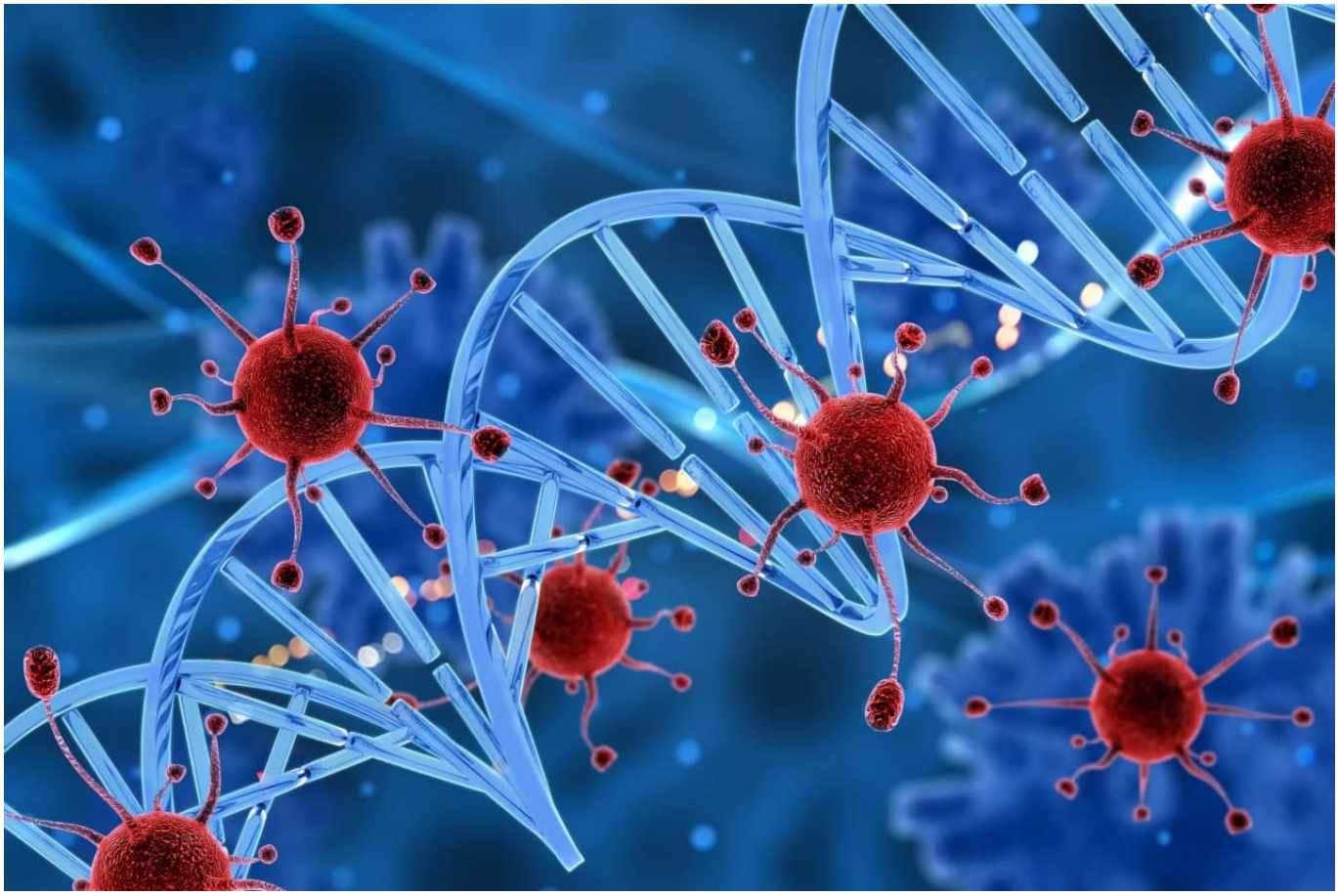
O’zbekistonda birinchi marta SARS-CoV-2 virusining 32 ta namunasi genomlari o’qildi

O’zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi olimlari tomonidan O’zbekistonda birinchi marta koronavirusning to’liq genomlari o’qildi va bioinformatik tahlil ishlari olib borildi. Natijalar koronavirus genom ma’lumotlari uchun ochiq ma’lumotlar tarmog’i – GISAID (https://www.gisaid.org) ma’lumotlar bazasiga joylandi va tegishlicha rasmiylashtirildi.



Shu munosabat bilan O’zbekiston o’z hududida koronavirusning barcha variantlarini DNK ketma-ketligining to’liq sekvenlagan 50 ta mamlakat qatoriga kirdi. FA Genomika va bioinformatika markazi olimlari tomonidan Toshkent viloyati Sanitariya-epidemiologiya va jamoat sog’lig’i boshqarmasi hamda Biogen Med xususiy klinikasidagi birlamchi virus yuqtirgani tasdiqlangan fuqarolarining 62 nafaridan namunalar olindi va yangi avlod sekvenatori yordamida ularning 32 ta namunasi to’liq sekvenlash orqali tahlil qilindi yoki boshqacha qilib aytganda, DNK ketma-ketligi o’qildi. Bu 29 903 nukleotid deganidir.

Shuningdek, olimlar qator bioinformatik tahlillar yordamida (Nextclade) O’zbekistonda tarqalgan virus variantlari hozirgacha o’qilgan koronavirus ma’lumotlar bazasidagi genomlar bilan solishtirdilar. Natijada, O’zbekistondagi COVID-19 variantlarining 18 tasi shajaradagi o’rni aniqlandi. Unga ko’ra, mamlakatimizda uchrayotgan COVID-19 ning variantlari GR (20V) va S (19V) guruhlariga mansubligi ayon bo’ldi. Shajaraning GR (20V) tarmog’ida O’zbekiston bilan birgalikda asosan Yevropa, Osiyo, Afrika va Avstraliya qit’asi vakillari joylashgan bo’lsa, S (19V) guruhida esa Osiyo va Afrikaga xos virus genomlari joylashgan. Bu ushbu ikkita guruh orqali mamlakatimizga kirib kelgan viruslarning manbai bitta emasligini anglatadi.

Ta’kidlash joizki, SARS-CoV-2 virusining genom ma’lumotlari ilk bora 2020-yilning yanvar oyida Xitoyda aniqlangan. O’sha paytdan boshlab butun dunyoda tarqalgan koronavirus namunalari olinib, genomlarini sekvenlash ishlari boshlandi. Genomlarni aniqlash mahalliy va global miqyosda epidemiologik tadqiqotlar o’tkazish uchun zarur bo’lib, virusning evolyutsion tahlilini amalga oshirish, uni qaerda paydo bo’lgani, qanday mutatsiyalarga uchragani va boshqa ma’lumotlarni beradi. Bu ma’lumotlar yordamida esa vaktsina

yaratiladi. O’zbekistonda tarqalgan koronavirus variantlari haqidagi ma’lumotlar aynan yurtimizda tarqalgan shtammlarga qarshi yo’naltirilgan milliy vaktsinamizni yaratish ishlari uchun o’ta muhimdir.

O’zbekistonda tarqalgan COVID-19 variantlaring to’liq genom DNK ketma-ketliklarining aniqlanishi va dunyo ma’lumotlar bazasi bilan qiyosiy tahlillari virusning yurtimiz sharoitida o’zgarishining doimiy monitoringini amalga oshirishdagi katta qadam bo’ldi. Qolaversa, bu oxirgi yillarda Yangi O’zbekistonda ilm-fan va olimlarimizga yaratib berilayotgan katta imkoniyatlarning dastlabki natijalaridan biridir.