

## საქართველოში მოცირკულირე გრიპის ვირუსების A/H3N2 და A/H1N1pdm09 გენეტიკური დახასიათება და ეპიდემიოლოგიური მიმოხილვა

სეზონური გრიპის ვირუსები, როგორცაა A/H3N2 და A/H1N1pdm09, წარმოადგენენ საზოგადოებრივი ჯანმრთელობის მნიშვნელოვან გამოწვევას ხშირი მუტაციების და ახალი შტამების წარმოქმნის - გამო. გენეტიკური ანალიზი და ეპიდემიოლოგიური ზედამხედველობა გადაწყვეტ როლს თამაშობს გრიპის ვირუსების ევოლუციური შაბლონების გაგებაში, რადგან სპეციფიკურ მუტაციებს შეუძლიათ გავლენა მოახდინონ სხვადასხვა ფაქტორებზე, როგორცაა გადაცემის პოტენციალის ცვლილება, დაავადების სიმძიმე, ვაქცინებისა და ანტივირუსული მკურნალობის ეფექტურობა. აქედან გამომდინარე, ამ კვლევის ძირითადი მიზანია საქართველოში გამოვლენილი A/H3N2 და A/H1N1pdm09 გრიპის ვირუსების ფილოეპიდემიოლოგიური შესწავლა გრიპის ხუთი სეზონის განმავლობაში, რომელიც მოიცავს 2019-2024 წლებს.

გრიპის ვირუსის რნმ-ები დასექვენირდა ახალი თაობის სექვენირების მეთოდით, Illumina-ს MiSeq და MiSeq DX პლატფორმების გამოყენებით. ნიმუშების სექვენირებისთვის გამოიყენებოდა Nextera XT Illumina ნაკრები. აიტვირთა გრიპის ვირუსების გენების საერთაშორისო ბაზაში (GISAID). ასევე, აიგო ფილოგენეტიკური ხეები პროგრამა Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) საშუალებით.

2019 - 2024 წლების გრიპის სეზონებზე საყრდენი ბაზებიდან სამივე ლაბორატორიაში (თბილისი, ქუთაისი, ბათუმი) გამოკვლეულია 14 984 ნიმუში, რომლებიც აღებულია გრიპის საყრდენი ბაზებიდან. დაფიქსირდა A გრიპის სულ 1485 ლაბორატორიულად დადასტურებული შემთხვევა. გრიპის სამი სეზონის განმავლობაში (2019-2020; 2021-2022; 2022-2023) დომინანტი იყო

A/H3N2 ვირუსი, ხოლო 2023-2024 წწ. ძირითადად პრევალირებდა A/H1N1pdm09 ვირუსი.

გრიპის ვირუსების გენომურმა პროფილმა გამოავლინა საქართველოში მოცირკულირე გრიპის შტამების მრავალფეროვნება და შესაბამისობაში იყო ევროპის რეგიონში დაფიქსირებულ ტენდენციებთან. საქართველოში მოცირკულირე შტამებს აღენიშნებოდათ მთელი რიგი მუტაციები ვაქცინურ შტამებთან შედარებით. არცერთ ვირუსს არ აღმოაჩნდა NA გენში H275Y მუტაცია, რომლის არსებობა მიუთითებს ანტივირუსული პრეპარატების მიმართ შემცირებულ მგრძობელობას.

ამ კვლევის შედეგად მიღებული მონაცემები კარგი დასტურია იმასა, რომ გრიპის ვირუსები უწყვეტად განიცდიან სწრაფ გენეტიკურ ცვალებადობას. საქართველოში მიღებული გრიპის ვირუსების ფილოეპიდემიოლოგიური მონაცემების გაზიარება გადამწყვეტია ვირუსული გადაცემის დინამიკის გასაგებად და გრიპის პრევენციისა და კონტროლის ეფექტური სტრატეგიების შემუშავებისთვის მთელ მსოფლიოში.