

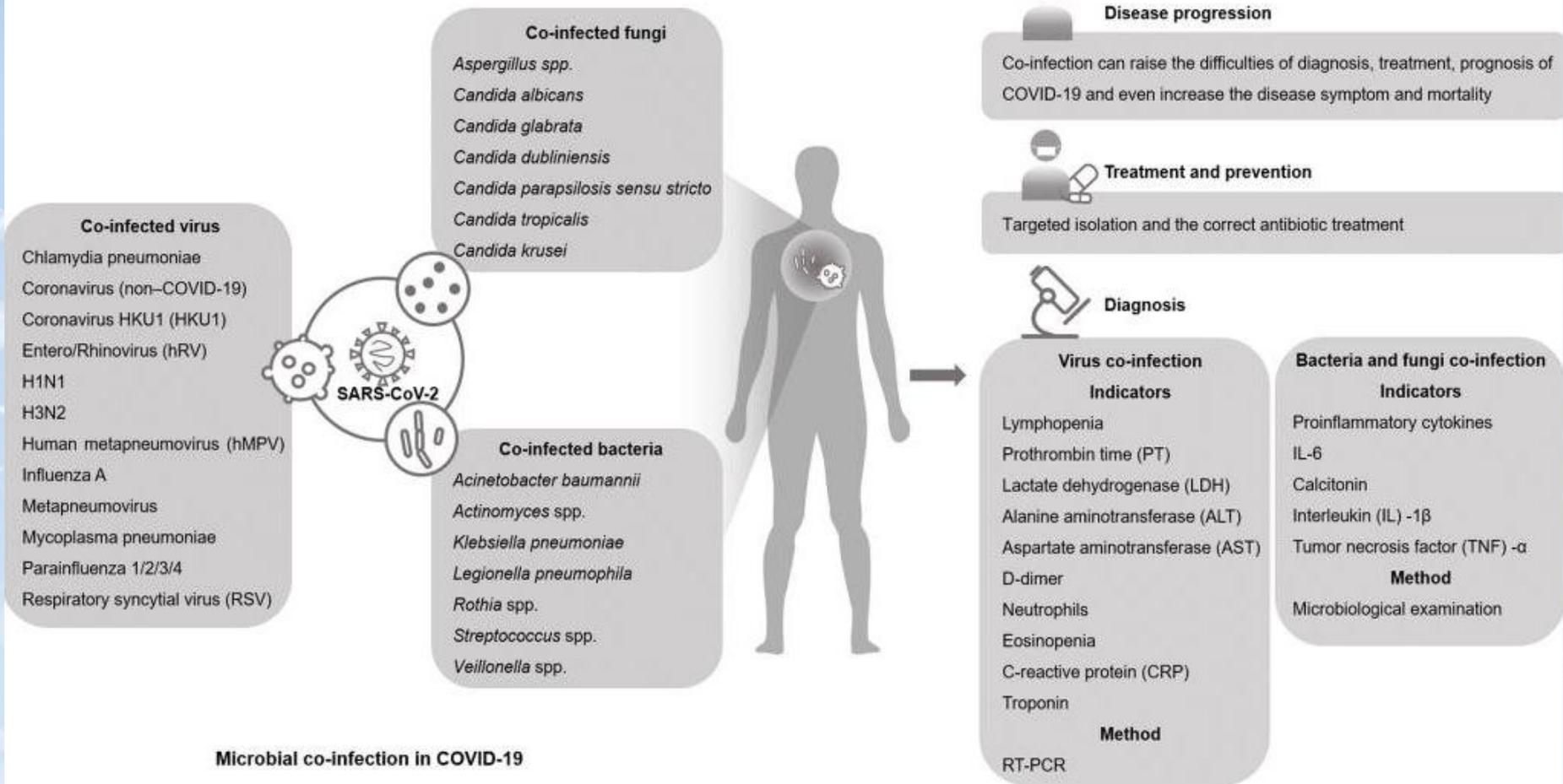
**Роль «MALDI-TOF» в
диагностике бактериальных
инфекций в период пандемии**

Лавриненко А.В.

24.09.2021

The microbial coinfection in COVID-19

[Xi Chen](#),^{#1,2} [Binyou Liao](#),^{#1} [Lei Cheng](#),^{1,2} [Xian Peng](#),¹ [Xin Xu](#),^{1,2} [Yuqing Li](#),¹ [Tao Hu](#),^{1,2} [Jiyao Li](#),^{1,2} [Xuedong Zhou](#),^{1,2} and [Biao Ren](#)¹



Microbial co-infection in COVID-19

The influence of co-infection

The microbial coinfection in COVID-19

Xi Chen,^{#1,2} Binyou Liao,^{#1} Lei Cheng,^{1,2} Xian Peng,¹ Xin Xu,^{1,2} Yuqing Li,¹ Tao Hu,^{1,2} Jiyao Li,^{1,2} Xuedong Zhou,^{1,2} and Biao Ren^{✉1}

Appl Microbiol Biotechnol. 2020 Aug 11 : 1–9.

doi: [10.1007/s00253-020-10814-6](https://doi.org/10.1007/s00253-020-10814-6) [Epub ahead of print]

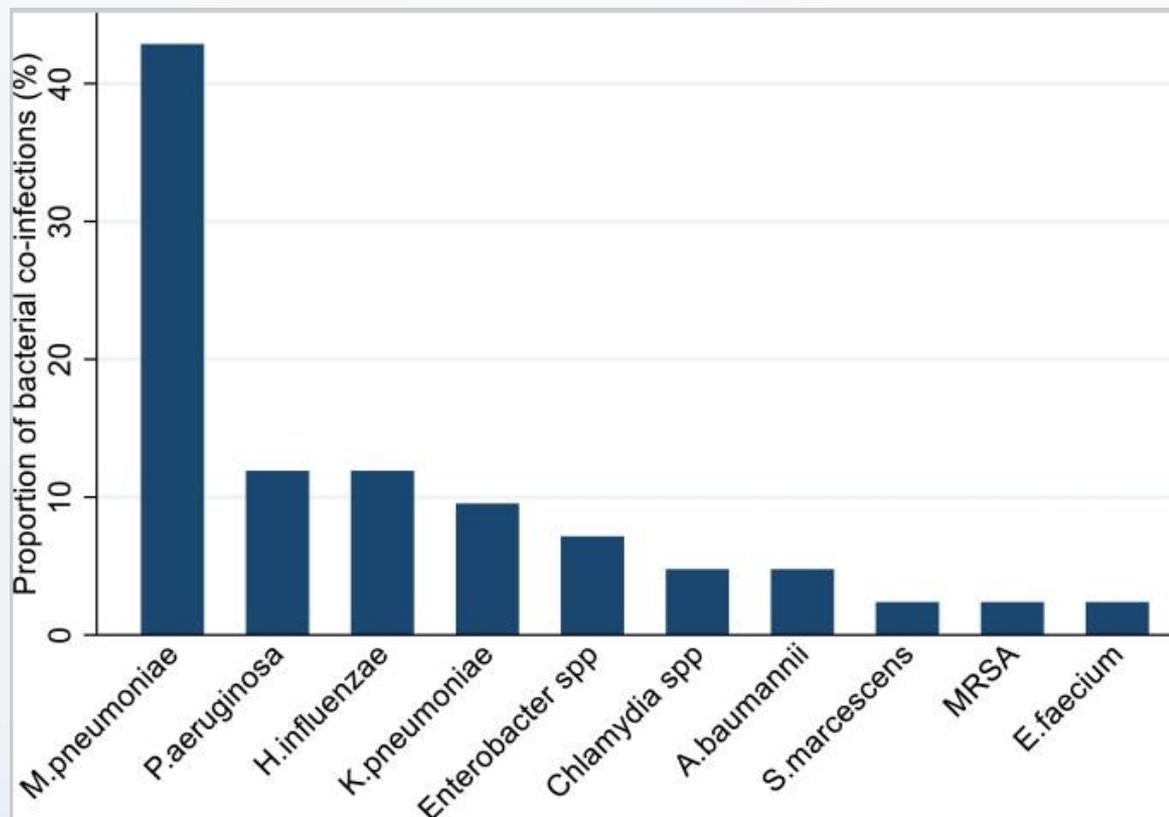
Microbial species	Coinfected microorganisms	References
Virus	<i>Chlamydia pneumoniae</i>	(Lin et al. 2020)
	Coronavirus (nonCOVID-19)	(Richardson et al. 2020)
	Coronavirus HKU1 (HKU1)	(Wang et al. 2020a, b)
	Enterorhinovirus (hRV)	(Kim et al. 2020)
	H1N1	(Zhang et al. 2020)
	H3N2	
	Human metapneumovirus (hMPV)	
	Influenza A	
	Metapneumovirus	
	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	
	Parainfluenza 1/2/3/4	
	Respiratory syncytial virus (RSV)	
	Bacteria	<i>Acinetobacter baumannii</i>
<i>Actinomyces</i> spp.		(Gu et al. 2020)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>		(Chen et al. 2020)
<i>Legionella pneumophila</i>		
<i>Rothia</i> spp.		
<i>Streptococcus</i> spp.		
<i>Veillonella</i> spp.		
Fungi	<i>Aspergillus</i> spp.	(Verweij et al. 2020)
	<i>Candida albicans</i>	(Chen et al. 2020)
	<i>Candida glabrata</i>	(Salehi et al. 2020)

- Первичная/вторичная бактериальная пневмония при вирусной инфекции от 11 до 35% (Klein, 2016)
- При SARS COV от 20 до 70,6% (Zheng, 2003)
- SARS-CoV-2 – 7,7% (Zhang, 2020)
- SARS-CoV-2 - 11% (Huttner, 2020)

J Infect. 2020 Aug; 81(2): 266–275.

Published online 2020 May 27. doi: [10.1016/j.jinf.2020.05.046](https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.05.046)

Бактериальные патогены, обнаруженные у пациентов с COVID-19.



Nosocomial infection among patients with COVID-19: A retrospective data analysis of 918 cases from a single center in Wuhan, China

Yan He, PhD,¹ Wei Li, MD,¹ Zhen Wang, MD,¹ Huilong Chen, PhD,² Liang Wang, MD,³ Liang Wang, MD,¹ Yan He, PhD,¹

Bacterial co-infections with SARS-CoV-2

Rasoul Mirzaei^{1,2} | Pedram Goodarzi³ | Muhammad Asadi⁴ | Ayda Soltani⁵ | Hussain ali abraham Aljanabi^{4,6} | Ali Salimi Jeda⁷ | Shirin Dashtbin⁸ | Saba Jalalifar⁸ | Rokhsareh Mohammadzadeh⁸ | Ali Teimoori⁹ | Kamran Tari^{2,10} | Mehdi Salari^{2,10} | Sima Ghiasvand¹ | Sima Kazemi¹ | Rasoul Yousefimashouf¹ | Hossein Keyvani⁷ | Sajad Karampoor⁷

Infect Control Hosp Epidemiol. 2020 Apr 13 : 1–2.

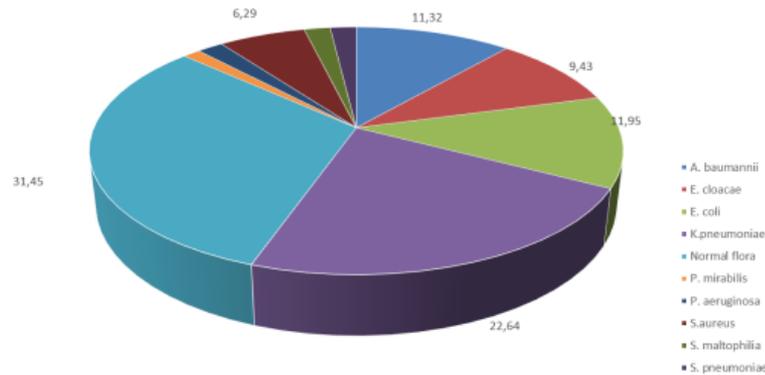
Published online 2020 Apr 13. doi: [10.1017/ice.2020.126](https://doi.org/10.1017/ice.2020.126)

Pathogen isolates		43
<i>Coagulase negative staphylococcus</i>	12	27.9
<i>Acinetobacter</i>	9	20.9
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	6	14.0
<i>Enterococcus faecium</i>	5	11.6
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4	9.3
<i>Escherichia coli</i>	2	4.6
<i>Candida albicans</i>	2	4.6
<i>Mucor</i>	2	4.6
Other	1	2.3
Mortality	10	15.4

TABLE 3 List of bacterial co-infection with COVID-19

Bacterium	Infection	References
<i>Staphylococcus aureus</i>	Necrotizing pneumonia	152
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	Exacerbate clinical symptoms, increase morbidity and prolonged intensive care unit stay	153
<i>Legionella pneumophila</i>	Pneumonia	154
<i>Enterobacter cloacae</i>	Pneumonia	155
<i>Acinetobacter baumannii</i>	Pneumonia	146,155
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Pneumonia	146
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	Interstitial pneumonia	149
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	Not reported	151
<i>Legionella pneumophila</i>	Not reported	151
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	Not reported	151
<i>Prevotella</i>	Not reported	156–158
<i>Haemophilus</i>	Not reported	158,159
<i>Lautropia</i>	Not reported	159
<i>Cutibacterium</i>	Not reported	159

Микроорганизмы, выделенные из мокрот пациентов с пневмонией (%)



Respiratory pathogens co-infection in patients with COVID-19 pneumonia in Kazakhstan

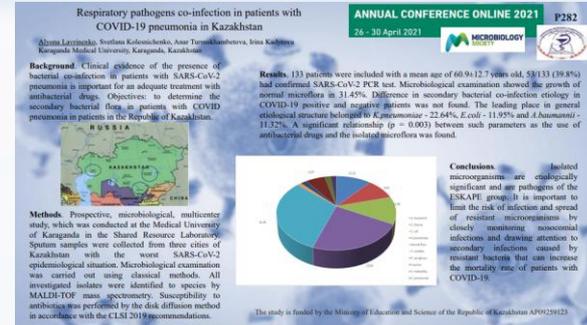
ANNUAL CONFERENCE ONLINE 2021 P282
26 - 30 April 2021

Alma Lavrinenko, Svetlana Kolosnichenko, Anna Turmukhambetova, Inna Kadyrova
Karaganda Medical University, Karaganda, Kazakhstan

Background: Clinical evidence of the presence of bacterial co-infection in patients with SARS-CoV-2 pneumonia is important for an adequate treatment with antibacterial drugs. Objectives: to determine the secondary bacterial flora in patients with COVID pneumonia in patients in the Republic of Kazakhstan.

Results: 133 patients were included with a mean age of 60.9±12.7 years old. 53/133 (39.8%) had confirmed SARS-CoV-2 PCR test. Microbiological examination showed the growth of normal microflora in 31.45%. Difference in secondary bacterial co-infection etiology in COVID-19 positive and negative patients was not found. The leading place in general etiological structure belonged to *K.pneumoniae* - 22.64%, *E.coli* - 11.95% and *A.baumannii* - 11.32%. A significant relationship ($p = 0.003$) between such parameters as the use of antibacterial drugs and the isolated microflora was found.

Conclusions: Isolated microorganisms are etologically significant and are pathogens of the ESKAPE group. It is important to limit the risk of infection and spread of residual microorganisms by closely monitoring nosocomial infections and drawing attention to secondary infections caused by resistant bacteria that can increase the mortality rate of patients with COVID-19.



Methods: Prospective, microbiological, multicenter study, which was conducted at the Medical University of Karaganda in the Shared Resource Laboratory. Sputum samples were collected from three cities of Kazakhstan with the worst SARS-CoV-2 epidemiological situation. Microbiological examination was carried out using classical methods. All investigated isolates were identified to species by MALDI-TOF mass spectrometry. Susceptibility to antibiotics was performed by the disk diffusion method in accordance with the CLSI 2019 recommendations.

The study is funded by the Ministry of Education and Science of the Republic of Kazakhstan AP0929123

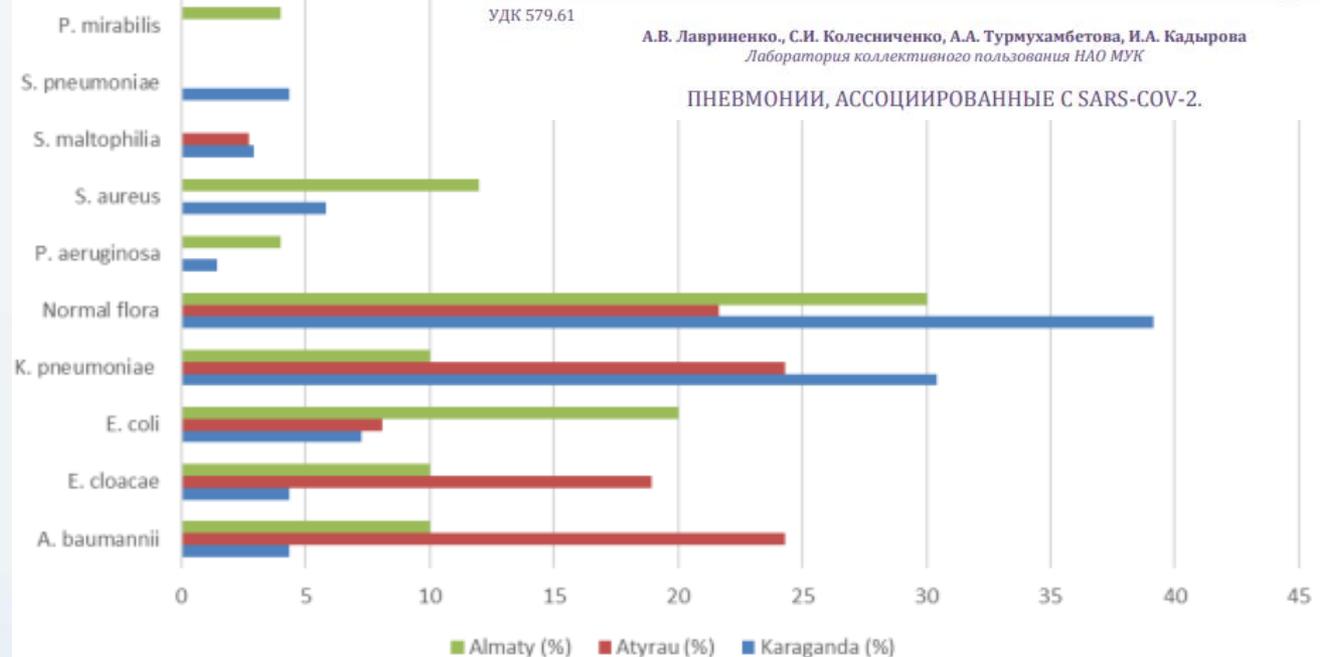
ВЕСТНИК КАЗНМУ #4-2020



УДК 579.61

А.В. Лавриненко, С.И. Колесниченко, А.А. Турмухамбетова, И.А. Кадырова
Лаборатория коллективного пользования НАО МУК

ПНЕВМОНИИ, АССОЦИИРОВАННЫЕ С SARS-COV-2.





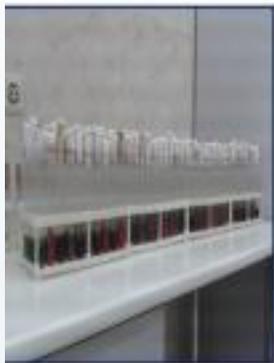
EP838
**GROWTH OF ANTIBIOTIC RESISTANCE IN THE HEMATOLOGY DEPARTMENT OF
CENTRAL KAZAKHSTAN DURING THE COVID-19 PANDEMIC**

Topic: **30. Infections in hematology (incl. supportive care/therapy)**

Keywords: **COVID-19** **Drug resistance**

Ludmila TURGUNOVA¹, Anton KLODZINSKIY², Alena LAVRINENKO³, Svetlana KOLESNICHENKO³, Nazar SEIDALIN², Alena ZINCHENKO²

- ❑ грамотрицательная флора
- ❑ различия в структуре бактерий до и во время пандемии:
 - увеличение *P. aeruginosa* с 29,7% до 55,3%
 - резкое снижение роста *Enterococcus faecalis*, с 40,5% до 10,6%
 - появление штаммов *P. aeruginosa*, продуцирующих карбапенемазы до 30,4% в период пандемии
 - MRSA после локдауна с 11,8% до 35%



- Рутинное биохимическое определение



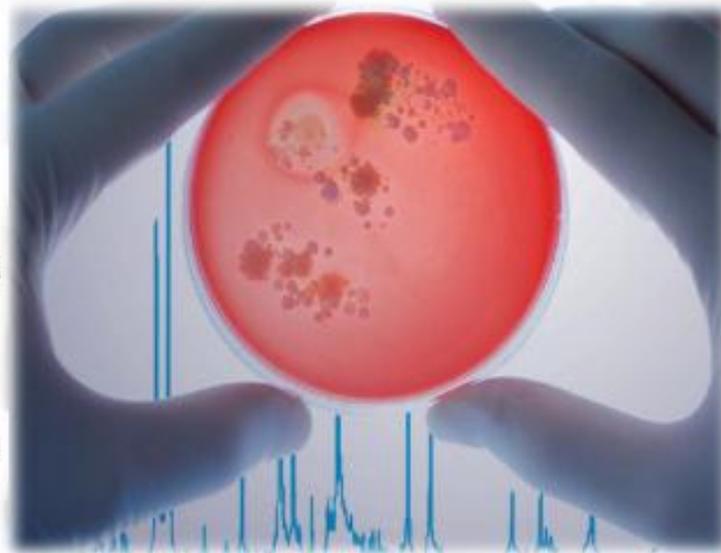
- Автоматизированная система

- Идентификация+АБ
- Идентификация
- АБ

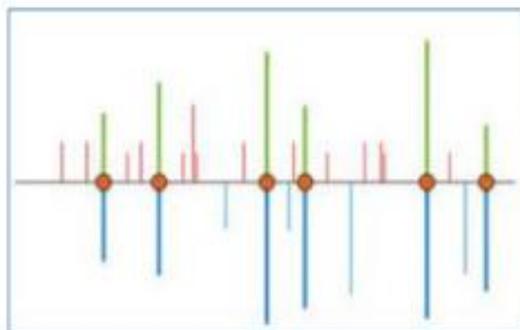


Идентификация МО на MALDI-ToF MS

- **MALDI Biotyper** – программно-аппаратный комплекс, предназначенный для быстрой идентификации микроорганизмов с использованием **MALDI-ToF** масс-спектрометров серии FLEX (ex: Microflex)
- Метод выявляет уникальный набор белков исследуемых микроорганизмов – своеобразный **«отпечаток пальца»**
- Идентификация происходит в основном по **рибосомальным белкам**, которые встречаются во всех микроорганизмах
- Биоинформационная модель основанная на анализе белков позволяет **надёжно и точно** проводить идентификацию конкретного микроорганизма до вида путём сопоставления получаемых масс-спектров белков с обширной базой данных



Программа Biotyper



Принцип **Biotyper** основан на сопоставлении полученных масс-спектров рибосомальных белков (**зеленые пики**) с **базой данных** содержащие аналогичные эталонные спектры для большинства микроорганизмов (**синие пики**). После нахождения уникального набора масс-пиков, программа выдает наиболее вероятный результат. При этом указывается условное значение **Score**, характеризующее качество и точность анализа

По результатам сверки с базой данных, в которой имеется информация более чем для **2500 клинически значимых видов МО (5600 штаммов микроорганизмов)**, система выдает результат идентификации с учетом точности произведенной оценки

Meaning of Score Values

Range	Description	Symbol	Color
2.500 - 3.000	highly probable species identification	(+++)	green
2.000 - 2.500	genus/species identification, probable species identification	(++)	green
1.700 - 1.999	probable genus identification	(+)	yellow
0.000 - 1.699	no reliable identification	(-)	red

Диапазон значений **Score** присваивается **от 0 до 3**. Успешной считается интерпретация со **Score** от 2 до 3

The screenshot shows the Biotyper software interface. At the top, there's a menu bar (File, View, Tools, Help) and a toolbar. Below that is a grid of 12 samples (A-L) and 12 columns (1-12). Each cell in the grid contains a colored circle representing the result for that sample and column. A legend on the right explains the colors: white (Not occupied), grey (Prepared), red (Aborted), green (Measured), orange (Zoochore specimen), light green (Measured, classified green), yellow (Measured, classified yellow), red with white center (Measured, classified red), and orange with white center (Zoochore specimen, not classified).

Below the grid is a table titled 'Hide Identified' showing the results for each sample. The table has columns for 'Peak ID', 'Name', 'Selected Species', 'Score', 'Comment', and 'Validation'. The 'Validation' column includes radio buttons for 'species', 'genus-only', and 'untraceable'.

Peak ID	Name	Selected Species	Score	Comment	Validation
A2	A2	Acidiphilum acidophilus	2.712		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A3	A3	Capitulum necator	2.215		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A4	A4	Arthro bacter sulfureus	2.586		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A5	A5	Mycobacterium mageritense	2.342		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A6	A6	Pirene mirabilis	2.415		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A7	A7	no reliable identification	1.261		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A8	A8	Halomonas halodentificans	1.881		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A9	A9	Lactobacillus rozeae	2.382		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A10	A10	Methylobacterium rhodesianum	1.794		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A11	A11	Orthonotus pisi	2.417		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
A12	A12	Caulobacter peltigerae	2.125		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
B1	B1	no reliable identification	0.829		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
B2	B2	no reliable identification	1.313		species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
B3	B3	Escherichia coli	2.441	closely related to Shigella and not de.	species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
B4	B4	Escherichia coli	2.479	closely related to Shigella and not de.	species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>
B5	B5	Escherichia coli	2.470	closely related to Shigella and not de.	species <input type="radio"/> genus-only <input type="radio"/> untraceable <input type="radio"/>

MALDI-Biotyper:



- Полностью **открытая** система
- **Низкая стоимость** идентификации (3-5 рублей)
- Минимальная пробоподготовка (несколько минут):
полный процесс исследования 96 образцов занимает **30-40 минут**
 - Нанесение образцов, высыхание -10 минут
 - Автоматический анализ – 20-30 минут

- Результаты идентификации на 25-30% точнее результатов бак. Анализаторов

- Определения **бета-лактамазной и карбопинемазной активности** (частичная антибиотикорезистентность)

- Постоянное расширение базы данных

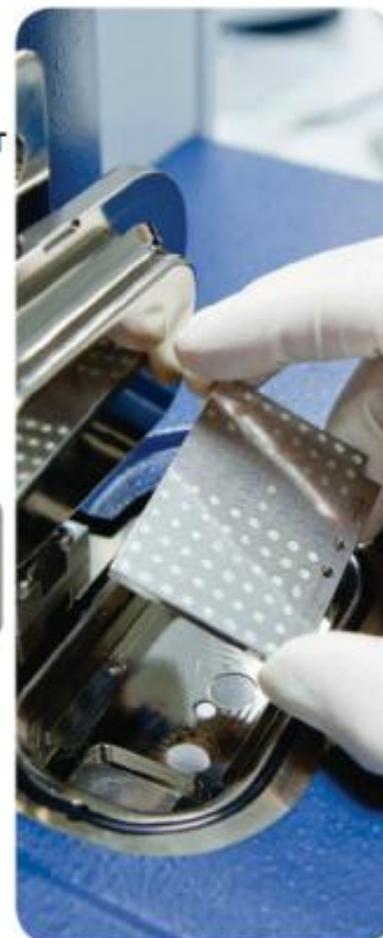
- Микобактерии и мицелиальные грибы
- Возможность **добавления** в базу данных **своих спектров** (созданы **русские базы данных Биотайпер**)

- Возможность прямого определения возбудителя в моче, гемокультуре, ликворе

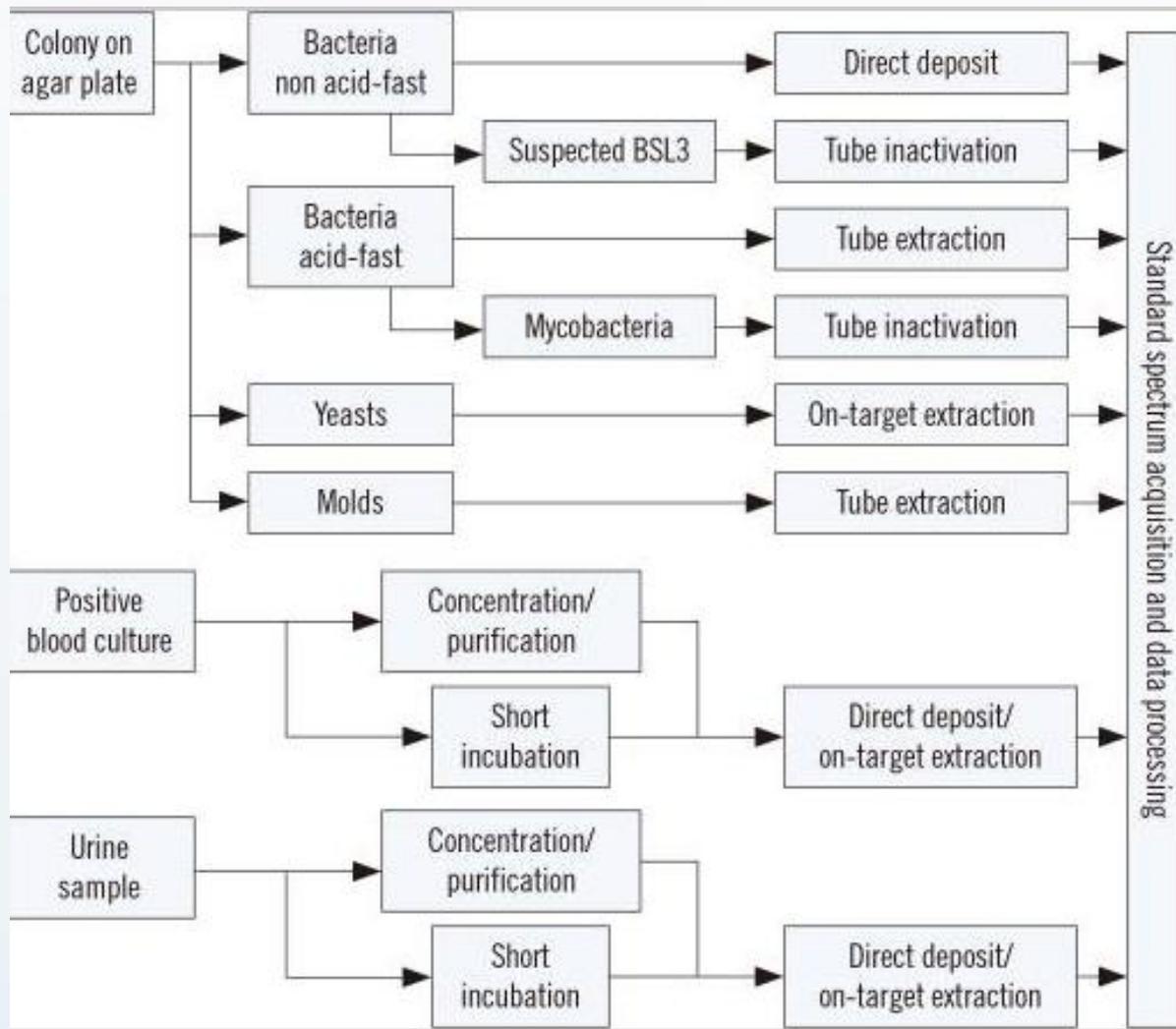
- Идентификация **смеси из 2-х микроорганизмов**

- Интеграция в ЛИС

- Поддержка бар-кодирования
- Интеграция с бак.анализаторами (Walkaway, Phoenix, Vitek2)



Блок-схемы применимых процедур подготовки образцов в (MALDI-TOF MS)





Сравнительная характеристика: эффективность использования масс-спектрометра с системой MALDI Biotyper и автоматического бактериологического анализатора

Прибор	MALDI Biotyper (Microflex LT)	Бак.анализатор
Используемый образец	первичный посев	вторичный посев (пересев)
Скорость идентификации образца после загрузки в прибор	60-90 секунд	6-8 часов
Время идентификации от получения первичного образца	около суток	около 2-3 суток
Идентификация МО из первичного материала	моча, ликвор, положительные гемокультуры, кал	нет
Точность идентификации относительно 16S рРНК	98-95%	85-75%
Возможность идентификации смешанной культуры	одновременная идентификация смеси 2х культур разнородовых МО, mix	нет
Особые возможности	микобактерии, грибы, вирусы, MBT Star BL, MBT RESIST, MBT ASTRA	определение антибиотико-резистентности МО
Максимальная производительность прибора за рабочий день (8часов)	1600 идентификаций МО	96 идентификаций МО
Стоимость реагентов для одной идентификации	15-25 тенге	2500 – 4000 тенге

Общий список дополнительного оборудования:

Центрифуга для микропробирок 12000g

Миницентрифуга-Вортекс

Аналитические весы с точностью не менее 0.1 мг

Механический дозатор объемом от 0.2 мкл

Механический дозатор объемом до 20 мкл

Механический дозатор объемом до 100 мкл

Механический дозатор объемом до 1000 мкл

Электронный дозатор, имеющий шаг 0,2-2 мкл

Металлический шпатель для точного забора порошков из пробирок

Химический стакан, 250 мл

Стеклянный или металлический резервуар для чистки мишеней MALDI (Ø ~100 мм, высота ~50 мм)

Штатив-рабочее место для 1.5 мл и 0.2 мл пробирок

Сепсис - это опасное для жизни нарушение функции органа, вызванное нерегулируемой реакцией хозяина на инфекцию (ВОЗ)

Ручной метод

- 10 дней



Автоматизированный метод

- 5-7 дней



- Аэробы/анаэробы
- Взрослые/дети



- Sygnal (5 дней)
- Аэробный/анаэробный
- Любая биологическая жидкость
- Объемы

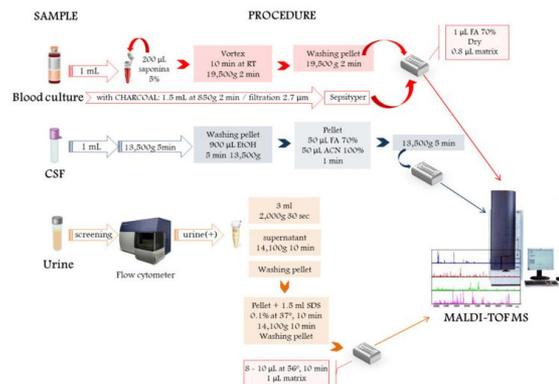


Идентификация бактерий из положительной гемокультуры

- Прямое нанесение осадка после центрифугирования
- Применение набора MALDI Sepsityper
 - Обеспечивает достоверный результат в положительных образцах гемокультур.
 - При анализе инфекций крови, идентификация будет проведена на день раньше по сравнению с «классическими» методами.

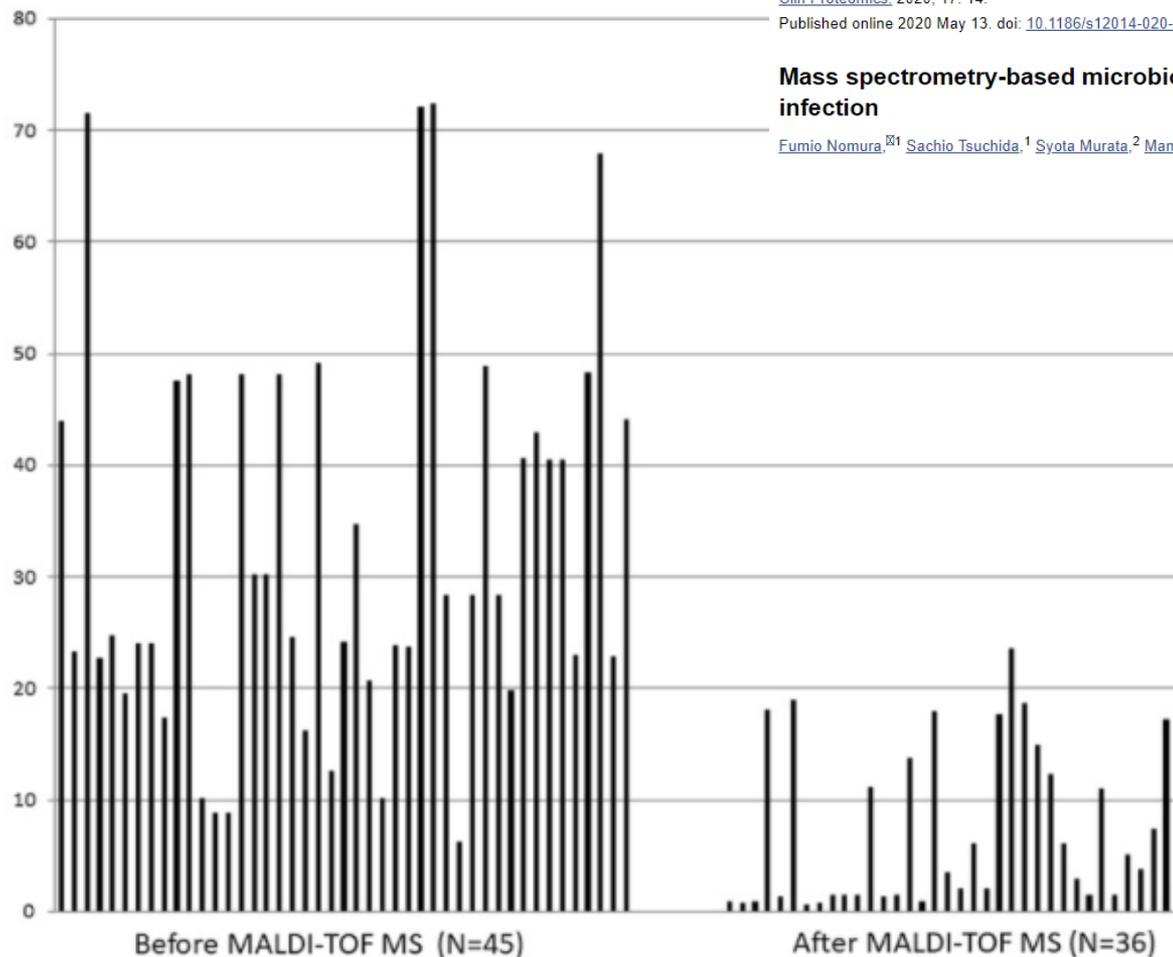
Протокол MALDI Sepsityper

1. Отберите 1 мл гемокультуры в реакционную пробирку
2. Добавьте Lysis Buffer, перемешайте и отцентрифугируйте
3. Добавьте Washing Buffer перемешайте и отцентрифугируйте
4. Растворите осадок в воде
5. Проведите экстракцию белков по стандартному протоколу Bruker для идентификации микроорганизмов
6. Нанесите 1мкл экстракта на мишень и после высыхания покройте сверху HCCA-матрицей



- Идентификация 70-90% микроорганизмов в положительных образцах гемокультур.
- Идентификация в момент появления роста микроорганизмов в крови

[hours]



[Clin Proteomics](#), 2020; 17: 14.

Published online 2020 May 13. doi: [10.1186/s12014-020-09278-7](https://doi.org/10.1186/s12014-020-09278-7)

PMCID: PMC7222329

PMID: 32435163

Mass spectrometry-based microbiological testing for blood stream infection

Fumio Nomura,¹ Sachio Tsuchida,¹ Syota Murata,² Mamoru Satoh,¹ and Kazuyuki Matsushita²



Сравнение различных технологий для определения устойчивости к противомикробным препаратам

Технология	LOD (КОЕ /мл) <i>a</i>	Чувствительность (%) <i>b</i>	Специфичность (%) <i>b</i>	ТАГ <i>c</i>	Цена / образец (\$)
Молекулярная генетика	$10^2 - 2 \times 10^4$	96-99	96-99	1-3 ч	5-50 ^e
Биохимические методы	6×10^8	90-99	96-100	30 МИН - 2 ч	1-5 ^e
Иммуноанализы	$10^4 - 10^6$	96-100	97-100	20 МИН.	7-15 ^{жс}
Электрохимические анализы	$10^6 - 10^9$	95-96	100	5-30 МИН.	1 (плюс 100 долларов за самодельную читалку) ^e
MALDI-TOF MS	$10^5 - 10^6$	98-100	92-100	30 МИН - 3 ч	1-10

[Clin Microbiol Rev](#), 2019 Jan; 32(1): e00037-18.
Published online 2018 Nov 28. doi: [10.1128/CMR.00037-18](#)

PMCID: PMC6302359
PMID: [30487165](#)

Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry for the Rapid Detection of Antimicrobial Resistance Mechanisms and Beyond

Marina Oviaño^{a,b,*} and Germán Bou^{0a,b,*}



Clinical Microbiology Reviews®

Antibiotics (Basel), 2021 Aug; 10(8): 982.
Published online 2021 Aug 14. doi: [10.3390/antibiotics10080982](https://doi.org/10.3390/antibiotics10080982)

PMCID: PMC8388893
PMID: [34439032](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34439032/)

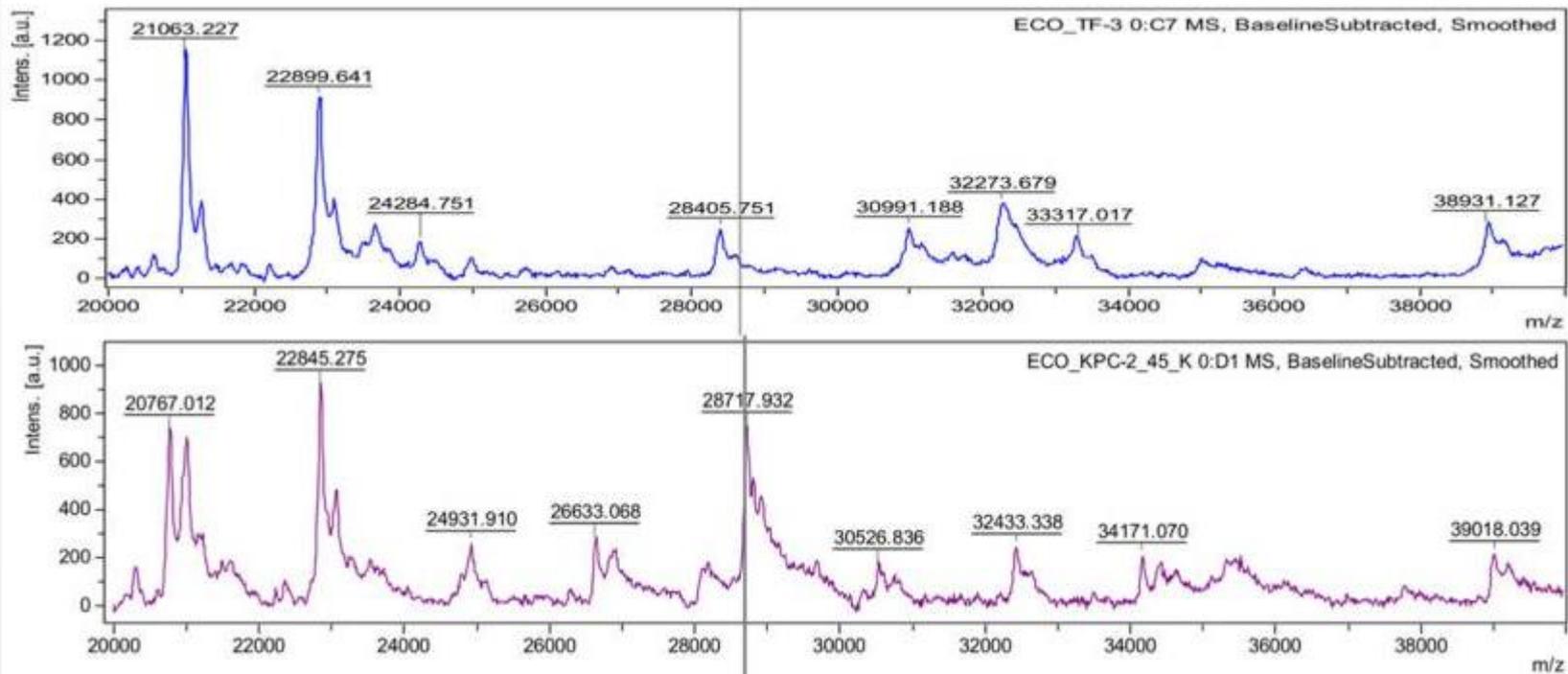
MALDI-TOF Mass Spectrometry Technology as a Tool for the Rapid Diagnosis of Antimicrobial Resistance in Bacteria

Eun-Jeong Yoon^{1,2,3} and Seok Hoon Jeong^{2,3,*}



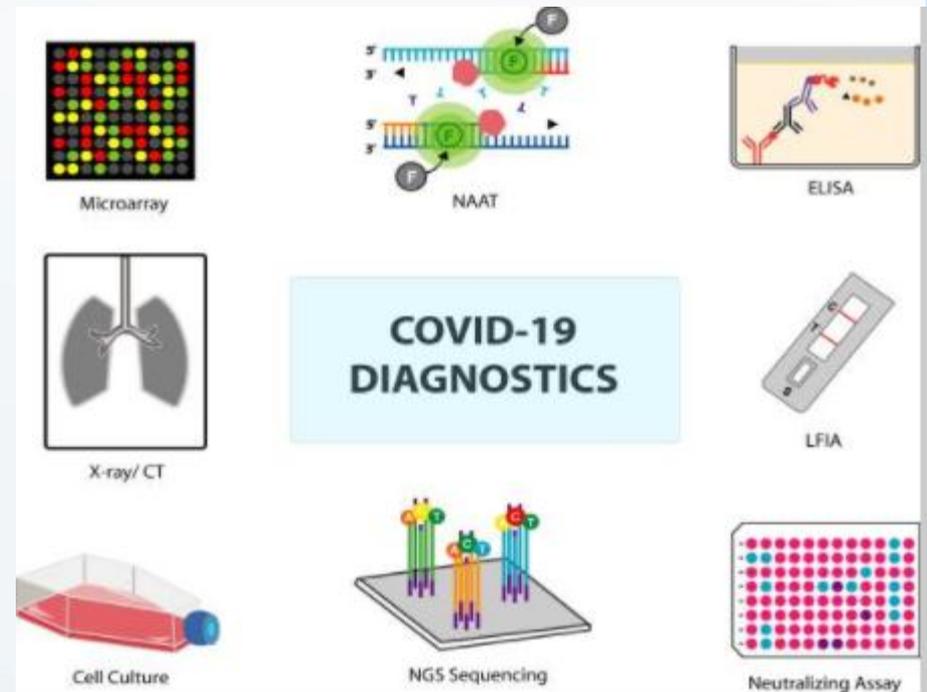
Strategy	Target	Target Resistance	Commercialized (Company) and/or Developing Products
Antimicrobial susceptibility testing	AUC ¹ shift spectra (isotope)	All antimicrobials	MBT-ASTRA (Bruker) MBT-Resist (Bruker) DoT-MGA ² (inv. ³)
ID of the AMR clonal group	Clone-specific spectra	Methicillin (MRSA)	ClinProtTools (Bruker)
ID of the modified antimicrobial drug	Shift peak of the modified drug	Beta-lactams Cephalosporins Carbapenems	MBT STAR [®] -BL (Bruker) MBT STAR [®] -Cepha (Bruker) MBT STAR [®] -Carba (Bruker)
ID of the modified antimicrobial target	Shift peak of the modified drug target	Colistin	MALDIxin test (inv.)
Direct detection of the AMR determinant	Protein-specific peak	Carbapenems	Aprodete TM KPC-CPE (Aprilis)
Biomarker detection	Protein-specific peak	Carbapenems	ClinProtTools (Bruker)

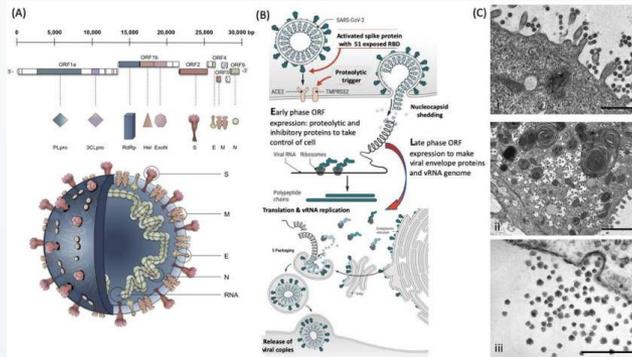
Идентификация продуцента КРС с использованием пика КРС при 28718 m/z .



Методы тестирования SARS-CoV-2

Mode of Detection	Detection Methods
Culture-based detection	<ul style="list-style-type: none"> Virus propagation in cell lines
Radiology based technology	<ul style="list-style-type: none"> X-Ray Chest Computed Tomography
Molecular technology	<ul style="list-style-type: none"> Real-Time RT-PCR Isothermal amplification CRISPR-Cas technology Lab-on-chip
Immunoassay technology	<ul style="list-style-type: none"> ELISA Neutralization assay Chemiluminescent assay Lateral Flow Assay Dip-stick
Technology under development	<ul style="list-style-type: none"> Aptamer Molecular imprinting technology (MIT) Microarray Biosensors MALDI-TOF profiling
Sequencing technologies	<ul style="list-style-type: none"> Sanger-sequencing Next-generation sequencing Nanopore sequencing

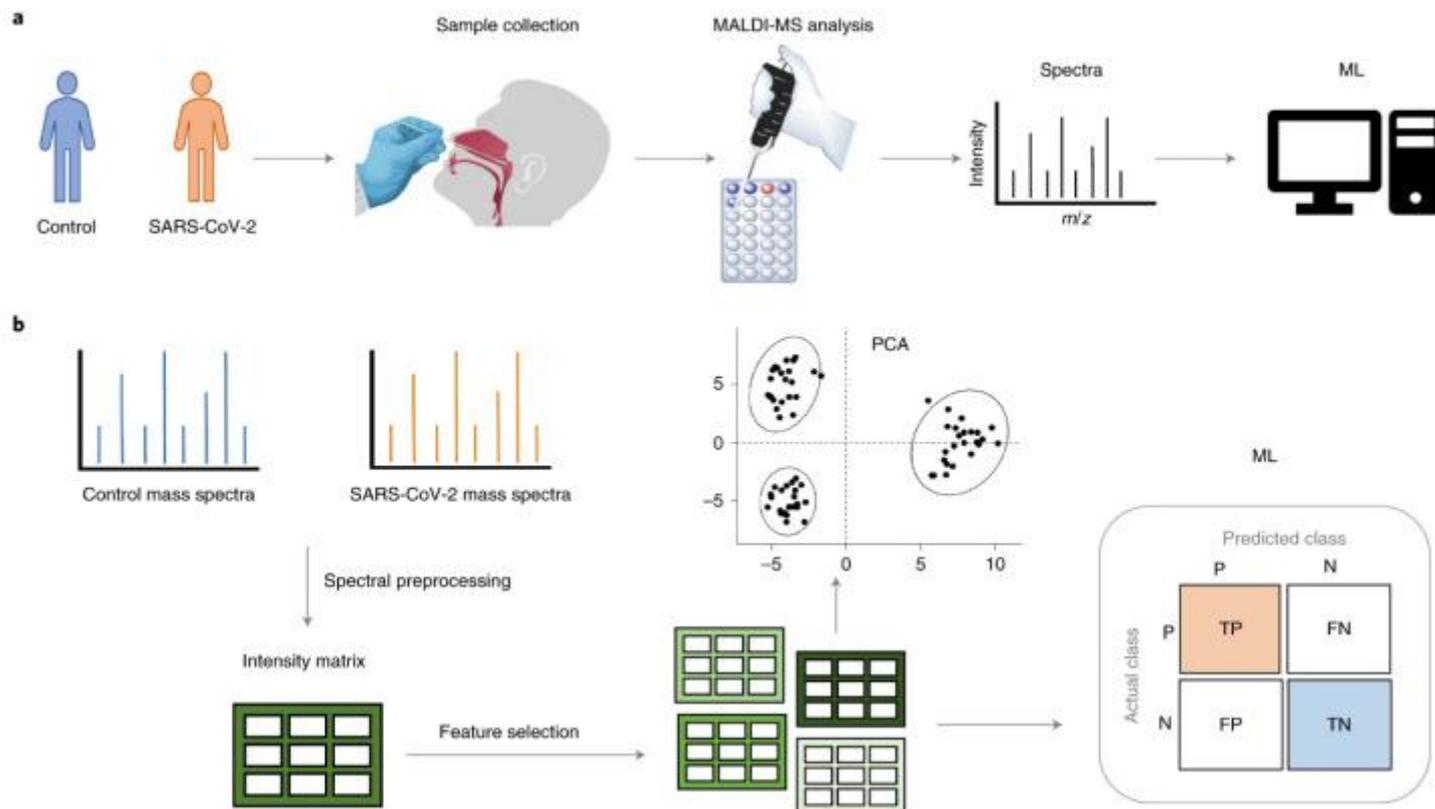




- Низкое содержание белка в вирусе ([Kliem and Sauer, 2012](#))
- более высокая молекулярная масса вирусных белков (> 20000 Да)
- Использование стандартной матрицы (CHCA)

- Альтернативная матрица (синапиновая кислота (SA) (3- (4-гидрокси-3,5-диметоксифенил) проп-2-еновая кислота)
- Сохранение вирусной оболочки и белки, разрушая функциональную нуклеиновую кислоту (облучение пробирок с образцами УФ-С в течение 15 мин)
- мазки, слюна и / или полоскание ротовой полости водой, сыворотка, моча
- Осаждение (удаление нежелательных объектов: альбумин) ацетоном
- Использование детергентов «LBSD-X» - разрушение вирусной оболочки и солюбилизация вирусных белков

Обнаружения SARS-CoV-2 в слизистой оболочке носа

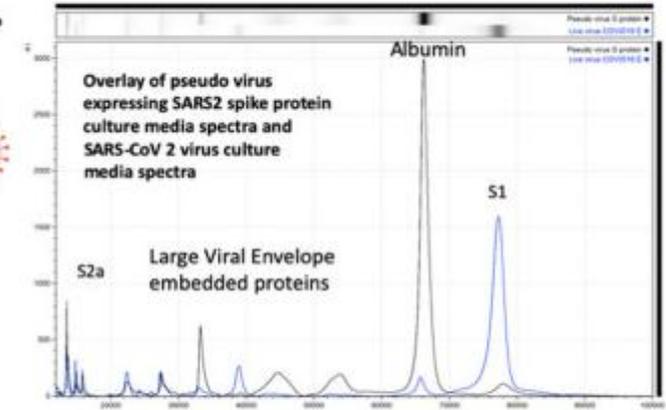
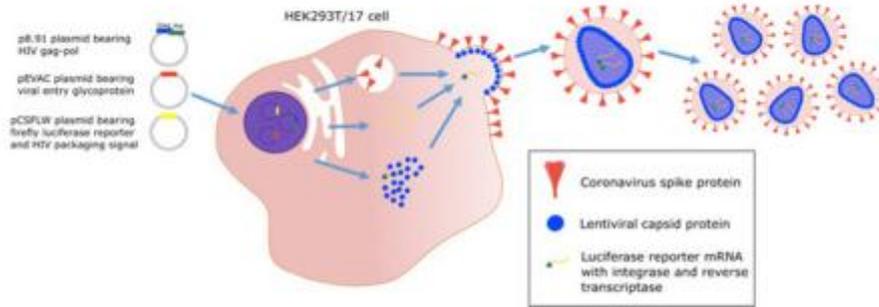


Nat. Biotechnol. 38, 1168–1173

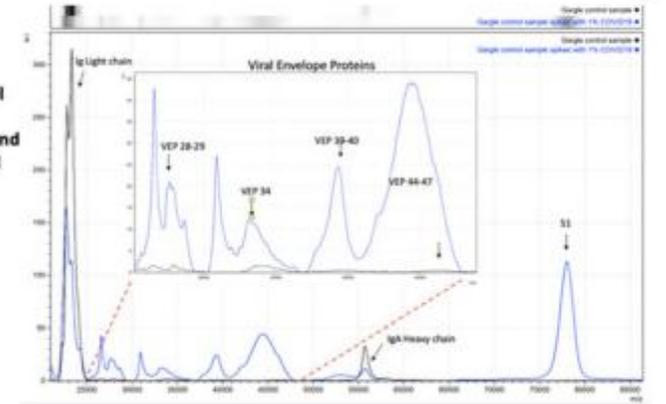
(2020). <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0644-7>



(1) Plasmid co-transfection (2) Packaging (3) Budding and maturation (4) Harvesting and filtration



Overlay of control gargle/saliva sample spectra and spectra of control gargle/saliva containing 1% SARS2-CoV 2 culture media



Масс-спектральные профили псевдовируса, экспрессирующего белок SARS-CoV-2 Spike S, выращенный в культуре, вирус SARS-CoV-2, выращенный in vitro, и масс-спектры полоскания / слюны с добавлением культуральной среды из клеток, инфицированных SARS-CoV-2: S протеолитические фрагменты S1 и S2 наблюдались во всех препаратах, а S2b только в образцах без сыворотки

Development of a Clinical MALDI-ToF Mass Spectrometry Assay for SARS-CoV-2: Rational Design and Multi-Disciplinary Team Work

Ray K. Iles,^{1,2,3,*} Raminta Zmuidinaite,^{1,2} Jason K. Iles,^{1,2} George Carnell,² Alex Sampson,² and Jonathan L. Heeney²

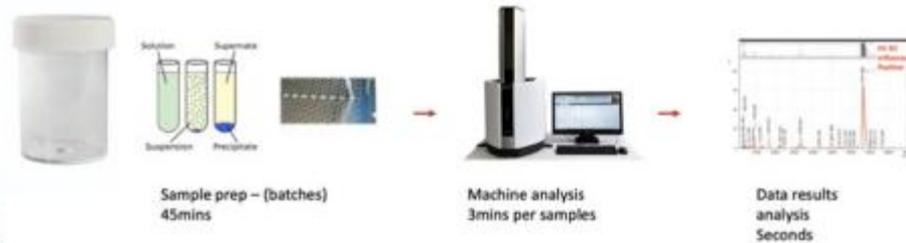


(A) Home sampling

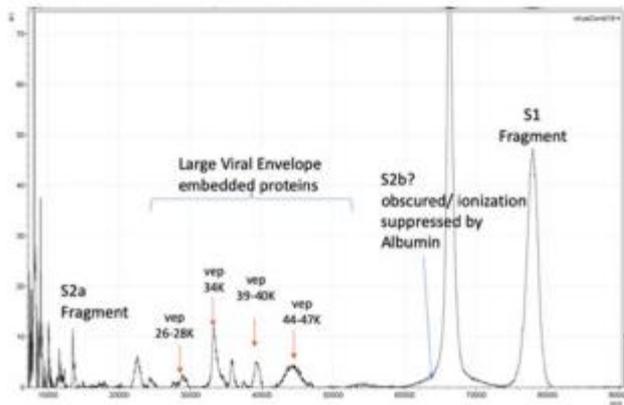


LABEL & SEND SEALED SAMPLE TO LAB

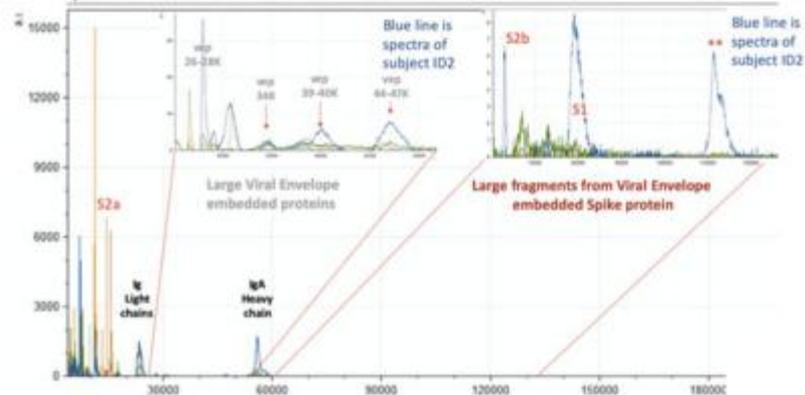
(B) Laboratory process



(C) Reference spectra of SARS-COV-2 Virus in culture



(D) Overlaid spectra of a gargle samples, one (ID2) displaying spectral features seen in SARS-COV-2 cultures



lavrinenko.alena@gmail.com

8 705 100 83 75

Медицинский университет
Караганды