

VÁŠ DOPIS ZN.:

ZE DNE:

NAŠE ZN.:

VYŘIZUJE:

TEL./FAX.:

E-MAIL:

DATUM:

1. 2. 2021

Poskytnutí informace dle zák. č. 106/1999 Sb., o svobodném přístupu k informacím, ve znění pozdějších předpisů

Vážení,

Státní zdravotní ústav obdržel dne 14. ledna 2021 Vaši žádost podle zákona č. 106/1999 Sb., o svobodném přístupu k informacím, ve znění pozdějších předpisů (dále jen „InfZ“), ve znění:

„Vzhledem k tomu, že disponujete i Střediskem vědeckých informací, žádáme Vás o zveřejnění přesné citace vědecké publikace/vědeckých publikací, která/é vědeckým, tzn. ověřitelným a opakovatelným způsobem dokládá/dokládají to, že:

1) virus SARS-CoV-2 byl řádně izolován. Tzn., že virové částice byly vyčištěny a izolovány pomocí centrifugace s hustotním gradientem, bílkoviny byly biochemicky analyzovány. Důkaz, že k takové izolaci došlo, byl doložen fotografií z koncentrovaných izolovaných částic. Z takto izolovaných částic byla vyextrahována molekula RNA, gelovou elektroforézou změřena její velikost a sekvenováním standardně dlouhých sekvencí sestaven její řetězec.

Ano, dodávám, k průkazu a sekvenaci (tedy získání celogenomové sekvence) není nutná předchozí manipulace (zakoncentrování ultracentrifugací apod.), standartní a nejlepší metodou je sekvenace viru přímo z klinického materiálu. K průkazu viru samotného není rovněž nutná ultracentrifugace a jiné metody zakoncentrování, lze použít klinický materiál pro získání fotografické dokumentace virových partikulí přímo v klinickém materiálu, nebo po pomnožení na permisivní buněčné linii (VERO, nebo klon VERO E6).

2) takto doložený virus SARS-CoV-2 splňuje Kochovy / Riversovy postuláty průkaznosti jeho příčinné souvislosti k onemocnění COVID-19 a je tedy oprávněno považovat jej za původce tohoto onemocnění.

ano


3) na základě jakých vědeckých poznatků publikovaných v odborné literatuře je možné vědecky interpretovat výsledky genetických testů (RT PCR, RT PCR v reálném čase) tak, že detekce přítomnosti části genomu (v rozsahu jednotek procent z celkového řetězce) je

vyhodnocena jako důkaz přítomnosti celého neporušeného genetického řetězce, jako je tomu u genetických testů na přítomnost SARS-CoV-2?“

Důkaz amplifikace specifického úseku není důkazem přítomnosti celého infekčního viru, nejedná se o genetické testy.

Toto je nesprávná interpretace, PCR nelze použít jako průkaz celého neporušeného viru, nicméně z dat, která jasně prokazují fakt, že na základě velkého počtu specifického úseku RNA viru, lze implikovat infekčnost, což je opakovaně dokázáno, elektronmikroskopickými snímky, namnožením viru na buněčné kultuře, celogenomovou sekvenací. V současnosti dokážeme ve všech případech, kdy se počet kopií specifického úseku v genu pro envelope protein pohybuje v množství od 10^6 vRNA_E/ml klinického materiálu (stěr z nosohltanu – horních cest dýchacích, bronchoalveolární laváž, sputum, endotracheální aspirát, post mortem endotracheální stěr, post mortem stěr z plic ve virologickém transportním médiu, post mortem náhodné excize z myokardu ve virologickém transportním médiu) vždy získat celogenomovou sekvenci viru, což je další nepřímý důkaz. Množství kopií RNA, které je menší než 105 kopií vRNA_E, nelze bez dalších dat prezentovat jako jednoznačné akutní onemocnění bez klinické, epidemiologické anamnézy, bez doplňujících vyšetření, dynamika počtu kopií RNA v čase, průkaz protilátek, případně průkaz specifické CD8 buněčné imunitní složky.

S pozdravem


MUDr. Barbora Macková
pověřena řízením SZÚ
Státní zdravotní ústav

STÁTNÍ ZDRAVOTNÍ ÚSTAV
 Šrobárova 48
100 42 Praha 10
IČ 75010339, tel.: +420267082295