RANK

RUTINNÍ ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN

PROGRAM A SBORNÍK KONFERENCE

Pardubice, 6. - 7. února 2019

www.rank.cz

RUTINNÍ ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN

PROGRAM A SBORNÍK KONFERENCE RANK 2019

RUTINNÍ ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN MOLEKULÁRNĚ BIOLOGICKÝMI TECHNIKAMI

6. a 7. února 2019
v prostorách hotelu Zlatá Štika, Pardubice

ISBN 978-80-87436-15-8

OBSAH

Zajištění konference 4
Partneři konference 5

PROGRAM KONFERENCE

Celkový program konference 7

SBORNÍK

Abstrakty přednášek 13
Abstrakty posterů 39
Firemní inzerce 53

ZAJIŠTĚNÍ KONFERENCE

POŘADATELÉ

Česká společnost klinické biochemie ČLS JEP

MeDiLa spol. s r.o., Štrossova 1931, 530 03 Pardubice

SPOLUPRÁCE

Univerzita Pardubice, FChT, Katedra biologických a biochemických věd

ODBORNÝ GARANT KONFERENCE

Prof. MUDr. Tomáš Zima, DrSc., MBA

ORGANIZAČNÍ VÝBOR KONFERENCE

Ing. František Štumr, Ph.D. - předseda

Prof. PharmDr. Martin Beránek, Ph.D.

Prof. RNDr. Zuzana Bílková, Ph.D.

Prof. Mgr. Roman Kanďár, Ph.D.

RNDr. Jaroslav König

Mgr. Martina Sittová

Mgr. Margita Bartková

Ing. Barbara Štumrová

Mgr. Eliška Kročová

Šárka Novotná

GENERÁLNÍ SPONZOR KONFERENCE

GeneProof
Molecular diagnostics for your routine

GeneProof a.s.
Vídeňská 101/119
Dolní Heršpice
619 00 Brno

HLAVNÍ SPONZOŘI KONFERENCE

DYNEX

DYNEX TECHNOLOGIES, spol. s r.o.

Roche

ROCHE s.r.o.

PARTNEŘI KONFERENCE

ASCO-MED spol. s r. o.
AxonLab spol. s r.o.
BAG Health Care GmbH
Beckman Coulter Česká republika s.r.o.
BIOMEDICA ČS, s.r.o.
BioVendor - Laboratorní medicina a.s.
Carolina Biosystems s.r.o.
Dialab spol. s r.o.
DiaSorin
DISPOLAB s.r.o.
ELISABETH PHARMACON spol. s r.o.
GENERI BIOTECH s. r. o.
HPST, s.r.o.
KRD – obchodní společnost, s.r.o.
LAB MARK a.s.
LABOSERV s.r.o.
Medisco, a.s.
STAPRO s. r. o.
SVEN BioLabs s.r.o.
YBUX s.r.o.

PROGRAM KONFERENCE

STŘEDA 6. ÚNORA 2019

10:00 – 12:30 **Registrace**

13:00 – 13:15 **Zahájení**

13:15 – 14:15 **Úvodní sdělení**

Dr. Edward Curtis, USA, Ústav organické chemie a biochemie, Praha
Exploring the functional potential of nucleic acids (ENG 60 min)

14:15 – 14:30 **Přestávka**

14:30 – 15:45 **Biobanking**

Prof. PharmDr. Martin Beránek, PhD., ÚKBD, FN Hradec Králové
Příprava centrální biobanky FN Hradec Králové pro tekutý biologický materiál (15 min)

Prof. Dr. Christoph Brochhausen-Delius., Institut für Pathologie, Universität Regensburg, Germany
Data-rich and high quality biobank specimens – a challenge for the BRoTHER project (ENG 30 min)

Doc. MUDr. Dalibor Valík, Ph.D., DABCC, Oddělení laboratorní medicíny, Masarykův onkologický ústav, Brno
The Biobanking Research Infrastructure BBMRI-CZ as a Critical Tool to Enhance Translational Cancer Research (30 min)

15:45 – 16:00 **Přestávka**

16:00 – 17:20 **Analýza humánního genomu**

Doc. RNDr. Marek Minárik, Ph.D.
Současné trendy a klinické aplikace detekce somatických DNA mutací v diagnostice a léčbě solidních nádorů (30 min)

Prof. MUDr. Ondřej Topolčan.CSc., Fakultní nemocnice Plzeň
Určení agresivity jaterního nádorového procesu (25 min)

PharmDr. Václava Černá, Ústav biologie, Lékařská fakulta UK v Plzni
Prognostický význam vybraných mikroRNA u pacientů s infarktem myokardu (25 min)

17:20 – 17:35 **Přestávka**

17:35 – 18:30 **Validační aspekty diagnostických postupů**

Ing. Eva Orendášová, MBA, Eva Orendášová Consulting
Jaký dopad bude mít nové Nařízení 2017/746/EU
na home-made metody a IVD prostředky používané
ve zdravotnických zařízeních? (30 min)

Mgr. Halina Šimková, 4BIN – Centrum pro bayesovskou inferenci
Lesk a bída testování aneb co nám skutečně říkají (a neříkají)
výsledky DNA testů (25 min)

19:30 – 23:00 **Společenský večer a posterová sekce**

ČTVRTEK 7. ÚNORA 2019

8:30 – 9:00 **Úvodní sdělení**

Prof. Ing. Kateřina Demnerová, CSc., Ústav biochemie a mikrobiologie, VŠCHT Praha
New Breeding Techniques – naše budoucnost? (30 min)

9:00 – 9:50 **Příklady rutinních postupů**

Ing. Veronika Nekvindová, Ph.D., Výzkumný a šlechtitelský ústav ovocnářský, s.r.o., Holovousy
Molekulární biologie ve šlechtění ovoce (25 min)

RNDr. Jana Prodělalová, Ph.D., Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i., Brno
Praktické zkušenosti s využitím sekvenačních služeb ve virologické laboratoři. (25 min)

9:50 – 10:05 **Přestávka**

10:05 – 11:25 **Rutinní detekce patogenů**

Mgr. Jakub Mrázek, Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě
Západonilská horečka v České republice (25 min)

RNDr. Maria Müllerová, CSc., CITYLAB, spol. s r.o., Praha
Nečekané nálezy mimoplicní formy tuberkulózy určené rychlou molekulárně biologickou metodou – zajímavé kazuistiky (25 min)

Mgr. Pavel Trubač, Laboratoř molekulární biologie a genetiky, Nemocnice České Budějovice, a.s.
Jak jsme sekvenovali chiméru (25 min)

11:25 – 11:40 **Přestávka**

11:40 – 13:00 **Bezpečnost**

Mgr. Petr Králík, Ph.D., Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno
Vývoj metod rutinní analýzy nukleových kyselin pro potřeby bezpečnostních složek Armády ČR v rámci projektů Bezpečnostního výzkumu Ministerstva vnitra (10 min)

Ing. Pavlína Jelínková, Ph.D., Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno
Rychlá multiplexní analýza nukleových kyselin pro detekci bakteriálních agens za využití magnetických mikrosfér (10 min)

Mgr. Radka Dziedzinská, Ph.D., Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno
Protozoární parazité – riziko výskytu u čerstvé zeleniny, jahod a bylinek (15 min)

Mgr. Jakub Hrdý, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno
Izolace a detekce norovirů ze vzorků pitných a užitkových vod (15 min)

Mgr. Monika Morávková, Ph.D., Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno
Výskyt vybraných virových, bakteriálních a parazitárních agens v čerstvých zelenino-ovocných šťávách a smoothies (15 min)

Mgr. Petra Vašíčková, Ph.D., Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno
Výskyt vybraných patogenů virového a parazitárního původu v populaci černé zvěře v České republice a rizika z toho plynoucí (15 min)

13:00 – 13:30 **Vyhodnocení soutěží, závěr**

CENA DALIBORA NOVOTNÉHO

Organizátoři konference vypisují tradiční soutěž o nejlepší práci mladých autorů, kteří v roce konání konference dovrší nebo jsou mladší 35 let.

Do soutěže zařazují organizátoři aktivní účastníky automaticky na základě sděleného roku narození.

Odborná komise vyhodnotí vítěze v kategoriích nejlepší poster a nejlepší přednáška, vítězní autoři obdrží věcné ceny. Komise určí i absolutního vítěze, který obdrží symbolickou Cenu Dalibora Novotného.

Tato cena je udělována od roku 2016 na počest Ing. Dalibora Novotného, Ph.D., významného odborníka v laboratorní medicíně a od počátku spoluorganizátora konference RANK, který tragicky zahynul v roce 2015.

ABSTRAKTY PŘEDNÁŠEK

Abstrakty jsou řazeny do bloků přednášek v časovém sledu.
Na začátku sekce je uveden seznam přednáškových bloků.

SEZNAM PŘEDNÁŠKOVÝCH BLOKŮ

1. **Biobanking**
2. **Analýza humánního genomu**
3. **Validační aspekty diagnostických postupů**
4. **Příklady rutinních postupů**
5. **Rutinní detekce patogenů**
6. **Bezpečnost**

U-1

Edward Curtis, Ph.D.

Institute of Organic Chemistry and Biochemistry of the Czech Academy of Sciences
Flemingovo nám. 542/2
160 00 Prague

tel: +420 733 169 654
e-mail: curtis@uochb.cas.cz

Exploring the Functional Potential of Nucleic Acids

Curtis E.
IOCB Prague

Following the discovery of catalytic RNA molecules in the early 1980s, both DNA and RNA molecules were shown to be capable of a wide variety of interesting functions, including the ability to bind chemically diverse ligands and to catalyze a variety of chemical transformations. Nucleic acids with increasingly sophisticated functions have also been identified, including sensors that only produce a signal in the presence of specific ligands, recombinases that insert themselves into specific target sequences, and even polymerases that can synthesize smaller catalytic RNA molecules in the presence of the appropriate template. Most of these examples were identified using powerful methods of artificial evolution in which multiple cycles of selection and amplification are performed to isolate rare molecules with unusual and interesting properties from pools containing up to 1015 random nucleic acid sequences. In this lecture I will provide an overview of what is currently known about the functional potential of nucleic acids. I will also describe the efforts of my research group to develop DNA and RNA motifs with interesting and useful functions.

1-1

Prof. PharmDr. Martin Beránek, Ph.D.

Ústav klinické biochemie a diagnostiky FN Hradec Králové
Sokolská 581
500 05 Hradec Králové

tel: +420495833040
e-mail: beranek@lfhk.cuni.cz

Příprava centrální biobanky FN Hradec Králové pro tekutý biologický materiál

Beránek M., Palička V., Antoš K.
Fakultní nemocnice Hradec Králové

Ukládání biologických vzorků ve zdravotnických zařízeních je dnes řešeno zpravidla účelově a je realizováno v různých částech laboratorního komplementu. Experimentální využití těchto vzorků je obvykle vázáno (přes informovaný souhlas) na konkrétní projekt nebo studii. Tento systém manipulace s biologickými vzorky je tak limitován cílem vyšetření, typem odebraného vzorku, a v mnoha případech také jeho malým objemem. Pro tematicky navazující projekty pak nejsou vhodné vzorky v plné míře k dispozici a je nutné jejich počet v biobance doplňovat. Doplňovaný způsob sběru vzorků však představuje značný logistický problém, zejména u vzácnějších diagnóz, u osob s měnící se terapií a u obtížně odebíratelných vzorků.
Nabízejícím se systémovým řešením je vybudování centrální biobanky s větší skladovací kapacitou, vyšším ročním průtokem, lepším zabezpečením ochrany vzorků, komplexněji pojatou databází vzorků a plně proškoleným laboratorním personálem. Fakultní nemocnice Hradec Králové od ledna 2018 zahájila studii proveditelnosti vybudování své centrální biobanky pro tekutý biologický materiál. Cílem je poskytování vzorků pro konkrétní projekty, dlouhodobé bankování ojedinělých biologických vzorků a širší zapojení do velkých mezinárodních projektů typu BBMRI.

Realizace Biobanky FN HK je podporována finančními prostředky MZ ČR – RVO (FNHK, 00179906)

1-2

Prof. Dr. Christoph Brochhausen – Delius

University Regensburg, Institute of Pathology
Franz-Josef-Strauss-Allee 11
93053 Regensburg, Germany

tel: +499 419 446 705
e-mail: christoph.brochhausen@ukr.de

Data-rich and high quality biobank specimens – a challenge for the BRoTHER project

Brochhausen Ch.
Institute of Pathology, University Regensburg, Regensburg, Germany

Biobanking is a fast growing field in basic-, clinical- and translational research. With that biobanking is crucially involved in the further optimization of personalized medicine, which is one of the leading concepts in modern medicine. Since personalized medicine works with highly specific and well characterized cohorts, the interaction of biobanks will become more and more important to enable the set-up of relevant collectives for basic and translational research. In special characterized entities and in rare diseases a multicentre approach is crucial to ensure the inclusion of significant numbers of biobank specimens in an appropriate time. Digitalization and the possibility to share information and knowledge by digitalization represent an important issue within the networking of different biobanks which are active in the clinical context. The interaction and cooperation of biobanks of different countries have to overcome special challenges even if these countries are located within the European Union. The Project BRoTHER (Biobank Research on Telemedical Approaches for Human Biobanks in a European Region) is aimed to analyse the obstacles, which have to be overcome if clinical related biobanks from two national health care systems wants to work together and wants to set-up common biobank projects by help of digitalization. A crucial aspect of biobanking represents the biological quality of biobank specimens which should be ensured by a quality management system. The BRoTHER project focused also on the pre-analytic evaluation of biobank specimens to reach the highest and reliable quality for biobank specimens. Thus, important aspects are addressed by the BRoTHER project which are important to optimize molecular-biological analyses and personalized medicine.

1-3

Doc. MUDr. Dalibor Valík, Ph.D.

Masarykův onkologický ústav
Žlutý kopec 7
656 53, Brno

tel: +420543136700
e-mail: valik@mou.cz

The Biobanking Research Infrastructure BBMRI-CZ as a Critical Tool to Enhance Translational Cancer Research

Valík D.
Oddělení laboratorní medicíny, Masarykův onkologický ústav, Brno

The Czech national research biobanking infrastructure, BBMRI-CZ, was established at Masaryk Memorial Cancer Institute and participating institutions through funding by the Ministry of Education to set up a network of biobanks for cancer research in the Czech Republic. Biobanks collect and store biological material from cancer patients for the long term that would be otherwise lost for future biomedical research.
The constructed system of biobanks at BBMRI-CZ consists of two types of storage for patient samples – long-term storage (LTS) repository, and short-term storage (STS) repository. The LTS repository collects various types of tissues (tumour, metastases, non-tumour) classified by diagnosis, serum at surgery, genomic DNA and RNA. This part of the biobank is filled with low frequency, typically at the moment of the patient's primary surgery. STS repository contains sera only and is iteratively updated at each patient visit to the hospital when the blood specimen is taken for the determination of tumour markers. The STS serum repository presently stores leftovers of tumour marker patient material for a period of up to one year, however, the aim is to expand this period for up to 5 years.
The web-based tools BBMRI-ERIC Directory (https://directory.bbmri-eric.eu) and BBMRI-ERIC Negotiator (https://negotiator.bbmri-eric.eu/) are brand-new services that provide an efficient communication platform for biobankers and researchers requesting data/sample sets. They substantially simplify the communication steps that are necessary to obtain information on the availability of relevant samples/data, particularly if the researchers need to communicate with multiple candidate biobanks.
Establishing a networked system of cancer research-focused Biobanks affiliated to academic institution is a challenging endeavour. The unique design of storing not only the tissue material but also longitudinal strings of sera enables access to patient-derived material during the course of the complex patient treatment, thus reflecting pathophysiological and treatment-induced changes in the course of the disease. Designed this way, the research Biobanks are becoming truly critical tools to enhance translational cancer research.

BBMRI-CZ is supported by LM2015089 Large Research, Development and Innovation Infrastructures Project of MEYS Czech Republic.

2-1

Doc. RNDr. Marek Minárik, Ph.D

Centrum aplikované genomiky solidních nádorů (CEGES), Genomac výzkumný ústav, s.r.o., Praha
Carolina Centrum, Drnovská 1112/60
161 00 Praha 6

tel: +420 226 203 530
e-mail: mminarik@genomac.cz

Současné trendy a klinické aplikace detekce somatických DNA mutací v diagnostice a léčbě solidních nádorů

Minárik M.
Centrum aplikované genomiky solidních nádorů (CEGES), Genomac výzkumný ústav, s.r.o., Praha

Maligní transformace buněk solidních nádorů je iniciována a provázena řadou specifických genových poruch. Ke vzniku těchto somatických mutací DNA dochází v důsledku působení řady faktorů vnějšího prostředí, mezi kterými jsou nejvýznamnější chemické karcinogeny obsažených v potravě nebo ve vdechovaném vzduchu (kouření), ionizující záření a působení patogenních organismů (bakterií a virů). Vlivem těchto faktorů dochází k chemické modifikaci DNA buněk (deaminace, alkylace, oxidace) a pokud nejsou přirozené buněčné mechanismy schopny takovou modifikaci opravit tak to při následném dělení vede k permanentní změně DNA kódu nově vzniklých buněk.
Existuje celá řada somatických DNA mutací, které jsou využívány v diagnostice a léčbě nádorových onemocnění jako molekulární (bio)markery. Jejich využití je v celém spektru diagnosticko-terapeutického procesu zahrnujícího genetickou predispozici, screening, časný záchyt, patologickou diagnostiku (určení nádorových podtypů), zacílení protinádorové léčby a v neposlední řadě i sledování průběhu onemocnění a časnou detekci relapsu či progrese onemocnění. Uvedená pestrost klinických využití odráží velmi odlišné požadavky na metodické postupy i parametry zvolených metod jako například druh vstupního biologického materiálu, požadovaná analytická citlivost, rychlost analýzy či kapacita procesování vzorků.
Trendem poslední doby se také stává adaptace moderních postupů DNA mutační analýzy jako je např. kvantitativní PCR v reálném čase (real-time qPCR), digitální PCR nebo sekvenování nové generace (next-generation sequencing, NGS) pro nové využití v klinické praxi jako např. neinvazivní monitorování léčby, odhalení léčebné rezistence, nádorové heterogenity nebo profilování nádorového mikroprostředí.

Podpořeno grantem AZV 17-31909A.

2-2

Prof. MUDr. Ondřej Topolčan, CSc.

Fakultní nemocnice Plzeň
E. Beneše 1128/13
305 99 Plzeň

tel: +420 377 402 948
e-mail: topolcan@fnplzen.cz

Určení agresivity jaterního nádorového procesu

[1]Topolčan O., [1]Kučera R., [1]Karlíková M., [1]Pešta M., [1]Kinkorová J., [2]Třeška V., [2]Fichtl J.

[1]Oddělení imunochemické diagnostiky, Fakultní nemocnice Plzeň
[2]Chirurgická klinika, Fakultní nemocnice Plzeň

Prognóza a celkové přežití pacientů s primárními nádory jater a nádorových jaterních metastáz se v poslední době výrazně zlepšily. Pro úspěšnou chirurgickou léčbu je nezbytná časná diagnostika a odhad agresivity nádorového procesu. Pokud jde o primární nádory jater, zdá se, že je důležité vyčlenit rizikovou skupinu pacientů, na kterou je možné aplikovat screeningové programy. Metastatický proces v játrech vyžaduje optimalizovat diagnostický proces tak, aby bylo možné rozhodnout, zda provést chirurgickou resekci, chemoterapii či paliativní terapii.
Sérové biomarkery mohou pomoci při včasné diagnostice primárních nádorů jater, diferenciální diagnóze mezi benigními a maligními procesy, odhadu prognózy a optimálního návrhu terapie a optimalizaci follow-up. Náš výzkum potvrdil, že pro primární diagnostiku hepatocelulárního karcinomu je vhodná kombinace biomarkerů AFP, CA19-9 a PIVKA-II. Nejvyšší citlivost (při 95% specificitě) byla dosažena u PIVKA-II (až 92%) a AFP (přibližně 70%). Byla zjištěna velmi nízká citlivost pro CA 19-9.
Navíc jsme studovali další slibné biomarkery, jako je PIIINP a kyselina hyaluronová, která vykazovala vysokou citlivost pro diagnostiku chronických benigních onemocnění. V případě metastatického onemocnění se zdá, že biomarkery mají velký přínos pro diagnostiku a odhad prognózy. Nejvyšší citlivost (při 95% specificitě) byla dosažena pro cytokeratiny (až 88%) a CEA (přibližně 70%). AFP nebyl ve většině případů zvýšen a zdá se být jako biomarker metastatiského procesu v játrech obtížně využitelný. Současně s proteinovými sérovými markery jsme se zabývali I využitím metod molekulární biologie pro stanovení ageresivity jaterního nádorového procesu. V práci je diskutován především význam stanovení mikro RNA
Závěr: Na základě našeho pilotního výzkumu byl vytvořen optimální algoritmus pro především pro stanovení rozsahu a agresivity nádorů jater, který je využitelný pro volbu optimalizaci a monitorování terapie.

Podpořeno projektem Ministerstva zdravotnictví koncepčního rozvoje výzkumné organizace 00669806 - FN Plzeň.

2-3

PharmDr. Václava Černá

Lékařská fakulta UK v Plzni, Ústav biologie
Alej svobody 76
323 00 Plzeň

Tel: +420 377 593 264
e-mail: vaclava.cerna@lfp.cuni.cz

Prognostický význam vybraných mikroRNA u pacientů s infarktem myokardu

[1]Černá V., [2]Hromádka M., [1]Kučerová A., [2]Rokyta R., [1]Pešta M., [3]Moťovská Z.
[1]Ústav Biologie, Lékařská fakulta v Plzni, Universita Karlova Praha, [2]Kardiologická klinika, Fakultní nemocnice Plzeň, [3]III. interní-kardiologická klinika 3. LF UK a Fakultní nemocnice Královské Vinohrady, Praha

Kardiovaskulární onemocnění jsou celosvětově nejčastější příčinou úmrtí a v Evropě jsou podle WHO zodpovědné za více jak polovinu všech úmrtí. V roce 2015 v České Republice tento podíl činil 43 procent. Mezi kardiovaskulárními chorobami pak hraje z tohoto hlediska nejvýznamnější roli ischemická choroba srdeční (ICHS) a mozková mrtvice. Akutní formou ICHS je pak nestabilní angina pectoris a infarkt myokardu (IM), kterým v ČR onemocní téměř 25 tisíc lidí ročně, a přibližně jedna třetina z nich v důsledku IM i zemře. Nemocniční mortalita je relativně nízká, ale pacienti po prodělaném IM zůstávají ve zvýšeném riziku další KV příhody včetně KV úmrtí. Výše tohoto rizika je možno odvodit od některých známých rizikových faktorů, mezi které patří např. nízká ejekční frakce levé komory a/nebo známky srdečního selhávání, a od toho se odvíjí i následná péče o pacienta. Přesto, že jsou některé rizikové faktory známy, stále pomocí nich není možno předem identifikovat všechny pacienty ve zvýšeném riziku a významně tak snížit v dlouhodobějším horizontu mortalitu pacientů se stavy po IM.
MikroRNA jsou krátké nekódující molekuly RNA, které se účastní posttranskripční regulace genové exprese. Jsou transkribovány v jádře buněk a po zpracování a transportu do cytoplazmy interagují s mRNA. Jedna mikroRNA může regulovat translaci jedné nebo více mRNA a jedna mRNA může být regulována jednou nebo více mikroRNA. Molekuly mikroRNA jsou tvořeny v buňkách, ale jsou i uvolňovány do krevního oběhu, a cirkulují vázané na proteiny nebo uvnitř membránových váčků (exosomy nebo mikrovesikuly) v krevním oběhu. Bylo zjištěno, že některé miRNA jsou tkáňově specifické a jejich hladiny se mění při různých fyziologických i patologických stavech, a staly se tak předmětem zájmu jako nová skupina potenciálních markerů spojená s některými typy onemocnění nebo akutních stavů.
V naší práci jsme se zaměřili na mikroRNA, které jsou tvořené převážně v myokardu, a na jejich hladiny u pacientů s akutním IM. Hladiny miRNA byly retrospektivně měřeny v plasmě pacientů odebrané 24 hodin po přijetí do nemocnice. Soubor 122 pacientů pocházel ze studie PRAGUE-18, a byl díky tomu značně homogenní a dobře popsaný, s délkou sledování jeden rok. Ve vzorcích těchto pacientů byly měřeny hladiny miR-1, miR-133a a miR-499, které byly následně dány do vztahu se standardními markety IM (např. troponin, NT-proBNP) a ejekční frakcí levé komory. V druhém kroku byly analyzovány dvě podskupiny pacientů (přeživší a zemřelí v horizontu 1 roku) z hlediska hladin miRNA a standardních markerů, které byly použity k tomu, aby co nejlépe odlišily/definovaly obě podskupiny.

3-1

Ing. Eva Orendášová, MBA

Eva Orendášová Consulting
Nové Strašecí ev. č. 23
271 01 Nové Strašecí

tel: +420 604 116 921
e-mail: eva.orendasova@eo-c.cz

Jaký dopad bude mít nové Nařízení 2017/746/EU na home-made metody a IVD prostředky používané ve zdravotnických zařízeních?

Orendášová E.
Eva Orendášová Consulting

Dne 26. května 2017 vstoupilo v platnost nové nařízení Evropské unie 2017/746/EU o diagnostických zdravotnických prostředcích in vitro (IVDR), v účinnost vstupuje dnem 26. května 2022. Dotkne se všech hospodářských subjektů, tedy výrobce, distributora, zplnomocněného zástupce a dovozce, na které jsou kladené nové nebo přísnější požadavky než doposud. Přísné požadavky jsou kladeny na oznámené subjekty (podle současné směrnice 98/79/ES takzvané „notifikované osoby"), které pokud budou chtít pokračovat ve své činnosti, budou muset podstoupit tzv. Joint assessment orgánů státní správy ČR a Evropské komise v omnoho náročnějším procesu. Nově se budou muset IVD registrovat v Evropské databázi zdravotnických prostředků Eudamed a budou označeny jedinečnou identifikaci UDI, sloužící k vysledovatelnosti IVD a taktéž v boji proti padělkům. Velký důraz bude kladený na klinická data, následné klinické sledování po uvedení na trh, řízení rizik a další. Významné změny u IVD jsou zejména definice, např. genetické testy, doprovodná diagnostika; re-klasifikace IVD z nižší do vyšší rizikové třídy; spoluúčast oznámených subjektů v posouzení shody – oproti současným cca 20% IVD bude muset postoupit posouzení shody s oznámeným subjektem cca 80% IVD; sběr klinických dat; referenční laboratoře pro nejvyšší rizikovou třídu D. Ze strany Evropské komise je velmi důležité dobře načasovat a vytvořit všechny potřebné implementační akty k IVDR, zajistit včasné fungování Eudamedu, referenčních laboratoří a splnit další důležité aspekty IVDR.
Dopady nového IVDR pocítí i zdravotnická zařízení, co se týče tzv. home-made IVD, tedy IVD vyráběných a používaných v rámci jednoho zdravotnického zařízení, a požadavků stanovených na taková zdravotnická zařízení. To znamená vhodný systém řízení kvality, splnění obecných požadavků na bezpečnost a funkční způsobilost s důrazem na snižování rizik, zachovávání vlastností IVD po celou dobu jejich použitelnosti a taktéž klinické sledování po uvedení na trh, tzv. „Post-market-clinical follow-up" (PMCF). U IVD rizikové třídy D musí zdravotnické zařízení navíc vypracovat dokumentaci, která umožní porozumět výrobě, údajům o návrhu a funkční způsobilosti IVD, včetně určeného účelu. Podle IVDR budou mít kontrolní orgány ČR možnost vstupovat do zdravotnických zařízení, které home-made IVD vyrábějí.
I když se jeví být přechodné období IVDR jako velmi dlouhá doba, budeme rádi, když všichni zainteresovaní hráči v této sféře maximálně využijí 5 let pro adaptaci se na nový legislativní režim v IVD.

3-2

Mgr. Halina Šimková

Plch 19
533 45 Opatovice nad Labem

tel: +420 603 497 499
e-mail: halina.simkova@gmail.com

Lesk a bída testování aneb co nám skutečně říkají (a neříkají) výsledky DNA testů

MUDr. Jan Strojil[1,2,3], Ph. D., Mgr. Halina Šimková[1,3,5],
RNDr. Tomáš Fürst, Ph.D.[1,3,4]
[1] *4BIN – Centrum pro bayesovskou inferenci*
[2] *Lékařská fakulta Univerzity Palackého v Olomouci*
[3] *Právnická fakulta Univerzity Palackého v Olomouci*
[4] *Přírodovědecká fakulta Univerzity Palackého v Olomouci*
[5] *Ústav forenzních věd, z.ú.*

Výstupy DNA analýz tvoří stále významnější zdroj informací v rámci personalizované medicíny i v rámci forenzních zkoumání. Neustále se rozšiřující portfolio DNA testů je ale také nabízeno laickému klientovi komerčně jako podklad pro jeho osobní rozhodování v otázkách zdraví, výživy nebo třeba osobnostního rozvoje. Jakkoli jsou tyto testy založeny na použití relevantního DNA markeru či setu markerů, způsoby hodnocení a interpretace výsledků jsou mnohdy zavádějící a mohou vést k nesprávným rozhodnutím jak ze strany odborníka, tak ze strany laického klienta.
Použití toho kterého DNA markeru jako prediktoru určitého fenotypu se opírá o zjištění jejich vzájemné genetické asociace. Statistické principy ověřování existence a míry této asociace však neposkytují dostatečné podklady pro správné určení, jaká je v dané populaci nebo pro daného pacienta/klienta skutečná prediktivní hodnota daného testu. Té se lze dobrat výhradně pomocí bayesovské inference, která bere do úvahy nejen charakteristiky vyvinutého testu, ale i tzv. priors pro testovanou osobu.
Přednáška si klade za cíl posluchače stručně seznámit s kritickými body interpretace testů a poukázat na možné důsledky nesprávné inference na poli medicínské i komerční genetiky.

Poděkování: Přednáška byla zpracována za podpory GAČR v rámci projektu č.19-17474S.

U-2

Prof. Ing. Kateřina Demnerová, CSc.

Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
Technická 5
166 28 Praha 6

tel: +420 602 857 628
e-mail: demnerok@vscht.cz

New Breeding Techniques – naše budoucnost?

Demnerová K., Lencová S., Zdeňková K.
Ústav biochemie a mikrobiologie, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze

V poslední době se vědcům otevřela další, v pořadí třetí cesta k úpravám dědičné informace, a to změna genomu organismu nevyžadující přítomnost cizího genu. Pod zkratkou NBT se tedy skrývají metody používané pro úpravu genomu, které nejsou založeny na vnesení cizorodých genů do cílového organismu. Takové techniky simulují přirozenou mutagenesi, která může probíhat v živých buňkách, bez cíleného zásahu zvenčí. K těmto perspektivním metodám se řadí mimo jiné techniky označované zkratkou CRISPR-Cas9 (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) a TALEN (Transcription Activator-Like Effector Nuclease). Aplikací těchto metod se otevřela perspektivní cesta k zjednodušení přípravy nových pozitivně upravených zemědělských plodin.
O to smutnější je, že Evropský soudní dvůr (SD) ve svém rozhodnutí ze dne 25. července 2018 dospěl k názoru, že organismy získané novými technikami mutageneze (editací genů, technikami jako je CRISPR aj.) představují obdobné riziko jako použití transgenoze, a tím výsledné organismy spadají pod předpisy o GMO. Z čehož vyplývá, že nakládání s nimi musí být povoleno na základě hodnocení rizika, po uvedení na trh musí být označovány atd. Překvapující je, že naopak, podle výroku SD jsou z působnosti směrnice o GMO vyňaty organismy získané „tradičními", dlouhodobě používanými postupy mutageneze pomocí radiace nebo chemických látek. Jednotlivé členské státy EU si samy mohou rozhodnout, zda budou použití těchto „tradičně" získaných mutantů regulovat. Případné národní předpisy musí být ovšem v souladu se zásadou volného pohybu zboží v EU.

4-1

Ing. Veronika Nekvindová, Ph.D.

Výzkumný a šlechtitelský ústav ovocnářský s.r.o.
Holovousy 129
508 01 Hořice

tel: +420 491 848 245
e-mail: veronika.nekvindova@vsuo.cz

Molekulární biologie ve šlechtění ovoce

Nekvindová V., Žďárská I.
Výzkumný a šlechtitelský ústav ovocnářský s.r.o., Holovousy

Výzkumný a šlechtitelský ústav ovocnářský Holovousy s.r.o. (VŠÚO) se zabývá problematikou ovocnářství a šlechtěním ovocných plodin kontinuálně více než šest desetiletí. Výzkumná činnost ústavu se prakticky týká téměř všech ovocných plodin, které se pěstují na území České republiky jako tržní kultury. V rámci řešení výzkumných projektů podporovaných různými poskytovateli vytváří téměř všechny typy výstupů publikačního charakteru, ale i o výsledky aplikované. K úspěšně komercializovaným výsledkům patří právně chráněné odrůdy, kdy bylo dosud přihlášeno a registrováno téměř 86 odrůd jednotlivých ovocných druhů a další odrůdy procházejí registračním řízením. Řadě odrůd byla udělena ochrana práv v ČR a následně i v Evropské unii. Zejména o odrůdy třešní je ve světě velký zájem, dvěma odrůdám byl udělen US Plant Patent, jedné pak šlechtitelská ochrana práv v Austrálii a Chile. Významnou složku transferu výsledků výzkumu do praxe představují pěstitelské metodiky, které jsou předávány uživatelům - profesním pěstitelům ovoce (12 pěstitelských metodik za posledních 5 let).
Hlavními obory výzkumné činnosti VŠÚO jsou uchovávání genofondů ovocných plodin včetně sběru krajových a primitivních odrůd, výzkum pěstitelských technologií ovocných plodin, výzkum patogenních organismů ovocných plodin, vývoj účinných metod a efektivních postupů biologické a integrované ochrany ovocných dřevin proti škodlivým organismům, stanovování významných látek v ovoci a šlechtitelský výzkum jabloní, třešní, meruněk a slivoní.
Významné pokroky molekulárně-biologických disciplín z posledních let, včetně osekvenování genomu několika ovocných druhů, umožnily zavést nové technologie šlechtění ovoce a mají i významný dopad na celý proces výzkumu ovocných plodin a šlechtění na našem ústavu. Konkrétně se VŠÚO zabývá stanovením S-alel z důvodu ověření opylovacích poměrů u třešní, genotypizací odrůd třešní a jabloní pomocí SSR markerů z důvodu ověření odrůdové pravosti v procesu šlechtění i certifikace, expresními analýzami stanovujícími alergenicitu odrůd jabloní nebo markery asistovaným šlechtěním (MAS), které značně urychluje a zlevňuje celý šlechtitelský proces, neboť znaky hodnotitelné po 4-5 letech na prvních plodech umíme detekovat již ve stádiu jednoročních semenáčů. Pro řešení těchto výzkumných projektů a další účely je samozřejmostí dobrý zdravotní stav pěstovaného materiálu. VŠÚO má proto zavedeny metody pro detekci mnoha rostlinných patogenů, a to jak na úrovni nukleových kyselin, tak na úrovni proteinů. Navíc je Laboratoř molekulární biologie VŠÚO akreditována pro testování zdravotního stavu rostlinného materiálu molekulárně-biologickými metodami a z pověření Ústředního kontrolního a zkušebního

ústavu zemědělského (ÚKZÚZ) funguje jako referenční laboratoř pro diagnostiku fytoplazem proliferace jabloně a viru šarky švestky. Laboratoř je dále zapojena do Národního ozdravovacího programu pro ozdravení rozmnožovacího materiálu (NOPRM).
Příkladem úspěšně řešeného výzkumného projektu ve VŠÚO je studium alergenicity jablek. Konzumace jablek může u některých lidí způsobit alergickou reakci, kdy je v oblasti střední a severní Evropy hlavním alergenem Mal d 1. V laboratoři VŠÚO byla zkoumána genová exprese alergenu Mal d 1 v několika desítkách odrůd pěstovaných v České republice a to především pomocí metody kvantitativní real-time PCR, rovněž byly prováděny předběžné analýzy exprese pomocí sekvenátoru nové generace (NGS) Ion PGM.
Dalším úspěšně řešeným tématem je problematika stanovení významných látek v ovoci, konkrétně polyfenolické látky, antioxidanty a vitamíny, a dále využití nedestruktivní NIR spektrometrie pro určení kvalitativních parametrů ovoce, které jsou zde prezentovány na posterech.

Výzkumná činnost je prováděna s využitím institucionální podpory Ministerstva zemědělství RO1518.

4-2

RNDr. Jana Prodělalová, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 533 331 101
e-mail: prodelalova@vri.cz

Praktické zkušenosti s využitím sekvenačních služeb ve virologické laboratoři.

[1]Prodělalová J., [1]Moutelíková R., [2]Dvořáková-Heroldová M., [2]Holá V., [2,3]Sauer P.
[1] Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i., Brno
[2] Mikrobiologický ústav FNUSA a LF MU Brno
[3] Ústav Mikrobiologie FNOL a LF UP Olomouc

Sekvenování je v současné době již běžnou součástí nejen virologického výzkumu ale i klinické diagnostiky. V laboratoři Molekulární epidemiologie virových nákaz na VUVeL Brno využíváme klasické Sangerovo sekvenování k přesnému taxonomickému zařazení širokého spektra virových patogenů a dále k vývoji a optimalizaci PCR metod. V posledních čtyřech letech se zabýváme přesnou charakterizací prasečích i lidských rotavirů pomocí celogenomového sekvenování, k čemuž používáme sekvenování další generace (NGS). Vzhledem k nárokům, které tyto technologie kladou na přístrojové i personální vybavení, využíváme s úspěchem služeb komerčních firem. Cílem prezentace je představit přesný průběh práce od přípravy vzorku až po zpracování vygenerovaných sekvenačních dat a jejich praktické využití pro epidemiologii a diagnostiku. Jedním ze zajímavých výsledků je zjištění posunu v zastoupení jednotlivých rotavirových genotypů jak v lidské populaci, tak v chovech prasat.

Práce vznikla za finanční podpory MZ ČR (č. projektu 16-29937A).

5-1

Mgr. Jakub Mrázek

Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě
Partyzánské náměstí 2633/7
702 00 Ostrava

tel: +420 596 200 266
e-mail: jakub.mrazek@zuova.cz

Západonilská horečka v České republice

Mrázek J., Zelená H.
Oddělení molekulární biologie, Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě

Virus západonilské horečky (WNV) je významným neurotropním virem z čeledi Flaviviridae přenášeným komáry rodu Culex. Přirozeným rezervoárem viru jsou ptáci různých druhů, kromě člověka jsou k nákaze vnímaví i jiní savci, především koně. Virus byl poprvé izolován v roce 1937 z krve člověka s horečnatým onemocněním na severu Ugandy. Postupně se rozšířil na všechny kontinenty, jeho přítomnost se projevovala lokálními epidemiemi na různých místech, především ve Středomoří, v Africe, Izraeli a v Rusku. V roce 1999 došlo k jeho zavlečení do USA. V loňském roce byl v zemích EU zaznamenán několika násobný nárůst počtu onemocnění (1491 případů k 16.11.2018), kdy v jediném srpnovém týdnu počet nových hlášených případů přesáhl celkový počet (393) nemocných v dosud nejvýraznější sezóně v roce 2010. Tento nárůst případů byl doprovázen také výskytem onemocnění v oblastech, kde nebyly dosud lidské případy zaznamenány.
Člověk se nejčastěji nakazí prostřednictvím sání infikovaného komára. Možnou cestou přenosu je i krevní transfúze nebo transplantace orgánů, vzácně lze virus přenést i z matky na plod nebo prostřednictvím mateřského mléka při kojení. Inkubační doba je nejčastěji okolo 14 dní. Ve většině případů (okolo 80%) probíhá nákaza bezpříznakově. Nejlehčí formou symptomatického průběhu je tzv. západonilská horečka objevující se přibližně u 20% nakažených. Kromě horečky ji provázejí chřipkovité příznaky jako je bolest hlavy, svalů, kloubů, únava, malátnost, nadměrné pocení, zvětšení lymfatických uzlin, bývají i zažívací obtíže jako nevolnost, zvracení, nechutenství a průjem. Všechny tyto příznaky zpravidla odezní bez následků během 3-5 dní. Pouze u méně než 1% nakažených virus napadá centrální nervový systém. V těchto případech probíhá závažná, neuroinvazivní forma onemocnění. Nejmírnější z nich je meningitida, těžší formou jsou meningoencefalitida či myelitida. Plně rozvinuté neuroinvazivní onemocnění končí smrtelně přibližně v 10% případů. Těžký průběh a úmrtí jsou častější u starších a imunokompromitovaných osob.
Laboratorní diagnostika je svízelná vzhledem k tomu, že se jedná o virus z čeledi Flaviviridae, a v běžně používaných sérologických testech (ELISA, NIF) se vyskytuje vysoké procento zkřížených reakcí s ostatními flaviviry, např. s virem klíšťové encefalitidy. Pro jednoznačné rozlišení těchto infekcí je nutno sérologické vyšetření doplnit i o konfirmační virusneutralizační test, případně přímým průkazem metodou PCR vyšetřením z krve, mozkomíšního moku nebo moče.
V druhém pololetí roku 2018 jsme vyšetřili celkem 135 pacientů s podezřením na infekci WNV. Specifická sérologická odpověď byla zaznamenána u 6-ti z nich, z toho 4x potvrzená metodou PCR. Zkřížená reaktivita s jinými flaviviry byla zjištěna u 31 pacientů (22x s virem

klíšťové encefalitidy, 1x dengue virem, 1x virem žluté zimnice, 1x virem usutu a 6x nezjištěná), z toho u 4 pacientů nelze teoreticky vyloučit zároveň infekci virem WNV. Čtyři z šesti potvrzených pacientů měli negativní cestovatelskou anamnézu, všichni pocházeli z Jihomoravského kraje. Jedná se tak o první nákazy WNV získané na území ČR.

První důkazy o přítomnosti viru západonilské horečky v České republice pocházejí již z roku 1985, kdy byly prokazovány protilátky proti WNV u vodních ptáků na jižní Moravě. V 90. letech minulého století pak byl virus izolován z komárů na jižní Moravě a rovněž zde byly detekovány neutralizační protilátky u obyvatelstva. V roce 1997 bylo hlášeno opět na jižní Moravě 5 suspektních případů západonilské horečky s lehkým průběhem bez postižení centrálního nervového systému. O setrvalé lokální cirkulaci viru západonilské horečky svědčí opakované nálezy neuroinvazivní linie 2 viru West Nile u komárů Culex pipiens a Culex modestus v oblasti rybníků Lednicko-valtického areálu na Břeclavsku v letech 2013, 2015, 2016 i 2017. Přítomnost viru West Nile v ČR potvrzují i nálezy neutralizačních protilátek u koní pocházejících z různých lokalit ČR, nejen z jižní Moravy, které byly prokázány v séroprevalenční studii v letech 2011-2013. U prvního pacienta s autochtonní nákazou v ČR byla sekvenační analýzou prokázaná infekce genotypem 2 viru West Nile, který je geneticky blízký s kmeny z jižní a střední Evropy, včetně kmenů izolovaných z komárů na jižní Moravě v roce 2017.

Je vysoce pravděpodobné, že s touto pro nás novou infekcí se budeme setkávat i v následujících sezónách. Správné diagnostické postupy a povědomí o úskalí, která tato diagnostika přináší, nám umožní poskytovat spolehlivé laboratorní služby.

5-2

RNDr. Maria Müllerová, CSc.

CITYLAB, spol. s r.o.
Seydlerova 2451/8
158 00 Praha 5 - Stodůlky
detašované pracoviště: Pod Marjánkou 1906/12, 169 00 Praha 6

tel: +420 773 759 514, + 420 602 204 434
e-mail: maria.mullerova@citylab.cz

Nečekané nálezy mimoplicní formy tuberkulózy určené rychlou molekulárně biologickou metodou – zajímavé kazuistiky

Müllerová M.
CITYLAB, spol. s r.o.

Onemocnění tuberkulózou (TB) je tak staré jako lidstvo samé. TB stále patří k nejzávažnějšímu infekčnímu a zároveň i sociálnímu onemocnění na světě. *Mycobacterium tuberculosis* spolu s malárií a AIDS patří ke třem WHO nejsledovanějším patogenům. Onemocnění TB postihuje populaci celého světa. Více než třetina světové populace je TB infikována. Je hlášeno 9,6 mil. nových případů TB ročně a až 1,5 mil. lidí ročně umírá (z toho 390 tis. lidí mělo současně TB i AIDS). 480 tis. případů bylo MDR-TB (multidrug-resistant), tedy rezistentních na INH+RIF. Na AIDS umírá 1,2 mil. lidí ročně. Z těchto závažných epidemiologických důvodů je TB World Health Organisation (WHO) označena jako globální ohrožení, podléhá povinnému hlášení ohledně výskytu. V České republice je situace v počtu hlášených případů TB příznivá s nízkou incidencí kolem 5/100 000 obyvatel. Geografická poloha ČR ležící ve středu Evropy je cestou migrantů a imigrantů ze zemí s vysokou incidencí TB, včetně MDR formy a i extenzivně rezistentní (XDR). Tito cizinci jsou často i HIV+. Cizinci (osoby narozené mimo ČR) dnes představují 30 % nemocných TB. Pocházejí ze zemí s vysokou incidencí TB. Pro občany České republiky představují skrytou hrozbu, kdy může v ČR dojít ke změně incidence TB. Pro rychlé zvládnutí léčby TB a mykobakterióz je důležitá včasná diagnóza, prevence šíření nemoci, efektivní léčba a zabránění vzniku lékové rezistence. Metody musí být rychlé, a to splňují urychlené metabolické metody a zejména metody molekulárně biologické. Z nich je na světě nejrychlejší GeneXpert MTB/RIF používaný ve všech kontinentech, kdy je výsledek znám za méně 2 hodiny a z 1 vzorku je určeno M.tbc a citlivost nebo rezistence na rifampicin (RIF). Tento test jsme zavedli jako jedni z prvních v České republice. Uvádíme kazuistiky pacientů s nespecifickými projevy z materiálu mimoplicního původu. Nezdůvodněná únava a slabost u pacientů chodících na dialýzu (moč), neustupující zánět ledvin přes veškerou léčbu. Léčené nehojící se abcesy z různých nečekaných míst těla - podkolenní jamka, vertebrální oblast páteře, sakrální oblast rekta, hnis z abcesů na krku, hnis z kolikvujících uzlin z obličejové části - na které nezabírala žádná antibiotika. Vyšetření na TB a určení M.tbc bylo posledním pokusem určit infekční agens, které by působilo problémy u pacientů, kteří se mohli pomocí ATB vyléčit. Kombinované obtíže (dýchací, gastrointestinální a urogenitální), kdy testem GeneXpert MTB/RIF bylo z kousku odebrané tkáně pankreatu prokázáno *M.tbc,* zahájena léčba

a tím zachráněn život pacientky. Určení bazilární TB u dvou proti TB nevakcinovaných dětí, kdy z odebraného mozkomíšního moku pomocí Mycobacterium tuberculosis Direct testu (MTD-test) bylo detekováno M.tbc a byla zahájena léčba, která jim zachránila život, protože nikdo s touto diagnózou u dětí v současné době nepočítal. Pacientka imitující epileptické záchvaty přecházející v kóma končící úmrtím před odebráním mozkomíšního moku byla určena bazilární TB z pitevního materiálu. Stejně tak jako u dalšího pacienta, který zemřel a bazilární TB byla určena až z pitevního materiálu. Rychlé molekulárně biologické metody zachránily pacientům život a kvalitu jejich života a výsledky z pitevního materiálu určily diagnózu pacientů.

5-3

Mgr. Pavel Trubač

Laboratoř molekulární biologie a genetiky, Nemocnice České Budějovice, a.s.
B. Němcové 54
370 01 České Budějovice

tel: +420 387 873 021
e-mail: trubac@nemcb.cz

Jak jsme sekvenovali chiméru

Trubač P, Piskunova N., Scheinost O.
Laboratoř molekulární biologie a genetiky, Nemocnice České Budějovice a.s.

Léčba hepatitidy C v posledním desetiletí prodělala výraznou změnu. Kombinací přímo působících antivirotik (DAA) lze v dnešní době úspěšně vyléčit přes 98% pacientů, včetně těch s pokročilou cirhózou či s výskytem jiných komorbidit. Ne ve všech případech je však léčba úspěšná a může selhat. Následná terapie je potom obtížná a výrazně stoupne celková cena již tak finančně náročné léčby. Jednou z možností selhání je přítomnost mutací v genomu HCV, které způsobí apriorní rezistenci antivirotikům. Další možností je vyselektování rezistentní subpopulace HCV během léčby, případně současný výskyt různých genotypů u pacienta. Právě podobné případy v nás vzbudily zájem o co možno nejpodrobnější analýzu viru. A tak jsme se pustili do NGS...

6-1

Mgr. Petr Králík, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 777 473 009
e-mail: kralik@vri.cz

Vývoj metod rutinní analýzy nukleových kyselin pro potřeby bezpečnostních složek Armády ČR v rámci projektů Bezpečnostního výzkumu Ministerstva vnitra

Králík, P.
Oddělení bezpečnosti potravin a krmiv, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno

Rutinní diagnostika upotřebitelná v podmínkách bezpečnostních složek Armády ČR se nijak zásadně neliší od běžně používaných metod. Ačkoli tyto složky využívají ve zvýšené míře in-field diagnostické postupy (např. R.A.P.I.D.), těžiště diagnostiky spočívá v provádění molekulárně biologických ve standardních laboratořích. Naše spolupráce s bezpečnostními složkami Armády ČR začala již v roce 2010, když jsme začali společně řešit projekt Bezpečnostního výzkumu Ministerstva vnitra, který byl zaměřen na vývoj rychlých a citlivých metod detekce patogenů založených na qPCR. Vyvinuté qPCR systémy pokrývaly spektrum patogenů sahající od patogenů přenášených potravinami, přes zoonotická agens až po rizikové a vysoce rizikové patogeny z pohledu včasné detekce biologických agens a zajištění ochrany zdraví obyvatelstva. Spolupráce pokračuje v navazujícím projektu, který se zaměřuje na implementaci multiplexní metody MOL-PCR pro potřeby rutinního testování vzorků zvířat, lidí, potravin nebo prostředí na přítomnost relevantních panelů patogenů. Výsledky analýz vzorků pomocí MOL-PCR a následná konfirmace/kvantifikace pomocí qPCR představuje komplexní přístup pro rutinní analýzu vzorků. Uživatelé z laboratoří v rámci bezpečnostních složek mají k dispozici nejen validované standardní operační postupy na provádění jednotlivých metodik, ale i jasně definovaná interpretační kritéria, což je nezbytným předpokladem pro následné rozhodování o přijetí vhodných opatření.

Tato práce vznikla v rámci projektu Bezpečnostního výzkumu Ministerstva vnitra ČR VI 20152020044.

6-2

Ing. Pavlína Jelínková, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 533 331 620
e-mail: jelinkova@vri.cz

Rychlá multiplexní analýza nukleových kyselin pro detekci bakteriálních agens za využití magnetických mikrosfér

Jelínková P., Králík, P.
Oddělení bezpečnosti potravin a krmiv, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno

Včasná detekce bakteriálních biologických agens je důležitým faktorem z pohledu zajištění ochrany zdraví lidí, potravinových zdrojů, zvířat a prostředí. Pro tento účel slouží technologie xMAP, která je založena na principu Multiplexní Oligonukleotidové Ligace, v níž dojde k ligaci dvojice sond vzájemně sousedících na cílové DNA sekvenci. Pro každý marker v testu je designován jiný pár sond. Pomocí ligace se vytvoří templát pro následující PCR s použitím univerzálních primerů (MOL-PCR). Jeden z univerzálních primerů nese fluorescenční značku. Ve třetím kroku jsou produkty PCR hybridizovány s mikrosférami MagPlex-TAG (každý set mikrosfér s jiným barevným odstínem červené) pomocí TAG. TAG je krátká oligonukleotidová sekvence začleněná do markerově specifických sond a komplementární k anti-TAG připojenému na mikrosférách. Pro každý marker se v testu používá jiný TAG a jiná mikrosféra. Zařízení Luminex identifikuje mikrosféru na základě měření červené barvy a změří fluorescenční signál za účelem zjištění, zda byl PCR produkt hybridizován s anti-TAG na mikrosféře. Touto metodou je umožněna přímá detekce, identifikace, typizace a semi-kvantifikace až 50 patogenních biologických agens v jedné reakci. Podstatu a finální verzi experimentu by měl tvořit diagnostický panel pro identifikaci bakteriálních patogenů (např. *Bacillus anthracis, Yersinia pestis, Brucella spp., Francisella tularensis* aj.), které jsou především původci zoonóz a bývají zneužívány jako bioteroristická zbraň proti státům či skupině obyvatel.

Tato práce vznikla v rámci projektu Bezpečnostního výzkumu Ministerstva vnitra ČR VI 20152020044.

6-3

Mgr. Radka Dziedzinská, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 778 734 987
e-mail: dziedzinska@vri.cz

Protozoární parazité – riziko výskytu u čerstvé zeleniny, jahod a bylinek

Dziedzinská R., Slaný M., Morávková M., Slaná I.
Oddělení bezpečnosti potravin a krmiv, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno

Tento příspěvek shrnuje výsledky získané v rámci tří studií prováděných v laboratořích odd. Bezpečnosti potravin a krmiv, VÚVeL. Cílem studií bylo zjistit přítomnost a množství protozoárních parazitů – *Cryptosporidium sp.* a *Giardia intestinalis* v zelenině, naklíčených semenech, bylinkách a drobném ovoci. *Cryptosporidium sp.* i *G. intestinalis* jsou původci akutních i chronických střevních infekcí člověka. Zdrojem alimentární infekce bývá nejčastěji voda kontaminovaná trusem zvířat nebo potraviny, které přišly do kontaktu s takto kontaminovanou vodou, příp. půdou. Zelenina a ovoce testované v rámci této studie byly získány přímo z farem nebo z tržní sítě v České republice. Veškeré vzorky byly vyšetřeny pomocí metody real time PCR (qPCR). Přítomnost protozoí byla zjištěna ve všech testovaných matricích, kromě klíčků. Četnost výskytu pozitivních nálezů byla ve všech kategoriích potravin do 5 %; u žádného ze vzorků nebyl počet oocyst vyšší jak 101 na gram vzorku. Obecně se udává, že pro vznik infekce postačuje jedna až deset oocyst, u rizikových skupin (osoby se sníženou imunitou, starší lidé, malé děti) jedna až pět oocyst. Vzhledem k tomu, že ovoce a zelenina jsou nejčastěji konzumovány v syrovém stavu nebo jsou dodávány do tržní sítě ve stavu určeném pro přímou konzumaci (ready-to-eat) představuje nález protozoárních oocyst riziko pro konzumenty.

Práce byla podpořena grantem Ministerstva zemědělství (RO0518).

6-4

Mgr. Jakub Hrdý

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 533 331 618
e-mail: hrdy@vri.cz

Izolace a detekce norovirů ze vzorků pitných a užitkových vod

[1,2]Hrdý J., [1]Vašíčková P.
[1]Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i, Brno
[2]Ústav experimentální biologie, Masarykova univerzita, Přírodovědecká fakulta, Brno

V případě mikrobiologické kontaminace vodních zdrojů se do nedávné doby hovořilo především o možných bakteriálních původcích. V posledních letech se však do popředí dostávají viry jakožto významní původci onemocnění s těmito kontaminacemi spojenými. Nejčastěji se jedná o skupiny virů způsobujících gastroenteritidy. Právě zástupci rodu Norovirus patří mezi nejčastější nebakteriální původce těchto onemocnění. Typickými projevy jsou rychlý nástup nevolnosti, křeče v břišní oblasti, bolesti svalů, zvracení a nekrvavý průjem. Onemocnění zapříčiněná noroviry jsou problematická kvůli nízké infekční dávce, velkému počtu variant a krátce trvající specifické získané imunitě. Nemoc má ve většině případů mírný průběh a krátké trvání, obě tyto skutečnosti vedou k podhodnocení skutečné incidence těchto onemocnění, která tak zůstávají v mnoha případech nehlášena.
Během let 2013-2018 byly testovány vzorky pitných a užitkových vod z území celé České republiky za účelem detekce přítomnosti humánních norovirů genogroups I a II (NoV GI a NoV GII). Pro testování vzorků bylo využito dvou optimalizovaných metod pro izolaci virových částic, filtrace přes negativně nabité membránové filtry a organické flokulace. Za účelem detekce virového genomu bylo využito reverzně transkripční polymerázové řetězové reakce probíhající v reálném čase. V současnosti je ve vývoji rovněž i multiplexní metoda detekce využívající technologie xMAP (Luminex corporation, USA), díky níž bude možné detekovat až 50 různých cílů v jedné reakci.
Rutinní testování vodních zdrojů na přítomnost norovirů nepatří mezi běžně prováděné procedury. Ze získaných výsledků, kdy se podařilo zachytit poměrně vysoký počet pozitivních vzorků, je však zřejmé, že NoV GI a GII se ve vodních zdrojích na našem území vyskytují. Tento fakt je tedy nutné vzít v potaz v případě hodnocení rizik spojených s možnými kontaminacemi vodních zdrojů.

Práce byla provedena s podporou grantů Ministerstva zdravotnictví (MZ 17-31921A) a Ministerstva vnitra České republiky (VI 20152020044).

6-5

Mgr. Monika Morávková, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 777 786 732
e-mail: moravkova@vri.cz

Výskyt vybraných virových, bakteriálních a parazitárních agens v čerstvých zelenino-ovocných šťávách a smoothies

[1]Morávková M., [1]Vlková H., [1]Verbíková V., [1]Dziedzinská R., [1,2]Hrdý J., [1]Slaná I., [3]Kunstovná H., [1]Vašíčkova P.
[1]Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i, Brno
[2]Masarykova universita, Brno
[3]Hygienická stanice hlavního města Prahy, Praha

Molekulární metody představují v současné době významný nástroj pro detekci mikrobiálních agens v potravinách. V této práci byly použity metody real-time PCR (qPCR) a reverzně transkripční qPCR (RT-qPCR) pro sledování výskytu virových, bakteriálních a parazitárních agens v čerstvých džusech a smoothies vzorkovaných z různých typů stravovacích zařízení v ČR. Celkem bylo analyzováno 80 vzorků zelenino-ovocných šťáv a smoothies na přítomnost mikrobiálních agens, které se běžně v těchto matricích nesledují, ale mohou je kontaminovat a představovat tak riziko vzniku alimentární infekce. Konkrétně se jednalo o detekci norovirů NoV GI and NoV GII, *Yersinia enterocolitica, Staphylococcus aureus, Cryptosporidium sp., a Giardia lamblia*. U 15 vzorků z 80 (18%) testovaných bylo prokázáno alespoň jedno ze sledovaných mikrobiálních agens (*S. aureus, Y. enterocolitica, Cryptosporidium sp., G. lamblia*). V žádném vzorku nebyl potvrzen záchyt norovirů. Z uvedených výsledků vyplývá, že z mikrobiálního hlediska vyšetřované zelenino-ovocné šťávy mohou představovat zvýšené zdravotní riziko a být tak potencionálním zdrojem alimentárních nákaz zejména u oslabených jedinců.

Práce byla podpořena grantem Ministerstva zemědělství (RO0518).

6-6

Mgr. Petra Vašíčková, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 777 786 756
e-mail: vasickova@vri.cz

Výskyt vybraných patogenů virového a parazitárního původu v populaci černé zvěře v České republice a rizika z toho plynoucí

[1]Vašíčková P.,[1,2]Bena M., [1]Slaná I., [1]Kubánková M., [2]Drimaj J., [1]Hušáková M., [2]Plhal R., [2]Mikulka O., [2]Kamler J.

[1]Oddělení Bezpečnost potravin a krmiv, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, Brno
[2]Mendelova univerzita v Brně, Lesnická a dřevařská fakulta, Brno

Zvěř, obzvláště prasata divoká (černá zvěř), jsou hostiteli řady patogenních agens virového, bakteriálního i parazitárního původu. Tato agens u černé zvěře způsobují často inaparentní infekce, přesto v některých případech mohou infikovat jiné druhy a tento přenos může vést k závažným onemocněním nejen člověka. Současná studie popisuje prevalenci vybraných patogenů virového a parazitárního původu v populaci prasat divokých v České republice. Celkem byly na přítomnost viru hepatitidy E, prasečího herpesviru 1 (virus Aujeszkyho choroby), *Toxoplasma gondii* a *Trichinella spiralis* vyšetřeny vzorky 361 prasat divokých. Analyzované vzorky byly odebrány v období dvou let (2016 a 2017) a pocházely z 22 lokalit České republiky. Detekce vybraných patogenů byla provedena molekulárně biologickými metodami (qPCR, RT-qPCR). Virus hepatitidy E a virus Aujeszkyho choroby byly zjištěny v alespoň jednom analyzovaném vzorku 54 (15%) a 13 (4%) zvířat. Přítomnost *Toxoplasma gondii* byla prokázána ve vzorcích 23 (6%) prasat divokých. Všechny vzorky analyzované na přítomnost *Trichinella spiralis* byly negativní. Ačkoli se zjištěná prevalence studovaných patogenů u prasat divokých zdá nízká, získané výsledky by neměly být podceňovány. Podle prokázaného výskytu viru hepatitidy E (15%) a každoročního odlovu černé zvěře (v roce 2016 více než 160 000 zvířat) by mohlo být tímto virem infikováno až 24 000 prasat divokých a mohlo by tak sloužit jako zdroj virové hepatitidy E člověka.

Práce byla provedena s podporou grantů Ministerstva zdravotnictví (MZ 17-31921A) a Ministerstva vnitra České republiky (VI 20152020044).

ABSTRAKTY POSTERŮ

SEZNAM PŘIHLÁŠENÝCH POSTERŮ

1. **Natascha Bangerl**, Institute of Pathology, University Regensburg, Germany
   BRoTHER: Whole Slide Imaging for an interactive digital pathology framework to compare structural and genetic data in biobanking
2. **Mgr. Martina Beinhauerová**, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
   Kvantifikace qPCR standardů s využitím digitální PCR
3. **Mgr. Monika Beinhauerová**, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
   Konstrukce a testování stability referenčního standardu pro detekci a kvantifikaci Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis v trusu metodou qPCR
4. **Ing. Eliška Fialová**, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
   Digitální PCR pro analýzu GMO
5. **Mgr. Markéta Hušáková**, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
   Metoda magnetických separací jako nástroj pro účinnější detekci mykobakterií?
6. **Ing. Miroslava Krzyžánková, Dr.rer.nat**, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
   Porovnání a optimalizace metod pro izolaci virových částic z masa a masných výrobků
7. **Ing. Simona Lencová**, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
   DNA analýza mikromycet produkujících patulin a ochratoxin A v potravinách
8. **Ing. Lucie Michalcová**, Univerzita Pardubice, FCHT, Katedra biologických a biochemických věd
   Využití molekulárně biologických metod pro analýzu kontaminace kontaktních čoček patogenními kvasinkami
9. **Mgr. Karolína Morávková**, Univerzita Pardubice, FCHT, Katedra biologických a biochemických věd
   Tvorba biofilmů a další potenciální faktory virulence u Arcobacter spp.
10. **Sylva Neradová**, Gymnázium, Pardubice, Mozartova, Univerzita Pardubice, FCHT, Katedra biologických a biochemických věd
    Fosfatázy Pho15p defosforylují 2-fosfoglykolát
11. **Arnold Pöppl**, University Regensburg, Institute of Pathology
    BRoTHER: A Bavarian-Czech exchange program to introduce students in biobanking
12. **Ing. Barbora Teplá**, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
    Optimalizace vzorkování mikroorganismů přítomných na fotografických a filmových materiálech Národního archivu a Státního oblastního archivu v Praze

P-1

Natascha Bangerl

University Regensburg, Institute of Pathology
Franz-Josef-Strauss-Allee 11
93053 Regensburg, Germany

e-mail: natascha.bangerl@stud.uni-regensburg.de

BRoTHER: Whole Slide Imaging for an interactive digital pathology framework to compare structural and genetic data in biobanking

Bangerl N., Barsch F., Pöppl A., Babel M., Brochhausen Ch.
Institute of Pathology, University Regensburg, Regensburg, Germany

Background: Whole slide imaging is a powerful tool in modern pathology for both image analysing and image sharing. In the BRoTHER network digital pathology will give the virtual filament which build the connection of the partner biobanks.
Study aim: The aim is to interconnect the partner biobanks via a digital pathology framework based on Whole Slide Imaging. This will facilitate both the interactive and easy to handle exchange of imaging data and a tool for secondary consultations of histo-pathological features.
Material and Methods: We used modern web based technologies for whole slide imaging (WSI) and virtual microscopy to create a prototype of a digital pathology framework to share histological image data and to enable interactive image evaluation. As a base the Pate-framework is used (http://pate.um-mainz.de/) which was awarded by the German Medical Faculty Day with the "Ars legendi Award" in 2015.
Results: We are modifying the Pate-tool to create a prototype of a digital pathology framework for interactive second opinion use. For this purpose, we will develop an interactive digital secondary consultation system for desktop and small screens. To provide access to this digital system for the project-partners we will use a special software which will be chosen after identifying the relevant prerequisites. The presentation will provide an overview of what is state of the art in this field and what is achieved within the project.
Conclusions: The Pate-framework will enable the biobank-partners to Exchange histopathological data for the use in biomarker studies.

P-2

Mgr. Martina Beinhauerová

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 728 546 624
e-mail: beinhauerova.martina@vri.cz

Kvantifikace qPCR standardů s využitím digitální PCR

[1]Beinhauerová M., [1,2]Králík P.
[1]Oddělení bezpečnosti potravin a krmiv Výzkumného ústavu veterinárního lékařství, Brno

2 Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta Masarykovy univerzity, Brno

Mezi nejčastěji využívané metody pro detekci a kvantifikaci mikrobiálních patogenů se řadí kvantitativní real-time PCR (qPCR). Metoda qPCR je závislá na sestrojení kalibrační křivky ze standardů obsahujících známé množství kopií plazmidů, genomové DNA nebo jiných molekul nukleových kyselin. Koncentrace kvantifikačních standardů se nejčastěji stanovuje na základě spektrofotometrického měření absorbance nukleové kyseliny. Nedostatečná čistota však může ovlivnit výsledky měření a následné naředění těchto standardů.
Pro přesnou kvantifikaci qPCR standardů jsme využili digitální PCR (dPCR), jež nevyžaduje vytvoření kalibrační křivky. Principem dPCR je rozdělení vzorku do několika tisíc reakčních oddílů a provedení end-point PCR. Pozitivní reakční oddíly, které obsahovaly cílovou molekulu nukleové kyseliny, jsou následně využity pro výpočet koncentrace s použitím Poissonovy statistiky.
Cílem práce bylo stanovit a porovnat koncentrace 48 kvantifikačních standardů využívaných při qPCR pomocí dvou různých dPCR platforem – dropletové platformy QX200 (Bio-Rad) a čipové platformy QuantStudio 3D (Applied Biosystems). Pomocí dropletové digitální PCR jsme také otestovali a porovnali šest různých komerčních kitů pro izolaci standardů pro zjištění vlivu případné kontaminace.

Tato práce byla provedena v rámci projektů RO0518 a QK1810212.

P-3

Mgr. Monika Beinhauerová

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel.: +420 728 464 081
e-mail: beinhauerova.monika@vri.cz

Konstrukce a testování stability referenčního standardu pro detekci a kvantifikaci Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis v trusu metodou qPCR

[1,2]Beinhauerová M., [2]Slaná I., [2]Králík P.
[1]Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta Masarykovy univerzity, Brno
[2]Oddělení bezpečnosti potravin a krmiv, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, Brno

Kvantitativní PCR (qPCR) v dnešní době představuje jednu z nejvíce využívaných přímých metod detekce a kvantifikace Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis (MAP). Množství MAP stanovené pomocí qPCR však závisí na typu použitého kvantifikačního standardu qPCR (plazmid, izolovaná DNA), což v praxi může vést k situaci, kdy není možné navzájem porovnat výsledky stanovené různými testy qPCR v různých laboratořích. Vytvoření referenčního standardu by mělo přinést sjednocení kvantifikačních standardů při detekci MAP a umožnit porovnávání kvantitativních dat mezi různými laboratořemi.
Cílem této studie bylo vytvořit prototyp referenčního standardu pro kvantifikaci MAP v trusu metodou qPCR, nalézt vhodnou matrici pro uchovávání a otestovat stabilitu a reprodukovatelnost v průběhu času. S ohledem na stabilitu, uchovávání a případnou přepravu byla jako nejvhodnější forma standardu zvolena lyofilizovaná suspenze trusu, která byla uměle kontaminována referenčním kmenem MAP. Celkem bylo použito pět typů lyofilizačních matric a ve čtrnáctidenních intervalech byl sledován jejich vliv na stabilitu MAP. Z lyofilizovaného standardu byla izolována DNA pomocí standardizovaného protokolu a následně byla provedena kvantifikace MAP metodou qPCR. Byla vybrána nejvhodnější lyofilizační matrice, která bude následně testována při různých skladovacích podmínkách.

Tato práce byla podpořena z projektů Ministerstva vnitra ČR VI20152020044 a Ministerstva zemědělství ČR RO0518.

P-4

Ing. Eliška Fialová

Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
Technická 5
166 28 Praha 6

tel: +420 737 465 034
e-mail: fialovae@vscht.cz

Digitální PCR pro analýzu GMO

Fialová E., Zdeňková K., Jablonská E., Demnerová K.
VŠCHT Praha

Používání geneticky modifikovaných organismů (GMO) v potravinách a krmivech je stále častější. Evropská unie (EU) proto zavedla soubor postupů pro schvalování využití GMO jako potravin nebo jejich složek, v nichž stanovuje i prahovou hodnotu pro označení produktů. V krmivech se jedná již
o 0,1 % příměsi GMO, u kterého probíhá postup povolování nebo u nějž uplynula v EU platnost povolení. Pro ověření dodržení požadavků na označování produktů je tedy nutné mít k dispozici citlivé metody použitelné pro přesnou kvantifikaci jednotlivých složek. Jako vhodná metoda se jeví digitální PCR (dPCR), která umožňuje absolutní kvantifikaci. Kvantifikace je tak přesnější a jednodušší než u dnes často využívané kvantitativní PCR (qPCR), což je vhodné pro analýzy vzorků vyžadující vysokou citlivost a/nebo majících omezené množství vzorku. V předkládané práci byla prováděna optimalizace validovaného qPCR protokolu pro analýzu GMO využitím digitální kapkové PCR (ddPCR). Prokázalo se, že po mírné úpravě reakčních podmínek, je možné převzít qPCR protokol pro spolehlivou analýzu GMO vzorků na ddPCR.

Poděkování: Práce byla podpořena granty MZe (NAZV) QJ1530272: „Komplexní strategie pro efektivní odhalování falšování potravin v řetězci (prvo)výroba – spotřebitel" a QK1720263: „PAPAVER - Diagnostické metody pro laboratorní kontrolu pravosti máku setého".

P-5

Mgr. Markéta Hušáková

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 776 579 324
e-mail: husakova@vri.cz

Metoda magnetických separací jako nástroj pro účinnější detekci mykobakterií?

[1,2]Hušáková, M., [1]Králík, P., [1]Slaná, I.
[1]Oddělení bezpečnosti potravin a krmiv, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, Brno
[2]Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Brno

Metoda magnetických separací (MS) se používá s cílem koncentrovat patogeny ze vstupní matrice do minimálního objemu a získat DNA v dostatečném množství a čistotě. Mykobakterie jsou odpovědné za onemocnění u lidí a zvířat, obecně nazývané jako mykobakteriózy. Principu MS lze použít i pro izolaci Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis (MAP), které je původcem závažného onemocnění skotu, granulomatózní enteritidy – paratuberkulózy neboli tzv. Johneho choroby. Toto onemocnění je charakterizované zejména průjmem a ztrátou tělesné hmotnosti a postihuje kromě skotu také ostatní hospodářská zvířata, jako jsou ovce a kozy. Vyskytuje se také u volně žijících druhů, jako jsou jeleni, daňci, mufloni a divoká prasata. MAP je navíc podezříváno ze zoonotického potenciálu, přispívající k rozvoji humánní Crohnovy choroby. Hlavními důvody pro zlepšování detekčních metod pro MAP jsou tedy zdraví zvířat a lidí prostřednictvím sledování výskytu MAP v potravním řetězci (maso, mléko nebo mléčné výrobky).
Pro detekci MAP se využívají různé typy matric (mléko, kolostrum, trus, tkáně nebo krev). Izolaci MAP z těchto typů matric však komplikuje přítomnost mnoha inhibičních látek. MS umožňuje selektivní separaci buď samotné DNA, nebo celé buňky cílové bakterie od jiných necílových mikroorganismů a inhibičních látek s cílem koncentrovat cílové bakterie ze vstupní matrice do menšího objemu a dosáhnout tak maximální výtěžnosti. V rámci experimentu byla otestována účinnost izolace MAP DNA pomocí komerčně dostupných izolačních kitů využívajících jak metodu MS, tak klasické silikátové kolonky. Pro hledání nejvhodnějšího izolačního kitu byly použity všechny komerčně dostupné kity pro izolaci DNA z mléka (testováno celkem 6 kitů, 5 magnetických, 1 se silikátovými kolonkami) a trusu (testováno celkem 12 kitů, 4 magnetické, 8 se silikátovými kolonkami). Účinnosti izolací obou typů izolačních metod a matric byly následně statisticky vyhodnoceny.

Tato práce vznikla za finanční podpory projektu projektu Ministerstva zemědělství ČR, RO0518.

P-6

Ing. Miroslava Krzyžánková , Dr.rer.nat

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.
Hudcova 296/70
621 00 Brno

tel: +420 533 331 620
e-mail: krzyzankova@vri.cz

Porovnání a optimalizace metod pro izolaci virových částic z masa a masných výrobků

Krzyžánková M., Vašíčková P.
Výzkumná skupina virologie potravin, oddělení bezpečnosti potravin a krmiv, Výzkumný ústav veterinárního lékařství, Brno

Četnost alimentárních virových onemocnění má v poslední době vzrůstající charakter. Pro zamezení jejich propuknutí je důležitá včasná a spolehlivá detekce příslušných virových patogenů. Standardizované metody průkazu norovirů a viru hepatitidy A byly vyvinuty pouze pro drobné ovoce, zeleninu a pitnou vodu. Dosud není standardizována a validována metoda pro detekci virových agens v mase a masných výrobcích. Cílem práce bylo proto optimalizovat proces získávání a izolace RNA pro matrice masa a masných výrobků.
Vzorky masa a masných výrobků byly uměle kontaminovány pseudovirionovými částicemi s unikátní sekvencí. Následně byly vzorky opláchnuty různými roztoky a jejích kombinacemi pro získání maximálního množství virových částic z povrchu konkrétní matrice. Po izolaci RNA a jejím přepisu do cDNA bylo množství unikátní sekvence stanoveno pomocí polymerázové řetězové reakce v reálném čase (RT-qPCR). Byly stanoveny účinnosti použitých variant.
Na základě přepočtů účinností jednotlivých variant byly vybrány nejvhodnější oplachovací roztoky vhodné pro izolaci virových částic z matric masa a masných výrobků.

Táto práce vznikla za podpory TAČR GAMA – Proof of Concept, r.č.TG03010038.

P-7

Ing. Simona Lencová

Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
Technická 5
166 28 Praha 6

tel: +420 728 892 299
e-mail: lencovas@vscht.cz

DNA analýza mikromycet produkujících patulin a ochratoxin A v potravinách

Lencová S., Miklasová B., Zdeňková K., Demnerová K.
Vysoká škola chemicko-technologická v Praze

Potraviny mohou být během výrobního procesu napadeny mikromycetami, jež způsobují nejen kažení potravin, ale především produkují zdraví nebezpečné toxiny. Patulin a ochratoxin A (OTA) jsou hepatotoxické, imunosupresivní a potenciálně karcinogenní mykotoxiny produkované především mikromycetami rodů Aspergillus a Penicillium. Mykotoxiny jsou velkou hrozbou pro potravinářský průmysl, a proto je nezbytné hledat efektivní metody jejich detekce. Jmenované mikromycety mohou být mimo jiné detekovány molekulárně-biologickými metodami. Tato práce je zaměřena na polymerázovou řetězovou reakci (PCR) a metodu izotermické amplifikace DNA (angl. Loop-mediated isothermal amplification, LAMP). Cílem studie bylo navrhnout PCR a LAMP protokoly, pomocí nichž bude možné spolehlivě rozlišit, zda jsou mikromycety zodpovědné za produkci patulinu nebo OTA. Syntéza mykotoxinů je vícestupňový proces, pro detekci obou mykotoxinů byly proto vybrány klíčové enzymy jejich biosyntetických drah, konkrétně polyketid-synthasa (PKS) pro OTA a isoepoxydondehydrogenasa (IDH) pro patulin. Ze vzorků sbírky mikromycet VŠCHT byla nejprve izolována DNA a následně byly navrženy a experimentálně ověřeny protokoly PCR amplifikace a LAMP detekce genů kódujících klíčové enzymy biosyntetických drah obou mykotoxinů. Výsledky ukázala, že DNA analýza má velký potenciál pro využití k detekci patogenních mikroorganismů v potravinách.

P-8

Ing. Lucie Michalcová

Univerzita Pardubice, FCHT, Katedra biologických a biochemických věd
Studentská 573
532 10 Pardubice

tel: +420 466 037 779
e-mail: st38503@student.upce.cz

Využití molekulárně biologických metod pro analýzu kontaminace kontaktních čoček patogenními kvasinkami

Michalcová L., Heidingsfeld O.
Univerzita Pardubice

Patogenní kvasinky rodu *Candida* představují zvýšenou hrozbu pro jedince s oslabenou imunitou. U zdravých lidí mohou být tyto kvasinky součástí běžné mikroflóry, ale oslabení organismu může vést ke vzniku endogenní infekce. Zdroj infekce však může být také exogenní. Patogenní kandidy adherují nejen k živým, ale i k abiotickým povrchům, např. k plastovým zdravotnickým potřebám. Časté jsou i případy kolonizace katétrů, které vedou k rozšíření kandid v krevním oběhu. Kandidy také ochotně kolonizují kontaktní čočky a tím následně způsobují endoftalmitidy.
Sledovali jsme kolonizaci hydrogelových kontaktních čoček kvasinkami *C. albicans* a *C. parapsilosis* v časovém intervalu a dynamiku následného uvolňování patogenů z kontaminovaných čoček do čistého média. Zabývali jsme se metodami izolace kvasinkové DNA z kontaminovaných čoček, za účelem identifikace patogenů pomocí PCR, při použití panfungálních primerů. Dále jsme provedli měření pomocí spektroskopické metody ATR FTIR a stanovení botnání a extrahovatelného podílu, za účelem zjištění, zda tyto kvasinky mají vliv na samotnou kontaktní čočku.

Tato práce vznikla za finanční podpory Fakulty chemicko-technologické Univerzity Pardubice, studentský projekt SGS_2016_004 a SG_20.

P-9

Mgr. Karolína Morávková

Univerzita Pardubice, FCHT, Katedra biologických a biochemických věd
Studentská 573
532 10 Pardubice

tel: +420 603 312 989
e-mail: karolina.moravkova@student.upce.cz

Tvorba biofilmů a další potenciální faktory virulence u Arcobacter spp.

Morávková K., Hurdálková B., Sirotková S., Pejchalová M., Šilha D.
Katedra biologických a biochemických věd, Fakulta chemicko-technologická,
Univerzita Pardubice

Bakterie rodu *Arcobacter* patří do čeledi *Campylobacteraceae*, samostatný rod však vznikl v roce 1991 vyčleněním těchto bakterií z rodu *Campylobacter*. Arkobaktery mohou vyvolat symptomaticky velmi podobné onemocnění kampylobakterióze, a to u lidí i zvířat. K faktorům virulence se řadí schopnost tvořit biofilm, arkobaktery tak dokáží lépe odolávat dezinfekčním prostředkům, antimikrobiálním látkám a celkově pro ně negativním vnějším vlivům. Mezi domnělé faktory virulence jsou řazeny geny *ciaB, cj1349* a *cadF*. Právě tyto geny jsou homologické s geny kampylobakterů. Gen *ciaB* v genomu *Campylobacter spp.* kóduje invazivní protein. Gen *cj1349* a *cadF* v *C. jejuni* kóduje proteiny, které vážou fibronektin. Navíc byl popsán u *Arcobacter spp.* homolog s genem *irgA*, který kóduje vnější membránový protein ve *Vibrio cholerae* a *hecA* gen, který kóduje vláknitý hemaglutinin uropatogenní *Escherichia coli*. Dále byly u arkobakterů zjištěny geny *irgA, hecA, hecB, mviN, pldA, tlyA*. Další studie k těmto potenciálním genům virulence řadí také *iroE*. Z hlediska tvorby biofilmu jsou arkobaktery považovány za nebezpečné mikroorganismy, zejména v potravinářství. Obecně však platí, že mezi kmeny arkobakterů je v biofilmové tvorbě patrná značná variabilita. Schopnost tvorby biofilmu může být také ovlivněna vnějšími faktory, jako je dostupnost živin, podmínky prostředí a vlastnosti povrchu. Také má vliv prostředí inkubace, některé arkobaktery mohou tvořit biofilm za aerobních a mikroaerofilních podmínek.
Cílem této práce bylo identifikovat potenciální geny virulence a také určit schopnost tvorby biofilmu u kmenů *Arcobacter*. Ke zhodnocení, zda je za daných podmínek kmen biofilmpozitivní či nikoliv slouží řada metod, např. tradiční Christensenova metoda, která byla využita při sledování biofilmové aktivity arkobakterů izolovaných v rámci České republiky. Získané výsledky naznačují biofilmovou aktivitu téměř všech testovaných kmenů, a to od slabě biofilmpozitivních až po silné producenty biofilmu (A = 0,125–0,250). Potenciální geny virulence byly detekovány pomocí PCR u 80 kmenů *A. butzleri* a 22 kmenů *A. cryaerophilus*. Bylo zjištěno, že většina kmenů arkobakterů má v genomu alespoň jeden potenciální faktor virulence, avšak velmi časté jsou kombinace genů *ciaB, cj1349, pldA* a *mviN* (*A. butzleri*) a genů *ciaB* a *mviN* (*A. cryaerophilus*).

Tato práce vznikla za podpory projektu SGS_2018_004 (FChT, Univerzita Pardubice).

P-10

Sylva Neradová

Gymnázium, Pardubice, Mozartova 449
Mozartova 449
530 09 Pardubice

tel: +420 602 893 768
e-mail: sylvanerad@seznam.cz

Fosfatázy Pho15p defosforylují 2-fosfoglykolát

Neradová S., Kročová E., Kupčík R., Janovská S., Bílková Z., Heidingsfeld O.
Univerzita Pardubice, Fakulta chemicko-technologická, Katedra biologických a biochemických věd

Fosfatázy Pho15p jsou kódovány geny PHO15 patogenních kvasinek *Candida albicans* a *Candida parapsilosos*. Geny PHO15 jsou dosud nepopsané otevřené čtecí rámce, jejichž funkce jim je přiřazována na základě homologie s genem PHO13 pivní kvasinky *Saccharomyces cerevisiae*. Ačkoliv jsou proteiny Pho15p i Pho13p anotovány jako alkalické fosfatázy, jejich aminokyselinová sekvence je řadí spíše do rodiny HAD enzymů. Cílem této práce bylo jejich funkci experimentálně ověřit a dále tyto enzymy charakterizovat. Pho15p byly připravovány rekombinantně. Exprese proteinů probíhala v bakteriích *Escherichia coli* BL21(DH3) transformovaných vektorem pET28b, který obsahoval kódující sekvenci pro CaPho15p nebo CpPho15p. Fosfatázy se v buňkách ukládaly do inkluzních tělísek. Tyto inkluze byly z buněk izolovány, rozpuštěny v kyselině octové s pomocí sonikace a následně převedeny dialýzou do vody. Pro purifikaci fosfatáz byla použita afinitní chromatografie. Aktivita enzymů byla stanovená s Pho15p imobilizovanými na nosiči. Bylo stanoveno pH optimum pro oba enzymy (8,3 pro CaPho15p; 8,0 pro CpPho15p). Bylo zjištěno, že vhodnými kofaktory Pho15p jsou, kromě hořečnatého kationtu, i manganaté a kobaltnaté kationty. Optimum koncentrace Mg^{2+} je pro oba enzymy 10mM/l. Optimum koncentrace Mn^{2+} a Co^{2+} je pro CaPho15p 10mM/l, zatímco pro CpPho15p 1mM/l. Ani u jednoho enzymu nebyla prokázána desulfurylační aktivita či defosforylace bílkovin. Z přirozených substrátů bylo zatím zjištěno, že Pho15p defosforylují řadu malých organických molekul z metabolizmu cukrů. Nejlepším substrátem byl 2-fosfoglykolát. Tato láka vzniká jako vedlejší produkt pyruvát kinázy. Pro buňku je toxický, tudíž je jeho odbourávání stěžejní pro její přežití. Enzymy s touto opravnou funkcí jsou poměrně novým tématem.

P-11

Arnold Pöppl

University Regensburg, Institute of Pathology
Franz-Josef-Strauss-Allee 11
93053 Regensburg, Germany

e-mail: arnold.poeppl@stud.uni-regensburg.de

BRoTHER: A Bavarian-Czech exchange program to introduce students in biobanking

[1]Pöppl A., [1]Bangerl N., [2]Karlikova M., [2]Kinkorova J., [1]Brochhausen Ch.
[1]Institute of Pathology University Regensburg, Regensburg, Germany
[2]Department of Immunochemistry, University Hospital Pilsen, Czech Republic

Background: Biobanking play a crucial role in personalized medicine, and represents a real interdisciplinary field. Since the techniques in biobanking underly tremendous dynamic processes it is important to be aware of the latest developments, especially such in digitalization. BRoTHER represent a Bavarian-Czech network to facilitate the cooperation of biobanks via digitalization. Aim of the student exchange program within the BRoTHER project is to introduce students of medicine and from natural sciences into the infrastructure, the different techniques and the hardware systems used in modern biobanking.
Material and Methods: During site visits at the partner biobanks and a summer school the students from the Bavarian and Czech project partners will learn about the handling of hard- and software systems for biobanking as well as the impact of pre-analytics for the quality of biobank specimens. Furthermore, introduction in histochemical and immunohistochemical methods will be performed. The site visits will be monitored by student evaluation and feed-back discussions within the whole consortium.
Results: During the first site visit in 2017 the students worked in the Institute of to get an introduction and to work with radioimmunoassays. The second event of the exchange program was the first BRoTHER Summer school, where the students discussed with leading experts in the field the questions of specimen quality, IT-systems, hard- and software solutions and the question of data safety in the light f the new European data regulation. In the evaluation the students highlighted the experience they did not only on the scientific level but also on the social level: they appreciated the experience they could made in a scientific research laboratory abroad in a different medical system.
Conclusions: The BRoTHER student Exchange program provide an excellent opportunity to learn about the various parameters of biobanking in different scientific cultures and medical systems.

P-12

Ing. Barbora Teplá

Vysoká škola chemicko-technologická v Praze
Technická 5
166 28 Praha 6

tel: +420 732151836
e-mail: teplab@vscht.cz

Optimalizace vzorkování mikroorganismů přítomných na fotografických a filmových materiálech Národního archivu a Státního oblastního archivu v Praze

Teplá B., Kračmarová M., Demnerová K., Stiborová H.
Vysoká škola chemicko-technologická v Praze

Mikroorganismy patří mezi nejvýznamnější biologické vlivy, které se podílejí na deterioraci archivních materiálů. Tyto agens způsobují v příznivých podmínkách rozsáhlé skvrny, změny barev a rozpad podkladového materiálu způsobený prorůstáním mycelia. Příznivými podmínkami pro růst jsou zejména vysoká vlhkost vzduchu (nad 65 %) a teplota (nad 12 °C). Mezi další vlivy patří prašnost, přítomnost klimatizace a proudícího vzduchu a dále také počet osob, které se pohybují v daném depozitáři. Na území České republiky byl proveden poslední výzkum této problematiky mezi lety 1984-1989 a týkal se zejména kvantitativního stanovení mikrobiální kontaminace archivů v Hradištku a Trebsíně. Z tohoto důvodu je nutné zmapovat mikrobiální kontaminaci archivů a depozitářů v České republice a porovnat je s předchozími výsledky.
Náš výzkum se zabývá identifikací mikroorganismů pocházejících z depozitářů Národního Archivu v Praze a Státního oblastního archivu v Praze. Zaměřili jsme se na stanovení kultivovatelných i nekultivovatelných bakterií a mikromycet na základě metagenomické DNA a v budoucnu budou tyto informace využity pro výzkum biodiverzity. Mikroorganismy přítomné ve vzduchu jednotlivých depozitářů byly vzorkovány pomocí přístroje aeroskop MAS-100 a pro stanovení mikroorganismů na povrchu fotografických a filmografických materiálů byly využity polyuretanové stěrové houbičky. Z důvodu unikátnosti vzorků bylo nutné optimalizovat způsob skladování a následně také metodu izolace DNA. Pro analýzu záchytu a identifikaci mikroorganismů jsme využili metodu PCR (polymerázová řetězová reakce) s 16S rRNA primery pro bakterie a primery pro ITS regiony mikromycet. Tyto amplifikované reprezentativní sekvence budou dále sekvenovány pomocí metody Ilumina Solexa.

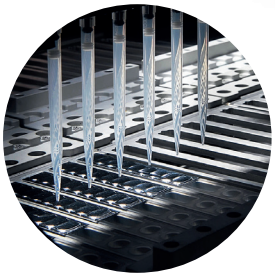
FIREMNÍ INZERCE

myCROBE by GeneProof

I ♥ GP

Plně automatické řešení molekulární diagnostiky

SAMPLE → RESULT



Unikátní řešení pro malé a středně velké laboratoře

Vyvinuto společností GeneProof a.s.

Vyrobeno v České republice

CE IVD certifikovaný diagnostický systém

Uvedení na trh v roce 2019

GeneProof a.s.

Vídeňská 101/119 / Dolní Heršpice / 619 00 Brno / Česká republika

+420 543 211 679 / info@geneproof.com

Nový trend: syndromatické testování na plaformě QIAstat-Dx

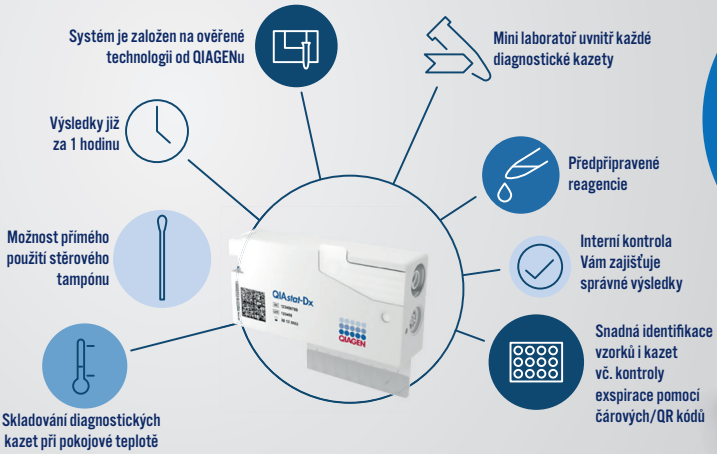
Klinici chtějí přesné a včasné odpovědi. Pacienti chtějí správnou léčbu. S novým analyzátorem QIAstat-Dx od QIAGENu jim můžeme vše zajistit.

Syndromatické testování:

- Různé druhy patogenů (virové a bakteriální) mohou způsobovat onemocnění s podobnými klinickými příznaky (např. u akutní respirační infekce)
- Rychlost a přesnost diagnostiky je důležitá pro individuální léčbu
- Novým trendem diagnostiky jsou panely umožňující detekci a rozlišení **velkého množství** patogenů v krátkém čase

Nová platforma: QIAstat-Dx

- Syndromatické testování metodou multiplex real-time PCR
- Použití jednorázových kazet obsahujících vše pro provedení testu od vzorku po výsledek
- Stačí jen napipetovat vzorek do kazety nebo do ní vložit odběrový tampón
- Výsledky již za 1 hodinu!
- V aktuální nabídce již 2 panely: respirační (21 patogenů) a gastrointestinální (24 patogenů)
- Již 2x umístěno v ČR



Navštivte náš konferenční stolek a dozvíte se více.

DYNEX – jediný autorizovaný distributor produktů QIAGEN pro ČR a SR
Lidická 977, 273 43 Buštěhrad, Česká republika
Tel.: +420 220 303 600, email: office@dynex.cz
www.dynex.cz

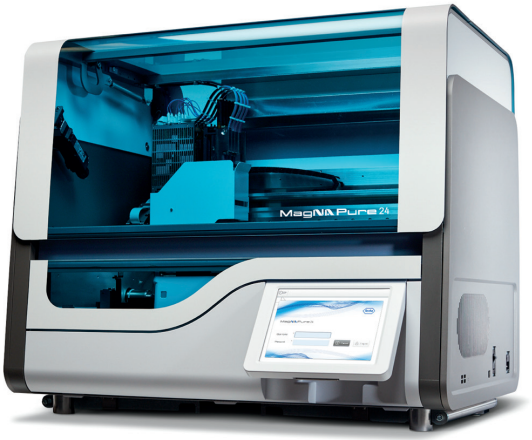
QIAGEN

DYNEX

MagNA Pure 24 Systém

Roche nastavuje nové standardy v izolaci NK

Představujeme nový automatický izolátor genomické a cell-free DNA.



■ škálovatelné řešení automatické izolace od 1–24 vzorků ■ certifikované (CE-IVD) ■ propojitelné do LISu ■ možnost využít primární odběrové zkumavky ■ trekovatelné, intuitivní ■ vysoce efektivní a rychlé ■ již od 200 µl až do 4 ml ■ validované pro krev, plazmu, sérum, sputum, BAL, CSF, výtěr, moč, stolici, čerstvou a zmraženou tkáň, FFPE ■

Roche s.r.o., Diagnostická divize
Na Valentince 3336/4 , 150 00 Praha 5,
www.roche-diagnostics.cz

Objednávky
■ E-mailem: objednavky@roche-diagnostics.cz
■ Elektronická objednávka na:
http://objednavky.roche-diagnostics.cz/objednavky/
Centrum zákaznické podpory
■ Tel: 800 11 11 99
■ E-mailem: czech.rcsc@roche.com
Potřebujete-li více produktových informací, naleznete je na ■ https://ldtsolutions.roche.com
■ https://lifescience.roche.com

MagNA Pure

The MagNA Pure 24 System including instrument, kits, and accessories are for in vitro diagnostic unless otherwise noted.
MAGNA PURE is registered trademarks of Roche. All other product names and trademarks are the property of their respective owners.
© 2017 Roche Molecular Systems, Inc. All rights reserved.

ASCO MED s.r.o.

DISTRIBUCE ZDRAVOTNICKÝCH PROSTŘEDKŮ

FUJIREBIO

TENDIGO - *automatizace hybridizace detekce a genotypizace humánního a extrahumánního genomu*
INNO-LiPA -CFTR , -HPV, -HBV Genotyping, HBV MultiDR

operon immuno & molecular diagnostics

OPEGEN A OLIGOGEN
detekce a genotypizace humánního a extrahumánního genomu
CeliacStrip, LactoStrip, B27 OligoGen,
STDStrip, CT/LGV OligoGen

BDR BLACKHILLS DIAGNOSTIC RESOURCES

Agellgene *fragmentová analýza* FragX, SCA, MD, FRDA,HD
GenVinSet *Real Time PCR*

ASCO-MED, spol. s.r.o.
Pod Cihelnou 6/664
161 00 Praha 6

tel: (+420) 233 313 578, - 582
www.ascomed.cz
asco@ascomed.cz

amplex BIOSYSTEMS GMBH

Axonlab
connecting ideas

Axon Lab spol. s r.o. nabízí unikátní systém Genie® II

s revoluční technologií LAMP umožňující nejsnadnější a nejrychlejší molekulární diagnostiku na trhu přímo ze vzorku pacienta.

PŘÍSTROJ
- Technologie LAMP – Amplifikace při isothermální teplotě 65°C
- Možnost měřit simultánně 2 vzorky

KITY
- Easyplex – rychlá identifikace (meningitida do 30 min, MRSA 15 min, C. diff 30 min) – STATIM
- Bez předchozí isolace DNA – nejjednodušší molekulární diagnostika na trhu
- „Ready to use" kity

VÝSLEDKY
- „Real time" – možnost pozorovat první výsledky po pár minutách
- Možnost přímého tisku ze zařízení
- Zálohování dat přímo v přístroji

www.axonlab.com

BAG Health Care GmbH nabízí řadu PCR diagnostik: **BAGene** - SSP typizace červených krvinek, **HISTO TYPE** - SSP typizace HLA alel. Pro náš automat **MR. SPOT®** dodáváme SSO testy **HISTO SPOT®** určené pro typizaci I. a II. HLA třídy, **HISTO SPOT® HLA AB ID** pro identifikaci HLA protilátek a **ERY SPOT®** - SSO testy pro stanovení krevních skupin. Nedílnou součástí nabídky jsou i kontrolní testy, např. **CYCLER CHECK** pro kontrolu teplotní uniformity termocyklérů či **Wipe Test** pro kontrolu HLA kontaminací.

Dále nabízíme i velmi oblíbené soupravy pro průkaz predispozice k chorobám asociovaným s určitými HLA typy – **celiakie, narkolepsie, autoimunitní choroby** asociované s B*27 nebo testy pro průkaz B*51/B*57. Všem našim zákazníkům pro snadnější interpretaci výsledků instalujeme zdarma pokročilý software **HISTO MATCH**. V roce 2018 jsme uvedli na trh, mimo jiného, také naši první real-time PCR soupravu pro HLA asociované choroby **HISTO TYPE B*27 Q** a další real-time testy pro typizaci HLA i typování červených krvinek budou následovat v roce 2019.

O této i další nabídce firmy naleznete více informací na našich webových stránkách.

BAG Health Care GmbH
Na Hlinách 555/17
182 00 Praha 8

tel.: 286 840 508
e-mail: info@bag-healthcare.cz
www. bag-healthcare.cz

PŘÍPRAVA KNIHOVEN
pro sekvenátory druhé generace

Biomek i-Series

BECKMAN COULTER
Life Sciences

Agencourt SPRI®

www.beckman.com

BioVendor®

Xpert® HBV Viral Load*

Monitorování virové zátěže HBV

Flexibilní pracovní postup zpracování primárního vzorku

- Výsledky klinického testování do 59 minut
- Manuální příprava méně než 1 minutu
- Doplňuje stávající portfolio Viral Load testů
- Systém GeneXpert umožňuje současné testování dalších onemocnění

Výkon bez kompromisů

- Detekce a kvantifikace genotypu A-H
- LOD 3.20 IU/mL v plasmě a 5.99 IU/mL v séru
- Lineární rozsah 10-10^9 IU/mL pro 600 µl-1 mL vzorku

Cepheid. A better way.

Cepheid, Vira Solelh, 81470 Maurens-Scopont, France
Phone: +33.563.82.53.00 · FAX: +33.563.82.53.01
E-mail: cepheid@cepheideurope.fr
www.Cepheidinternational.com

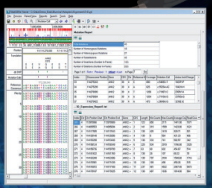
BioVendor®

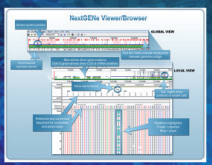
BioVendor – Laboratorní medicína a.s.
Karásek 1767/1, 621 00 Brno, Česká republika
Tel.: +420 549 124 111 · E-mail: info@biovendor.cz
www.biovendor.cz

NextGENe®

Next Generation Sequencing Software for Biologists

Biologist Friendly Windows® interface:
Application driven
Automated inspection of input files to set analysis parameters
Requires no scripting,
Reduces bioinformatics requirements





Application Modules for:
SNP/Indel/Structural Variant Analysis
CNV Analysis, Somatic Mutation Mining
Large Genome Alignment and Variant Discovery
Exome Analysis and Variant Discovery
RNA-Seq/Transcriptome Analysis
Targeted Sequencing and Resequencing Analysis
HLA Analysis, STR Human Identity Analysis
de novo & Paired End Assembly
Paired End Merging, Digital Gene Expression
Metagenomic Analysis
miRNA Discovery and Quantification
Rare Disease Analysis and Prediction
Multiple Project Comparison

Compatible with:
Ion Torrent Platforms, Roche Sequencing Platforms,
Illumina Sequencing Platforms, Life Technologies SOLiD™System

CarolinaBiosystems

Produkty a služby pro molekulární biologii

Nabízíme kvalitní přístroje, chemii, software a certifikovaný servis DNA sekvenátorů za rozumné ceny

- kompletní servis DNA sekvenátorů certifikovanými techniky
- spotřební materiál pro DNA sekvenátory
- analytický software pro Sangerovo i NGS sekvenování
- pipety
- elektroforézy
- PCR thermocyklery
- izolační RNA, DNA kity

Carolina Biosystems, s.r.o.
Drnovská 1112/60
161 00 Praha 6

www.carolinabiosystems.com

SOFTGENETICS®
Software PowerTools for Genetic Analysis

DIALAB

LIONHEART FX™

Přístrojové vybavení

Biochemické, imunologické a hematologické analyzátory

Standardní i multidetekční readery, promývačky, dispenzory

Think Possible

BioTek®

Automatické snímání obrazu buněk, včetně záznamu videa a možností anotací

Čtyři módy zobrazení – brightfield – průzračný, barevný, fázový kontrast a fluorescenční

Automatická nastavitelná analýza snímaného obrazu (počty částic, velikosti apod.) pomocí SW GEN 5

Kompaktní rozměry

Dialab spol. s r.o.

Nám. Osvoboditelů 1

153 00 Praha 5 – Radotín

tel./fax.: 257 910255, 260, 263

e-mail: office@dialab.cz

DiaSorin Molecular

NOVÉ

řešení pro rychlou molekulární diagnostiku

LIAISON® MDX

One instrument. Multiple discs.

DiaSorin

The Diagnostic Specialist

DispoLab

Dispolab s.r.o.
Jugoslávská 123
613 00 Brno

Telefon: 545 212 162, 545 242 223
Fax: 545 210 521
Mobil: 724 347 765
e-mail: info@dispolab.cz

Elisabeth® Pharmacon | EliGene® DNA DIAGNOSTICS | EliGene® EXTRACTION KITS | EliZyme™ | ZEPHYRUS® PCR BOX HARMONY

Soupravy **EliGene®** pro DNA diagnostiku | Soupravy pro izolaci DNA / RNA | Polymerázy, mastermixy a enzymy **EliZyme™** | **ZEPHYRUS® PCR Box**

Soupravy značek **QIAGEN** (MO BIO) a **Perkin Elmer** pro izolaci DNA / RNA | Syntéza oligonukleotidů a sond | Sekvenování DNA | Spotřební materiál pro laboratoře (rukavice, plast aj.)

Více na: ***www.elisabeth.cz | www.eligene.com | www.elizyme.com***

HEMO
IVD kity pro trombofilní mutace

GENETIC
IVD kity pro lidskou genetiku

PHARM
IVD kity pro farmakogenetiku

MICRO
IVD kity pro detekci a kvantifikaci patogenů

ONCO
IVD kity pro onkologii

www.generi-biotech.com

generi biotech

hpst

HPST, s.r.o.
Na Jetelce 69/2
190 00 Praha 9
Česká republika

Tel.: +420 244 001 231
Fax: +420 244 001 235
E-mail: info@hpst.cz
Web: www.hpst.cz

Autorizovaný distributor Agilent Technologies

Agilent Authorized Distributor

Agilent 4150 a 4200 TapeStation

Rychlá a spolehlivá kontrola kvality a kvantity vzorků nukleových kyselin pro NGS a další aplikace.

- automatické nanášení vzorků
- aplikace v plném rozsahu velikostí DNA a RNA
- flexibilní počet vzorků v analýze: 1-16 (model 4150) a 1-96 (model 4200)
- spotřeba vzorku pouze 1 – 2 µl
- „ready-to-use“ spotřební materiál (ScreenTape)
- rychlé a spolehlivé výsledky
- vysoká citlivost, nulové riziko kontaminace

4200 TapeStation

4150 TapeStation

Chcete vědět více? Navštivte naše webové stránky **www.hpst.cz** nebo kontaktujte našeho produktového specialistu!

Aleš Merta | ales.merta@hpst.cz | +420 731 538 641

KRD

RBCBioscience

Izolace čisté DNA/RNA

Krev, tělní tekutiny, tkáně, viry, bakterie, rostliny, FFPE bez Xylenu

Od 35 minut

Připravené kartridže

Automat

Až z 2400 µl

Termotiskárna

USB rozhraní

16 pozic

Magnetické částice

CE IVD

UV lampa

Dotykový displej

Od 390 000 Kč

Vestavěný automatický spektrofotometr

Vyzkoušejte zdarma přímo ve Vaší laboratoři

Michal Sklenář | +420 739 654 976 | michal.s@krd.cz

KRD – obchodní společnost s.r.o. | Pekařská 12, 155 00 Praha 5 | Tel: +420 257 013 400 | krd@krd.cz | www.krd.cz

labmark

MyGo Mini

KOMPAKTNÍ **qPCR TERMOCYKLER** BEZ POHYBLIVÝCH ČÁSTÍ

- 16 pozic
- 2 kanály
- HRM analýza
- genotypovací analýza

www.labmark.cz

labmark@labmark.cz

Automatický izolátor - BioMagPure 12

BioMagPure12 je kompaktní systém určený pro automatickou izolaci nukleových kyselin. Použití "ready-to-use" izolačních kitů a jednorázových spotřebních materiálů umožňuje plnou automatizaci a vysoce kvalitní extrakci nukleových kyselin. Osvědčená technologie magnetické separace činí tuto izolaci efektivní, spolehlivou, bezpečnou a hospodárnou.
K dispozici je 17 různých extrakčních kitů.

Výběr z nabídky Real-Time PCR AmpliSens®

MULTIPLEXY pro detekci mikrobiálního genomu

Respirační infekce:
- bakteriální – *M. pneumoniae / Ch. pneumoniae*
- virové – *ARVI screen*

Neuroinfekce:
- *TBEV / B. burgdorferi / A. phagocytophilum / E. chaffeensis / E. muris*

Sexuálně přenosné infekce:
- *Ch. trachomatis / Ureaplasma / M. genitalium / M. hominis*

LABOSERV s.r.o., Tuřanka 1222/115,627 00 Brno, www.laboserv.cz, www.lshop.cz, objednavky@laboserv.cz

Real-time PCR singlety i multiplexy (CE IVD) renomovaných evropských výrobců

dostupné i v lyofilizovaných formátech

aplikovatelné v kombinaci s revoluční real-time PCR platformou MIC (BMS)

medisco Praha

BIO/PORT EUROPE

SVEN BioLabs s.r.o. | **Systémy pro izolaci nukleových kyselin**

SVEN BIOLABS S.R.O. WWW.SVENBIOLABS.CZ

Zinexts MagPurix®

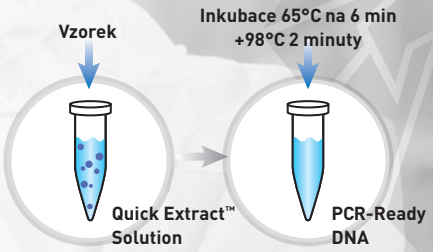
Plně automatizovaný CE-IVD certifikovaný izolátor nukleových kyselin DNA/RNA pro 1 - 96 vzorků naráz.

ZINEXTS Zinexts Life Science Corp.

LGC Biosearch Technologies Quick Extract™ DNA/RNA

Izolace PCR-ready NK během 2 - 8 minut ze širokého spektra substrátů.

BIOSEARCH™ TECHNOLOGIES GENOMIC ANALYSIS BY LGC | Lucigen



Celkem 17 různých kitů pro izolaci NK z nejrůznějších substrátů:

- Blood DNA Extraction Kit +LV kit
- Viral NA Extraction Kit
- Tissue DNA Extraction Kit
- Cultured Cell DNA Extraction Kit
- Bacterial DNA Extraction Kit
- HPV DNA Extraction Kit
- TB DNA Extraction Kit
- FFPE DNA Extraction Kit
- Forensic DNA Extraction Kit
- Viral/Pathogen NA Extraction Kit A/B
- Viral RNA Extraction Kit
- Total RNA Extraction Kit
- Viral NA Extraction Kit LV
- CFC DNA Extraction Kit

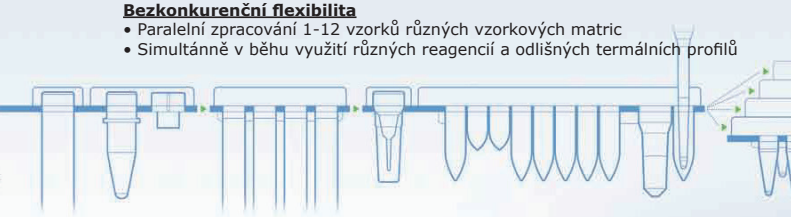
BIOMEDICA

O kompletně automatickém analyzátoru nukleových kyselin RT PCR, který je uživatelsky konfigurovatelný, už nemusíte jen snít....

ELITechGroup MOLECULAR DIAGNOSTICS

Úplná automatizace
- Automatická extrakce
- RT-PCR amplifikace
- Analýza výsledků

Bezkonkurenční flexibilita
- Paralelní zpracování 1-12 vzorků různých vzorkových matric
- Simultánně v běhu využití různých reagencií a odlišných termálních profilů

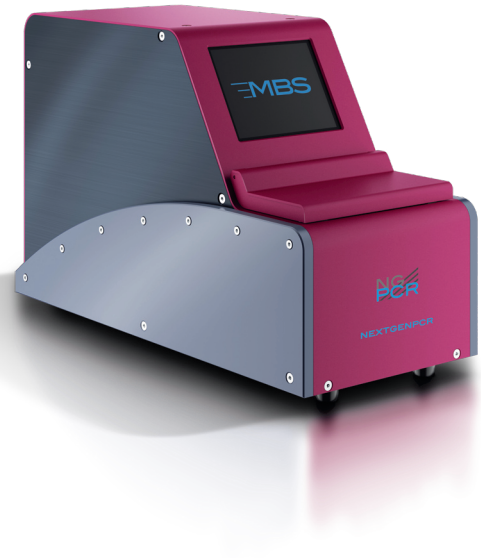


...rádi Vám představíme analyzátor InGenius, jakož i další převratné analyzátory nukleových kyselin světových výrobců.

BIOMEDICA ČS, s.r.o.
Sokolovská 100/94 • 186 00 Praha 8 – Karlín • T +420 283 933 605 • F +420 283 932 507
info@bmgrp.cz • www.bmgrp.cz

NG PCR

PCR termocykler nové generace



30 cyklů / 3 teploty / 100 bp / 2 minuty*

nejrychlejší PCR na trhu

kompatibilní se **všemi mastermixy**

reakční objem **5 - 50 ul**

end-point PCR, HRM, sekvenace...

Princip: 3 bloky + tenkostěnné destičky

= okamžitá změna teploty vzorku

*limit závisí na vlastnostech polymerázy

MOLBIOL@YBUX.EU

YBUX

FONSOPENLIMS

WEBLIMS – PŘÍSTUP DO LABORATOŘE V PROSTŘEDÍ INTERNETU

FONS Openlims - modul WebLIMS – poskytuje jednoduchou formou zabezpečený přístup k laboratorním výsledkům. Zároveň je možné ve stejném modulu vytvářet elektronické žádanky na laboratorní vyšetření. WebLIMS nevyžaduje žádnou instalaci na počítači uživatele. Je spustitelný v běžném internetovém prohlížeči. Přehledné uživatelské rozhraní umožňuje použití bez nutnosti školení.

WebLIMS je určen především pro ambulantní lékaře. Lze jej však využít i pracovníky laboratoře nebo nemocnice pro rychlý přístup k výsledkům v případě, že jsou mimo zařízení a mají k dispozici internetové připojení.

WebLIMS je internetová aplikace, která pracuje přímo s databází laboratoře. To umožňuje okamžitý přístup k pacientským datům jak při vytváření elektronické žádanky (ověřené identifikační údaje), tak i při zobrazování výsledků. Výsledky lze zobrazovat průběžně od okamžiku, kdy jsou uvolněny laboratoří (validované výsledky).

PŘÍNOSY PRO UŽIVATELE

- Okamžité použití po přidělení přístupového hesla
- Intuitivní jednoduché uživatelské rozhraní
- Vyšší efektivita práce lékaře a sestry při práci s laboratorními výsledky
- Rychlé vytvoření elektronické žádanky
- Vyšší zabezpečení materiálu proti záměně při transportu
- Žádankové formuláře přizpůsobitelné konkrétnímu uživateli
- Snadný a okamžitý přístup lékaře k laboratorním výsledkům pacientů
- Denní i kumulativní přehled výsledků vyšetření
- Přehledné tiskové výstupy
- Zabezpečený přístup k pacientským datům
- Individuální přizpůsobitelnost pro konkrétní laboratoř
- Možnost vlastního grafického vzhledu

RUTINNÍ ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN

PROGRAM A SBORNÍK KONFERENCE RANK 2019

Vydalo STAPRO s. r. o., Pernštýnské nám. 51, 530 02 Pardubice
jako doprovodnou publikaci konference RANK 2019.

Vytiskla tiskárna Studio Press s.r.o.,
V Kapslovně 2770, 130 00 Praha 3.

Adresa pořádající organizace:

MeDiLa spol. s r.o.
Štrossova 1931
530 03 Pardubice
IČ: 632 17 767

e-mail: pcr.lab@medila.cz
tel: +420 602 431 809

www.rank.cz