



Ústav organické chemie a biochemie
Akademie věd České republiky, v. v. i.
Flemingovo náměstí 542/2
160 00 Praha 6
Datová schránka: hrbiw83

V Ostravě dne 6. 7. 2021

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

Obracíme se na Vás jako na státní vědeckou instituci spadající pod povinné subjekty v rámci zákona o svobodném přístupu k informacím s následující žádostí.

Dne 26.4. 2021 zaměstnanec povinného subjektu ve veřejnoprávním médiu (ČRO) uvedl v rozhovoru tyto informace, cituji:

Barbora Tachecí:

Pavel Růžička se ptá: Jakým způsobem dokáží vědci sekvenovat virus, pokud ho nemají izolovaný od ostatního biologického materiálu? Nejedná se jen o jakýsi počítačem generovaný konstrukt?

Prof. Konvalinka:

Děkuji za tu otázku, ta je hrozně důležitá. Nechci panu Růžičkovi sahat do svědomí, určitě tu otázku klade v dobré víře, ale tohle to je jedna z dezinformací, která se šíří, že vlastně ten virus nikdy nebyl čistě izolován a tím pádem někdy to vede k tomu, že je prostě vymyšlený, že vůbec neexistuje, že si to vědci jenom vymýšlejí. Čili, pro mě odpověď je: My umíme ten virus dokonale vyčistit a máme ho i izolovaný, například i tady v Dejvicích na ÚOCHB, za druhé, dokonce i když není vyčištěný, tak ano, umíme ho osekvenovat a právě tou metodou PCR dokážeme amplifikovat jeho genetickou informaci a tu potom osekvenovat. Čili umíme to i ve směsi a nemusíme ho čistit na to, abychom ho mohli osekvenovat. Čili odpověď je pro posluchače: Ano, umíme to docela dobře.

(Konec citace.)

Žadatel se obrací na povinný subjekt, aby žadateli poskytl informaci formou vědeckého důkazu o tom, že na pracovišti povinného subjektu byla provedena úplná izolace viru SARS-CoV-2 a že byl „dokonale vyčištěný“, jak uvádí prof. Konvalinka. Předpokládáme, že pokud to pan Konvalinka tvrdí, povinný subjekt umí doložit tyto vědecké důkazy:

- 1) Fotografie z elektronového mikroskopu, na níž budou jen a pouze virové částice v izolovaném stavu (virová monokultura) včetně ověřitelné informace, jak bylo této fotografie dosaženo.
- 2) Doklad o extrakci kompletní makromolekuly RNA z takto izolovaných částic a změření její kompletní délky gelovou elektroforézou, včetně ověřitelné informace, jak toho bylo dosaženo.

- 3) Určení pořadí nukleotidových bází, včetně ověřitelné informace, jakým postupem toho bylo dosaženo.
- 4) Biochemická analýza bílkovin a doklad jejich shody s jednotlivými geny genomu viru, včetně ověřitelné informace, jakým postupem toho bylo dosaženo.

Pokud by bylo k identifikaci izolovaných částic použito metody PCR a nebo PCR a sekvenování, prosíme o tato upřesnění:

- 5) Požadujeme poskytnutí relevantní vědecké informace ve formě citace vědecké publikace, která by ověřitelným způsobem dokládala, že při izolaci **de novo viru SARS-CoV-2** (2019-nCoV) byla kompletní makromolekula RNA genomu tohoto viru získána ze vzorku od nemocného pacienta **z izolované monokultury virových částic SARS-CoV-2**, které bylo dosaženo centrifugací se specifickým hustotním gradientem. Celá kompletní makromolekula genomu viru SARS-CoV-2 byla změřena pomocí gelové elektroforézy, která by určila přesný počet bází virového genomu. Takto vyextrahovaná RNA byla osekvenována, aniž by byl řetězec genomu doplňován softwarovými metodami.
- 6) Pokud neexistuje žádná práce, která by splňovala vědecké nároky na izolaci de novo viru SARS-CoV-2 z bodu 1, požadujeme informaci, na základě jaké vědecké publikace je možno považovat výsledek WGS - celogenomové sekvenace, která zpracovává různorodý biologický/genetický materiál (obsahující lidský materiál a celou řadu dalších, pozorovatelem neidentifikovaných neznámých složek), za skutečný, v přírodě se vyskytující genom patogenního viru, jako je to uvedeno v následující literatuře, bez toho, aby byly provedeny kontrolní experimenty, které by vyloučily možnost, že stejný genom je možno sestavit sekvenací z odebraných vzorků zcela zdravých lidí? Jak je možné s jistotou tvrdit, že sekvence, ze kterých je v těchto studiích sestaven genom viru SARS-CoV-2, náležely zrovna tomuto viru a ne jinému organismu, pokud došlo pouze k vyloučení doposud známých sekvencí srovnáním s databází BLAST, ale neznámé sekvence už nebyly nijak dále selektovány?

I.

Zhu N, Zhang D, Wang W, Li X, Yang B, Song J, Zhao X, Huang B, Shi W, Lu R, Niu P, Zhan F, Ma X, Wang D, Xu W, Wu G, Gao GF, Tan W; China Novel Coronavirus Investigating and Research Team. **A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019.** *N Engl J Med.* 2020 Feb 20;382(8):727-733. doi: 10.1056/NEJMoa2001017. Epub 2020 Jan 24. PMID: 31978945; PMCID: PMC7092803.

II.

Prof Roujian Lu, MSc, Xiang Zhao, MD, Juan Li, PhD, Peihua Niu, PhD, Bo Yang, MSc, Honglong Wu, MSc et al.; **Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding**, *The Lancet*, Published: January 30, 2020 DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30251-8](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30251-8)

III.

Wu, F., Zhao, S., Yu, B. et al. **A new coronavirus associated with human respiratory disease in China.** *Nature* **579**, 265–269 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>

IV.

Ren LL, Wang YM, Wu ZQ, Xiang ZC, Guo L, Xu T, Jiang YZ, Xiong Y, Li YJ, Li XW, Li H, Fan GH, Gu XY, Xiao Y, Gao H, Xu JY, Yang F, Wang XM, Wu C, Chen L, Liu YW, Liu B, Yang J, Wang XR, Dong J, Li L, Huang CL, Zhao JP, Hu Y, Cheng ZS, Liu LL, Qian ZH, Qin C, Jin Q, Cao B, Wang JW. **Identification of a novel coronavirus causing severe pneumonia in human: a descriptive study.** *Chin Med J (Engl).* 2020 May 5;133(9):1015-1024. doi: 10.1097/CM9.0000000000000722. PMID: 32004165; PMCID: PMC7147275.

V.

Chan JF, Kok KH, Zhu Z, Chu H, To KK, Yuan S, Yuen KY. **Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan.** *Emerg Microbes Infect.* 2020 Jan 28;9(1):221-236. doi: 10.1080/22221751.2020.1719902. Erratum in: *Emerg Microbes Infect.* 2020 Dec;9(1):540. PMID: 31987001; PMCID: PMC7067204.

VI.

Chan JF, Kok KH, Zhu Z, Chu H, To KK, Yuan S, et al. **Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan.** *Emerg Microbes Infect.* 2020Dec;9(1):221–36.

VII.

Jennifer Harcourt et al.; **Isolation and characterization of SARS-CoV-2 from the first US COVID-19 patient;**

bioRxiv 2020.03.02.972935; doi: <https://doi.org/10.1101/2020.03.02.972935>

VIII.

Shutoku Matsuyama, Naganori Nao, Kazuya Shirato, Miyuki Kawase, Shinji Saito, Ikuyo Takayama, Noriyo Nagata, Tsuyoshi Sekizuka, Hiroshi Katoh, Fumihiko Kato, Masafumi Sakata, Maino Tahara, Satoshi Kutsuna, Norio Ohmagari, Makoto Kuroda, Tadaki Suzuki, Tsutomu Kageyama, and Makoto Takeda; **Enhanced isolation of SARS-CoV-2 by TMPRSS2-expressing cells**

PNAS March 31, 2020 117 (13) 7001-7003; first published March 12, 2020; <https://doi.org/10.1073/pnas.2002589117>

IX.

Daniilo Licastro, Sreejith Rajasekharan, Simeone DalMonego, Ludovica Segat, Pierlanfranco D'Agaro, Alessandro Marcello The Regione FVG Laboratory Group on COVID-19; **Isolation and Full-Length Genome Characterization of SARS-CoV-2 from COVID-19 Cases in Northern Italy,** *Journal of Virology* May 2020, 94 (11) e00543-20; DOI: 10.1128/JVI.00543-20

X.

Araujo DB, Machado RRG, Amgarten DE, Malta FM, de Araujo GG, Monteiro CO, Candido ED, Soares CP, de Menezes FG, Pires ACC, Santana RAF, Viana AO, Dorlass E, Thomazelli L, Ferreira LCS, Botosso VF, Carvalho CRG, Oliveira DBL, Pinho JRR, Durigon EL. **SARS-CoV-2 isolation from the first reported patients in Brazil and establishment of a coordinated task network.** *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 2020 Oct 23;115:e200342. doi: 10.1590/0074-02760200342. PMID: 33111751; PMCID: PMC7586445.

XI.

Park WB, Kwon NJ, Choi SJ, Kang CK, Choe PG, Kim JY, Yun J, Lee GW, Seong MW, Kim NJ, Seo JS, Oh MD. **Virus Isolation from the First Patient with SARS-CoV-2 in Korea.** *J Korean Med Sci.* 2020 Feb 24;35(7):e84. doi: 10.3346/jkms.2020.35.e84. PMID: 32080990; PMCID: PMC7036342.

XII.

Pavel STI, Yetiskin H, Aydin G, Holyavkin C, Uygut MA, Dursun ZB, Celik İ, Cevik C, Ozdarendeli A. **Isolation and characterization of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 in Turkey.** *PLoS One.* 2020 Sep 16;15(9):e0238614. doi: 10.1371/journal.pone.0238614. PMID: 32936826; PMCID: PMC7494126.

XIII.

Sarkale P, Patil S, Yadav PD, Nyayanit DA, Sapkal G, Baradkar S, Lakra R, Shete-Aich A, Prasad S, Basu A, Dar L, Vipat V, Giri S, Potdar V, Choudhary ML, Praharaj I, Jain A, Malhotra B, Gawande P, Kalele K, Gupta N, Cherian SS, Abraham P. **First isolation of SARS-CoV-2 from clinical samples in India.** *Indian J Med Res.* 2020 Feb & Mar;151(2 & 3):244-250. doi: 10.4103/ijmr.IJMR_1029_20. PMID: 32362649; PMCID: PMC7366528.

- 7) Požadujeme poskytnutí relevantní vědecké informace, která by ověřitelným způsobem dokládala, že cílové sekvence RNA, detekované testy RT-PCR pro diagnostiku přítomnosti SARS-CoV-2, lze pokládat za součást **genomu infekce schopného** SARS-CoV-2, tzn. požadujeme citaci vědecké literatury, ve které byl genom o délce cca 30 kbp změřen gelovou elektroforézou, provedeno sekvenování celého řetězce a ten by se shodoval s kteroukoli z uvedených variant tohoto viru uvedených v NCBI?

- 8) Požadujeme poskytnutí relevantní vědecké informace, která by ověřitelným způsobem dokládala, že bílkoviny viru SARS-CoV-2 (včetně antigenů detekovaných antigenními testy) byly řádně biochemicky určeny na základě izolace viru SARS-CoV-2, resp. ve které vědecké publikaci je uveden popis, jak byly bílkoviny viru SARS-CoV-2 biochemicky určeny a popsány na základě extrakce z virové monokultury viru SARS-CoV-2 a doložena jejich shoda s odpovídajícími geny odpovídajícího genomu viru SARS-CoV-2 uvedeného v NCBI.

Předem děkuji za poskytnutí informací.

S pozdravem,

David Šubík