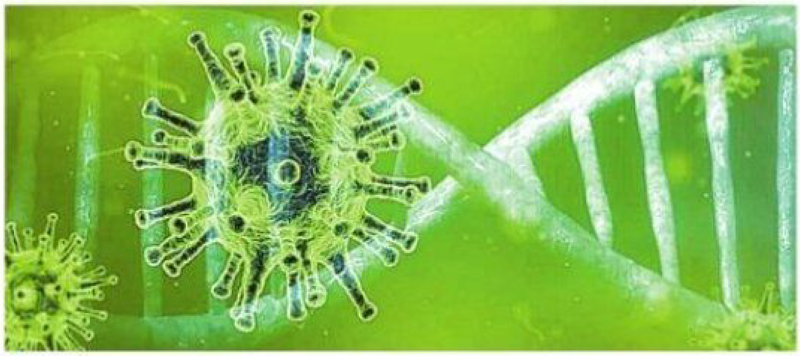
Name of Newspaper : Andhrajyothy Telugu

Date of Publication : 08-04-2020

Source :

కరోనా జన్యుపట ఆవిష్కరణలో సీఎస్ఐఆర్

న్యూఢిల్లీ, ఏప్రిల్ 8: ప్రపంచ వ్యాప్తంగా కరోనా మహమ్మారి విజృంభిస్తోంది. రోజురోజుకు కేసుల సంఖ్య పెరుగుతూనే ఉంది. ఇటువంటి పరిస్థితుల్లో ఆ వైరస్ వ్యాప్తిని శాస్త్రీయంగా తెలుసుకోవడానికి ఎన్నో ప్రయత్నాలు జరుగుతున్నాయి. ఈ క్రమంలోనే 'ద కౌన్సిల్ ఆఫ్ సైంటిఫిక్ అండ్ ఇండస్ట్రియల్ రీసెర్చ్' (సీఎస్ఐఆర్)కు చెందిన రెండు పరిశోధన సంస్థలు సీసీఎంబీ (సెంటర్ ఫర్ సెల్యులార్ అండ్ మాలిక్యులర్ బయాలజీ)-హైదరాబాద్, ఐజీఐబీ (ఇన్‌స్టిట్యూట్ ఆఫ్ జీనోమిక్స్ అండ్ ఇంటిగ్రేటివ్ బయాలజీ) - న్యూఢిల్లీ... కరోనా వైరస్ జన్యుక్రమాన్ని విశ్లేషించేందుకు సిద్ధమయ్యాయి. ఇందుకోసం ఐసోలేషన్లో ఉన్న కరోనా ప్రభావితుల నమూనాలను పరీక్షిస్తున్నారు. కరోనాకు కారణం అవుతున్న సార్స్-కోవ్-2 వైరస్ ఉత్పరివర్తనాలను క్షుణ్ణంగా అవగాహన చేసుకోవమే లక్ష్యంగా ఈ పరిశోధనలు సాగుతున్నాయి. ఏదైనా ఒక వ్యాధికి ఔషధాలు, వ్యాక్సిన్‌ను కనుక్కోవాలంటే ఆ వ్యాధికి కారణమైన వైరస్ జన్యుపటాన్ని ఆవిష్కరించడం తప్పనిసరి. అదేవిధంగా దేశవ్యాప్తంగా ప్రాంతాలవారీగా కరోనా ప్రభావం ఎలా ఉంది, దాని వ్యాప్తిని అరికట్టడానికి తీసుకోవాల్సిన చర్యలను సూచించడానికి కూడా ఈ పరిశోధనలు కీలకంగా మారనున్నాయి. ష్లా కారణమయ్యే కరోనా వైరస్ వంటి కొన్ని వైరస్‌లు వాటి జన్యుక్రమాన్ని చాలా వేగంగా మారుస్తాయి. దాంతో వ్యాక్సిన్ కనుగొనడం చాలా కష్టం. వైరస్‌ల ఉత్పరివర్తనలు కదిలే లక్ష్యాల



వంటివి. వాటిని ఛేదించడం అంత సులభం కాదు. ఎందుకంటే అవి వాటి జన్యుక్రమాన్ని మారుస్తూ ఉంటాయి. వివిధ భౌగోళిక ప్రదేశాల చుట్టూ వైరస్ ఎలా ప్రయాణించిందో తెలుసుకోవడానికి శాస్త్రవేత్తలకు ఉత్పరివర్తనలు సహాయపడతాయి. ఈ విషయంలో ఏదో ఒక నిర్ణయానికి రావడానికి కొంత సమయం పడుతుందని సీసీఎంబీ డైరెక్టర్ ఆర్‌కే మిశ్రా అన్నారు. కేవలం హైదరాబాద్ శాంపిల్స్ కాకుండా ఎన్ఐవీ (నేషనల్ ఇన్‌స్టిట్యూట్ ఆఫ్ వైరాలజీ)తోపాటు మరికొన్ని ప్రదేశాల నుంచి శాంపిల్స్ తెప్పించుకుంటాం. దాంతో దేశంలో నుంచి విభిన్న ప్రాంతాల నుంచి సేకరించిన కరోనా బాధితుల నమూనాలు అందుబాటులో ఉంటాయి. తద్వారా వైరస్ జన్యుక్రమాన్ని మరింత సమగ్రంగా అధ్యయనం చేసే అవకాశం లభిస్తుందని మిశ్రా పేర్కొన్నారు. 50 శాంపిల్స్‌ను విశ్లేషించేందుకు ఐదు నుంచి ఆరు రోజుల సమయం పడుతుంది. రాబోయే కొన్ని వారాల్లో దేశవ్యాప్తంగా సేకరించిన నమూనాలు అందుబాటులోకి వస్తాయి. ఆ తర్వాత ఈ విషయంలో స్పష్టత రావచ్చు. ప్రస్తుతానికి దేశంలో కేరళకు చెందిన ఇద్దరు రోగుల నుంచి తీసుకున్న నమూనాల ఆధారంగా ఆవిష్కరించిన కరోనా జన్యుక్రమం అందుబాటులో ఉంది. వారిద్దరికీ చైనా వుహాన్ నగరానికి చెందినవారి కారణంగా కరోనా సోకింది. అయితే చైనాలోని కరోనాకు మన దేశంలో వ్యాపిస్తున్న వైరస్‌కు చాలా తేడా ఉంది. కాబట్టి దాన్ని దేశంలోని కరోనా వైరస్ జన్యుక్రమంగా గుర్తించలేం అని ఆయన అన్నారు.

ఆంధ్రజ్యోతి Thu, 09 April 2020
https://epaper.andhrajyothy.com/c/50764550

Name of Newspaper : NDTV News
Date of Publication : 08-04-2020
Source :

Indian Researchers Start Working On Novel Coronavirus Genome Sequencing

Whole-genome sequencing is the method used to determine the complete DNA sequence of a specific organism's genome.

New Delhi: Novel coronavirus is a new virus and researchers are trying to figure out all the different aspects of it. Two institutes of Centre for Scientific and Industrial Research (CSIR) -- Centre for Cellular and Molecular Biology (CCMB), Hyderabad and Institute of Genomics and Integrative Biology (IGIB), New Delhi -- have started working together on the whole genome sequencing of novel coronavirus, the science ministry said in a statement.

"This will help us to understand the evolution of the virus, how dynamic is it and how fast it imitates. This study will help us to know how fast it evolves and what are the future aspects of it" said Dr Rakesh Mishra, Director, CCMB while speaking with Senior Scientist Jyoti Sharma from India Science Wire, DST.

Whole-genome sequencing is the method used to determine the complete DNA sequence of a specific organism's genome.

The approach for sequencing the latest coronavirus involves getting samples from patients that have are found to be positive and sending these samples to a sequencing centre, the statement said.

Genome sequencing needs very large number of samples for study.

"Without much data if you make any conclusion that may not be right. At the moment we are accumulating as many sequencings as we can and once, we have few hundred sequencing with us then we will be able to make many inferences from many biological aspects of this virus" said Dr Mishra.

Three to four people from each institute are continuously working on the whole genome sequencing.

In the next 3-4 weeks researchers would be able to get at least 200-300 isolates and this information would help them to make some further conclusion about behaviour of this virus, the statement said.

For this purpose, National Institute of Virology (NIV), Pune has also been requested to give virus that has been isolated from different places.

This will help the scientists to cover the whole country to get a bigger and clearer picture. This will help the institutes to establish the family tree of the virus. Dr Mishra told that based on this they can study from where the virus has come which strain has more similarity, the varied mutations and which strain is weak and what strain is strong.

"This will give some strategic clues to understand it and to implement better isolation strategies" he said.

Name of Newspaper : Sakshi Telugu

Date of Publication : 09-04-2020

Source :

కరోనా జన్యుక్రమం నమోదు

వైరస్ గురించి తెలుసుకుంటున్న సీసీఎంబీ

సాక్షి, హైదరాబాద్: ప్రాణాంతక మహమ్మారి కరోనా వైరస్‌కు ముకుతాడు వేసేందుకు అన్నివైపుల నుంచి ప్రయత్నాలు జోరందుకుంటున్నాయి. టీకా, మందుల తయారీలో ఇప్పటికే పలు కంపెనీలు నిమగ్నమై ఉండగా.. ఈ వైరస్‌ను క్షుణ్ణంగా అర్థం చేసుకునేందుకు హైదరాబాద్‌లోని సెంటర్ ఫర్ సెల్యులార్ అండ్ మాలిక్యులర్ బయాలజీ (సీసీఎంబీ), ఢిల్లీలోని ఇన్‌స్టిట్యూట్ ఆప్ జినోమిక్స్ అండ్ ఇంటిగ్రేటివ్ బయాలజీ (ఐజీఐబీ)లు జన్యుక్రమ నమోదును దాదాపు పూర్తి చేశాయి. అన్నీ సవ్యంగా సాగితే ఒకట్రెండు వారాల్లోనే కనీసం 5 ఐసోలేట్ వైరస్‌ల జన్యుక్రమాల నమోదు పూర్తి చేస్తామని సీసీఎంబీ డైరెక్టర్ డాక్టర్ రాకేశ్ మిశ్రా తెలిపారు. కరోనా బారిన పడ్డ వ్యక్తి నుంచి వేరు చేసిన వైరస్‌ను ఐసోలేట్ అంటారు. జన్యుక్రమాన్ని పూర్తిగా అర్థం చేసుకుంటే ఈ వైరస్ ఎప్పుడు.. ఎలా పుట్టింది.. ఎలా పరిణమించిందన్న విషయాలు తెలుస్తాయని, తద్వారా భవిష్యత్తులో ఈ రకమైన వైరస్‌లను అడ్డుకోవడం సాధ్యమవుతుందని వివరించారు. వైరస్ పూర్తి జన్యుక్రమాన్ని తెలుసుకోవాలంటే బోలెడన్ని ఐసొలేట్‌ల జన్యుక్రమాలు అవసరమవుతాయి. ఎంత ఎక్కువ సంఖ్యలో ఐసొలేట్ జన్యుక్రమాలు ఉంటే.. అంత కచ్చితత్వంతో జన్యుక్రమాన్ని నమోదు చేయొచ్చు. ఆ వైరస్ గురించి అధ్యయనం చేయొచ్చు. ఈ కారణంగానే సీసీఎంబీతో పాటు ఐజీఐబీ కూడా ఐసోలేట్ జన్యుక్రమాలను నమోదు చేసే పనిలో ఉందని, ఇంకో వారం పది రోజుల్లో కావాల్సినంత సమాచారాన్ని సేకరించగలుగుతామని రాకేశ్ మిశ్రా తెలిపారు. వైరస్‌లకు సంబంధించి దేశంలోని ఏకైక పరిశోధన సంస్థ నేషనల్ ఇన్‌స్టిట్యూట్ ఆఫ్ వైరాలజీ నుంచి తాము కరోనా సోకిన వారి నుంచి వేరు చేసిన వైరస్‌లను సేకరిస్తున్నట్లు తెలిపారు. దేశవ్యాప్తంగా పలు ప్రాంతాల్లోని వైరస్‌ల జన్యుక్రమాలను నమోదు చేయడం ద్వారా ఎక్కువ ప్రయోజనముంటుందని చెప్పారు.

సాక్షి
Thu, 09 April 2020
https://epaper.sakshi.com/c/50781835

Name of Newspaper : Telangana Today

Date of Publication : 09-04-2020

Source :

Telangana Today

09-Apr-20 | Telangana

[Decoding]

Research on for genome sequencing

CSIR, CCMB and IGIB start working together to determine complete DNA sequencing of coronavirus

JYOTI SINGH
NEW DELHI

Novel coronavirus is a new virus and researchers are trying to figure out all the different aspects of it.

Two institutes of Centre for Scientific and Industrial Research (CSIR) Centre for Cellular and Molecular Biology (CCMB), Hyderabad and Institute of Genomics and Integrative Biology (IGIB), New Delhi have started working together on the whole genome sequencing of novel coronavirus.

"This will help us to understand the evolution of the virus, how dynamic is it and how fast it imitates. This study will help us to know how fast it evolves and what are the future aspects of it" said Dr Rakesh Mishra, Director, CCMB while speaking with India Science Wire.

Whole-genome sequencing is the method used to determine the complete DNA sequence of a specific organism's genome. The approach for sequencing the latest coronavirus involves getting samples from patients that are found to be positive and sending these samples to a sequencing centre.

Genome sequencing needs very large number of samples for study. "Without much data if you make any conclusion that may not be right. At the moment we are accumulating as many sequencings as we can and once, we have few hundred sequencing with us then we will be able to make many inferences from many biological aspects of this virus" said Dr Mishra.

Three to four people from each institute are continuously working on the whole genome sequencing. In the next three to four weeks, researchers would be able to get at least 200-300 isolates and this information would help them to make some further conclusion about behaviour of this virus.

For this purpose, National Institute of Virology (NIV), Pune has also been requested to give virus that has been isolated from different places. This will help the scientists to cover the whole country to get a bigger and clearer picture. With this, institutes will be able to establish the family tree of the virus. Dr Mishra told that based on this they can study from where the virus has come, which strain has more similarity, the varied mutations and which strain is weak and what strain is strong. "This will give some clues to understand it and to implement better strategies" he said.

In addition to this a large number of people are undergoing testing and they would go for mass screening. This will help them to identify the number of positive cases and then send them for isolation or quarantine. INDIA SCIENCE WIRE

LURKING DANGER: *Two persons sit at a desolate bus stop maintaining social distancing between them.* —Photo: Surya Sridhar

What is genome sequencing

Whole-genome sequencing is the process used to determine the complete DNA sequence of a particular organism's genome. The approach for sequencing the latest coronavirus involves obtaining samples from patients that have had been confirmed of hosting the virus and sending these samples to a sequencing centre.

Name of Newspaper : The New Indian Express
Date of Publication : 09-04-2020
Source :

CCMB starts sequencing isolates of Coronavirus

The CCMB plans to sequence hundreds of isolates in the next two-three weeks.

Published: 09th April 2020 11:06 AM | Last Updated: 09th April 2020 11:06 AM

HYDERABAD: Hyderabad-based Centre for Cellular and Molecular Biology (CCMB) has started genome sequencing the isolates of novel Coronavirus. The CCMB plans to sequence hundreds of isolates in the next two-three weeks. Sequencing a large number of virus isolates can help in understanding various aspects of the virus — the path it took in spreading the infection, how it spread and from where it spread.

“With the help of genome sequencing, we can track the relatedness between different patients. For example, we can tell which group of people contracted the infection from Delhi or Kerala, where the virus originated, whether from China or Italy. We can also find which type of the virus is spreading fast. The data from sequencing will also be useful for drug designing process,” CCMB Director Dr RK Mishra told Express. Once the sequencing is done, it will also be made public for further research.