

საქართველოში გავრცელებული მყარი ტკიპების (Ixodidae) მოლეკულურ-
გენეტიკური დახასიათება და ბარკოდირება

ნინო აბაშიძე

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

მოლეკულური ბიომეცნიერებების სამაგისტრო პროგრამა

სამეცნიერო ხელმძღვანელები: ეკატერინე თევდორაძე, ასოცირებული პროფესორი
ვლადიმერ ბარამიძე, საქართველოს აგრარული უნივერსიტეტის ასოცირებული
პროფესორი

ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი,
თბილისი, 2022

როგორც წარდგენილი სამაგისტრო ნაშრომის ავტორი, ვაცხადებ, რომ ნაშრომი წარმოადგენს ჩემს ორიგინალურ ნამუშევარს და არ შეიცავს სხვა ავტორების მიერ აქამდე გამოქვეყნებულ, გამოსაქვეყნებლად მიღებულ ან დასაცავად წარდგენილ მასალებს, რომლებიც ნაშრომში არ არის მოხსენიებული ან ციტირებული სათანადო წესების შესაბამისად.

ნინო აბაშიძე

ხელმოწერა:

თარიღი:

აბსტრაქტი

მყარი ტკიპები (Ixodidae) ინფექციური დაავადებების მნიშვნელოვანი ვექტორები არიან. საქართველოში სხვადასხვა სახეობის ტკიპა არის გავრცელებული, რომელთა მოლეკულური ბარკოდირება ჯერ არ ჩატარებულა. ასევე ფიქსირდება ტკიპით გადამტანი დაავადებების (ბორელიოზი, ყირიმ-კონგოს ჰემორაგიული ცხელება) შემთხვევები. კვლევის მიზანია, შემუშავებულიყო მეთოდი საქართველოში გავრცელებული მყარი ტკიპების მოლეკულურ-გენეტიკური დახასიათების და ბარკოდირებისთვის. ამისათვის, შეირჩა და ოპტიმიზირდა დნმ-ის ექსტრაქციის და პჯრ ამპლიფიკაციის პროტოკოლები. საქართველოს სხვადასხვა რეგიონიდან (შიდა ქართლი, ასპინძა, ახალციხე) შეგროვდა მყარი ტკიპას 300-მდე ნიმუში; 91 ნიმუშიდან გამოიყო სრული გენომური დნმ, მათგან 74-ს ჩაუტარდა COI უბნის პჯრ ამპლიფიკაცია პრაიმერებით HCO/LCO და ChelF1/ChelR2. 25 ნიმუში დასეკვენირდა სანგერის მეთოდით. მიღებული შედეგები დამუშავდა პროგრამით Geneious Prime და მაღალი სანდოობით (Query coverage 99.3 %) დადგინდა ყველა ნიმუშის სახეობა. გაირკვა, რომ 25 ნიმუშიდან 3 იყო *Hyalomma scupense* (შიდა ქართლი და ასპინძა), 4 *Dermacentor marginatus* (შიდა ქართლი), 1 *Hyalomma marginatum* (ასპინძა), 13 *Rhipicephalus annulatus* (ახალციხე და ასპინძა) და 5 *Rhipicephalus bursa* (ახალციხე). ჩამოთვლილი სახეობებიდან ადამიანისთვის ყველა საფრთხის შემცველია (გადააქვთ ყირიმ-კონგოს ჰემორაგიული ცხელება და სხვ.), გარდა სახეობის *Rhipicephalus annulatus*, რომელიც უმეტესად საქონელს აზიანებს. სეკვენირების შედეგების მიხედვით აიგო ტკიპების ფილოგენეტიკური ხე. სეკვენსები, გეოგრაფიული მდებარეობის მითითებით განთავსდა ბიომრავალფეროვნების საერთაშორისო ბაზაში - BOLD.

Abstract

Hard ticks (Ixodidae) are important vectors of infectious diseases. Different species of hard ticks are distributed in Georgia, which are not barcoded yet. Cases of tick-borne diseases (borreliosis, Crimean-Congo hemorrhagic fever) have also been reported. The aim of this research was to develop a method for molecular-genetic characterization and barcoding of hard ticks distributed in Georgia. DNA extraction and PCR amplification protocols were selected and optimized. Up to 300 samples of hard ticks were collected from different regions of Georgia (Shida Kartli, Aspindza, Akhaltsikhe); gDNA was extracted from 91 samples, COI region of 74 samples were PCR amplified with primers HCO/LCO and ChelF1/ChelR2. 25 samples were sequenced with Sanger sequencing method. Results were analyzed in Geneious Prime and all sample species were identified with high reliability (Query coverage 99.3 %). It was found that 3 out of 25 samples were *Hyalomma scupense* (Shida Kartli and Aspindza), 4 *Dermacentor marginatus* (Shida Kartli), 1 *Hyalomma marginatum* (Aspindza), 13 *Rhipicephalus annulatus* (Akhaltsikhe and Aspindza) and 5 *Rhipicephalus bursa* (Akhaltsikhe). All of the listed species pose a threat to humans (including Crimean-Congo hemorrhagic fever, etc.), except for the species *Rhipicephalus annulatus*, which mostly infects cattle. The phylogenetic tree of hard ticks was built according to the sequencing results. The sequences, with indications of geographical locations, were uploaded in the International Biodiversity Database - BOLD.