

Առաջին անգամ Հայաստանում հայ գիտնականներն իրականացրել են նոր կորոնավիրուսի 12 ամբողջական գենոմի վերծանում 3-րդ սերնդի սեքվենավորման կիրառմամբ

Հայաստանի Հանրապետությունում կորոնավիրուսով հիվանդացության առաջին դեպքն արձանագրելուց անցել է գրեթե մեկ տարի, սակայն մինչ այժմ որոշված չէ, թե կորոնավիրուսի որ մուտացիաներն են տարածված մեր երկրի հիվանդների շրջանում: Մինչդեռ մուտացիաների իմացությունը կարևորագույն նշանակություն ունի հիվանդության համաճարակային վիճակը հասկանալու համար: Այդ հարցին առաջին անգամ անդրադարձել են ՀՀ գիտությունների ազգային ակադեմիայի (ԳԱԱ) մոլեկուլային կենսաբանության ինստիտուտի մարդու գենոմիկայի և իմունոմիկայի լաբորատորիայի, կենսաինֆորմատիկայի գիտական խմբի և Հայ-ռուսական համալսա-

րանի կենսաինֆեկցիոզայի, կենսաինֆորմատիկայի և մոլեկուլային կենսաբանության ամբիոնի գիտաշխատողները: Վերջիններս իրականացրել են նոր կորոնավիրուսի 12 ամբողջական գենոմի վերծանում 3-րդ սերնդի սեքվենավորման կիրառմամբ: Վիրուսի տարբերակների նույնականացման և գենոմում առկա մուտացիաների վերլուծության աշխատանքները դեռևս ընթացքի մեջ են: Այդուհանդերձ, նախնական տվյալներով բոլոր նմուշներում առկա է D614G մուտացիան վիրուսի ելունի S գենոմ, որն ապահովում է վիրուսի փոխազդեցությունը մարդու բջիջների հետ: Վիրուսի այդ տարբերակն ի հայտ է եկել 2020 թվականի փետրվար ամսին և ամենատարած-

վածն է աշխարհում: ՀՀ գիտաշխատողների կողմից ուսումնասիրված 12 նմուշներում չեն հայտնաբերվել նոր կորոնավիրուսի բրիտանական կամ հարավաֆրիկյան տարբերակները: Վերլուծությունները շարունակվում են:

Ուսումնասիրության համար նմուշները տրամադրվել են ՀՀ առողջապահության նախարարության «Հիվանդությունների վերահսկման և կանխարգելման ազգային կենտրոն» ՊՈԱԿ-ի «Ռեֆերենս» լաբորատոր կենտրոնի կողմից: Ուսումնասիրության արդյունքները տրամադրվելու են կենտրոնին՝ համաճարակային վիճակի հետագա վերլուծության համար:

3-րդ սերնդի սեքվենատորը և անհրա-

ժեշտ հարակից սարքերը ձեռք են բերվել Նորարարությունների մրցակցային հիմնադրամի աջակցությամբ Հայ-ռուսական համալսարանում իրականացվող ծրագրով և Seeding Labs սարքավորումների 2017 և 2019 թվականների դրամաշնորհների շրջանակներում: Անհրաժեշտ նյութերի մի մասը տրամադրվել է Շվեդիայի Կառոլինսկա ինստիտուտի պոստդոկ, կենսաբանական գիտությունների թեկնածու Լիլիթ Ներսեսյանը, իսկ մյուս մասը ձեռք է բերվել Հայ-ռուսական համալսարանի ֆինանսավորմամբ: Կենսաինֆորմատիկական վերլուծությունը կատարվել է ՀՀ ԳԱԱ ինֆորմատիկայի և ավտոմատացման պրոբլեմների ինստիտուտի ամպային հաշվողական ռեսուրսներով: