



## Odpověď Ministerstva zdravotnictví na žádost o informace dle zákona č.106/1999 Sb., o svobodném přístupu k informacím, ve znění pozdějších předpisů

Ministerstvo zdravotnictví obdrželo Vaši žádost ze dne 29. května 2023, o poskytnutí informace dle zákona č. 106/1999 Sb., o svobodném přístupu k informacím, ve znění pozdějších předpisů, evidovanou pod č. j.: xxx.

Předmětným podáním jste požádal o *analýzu či písemný dokument o fyzické existenci viru Sars-CoV2.*

Tímto si Vás dovoluji informovat, že Ministerstvo zdravotnictví dlouhodobě pracuje s následujícími dokumenty (publikacemi), potvrzující existenci viru SARS-CoV-2:

1. Ludwig S., Zarbock A. *Coronaviruses and SARS-CoV-2: A Brief Overview*. 2020 International Anaesthesia Research Society, [www.anesthesia-analgesia.org](http://www.anesthesia-analgesia.org)  
Dostupné na: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7173023/>
2. Na Zhu et al., *A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019*, N Engl J MED 382;8, February 20, 2020 (pdf ke stažení  
zde: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7092803/pdf/NEJMoa2001017.pdf>)
3. SZÚ WEB:  
[http://www.szu.cz/uploads/Epidemiologie/Coronavirus/Zakladni\\_info/2020\\_08\\_07\\_Covid\\_19\\_zakladni\\_informace.pdf](http://www.szu.cz/uploads/Epidemiologie/Coronavirus/Zakladni_info/2020_08_07_Covid_19_zakladni_informace.pdf)
4. Sharma et.al. *Severe acute respiratory syndrome coronavirus-2 (SARS-CoV-2): a global pandemic and treatment strategies*. Int J Antimicrob Agents. 2020 Aug; 56(2): 106054. Published online 2020 Jun  
10. doi: 10.1016/j.ijantimicag.2020.106054
5. Junejo Y, Ozaslan M, Safdar M, et al. *Novel SARS-CoV-2/COVID-19: Origin, pathogenesis, genes and genetic variations, immune responses and phylogenetic analysis*. Gene Rep. 2020;20:100752. doi:10.1016/j.genrep.2020.100752
6. <https://viralzone.expasy.org/9056>
7. Corman VM, et al. *Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR*. Euro Surveill. 2020 Jan 23;25(3):pii=2000045. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045>Received: 21 Jan 2020; Accepted: 22 Jan 2020  
Correction in: Euro Surveill. 2020 Apr 9; 25(14): 20200409c.  
Correction in: Euro Surveill. 2020 Jul 30; 25(30): 2007303.





Zmínka o izolaci a identifikaci viru SARS-CoV-2 je například uvedena v těchto následujících článcích:

- 1) Ludwig S, Zarbock A. *Coronaviruses and SARS-CoV-2: A Brief Overview. Anesth Analg.* 2020;131(1):93-96. doi:10.1213/ANE.0000000000004845

#### SEVERE ACUTE RESPIRATORY SYNDROME CORONAVIRUS 2

„At the end of December 2019, China reported the increasing occurrence of pneumonia in the city of Wuhan, Hubei province. **In January 2020, a novel  $\beta$ -CoV was identified as the cause. When the virus was first isolated from pneumonia cases in Wuhan, China, in December 2019, it was named 2019 novel coronavirus (2019-nCoV). As more information and genetic analyses became available, the virus was given the official name of SARS-CoV-2 by the International Committee for Taxonomy of Viruses, while the WHO named the disease caused by the virus, COVID-19.**

- 2) 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, G. F., Tan, W., & China Novel Coronavirus Investigating and Research Team (2020). *A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. The New England journal of medicine*, 382(8), 727–733. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001017>

Tento článek se věnuje izolaci viru velmi podrobně, včetně postupu, například v této pasáži:

#### Detection and Isolation of a Novel Coronavirus

Three bronchoalveolar-lavage samples were collected from Wuhan Jinyintan Hospital on December 30, 2019. No specific pathogens (including HCoV-229E, HCoV-NL63, HCoV-OC43, and HCoV-HKU1) were detected in clinical specimens from these patients by the RespiFinderSmart22kit. RNA extracted from bronchoalveolar-lavage fluid from the patients was used as a template to clone and sequence a genome using a combination of Illumina sequencing and nanopore sequencing. More than 20,000 viral reads from individual specimens were obtained, and most contigs matched to the genome from lineage B of the genus betacoronavirus — showing more than 85% identity with a bat SARS-like CoV (bat-SL-CoVZC45, MG772933.1) genome published previously. Positive results were also obtained with use of a real-time RT-PCR assay for RNA targeting to a consensus RdRp region of pan  $\beta$ -CoV (although the cycle threshold value was higher than 34 for detected samples). Virus isolation from the clinical specimens was performed

with human airway epithelial cells and Vero E6 and Huh-7 cell lines. The isolated virus was named 2019-nCoV.

Závěrem mi dovoluete Vás informovat, že informace k předmětné problematice zveřejňuje Státní zdravotní ústav, který pravidelně informuje o viru a jeho nových mutacích a dalších souvisejících aktualitách s touto problematikou: [Onemocnění novým koronavirem SARS-CoV-2 \(dříve 2019-nCoV\), pojmenováno jako „COVID-19“ \(coronavirus disease 2019\) - SZÚ | Oficiální web Státního zdravotního ústavu v Praze \(szu.cz\).](#)