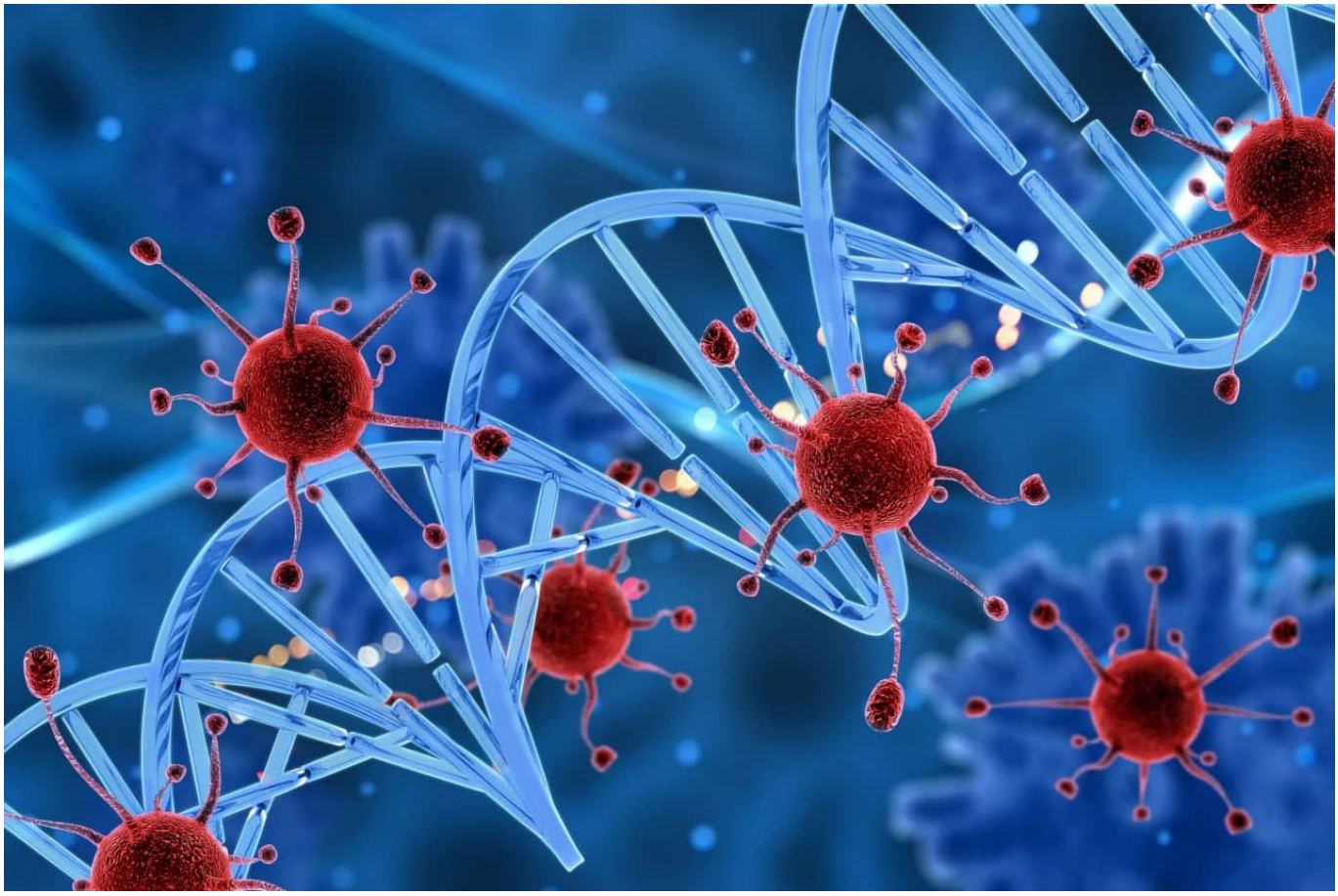
Впервые в Узбекистане прочитаны геномы 32 образцов вируса SARS-CoV-2

Ученые Центра геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан впервые в Узбекистане прочитали полные геномы коронавируса и провели биоинформатический анализ. Результаты были размещены в базе данных GISAID (https://www.gisaid.org, открытой базе данных для данных генома коронавируса) и задокументированы соответствующим образом.



В связи с этим Узбекистан вошел в число 50 стран, в которых полностью секвенированы все варианты последовательности ДНК коронавируса, распространенных на своей территории. Ученые Центра геномики и биоинформатики взяли пробы у 62 граждан, у которых было подтверждено заражение первичным вирусом, и с использованием секвенатора нового поколения образцы были проанализированы путем полногеномного секвенирования, или, другими словами, была прочитана полная последовательность ДНК. Она составила 29 903 нуклеотида.

Ученые также использовали программу для биоинформатического анализа (Nextclade) для сравнения вариантов вирусов, выделенных в Узбекистане, с геномами в базе данных о коронавирусе, которая была прочитана до сих пор. В результате выявлено генеалогическое расположение 18 вариантов COVID-19, выявленных в Узбекистане. Согласно этим данным, варианты COVID-19 в Узбекистане относятся к группам GR (20B) и S (19B). Ветвь GR (20B) генеалогического дерева наряду с Узбекистаном встречается, в основном в странах Европы, Азии, Африки и Австралии, а группа S (19B) включает геномы азиатских и африканских вирусов. Это означает, что вирусы попали в нашу страну не из единственного источника.

Следует отметить, что данные генома вируса SARS-CoV-2 впервые были идентифицированы в январе 2020 года в Китае. С тех пор были получены образцы коронавируса со всего мира, и началось секвенирование генома. Идентификация генома необходима для эпидемиологических исследований в локальном и глобальном масштабе, а эволюционный анализ вируса дает

информацию о том, где он возник, каким мутациями подвергся и многое другое. Эта информация необходима при создании вакцины. Информация о вариантах коронавируса в Узбекистане очень важна для разработки нашей национальной вакцины против штаммов вируса, распространенных в нашей стране.

Обнаружение полных последовательностей ДНК генома вариантов COVID-19, распространенных в Узбекистане, и сравнительный анализ с мировой базой данных стали большим шагом в постоянном мониторинге изменений вируса в Узбекистане. Кроме того, это один из первых результатов тех больших возможностей, которые открылись для нашей науки и ученых в Узбекистане за последние годы.