

Avian orthoavulavirus 1-ის გენეტიკური შესწავლა საქართველოს წყალმცურავ ფრინველებში

ნინო უსტიაშვილი

სამაგისტრო ნაშრომი წარდგენილია ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტის
საბუნებისმეტყველო მეცნიერებებისა და მედიცინის ფაკულტეტის სიცოცხლის
შემსწავლელ მეცნიერებათა (გამოყენებითი გენეტიკა) მაგისტრის აკადემიური
ხარისხის მინიჭების მოთხოვნების შესაბამისად

სამეცნიერო ხელმძღვანელი: ასოც. პროფესორი მარინე მურცხვალაძე

თანახელმძღვანელი: მკვლევარი ლევან ნინუა

ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი

თბილისი, 2024

აბრევიატურები, შემოკლებები, სიმბოლოები

მაგ. - მაგალითად

იხ. - იხილეთ

სხვ. - სხვა

ა.შ. - ასე შემდეგ

სურ. - სურათი

ცხრ. - ცხრილი

პჯრ - პოლიმერაზას ჯაჭვური რეაქცია

რნმ - რიბონუკლეინის მჟავა

NJ – Neighbor Joining Tree

NCBI – National Centre for Biotechnology Information

NGS – Next Generation Sequencing

PCR – Polymerase Chain Reaction

სარჩევი

აბსტრაქტი.....	4
1. შესავალი.....	5
1.1 საკვლევი თემის აქტუალობა.....	5
1.2 ლიტერატურის მიმოხილვა.....	7
2. მასალა და მეთოდები	10
2.1 საკვლევი მასალები	10
2.2 ლაბორატორიული კვლევა	11
2.3 <i>Avian orthoavulavirus 1</i> -ის F გენისა და ვირუსის გენომის სიქვენსებისა და მონაცემების ანალიზი	14
3. შედეგები.....	17
4. დისკუსია	23
5. დასკვნები	27
ბიბლიოგრაფია	28
მადლობა	34
დანართი	35

აბსტრაქტი

საქართველოში მოცირკულირე *Avian orthoavulavirus 1*-ის გენეტიკური კვლევის მიზნით, 2023-2024 წლებში შევისწავლე საქართველოში გავრცელებული წყალმცურავი ფრინველების 1831 ნიმუში, რომლებიც შეგროვდა 2022-2024 წლებში. კლინიკური დიაგნოსტიკით მიღებული ვირუსის დადებითი ამპლიკონები კაპილარული ელექტროფორეზის მეთოდით დავასექვენირე. კვლევაში ასევე გამოვიყენე ვირუსული გენომის სიქვენსები, რომელიც დასექვენირდა ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტის გენეტიკური კვლევის ლაბორატორიაში. ფილოგენეტიკური ხეების მიხედვით საქართველოში გამოყოფილი იზოლატები დაჯგუფდნენ რუსეთის, უკრაინასა და ჩინეთის 2016, 2017, 2018 და 2019 წლებში მოცირკულირე შტამებთან. კვლევის ფარგლებში იდენტიფიცირებული *Avian orthoavulavirus 1*-ის გენომი ყველაზე მეტად რუსეთის ჩანის ტბის იზოლატის (NCBI-ის საიდენტიფიკაციო ნომრით - MZ825550) მსგავსია, თუმცა გენომის შედარების შედეგმა აჩვენა, რომ ეს იზოლატები არაა იდენტური და სხვადასხვა შტამებს მიეკუთვნება.

Avian orthoavulavirus 1-ის F გენის, ასევე მთლიანი გენომური კვლევის საფუძველზე საქართველოში გავრცელებული ვირუსი იდენტიფიცირდა მე-II კლასის I.2. გენოტიპად. კვლევამ ასევე აჩვენა, რომ 2022 წელს საქართველოში ცირკულირებდა *Avian orthoavulavirus 1* ერთიდაიგივე შტამი.

საკვანძო სიტყვები: *Avian orthoavulavirus 1*, წყალმცურავი ფრინველები, საქართველო, გენოტიპირება, ფილოგენეტიკა.