

საქართველოში გავრცელებული SARS-CoV-2 -ის დელტა ვარიანტის
მუტაციების დახასიათება

ანა შუბითიძე

*სამაგისტრო ნაშრომი წარდგენილია ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტის
საბუნებისმეტყველო მეცნიერებებისა და მედიცინის ფაკულტეტზე მოლეკულური
ბიომეცნიერებების მაგისტრის აკადემიური ხარისხის მინიჭების მოთხოვნების
შესაბამისად*

სიცოცხლის შემსწავლელი მეცნიერებები: მოლეკულური ბიომეცნიერებები

სამეცნიერო ხელმძღვანელი: რევაზ სოლომონია



ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი

თბილისი, 2022

განაცხადი

ვაცხადებ, რომ წარმოდგენილი ნაშრომი „საქართველოში გავრცელებული SARS-CoV-2 -ის დელტა ვარიანტის მუტაციების დახასიათება“ არ შეიცავს სხვა ავტორების მიერ აქამდე გამოქვეყნებულ, გამოსაქვეყნებლად მიღებულ ან დასაცავად წარდგენილ მასალებს, რომლებიც ნაშრომში არ არის მოხსენიებული ან ციტირებული სათანადო წესების შესაბამისად.

ანა შუბითიძე

12.06.2022

აბსტრაქტი

მწვავე რესპირატორული სინდრომის კორონავირუსი 2-ით (SARS-CoV-2) გამოწვეული COVID-19 პანდემია, მეორე მსოფლიო ომის შემდეგ ყველაზე დიდი გამოწვევა აღმოჩნდა კაცობრიობისთვის.

გავრცელების სისწრაფე, მოკლე ინკუბაციის პერიოდი, ვაქცინის ეფექტურობაზე გავლენა, მედიკამენტების მოქმედებაზე პასუხი, სხვა შტამებთან შედარებით, ათასჯერ უფრო მაღალი ვირუსული ტიტრი დაინფიცირებული ადამიანის ორგანიზმში, (Hay et al. - 2021) დაავადების კლინიკურად მიმდინარეობის სიმძიმე - ეს იმ მახასიათებლების არასრული ჩამონათვალია, რაც დელტა შტამს განასხვავებს საწყის-ვუჰანის შტამისგან თუ მიმდინარე პანდემიის სხვა ვარიანტებისგან [1].

დელტა შტამი მუტაციების სიმრავლით და უნიკალურობით გამოირჩევა. მხოლოდ სპაიკ ცილაში (Spike protein S) ვუჰანის შტამთან შედარებით დაახლოებით 25 მუტაციაა აღმოჩენილი. ამასთან, დაფიქსირებულია თანაევოლუციაზე მიმანიშნებელი მკვეთრი კორელაცია, სპაიკ ცილების რიგ მუტაციებსა და სხვა გენებში მომხდარ მუტაციებს შორის. ეს ცვლილებები ძირითადად ორგანიზმში შეჭრის მექანიზმზე მოქმედებს. მაგალითად, მუტაცია - L452R იწვევს სტრუქტურულ ცვლილებებს იმ უბანში, რომელიც ასტაბილურებს სპაიკ ცილისა და მასპინძელი ორგანიზმის ACE2 რეცეპტორის კავშირს (Tian et al. - 2021). მუტაციების დახასიათება მნიშვნელოვანია ვირუსის პათოგენეზის მექანიზმების უკეთ შესწავლისთვის [16].

მოცემული კვლევის მიზანია საქართველოში გავრცელებული დელტა შტამის სხვადასხვა ხაზების დახასიათება, მნიშვნელოვანი მუტაციების იდენტიფიცირება და მათი გავლენის განსაზღვრა დაავადების ფენოტიპზე, ვაქცინის ეფექტურობასა და ვირუსის მოქმედების მექანიზმზე. კვლევა ორ ეტაპს მოიცავს: ლაბორატორიულ ნაწილს და ბიოინფორმატიკულ ანალიზს.

საძიებო სიტყვები: COVID-19, SARS-CoV-2, პანდემია, დელტა შტამი, მუტაცია

აბრევიატურის ჩამონათვალი

SARS-CoV-2 - მწვავე რესპირატორული სინდრომის კორონავირუსი 2

ACE2 - ანგიოტენზინ-გარდამქმნელი ფერმენტი 2

WHO - მსოფლიო ჯანდაცვის ორგანიზაცია

MERS - შუა აღმოსავლეთის რესპირატორული სინდრომი

ADAR - რნმ-ზე მოქმედი ადენოზინ დეამინაზა

APOBECs - აპოლიპროტეინ B ირნმ ედიტიუნგის კატალიტური ცილა

RBD - რეცეპტორ დამაკავშირებელი ცილა

NTD – N-ტერმინალური დომენი

TMPRSS2 - ტრანსმემბრანული სერინის პროტეაზა 2

CT - ზღურბლოვანი კოეფიციენტი

VOC - ვარიანტი მაღალი საშიშროების მაჩვენებლით

VOI - ვარიანტი რომელიც საჭიროებს დაკვირვებას

VBM - ვარიანტი რომელიც საჭიროებს მონიტორინგს

HHS - ჯანდაცვისა და ადამიანის სერვისების დეპარტამენტი

SIG - SARS-CoV-2-ის უწყებათაშორისი ჯგუფი

NIH - ჯანდაცვის საერთაშორისო ინსტიტუტი

FDA - აშშ სურსათისა და წამლების ადმინისტრაცია

mAb - მონოკლონური ანტისხეულები

nAb - მანეიტრალიზებელი ანტისხეულები

Vero / VeroE6 - აფრიკული მწვანე მაიმუნის თირკმლის უჯრედების ხაზი

Calu-3 - ადამიანის ფილტვის სიმსივნის უჯრედული ხაზი

GFP - მწვამნე ფლუოროსცენტული საღებავი

BNT162b2 - BioNTech, Pfizer - ვაქცინა

PANGOLIN - Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages - გლობალური

პანდემიის მემკვიდრული ხაზების ფილოგენეტიკური დახარისხება

პჯრ - პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქცია

ფწ - ფუბე წყვილი