

**Príbeh na týždeň: Slovenskí vedci a
koronavirus (3. časť)**

~

***Slovak Scientists and Coronavirus (Story for
the Week - part 3)***

***Příbeh na týden: Slovenští vědci a koronavirus
(3. část)***

by

Ľubomíra Goljerová (Hulínová)

Radio and Television Slovakia

RTVS

SYNOPSIS

Príbeh na týždeň: Slovenskí vedci a koronavirus (3. časť)

Odizolovali vzorku koronavírusu, skúmajú ju, trávia dlhé hodiny v laboratóriach... Slovenskí vedci. Naša, v minulosti často zaznávaná veda, sa zrazu premenila na najsledovanejšiu oblasť v krajine. Odkiaľ prišiel, ako sa mení, v čom je zákerný... Tieto otázky si o neviditeľnom nepriateľovi kladú každý deň. A tak sme sa ich za dverami laboratórií rozhodli položiť vedcom aj my.

Slovak Scientists and Coronavirus (Story for the Week - part 3)

They isolated a sample of the coronavirus, are examining it, working long shifts in the lab... Slovak scientists and researchers. In the past, science was not among the most recognised fields in Slovakia, but all of a sudden it turned into one of the most followed areas in the country. Where does it come from, how does it change, why is it so malicious... these are the questions about the invisible enemy they keep asking themselves daily. And so we decided to visit the scientists in the labs and try to get answers to these questions.

Příběh na týden: Slovenští vědci a koronavirus (3. část)

Izolovali vzorek koronavíru, zkoumají ho, tráví dlouhé hodiny v laboratořích... Slovenští vědci. Naše, v minulosti často přehlížená věda, se náhle změnila v nejsledovanější oblast v zemi. Odkud přišel, jak se mění, v čem je zákeřný... Tyto otázky si o neviditelném nepříteli kladou každý den. A tak jsme se je za dveřmi laboratoří rozhodli položit vědcům i my.

Original script

Zahlásenie:

Málokedy sa vieme pochváliť, ale tentoraz je to jednoznačné, pri pandémii si zatiaľ vedieme skvele a môžeme byť vzorom pre mnohé iné - aj veľmi vyspelé štáty sveta. A to platí aj pre našu vedu.

Slovenskí vedci odizolovali vzorku koronavírusu, ktorý dostal názov SARS - COV2. Pochádza od našich prvých nakazených pacientov a vďaka nim vieme vírus lepšie preskúmať a pochopiť. Virologický ústav Slovenskej akadémie vied navštívila Ľubomíra Goljerová.

Boris Klempa je jeden z virológov, ktorý bol v tomto vedeckom tíme.

B. Klempa:

My ako virológovia sme to brali v podstate ako svoju povinnosť, keď takáto príležitosť je. Pokúsiť sa o izoláciu vírusu. a v tomto prípade je to samozrejme komplikovanejšie, tým, že je to vysoko infekčný vírus. Takže to musí robiť pracovisko, ktoré má skúsenosti, musí mať na to špeciálne laboratórium.

Ľ. Goljerová:

Vy máte nejakú banku, v ktorej ten vírus máte a tam je tá vzorka? Tak si to môžeme predstaviť?

B. Klempa:

My sme vlastne klinický materiál od pacientov pridali k bunkám, ktoré vieme kultivovať v laboratóriu, v takých kultivačných fľašiach a vlastne si počkali, či príde k infekcii týchto buniek alebo nie. A tým, že k tej infekcii prišlo, tak vlastne tie infikované bunky nám naprodukovali veľké množstvo vírusu. Takže vďaka tomuto vlastne máme ten vírus v laboratóriu k dispozícii a vieme s ním znova infikovať bunky alebo robiť rôzne iné veci.

Ľ. Goljerová:

Takto izolovali štyri vzorky. Vírus poskytli aj vedeckému parku Univerzity Komenského, ktorý preskúmal jeho sekvencie, teda kompletnú genetickú informáciu.

Molekulárny biológ Tomáš Szemes ma zaviedol do laboratória, kde načítanie sekvencie prebiehalo.

T. Szemes:

Toto sú sekvenátori druhej generácie, kde prebieha čítanie na takýchto čipoch. Na tomto dokáže prístroj prečítať až 400 miliónov molekúl DNA, na tomto menej nejakých 30 miliónov.

Ľ. Goljerová:

A ten vírus sa tam vkladá ako?

English script

Radio Intro:

We are not particularly good at praising ourselves, but this time there is no doubt, we are doing really well at managing the first wave of the coronavirus pandemic and Slovakia can serve as an example for other countries - even the highly developed ones. And the same counts for our science. Slovak scientists successfully managed to isolate a sample of the coronavirus named SARS-COV2. The coronavirus sample is coming from the first infected patients in Slovakia and thanks to them we can examine the virus and understand it better. The editor Ľubomíra Goljerová visited the Institute of Virology of the Slovak Academy of Sciences.

Mr. Boris Klempa is a virologist and a member of the research team.

B. Klempa:

For us virologists it was simply our duty to try to isolate a sample of the coronavirus when the occasion arose. This time the task was more complicated of course because this virus is a highly infectious one. Therefore, it had to be done by an experienced department that has a specialized laboratory.

Ľ. Goljerová:

Do you have some kind of a bank where you keep the virus and also the sample? Can we describe it like this?

B. Klempa:

We added the clinical material coming from infected patients to the cells that we can cultivate in the lab in special cultivation bottles and then we had to wait and see whether these cells will become infected or not. And as the infection occurred, the infected cells produced large amount of the virus itself. Thanks to this procedure we have the virus at our disposal in the lab now and we can further work with it, infect the cells again and do other research.

Ľ. Goljerová:

This way the scientists successfully managed to isolate four samples. They also gave a sample of the virus to the Comenius University Science Park where a research of its sequences was done, and the complete genetic information of the new coronavirus was revealed. Molecular biologist Tomáš Szemes took me to the laboratory in which the reading of the sequence was realised.

T. Szemes:

These are second generation sequencers where the reading of the sequence is being done on these chips. On this one the machine is able to read up to 400 million of DNA molecules, on this one less, around 30 million.

Ľ. Goljerová:

And how is the virus inserted inside?

T. Szemes:

Z neho sa musí izolovať RNA a to sa prepíše do DNA, špeciálnym enzymom a potom sa z neho vytvorí tzv. sekvenačná knižnica. To sú proste špeciálne upravené kúsky DNA, ktoré potom môžu byť vložené do prístroja a tie potom číta.

L. Goljerová:

Ako dlho to trvá kým, ste vy načítali takto jeden ten vírus, jednu tú vzorku?

T. Szemes:

Kolegovia na SAV myslí dva alebo tri dni pripravovali tú vzorku, čiže urobili prepis do DNA. My sme to tu jeden deň spracovávali a dali to na tento prístroj. Potom to čítanie bežalo dva a pol dňa a tá bioinformatická analýza približne deň.

L. Goljerová:

Pre laika to vyznieva ako scifi, ale dá sa vidieť v počítači, kde vedia výsledok porovnať so svetovou databázou s vyše 16 tisíc genómami.

T. Szemes:

Tu máme sekvenovaný izolát slovenského pacienta, kde tieto šedé stĺpiky znamenajú, že je tam v našej sekvencii a tej ku ktorej sme to prikladali zhoda. Ale keď sú tam takéto farebné miesta, tak tam my v našej sekvencii vidíme odlišnosť. Tu na relatívne malom kúsku vidíme až štyri odlišnosti.

L. Goljerová:

A to porovnanie je spolu so svetovou databázou alebo v porovnaní s čím on vykazuje tie farebné polia?

T. Szemes:

Toto bolo porovnanie s tým Wu-chanským izolátorom, teda jedným z tých prvých sekvenovaných vírusov. Ale veľmi zaujímavé zistenie, že náš vírus, ktorý bol izolovaný v marci sa absolútne na sto percent zhoduje s vírusom z izolátov v Amerike, ktoré boli získané okolo 15. apríla. To nám hovorí to, že ten vírus minimálne za ten mesiac a pol sa zdá až tak zásadne nemení. Čo je veľmi dobré východisko pre vývoj vakcíny.

L. Goljerová:

Ďalšia slovenská vzorka alebo izolát sa podobá na vírus z Wu-chanu. Tretí bol najbližšie Francúzsku a posledný Belgicku. Takéto čítanie genomu na začiatku epidémie ukázalo, že ide úplne o nový vírus.

T. Szemes:

Sa podobá na ten SARS spred 17 rokov len na 80 percent. Čo je dosť veľká genetická vzdialenosť. A tiež sme tu analýzou zistili, že sa veľmi podobá na vírusy, ktoré boli nájdené u netopierov. A to až na 96 celá niečo percenta.

T. Szemes:

RNA has to be isolated from the virus and it is transcribed into DNA with the use of a special enzyme. Then, a so called “sequencing library” is being prepared from these DNA fragments. The sequencing library consists of specifically adapted DNA samples that can be inserted into the machine and read.

L. Goljerová:

How long does it take until the machine reads one sample of the virus?

T. Szemes:

The colleagues from the Slovak Academy of Sciences were preparing the sample for two or three days, I think. They prepared the transcription into DNA. We were then processing the sample for one day and then inserted it into this machine. Then the reading was performed for two and a half days, and the bioinformatic analysis took roughly one day.

L. Goljerová:

This process may seem like science-fiction to a layman, but it can be observed on a computer, and the result can be compared with the world-wide database containing more than 16 thousand genomes.

T. Szemes:

Here you can see a sequenced isolate from a Slovak patient, and these grey columns signalize a match of our sequence and the sequence we aligned it to. These coloured spots signalize a mismatch between our sequence and the alignment. Here you can see already four mismatches on a relatively small fragment.

L. Goljerová:

And it is compared with the world-wide database or what is the sequence aligned to when showing the coloured spots?

T. Szemes:

This was an alignment with the Wuhan virus sample, i.e. with one of the first sequenced viruses. But we made a very interesting observation that our virus that was isolated in March was a 100% match with the virus samples in America that were obtained around April 15. That means that in the month and a half the virus did not change radically, which is a very good starting point for the development of a vaccine.

L. Goljerová:

The second Slovak virus sample or isolate matched the virus from Wuhan. The third isolate matched a virus isolate from France the most and the last one was very similar to one sample from Belgium. Such genome reading at the epidemic outbreak demonstrated that it is a completely new virus.

T. Szemes:

The coronavirus is only about 80% identical to the SARS virus from 17 years ago; this is quite a big genetic discrepancy. Through this analysis we also found out that the new coronavirus is very similar to viruses that were identified in bat species – their DNA sequences were identical up to 96%.

L. Goljerová:

Kedže zhoda nie je úplná, stále sa predpokladá, že vírus mal nejakého medzihostiteľa a ako sa tento novovzniknutý koronavírus správa? Asi najvýstižnejšie je vraj slovo zákerný.

B. Klempa:

Je schopný sa veľmi účinne rozmnožovať v slizničiach horných dýchacích ciest do vysokého množstva a vďaka tomu je vlastne veľmi dobre šíritelný a to dokonca aj u ľudí, ktorých sa neprejavili žiadne príznaky ochorenia.

L. Goljerová:

Aj preto je namieste otázka. Neboja sa vedci s vírusom pracovať?

B. Klempa:

Určite je to vírus, ktorý vyvoláva obavy. My sa samozrejme snažíme to riziko infekcie maximálne minimalizovať. A k tomu nám slúžia jednoznačné postupy a protokoly a to naše laboratórium so zvýšeným stupňom bezpečnosti a ochranné pomôcky. Takže toto všetko dodržujeme. Ale tým, že sme zvyknutí pracovať aj s inými infekčnými vírusmi, tak je to do určitej miery teda rutina.

L. Goljerová:

Since the sequence is not 100% identical, it is assumed that the virus had some intra-host. And what is the new coronavirus like? The most accurate characteristic is that it is malicious.

B. Klempa:

It is capable of a very efficient and massive reproduction in the mucosa of upper respiratory tract and therefore it is able to spread very easily and is transmitted even by people that are showing no symptoms of the disease.

L. Goljerová:

Taking all this into account, there is one question I have to ask. Aren't the scientists afraid to work with the virus?

B. Klempa:

This virus is raising concerns, that is for sure. We are of course trying to completely minimise the risk of infection. Our working procedures must comply with strict rules and protocols, we work in a laboratory with elevated level of security and use protective equipment. We follow all the safety measures. However, we are used to work with other infectious viruses as well, so it is also quite a routine.