

ИССЛЕДОВАНИЕ МУТАЦИОННОГО СПЕКТРА В ЛИНИЯХ SARS-COV-2 ОМИКРОН-ШТАММ

Аббас К. (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО), **Шарруф К.** (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО), **Кусакин А.** (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО), **Джьякхво С.** (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО)

Научный руководитель – внс, кбн. Комиссаров А. С. (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО)

Аннотация: Вирусологические характеристики вновь появляющихся штаммов SARS-CoV-2 являются серьезной проблемой глобального здравоохранения. Впервые штамм Омикрона был зарегистрирован в Южной Африке в конце ноября 2021 года. Затем линии Омикрона быстро распространились по всему миру. В этом исследовании был подробно изучен мутационный спектр линий Омикрон (ВА.1, ВА.1.1, ВА.2 и ВА.3). Мы показали, где и когда каждая из этих мутаций была обнаружена ранее, какие мутации наблюдались в более ранних штаммах, и чем Омикрон отличается от них.

Введение. Благодаря обширным мутациям белка SARS-CoV-2 Омикрон-штамм (B.1.1.529) обогнал ранее доминирующий штамм Delta и быстро распространился по всему миру. Было показано, что он проявляет значительную устойчивость к современным вакцинам и уклонение от нейтрализующих антител. Поэтому крайне важно исследовать характеристики мутаций Омикрона.

Основная часть. Сравнивая с предыдущими штаммами SARS-CoV-2, мы обнаружили, что штамм Омикрон сохранил 24 мутации, обнаруженные в других штаммах. Но многие из мутаций Омикрон ~58 мутаций не были идентифицированы ни в одном другом штамме, что делает их «мутациями, специфичными для Омикрона».

Что касается делеций в линиях Омикрон, мутаций в других штаммах в тех же местах делеции обнаружено не было, за исключением мутации делеции PPA25.

Мы предложили три объяснения того, как может развиваться штамм Омикрон: 1) Омикрон мог развиваться и значительно мутировать у пациента с подавленным иммунитетом. 2) Омикрон мог развиваться в нечеловеческих резервуарах, таких как источники животного происхождения, а затем распространиться от него к людям. 3) Третья гипотеза предполагает, что вирус мог начать циркулировать и изменяться в недостаточно обслуживаемых местах с крошечной популяцией, где у него была возможность быстро мутировать.

Выводы. Наше исследование установило, что частота мутаций штамма Омикрон превышает другие штаммы. Кроме того, он обладает повышенной заразностью и уклонением от иммунитета. Эта прогрессия демонстрирует попытку штамма Омикрона стимулировать SARS-CoV-2 для повышения вирусной приспособленности.

Аббас К. (автор)

Подпись

Комиссаров А. С. (научный руководитель)

Подпись