

‘Česko jednoznačně zaspalo.’ Vědci z Akademie věd mapují změny koronaviru a vývoj mutací

26. 03. 2021 irozhlas.cz str.0 sekce: Zprávy z domova
irozhlas.cz Akademie věd ČR

Koronavirus se neustále vyvíjí. Vědci se snaží sledovat jeho evoluci a včas odhalovat nebezpečné mutace. V Česku ale s pravidelným mapováním genetických změn v potřebném měřítku teprve začínají a žádají stát o finanční podporu. Získané poznatky začali výzkumníci zveřejňovat v internetové databázi.

Vědci z Ústavu molekulární genetiky Akademie věd ČR právě připravují další várku vzorků koronaviru. Do sekvenátoru jich tentokrát vloží sto dvacet. Zařízení v hodnotě 10 milionů, které trochu připomíná počítačovou tiskárnu, je bude analyzovat asi šestadvacet hodin. Za tu dobu by mělo rozluštit všechny genetické informace o viru SARS-CoV-2.

Snažíme se pomocí chemických reakcí přečíst genomovou informaci viru, přibližně asi 30 tisíc písmenek. Když jsme to tiskli, tak to dá dohromady asi 17 normostran,“ vysvětluje bioinformatik Michal Kovář, který pracuje s daty získanými sekvenací genomu.

„Představte si to jako kuchařku, podle které je složený celý virus. Sekvenátor čte po čtyřech řádcích. Takto přečte kousky na několika milionech míst. Dostaneme sekvenci, která není vcelku. Tu kuchařku tak nikdy nepřečteme celou, protože přečteme mnohokrát náhodně vybrané čtyři řádky. My to potom poskládáme a to už se dělá v počítači,“ vysvětluje Kolář, který vede oddělení genomiky a bioinformatiky.

Rychlost mutace

Vědci následně hledají různé nové mutace, zejména ty, které můžou usnadnit vstup do lidských buněk a překonání imunity. Počet mutací je vzhledem k rozšíření koronaviru po celém světě opravdu velký.

„RNA viry obecně mutují velmi rychle, ale koronaviry mají opravné mechanismy, a tak mutují o něco pomaleji. Mutační rychlost je zhruba 25 za rok. Virus sezonní chřipky nebo HIV například mutuje rychleji. V každém člověku samozřejmě vznikne mnoho mutací a v průměru každý druhý člověk přidá jednu mutaci do celého poolu. Když už se nakazilo přes 120 milionů lidí, tak to je samozřejmě hodně mutací,“ pokračuje molekulární genetik Jan Pačes.

Kvůli některým z nich může být třeba upravit očkování i různá opatření. Například u varianty koronaviru B.1.1.7 poprvé rozpoznané ve Velké Británii se potvrdila vyšší nakažlivosti i riziko horšího průběhu onemocnění. Tato varianta už je v Česku dominantní a teď je podle Michala Koláře třeba hlídat i další mutace, které můžou vést k ještě nebezpečnějším variantám.

Podle sdělení Národní referenční laboratoře Státního zdravotního ústavu ke dni 5. 3. 2021 bylo v Česku za účelem sekvenace analyzováno celkem 967 vzorků, z toho byla takzvaná britská mutace sekvenací potvrzena v 265 případech.

„Známa je jihoafrická varianta a objevují se další. A samozřejmě s příchodem očkování a nástupem rezistence populace vůči těm stávajícím variantám viru se můžou objevovat další, které uniknou imunitnímu systému. V tom okamžiku bude opravdu důležité zachytit je včas. Zachytit viry pacientů s těžkým průběhem a také viry, které

napadly očkované lidi. Takové varianty může být velmi důležité izolovat. Protože jinak může přijít vniveč očkování, i to, co profesor Václav Hořejší asi správně nazývá neřízeným promořováním, a najednou bychom byli zase na začátku," říká Kolář.

Financování projektu

Doposud přitom laboratoře prováděly sekvenaci vzorků spíše nárazově a SZÚ posílá pravidelně několik set vzorků k analýze na celoevropskou úroveň. Teď chtějí vědci z Akademie věd ve spolupráci se Státním zdravotním ústavem a dalšími institucemi dát dohromady společná pravidla pro výběr a zpracování vzorků a zahájit mapování výskytu nových mutací v Česku.

„Cílem teď je osekvenovat zhruba 1 procento virů u pozitivních pacientů za týden. Pokud Česko má řádově 100 tisíc nových pozitivních pacientů týdně, tak to znamená 1000 vzorků, které bychom chtěli týdně zanalyzovat. Ta kapacita tady je. Co jsem viděl poslední přísliby, tak jsou laboratoře v Česku schopné zvládnout osekvenovat 900–1300 vzorků. Abychom porozuměli tomu, co se děje, tak to musíme dělat několik týdnů. Až při několika tisících vzorcích to začne dávat smysl... Česko v tomto ohledu jednoznačně zaspalo. Mohli jsme mít sekvence mnohem dřív. Dokonce tady byly iniciativy z jiných laboratoří před létem 2020. Už jsme mohli mít lepší informace," vysvětluje Michal Kolář.

Jeho kolega, molekulární genetik Jan Pačes dává dohromady databázi, kde už začali výsledky sekvenace zveřejňovat. První anonymizovaná data jsou k dispozici na webu virus.img.cas.cz.

„Inspirovali jsme se tím, co dělá Institut Roberta Kocha v Německu nebo obdobná iniciativa ve Velké Británii. Nechceme zůstat jen u monitorování. Některé virology a lékaře by mohly zajímat i hlubší analýzy nebo spojení s medicínskými metadaty, což bude možné díky tomu, že máme data pohromadě," popisuje Pačes, který dodává, že iniciativa zhruba deseti vědeckých pracovišť se teprve rozbíhá. Jde o nákladný proces a zatím ho více méně platí z vlastních zdrojů. Přečtení jednoho genomu přitom vyjde na zhruba několik tisíc korun. Proto usilují o finanční podporu ze strany státu.

„Financování je zatím úplně nevyřešená věc. Sekvenování není úplně jednoduché. V Česku máme dostatek přístrojů. To není problém. Máme i dost lidí, kteří to budou dělat více či méně dobrovolně alespoň po nějakou dobu. Můžeme s tou iniciativou začít, ale už nemáme peníze, abychom to pro stát dělali. To by měl stát vyřešit a také musí říct, kolik těch sekvenací týdně chce. My navrhuje tisíc. Třeba navrhne deset tisíc, anebo jenom sto. To už záleží na státu," doplňuje Pačes.

Další podoby viru

Na to, že Česko zatím výskyt nových mutací sleduje nedostatečně, také minulý týden upozornil v rozhovoru pro Českou televizi Erik Alm, který je v Evropském středisku pro prevenci a kontrolu nemocí zodpovědný právě za sekvenování genomu viru SARS-CoV-2. Toto středisko ve svých instrukcích doporučuje každé zemi sekvenovat aspoň 500 vzorků týdně. Čím víc, tím víc informací o koronaviru budou vědci a lékaři mít, což se podle Jana Pačesa vyplatí.

„Čím více té nemoci rozumíte, tím lépe. Například nové mRNA vakcíny bychom bez rychlé sekvenace genomu koronaviru takto rychle neměli. Když víme, jak ten virus vypadá, víme, proti čemu cílit protilátky. A hlavně jak vidíme, bude třeba různých druhů vakcín proti různým variantám koronaviru, v závislosti na tom, jak se teď s virem budeme honit v evolučním prostoru. On si zvyká na nás, náš imunitní systém na něj a vůči sobě navzájem kličkujeme. To teď díky sekvenaci sledujeme v přímém přenosu. Před deseti lety by to bylo nemožné," míní Pačes.

Vyloučit ale v tomto procesu nelze ani možnost, že koronavirus postupně zmutuje do podoby, která bude méně nebezpečná, protože smyslem viru je se množit, a ne zabít organismus.

„To je jedna ze zajímavých evolučních teorií. Známe takové případy. Ale někdy se to nestane vůbec. Vzteklna je stále stejně smrtící, jako byla na začátku. Někdy se to dokonce chvíli děje opačným směrem. Nechvalně proslulá Španělská chřipka na začátku nebyla tak nebezpečná a časem se zhoršila, ale postupně se v průběhu sta let její účinek zmírnil,“ říká Pačes.

„Podle jedné hypotézy se to stalo proto, že když měl někdo v roce 1918 středně těžký průběh, tak byl doma v izolaci a nikoho nenakazil. Ale nejlépe se tehdy mohla šířit právě těžká varianta, protože ten člověk skončil v polní nemocnici, kde byl v kontaktu s mnoha lidmi a pacienti se navíc přesouvali mezi nemocnicemi. V jistou chvíli se tak nejvíc šířil virus způsobující horší průběh, ale to proto, že tak se my chováme. V té dlouhodobé perspektivě obecně se předpokládá, že když budete mít těžší průběh, tak můžete hůře nakazit ostatní a tím pádem se vaše varianta nebude tak dobře šířit prostorem. Ale jak vidíme, teď to třeba není tak úplně pravda,“ dodává.

autor: Štěpán Sedláček

Kontakty:

Mgr. Michal Kolář, Ph.D.,
tel.: 296 443 412, e-mail: michal.kolar@img.cas.cz,
web: www.img.cas.cz/vyzkum/michal-kolar/

Mgr. Jan Pačes, Ph.D.,
tel.: 296 443 446, e-mail: jan.paces@img.cas.cz,
web: www.img.cas.cz/vyzkum/michal-kolar/

Kontakt pro média

Ing. Martin Jakubec, Ph.D.,
tel.: 296 443 159, e-mail: m.jakubec@img.cas.cz

Zdroj:

https://www.irozhlas.cz/zpravy-domov/cesko-vedci-koronavirus-mutace-vyzkum-databaze-financovani_2103261119_tzr