



RUTINNÍ ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN



## PROGRAM A SBORNÍK KONFERENCE

Pardubice, 20. - 21. března 2024

[www.rank.cz](http://www.rank.cz)





RUTINNÍ ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN

# PROGRAM A SBORNÍK KONFERENCE RANK 2024

RUTINNÍ ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN  
MOLEKULÁRNĚ BIOLOGICKÝMI TECHNIKAMI

20. a 21. března 2024  
v prostorách hotelu Zlatá Štika, Pardubice

**ISBN 978-80-87436-22-6**



# OBSAH

Zajištění konference ..... 4

Partneři konference ..... 5

## **PROGRAM KONFERENCE**

Celkový program konference ..... 7

## **SBORNÍK**

Abstrakty přednášek ..... 13

Abstrakty posterů ..... 37

Firemní inzerce ..... 49



# 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 Štumor, Ph.D. - předseda

Mgr. Martina Sittová, Ph.D.

RNDr. Pavel Hložek

Doc. RNDr. Martin Pešta, Ph.D.

Prof. RNDr. Zuzana Bílková, Ph.D.

Mgr. Ondřej Morávek

Mgr. Nikola Matějková

Ing. Barbara Štumrová

Ing. Hana Skalická

Ladislava Štefčková

# PARTNEŘI KONFERENCE



**DIANA Biotechnologies s.r.o.**

Nad Safinou II 366, 252 50 Vestec



**DYNEX TECHNOLOGIES, spol. s r. o.**

Lidická 977, 273 43 Buštěhrad



**ELISABETH PHARMACON, spol. s r. o.**

Rokycanova 4437/5, 615 00 Brno

## GeneProof®

Molecular diagnostics for your routine

**GENEPROOF, a.s.**

Rokycanova 4437/5, 615 00 Brno



**STAPRO s. r. o.**

Pernštýnské nám. 51, 530 02 Pardubice

# VYSTAVOVATELÉ

Abbott Laboratories, s.r.o.

Allgene s.r.o.

ASCO-MED, spol. s r. o.

BAG Diagnostics GmbH

BioTech a.s.

BioVendor - Laboratorní medicína a.s.

Carolina Biosystems, s.r.o.

DiaSorin Czech s.r.o.

GENERI BIOTECH s.r.o.

GenSeq s.r.o.

I.T.A. - Intertact s.r.o.

LABOSERV s.r.o.

M.G.P. spol. s r. o.

MEDISTA spol. s r. o.

Roche s.r.o., Diagnostická divize

Sven Biolabs s.r.o.

# PROGRAM KONFERENCE



## STŘEDA 20. BŘEZNA 2024

- 10:00 – 12:30 **Registrace**
- 13:00 – 13:15 **Zahájení**
- 13:15 – 14:15 **Úvodní sdělení**  
**Mgr. Jan Pačes, Ph.D.**  
Co nám poví archaická DNA? (45 + 15 min.)
- 14:15 – 14:30 **Přestávka**
- 14:30 – 15:20 **Moderní rutinní DNA diagnostika**  
*předsedající: Doc. RNDr. Martin Pešta, Ph.D.*  
**RNDr. Martina Hajdušková, Ph.D.**  
Prekoncepční screening přenašečství monogenních onemocnění na pracovišti Genetika Plzeň. (20 + 5 min.)  
**RNDr. Martina Putzová, Ph.D.**  
Neinvasivní prenatální screening nejčastějších aneuploidií a zajímavé kazuistiky z praxe (20 + 5 min.)
- 15:20 – 15:35 **Přestávka**
- 15:35 – 16:55 **Pokroky a budoucnost v analýze nukleových kyselin**  
*předsedající: prof. RNDr. Zuzana Bílková, Ph.D.*  
*Doc. RNDr. Martin Pešta, Ph.D.*  
**prof. RNDr. Zuzana Bílková, Ph.D.**  
Inovativní mikrofluidní zařízení pro extrakci a kvantifikaci virové RNA (25 + 5 min.)  
**RNDr. Martin Kašný, Ph.D.**  
Evaluation of WGS and WES protocols based on dried blood spot sample-derived gDNA (20 + 5 min.)  
**Mgr. Ondřej Brzoň**  
AI in whole genome and whole exome analysis (20 + 5 min.)
- 16:55 – 17:10 **Přestávka**
- 17:10 – 18:30 **Klíště - náš souputník**  
*předsedající: RNDr. Pavel Hložek*  
**RNDr. Radek Šíma, Ph.D.**  
Klíště - obávaný škůdce, nebo zdroj budoucích léčiv? (20 + 5 min.)

**MUDr. Michal František Kříha**

Klíšťová encefalitida a další klíšťaty přenášená onemocnění

(25 + 5 min.)

**RNDr. Radek Šíma, Ph.D.**

Dynamika přenosu borelií, aneb proč neexistuje vakcína proti Lymeské borelióze?

(20 + 5 min.)

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

## ČTVRTEK 21. BŘEZNA 2024

8:35 – 09:45 **Včera a dnes**

*předsedající: Doc. RNDr. Martin Pešta, Ph.D.  
RNDr. Pavel Hložek*

**PharmDr. Radovan Haluza, Ph.D.**

Naše zkušenost se zdárnou implementací IVDR do systému kvality a výroby IVD produktů pro molekulárně genetickou diagnostiku

(20 + 5 min.)

**Doc. RNDr. Martin Pešta, Ph.D.**

Chromozomové základy mendelovské dědičnosti – Thomas H. Morgan

(20 + 5 min.)

**Mgr. Natálie Králová**

Multiplexní PCR pro sérotypizaci *Streptococcus suis*

(20 + 5 min.)

09:45 – 10:00 **Přestávka**

10:00 – 11:15 **Analýza mikrobiální DNA**

*předsedající: Mgr. Martina Sittová, Ph.D.*

**Mgr. Petr Králík, Ph.D.**

Multiplexní detekce probiotických bakterií v doplňcích stravy pomocí MOL-PCR s vizualizací prostřednictvím xMAP technologie

(20 + 5 min.)

**Mgr. Petra Vašíčková, Ph.D.**

Divočina ve městě a rizika z toho plynoucí

(20 + 5 min.)

**Mgr. Radka Dziedzinská, Ph.D.**

Veterinární a sociologické aspekty výskytu volně žijících zvířat v urbánním prostředí (Projekt TAČR)

(20 + 5 min)

- 11:15 – 11:30 **Přestávka**
- 11:30 – 12:45 **Výzkum a diagnostika onkologických onemocnění**  
*ředsedající: prof. RNDr. Zuzana Bílková, Ph.D.*
- RNDr. Alice Mášová, Ph.D.**  
Optimization and use of single cell analysis methods  
in cancer research (20 + 5 min)
- Ing. Zuzana Dolečková**  
Včasná detekce karcinomu slinivky břišní pomocí  
lipidomického testu (20 + 5 min.)
- Doc. RNDr. Martin Pešta, Ph.D.**  
Benefit NGS analýzy pro cílenou terapii  
adenokarcinomu plic (20 + 5 min.)
- 12:45 – 13:00 **Vyhodnocení soutěží, předání cen, 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 v tomto ročníku vyhodnotí celkového vítěze bez rozlišení kategorií poster / přednáška. Důvodem je nízký počet přihlášených prací mladých autorů v kategoriích nejlepší poster a nejlepší přednáška. Vítězní autoři obdrží věcné ceny. Vítěz obdrží věcnou cenu i 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.

## NOMINOVANÍ AUTOŘI

Mgr. Ondřej Brzoň (přednáška 2-3)

Ing. Zuzana Dolečková (přednáška 6-2)

Ing. Kristýna Kliková (poster P-3)

Mgr. Natálie Králová (přednáška 4-3)

MUDr. Michal František Kříha (přednáška 3-2)

Mgr. Ondřej Morávek (poster P-4)

Mgr. Pavlína Nývltová Ph.D. (poster P-6)



# ABSTRAKTY PŘEDNÁŠEK

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



## SEZNAM PŘEDNÁŠKOVÝCH BLOKŮ

1. Úvodní sdělení.....
2. Moderní rutinní DNA diagnostika.....
3. Pokroky a budoucnost v analýze nukleových kyselin.....
4. Klíště - náš souputník.....
5. Včera a dnes .....
6. Analýza mikrobiální DNA.....
7. Výzkum a diagnostika onkologických onemocnění.....

**Mgr. Jan Pačes, Ph.D.**

Ústav molekulární genetiky AV ČR, v. v. i.  
Laboratoř genomiky a bioinformatiky  
Václavská 1083  
142 20 Praha 4

tel: +420 296 443 446

e-mail: jan.paces@img.cas.cz

## Co nám poví archaická DNA?

Pačes J.

Čtení DNA je klíčovým nástrojem, který nám umožňuje porozumět tomu, jak fungují živé organizmy. Analyzováním genetické informace můžeme také studovat jejich vzájemné vztahy a rozdíly mezi jednotlivci, populacemi a druhy. Ovšem DNA čteme v podobě, jak existuje tady a teď. Protože rychlost změn (mutací) v DNA je zhruba konstantní a máme matematické modely, jak se DNA v čase mění, můžeme také zprostředkovaně nahlížet do minulosti. Například rekonstruovat pravděpodobný vývoj druhů a vztahy mezi nimi.

V roce 2022 byla udělena Nobelova cena za fyziologii a medicínu za vývoj metody čtení archaické DNA, tedy DNA izolované z paleontologických nálezů, které jsou stovky až statisíce let staré. Díky tomu jsme získali možnost nahlédnout do naší minulosti přímo a v detailu. Přečtením a analýzou archaické DNA byl popsán další, dosud neznámý druh hominina, denisované. Zjistili jsme, že v naší DNA neseme i DNA od našich příbuzných, neandrtálců. V přednášce se zaměříme na některé z nejnovějších poznatků získaných studiem archaické DNA a ukážeme, jak nám tato technologie umožňuje lépe porozumět vzniku a vývoji člověka.

Odkazy:

- Genomes of extinct hominins and human evolution: <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/2022/press-release/>
- AmtDB: databáze archaických mitochondriálních DNA <https://amtdb.org/>

**RNDr. Martina Hajdušková, Ph.D.**

Genetika Plzeň, s.r.o.  
Parková 1254/11a  
32600, Plzeň

tel: +420 604 977 860  
e-mail: [martina.hajduskova@next-clinics.com](mailto:martina.hajduskova@next-clinics.com)

## **Prekoncepční screening přenašečství monogenních onemocnění na pracovišti Genetika Plzeň.**

Hajdušková M., Hrubá M., Šolcová L., Rykovská A., Pittrová M., Lošan P.  
*Genetika Plzeň, s.r.o.*

*Úvod:* Screening přenašečství (CS, z angl. Carrier Screening) monogenních recesivních onemocnění umožňuje identifikovat asymptomatické přenašeče v populaci a zabránit tak výskytu daného onemocnění v další generaci. Tradičně byl CS prováděn u jedinců s vyšším rizikem přenašečství na základě příslušnosti k určitému etniku s vysokou prevalencí daného onemocnění. Rozvoj molekulárně-biologických metod umožnil analyzovat mnoho genů zároveň, a tím aplikovat CS do všech populací nezávisle na geografickém původu jedince. Tento „rozšířený“ pan-etnický CS (ECS, z angl. Expanded CS) je tudíž vhodný pro odhalení přenašečů, u nichž doposud nebyl zaznamenán výskyt žádného recesivního hereditárního onemocnění v rodině, a může zásadně přispět k preventivní prekoncepční péči populace.

*Metodika:* Nově zavedený ECS Genetika Plzeň cílí na nejčastěji se vyskytující závažná recesivní onemocnění ve všech významných světových etnikách. Při výběru genů byla respektována odborná doporučení česká (SLGG ČLS JEP) i mezinárodní (ESHG, ACOG, ACMG), dostupná v době základního designu (r. 2020) i současnější, na jejichž základě byl výběr dále upraven. Aktuální verze V4 zahrnuje 103 genů asociovaných se 128 autosomálně recesivními a 23 X-vázanými recesivními onemocněními. Podstatou vyšetření je NGS panel cílený na vybrané oblasti genomu pomocí specifických hybridizačních sond (Agilent Technologies). Sekvence probíhá na platformě MiSeq V3 (Illumina), softwarová analýza ve Varsome Clinical (Saphetor SA). U všech genů je vyšetřena celá kódující sekvence s přesahy do 5' a 3' UTR, exon-intronová spojení a (více)exonové delece/duplikace. Současnou detekcí SNV (Single Nucleotide Variant) i CNV (Copy Number Variation) je dosaženo detekční míry screeningu až 99 % u většiny genů, čímž je výrazně sníženo residuální riziko přenašečství. Reportovány jsou varianty třídy patogenicity 4 a 5.

*Výsledky:* V období 2021–2023 jsme vyšetřili kohortu 406 jedinců žijících převážně v České republice. Z tohoto souboru bylo vyšetřeno 198 párů a 10 jedinců žádajících vyšetření bez partnera/partnerky. U 238 jedinců (59 %) byla nalezena alespoň jedna klinicky významná genová varianta. Identifikovali jsme 16 párů (8 %) se zvýšeným reprodukčním rizikem, tj. stavem, kdy oba partneři nesou závažnou variantu ve stejném genu asociovaném s určitým recesivním onemocněním, a tudíž mají i riziko narození potomka postiženého touto chorobou. Těmto párům byla v rámci navazující péče nabídnuta preimplantační či prenatální diagnostika.

*Závěr:* V rámci genetické prekoncepční péče jsme úspěšně zavedli ECS s cílem minimalizovat riziko narození dítěte se závažným monogenním recesivním onemocněním. Naše výsledky za tříleté období ukazují, že i v obecné populaci, nespecifikované vysokou prevalencí určitého recesivního onemocnění, odhalí ECS nezanedbatelné procento párů s reprodukčním rizikem. Zahrnutí takového screeningu do prekoncepční péče může tedy významně přispět k redukcí výskytu závažných recesivních onemocnění.

**RNDr. Martina Putzová, Ph.D.**

Bioptická laboratoř s.r.o.  
Mikulášské náměstí 4  
326 00 Plzeň

tel: +420 604 473 856  
e-mail: putzova@biopticka.cz

## **Neinvazivní prenatalní screening nejčastějších aneuploidií a zajímavé kazuistiky z praxe**

Putzová M., Šprdlíková L., Michal M.

*Bioptická laboratoř s.r.o., Plzeň*

Neinvazivní prenatalní diagnostika (NIPT) je v současné době součástí běžné praxe a managementu časných fází těhotenství. Autorka se v příspěvku bude zabývat přehledem a porovnáním metod používaných v neinvazivním prenatalním testování se zaměřením na Panorama test, který je používán v Bioptické laboratoři. Panorama test je jako jediný z dostupných testů založen na cíleném sekvenování vybraných oblastí testovaných chromozomů a jejich následné analýze. Díky této technologii je Panorama test v několika ohledech unikátní: jako jediný dokáže spolehlivě rozlišit volnou fetální DNA od mateřské, je proto schopen rozpoznat triploidii u plodu, identifikuje syndrom mizejícího dvojčete a odhalí maternální mozaicismus a při srovnání publikovaných NIPT metod dosahuje nejnižší falešné positivity i negativity a nejvyšší pozitivní prediktivní hodnoty. V posledních dvou letech byl vylepšen algoritmus hodnocení a proto je možné v současné době analyzovat i těhotenství po In Vitro Fertilizaci (IVF) včetně těhotenství s darovaným oocytem, surrogátní mateřství a vícečetná (dvojčetná) těhotenství. Autorka bude prezentovat také některé zajímavé kazuistiky, které Panorama test svou vlastností lepšího vzhledu do aktuální situace testovaného těhotenství odstartoval.



**Prof. RNDr. Zuzana Bílková, Ph.D.**

Katedra biologických a biochemických věd, Fakulta chemicko-technologická  
Univerzita Pardubice  
Studentská 573  
532 10 Pardubice

tel: +420 739 061 390  
e-mail: Zuzana.Bilkova@upce.cz

## **Inovativní mikrofluidní zařízení pro extrakci a kvantifikaci virové RNA**

Bílková Z.<sup>1</sup>, Matějková N.<sup>1</sup>, Smělá D.<sup>1</sup>, Beránek M.<sup>2,3</sup>, Škereň M.<sup>4</sup>, Sopha H.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>*Katedra biologických a biochemických věd, Fakulta chemicko-technologická, Univerzita Pardubice, Studentská 573, 532 10 Pardubice,*

<sup>2</sup>*Ústav klinické biochemie a diagnostiky, Karlova Univerzita, Lékařská fakulta se sídlem v Hradci Králové, Sokolská 581, 50005 Hradec Králové,*

<sup>3</sup>*Fakultní Nemocnice, Hradec Králové, Sokolská 581, 50005 Hradec Králové,*

<sup>4</sup>*IQS Group a.s., Hlavní 130, Husinec-Řež, 250 638,*

<sup>5</sup>*Centrum materiálů a nanotechnologií, Fakulta chemicko-technologická, Univerzita Pardubice, Nám. Čs. Legií 565, 530 02 Pardubice,*

Testy pro průkaz specifické virové RNA jsou založeny především na metodách PCR spojených s amplifikací RNA molekul. Pomnožení virové RNA ze vzorku poskytne sice potřebnou citlivost stanovení, ale je to vždy spojeno s výrazně delší dobou analýzy, s vyššími náklady, ale i nároky na vybavení laboratoře. V souvislosti s pandemií COVID-19 se v minulých letech ukázala potřeba hledat i jiné, alternativní metody, kde by bylo možné prokazovat specifickou virovou RNA rychleji, levněji a bez nároků na drahé laboratorní vybavení.

Ve spolupráci s kolegy fyziky, materiálovými inženýry a lékaři jsme se rozhodli vyvinout mikroanalytický systém pro průkaz virové RNA v kapalných vzorcích kombinující výhody mikrofluidního zařízení a jedinečných vlastností nově vyvinutého nanomateriálu na bázi oxidu titaničitého (TiO<sub>2</sub>NTs@Fe<sub>3</sub>O<sub>4</sub>NPs). Zde prezentovaná metoda průkazu specifické virové RNA zahrnuje tři kroky: krok lyze virových částic získaných imunitní reabsorpcí, krok extrakce RNA za pomoci nového typu nanomateriálu TiO<sub>2</sub>NTs@Fe<sub>3</sub>O<sub>4</sub>NP a konečně krok detekce virové RNA. Krok detekce přítomné virové RNA je založen na specifické interakci fluorescenčního barviva s RNA molekulami a průkazu generovaného fluorescenčního záření.

Výsledky získané inovativní metodou využívající přednosti nanomateriálu a principů mikrofluidiky byly opakovaně porovnávány s výsledky získané pomocí PCR metody běžně používané v klinické praxi. Testy byly provedeny na celkem 100 pozitivních a 45 negativních vzorcích SARS-CoV-2. Výsledky jednoznačně prokázaly, že tato amplifikace prostá metoda je plnohodnotnou alternativou k tradiční PCR metodě.

**RNDr. Martin Kašný, Ph.D.**

Institute of Applied Biotechnologies  
Služeb 3056/4  
108 00 Praha-Strašnice

tel: +420 739 394 364

e-mail: kasny@iabio.eu

## **Evaluation of WGS and WES protocols based on dried blood spot sample-derived gDNA**

Kašný M.<sup>1</sup>, Ambrozová L.<sup>1</sup>, Stivínová K.<sup>1</sup>, Hladíková E.<sup>1</sup>, Chalupníková N.<sup>1</sup>, Hamplová A.<sup>1</sup>, Kovalová M.<sup>1</sup>, Brzoň O.<sup>1</sup>, Šedivá M.<sup>2</sup>, Richter J.<sup>1</sup>, Kvapil P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Institute of Applied Biotechnologies, Služeb 3056/4, 108 00 Prague, Czech Republic*

<sup>2</sup>*Chemický ústav SAV, Dúbravská cesta 9, 845 38 Bratislava, Slovak Republic*

### Background

Whole exome sequencing (WES) and whole genome sequencing (WGS) have become a standard method in human clinical genetics as well as in population genomics. Blood-derived gDNA is routinely used in the clinical environment, presenting difficulties associated with invasive sampling. Dried venous blood spots (DBS) represent a convenient gDNA source in respect to low amount of collected material and simple sample transport and storage. However, the use of DBS-derived gDNA for NGS applications has not been analyzed in detail. To address this point, IAB validated both WGS and WES NGS protocols based on DBS-derived isolates.

### Methods

This study compares the performance of WGS and WES between DBS samples paired with venous blood samples. gDNA was isolated from two fresh liquid blood samples and two of ten-year-old DBS samples. After confirming the quality and quantity requirements, two gDNA samples from fresh blood and one gDNA sample isolated from DBS were utilized for NGS libraries preparation (library plex) for WES. Additionally, one sample containing gDNA isolated from DBS was employed for library preparation intended for WGS. Libraries were sequenced on Illumina NovaSeq6000 with the use of Coriell NA12878 as the reference standard.

### Results

The WES and WGS libraries were successfully prepared in required quality and quantity; WES library (Concentration: 19,6 ng/μl, 79,4 nM, Average fragment length 370 bp) and WGS library (2,3 ng/μl, 35,2 nM, 979 bp). All samples were successfully sequenced. Average coverage for WES samples was more than 128 in each sample, 97 % of target region was covered at least 20x. For WGS sample, average coverage of 31 was achieved, 92 % of genome was covered more than 20x.

### Conclusions

The DNA isolation from DBS followed by WES/WGS library preparation and sequencing was successful. All sequencing data had high quality regardless of the DNA source. There is no significant difference in data quality metrics (on-target, coverage uniformity)

between DNA isolates from fresh blood and blood spot sample. Data obtained from Coriell NA12878 reference standard showed slightly better performance than fresh blood and DBS samples in uniformity of coverage and concordance of variant calls between WES and WGS. The above results show that a dried venous blood spot is a sample form which can be effectively used for generating high quality WES and WGS data, simplifying specimen transport and long-term storage.

**Mgr. Ondřej Brzoň**  
**Bc. Veronika Bůžková**

GeneTiCA s.r.o.  
Služeb 4  
108 00 Praha 10

tel: +420 728 914 388  
e-mail: brzon@genetica-group.com

## **AI in whole genome and whole exome analysis**

Brzoň O., Bůžková V., Fišer J.  
*GeneTiCA s.r.o.*

Pro zavedení sekvenování celého genomu a celého exomu do rutinní diagnostické praxe je nezbytné se vypořádat s datovým managementem, rychlostí a přesností analýzy velkých sekvenačních dat a v neposlední řadě s interpretací výsledků sekundární analýzy. Toto se neobejde bez moderních technologií, které vysoce komplexní datové analýzy přetvářejí v rutinní automatizovanou workflow, která začíná od hrubých dat a končí reportem kliniky relevantních variant. Jednou z těchto technologií, která do tohoto procesu zasahuje čím dál větší měrou je umělá inteligence (AI).

Zahrnutí AI do procesu interpretace nalezených variant je cestou, jak výrazně zvýšit efektivitu práce v laboratořích a jak umožnit navýšení počtu provedených testů. Na příkladu softwarové platformy Emedgene demonstrujeme benefity a technologické principy, jak toto AI umožňuje. Prioritizace variant pomocí vysvětlitelné umělé inteligence (XAI) poskytuje veškeré podklady, jak byly metody strojového učení použity k identifikaci nejrelevantnějších variant na základě klinických podkladů. Umělá inteligence nefunguje a nemá fungovat jako „black box“, kterého je třeba se obávat a bránit se jeho rozšíření. Naopak, pomocí integrace informací z databází a dalších zdrojů funguje jako podpora a pomoc pro hodnocení, která výrazně šetří čas.

**RNDr. Radek Šíma, Ph.D.**

Bioptická laboratoř s.r.o.  
Mikulášské náměstí 4  
326 00 Plzeň

tel: +420 737 220 457

e-mail: sima@biopticka.cz

## **Klíště - obávaný škůdce, nebo zdroj budoucích léčiv?**

Šíma R.

*Bioptická laboratoř s.r.o., Plzeň, Parazitologický ústav BC AVČR, České Budějovice*

Přibližně každé páté klíště v České republice je potenciálním přenašečem některého ze závažných infekčních onemocnění, jakým je například Lymeská borelióza, nebo klíšťová encefalitida. Přírodní a klimatické podmínky České republiky jsou zároveň téměř ideálním prostředím pro množení a šíření klíšťat. Vzhledem k potřebám moderního člověka trávit svůj volný čas v přírodě tak vzniká přirozená obava nejširších vrstev obyvatelstva z rizik, která klíšťata představují. Jak velká tato rizika jsou? Je potřeba se klíšťat bát? Jak můžeme minimalizovat pravděpodobnost nákazy některou z klíšťaty přenášených chorob? Může být klíště člověku něčím užitečné? Tyto a podobné otázky budou hlavním tématem připravované přednášky.

Radek Šíma byl podpořen grantem č. NU20-05-00396 (Agentura pro zdravotnický výzkum, Ministerstvo zdravotnictví ČR) a grantem č. 22-30920S (Grantová agentura ČR).

**MUDr. Michal František Kříha**

Nemocnice České Budějovice, a.s.  
B. Němcové 585/54, 370 01 České Budějovice

tel: +420 776 854 544  
e-mail: krihmi@gmail.com

## **Klíšťová encefalitida a další klíšťaty přenášená onemocnění**

Kříha M. F.<sup>1,2,3</sup>

*Infekční oddělení Nemocnice České Budějovice a.s.<sup>1</sup>*

*Laboratoř arbovirologie, Parazitologický ústav, Biologické centrum Akademie věd České republiky<sup>2</sup>*

*Katedra medicínské biologie, Přírodovědecká fakulta, Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích<sup>3</sup>*

Česká republika je země endemická pro celou řadu klíšťaty přenášených infekcí důležitých v humánní medicíně. Z hlediska četnosti jsou nejvýznamnějšími infekcemi klíšťová encefalitida a borrelióza, Česká republika je navíc dlouhodobě země s nejvyšším počtem případů klíšťové encefalidity v Evropě (1).

V této přednášce budou posluchači seznámeni s typickým průběhem klíšťové encefalidity, aktuální epidemiologickou situací v Evropě a ČR. Dále bude blíže rozebrány potenciální potíže v diagnostice této nemoci a nové diagnostické možnosti (2). Přestože k objevení a izolaci viru klíšťové encefalidity došlo již v první polovině minulého století a je řadu let dostupná velmi efektivní a bezpečná vakcína, stále nebyl schválen lék k cílené protivirové léčbě pacientů. Terapie je tak pouze symptomatická a podpůrná, v posledních letech je nicméně studováno několik molekul vykazujících slibný léčebný potenciál. (3,4).

Druhá část přednášky bude zaměřena na bakteriální agens přenášená klíštětem *Ixodes ricinus* v našich podmínkách a jejich klinické projevy. Speciální pozornost bude věnována stoupajícímu významu a rozšíření přímých metod průkazu těchto patogenů v klinické praxi (5).  
Zdroje:

1. ECDC. Tick-borne encephalitis - Annual Epidemiological Report for 2020 [online]. Dostupný na: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/tick-borne-encephalitis-annual-epidemiological-report-2020>.
2. Saksida A, Duh D, Lotric-Furlan S, Strle F, Petrovec M, Avsic-Zupanc T. The importance of tick-borne encephalitis virus RNA detection for early differential diagnosis of tick-borne encephalitis. *J Clin Virol.* 2005 Aug;33(4):331-5.
3. Taba P, Schmutzhard E, Forsberg P, Lutsar I, Ljøstad U, Mygland Å, Levchenko I, Strle F, Steiner I. EAN consensus review on prevention, diagnosis and management of tick-borne encephalitis. *Eur J Neurol.* 2017 Oct;24(10):1214-e61.
4. Eyer L, Seley-Radtke K, Ruzek D. New directions in the experimental therapy of tick-borne encephalitis. *Antiviral Res.* 2023 Feb;210:105504.
5. Sanchez-Vicente S, Tokarz R. Tick-Borne Co-Infections: Challenges in Molecular and Serological Diagnoses. *Pathogens.* 2023 Nov 20;12(11):1371.

**RNDr. Radek Šíma, Ph.D.**

Bioptická laboratoř s.r.o.  
Mikulášské náměstí 4  
326 00 Plzeň

tel: +420 737 220 457

e-mail: sima@biopticka.cz

## **Dynamika přenosu borrelií, aneb proč neexistuje vakcína proti Lymeské borelióze?**

Šíma R.

*Bioptická laboratoř s.r.o., Plzeň, Parazitologický ústav BC AVČR, České Budějovice*

I přesto, že původce Lymeské boreliózy známe již čtyři dekády, rozhodně nemáme boreliózu pod kontrolou. V Evropě je ročně postiženo asi 230 tisíc lidí, dalších 300 tisíc lidí onemocní ve Spojených státech a případů každým rokem přibývá. Přesto neexistuje spolehlivá diagnostika, léčba, ani dostupná prevence ve formě vakcíny. Původce Lymeské boreliózy poprvé popsal v roce 1982 Willy Burgdorfer a jeho objev odstartoval nebyvalý zájem o toto onemocnění. Značné úsilí bylo věnováno popisu přenosového cyklu borelií a vytipování vhodných cílů pro vakcínu, která by ochránila obyvatele nejvíce postižených oblastí. Tyto prvotní snahy byly založeny na jednoduché myšlence najít univerzální molekulu na povrchu borelií a tuto molekulu potom použít jako základ nové vakcíny. První molekulou, která byla vybrána jako potenciální kandidát pro vakcínu, se stal povrchový lipoprotein OspA. Tuto molekulu borelie exprimují během svého pobytu ve střevě klíšťat. Pilotní experimenty s OspA byly velmi nadějně, proto se tato molekula dočkala i komercializace. Objektivně šlo o velmi dobrou první vakcínu proti Lymeské borelióze. Vakcína ale nakonec dopadla špatně a doplatila na to, že byla na trh uvedena v době, kdy americkou společností otrásla první vlna protivakcinační hysterie. Padající prodej, mediální tlak a hromadící se žaloby dohnaly výrobce ke stažení vakcíny z trhu. Tato negativní zkušenost na dvacet let prakticky zmrazila zájem farmaceutického průmyslu o vývoj alternativní vakcíny proti Lymeské borelióze. Hlavním tématem přednášky bude vysvětlení, proč doposud vakcínu nemáme a jak důležitá je detailní znalost přenosového cyklu borelií, abychom je mohli spolehlivě cílit. Radek Šíma byl podpořen grantem č. NU20-05-00396 (Agentura pro zdravotnický výzkum, Ministerstvo zdravotnictví ČR) a grantem č. 22-30920S (Grantová agentura ČR).

**PharmDr. Radovan Haluza, Ph.D.**

GENERI BIOTECH s.r.o.  
U Fotochemy 1763  
500 02 Hradec Králové – Pražské Předměstí

tel: +420 495 056 314  
e-mail: jitka.kasparova@generi-biotech.com

## **Naše zkušenost se zdárnou implementací IVDR do systému kvality a výroby IVD produktů pro molekulárně genetickou diagnostiku**

Haluza R., Vejvodová L., Kašparová J.

*GENERI BIOTECH s.r.o.*

Naše společnost GENERI BIOTECH obdržela na podzim 2023 IVDR certifikát (notifikovaná osoba – TÜV SÜD Německo) po téměř 5 letech příprav, z nichž poslední 2 roky byly nejnintenzivnější. V první části budou shrnuty reálné náklady na implementaci nařízení IVDR. Ve druhé části se dotkneme procesů, které jsme museli zcela změnit (ačkoliv jsme doposud byli rutinně auditováni podle normy ISO 13485) anebo zcela nově implementovat.



**doc. RNDr. Martin Pešta, Ph.D.**

Lékařská fakulta v Plzni, UK  
Alej Svobody 76  
301 00 Plzeň

tel: +420 377 593 261  
e-mail: martin.pesta@lfp.cuni.cz

## **Chromozomové základy mendelovské dědičnosti - Thomas H. Morgan**

**Pešta M.**

*Ústav biologie, Lékařská fakulta v Plzni, UK*

Vytvoření první genetické mapy chromozomů, konkrétně chromozomů *Drosophily melanogaster*, v roce 1913 Alfredem H. Sturtevantem, bylo milníkem v porozumění genomu, tak jak jej chápeme dnes. Tato práce byla vyvrcholením experimentů Thomase H. Morgana a jeho týmu doktorandů, kteří se snažili identifikovat fyzické nosiče abstraktních „elementů dědičnosti“, jak je popsal G. J. Mendel.

Základem experimentů Morgana týmu bylo hledání nových znaků v populaci *Drosophily*, jejich sledování v potomstvu a analýza karyotypu. Dalším důležitým prvkem, který jistě přispěl k významným objevům Morgana a jeho doktorandů, byla organizace práce celého týmu. Ta svým způsobem nastolila nové standardy ve výzkumné práci. Přednáška se hlouběji ponoří do tohoto výzkumu, který byl na začátku porozumění vztahu principů dědičnosti, jež dříve definoval G. J. Mendel, chromozomů a později DNA.

**Mgr. Natálie Králová**

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

tel: +420 533 331 611  
e-mail: natalie.kralova@vri.cz

**Multiplexní PCR pro sérotypizaci *Streptococcus suis***

Králová N.<sup>1,2</sup>, Zouharová M.<sup>1</sup>, Matiašovic J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Hudcova 296/70, 621 00 Brno

<sup>2</sup>Masarykova univerzita, Přírodovědecká fakulta, Ústav experimentální biologie, 625 00 Brno

*Streptococcus suis* je považován za jednoho z nejdůležitějších bakteriálních patogenů praset způsobujícího různá onemocnění, jako je meningitida, endokarditida, artritida a septikémie. *S. suis* je navíc zoonotický patogen, zejména sérotyp 2, který se může přenést na člověka a způsobit až fatální onemocnění jako je meningitida a streptokokový syndrom podobný toxickému šoku. Jedním z hlavních virulentních faktorů je kapsulární polysacharid (CPS). Na základě serologických reakcí proti CPS bylo v minulosti popsáno 35 sérotypů, které lze rychle identifikovat i pomocí PCR [1]. Kromě referenčních sérotypů jsou nacházeny sérologicky netypovatelné kmeny, což naznačuje výskyt dalších sérotypů *S. suis*. U některých nesérotypovatelných izolátů byly identifikovány nové lokusy pro syntézu kapsulárního polysacharidu (NCL) [2, 3, 4]. U 99 terénních vzorků izolovaných v letech 2018-2020 z nemocných hospodářských zvířat v ČR jsme provedli analýzu lokusu syntézy kapsulárního polysacharidu (cps), z toho 65 izolátů bylo identických nebo podobných svým cps lokusem s referenčními kmeny. Ze zbývajících 34 izolátů mělo 26 izolátů cps lokus identický s nedávno popsanými NCL. U osmi izolátů byly identifikovány nové, nepopsané NCL. Pro dříve popsané i námi identifikované nové NCL jsme navrhli specifické primery a úspěšně vyzkoušeli v PCR. Tyto nové primery fungují v multiplexní PCR reakci a mohou posloužit k rozšíření stávající metody identifikace sérotypů *S. suis*.

**Materiál a metodika**

Pro analýzu lokusu syntézy kapsulárních polysacharidů bylo použito 123 terénních vzorků. Všechny izoláty byly osekvenovány pomocí Illumina platformy. Cps lokusy byly extrahovány ze sekvencí genomů, anotovány a porovnány s referenčními sérotypy a s NCL sekvencemi. Po identifikaci nových cps lokusů byly vybrány vhodné specifické geny, pro které byly navrženy primery a otestovány v PCR.

**Výsledky a závěr**

Celkem bylo navrženo 19 párů primerů, z toho 6 párů primerů bylo navrženo pro ještě nepopsané nesérotypovatelné izoláty, 10 párů primerů pro NCL, a 3 páry primerů pro izoláty podobné referenčním sérotypům. Primery byly otestovány v multiplexních PCR reakcích. Tato práce byla vypracována za finanční podpory projektu TAČR NCK NaCeBiVet TN02000017.

- [1] Kerdsin, A. et al. (2014). Streptococcus suis serotyping by a new multiplex PCR. J. Med. Microbiol., 63(Pt 6), 824–830. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.069757-0>
- [2] Hill, J. E. et al. (2005). Biochemical analysis, cpn60 and 16S rDNA sequence data indicate that Streptococcus suis serotypes 32 and 34, isolated from pigs, are Streptococcus orisratti. Vet. Microbiol., 107(1-2), 63–69. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2005.01.003>
- [3] Nomoto, R. et al. (2015). Reappraisal of the taxonomy of Streptococcus suis serotypes 20, 22 and 26: Streptococcus parasuis sp. nov. IJSEM, 65(Pt 2), 438–443. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.067116-0>
- [4] Tohya, M. et al. (2017). Defining the taxonomic status of Streptococcus suis serotype 33: the proposal for Streptococcus ruminantium sp. nov. IJSEM, 67(9), 3660–3665. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002204>

**Mgr. Petr Králík, Ph.D.**

Ústav hygieny a technologie potravin živočišného původu a gastronomie  
Veterinární univerzita Brno  
Palackého 1946/1, 612 42 Brno

tel: +420 723 764 704

e-mail: kralikp@vfu.cz

## **Multiplexní detekce probiotických bakterií v doplňcích stravy pomocí MOL-PCR s vizualizací prostřednictvím xMAP technologie**

**Králík P., Klanica, M., Dziedzinská R., Dušková, M., Karpíšková, R., Nesvadbová, M.**

*Veterinární univerzita Brno*

Nedostatky v postupech pro identifikaci probiotik v doplňcích stravy jsou překážkou pro efektivní kontrolní činnost, kdy je rozhodující mít k dispozici robustní a specifické metody, které umožní získat validní a komplexní informace o složení výrobků. Stávající metody založené na kultivaci a následné identifikaci pomocí fenotypových metod nebo MALDI-TOF jsou zdlouhavé a nepřesné. Dostupné metody založené na PCR vyžadují provedení velkého množství PCR reakcí, aby bylo možné provést identifikaci. Technologie klasického Sangerova sekvenování není použitelná v případě, že produkt obsahuje více probiotik současně, NGS je příliš drahé pro rutinní analýzy.

V rámci řešeného projektu NAZV byla vytvořena multiplexní metoda pro průkaz 28 druhů probiotických bakterií (zástupci rodů *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Streptococcus*, *Pediococcus*, *Lactococcus*, *Enterococcus*, *Bacillus*), které jsou součástí doplňků stravy dostupných na trhu v ČR. Byla použita metoda MOL-PCR a následnou vizualizací pomocí xMAP technologie, což je v podstatě hybridizační technika využívající fluorescenčně značené magnetické mikrosféry jako identifikační nosiče druhově specifické amplifikované DNA. Metoda MOL-PCR seskládá ze tří po sobě následujících kroků: ligace specifických olig (molig) po hybridizaci na úsek DNA specifický pro daný bakteriální druh, následné amplifikace ligovaných molig pomocí konvenční PCR s univerzálními primery a následné hybridizace na mikrosféry, které jsou pak analyzovány pomocí přístroje MagPix. Jednotlivé kroky MOL-PCR byly optimalizovány tak, aby bylo docíleno co nejvyšší citlivosti u všech sledovaných druhů. Vzhledem k tomu, že celá metoda byla vyvíjena jako diagnostický postup, obsahuje i interní amplifikační kontrolu a další kontroly nezbytné pro rutinní provádění v laboratoři. Pro potřeby testování a ověřování MOL-PCR bylo zakoupeno skoro 50 probiotických doplňků stravy. Část z nich byla kultivována a izoláty byly ověřeny pomocí MALDI-TOF a 16S rDNA sekvenováním. Tyto izoláty společně se sbírkovými kmeny jednotlivých druhů probiotik byly použity pro testování specifity MOL-PCR. Zároveň byly výsledky použity pro nastavení interpretačních kritérií pro metodu MOL-PCR. Jako další alternativní metoda stanovení identity bakteriálních druhů v doplňcích stravy byly vytvořeny singleplexní qPCR, které umožnily i kvantifikovat počet dané bakterie ve vzorku. Pomocí kombinace metod MOL-PCR, qPCR a u některých produktů i pomocí kultivace, MALDI-TOF a sekvenování byly

analyzovány všechny probiotické doplňky stravy. Výsledky ukázaly, že MOL-PCR představuje plnohodnotnou alternativu k panelu qPCR a umožňuje rychlou a relativně levnou analýzu většího množství vzorků probiotických doplňků stravy. Vzhledem k tomu, že MOL-PCR je modulární systém, poznatky získané během vývoje jsou použitelné pro sestavení jakéhokoli multiplexního panelu pro detekci vyšších jednotek až desítek cílů v jedné reakci. Výsledky vznikly v rámci řešení projektu Národní agentury zemědělského výzkumu Ministerstva zemědělství ČR „Multiplexní detekce DNA probiotických bakterií a kvasinek v doplňcích stravy pomocí technologií xMAP a qPCR“, QK22020101.

**Mgr. Petra Vašíčková, Ph.D.**

Masarykova univerzita, Přírodovědecká fakulta  
Kamenice 753/5  
625 00 Brno

tel: +420 777 729 700  
e-mail: pvasickova@sci.muni.cz

## **Divočina ve městě a rizika z toho plynoucí**

Vašíčková P.<sup>1</sup>, Bena M.<sup>2</sup>, Kamler J.<sup>2</sup>, Drimaj J.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Masarykova univerzita, Přírodovědecká fakulta

<sup>2</sup>Mendelova univerzita v Brno, Lesnická a dřevařská fakulta

V posledních letech se začínají volně žijící druhy zvířat objevovat v těsné blízkosti obytných čtvrtí a městských center. Příčinou tohoto chování mohou být různé faktory, mezi něž patří zejména snadno dostupné zdroje potravy či absence predátorů (loveckého tlaku). Do výhody se tak dostávají druhy, které jsou schopny rychle rozeznat prostředí, ve kterém nejsou ohroženy lovem, a dokáží velmi dobře snášet přítomnost člověka. Mezi takovéto živočišné druhy jsou řazena prasata divoká. Právě jejich rostoucí populace, společně se zvyšujícím se výskytem v urbánních oblastech, přináší celou řadu problémů. Dochází k rozsáhlým škodám nejen na zemědělských plochách, ale i na území samotných měst (známé jsou případy rytí prasat v městských parcích, dopravní střety se zvěří apod). Důležitým aspektem je také veterinární riziko. Prasata divoká jsou přirozeným hostitelem a významným rezervoárem řady patogenů, které ohrožují zdraví nejen domácích a hospodářských zvířat, ale i člověka.

Cílem referátu je poskytnout posluchačům hlubší vhled do problematiky související s prasaty divokými a potenciálním rizikem pro lidské zdraví, domácí mazlíčky i hospodářská zvířata. V kontextu výše uvedeného a výsledků našich studií bude pozornost věnována původcům významných virových infekcí jako jsou virus hepatitidy E, prasečí herpesvirus 1 (původce Aujeszkyho choroby) a virus afrického moru prasat.

Podpořeno projektem TA ČR SS06020195.

**Mgr. Radka Dziedzinská, Ph.D.**

Masarykova univerzita, Přírodovědecká fakulta  
Kamenice 753/5  
625 00 Brno

tel: +420 773 749 191  
e-mail: dziedzinska@sci.muni.cz

## **Veterinární a sociologické aspekty výskytu volně žijících zvířat v urbánním prostředí (Projekt TAČR)**

Dziedzinská R.<sup>1</sup>, Šerý O.<sup>1</sup>, Drimaj J.<sup>2</sup>, Kamler J.<sup>2</sup>, Topinka D.<sup>3</sup> a kolektiv

<sup>1</sup>Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Brno

<sup>2</sup>Lesnická a dřevařská fakulta, Mendelova univerzita v Brně

<sup>3</sup>SocioFactor s.r.o., Ostrava

V posledních letech se divoce žijící živočichové stále častěji dostávají do prostředí měst. Z toho mohou plynout rizika spočívající v přenosu chorob či parazitů na domácí mazlíčky nebo na člověka, v krajních případech se může vyskytnout i přímé napadení člověka. Z toho důvodu byl podpořen společný výzkumný projekt Mendelovy univerzity, Masarykovy univerzity a společnosti SocioFactor, který probíhá na modelovém území okresu Brno-město a je řešen ve spolupráci s Magistrátem města Brna, policií a myslivci. Cílem projektu je monitoring výskytu invazních savců ve městě a zmapování jejich prevalence na významné bakteriální, parazitární a virové infekce. Výstupem bude také návod pro zastupce měst i širokou veřejnost, jak k těmto živočichům přistupovat a jak řešit případné krizové situace.

V průběhu roku 2023 byl na území okresu Brno-město zaznamenán výskyt těchto invazních a neinvazních druhů: psík mývalovitý, mýval severní, nutrie říční, liška obecná, kočka domácí, prase divoké, jezevec lesní a kuna skalní. Jejich monitoring na výskyt původců vybraných chorob bude, mmj. předmětem řešení v následujících letech projektu. Na žádost správy měst byla do projektu zahrnuta i problematika ferálních populací holuba domácího (*Columba livia f. domestica*), které se mohou zapojovat do přenosu zoonotických onemocnění, do potravních vztahů a představují obtížně řešitelný problém ze strany státní správy i samosprávy. V průběhu druhé poloviny roku 2023 bylo individuálně navzorkováno 120 trusů holubů. Tyto vzorky byly analyzovány na přítomnost patogenních agens, která mohou vyvolávat onemocnění holubů, představují riziko nákazy pro chovy hospodářských či zájmově chovaných ptáků nebo mají zoonotický potenciál. Jednalo se především o původce ptačí tuberkulózy, psitakózy, salmonelózy a trichomonózy. Výsledky testování prokázaly výskyt psitakózy a trichomonózy u holubů. Původce paratyfové infekce byl zjištěn v jednom případě; vyšetření na původce aviární tuberkulózy bylo negativní. Práce podpořena grantem v rámci programu Prostředí pro život Technologické agentury ČR (SS06020195).

**RNDr. Alice Mášová, Ph.D.**

Biotechnologický Ústav AV ČR, v.v.i.  
Průmyslová 595  
252 50 Vestec

tel: +420 325 873 746  
e-mail: [alice.masova@ibt.cas.cz](mailto:alice.masova@ibt.cas.cz)

## **Optimization and use of single cell analysis methods in cancer research**

**Mášová A., Langerová L., Rohlová E.**

*GeneCore facility, Institute of Biotechnology CAS, Vestec*

Within a single tumor, diverse subpopulations of cells exhibit significant genetic and phenotypic differences, contributing to intratumor heterogeneity in cancers. This variability influences the accuracy of patient diagnosis, prognosis, and treatment response. Unraveling these differences is crucial for advancing cancer research and improving clinical outcomes. Single-cell approaches play a pivotal role in studying tumor heterogeneity, aiding in the identification of resistant cells and enhancing our understanding of tumor progression. However, a comprehensive understanding of individual cell functions within the tumor and its microenvironment requires consideration of spatial context.

Good experimental design is crucial in scientific research as it forms the foundation for robust and reliable results. A well-structured experimental plan helps minimize bias, confounding variables, and errors, ensuring the validity and reproducibility of the findings. Within the field of RNA analysis, Gene Core provides comprehensive support throughout the entire process from experimental design, sample preparation, optimization of tissue dissociation and tissue sectioning, sample quality control, library preparation and data analysis.



Ing. Zuzana Dolečková

Lipidica, a.s.  
Pernštýnské náměstí 51  
530 02 Pardubice

tel: +420 737 915 784  
e-mail: zuzana.doleckova@lipidica.cz

## Včasná detekce karcinomu slinivky břišní pomocí lipidomického testu

Dolečková Z.<sup>1</sup>, Kanášová M.<sup>1</sup>, Kašparová K.<sup>1</sup>, Peterka O.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Lipidica, a.s.

<sup>2</sup>Katedra analytické chemie, Fakulta chemicko-technologická, Univerzita Pardubice

Rakovina slinivky břišní je nádorové onemocnění s nejnižší mírou přežití (průměrně 8 měsíců od stanovení diagnózy) vzhledem k absenci typických příznaků. To je důvodem proč současné diagnostické metody, jako jsou endoskopická ultrasonografie (EUS), magnetická rezonance (MRI) a výpočetní tomografie (CT) obvykle detekují pokročilé stadium onemocnění s velmi omezenými možnostmi léčby vzhledem k rychlé tvorbě metastáz. Včasná diagnostika by vedla k většímu podílu kurativních resekcí, a tak i delšímu přežití pacientů s rakovinou slinivky.

Za využití lipidomické analýzy bylo potvrzeno rozlišení vzorků jedinců bez rakoviny slinivky břišní od vzorků pacientů trpících tímto onemocněním již v raných stádiích [1]. Výzkum se zakládá na analýze lipidomického extraktu krevní plazmy pomocí superkritické fluidní chromatografie ve spojení s hmotnostní spektrometrií. Vícerozměrnou statistickou analýzou jsou porovnány profily cca 150 lipidů ze 7 lipidových tříd v každém vzorku, přičemž nejvíce dysregulované jsou sfingomyeliny, ceramidy a (lyzo)fosfatidylcholin.

Převod této metody do praxe je spojen s ověřením klinické funkce na vzorcích od dobrovolníků spadajících do skupiny se zvýšeným rizikem rozvoje tohoto onemocnění. Riziko je zvýšené u jedinců s výskytem tohoto onemocnění u příbuzných, s přítomností určitých genetických mutací podmiňujících vznik rakoviny slinivky nebo u lidí trpících hereditární pankreatitidou.

doc. RNDr. Martin Pešta, Ph.D.

Lékařská fakulta v Plzni, UK  
Alej Svobody 76  
301 00 Plzeň

tel: +420 377 593 261  
e-mail: martin.pesta@lfp.cuni.cz

## Benefit NGS analýzy pro cílenou terapii adenokarcinomu plic

Pešta M.<sup>1</sup>, Polívka J.<sup>2,3</sup>, Kulda V.<sup>4</sup>, Vaňková B.<sup>5</sup>, Vaněček T.<sup>5</sup>, Houfková K.<sup>1</sup>, Burešová M.<sup>6</sup> a Svatoň M.<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Ústav biologie, <sup>2</sup>Oddělení imunochemické diagnostiky, <sup>3</sup>Ústav histologie a embryologie, <sup>4</sup>Ústav lékařské chemie a biochemie, <sup>5</sup>Šiklův ústav patologie, <sup>6</sup>Klinika pneumologie a fizeologie, LF UK a FN Plzeň, Česká republika

Aktuální doporučené postupy léčby karcinomů plic jsou uvedeny v Modré knize České onkologické společnosti a jsou založeny na chirurgické léčbě, radioterapii, chemoterapii, imunoterapii a cílené léčbě. Cílem této práce bylo zhodnotit přínos podání cílené léčby, vycházející ze stanovení mutačního profilu nádorové tkáně pomocí sekvenování nové generace (NGS). Studie zahrnovala 237 pacientů léčených pro adenokarcinom plic ve FN v Plzni v letech 2016-19. Spektrum genových variant a chromozomálních přestaveb bylo analyzováno NGS panelem Archer FusionPlex CTL. Genové varianty pokryté panelem jsme detekovali u 57 % pacientů, fúzní geny u 6,2 % pacientů. "Mutovaná" varianta detekovaných genů umožňující efektivní podání cílené léčby (v době studie) byla detekována u 34 pacientů (14,3 % všech pacientů). Prognóza pacientů s EGFR variantami léčených tyrosinkinázovými inhibitory (TKI) a pacientů s EML4ALK fúzí léčených alectinibem byla statisticky významně příznivější ve srovnání s pacienty léčenými standardní chemoterapií.

Díky rozšiřujícímu se spektru "cílitelných" mutací, může dnes stále více pacientů profitovat z NGS analýzy nádorové tkáně. V naší skupině pacientů by to bylo např. dalších 22 pacientů s G12C variantou KRAS, kteří by mohli mít v současnosti prospěch z podání KRAS inhibitoru sotorasibu. To ukazuje, že NGS by se mohla stát nepostradatelným nástrojem pro rozhodování o cílené terapii v rutinní léčbě pacientů s plicním adenokarcinomem. Práce byla podpořena projektem Ministerstva zdravotnictví - koncepční rozvoj výzkumné organizace (FN Plzeň, 00669806) a programy podpory rozvoje vědy na UK (SW 260 654 a Cooperatio vědní oblasti MED/DIAG).

# ABSTRAKTY POSTERŮ

## SEZNAM PŘIHLÁŠENÝCH POSTERŮ

1. RNDr. Dana Dlouhá, Ph.D.  
Increased Levels of Circulating Cell-Free Mitochondrial DNA in Plasma Reflect Post-Tx Complications
2. Mgr. Kristýna Hricová, Ph.D.  
Porovnání standardního mikrobiologického postupu identifikace *Staphylococcus aureus* a MRSA s výsledky automatizovaného systému BD MAX™ StaphSR přímo z biologického materiálu.
3. Ing. Kristýna Kliková  
Izolace a charakterizace bakterií využívajících mikrobiálně indukované srážení při recyklaci betonového odpadu
4. Mgr. Ondřej Morávek  
Změny exprese vybraných miRNA v souvislosti s fyzickou zátěží
5. RNDr. Petra Mosio, Ph.D.  
Terapie na míru: Budoucnost léčby infekcí způsobených *Mycoplasma genitalium*
6. Mgr. Pavlína Nývltová, Ph.D.  
Příklady využití sondy Hoechst 33258 pomocí spektrofluorimetrické metody pro detekci nukleární kondenzace a fragmentace v intaktních buňkách
7. Mgr. Michal Zemánek, Ph.D.  
MaterniT - historie a současnost

**RNDr. Dana Dlouhá, Ph.D.**

Institut klinické a experimentální medicíny  
Václavská 1958/9  
140 21, Praha 4

tel: +420 261 365 157  
e-mail: dadl@ikem.cz

## **Increased levels of circulating cell-free mitochondrial DNA in plasma reflect post-Tx complications**

Dana Dlouha<sup>1</sup>, Eva Rohlova<sup>1,2,3</sup>, Jevgenija Vymetalova<sup>4</sup>, Sarka Novakova<sup>1</sup>, Sarka Chytilova<sup>5</sup>, Vera Lanska<sup>5</sup>, Jaroslav A. Hubacek<sup>1,6</sup>

<sup>1</sup>Center for Experimental Medicine, Institute for Clinical and Experimental Medicine, Prague, Czech Republic.

<sup>2</sup>Laboratory of Gene Expression, Institute of Biotechnology CAS, BIOCEV, Vestec, Czech Republic.

<sup>3</sup>Department of Anthropology and Human Genetics, Faculty of Science, Charles University, Prague, Czech Republic.

<sup>4</sup>Cardio Center, Institute for Clinical and Experimental Medicine, Prague, Czech Republic.

<sup>5</sup>Department of Data Science, Institute for Clinical and Experimental Medicine, Prague, Czech Republic

<sup>6</sup>Third Department of Internal Medicine, First Faculty of Medicine, Charles University, Prague

*Background:* Acute rejection poses a frequent challenge following heart transplantation (HTx), especially in the early post-transplantation period. The absence of noninvasive biomarkers for detecting graft dysfunction is a notable limitation. Mitochondrial DNA (mtDNA), released into circulation from stressed mitochondria, mimics ongoing immune activation and facilitates the release of pro-inflammatory substances. Our hypothesis postulates that alterations in plasma mtDNA concentration may serve as a reflective indicator of the graft's condition.

*Methods:* Firstly, we measured cell-free mtDNA in a pilot study encompassing patients with confirmed antibody-mediated rejection (AMR; N=5; grade $\geq$ 1+), patients with acute cellular rejection (ACR; N=5; grade $\geq$ 1R), and patients exhibiting no evidence of rejection (OR; N=5). Secondly, primary results were validated in larger study cohort (N=78 patients; women = 26; age = 51.0 $\pm$ 11.6). Blood samples were collected on the 10th day and the 1st, 6th, and 12th month after orthotopic heart transplantation (OHT), coinciding with endomyocardial biopsy (EMB) procedures. Absolute quantification of mtDNA (variants mtCO3 and mtND5) was conducted using an RT-PCR instrument.

*Results:* We identified similar plasma mtDNA quantities for both variants. While AMR was occurring, the mean mtDNA levels were significantly higher compared to non-rejection (P = 0.007). The mean mtDNA concentration was highest in cases with other post-transplant

complications, compared to those without rejection ( $P < 0.001$ ). After analyzing a large study cohort, we confirmed that a higher concentration of mtDNA was significantly associated only with post-transplant complications. ( $P < 0.005$ ).

*Conclusion:* The upsurge of circulating mtDNA reflects the incidence of post-Tx complications but not the incidence of AMR or ACR.

This work was supported by Ministry of Health of the Czech Republic - DRO ("Institute for Clinical and Experimental Medicine – IKEM, IN 00023001" and by the Ministry of Health of the Czech Republic (grant no. NU20-06-00061).

**Mgr. Kristýna Hricová, Ph.D.**

Lékařská fakulta LF UP a FNOL  
Hněvotínská 3  
775 15 Olomouc

Tel: 585 63 9505  
E-mail: kristyna.hricova@upol.cz

## **Porovnání standardního mikrobiologického postupu identifikace *Staphylococcus aureus* a MRSA s výsledky automatizovaného systému BD MAX™ StaphSR přímo z biologického materiálu.**

Hricová K., Pudová V., Fišerová K.,  
*Lékařská fakulta LF UP a FNOL*

*Staphylococcus aureus* (SA) je komenzálem a oportunním patogenem vyskytujícím se na kůži a sliznici (především dýchacího a trávicího traktu) zdravých osob. Studie ukazují, že přibližně 20 % lidí je trvalými a 30 % intermitentními nosiči. Bylo prokázáno, že kolonizace významně zvyšuje pravděpodobnost infekce tímto agens. Léčba infekcí vyvolaných SA se stala náročným úkonem

v souvislosti s výskytem kmenů rezistentních na dříve účinné antimikrobiální látky. Selektivní tlak používaných antibiotik vedl k rozšíření kmenů SA rezistentních k meticilinu (MRSA), přičemž první byly popsány již v roce 1961. Dle údajů EARS-Net se výskyt MRSA v České republice v posledních dvaceti letech snižuje z nejvýše zachycených 15 % v roce 2011 na 7,5 % (2022).

Kmeny SA (včetně MRSA) jsou častou příčinou komunitních i nozokomiálních infekcí. Pro zefektivnění vyhledávání těchto agens je možné použít automatizovaný kvalitativní diagnostický test *in vitro*. Ten umožňuje přímou detekci a rozlišení DNA SA a MRSA z nosních stěrů u pacientů s rizikem nosní kolonizace. Test BD MAX™ StaphSR, využívá polymerázovou řetězovou reakci (PCR) v reálném čase pro amplifikaci SA/MRSA DNA a fluorescenční cílově specifické hybridizační sondy pro detekci amplifikované DNA.

Předkládané výsledky studie byly získány porovnáním standardního mikrobiologického postupu identifikace MRSA s výsledky automatizovaného systému BD MAX™ StaphSR přímo z biologického materiálu. K mikrobiologické diagnostice SA a MRSA je ve Fakultní nemocnici Olomouc (FNOL) využíván systém MALDI-TOF MS (Biotyper Microflex, Bruker Daltonics). Citlivost k antibiotikům je stanovována standardní diluční metodou dle kritérií EUCAST. Rezistence na meticilin je detekována pomocí chromogenní půdy (Colorex™/MRSA, TRIOS) a pomocí imunochromatografického testu na průkaz PBP2a (PBP2a SA Culture Colony Test, Alere™). Automatizovaný systém BD MAX™ umožňuje detekci DNA SA a MRSA přímo z biologického materiálu v rámci jedné reakce. Ta sestává z izolace DNA, následované PCR v reálném čase a vyhodnocením v řádu hodin v den přijetí materiálu k testování.

Do studie bylo zařazeno 88 vzorků z dýchacích cest (stěr/výtěr krk, stěr/výtěr nos, sputum, endosekret), přičemž se jednalo o pacienty jak v intenzivní péči, tak pacienty na standardním lůžkovém oddělení. Všechny tyto vzorky byly zpracovány souběžně standardním postupem a pomocí systému BD MAX™ StaphSR. Standardními mikrobiologickými postupy bylo identifikováno 6 izolátů SA (6,8 %) a 1 izolát MRSA (1,1 %). Pomocí automatizovaného systému BD MAX™ StaphSR byl zachycen SA v 25 vzorcích (28,4 %) a ve 2 biologických materiálech byly zjištěny MRSA (2,2 %). Důvodem nižšího zachytu standardními mikrobiologickými postupy je skutečnost, že v mnoha případech je SA považován za součást fyziologické mikrobioty a není dourčován.

Možnost testování systémem BD MAX™ StaphSR přímo z biologického materiálu pacientů může napomoci při prevenci a kontrole infekcí vyvolaných těmito agens ve zdravotnických zařízeních.

Podpořeno grantem AZV ČR č. NU23-09-00488, RVO FNOL 00098892 a IGA LF\_2023\_012.



Ing. Kristýna Kliková

Vysoká škola chemicko-technologická v Praze  
Technická 3  
166 28 Praha 6

tel: +420 774 777 988  
e-mail: klikovak@vscht.cz

## Izolace a charakterizace bakterií využívajících mikrobiálně indukované srážení při recyklaci betonového odpadu

Kliková K.<sup>1</sup>, Borisov M.<sup>1</sup>, Holeček P.<sup>2</sup>, Nežerka V.<sup>2</sup>, Demnerová K.<sup>1</sup>, Stiborová H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ústav biochemie a mikrobiologie, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, VŠCHT Praha, Technická 3, 166 28 Praha 6

<sup>2</sup>Katedra fyziky, Fakulta stavební, ČVUT v Praze, Thákurova 2077/7, 166 29 Praha 6

Mikrobiálně indukované srážení uhličitanu vápenatého (MICP) je biomineralizační proces, při kterém dochází k vysrážení přírodních minerálů (nejčastěji kalcitu) v důsledku aktivity mikroorganismů. MICP proces může probíhat různými mechanismy v závislosti na podmínkách prostředí (teplota, pH, živiny) a druhu mikroorganismu. MICP proces je také jednou z možností, jak recyklovat drcený odpadní beton (WCF), jehož tisíce tun vznikají každý rok a nemají další využití. Z tohoto důvodu jsme se využít MICP proces k pospojování jednotlivých zrn WCF do dále využitelných kompaktních kompozitů. Cílem této práce byla izolace a identifikace izolátů s ureázovou aktivitou ze směsi WCF a písku, a následné porovnání tvorby biobetonu s využitím sbírkového kmene (*Sporosarcina pasteurii* DSM 33) a dalších izolovaných kmenů.

Izolace bakteriálních izolátů probíhala tak, že do směsi WCF a písek ve speciálně upravených nádobkách byl po dobu 10 dní při teplotě 28 °C přidáván biocementační (srážecí) roztok. Po inkubaci byly odebrány vzorky mineralizovaného materiálu (kompozit) a filtrátu, které byly naočkovány na TSA s přídavkem močoviny a vizuálně byl posouzen vzhled kolonií, které byly následně přeočkovány na samostatné médium. U všech takto získaných kmenů byla dále stanovována ureázová aktivita kvalitativně a kvantitativně. Následně bylo k identifikaci mikroorganismů potřeba nejprve připravit knihovnu pro gen 16S rRNA. Izolace genomové DNA (gDNA) probíhala pomocí kitu InstaGene™ Matrix. Takto získaná DNA byla použita na PCR se specifickými primery pro 16S rRNA. PCR produkty byly následně přečištěny a zakoncentrovány pomocí kitu Genomic DNA Clean & Concentrator. Přečištěné vzorky DNA byly odeslány na Sangerovo sekvenování do firmy SEQme (ČR), kde byla provedena sekvenační analýza. Jimi zasláné sekvence genu 16S rRNA byly použity k vyhodnocení pomocí softwaru Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA11) a identifikovány porovnáním se sekvencemi genu 16S rRNA v databázi BLAST. U identifikovaného izolátu (*Sporosarcina jiangdibaonis*) s nej-

vyšší ureázovou aktivitou byla následně porovnána tvorba biobetonu u tří typů WCF lišících se fyzikálně-chemickými vlastnostmi se sbírkovým kmenem *Sporosarcina pasteurii* DSM 33 majícím též ureázovou aktivitou. Tato práce vznikla za finanční podpory projektu Grantové agentury ČR 22-02702S a za podpory projektu Interní grantové agentury VŠCHT A2\_FPBT\_2023\_021.

**Mgr. Ondřej Morávek**

Univerzita Pardubice  
Studentská 95  
532 10 Pardubice

tel: +420 739 133 633  
e-mail: ondrej.moravek@student.upce.cz

## **Změny exprese vybraných miRNA v souvislosti s fyzickou zátěží**

Morávek O.<sup>1</sup>, Smělá D.<sup>1</sup>, Jaklová Dyrtrtová J.<sup>2</sup>, Korecká L.<sup>1</sup>, Bílková Z.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Katedra biologických a biochemických věd, Univerzita Pardubice*

<sup>2</sup>*Katedra biomedicínského základu v kinantropologii, Fakulta tělesné výchovy a sportu, Univerzita Karlova*

Malé jednovláknové nekódující molekuly RNA o velikosti 18 až 25 nukleotidů, označované jako miRNA, fungují v průběhu proteosyntézy jako intracelulární regulátory posttranskripční genové exprese. Jelikož jsou ve zvýšené míře exprimovány již při mírné odchylce od fyziologického stavu, jsou v současné době stále častěji zmiňovány také jako potenciální biomarkery některých onemocnění.

Cílem práce bylo porovnat hladiny vybraných miRNA s hladinou kortizolu, a to při cíleném zatížení organismu formou krátkého intenzivního cvičení (jízda na kole s maximální zátěží). Do studie byli vybráni dobrovolníci, kteří byli rozděleni do tří skupin podle jejich obvyklé pohybové aktivity: s nízkou pohybovou aktivitou (cvičení méně než 2 hodiny za týden), střední pohybovou aktivitou (3-5 hodin za týden) a vysokou pohybovou aktivitou (více než 11 hodin za týden). Pro měření byly odebírány vzorky (sérum a sliny) před zátěží, těsně po zátěži a 1 hodinu po zátěži. Ve vzorku slin byla měřena hladina kortizolu pomocí standardní ELISA metody (DCM020-11; DiaMetra, Segrate, Italy). V séru byly pomocí kvantitativní PCR (qRT-PCR) stanovovány čtyři miRNA, a to miR-103, miR-122, miR-144 a miR-486. Tyto miRNA byly vybrány na základě jejich funkcí, přičemž miR-103 souvisí s up-regulací metabolismu glukózy, miR-122 souvisí s expresí genů regulujících syntézu lipidů a miR-144 je spojována s kompenzací oxidačního stresu. V případě miR-486 byla prokázána up-regulace její exprese u obézních dětí, souvislost s metabolismem lipidů a také souvislost s rozvojem zánětu.

Pilotní experimenty prokázaly významné změny v hladinách jednotlivých miRNA (miR-103, miR-122, miR-144) mezi jednotlivými skupinami dobrovolníků, a to v závislosti na jejich obvyklé pohybové aktivitě. Změny v hladinách miR-486 korelovaly s hladinou kortizolu, který souvisí se zánětlivými stavy.

Tato práce byla podpořena z projektu SGS\_2024\_002 Fakulty chemicko-technologické, Univerzity Pardubice.

RNDr. Petra Mosio, Ph.D.

Státní zdravotní ústav  
Šrobárova 48  
100 00 Praha

tel: +420 267 082 795  
e-mail: petra.mosio@szu.cz

## Terapie na míru: Budoucnost léčby infekcí způsobených *Mycoplasma genitalium*

Mosio P., Krutáková H., Zákoucká H.

*NRL pro diagnostiku syfilis, Centrum epidemiologie a mikrobiologie, Státní zdravotní ústav*

*Mycoplasma (M.) genitalium* je původcem sexuálně přenosných infekcí. U mužů je často spojováno s akutní i chronickou negonokokovou uretritidou. U žen může vyvolávat cervicitidy a hluboký pánevní zánět. Lékem první volby je v případě infekcí způsobených *M. genitalium* azithromycin. V posledních letech byl zaznamenán celosvětově prudký nárůst rezistence k makrolidům, přičemž v Evropě udávají studie z let 2018-2021 až 43 % kmenů *M. genitalium* rezistentních k této skupině antibiotik. V případě, že selže terapie azithromycinem nebo je původcem infekce *M. genitalium* s prokázanou rezistencí k makrolidům, je lékem druhé volby moxifloxacin. Zatímco v roce 2004 dosahovala úspěšnost léčby moxifloxacinem 100 %, v roce 2016 klesla na 89 %. Na základě narůstajícího počtu rezistentních kmenů zařadila CDC *M. genitalium* mezi bakterie představující potenciální globální zdravotní hrozbu.

*M. genitalium* patří ke kultivačně velmi náročným mikroorganismům, a proto je klasické testování citlivosti k antibiotikům obtížné. Alternativu představuje využití PCR metod, které umožňují detekci mutací spojených s rezistencí/citlivostí k makrolidům nebo fluorochinolonům. Podkladem rezistence k makrolidům je jednonukleotidový polymorfismus na pozicích 2058/2059/2062/2063 v 23S rRNA, z nichž každý vede ke zvýšení inhibiční koncentrace makrolidů a potažmo k selhání léčby. Mutace ovlivňující citlivost k fluorochinolonům jsou lokalizovány na genech *parC* a *gyrA*. Nejčastější je mutace S83I na genu *parC*, která je spojována se zvýšenou inhibiční koncentrací moxifloxacinu a selháním léčby ve 40 % případů. Alternativní terapeutické postupy u pacientů, u kterých je léčba moxifloxacinem kontraindikována nebo u nich léčba selhala, jsou značně omezené. Jednou z možností, jak ovlivnit šíření rezistentních kmenů *M. genitalium* v populaci, je redukce empirické a profylaktické léčby a zavedení programu sledování rezistence s využitím molekulárně-biologických metod.

Naším cílem bylo provést pilotní studii výskytu rezistence u kmenů *M. genitalium* zaslaných do NRL ze spolupracujících pracovišť s využitím komerčně dostupných kitů Allplex™ MG & AziR Assay a Allplex™ MG & MoxiR Assay (Seegene, Korea).

**Mgr. Pavlína Nývltová, Ph.D.**

Univerzita Pardubice, Fakulta chemicko-technologická  
Studentská 573  
532 10, Pardubice

e-mail: pavlina.nyvltova@upce.cz

## **Příklady využití sondy Hoechst 33258 pomocí spektrofluorimetrické metody pro detekci nukleární kondenzace a fragmentace v intaktních buňkách**

Nývltová P., Čapek J., Handl J., Jelínková Š., Kynclová K., Báčová J., Roušar T.  
*Katedra biologických a biochemických věd, Fakulta chemicko technologická, Univerzita Pardubice, Studentská 573, 532 10 Pardubice, Česká republika.*

Nukleární kondenzace a fragmentace patří mezi markery buněčné smrti. V současné době se k detekci jaderné kondenzace a fragmentace využívají především sondy Hoechst, a to ve spojení s průtokovou cytometrií a fluorescenční mikroskopií. Pro kvantitativní detekci nukleární kondenzace a fragmentace byla také vyvinuta spektrofluorimetrická metoda využívající sondu Hoechst 33258 (H33258 metoda), která umožňuje detekci nukleárních změn v intaktních buňkách. Cílem této studie bylo ukázat možnosti využití H33258 metody *in vitro*.

Zjistili jsme, že H33258 metodu lze využít pro kvantitativní detekci nukleární kondenzace a fragmentace v adherentních buněčných liniích inkubovaných s různými induktory apoptózy (např. cisplatina, staurosporin, kamptotecin) a nanomateriály. Následně jsme pomocí H33258 metody detekovali nukleární kondenzaci a fragmentaci také na suspenzních buněčných liniích, což potvrzuje univerzální použití metody. Mezi výhody tohoto spektrofluorimetrického testu patří rychlé zpracování vzorku, nízká cena a možnost kvantitativní detekce nukleární kondenzace a fragmentace u velkého množství vzorků v krátkém čase.

**Mgr. Michal Zemánek, Ph.D.**

Vaše laboratoře s.r.o.  
U lomu 638  
760 01, Zlín

tel: +420 602 592 024  
e-mail: zemanek@vaselaboratore.cz

## **MaterniT - historie a současnost**

Zemánek M.<sup>1</sup>, Zapletal M.<sup>1</sup>, Hůrková V.<sup>2</sup>, Loucký J.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>*Vaše laboratoře s.r.o.*

<sup>2</sup>*Prediko, s.r.o.*

První kroky k neinvazivnímu testování byly položeny v roce 1997, kdy prof. Lo (1) popsal nález volné fetální DNA z krve matky. Laboratoř lékařské genetiky Imalab s.r.o. (v současnosti Vaše laboratoře s.r.o.) a Centrum prenatalní diagnostiky Prediko, s.r.o. se v roce 2008 zapojily do mezinárodní validační studie (InFANet Study), jejímž cílem bylo zjistit využití fetální DNA v prenatalní diagnostice. V roce 2011 byly výsledky využity pro uvedení 1. komerčního testu (MaterniT 21 PLUS) pro zjištění Downova syndromu (T21). Tento test, prováděný ve spolupráci se společností Sequenom, jsme v roce 2012 nabídli těhotným ženám jako první v ČR. V následujícím roce byl tento test doplněn o vyšetření zjišťující Patauův (T13) a Edwardsův syndrom (T18) a v roce 2013 o panel pohlavních chromosomů (SCA panel). V roce 2014 se objevil v naší nabídce test VisibiliT, který zahrnoval detekci pouze pro Downův a Edwardsův syndrom a pohlaví. Na konci roku 2015 přibyl do našeho portfolia vyšetření celogenomový test MaterniT GENOME, který dokáže vyšetřit aneuploidie všech chromosomů, přebývajících nebo chybějících genetický materiál  $\geq 7$  Mb a několik vybraných mikrolečných syndromů. Vzhledem k omezenému testování u testu VisibiliT, byla jeho nabídka na začátku roku 2018 ukončena. Metodou využitou pro získání informací o možných chromosomálních abnormalitách je metoda masivního paralelního sekvenování s následným statistickým zpracováním.

1. Lo YM, et al. Presence of fetal DNA in maternal plasma and serum. *Lancet*. 1997;350(9076):485-487
2. Palomaki GE, et al. DNA sequencing of maternal plasma to detect Down syndrome: An international clinical validation study. *Genetics in Medicine*. 2011;13(11):913-920

# FIREMNÍ INZERCE





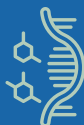
# Advancing PCR Technologies

## PCR Life Science



### PCR a RT-PCR Mixy

DBdirect: Bez nutnosti NA extrakce a  
SuperSens: Pro výjimečnou přesnost



### Inhibitory RNáz

Rekombinantní proteiny. Lidská, hovězí  
a prasečí varianta



### Oligonukleotidy

Velmi specifická personalizovaná řešení

## PCR Diagnostics



### Panel pro respirační onemocnění

Multiplexová detekce SARS-CoV-2, influenza A,  
influenza B, RSV ze slin a stěrů



### Panel pro STD

Multiplexová detekce *Chlamydia trachomatis*,  
*Mycoplasma genitalium*, *Neisseria gonorrhoeae*



### Panel pro herpetické viry

Duplexová kvantitativní detekce  
CMV a EBV



### Panel pro trombofilní mutace

Multiplexová detekce mutací protrombinu  
(FII) a leidenské trombofilie (FV)

#### O DIANA Biotechnologies

Firma založená v roce 2018 se během pandemie covid-19 stala největším českým výrobcem PCR testů. Díky svým inovacím v PCR diagnostice se nyní prosazuje i v zahraničí a její PCR (IVDR) produkty budou nově k dispozici i vědcům v oblasti life science. Unikátní kolektiv špičkových vědců z různých biotechnologických oborů je hlavní doménou firmy, jejíž cílem je stát se nadnárodní biotechnologickou společností.





# AVITI: Revoluce ve světě NGS

Vysoká flexibilita  
a flow-celly o různých  
kapacitách  
(až 2 x 1 miliarda čtení,  
2 x 300 Gbp)

Bezprecedentně  
vysoká přesnost  
čtení

Dostupné  
i pro laboratoře,  
které o NGS  
jen snily

Vyrobeno  
v USA



2 nezávislé  
flow-celly

## Jádem technologie je Avidity Sequencing™

Avidity Sequencing™ využívá sílu multivalentních molekul zvaných avidit, díky čemuž poskytuje bezprecedentně kvalitní data rychleji a ekonomičtěji. 100× nižší spotřeba klíčových reagensů se přímo promítá do úspory nákladů na jeden sekvenační běh.

**Získejte více informací o Avidity Sequencing™ a o platformě AVITI na:**

[www.dynex.cz](http://www.dynex.cz)

[www.elementbiosciences.com](http://www.elementbiosciences.com)

**Dynex Technologies – jediný autorizovaný distributor  
Element Biosciences pro ČR a SR**

Lidická 977, 273 43 Buštěhrad

Tel.: +420 220 303 600, email: [office@dynex.cz](mailto:office@dynex.cz)

[www.dynex.cz](http://www.dynex.cz)

 Element  
Biosciences

 **DYNEX**

## Objevte naše komplexní portfolio produktů

Prozkoumejte svět možností s naší rozsáhlou řadou produktů a služeb. Od špičkových polymeráz, izolačních kitů a univerzálních PCR diagnostických souprav až po zdravotnická a laboratorní zařízení a zakázkovou syntézu oligonukleotidů.

**Naše portfolio produktů posiluje  
Váš výzkum a inovace.**

Přes 20 let vedoucí  
postavení v oboru

Síť distributorů  
ve 20 zemích světa

Investice ve výši 5 milionů EUR  
do výzkumu a vybavení laboratoře

## Vyzkoušejte EliGene<sup>®</sup> DNA diagnostiku

Preferovaná volba pro skutečné profesionály. Produktová řada EliGene<sup>®</sup> představuje rozmanitou škálu DNA/RNA diagnostických **souprav pro detekci bakterií a virů**, a rovněž kity určené **pro lékařskou genetiku**.

ELISABETH PHARMACON, spol. s r.o.  
Rokycanova 4437/5  
615 00 BRNO-Židenice  
Česká republika

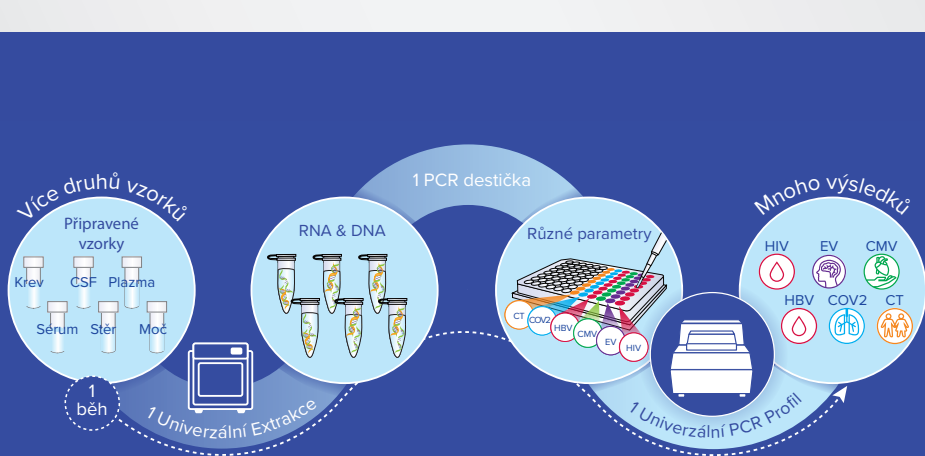


**EliGene<sup>®</sup>**  
DNA DIAGNOSTICS  
& EXTRACTION KITS

[www.elisabeth.cz](http://www.elisabeth.cz)

*We help discover the world.*

# GeneProof®



**One Workflow**  
SIMPLIFY COMPLEXITY

## VÝHODA ONE WORKFLOW

Existují dva základní produkty: **Univerzální PCR profil** a **Univerzální Interní Kontrola (UNIC)**. Ty společně umožňují testování jakéhokoli parametru GeneProof z jednoho vzorku v rámci jednoho PCR běhu. Tím se nejen výrazně zkracuje čas, ale také zjednodušuje laboratorní workflow. Kromě toho můžete tuto diagnostiku kombinovat s naší univerzální extrakcí (Universal Nucleic Acid Extraction Kit) a extrahovat tak DNA a RNA najednou.



**KOMPATIBILNÍ S ŠIROKÝM SPEKTRÉM  
REAL-TIME PCR PŘÍSTROJŮ**

[geneproof.com](https://www.geneproof.com)

**GeneProof a.s.**

Vídeňská 101/119 / Dolní Heršpice / 619 00 Brno / Česká republika  
+420 543 211 679<sup>TEL</sup> / +420 516 770 824<sup>FAX</sup> / [info@geneproof.com](mailto:info@geneproof.com)<sup>E-MAIL</sup>



# FONSOPENLIMS

## Ucelené řešení pro laboratorní komplement

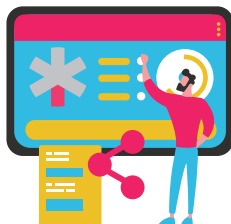
- Zvýšení efektivity laboratorního provozu
- Integrace všech laboratorních odborností v jednom systému
- Kompletní podpora všech laboratorních procesů
- Splnění požadavků ISO 15189, ÚZIS a SUKL
- Zabezpečení podle GDPR i Zákona o kybernetické bezpečnosti
- Propojení s nejmodernějšími laboratorními technologiemi
- Řešení pro řetězce laboratoří a detašovaná pracoviště
- Dokonalé sledování nákladů a nadstandardní statistiky
- Flexibilní přizpůsobení provozním zvyklostem
- Automatizace centrálního příjmu včetně skladu žádank
- Zajištění požadované dostupnosti systému a snadná správa IS



# FONS OPENLIMS



**FONS Openlims se stal standardem pro řízení laboratorních provozů.**



**FONS Openlims je každý den používán na více než 6 000 stanicích a je k němu on-line připojeno více než 5 000 analyzátorů.**



**FONS Openlims používá ho největší laboratorní řetězec v ČR a SR s centrální databází hostovanou v Německu.**

**FONS Openlims** je sofistikovaný systém s mnoha interními i externími vazbami. Rozsahem ho lze srovnat s klinickým nebo ekonomickým systémem. Data uložená v laboratorním systému jsou jedna z nejcennějších ve zdravotnickém zařízení. Nároky na laboratorní systém jsou proto vysoké a jeho spolehlivost musí být stoprocentní. Data, která zpracovává, mají cenu lidského života.

**FONS Openlims** je třetí generací laboratorního systému společnosti STAPRO s. r. o. Vznikl na základě dlouholeté zkušenosti autorského týmu a ve spolupráci s mnoha laboratorními pracovišti. Základní analýza systému začala v roce 2003, vývoj probíhá od roku 2004.

## **Další výhody FONS Openlims:**



STAPRO je stabilní firma a laboratorní systém je jedním z jejich hlavních produktů.



STAPRO je dodavatelem komplexního informačního systému pro zdravotnická zařízení, jehož důležitou součástí je laboratorní systém.



Laboratorní informační systém společnosti STAPRO si vybralo 50% laboratoří v ČR, SR a Litvě.



STAPRO má největší tým zabezpečující vývoj a implementaci systému (40 lidí).



Velké zkušenosti autorského týmu jsou důležité pro vývoj laboratorního SW (30 let zkušeností s laboratorními provozy).



Podpora laboratorních procesů je v souladu s normou ČSN EN ISO 15189.



Splňuje požadavky GDPR a požadavky zákona č.184/2014 Sb., o kybernetické bezpečnosti.



Použití nejnovějších vícevrstevých technologií při vývoji garantuje dlouhý životní cyklus systému.

## POZNÁMKY:

**POZNÁMKY:**





RUTINNÍ ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN

# PROGRAM A SBORNÍK KONFERENCE RANK 2024

Vydalo STAPRO s. r. o., Pernštýnské nám. 51, 530 02 Pardubice  
jako doprovodnou publikaci konference RANK 2024.

Vytiskl: PRINT-SHOP.cz, s.r.o.  
Erno Košťála 968, 530 12 Pardubice

Foto na titulce: © František Lokaj







Adresa pořádající organizace:

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

e-mail: [pcr.lab@medila.cz](mailto:pcr.lab@medila.cz)  
tel: +420 602 431 809

[www.rank.cz](http://www.rank.cz)