

„საქართველოში შინაურ და გარეულ ცხოველებში გავრცელებული ცოფის
ვირუსის გენეტიკური მრავალფეროვნების შესწავლა“

ანა კაპანაძე

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

პროგრამა: გამოყენებითი გენეტიკა

სამეცნიერო ხელმძღვანელი: ასოცირებული პროფესორი მარინე მურცხვალაძე,

პროფესორი ირაკლი გულედანი

კონსულტანტი: თინათინ ელბაქიძე, PhD

ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი

თბილისი, 2018 წელი



აბსტრაქტი

ცოფი ვირუსული ზოონოზური დაავადებაა, რომელიც იწვევს ფატალურ ენცეფალიტს ყველა თბილისისხლიან ცხოველში, მათ შორის ადამიანში. დაავადების გავრცელების ძირითად გზას წარმოადგენს დაავადებულ ცხოველთან უშუალო კონტაქტი - კბენა, დაკაწვრა, დადორბვლა.

საქართველო მსოფლიოში ერთ-ერთ პირველ ადგილზეა პოსტექსპოზიციური ანტირაბიული პროფილაქტიკური აცრების მაჩვენებლის მხრივ (100 000 მოსახლეზე იცრება 1311,3 ადამიანი) (NCDC ეპიდემიოლოგიური ბიულეტენი #5, ტომი 21; ჰიდროფობია (ცოფი), 2017). 1993-2002 წლების პერიოდში აღირიცხა ცოფის 96 საექვო შემთხვევა, ხოლო 2002-2016 წლებში ცოფის 1400 შემთხვევა იქნა ლაბორატორიულად დადასტურებული.

ჩვენი კვლევის მთავარ მიზანს წარმოადგენდა საქართველოში გავრცელებული ცოფის ვირუსული შტამების გენეტიკური მრავალფეროვნების შესწავლა და ვირუსის ტიპის შედარება რეგონში გავრცელებულ სხვა შტამებთან.

კვლევაში გამოვიყენეთ საქართველოს 8 რეგიონში სხვადასხვა ცხოველებში გავრცელებული 76 ცოფის ვირუსი. 66 ნიმუშის სრული N გენის სექვენირება მოხდა ამერიკის დაავადებათა კონტროლის ცენტრის ცოფის დეპარტამენტის მიერ (CDC Atlanta, Rabies and Pox virus Branch), ხოლო 10 ნიმუშის N გენის არასრული ფრაგმენტის სექვენირება განხორციელდა სოფლის მეურნეობის ლაბორატორიაში(სმსლ). ფილოგენეტიკურმა ანალიზმა აჩვენა რომ 2014-2016 წწ. გამოყოფილი ქართული შტამები იყოფა ორ ჯგუფად, რომელთაგან ერთი გავრცელებულია ძირითადად კახეთის რეგიონში და ენათესავება ევროპაში (ესტონეთი, იუგოსლავია, სერბეთი) და აზიის ზოგიერთ ქვეყანაში (ირანი, ჩინეთი, ყაზახეთი, ტაჯიკეთი) მათ შორის აზერბაიჯანში გავრცელებულ შტამებს, ხოლო მეორე საქართველოს თითქმის ყველა რეგიონში ცირკულირებს და დაჯგუფებულია აზიაში (თურქეთი, ირანი, ერაყი და რუსეთის აზიური ნაწილი) გავრცელებულ ცოფის ვირუსებთან; 2018 წელს კახეთში და სამეგრელოში გამოყოფილი ოთხი შტამი კი ქმნიან დამოუკიდებელ კლადას და არ

ჯგუფდებიან კავკასიის რეგიონში გავრცელებულ სხვა შტამებთან. ამასთან, კვლევა აჩვენებს რომ საქართველოში გავრცელებული ცოფის ვირუსის უმრავლესობა არის ძალღთან ასოცირებული კოსმოპოლიტური ცოფის ვირუსული შტამები.

Abstract

Rabies is a fatal zoonotic disease caused by rabies virus, frequently characterized by acute encephalitis in all warm-blooded animals including human. The transmission of rabies virus is often through the saliva of an infected mammals. Georgia is one of the leading countries with high post-exposure vaccination rate (1311,3 vaccinated per 1000000) (NCDC Epidemiology Bulletin #5/Vol.21; 2017) and there are 96 suspected rabies cases during 1993-2002 and 1400 laboratory confirmed rabies cases during 2002-2016 respectively (Epidemiology Bulletin 2017/Vol.21 N5; NCDC).

The main goal of our research is to study the genetic diversity of rabies viruses spread in Georgia and perform comparative sequence analysis with the rabies virus strains circulating in the region.

In the survey we used 76 rabies virus spread across different animals in 8 regions of Georgia. 66 samples of the complete N gene were sequenced by the rabies department of the American Disease Control Center (CDC Atlanta, Rabies and Pox virus Branch) and 10 fragments of N gene were sequenced in the laboratory of Ministry of agriculture. The phylogenetic tree of Georgian strains isolated in 2014-2016 determined two different groups. Group one was circumscribed within the Kakheti region and the group two was widespread in 8 regions.

The phylogenetic analysis suggest that group one is mainly circumscribed within the Kakheti region and had a common ancestor with RABV found in Europe (Estonia, Yougoslavia, Serbia) and Asia (Tajikistan, Kazakhstan, China, Russia) including Azerbaijan.. group two is distributed in all 8 regions of Georgia and has a common ancestor with RABV found in Russia, Iran and Turkey. All currently circulating rabies groups in Georgia are related to the dog variant.. In addition, research reveals that most of the rabies virus spread in Georgia is a viral strain of cosmopolitan rabies associated with the dog. Four Sequences isolated in 2018 in Kakheti and Samegrelo region formed independent clade and was not grouped with any other sequences.