-2 sekvenované v různých částech světa a kopírují distribuci v Evropě, včetně nejpostiženějších zemí.

NRL v mapování situace pokračuje, proto předem děkuje laboratořím za zaslané materiály z nově zachycených ohnisek, současně se NRL omlouvá za pomalou odezvu.

Alexander Nagy, Helena Jiřincová

NRL pro chřipku a nechřipková respirační onemocnění,
CEM – SZÚ