

PRIOPĆENJE ZA MEDIJE

Ured za odnose s javnošću

Institut Ruđer Bošković / +385 99 267 9514 / @buljevic@irb.hr

Priopćenje povodom preliminarnih rezultata istraživanja dr. sc. Olivera Vugreka

ZAGREB, 29. 4. 2021. - S obzirom na to da su se u medijima slijedom današnjeg gostovanja dr. sc. Olivera Vugreka u emisiji 'Novi dan' na N1 televiziji, na temu koronavirusa u Hrvatskoj, pojavile određene nelogičnosti kod opremanja vijesti, posebice kad je riječ o naslovima, niže donosimo nekoliko važnih pojašnjenja kako bi izbjegli pogrešne interpretacije komentiranih rezultata preliminarnih istraživanja u javnosti.

Naime, ističemo kako je istraživanje koje je dr. sc. Oliver Vugrek komentirao za televiziju N1 još uvijek u tijeku te je riječ o vrlo preliminarnim rezultatima na samo 24 uzorka. Dobiveni rezultati su važni isključivo u kontekstu znanstvenog istraživanja te dopunjavanja međunarodne baze podataka kao što je Nextstrain kako bi se mutacije SARS-CoV-2 u različitim dijelovima svijeta mogle uspoređivati.

U ovome je trenutku još prerano interpretirati rezultate pronađenih mutacija u kontekstu značenja njihovog širenja u populaciji ili kontekstu tumačenja širenja neke varijante u populaciji s obzorm na to da dvadeset četiri uzorka ne predstavljaju dovoljno reprezentativan broj da bi se moglo zaključiti o učestalosti pronađenih mutacija. Stoga je iznimno važno u javnom i medijskom prostoru jasno prenositi izjave i iznesene podatke.

Zašto je važno pratiti genetske varijante SARS-Cov-2 virusa?

Praćenje mutacija i pojave novih varijanti virusa SARS-CoV-2 radi stvaranja sveobuhvatne baze podataka o genomu SARS-CoV-2 izuzetno je važno za kvalitetno upravljanje pandemijom bolesti COVID-19. Ovakve baze mogu omogućiti pravovremenu reakciju javnozdravstvenog sustava na pojavu novih varijanti virusa.

Virusi pod utjecajem okoline u domaćinu mutiraju i evoluiraju kako bi lakše preživjeli i pronašli novog domaćina. Tako nastaju različite varijante koje mogu, ali i ne moraju, imati različite karakteristike. Štoviše, rijetko imaju značajniji utjecaj na same značajke virusa. Samo one koje imaju neku selektivnu prednost opstaju, dok mnoge, tako nastale varijante, natječući se s drugim varijantama, jednostavno nestaju iz populacije.

Višestruke mutacije mogu dovesti do stvaranja novih varijanti, koje mogu utjecati na tijek pandemije, kao i kliničku sliku zaraženih. Stoga je važno pratiti mutacije, uspoređivati i analizirati podatke te pratiti utjecaj mutacija na ponašanje virusa, odnosno utjecaj na zaraznost virusa i simptome bolesti u široj populaciji.

Prije godinu dana, na samom početku pandemije, tim Laboratorija za naprednu genomiku Instituta Ruđer Bošković (IRB), pod vodstvom dr. sc. Olivera Vugreka,

prvi je sekvencirao genom virusa SARS-CoV-2 izoliran iz pacijenta u Hrvatskoj. Ta analiza provedena je u suradnji s izv. prof. Igorom Jurakom s Odjela za biotehnologiju Sveučilišta u Rijeci te prof. dr. sc. Tomislavom Rukavinom i dr. med. Nevenom Sučićem s Medicinskog fakulteta u Rijeci i Nastavnog zavoda za javno zdravstvo u Rijeci.

Od tada tim istraživača u Laboratoriju za naprednu genomiku IRB-a kontinuirano radi na analizi genoma virusa SARS-CoV-2 i praćenju mutacija. Nedavno su tako analizom na dvadeset i četiri uzorka identificirali prisutnost novih mutacija, od kojih šest još uvijek nije nezabilježeno u bazi podataka Nextstrain, koja prikuplja sekvencirane uzorke virusa SARS-CoV-2. Uzorci su prikupljeni u razdoblju od prosinca 2020. do ožujka 2021. godine i to na području Krapine, Osijeka, Čakovca i Zagreba.

Dr. Vugrek i njegov tim su utvrdili da od ukupno dvadeset i četiri analizirana uzorka, 13 mutacija nađenih u različitim uzorcima još nije identificirano u Europi. Provedeno je sekvenciranje cjelokupnog genoma virusa metodom Sekvenciranja sljedeće generacije (engl. *Next Generation Sequencing*, NGS).

Međutim, u ovome je trenutku još prerano interpretirati nađene mutacije kao mutacije koje bi se proširile u populaciji jer dvadeset četiri uzorka ne predstavlja dovoljno reprezentativan broj da bi se moglo zaključiti o učestalosti nađenih mutacija. Stoga je iznimno važno nastaviti istraživanja i analize.

Bez prikupljanja veće količine podataka bilo koja pronađena mutacija virusa ništa ne govori. No, ako se neka od ovih mutacija manifestira u odgovarajućoj varijanti koja se brže širi, uzrokuje težu bolest ili smanjuje učinkovitost cjepiva koje je u primjeni, znat ćemo da je ta varijanta već prisutna i u Hrvatskoj.

Stoga je važno kontinuirano prikupljati i analizirati uzorke, te uočene mutacije upisivati u međunarodne baze podataka, kao što je Nextstrain, kako bi se mutacije SARS-CoV-2 u različitim dijelovima svijeta mogle uspoređivati.