

საქართველოში, გარეულ ფრინველებში გამოვლენილი, ფრინველის  
გრიპის ვირუსების ფილოგენეტიკური კავშირები ევრაზიაში გავრცელებულ  
ვირუსებთან

ანა პაპკიაური

*სამაგისტრო ნაშრომი წარდგენილია ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტის  
საბუნებისმეტყველო მეცნიერებებისა და საინჟინრო ფაკულტეტზე გამოყენებითი  
გენეტიკის აკადემიური ხარისხის მინიჭების მოთხოვნების შესაბამისად*

გამოყენებითი გენეტიკა

სამეცნიერო ხელმძღვანელი: ასოცირებული მკვლევარი ზურა ჯავახიშვილი

ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი

თბილისი, 2017 წელი

## აბსტრაქტი

ფრინველის გრიპი წარმოადგენს ზოონოტურ ინფექციას, რომელსაც იწვევს გრიპის A ტიპის ვირუსი. ვირუსი გარემოში ხვდება ბუნებრივი მატარებლის ფრინველის ექსკრემენტის საშუალებით, ინფიცირება კი ძირითადად ფეკალურ-ორალური გზით ხორციელდება. ვირუსის ბუნებრივ მატარებლებს გარეული ფრინველები წარმოადგენენ, რომელთა მიგრაცია ხელს უწყობს ვირუსების გავრცელებას მთელ მსოფლიოში და ზრდის პანდემიის რისკს. რადგან საქართველო მდებარეობს გარეული ფრინველების ორი სამიგრაციო მარშრუტის აღმოსავლეთ აფრიკა-დასავლეთ აზია და ხმელთაშუა-შავი ზღვის მარშრუტების გადაკვეთაზე ყოველწლიურად ხდება ათასობით ფრინველების გადაფრენა. სეზონური მიგრაციების დროს, კავკასიის რეგიონს, ევრაზიის სხვადასხვა ნაწილში მოზუდარი, ათასობით გადამფრენი ფრინველი კვეთს. სხვადასხვა ქვეტიპების მატარებელი ფრინველების ერთ ტერიტორიაზე არსებობა ზრდის რისკს კონინფექციისა, რაც თავისთავად ვირუსებს შორის რეასორტიმენტის ალბათობას ზრდის. რეასორტიმენტი ხელს უწყობს ახალი ქვეტიპის ვირუსების წარმოქმნას და ზრდის მაღალპათოგენური ვირუსის წარმოქმნის ალბათობას. ჩვენი მიზანი იყო, გაგვეჩვენა საქართველოში გამოყოფილი ვირუსები მიეკუთვნებოდნენ ევროპულ გენეტიკურ ხაზებს, ევროპაში მოცირკულირე ვირუსებს თუ აზიურ გენეტიკურ ხაზებს და გაგვეჩვენა რომელი სამიგრაციო გზებიდან ხდებოდა ვირუსების შემოდინება საქართველოში, რაც მოგვცემდა შემდგომ რისკების შეფასების საშუალებას. ამისთვის გამოყენებულ იქნა საქართველოში, ჩვენს მიერ მოპოვებული 33 გრიპის ვირუსის მთელი გენომი რასაც დაემატა ევროპასა და აზიაში 2008-2015 წლებში იდენტიფიცირებული ვირუსების სექვენსები, რომლებიც ჩამოვტვირთე საერთაშორისო გრიპის კვლევის მონაცემთა ბაზიდან. ამ სექვენსების გამოყენებით ვირუსის 5 სეგმენტზე ავაგე ფილოგენეტიკური ხეები და გავაკეთე გადაფრენის მარშრუტების რუკები. ჩემი კვლევის შედეგად დადგინდა, რომ საქართველოში გამოყოფილი ვირუსები ენათესავება როგორც ევროპაში ისე აზიაში მოცირკულირე ვირუსებს. თუმცა ვირუსების უმეტესობა თითოეული

სეგმენტის მიხედვით ევროპაში გამოყოფილ ვირუსებს ემთხვევა. აღმოჩნდა, რომ თოლიებში ცირკულირებს უფრო მეტად H13 H16 ქვეტიპის ვირუსები, რომლებიც თითქმის ყველა სეგმენტის მიხედვით ევროპაში მოცირკულირე ვირუსებს ენათესავება. გარდა ამისა, გამოიყო ქვეტიპები რომელთა სეგმენტებიც ენათესავება, როგორც აზიაში ისე ევროპაში მოცირკულირე ვირუსებს და წარმოადგენენ რეასორტიმენტულ ქვეტიპებს. აღმოჩნდა რომ ვირუსების უმრავლესობა საქართველოში მოხდა თოლიების საშუალებით აღმოსავლეთ ატლანტური სამარშრუტო გზით.

## Abstract

Avian influenza virus is a zoonotic disease caused by Influenza type A virus. The virus is spread by fecal-oral contamination of untreated water. Wild waterfowl are the natural reservoir of avian influenza type A viruses. Migratory wild birds consequently play a major role in spreading avian viruses all over the world, and would be implicated in any epidemic. Three flyways for migratory birds, the Central Asian, East Africa-West Asian, and Mediterranean-Black Sea flyways converge in the Caucasus region, and hence many wild birds aggregate in high concentration in that area. The Caucasus, at the border of Europe and Asia and the confluence of these flyways, is therefore very important for wild bird migration. This fact helps to increase co-infection rate in host populations. Moreover, co-infection is the source of re-assortment events that generate new HPAI (Highly pathogenic avian influenza ) strains of influenza. Re-assortment is the process by which viruses carrying segmented genomes exchange gene segments. Our goal was to understand how viruses isolated in Georgia were related to Europe viral lineages, likewise viruses which are circulating in Asia, and the impact of migratory flyways on the spread of avian influenza virus in Georgia: which flyway(s) play major role(s) in contributing to viral infections in Georgia, and how this effects risk assessment. I used 33 full genome sequences from viruses isolated in Georgia, these were compared to downloaded viral sequences from Europe and Asia during (2008-2015 isolates), from the Influenza Research Database. 5 phylogenetic trees corresponding to 5 segments, were generated, and analyzed using phylogeographic methods, incorporating migratory flyway data. Our results show that most viruses isolated in Georgia are more closely related to European lineages than Asian viruses. We discovered that H13 H16 subtype circulated in Mallards, and they shared greater homology of segments with European lineages. Furthermore, we found that while particular segments of viruses are more closely related to European linages, there is evidence of recombination of some segments from Asian lineages. Thus, we can assume that these viruses are reassortment subtypes. Our research shows that migratory flyways have important effects on the spread of avian influenza viruses in Georgia. Finally, our data show that, for the majority of viruses which were isolated in Georgia from mallard, they are spreading via the West Atlantic migratory flyway.