

www.resetheus.org

Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i.
Oddělení genomiky a bioinformatiky
Vídeňská 1083
142 20 Praha 4
Datová schránka: 5h4nmx4

V Ostravě dne 12. 3. 2021

Věc: Žádost o poskytnutí informací na základě zákona č. 106/1999 Sb. o svobodném přístupu k informacím

Dobrý den,

Dle mimořádné zprávy SZU NRL pro chřipku a nechřipková respirační virová onemocnění ohledně incidence 20i/501y.v1 na Trutnovsku – Náchodsku a v Praze v 1.kt 2021 ze dne 9.2. 2021 ([SARS-CoV-2 MIMOŘÁDNÁ zpráva NRL incidence 20I/501Y.V1 na Trutnovsku – Náchodsku a v Praze v 1.KT 2021 \(szu.cz\)](#)) jste se podíleli na této studii výskytu daných variant viru SARS-CoV-2 tím, že na Vašem pracovišti bylo prováděno celogenomové sekvenování pozorovaných variant.

V souvislosti s takto prezentovanými výsledky bychom rádi získali nepublikované informace, které jistě máte dostupné na Vašem pracovišti:

1) Z čeho byla virová RNA vyextrahována?

- očištěné virové částice SARS-CoV-2 zbavené veškerých příměsí získaných centrifugací (jaký byl hustotní gradient a existuje EM fotografie virové monokultury?)
- vzorek přímo odebraný od pacienta - od jednoho nebo více pacientů
- vzorek po provedené RT-PCR
- jiný zdroj - jaký?

2) Byla vždy před sekvenací ověřena délka kompletního virového genomu gelovou elektroforézou?

- Pokud ano, s jakým výsledkem počtu bází?
- Pokud ne, jak je možné tvrdit, že byl sestaven kompletní řetězec genomu viru, který se vyskytuje v daném vzorku?

3) Z jakého množství sekvencí o jaké délce (jakých délkách) bází byl Vámi sestaven kompletní genom viru SARS-CoV-2 (uvěďte pro jednotlivé varianty)?

4) Bylo nutné doplnit chybějící části genomu pomocí softwarového výpočtu? Pokud ano, jakého procenta z celkové délky genomu se to týkalo a v jakých délkách (v jakém počtu bází) se jednotlivé mezery vyskytovaly?

Předem děkuji za Vaši odpověď!

S pozdravem,

