

ՀՀ ԳԱԱ մոլեկուլային կենսաբանության ինստիտուտի

2025 թվականի հաշվետվություն

1. Կարևորագույն արդյունքները

Առաջին անգամ Հայաստանում իրականացվել է խաղողի վնասատու ֆիլոքսերայի գենոտիպավորում և վարակված տարածքների մշտադիտարկում: Հավաքագրվել և սերվենավորվել են ավելի քան 100 նոր գենոտիպեր (դեկ.՝ կ.գ.թ. Ք.Մարգարյան):

2. Բազային ֆինանսավորմամբ ստացված արդյունքները

Ցույց է տրվել, որ նեյտրոֆիլները (HL-60) ցուցաբերում են արտահայտված ֆենոտիպային փոփոխություններ և ակտիվորեն խթանում են կրծքագեղձի ուռուցքային բջիջների (MCF-7) պրոլիֆերացիան: Մինևույն ժամանակ, ուռուցքային բջիջները մոդուլացնում են նեյտրոֆիլների ֆունկցիոնալությունը դեպի իմունակարգավորող, հակաձին ներկայացնող և ուռուցքի աճին աջակցող ֆենոտիպ (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Գ.Մանուկյան):

Pseudomonas aeruginosa կլինիկական իզոլյատների ֆիլոգենոմային վերլուծության արդյունքում հաստատվել է բազմադեղակայուն (MDR) *P. aeruginosa* իզոլյատների գենետիկական գծերի բազմազանությունը՝ ST389, ST483 և ST1203: Ստացված արդյունքները վկայում են տարածաշրջանում միջազգային բարձր ռիսկի ST389 և ST654 կլոններին պատկանող *P. aeruginosa* շտամների ներթափանցման աճի մասին: Բացահայտվել է XDR (extensively drug-resistant) *A. baumannii* իզոլյատների գենետիկական պատկանելությունը աշխարհում բազմադեղակայունության տարածման հետ կապակցված միջազգային IC2 կլոնի (International Clone 2) գենետիկական գծերին (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ա.Սեդրակյան):

Համարվել է վիրուսների շտեմարանը, որն այժմ ընդգրկում է վիրուսային տարբեր ընտանիքների 16 ներկայացուցիչներ (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Հ.Զաքարյան):

Մոլեկուլային դինամիկայի սիմուլյացիաների միջոցով իրականացված վերլուծությունները պարզել են, որ Նիպահ վիրուս W և մարդու 14-3-3 սպիտակուցների փոխազդեցության առավել կայուն կոնֆիգուրացիան 14-3-3/W համալիրի հետերոդիմերային վիճակն է (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Կ.Նազարյան):

Վայոց Ձորի Եղեգիս քարանձավում իրականացված պեղումների արդյունքում ընդարձակվել է պեղավայրի տարածքը, վերցվել են ոսկրանմուշներ ածխածնային տարիքը որոշելու համար: Սյունիքի մարզի Սիսիանի շրջակա տարածքում իրականացվել է երկրահետախուզական աշխատանք, որի արդյունքում հայտնաբերվել են քալկոլիթյան դարաշրջանի 3-4 պոտենցիալ հնավայրեր (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Լ.Եպիսկոպոսյան):

Մարդու առողջ (MRC-5) և քաղցկեղային (A549) բջիջների 2D և 3D մոդելներում ճառագայթումից հետո ԴՆԹ-ի վնասվածքների և վերականգման օրինաչափությունների ուսումնասիրությունը բացահայտել է, որ 3D ճարտարապետությունը ուժեղացնում է առավել վաղ ԴՆԹ վնասվածքները երկու տեսակի բջիջներում, սակայն դիտվում է բջջային գծից կախված ռեպարացիայի կինետիկա՝ MRC-5-ում ավելի դանդաղ, իսկ A549-ում՝ ամբողջությամբ վերականգնվող (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ն.Բաբայան):

Մշակվել են երկֆոտոնային մանրադիտակի կիրառմամբ իրական ժամանակում օքսիդատիվ սթրեսի գնահատման և ԴՆԹ-ի երկշղթա կտրվածքների հայտնաբերման իմունաներկման մեթոդներ: Ցույց է տրվել, որ AREAL-ճառագայթման դեպքում դիտվել է ԴՆԹ-ի երկշղթա վնասվածքների առավել բարձր մակարդակ՝ համեմատած ռենտգենյան ճառագայթման հետ, ընդ որում քաղցկեղի կենտրոնական ռեզիստենտ հատվածում դրանց տեղակայումը հավաստի ավելի բարձր է (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ն.Բաբայան):

Մարդկանց մոտ նյարդային համակարգի հիվանդություններ առաջացնող *KCNQ5* կալիումական անցուղու գենի 6 մուտացիաներ բերում են անցուղիների հոսանքի արժեքների նվազման, որը մատնանշում է համապատասխան հիվանդությունների պատճառը (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Վ.Վարդանյան):

Պարզվել է, որ *Trichomonas vaginalis* (TV) վարակ ունեցող հետազոտված կանայք կրում են TV վիրուսի առնվազն մեկ ենթատեսակ: Ցույց է տրվել, որ բոլոր TV-դրական կանաց մոտ հայտնաբերվում են նախակենդանիների հսկա վիրուսներ (*Marseilleviridae*,

Mimiviridae, Phycodnaviridae), մինչդեռ ստուգիչ խմբում՝ միայն 40%-ի մոտ: Արդյունքները վկայում են վիրուս-նախակենդանի հնարավոր փոխազդեցությունների մասին՝ մատնանշելով դրանց հավանական դերը վերարտադրողական խանգարումների զարգացման մեջ (ղեկ.՝ կ.գ.դ. 2.Կարայան):

Ցույց է տրվել, որ մի շարք գաստրոպոդներ կարող են ապահովել Խոզերի Աֆրիկյան Ժանտախտի վիրուսի (ԽԱԺՎ) երկարատև պահպանումը, որն ուղեկցվում է MGF505 բազմագենային ընտանիքի ակտիվ էքսպրեսիայով: Այս գեների միաժամանակյա էքսպրեսիան կապված է *B646L* ուշ գենի բարձր էքսպրեսիայի և վիրուսի երկարատև կենսունակության հետ (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Հ.Ավագյան):

Իրականացվել է Արարատի մարզի խաղողի որոշ այգիների գույքագրում, հավաքագրվել է շուրջ 75 տարբեր գենոտիպեր, որոնց համար ստեղծվել են առաջնային անձնագրային տվյալներ, ապա սորտերը ենթարկվել են ֆրագմենտային սեքվենավորման (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ք.Մարգարյան):

Գլխումաներում թելոմերների պահպանման մեխանիզմների (TMM) համակողմանի վերլուծությունը բացահայտել է, որ կարճ և երկար թելոմերներով քաղցկեղների խմբերում TMM ուղիների ակտիվությունն էականորեն տարբերվում է՝ պայմանավորված *TERT*, *RAD51* գեների ակտիվությամբ և *ATRX* և *IDH* մուտացիաներով: Սա մատնանշում է գենետիկական ենթատիպերին համապատասխան թերապևտիկ ռազմավարությունների ընտրության կարևորությունը (ղեկ.՝ կ.գ.դ. Ա.Առաքելյան):

Իրականացվել է 200 ԴՆԹ նմուշի ամբողջական էքզոմի սեքվենավորում: Վերլուծվել է հազվագյուտ գենետիկական տարբերակների բաշխվածությունն ու հաճախականությունը՝ հնարավոր կրողներին բացահայտելու և պոպուլյացիայի մակարդակում տարբերակները բնութագրելու համար (ղեկ.՝ կ.գ.դ. Ա.Առաքելյան):

3. Թեմատիկ ֆինանսավորմամբ ստացված արդյունքները

Հակաֆոսֆոլիպիդային համախտանիշի մկնային մոդելի կիրառմամբ ստացված արդյունքները վկայում են բորբոքային և թրոմբոտիկ պատասխաններում TLR1/2-NLRP3 առանցքի պաթոգեն նշանակության մասին (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Գ.Մանուկյան):

14-3-3/թիրախ (p53, պիրին) համալիրների համար PLANET գրաֆային նեյրոնային ցանցի կիրառմամբ իրականացված վիրտուալ սքրինինգի միջոցով Enamine REAL շտեմարանի 1.2 միլիարդ միացություններից ընտրվել են 10 միացություններ յուրաքանչյուր համալիրի համար (ղեկ.՝ կ.գ.դ. Կ.Նազարյան):

Հայաստանի տարածքում նախապատմական շրջանից մինչև մեր օրեր ընկած ժամանակահատվածի նմուշների պրոտեոմային և գենետիկական վերլուծությունը ցույց է տվել, որ չնայած տարածաշրջանում կաթնամթերքի օգտագործման վաղ և ակտիվ մշակույթին, լակտազի կայունության գենետիկական ադապտացիան ի հայտ է եկել ավելի ուշ և չի դարձել զանգվածային (ղեկ.՝ կ.գ.դ. Լ.Եպիսկոպոսյան):

Տարածական տրանսկրիպտոմի տվյալների հիման վրա մշակվել է կենսաբանական ուղիների վերլուծության մեթոդ, որը թույլ է տալիս գնահատել բջիջ-բջիջ ազդանշանային ուղիների փոխազդեցությունը և գնահատել հյուսվածքի միկրոմիջավայրի ազդեցությունը բջիջների կլաստերների վրա (ղեկ.՝ կ.գ.դ. Ա.Առաքելյան):

Քաղցկեղածին ակտիվության հետ ասոցացված տոքսիկոֆորների և դրանց մոլեկուլային առաջնային ազդեցության տվյալների հիման վրա կառուցվել են անբարենպաստ արդյունքի ուղիների (Adverse Outcome Pathways, AOP) նեյրոնային ցանցեր, որոնց ճշգրտությունը հասնում է 0.935 ROC-AUC (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ն.Բաբայան):

Մարդու գրիպի A և B վիրուսների դեմ փորձարկված ավելի քան 400000 քիմիական միացությունների քեմոինֆորմատիկական վերլուծությամբ գրիպի վիրուսի PA էնդոնուկլեազի դեմ ընտրվել են 2 միացություն, որից մեկը ցույց է տվել խոստումնալից հակավիրուսային ակտիվություն՝ $SI > 30$ -ից (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Հ.Ջաքարյան):

Առաջին անգամ Հայաստանում ստեղծվել է տեղածին և վայրի խաղողի հերբարիում, հավաքագրվել և պահվում է ավելի քան 200 սորտ և վայրի խաղող: Ավելի քան 55 անհայտ սորտերից հավաքվել են սերմեր և երկարաժամկետ պահպանման են դրվել ՄԿԻ կենսաոռոտների բանկում (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ք.Մարգարյան):

Մշակվել է երկու հաշվողական ռազմավարություն՝ ազատ շրջանառվող ԴՆԹ-ում (cfDNA) թելոմերային կենսամարկերների հայտնաբերման համար (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Լ.Ներսիսյան):

Ուսումնասիրվել են ընտրված խաղողի տեղածին սորտերը և վայրի ձևերը՝ գենետիկական և ամպելոգրաֆիական չափորոշիչների կիրառմամբ: Ընտրվել է 90 սորտ կոլեկցիոն այգի տեղափոխելու համար (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ք.Մարգարյան):

Մշակվել է կղանքի նմուշներից ազատ շրջանառվող ԴՆԹ-ի (cfDNA) անջատման նոր արդյունավետ և ԴՆԹ բարձր ելքով մեթոդ (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Լ.Ներսիսյան):

Մարդու կինազների վեց արգելակիչների հակավիրուսային ակտիվության ուսումնասիրությունը ցույց է տվել, որ MNK1/2 կինազի արգելակիչ tomivosertib-ը նվազեցնում է գրիպի A և B վիրուսների բազմացումը MDCK կոմպետենտ բջիջներում (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ա.Հակոբյան):

Ամբողջական տրանսկրիպտոմի վերլուծության արդյունքում բացահայտվել է հանքարդյունաբերական շրջանի բնակիչների արյան մեջ տոքսիկ մետաղների խառնուրդի հետ ասոցացված իմունային, բորբոքային, ծերացման, տրանսկրիպցիայի և տրանսլյացիայի ազդանշանային ուղիների փոփոխություն (ղեկ.՝ կ.գ.թ. Ա.Ստեփանյան):

Ակնակոպի Մոլլի գեղձի տրանսկրիպտոմային լանդշաֆտի առաջին լիարժեք վերլուծության արդյունքները բացահայտել են գեղձի ֆունկցիային բնորոշ գենային խմբերի ակտիվացում, ինչն արտացոլում է գեղձի մասնագիտացված նյութափոխանակային կարողությունները և գեղձագատման դերը ակնակոպի հյուսվածքային միկրոմիջավայրում (ղեկ.՝ Կ.գ.թ. Մ.Նիկողոսյան):

Գնահատվել է տիեզերական և գամմա ճառագայթման ազդեցությունը մկների տարբեր օրգանների գեների էքսպրեսիայի վրա: Արդյունքները վկայում են, որ գեների էքսպրեսիայի փոփոխականության հիմնական գործոններն են կենդանիների սեռը և ճառագայթման բնույթը (ղեկ.՝ Կ.գ.դ. Ա.Առաքելյան):

Խաղողի բողբոջների տրանսկրիպտոմային վերլուծությունը ցույց է տվել թիամինի և ստիլբենոիդների կենսասինթեզի համադրված կարգավորումը ձմեռային հանգստի ընթացքում, ինչը կարևոր է խաղողի սթրեսային ադապտացիայի մեխանիզմները հասկանալու համար (ղեկ.՝ Կ.գ.թ. Մ.Նիկողոսյան):

A. baumannii իզոլատներում կարբապենեմների նկատմամբ կայունության մեխանիզմները պայմանավորված են կարբապենեմազների *OXA-1223* (*OXA-23*-նման), իսկ *Pseudomonas aeruginosa* իզոլատներում՝ *VIM-2* գեներով (ղեկ.՝ Կ.գ.թ. Ա.Սեդրակյան):

Առնետների գլիոբլաստոմայի մոդելներում ցույց է տրվել հակաօքսիդանտային էնզիմների (*SOD*, *CAT*) ակտիվության փոփոխության պիկը գերկարճ էլեկտրոնային ճառագայթումից հետո 5-րդ օրը: ԴՆԹ-ի վնասվածքների մակարդակի զգալի փոփոխություն չի դիտվել (ղեկ.՝ Կ.գ.թ. Գ.Ղազարյան):

Մարդկանց մոտ զարգացման և էպիլեպտիկ էնցեֆալոպաթիաներ առաջացնող *Kv2.1* անցուղու 21 մուտանտ ձևերի էլեկտրաֆիզիոլոգիական փորձերը ցույց են տվել, որ *EGFP*-ի (*Enhanced Green Fluorescent Protein*) միաձուլումը *Kv2.1* C-ձայրամասին չի փոխում *Kv2.1* անցուղու ֆունկցիոնալ հատկությունները (ղեկ.՝ Կ.գ.թ. Վ.Վարդանյան):

14-3-3/N համալիրի համար իրականացվել է վիրտուալ լիգանդ սքրինինգ սպիտակուց-սպիտակուցային փոխազդեցության մոդուլատորների հայտնաբերման համար և ընտրվել են 10 միացություններ (ղեկ.՝ Ն.Մուրադյան):

Եղեգիս-1 քարայրից պեղված բրածո նմուշների ձևաբանական և մոլեկուլային նույնականացման արդյունքները ցույց են տալիս, որ Եղեգիս-1 քարայրի բոլոր շերտերում կենսաբազմազանության կառուցվածքը պահպանվում է, ինչը հաստատում է, որ էնեոլիթյան համայնքների ապրելակերպում նկատելի փոփոխություններ տեղի չեն ունեցել (ղեկ.՝ Ս.Մկրտչյան):

Նանոպորային սեքվենավորման եղանակով *MEFV* գենում հայտնաբերվել են պոտենցիալ ֆունկցիոնալ մուտացիաներ, որոնք ներառված չեն կլինիկական ախտորոշման մեջ կիրառվող ՊՇՌ- թեստ համակարգերում (ղեկ.՝ Լ.Ղուկասյան):

Ցույց է տրվել, որ *ATRA*-ով տարբերակված *HL-60* բջիջները ֆենոտիպորեն, մորֆոլոգիապես և տրանսկրիպցիոն ակտիվությամբ ավելի հասուն են, մինչդեռ *DMSO*-ով տարբերակված *HL-60* բջիջները ֆունկցիոնալ հատկություններով ավելի ակտիվ են (ղեկ.՝ Ս.Ղոնյան):

Կատարվել է քրոնիկ լիմֆոցիտար լեյկոզի (*PLL*) մոլեկուլային ենթատիպավորում՝ օգտագործելով բաց հասանելի *PLL* կարճ ընթերցմամբ ԴՆԹ սեքվենավորման տվյալներ, և նկարագրվել է դրանց կապը ապրելիության հետ (ղեկ.՝ Ա.Մինասյան):

Գլիոբլաստոմայի 3D մոդելների վրա ցույց է տրվել, որ գերկարճ իմպուլսային էլեկտրոնային փնջով ճառագայթումն ունի ակնհայտ առավելություններ ավանդական ռենտգենյան թերապիայի համեմատ, մասնավորապես՝ ուռուցքային սֆերոիդների

հիպոքսիկ, ռադիոռեզիստենտ առանցքը թափանցելու և վնասելու ունակության շնորհիվ (դեկ.' Ա.Հովակիմյան):

Ապացուցվել է, որ Zn^{2+} կապող մոտիվը կարևոր կառուցվածքային տարր է, որը որոշում է K_v2 և K_vS սպիտակուցների հետերոմերացման և իոնային անցուղիների նորմալ ֆունկցիան (դեկ.' Տ.Կարապետյան):

4. Կիրառական աշխատանքների արդյունքները

Մշակվել է PocketMaster ճկուն, ավտոմատացված և բազմաֆունկցիոնալ գործիք, որը նախատեսված է սպիտակուցի փոխազդող հատվածների համեմատման, վերլուծության, կլաստերիզացման և կառուցվածքային մեկնաբանման համար: Իր հնարավորությունների շնորհիվ PocketMaster-ը կարող է ծառայել որպես արժեքավոր գործիք դեղերի մշակման վաղ փուլերում, որտեղ պահանջվում է սպիտակուցային կառուցվածքների մանրակրկիտ և ճշգրիտ գնահատում (ղեկ.՝ կ.գ.դ. Կ.Նազարյան):

Մշակվել է միկրոբիոմների մետավերլուծության tsantsR ծրագրային փաթեթ, որը տրված մետագենոմիկական տվյալների բազայի հիման վրա կառուցում է բակտերիալ կազմը արտահայտող ցանց: Ծրագրային փաթեթը կլաստերավորում է ցանցի հանգույցները և կանխատեսում դրանց ֆունկցիոնալ ներուժը՝ օգտագործելով KEGG անոտացիաներ և հիվանդությունների հետ կապը (ղեկ.՝ Ն.Վարդազարյան):

5. 2025 թ. հրատարակումների ցանկը

Գրախոսվող ամսագրերում տպագրված հոդվածներ

1. Antonosyan M., Maurer G., Mkrtchyan S., Boxleitner K., Saribekyan M., Hovhannisyanyan A., Furquim L., Stokes .F, Davtyan R., Bobokhyan A., Azatyan K., Ilgner J., Reinhold S., Frahm E., Spengler R., Roberts P., Amano N., Yepiskoposyan L., A biomolecular perspective on mobile pastoralism and its role in wider socioeconomic connections in the Chalcolithic South Caucasus, “iScience”, v. 28, N6, 2025, 112544. doi: 10.1016/j.isci.2025.112544
2. Antonosyan M., Mkrtchyan S., Amano N., Davtyan R., Yeranyan N., Badalyan M., Poghosyan S., Telunts A., Stepanyan K., Amiryanyan M., Species identification of osseous museum artefacts through peptide mass fingerprinting illustrated by a study on objects from Neolithic to Iron Age Armenia, “npj Heritage Science”, v. 13, N1, 2025, pp 1-12. 10.1038/s40494-025-01763-2, 3059-3220
3. Arakelyan A., Sirunyan T., Khachatryan G., Hakobyan S., Minasyan A., Nikoghosyan M., Hakobyan M., Chavushyan A., Martirosyan G., Hakobyan Y., Binder H., Assigning Transcriptomic Subtypes to Chronic Lymphocytic Leukemia Samples Using Nanopore RNA-Sequencing and Self-Organizing Maps, “Cancers (Basel)”, v. 17, N6, 2025, 964. doi: 10.3390/cancers17060964
4. Badalyan K., Babayan N., Kalita E., Grigoryan N., Sarkisyan N., Grigoryan R., Arakelov G., Shahkhatuni A., Attaryan H., Mkrtchyan D., Khachatryan H., Khondkaryan L., Synthesis, in silico, and in vitro pharmacological evaluation of norbornenylpiperazine derivatives as potential ligands for nuclear hormone receptors, “J Appl Pharm Sci”, v. 15, N6, 2025, pp. 115–127. doi.org/10.7324/JAPS.2025.230239
5. Cirino T., Pinto L., Iwan M., Dougha A., Lučić B., Kraljević A., Navoyan Z., Tevosyan A., Yeghiazaryan H., Khondkaryan L., Abelyan N., Atoyanyan V., Babayan N., Iwashita Y., Kimura K., Komasa T., Shishido K., Nakamura T., Asada M., Jain S., Zakharov A.V., Wang H., Liu W., Chupakhin V., Uesawa Y., Consensus Modeling Strategies for Predicting Transthyretin Binding Affinity from Tox24 Challenge Data, “Chem Res Toxicol”, v. 38, N6, 2025, pp. 1061-1071. doi: 10.1021/acs.chemrestox.5c00018
6. Ekambaram S., Arakelov G., Dokholyan N.V., The Evolving Landscape of Protein Allostery: From Computational and Experimental Perspectives, “J Mol Biol”, v. 437, N20, 2025, 169060. doi: 10.1016/j.jmb.2025.169060
7. Ghardyan G., Abrahamyan L., Julhakyan K., Davtyan H., Martirosyan N., Arakelova E., Avagyan H., Hakobyan S., Vardanyan T., Karalyan N., Karalyan Z., Presence of Protozoan Viruses in Vaginal Samples from Pregnant Women and Their Association with Trichomoniasis, “Pathogens”, v. 14, N8, 2025, 764. doi: 10.3390/pathogens14080764
8. Ghazaryan A., Hayrapetyan T., Yelabekyan., Harutyunyan T., Papov G., Karalova E., Avetisyan A., Hakobyan S., Bayramyan N., Avagyan H., Abroyan L., Hakobyan L., Karalyan N., Khachatryan P., Aghabekyan L., Poghosyan N., Karalyan Z., Comparative hematology of the Myotis blythii, “Tissue Cell”, v. 95, 2025, 102914. doi: 10.1016/j.tice.2025.102914
9. Ghazaryan G., Zanginyan H., Ghazaryan M., Hovsepyan L., Therapeutics Potential of Cronassial in Experimental Autoimmune Encephalomyelitis: Insights Into Glycosphingolipids and Humoral Immunity, “ScientificWorldJournal”, v. 2025, 2025, 9108462. doi: 10.1155/tswj/9108462

10. Ghonyan S., Poghosyan D., Martirosyan A., Margaryan S., Avetisyan A., Khachatryan Z., Manukyan G., Unraveling the functional landscape of ATRA- and DMSO-differentiated HL-60 cells, “PLoS One”, v. 20, N9, 2025, :e0331783. doi: 10.1371/journal.pone.0331783
11. Hakobyan M., Binder H., Arakelyan A., Telomere Maintenance Pathways in Lower-Grade Gliomas: Insights from Genetic Subtypes and Telomere Length Dynamics, “Int J Mol Sci”, v. 26, N9, 2025, 4175. doi: 10.3390/ijms26094175
12. Hakobyan S., Bayramyan N., Karalyan Z., Izmailyan R., Avetisyan A., Poghosyan A., Arakelova E., Vardanyan T., Avagyan H., The Involvement of MGF505 Genes in the Long-Term Persistence of the African Swine Fever Virus in Gastropods, “Viruses”, v. 17, N6, 2025, 824. doi: 10.3390/v17060824
13. Hakobyan S., Hakobyan L., Abroyan L., Avetisyan A., Avagyan H., Bayramyan N., Niazyan L., Davidyants M., Sargsyan K., Ghalechyan T., Semerjyan A., Karalova E., Karalyan Z., Pathology of Red Blood Cells in Patients with SARS-CoV-2, “Biomedicines”, v. 13, N1, 2025, 191. doi: 10.3390/biomedicines13010191
14. Hakobyan S., Schmidt M., Binder H., Arakelyan A., Topology-aware pathway analysis of spatial transcriptomics, “PeerJ”, v. 13, 2025, e19729. doi: 10.7717/peerj.19729
15. Harutyunyan K., Nersesova L., Ayvazyan V., Avagyan E., Melkumyan M., Sargsyan M., Tatikyan S., Karalyan Z., Avagyan H., Harutyunyan A., Tsakanova G., Babayan N., In silico and in vitro evaluation of drug-like properties and anticancer potential of novel 5-fluorouracil derivatives., “Sci Rep”, v. 15, N1, 2025, 39689. doi: 10.1038/s41598-025-23237-y
16. Harutyunyan M., Melyan G., Martirosyan Y., Hovhannisyan M., Dangyan K., Terteryan K., Arajyan G., Khazaryan K., Sahakyan A., Optimization of in vitro cultivation for enhanced biochemical properties of *Geranium (Pelargonium graveolens)* for functional use, “Functional Food Science”, v. 5, N8, 2025, pp. 364-377. doi.org/10.31989/ffs.v5i8.1697
17. Iskandaryan A., Grigoryan B., Kazumyan K., Miqayelyan M., Exploring the Mechanical Composition of the Armenian Indigenous Grape Varieties “Mormor” and “Chragi Yerkser”, “AGRISCIENCE AND TECHNOLOGY Armenian National Agrarian University”, Special Issue v. 1, N1, 2025, pp. 22-27. doi: 10.52276/25792822-2025.sp-22
18. Jackman J.A., Izmailyan R., Grigoryan R., Sut T.N., Taye A., Zakaryan H., Elrod C.C., Development of a water-dispersible antimicrobial lipid mixture to inhibit African swine fever virus and other enveloped viruses, “Virus Res”, v. 351, 2025, 199516. doi: 10.1016/j.virusres.2024.199516
19. Jalatyan T., Aznauryan E., Hasan R., Vardanyan V., Nersisyan S., Thompson D.B., Davidsohn N., Thomas S., van Haren S., Tam J., Milanova D., Church G.M., Nersisyan L., hafoe: an interactive tool for the analysis of chimeric AAV libraries after random mutagenesis, “Gene Ther”, v. 32, N5, 2025, pp. 475-486. doi: 10.1038/s41434-025-00548-3
20. Jordan R., Archin N.M., Cagno V., Feng J.Y., Guo H., Herrero L.J., Janeba Z., Meanwell N.A., Moffat J., Neyts J., Rocha-Pereira J., Seley-Radtke K.L., Sheahan T.P., Spengler J.R., Welch S.R., Xie X., Zakaryan H., Schang L.M., Durantel D., Meeting report: 38th international conference on antiviral research in Las Vegas, United States of America, March 17-21, 2025, “Antiviral Res”, v. 241, 2025, 106222. doi: 10.1016/j.antiviral.2025.106222
21. Khachatryan G., Sirunyan T., Hakobyan S., Davitavyan S., Zakharyan R., Stepanyan A., Brojakowska A., Khlghatian M.K., Bissierier M., Zhang S., Goukassian D.A., Arakelyan A., Long-term Pathway Activation in Cardiac Ventricular Tissues after Gamma and simGCRsim Irradiation, “Radiat Res”, v. 204, N5, 2025, pp.550-559. doi: 10.1667/RADE-25-00043.1

22. Khachatryan P., Karalyan N., Petunts H., Hakobyan S., Avagyan H., Ter-Pogossyan Z., Karalyan Z., Fatal Case of Viral Pneumonia Associated with Metapneumovirus Infection in a Patient with a Burdened Medical History, "Microorganisms", v. 13, N8, 2025, 1790. doi: 10.3390/microorganisms13081790
23. Kharatyan L., Gevorgyan S., Khachatryan H., Shavina A., Hakobyan A., Matevosyan M., Zakaryan H., Data-driven discovery of chemical signatures for developing new inhibitors against human influenza viruses, "BMC Chem", v. 19, N1, 2025, 159. doi: 10.1186/s13065-025-01540-z
24. Konecny T., Asatryan A., Binder H., Responding to Stress: Diversity and Resilience of Grapevine in a Changing Climate Under the Perspective of Omics Research, "Int J Mol Sci", v. 26, N16, 2025, 7877. doi: 10.3390/ijms26167877
25. Korovina M.O., Valeeva A.R., Akhtyamov I.F., Brooks W., Renaudineau Y., Manukyan G., Arleevskaya M.I., Joint Tissues: Convergence and Divergence of the Pathogenetic Mechanisms of Rheumatoid Arthritis and Osteoarthritis, "Int J Mol Sci", v. 26, N17, 2025, 8742. doi: 10.3390/ijms26178742
26. Margaryan S., Poghosyan D., Ghonyan S., Hakobyan L., Martirosyan A., Manukyan G., Long-term hyperglycaemia exerts contrasting effects on M1- and M2-like macrophages, "Front Immunol", v. 16, 2025, 1639650. doi: 10.3389/fimmu.2025.1639650
27. Martirosyan A., Kriegova E., Manukyan G., NK cell dysfunction in antiphospholipid syndrome, "Front Immunol", v. 16, 2025, 1593705. doi: 10.3389/fimmu.2025.1593705
28. Melyan G.H., Martirosyan Y.T., Sahakyan A.J., Sayadyan H.Y., Melikyan A.S., Barseghyan A.H., Vardanyan A.S., Martirosyan H.S., Harutyunyan M.G., Mkrtchyan A.L., Hakobjanyan I.L., Dangyan K.S., Terteryan K.H., Khazaryan K.A., Galstyan M.H., Influence of Nutrient Medium Components on *In Vitro* Tuberization of *Solanum tuberosum* L. and Subsequent Minituber Production in Aeroponic and Greenhouse Conditions, "Life (Basel)", v. 15, N2, 2025, 241. doi: 10.3390/life15020241
29. Melyan G., Mikaelyan A., Dangyan K., Galstyan M., Mkrtchyan A., Asatryan N., Martirosyan Y., Aghajanyan A., Impact of plant-derived melanin on in vitro rooting efficiency and biochemical characteristics of grapevines, "Bioactive Compounds in Health and Disease", v. 8, N10, 2025, pp. 386-397. doi.org/10.31989/bchd.8i10.1750
30. Muradyan N.G., Sargsyan A.A., Arakelov V.G., Paronyan A.K., Arakelov G.G., Nazaryan K.B., π DMD Simulation as a Strategy for Refinement of AlphaFold2 Modeled Fuzzy Protein Complexes Structures, "Mol Biol (Mosk)", v. 59, N2, 2025, pp. 277-287. doi: 10.1134/S0026893324700870
31. Paronyan A., Muradyan N., Sargsyan A., Arakelov V., Arakelov G., Nazaryan K., In Silico Study of Pysin and 14-3-3 Protein Modulation During FMF and PAAND, "ACS Omega", v. 10, N4, 2025, pp. 3462-3473. doi: 10.1021/acsomega.4c07386
32. Sargsyan A.A., Muradyan N.G., Arakelov V.G., Paronyan A.K., Arakelov G.G., Nazaryan K.B., In silico Screening of Protein-Protein Interaction Modulators Using the p53 and 14-3-3 γ Proteins as an Example, "Mol Biol (Mosk)", v. 59, N3, 2025, pp. 505-514. doi: 10.1134/S0026893325700116
33. Schneiderova P., Mizera J., Gharibian A., Manukyan G., Raska M., Gajdos P., Kosztu P., Genzor S., Kudelka M., Sova M., Savara J., Borikova A., Shrestha B., Mikulkova Z., Stepanek L., Kufa J., Jakubec P., Kriegova E., The SARS-CoV-2 trigger highlights host interleukin 1

genetics in Epstein-Barr virus reactivation, “Cell Rep”, v. 44, N7, 2025, 115859. doi: 10.1016/j.celrep.2025.115859

34. Sedrakyan A., Gevorgyan Z., Zakharyan M., Arakelova K., Hakobyan S., Hovhannisyanyan A., Aminov R., Molecular Epidemiology and In-Depth Characterization of *Klebsiella pneumoniae* Clinical Isolates from Armenia, “Int J Mol Sci”, v. 26, N2, 2025, 504. doi: 10.3390/ijms26020504
35. Stepanyan A., Arakelyan A., Schug J., Transcriptome alterations in long-term mining region residents: Insights into immune response and molecular pathways, “Environ Int”, v. 197, 2025, 109344. doi: 10.1016/j.envint.2025.109344
36. Tevosyan A., Yeghiazaryan H., Tadevosyan G., Apresyan L., Atoyanyan V., Misakyan A., Navoyan Z., Stopper H., Babayan N., Khondkaryan L., AI/ML modeling to enhance the capability of in vitro and in vivo tests in predicting human carcinogenicity, “Mutat Res Genet Toxicol Environ Mutagen”, v. 903, 2025, 503858. doi: 10.1016/j.mrgentox.2025.503858
37. Yepiskoposyan L., Khachatryan Z., Hovhannisyanyan A., Genetic Insights into the Origins of Armenians, “Iran and the Caucasus”, v. 29, N4-5, 2025, pp. 398-410. <https://doi.org/10.1163/1573384X-02904004>
38. Zakharyan R., Hakobyan S., Brojakowska A., Bissierier M., Zhang S., Khlgatian M.K., Rai A.K., Davitavyan S., Stepanyan A., Sirunyan T., Khachatryan G., Sahoo S., Garikipati V.N.S., Arakelyan A., Goukassian D.A., The effects of space radiation on the transcriptome of heart right ventricle tissue, “NPJ Microgravity”, v. 11, N1, 2025, 46. doi: 10.1038/s41526-025-00506-8
39. Zakharyan R., Hakobyan S., Brojakowska A., Davitavyan S., Stepanyan A., Sirunyan T., Khachatryan G., Khlgatian M.K., Bissierier M., Zhang S., Sahoo S., Hadri L., Garikipati V.N.S., Arakelyan A., Goukassian D.A., Long-lasting sex-specific alteration in left ventricular cardiac transcriptome following gamma and simGCRsim radiation, “Sci Rep”, v. 15, N1, 2025, 5963. doi: 10.1038/s41598-025-89815-2
40. Zhang Y., Nersisyan L., Fürst E., Alexopoulos I., Santolaria C., Huch S., Bassot C., Garre E., Sunnerhagen P., Piazza I., Pelechano V., Ribosomes modulate transcriptome abundance via generalized frameshift and out-of-frame mRNA decay, “Mol Cell”, v. 85, N10, 2025, pp. 2017-2031.e7. doi: 10.1016/j.molcel.2025.04.022

Գիտաժողովների գրախոսվող ժողովածուներում տպագրված հոդվածներ

Հոդվածները հրատարակվել են «Միջազգային տասնութրորդ տարեկան գիտաժողովի» գիտական հոդվածների ժողովածուում, Ե., «Издательство РАУ» հրատ., 2025, 160 էջ:

1. Avagyan H., Hakobyan S., Baghdasaryan B., Arakelova E., Pathology and clinics of African swine fever caused by natural low-virulent variants in the Southern Caucasus, pp. 108-119:
2. Bareghamyan Y., Arakelyan A., Genomic variability in the Armenian population: identification of clinically significant variants through whole exome sequencing, pp. 120-125:
3. Proceedings of the International Scientific Conference “Biotechnological tools for horticultural sustainability through the promotion of non-traditional species such as mini-kiwi (*Actinidia arguta* Planch.) in the context of climate change”, Tbilisi, Georgia, 2025, 191 p., Latocha P., Sahakyan N., Melyan G., Significance, cultivation requirements, and in vitro propagation of kiwiberry (*Actinidia arguta* Miq.) as a new, promising crop, pp. 179–185. doi.org/10.52340/conf2025.24.10

6. Տնօրենի և գիտքարտուղարի գիտական աստիճանը, անունը, ազգանունը

Մոլեկուլային կենսաբանության ինստիտուտ

Տնօրեն՝ կ.գ.դ. Ա.Առաքելյան

Գիտքարտուղար՝ կ.գ.թ. Զ.Խաչատրյան

Էլեկտրոնային փոստ՝ imb@sci.am

Կայքէջ՝ <https://imb.am/>

Մասնագիտական խորհուրդ 042՝ «Կենսաքիմիա»

Նախագահ՝ կ.գ.դ. Ս.Զախյան, գիտքարտուղար՝ կ.գ.թ. Ռ.Զախարյան

7. Հաշվետու տարում պաշտպանված դոկտորական և թեկնածուական ատենախոսությունների քանակը

Պաշտպանվել է 4 թեկնածուական ատենախոսություն:

8. Տեղեկություններ հաշվետու տարում պատվավոր կոչումների և պարգևատրումների արժանացած գիտնականների մասին

- Գիսանե Լազարյան, ՏՏ ոլորտում տարվա լավագույն ասպիրանտ առաջին կարգի մրցանակ

9. Գիտության և կրթության ոլորտում համագործակցությունը ՀՀ բուհերի և այլ կազմակերպությունների հետ՝ նշելով համատեղողների թվաքանակն ըստ կազմակերպությունների, յուրաքանչյուր կազմակերպության հետ համատեղ հրապարակումները

- ՀՀ ԳԱԱ՝ 1 համատեղող
- ՀՀ ԳԱԱ գիտակրթական միջազգային կենտրոն՝ 13 համատեղող, 1 հոդված
- Ռուս-Հայկական համալսարան՝ 13 համատեղող, 9 հոդված
- Երևանի պետական համալսարան, 4 համատեղող, 2 հոդված
- Երևանի պետական բժշկական համալսարան՝ 4 համատեղող, 5 հոդված
- Մոսկվայի պետական համալսարանի երևանյան մասնաճյուղ՝ 1 համատեղող
- Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարան, 1 համատեղող, 4 հոդված
- Հայաստանի ազգային պոլիտեխնիկական համալսարան, 1 համատեղող
- Հայաստանի կենսաինֆորմատիկայի ինստիտուտ, 5 համատեղող, 5 հոդված
- «ԲԵՆԴԼ» սինքրոտրոնային հետազոտությունների ինստիտուտ՝ 2 համատեղող, 1 հոդված
- ՀՀ ԱՆ «Յոլյան» արյունաբանության և ուռուցքաբանության կենտրոն՝ 1 համատեղող, 1 հոդված
- Սննդի անվտանգության ռիսկերի գնահատման և վերլուծության գիտական կենտրոն՝ 1 համատեղող, 2 հոդված
- «Դե նովո սայենսիս» ընկերություն՝ 3 համատեղող, 2 հոդված
- «Տոքսոմետրիս» ընկերություն՝ 3 համատեղող, 1 հոդված
- Ավանդական բժշկության համալսարան՝ 2 համատեղող
- Եվրասիա միջազգային համալսարան՝ 1 համատեղող
- Երևանի Հայբուսակ համալսարան՝ 1 համատեղող
- Երևանի «Գլաժոր» համալսարան՝ 1 համատեղող

10. Տեղեկություն համատեղ միավորումների (ամբիոններ, լաբորատորիաներ և այլն) մասին

- Կենսահնժեններիայի, կենսահնֆորմատիկայի և մոլեկուլային կենսաբանության բազային ամբիոն՝ Ռուս-Հայկական համալսարանի հետ համատեղ
- Մոլեկուլային և բջջային կենսաբանության ամբիոն՝ ՀՀ ԳԱԱ գիտակրթական միջազգային կենտրոնի հետ համատեղ
- «ՔԵՆԴԼ» - ՄԿԻ փորձարարական կենսաբանության համատեղ լաբորատորիա

Տնօրեն՝ կ.գ.դ. Ա.Առաքելյան

Գիտքարտուղար՝ կ.գ.թ. Զ.Խաչատրյան

2025թ. թեմատիկայի ամփոփ տվյալներ

№	Կազմակերպությունը	Թեմաների կամ պայմանագրերի թիվը (n) և ֆինանսավորման ծավալը (X հազ. դր.)			
		Նպատակային ֆինանսավորում	Բազային ֆինանսավորում	Գիտկոմից ստացված այլ ֆինանսավորում	Տնտ.պայմանագրեր
1	2	3	4	5	6
1	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	-	1 355,077.6	39 502,808.205	20 22,950.1

Արտոնագրային ցուցանիշներ

№	Կազմակերպությունը	Արտոնագրերի հայտերի թիվը	Դրական որոշումների թիվը	Ստացված արտոնագրերի թիվը
1	2	3	4	5
1	2	3	4	5

Կազմակերպության անցկացրած հանրապետական և միջազգային գիտական միջոցառումներ

№	Միջոցառման անվանումը	Անցկացման վայրն ու ժամանակը, կազմակերպիչները	Մասնակիցների թիվը	
			ընդամենը	այդ թվում՝ արտ. երկրներից
1	2	3	4	5
1	Առաջադեմ հետազոտությունների աշխատաժողով «Ցածր դոզայով ճառագայթահարման ռիսկերը. ընթացիկ հետազոտություններ և ապագա հեռանկարներ»	Անցկացման վայրը՝ ՀՀ ԳԱԱ Ժամանակը՝ մարտ 30-ապրիլ 2 Կազմակերպիչներ՝ - ՄքՄասթեր համալսարան - ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	56	26
2	«Omicss-25» կենսաինֆորմատիկայի ամառային դպրոց	Անցկացման վայրը՝ ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ Ժամանակը՝ հուլիս 28-օգոստոս 23 Կազմակերպիչներ՝ - Հայաստանի կենսաինֆորմատիկայի ինստիտուտ - ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ Լայպցիգի համալսարան	16	5
3	Հայ-Գերմանական կենսաինֆորմատիկայի աշխատաժողով	Անցկացման վայրը՝ Եղեգիս Ժամանակը՝ օգոստոս 23-24 Կազմակերպիչներ՝ - Հայաստանի կենսաինֆորմատիկայի ինստիտուտ - ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ Լայպցիգի համալսարան	37	7

4	«Բոյաջանական ընթերցումներ» գիտական աշխատաժողով	Անցկացման վայրը՝ ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ Ժամանակը՝ օգոստոս 28 Կազմակերպիչ՝ - ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	95	0
5	«CRISPR 2025» 3-րդ միջազգային կոնգրես	Անցկացման վայրը՝ ՀՌՀ Ժամանակը՝ հոկտեմբեր 5-10 Կազմակերպիչներ՝ - ՌԳԱ ՍԲ ցիտոլոգիայի և գենետիկայի ինստիտուտ - ՀՌՀ - ՌԳԱ ՍԲ քիմիական կենսաբանության և ֆունդամենտալ բժշկության ինստիտուտ - ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ - Սուրգուտի պետական համալսարան ՀՀ ԳԱԱ	250	220
6	Իմունառուռոցբարանության միջազգային գագաթնաժողով	Անցկացման վայրը՝ ՀԲԸՄ Ժամանակը՝ հոկտեմբեր 16-18 Կազմակերպիչներ՝ - Santé Arménie - Inserm - Կլինիկական ախտաբանների և բջջաբանների հայկական ասոցիացիա - ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	75	31

Աղյուսակ 4

Աշխատակիցների արտասահման (այդ թվում՝ ԱՊՀ երկրներ) կատարած գործուղումներ

№	Կազմակերպությունը	Երկիրը	Գործուղված գիտնականների թվաքանակը		
			Գիտաժողովների մասնակցելու	Համատեղ գիտական աշխատանք կատարելու	Բանակցությունների և քննարկումների համար
1	2	3	4	5	6
1	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	ԱՄՆ	4		
2	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Ավստրիա	1	1	
3	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Գերմանիա	1	15	4
4	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Թայվան		1	
5	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Թուրքիա	1		
6	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Իտալիա	4		
7	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Իրաք			1
8	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Հնդկաստան			1
9	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Ղազախստան		1	
10	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Ճապոնիա	2		
11	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Մալտա	1		
12	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Մեծ Բրիտանիա	2		1
13	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Մոլդովա	1		
14	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Նորվեգիա		1	
15	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Շվեյցարիա		1	

16	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Չեխիա	1	4	
17	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Չինաստան	1	1	
18	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	ՌԴ	2	4	1
19	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Ռումինիա	1		
20	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Վրաստան	1		
21	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Քաթար			1
22	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Ֆրանսիա		1	

Աղյուսակ 5

Կազմակերպությունում արտասահմանյան գիտնականների ընդունելություն

№	Կազմակերպությունը	Երկիրը	Ընդունված գիտնականների թվաքանակը		
			Գիտաժողովներին մասնակցելու	Համատեղ գիտական աշխատանք կատարելու	Բանակցությունների և քննարկումների համար
1	2	3	4	5	6
1	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	ԱՄՆ		1	
2	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Գերմանիա		6	3
3	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Արգենտինա		1	
4	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Դանիա			1
5	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Կանադա			1

Աղյուսակ 6

Կազմակերպության միջազգային դրամաշնորհներ

№	Կազմակերպությունը	Թեմայի անվանումը	Հիմնադրամի կամ կազմակերպության անվանումը	Դրամաշնորհի ժամկետը		Ֆինանսավորման ծավալը (\$, €, GBP, руб., դր. և այլն)		Թեմայի ղեկավարը
				սկիզբ	ավարտ	ընդհանուր	2025թ. համար	
1	2	3	4	5		6	7	8
1	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Մոլեկուլային և բջջային կենսաբանության գործնական ուսուցում Հայաստանի երկու ռազմավարական համալսարաններում	Ֆոլքսվագեն հիմնադրամ	2021-2026		142,100 €	9,000 €	Վ. Վարդանյան
2	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Տվյալափոխանակման մասին գիտությունները գենոմային առողջապահության մեջ	ՀՀ ԿԳՄՍՆ ԳԿ - ԳԿՀԴՆ	2024-2026		16,000,000 դր.	4,532,130 դր.	Ա. Առաքելյան

3	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	Խաղողի սելեկցիայի ազգային ծրագրի վերսկսում և հայկական Vitis sylvestris-ի կիրառումը ռեգիստրում սելեկցիայում	ՀՀ ԿԳՄՍՆ ԳԿ - ԳԿՀԴՆ	2024-2026	16,000,000 դր.	9,403,274 դր.	Ք. Մարգարյան
---	------------	--	---------------------	-----------	----------------	---------------	--------------

Աղյուսակ 7

ԳԱԱ գիտաշխատողների 2025թ. հրապարակումների ընդհանուր քանակը

№	Կազմակերպությունը	Մենագրություններ, հոդվածների ժողովածուներ, գրքեր		Դասագրքեր, ուսումնական ձեռնարկներ		Հոդվածներ գրախոսվող ամսագրերում		Հոդվածներ գիտաժողովների նյութերի ժողովածուներում		Թեզիսներ	
		Հանրապետ.	Արտասահմ.	Հանրապետ.	Արտասահմ.	Ընդամենը	Scopus/WoS	Հանրապետ.	Արտասահմ.	Հանրապետ.	Արտասահմ.
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	-	-	-	-	1	39	2	1	6	5

Աղյուսակ 8

Տվյալներ ԳԱԱ համակարգում գործող մասնագիտական խորհուրդների վերաբերյալ

№	Կազմակերպությունը	Ատենախոսության խորհրդի ծածկագիրը	Մասնագիտության ծածկագիրը և անվանումը	Խորհրդի նախագահը, գիտքարտուղարը (գիտ.աստիճան, անուն, ազգանուն)	2025թ. կազմակերպության աշխատակիցների կողմից պաշտպանված ատենախոսությունների թիվը	
					դոկտորական	թեկնածուական
1	2	3	4	5	6	7
1	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	042	Գ.00.03 Մոլեկուլային և բջջային կենսաբանություն	Նախագահ՝ Կ.գ.դ. Սամվել Չախյան Գիտքարտուղար՝ Կ.գ.թ. Ռոքսանա Չախարյան	-	2
2	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	042	Գ.00.04 Կենսաքիմիա	Նախագահ՝ Կ.գ.դ. Սամվել Չախյան Գիտքարտուղար՝ Կ.գ.թ. Ռոքսանա Չախարյան	-	-

Աղյուսակ 9

Աշխատողների թվաքանակի ամփոփ տվյալներն առ 01.01.2026թ.

№	Կազմակերպությունը	Աշխատողների ընդհանուր թիվը	Գիտական աշխատողների ընդհանուր թիվը	ՀՀ ԳԱԱ ակադեմիկոսներ	ՀՀ ԳԱԱ թղթակից անդամներ	Գիտության դոկտորներ	Գիտության թեկնածուներ
1	2	3	4	5	6	7	8
1	ՀՀ ԳԱԱ ՄԿԻ	159	112	-	-	6	53

Աղյուսակ 10

ԳԱԱ համակարգում աշխատող գիտական կադրերի 2025թ. ատեստավորման արդյունքները

1	2	3	4	5	Ատեստավորման արդյունքները			
					6	7	8	9
Գիտական կադրերի թիվը								
1	Կրտսեր գիտաշխատող							
2	Գիտաշխատող							
3	Ավագ գիտաշխատող							
4	Առաջատար գիտաշխատող							
5	Գլխավոր գիտաշխատող							
Ընդամենը՝								
Ճարտարագիտատեխնիկական պաշտոններ								
1	Լաբորանտ կամ ճարտարագետ							
1	2	3	4	5	6	7	8	9
2	Ավագ լաբորանտ կամ ավագ ճարտարագետ							
Ընդամենը՝								
Գիտական ղեկավար պաշտոններ								
1	Գիտական խմբի ղեկավար							
2	Լաբորատորիայի վարիչ							
3	Սեկտորի վարիչ							
4	Բաժանմունքի ղեկավար							
5	Կենտրոնի ղեկավար							
6	Այլ ղեկավար պաշտոններ							
Ընդամենը՝								
ԸՆԴԱՄԵՆԸ՝								

Институт молекулярной биологии РАН РА

Отчет за 2025 год

1. Важнейшие результаты

Впервые в Армении проведено генотипирование виноградного вредителя филлоксеры и организован мониторинг заражённых территорий. Собрано и секвенировано более 100 новых генотипов (рук.: к.б.н. К.Маргарян).

2. Результаты, полученные по базовому финансированию

Показано, что нейтрофилы (HL-60) демонстрируют выраженные фенотипические изменения и активно стимулируют пролиферацию опухолевых клеток молочной железы (MCF-7). В то же время опухолевые клетки модулируют функциональность нейтрофилов в сторону иммунорегуляторного, антиген-презентирующего и опухоль-поддерживающего фенотипа (рук.: к.б.н. Г.Манукян).

В результате филогеномного анализа клинических изолятов *Pseudomonas aeruginosa* установлено разнообразие генетических линий изолятов *P. aeruginosa* с множественной лекарственной устойчивостью (MDR) — ST389, ST483 и ST1203. Полученные результаты свидетельствуют о нарастающем проникновении в регион штаммов *P. aeruginosa*, принадлежащих к международным клонам высокого риска — ST389 и ST654. Выявлена принадлежность XDR (extensively drug-resistant) изолятов *A. baumannii* к генетическим линиям международного клона IC2 (International Clone 2), ассоциированного с распространением множественной лекарственной устойчивости во всем мире (рук.: к.б.н. А.Седракян).

Пополнилась база данных вирусов, и теперь в нее входят 16 представителей различных семейств вирусов (рук.: к.б.н. О.Закарян).

Анализ, проведенный с использованием моделирования молекулярной динамики, показал, что наиболее стабильной конфигурацией взаимодействия вируса Nipah W и белков 14-3-3 человека является гетеродимерное состояние комплекса 14-3-3/W (рук.: д.б.н. К.Назарян).

В результате раскопок, проведенных в пещере Ехегис (область Вайоц Дзор), была расширена территория археологического памятника, взяты образцы костей для определения радиоуглеродного возраста. В окрестностях Сисиана Сюникской области была проведена георазведочная работа, в результате которой были обнаружены 3-4 потенциальных археологических памятника эпохи энеолита (рук.: д.б.н. Л.Епископосян).

Изучение закономерностей повреждения и репарации ДНК в 2D- и 3D-моделях после облучения здоровых (MRC-5) и раковых (A549) клеток человека выявило, что 3D архитектура усиливает ранние повреждения ДНК в обеих линиях, но формирует зависящие от линии клеток кинетики репарации: у MRC-5 повреждения сохраняются дольше, тогда как у A549 репарируются (рук.: к.б.н. Н.Бабаян).

Были разработаны протоколы для оценки оксидативного стресса в реальном времени с использованием двухфотонной микроскопии, а также для выявления двунитевых разрывов ДНК методом иммунного окрашивания. Показано, что облучение AREAL приводило к более высокому уровню двунитевых повреждений ДНК, при этом отмечалось значительно большее накопление этих повреждений в центральной резистентной зоне опухоли (рук.: к.б.н. Н.Бабаян).

Шесть мутаций гена калиевого канала *KCNQ5*, вызывающих заболевания нервной системы у людей, приводят к снижению значений токов каналов, что указывает на причину соответствующих заболеваний (рук.: к.б.н. В.Варданян).

Установлено, что обследованные женщины с инфекцией *Trichomonas vaginalis* (TV) являются носителями по крайней мере одного подвида вируса TV. Показано, что у всех TV-положительных женщин обнаруживаются гигантские протозойные вирусы (Marseilleviridae, Mimiviridae, Phycodnaviridae), тогда как в контрольной группе — только у 40%. Результаты свидетельствуют о возможных взаимодействиях вирус-простейшее, подчёркивая вероятную роль протозойных вирусов в развитии репродуктивных нарушений (рук.: д.б.н. З.Каралян).

Показано, что ряд гастропод способны обеспечивать длительное сохранение вируса африканской чумы свиней, сопровождаемое активной экспрессией генов мультигенной семьи MGF505. Синхронная экспрессия этих генов связана с высокой экспрессией позднего гена B646L и длительной жизнеспособностью вируса (рук.: к.б.н. Г.Авагян).

Проведена инвентаризация некоторых виноградников в регионе Арарат. Было собрано около 75 различных генотипов, для которых созданы первичные паспортные данные. Затем сорта подверглись фрагментному секвенированию с целью идентификации (рук.: к.б.н. К.Маргарян).

Комплексный анализ механизмов поддержания теломер (ТММ) в глиомах выявил, что активность путей ТММ в группах опухолей с короткими и длинными теломерами существенно различается, что обусловлено активностью генов *TERT*, *RAD51* и мутациями *ATRX* и *IDH*. Это указывает на важность выбора терапевтических стратегий в соответствии с генетическими подтипами (рук.: д.б.н. А.Аракелян).

Проведено полноэкзомное секвенирование 200 образцов ДНК. Проанализировано распределение и частота редких генетических вариантов для выявления возможных носителей и характеристики вариантов на популяционном уровне (рук.: д.б.н. А.Аракелян).

3. Результаты, полученные по тематическому финансированию

Результаты, полученные с применением мышиной модели антифосфолипидного синдрома, свидетельствуют о патогенной роли оси TLR1/2-NLRP3 в воспалительных и тромботических ответах (рук.: к.б.н. Г.Манукян).

С помощью виртуального скрининга с применением графовой нейронной сети PLANET для комплексов 14-3-3/таргетный белок (p53, пирин) из 1,2 миллиарда соединений базы данных Enamine REAL отобраны по 10 соединений для каждого комплекса (рук.: д.б.н. К.Назарян).

Протеомный и генетический анализ образцов с территории Армении, охватывающих период от доисторических времен до наших дней, показал, что, несмотря на раннюю и активную культуру использования молочных продуктов в регионе, генетическая адаптация к устойчивости лактазы появилась позже и не стала массовой (рук.: д.б.н. Л.Епископосян).

На основе данных пространственной транскриптомики разработан метод анализа биологических путей, который позволяет оценить взаимодействие межклеточных сигнальных путей и оценить влияние микроокружения ткани на кластеры клеток (рук.: д.б.н. А.Аракелян).

На основе данных о токсикофорах, ассоциированных с канцерогенной активностью, и их молекулярных первичных воздействиях построены нейронные сети путей неблагоприятного исхода (Adverse Outcome Pathways, AOP), точность которых достигает 0,935 ROC-AUC (рук.: к.б.н. Н.Бабаян).

С помощью хемоинформатического анализа более 400000 химических соединений, протестированных против вирусов гриппа А и В человека, было отобрано 2 соединения против РА-эндонуклеазы вируса гриппа, одно из которых продемонстрировало многообещающую противовирусную активность ($SI > 30$) (рук.: к.б.н. О.Закарян).

Впервые в Армении создан гербарий местных и диких форм винограда, собрано и хранится более 200 сортов и диких образцов. Из более чем 55 неизвестных сортов собраны семена и помещены на долгосрочное хранение в банк биоресурсов МИБ (рук.: к.б.н. К.Маргарян).

Были разработаны две вычислительные стратегии для обнаружения биомаркеров теломер в свободно циркулирующей ДНК (cfDNA) (рук.: к.б.н. Л.Нерсисян).

Были изучены местные сорта и дикие формы отобранного винограда с использованием генетических и ампелографических критериев. Отобрано 90 сортов для пересадки в модельный виноградник (рук.: к.б.н. К.Маргарян).

Разработан новый эффективный метод выделения свободно циркулирующей ДНК (cfDNA) из образцов фекалий с высоким выходом ДНК (рук.: к.б.н. Л.Нерсисян).

Исследование противовирусной активности шести ингибиторов различных киназ человека показало, что ингибитор киназы MNK1/2 *tomivosertib* снижает репликацию вирусов гриппа А и В в компетентных клетках MDCK (рук.: к.б.н. А.Акопян).

Анализ полного транскриптома крови жителей горнодобывающего региона выявил изменения в сигнальных путях ассоциированных с иммунным ответом, воспалением, старением, транскрипцией и трансляцией, опосредованных со смесью токсичных металлов (рук.: к.б.н. А.Степанян).

Результаты первого полного транскриптомного анализа железы Молла глазного века выявили активацию групп генов, характерных для функции железы, что отражает

специализированные метаболические способности железа и роль секреции желез в тканевой микросреде глазного века (рук.: к.б.н. М.Никогосян).

Оценивалось влияние космического и гамма-излучения на экспрессию генов в различных органах мышей. Результаты показывают, что основными факторами варибельности экспрессии генов являются пол животных и характер излучения (рук.: д.б.н. А.Аракелян).

Транскриптомный анализ виноградных почек показал согласованную регуляцию биосинтеза тиамина и стильбеноидов во время зимнего покоя, что важно для понимания механизмов адаптации винограда к стрессу (рук.: к.б.н. М.Никогосян).

Механизмы устойчивости к карбапенемам в изолятах *A. baumannii* обусловлены геном *OXA-1223* (OXA-23-подобных) карбапенемаз, а в изолятах *Pseudomonas aeruginosa* геном *VIM-2* карбапенемаз (рук.: к.б.н. А.Седракан).

На моделях глиобластомы крыс пик изменения активности антиоксидантных энзимов (SOD, SA) был продемонстрирован на 5-ые сутки после сверхкороткого электронного облучения. Значительных изменений в частоте повреждений ДНК не наблюдалось (рук.: к.б.н. Г.Казарян).

Электрофизиологические эксперименты 21 мутантных каналов Kv2.1, вызывающих энцефалопатии развития и эпилептические энцефалопатии у людей, показали, что слияние EGFP (Enhanced Green Fluorescent Protein) с С-концом Kv2.1 не изменяет функциональные свойства Kv2.1 каналов (рук.: к.б.н. В.Варданян).

Для комплекса 14-3-3/N был проведен виртуальный скрининг лигандов для обнаружения модуляторов белок-белковых взаимодействий, и было отобрано 10 соединений (рук.: Н.Мурадян).

Результаты морфологической и молекулярной идентификации ископаемых образцов, извлеченных из пещеры Ехегис-1, показывают, что структура биоразнообразия сохраняется во всех слоях пещеры, что подтверждает отсутствие заметных изменений в образе жизни энеолитических сообществ (рук.: С.Мкртчян).

Методом нанопорного секвенирования были обнаружены потенциальные функциональные мутации в гене *MEFV*, которые не были включены в системы ПЦР-тестов, используемые в клинической диагностике (рук.: Л.Гукасян).

Было показано, что клетки HL-60, дифференцированными ATRA, более зрелые по фенотипической, морфологической и транскрипционной активности, в то время как клетки HL-60, дифференцированными DMSO, более активны по функциональным свойствам (рук.: С.Гонян).

Было проведено молекулярное подтипирование хронического лимфолейкоза (ХЛЛ) с использованием данных секвенирования РНК с коротким считыванием ХЛЛ в открытом доступе, и была описана их связь с выживаемостью (рук.: А.Минасян).

На 3D-моделях глиобластомы было показано, что облучение электронным пучком со сверхкоротким импульсом имеет очевидные преимущества по сравнению с традиционной рентгенотерапией, в частности, из-за его способности проникать и повреждать гипоксическую, радиорезистентную ось опухолевых сфероидов (рук.: А.Овакимян).

Было показано, что мотив связывания Zn^{2+} является важным структурным элементом, определяющим нормальную функцию гетеромеризации и ионных проходов белков Kv2 и KvS (рук.: Т.Карапетян).

4. Результаты прикладных разработок

Разработан инструмент PocketMaster, который представляет собой гибкий и автоматизированный инструмент для анализа, кластеризации и интерпретации белковых карманов. Благодаря своим возможностям PocketMaster может служить ценным инструментом на ранних стадиях разработки лекарств, где требуется тщательная и точная оценка белковых структур (рук.: д.б.н. К.Назарян).

Разработан программный пакет tsantsR метаанализа микробиомов, который на основе предоставленной метагеномной базы данных строит сеть, экспрессирующую бактериальный состав. Программный пакет кластеризует узлы сети и прогнозирует их функциональный

потенциал с использованием аннотаций KEGG по сигнальным путям и болезням (рук.: Н.Вардазян).

Institute of Molecular Biology NAS RA

Annual Report 2025

1. Major achievements

For the first time in Armenia, genotyping of the grapevine pest Phylloxera was conducted, accompanied by monitoring of infested areas. More than 100 new genotypes were collected and sequenced (Sup.: cand(biol.) K.Margaryan).

2. Outcomes of Applied Developments

The PocketMaster tool has been developed, which is a flexible and automated tool for the analysis, clustering, and interpretation of protein pockets. Due to its capabilities, PocketMaster can serve as a valuable tool in the early stages of drug development, where careful and accurate protein evaluation is required (Sup.: DSc (biol.) K.Nazaryan).

A software package tsantsR for microbiome meta-analysis has been developed, which, based on a provided metagenomic database, constructs a network representing the bacterial composition. The package clusters the nodes of the network and predicts their functional potential using KEGG pathway and disease annotations (Sup.: N.Vardazaryan).