



რიკეტსიების გავრცელება და სახეობრივი მრავალფეროვნება საქართველოს ტერიტორიაზე მოპოვებულ ტკიპებში

Distribution and species diversity of rickettsiae in ticks collected in Georgia

DOI: <https://doi.org/10.52340/healthecosoc.2024.08.02.06>

ნინო ბერიშვილი^{1,2a}, შოთა ცანავა^{1,2b}, გიორგი ჩახუნაშვილი^{2c}, ეკატერინე ხმალაძე^{2d}, როენა სუხიაშვილი^{2e}, ეკატერინე ჟღენტი^{2f}

Nino Berishvili^{1,2a}, Shota Tsanava^{1,2b}, Giorgi Chakhunashvili^{2c}, Ekaterine Khmaladze^{2d}, Roena Sukhiashvili^{2e}, Ekaterine Zhgenti^{2f}

¹ დაავადებათა კონტროლისა და საზოგადოებრივი ჯანმრთელობის ეროვნული ცენტრი, თბილისი, საქართველო.

¹ National Center for Disease Control and Public Health, Tbilisi, Georgia.

² ივ. ჯავახიშვილის სახელობის თბილისის სახელმწიფო უნივერსიტეტის მედიცინის ფაკულტეტი, თბილისი, საქართველო.

² Iv. Javakhishvili Tbilisi State University, Faculty of Medicine, Tbilisi, Georgia, Tbilisi, Georgia.

აბსტრაქტი

შესავალი: რიკეტსიოზური დაავადებები, რომლებიც გამოწვეულია Rickettsia-ს გვარის ობლიგატური შიდაუჯრედული გრამ-უარყოფითი ბაქტერიებით, წარმოადგენენ მნიშვნელოვან საზოგადოებრივი ჯანმრთელობის პრობლემას, მათი პოტენციური მძიმე ავადობისა და სიკვდილიანობის გამო. კვლევის მიზანი იყო საქართველოს სხვადასხვა რეგიონიდან მოპოვებულ ტკიპებში Rickettsia spp.-ის გავრცელებისა და სახეობათა მრავალფეროვნების განსაზღვრა, რაც გააუმჯობესებს ეპიდემიოლოგიურ მონაცემებს და ხელს შეუწყობს საზოგადოებრივი ჯანმრთელობის სტრატეგიების შემუშავებას. **მეთოდები:** 2020 წლიდან 2022 წლამდე, 699 შერეული ტკიპების ნიმუში შეგროვდა კახეთის, შიდა ქართლის, სამეგრელოსა და მცხეთა-მთიანეთის რეგიონებიდან. ნიმუშები ჰომოგენიზებული იყო, შენახული -80°C ტემპერატურაზე და დამუშავდა Qiagen-ისა და MagMAX™ CORE Nucleic Acid Purification-ის კომპლექტებით, დნმ-ის ექსტრაქციისთვის. Rickettsia-ს გვარზე სპეციფიკური 17-kD გენის სამიზნე რაოდენობრივი PCR (qPCR) გამოყენებულ იქნა Rickettsia-ს სკრინინგისთვის. დადებითი ნიმუშები შემდგომი ანალიზისთვის გაიზავნა სახეობაზე სპეციფიკური qPCR ტესტირებისკენ, რათა გამოვლენილიყო R. raoultii, R. slovaca, R. aeschlimannii და R. monacensis სახეობები. **შედეგები:** 699 ნიმუშიდან 160-ში (22.9%) დაფიქსირდა Rickettsia-ს დნმ. ორი ნიმუში გამოირიცხა სახეობაზე სპეციფიკური ანალიზიდან სუსტი დადებითობის გამო. გამოვლენილი

^a n.berishvili@ncdc.ge <https://orcid.org/0009-0008-5915-9741> (კორესპონდენტი ავტორი, Corresponding author)

^b sh.tsanava@ncdc.ge <https://orcid.org/0009-0007-0886-9447>

^c g.chakhunashvili@ncdc.ge <https://orcid.org/0009-0004-4083-7160>

^d e.khmaladze@ncdc.ge <https://orcid.org/0000-0002-2541-4897>

^e r.sukhiashvili@ncdc.ge <https://orcid.org/0009-0004-3256-8060>

^f eka_zh@ncdc.ge <https://orcid.org/0000-0003-1297-1405>



სახეობები იყო: *R. raoultii* (3.2%), *R. slovaca* (11.4%), *R. aeschlimannii* (39.2%) და *R. monacensis* (10.8%). მრავალსახეობიანი კო-ინფექცია გამოვლინდა დადებითი ნიმუშების 10.01%-ში, ხოლო 39 ნიმუშში ვერ დაფიქსირდა რომელიმე სამიზნე სახეობა. **დასკვნა:** კვლევის შედეგად დადგინდა/დადასტურდა რიკეტსიების მრავალფეროვნება საქართველოს ტკიპებში და *R. monacensis*-ის უწყვეტ გავრცელებას. ეს მიგნებები ხაზს უსვამს გაძლიერებული ზედამხედველობისა და სწრაფი რეაგირების სტრატეგიების აუცილებლობას, რათა შემცირდეს რიკეტსიულ დაავადებებთან დაკავშირებული საზოგადოებრივი ჯანმრთელობის რისკები. აუცილებელია მონიტორინგისა და კონტროლის ზომების გაძლიერება, რაც საშუალებას მისცემს საფრთხეების ეფექტურ გამკლავებას და საზოგადოებრივი ჯანმრთელობის დაცვის უზრუნველყოფას.

საკვანძო სიტყვები: რიკეტსია, ტკიპით გადაცემადი დაავადება, პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქცია, ეპიდემიოლოგია, საქართველო.

ციტატა: ნინო ბერიშვილი, შოთა ცანავა, გიორგი ჩახუნაშვილი, ეკატერინე ხმალაძე, როენა სუხიაშვილი, ეკატერინე ჟღენტი. რიკეტსიების გავრცელება და სახეობრივი მრავალფეროვნება საქართველოს ტერიტორიაზე მოპოვებულ ტკიპებში. ჯანდაცვის პოლიტიკა, ეკონომიკა და სოციოლოგია, 2024; 8 (2). DOI: <https://doi.org/10.52340/healthecosoc.2024.08.02.06>

Abstract

Introduction: Rickettsial diseases, caused by obligate intracellular Gram-negative bacteria of the genus *Rickettsia*, are a significant public health concern due to their potential for severe morbidity and mortality. This study aimed to determine the prevalence and species distribution of *Rickettsia* spp. in tick populations from various regions of Georgia, providing critical updates to epidemiological data and informing public health strategies. **Methods:** From 2020 to 2022, 699 pooled tick samples were collected from the Kakheti, Shida Kartli, Samegrelo, and Mtskheta-Mtianeti regions. The samples were homogenised, stored at -80°C , and processed using Qiagen and MagMAX™ CORE Nucleic Acid Purification Kits for DNA extraction. Quantitative PCR (qPCR) targeting the genus-specific 17-kD gene was employed to screen for *Rickettsia*. Positive samples underwent further analysis with species-specific qPCR assays to identify *R. raoultii*, *R. slovaca*, *R. aeschlimannii*, and *R. monacensis*. **Results:** Among the 699 samples, 160 tested positive for *Rickettsia* DNA. Two samples were excluded from species-specific analysis due to weak positivity. Detected species included *R. raoultii* (3.2%), *R. slovaca* (11.4%), *R. aeschlimannii* (39.2%), and *R. monacensis* (10.8%). Co-infection with multiple species was observed in 10.01% of positive samples, with 39 samples not containing any of the targeted species. **Conclusion:** The study highlights the diverse presence of rickettsial pathogens in Georgian ticks and confirms the ongoing prevalence of *R. monacensis*. These findings underscore the urgent need for enhanced surveillance and rapid response strategies to mitigate the public health risks associated with rickettsial diseases. Strengthening monitoring and control measures will be crucial in addressing these health threats effectively.

Keywords: *Rickettsia*, Tick-Borne Diseases, Polymerase Chain Reaction (PCR), Epidemiology, Georgia.

Quote: Nino Berishvili, Shota Tsanava, Giorgi Chakhunashvili, Ekaterine Khmaladze, Roena Sukhiashvili, Ekaterine Zhgenti. Distribution and species diversity of rickettsiae in ticks collected in Georgia. *Health Policy, Economics and Sociology*, 2024; 8 (2). DOI: <https://doi.org/10.52340/healthecosoc.2024.08.02.06>

შესავალი

Rickettsia-ს გვარში შემავალი ორგანიზმები არიან ობლიგატური შიდაუჯრედული ბაქტერიები, რომლებიც იწვევენ რიკეტსიოზულ დაავადებებს (Helminiak, 2022), (Azad, 1998). ეს

გრამ-უარყოფითი, ჩხირის ფორმის ბაქტერიები (Diop, 2018) მიეკუთვნებიან ვექტორებით გადაცემადი პათოგენების ჯგუფს, რომლებსაც შეუძლიათ მთელი მსოფლიოს მასშტაბით მწვავე და ხანგრძლივი დაავადებების გამოწვევა (Moreira, 2018). რიკეტსიები გამოიწვევის მიხედვით კლასიფიცირდება რამდენიმე კატეგორიაში: ტიფი, ლაქოვანი ცხელება, გარდამავალი და წინაპრული ჯგუფები (Dehghani, 2019). თავისი ბიოლოგიური მახასიათებლების გამო, როგორცაა მცირე ზომა, ინფიცირებულ მასპინძლებში გამძლეობა, გარემოში სტაბილურობა, აეროზოლის გადაცემის უნარი, დაბალი ინფექციური დოზა, მაღალი ავადობა და სიკვდილიანობა, Rickettsia ადრე განიხილებოდა, როგორც ბიოლოგიური იარაღის პოტენციური წყარო (Azad, 2007). გარდა ამისა, კლიმატის ცვლილებებმა ხელი შეუწყო რამდენიმე ტკიპის სახეობის გავრცელებას, რამაც გამოიწვია ტკიპებით გადაცემული რიკეტსიოზების სიხშირის ზრდა მსოფლიოს სხვადასხვა რეგიონში (Piotrowski, 2020).

რიკეტსიული ინფექციების კლინიკური გამოვლინებები ხშირად ერთმანეთს ჰგავს, თუმცა მათი ეპიდემიოლოგია და გამოიწვევი სახეობები რეგიონების მიხედვით შეიძლება განსხვავდებოდეს. ამ პათოგენებთან დაკავშირებული მაღალი ავადობა და სიკვდილიანობა ხაზს უსვამს საჭიროებას ზუსტად იდენტიფიცირდეს თითოეული რეგიონის ეპიდემიოლოგიური თავისებურებები და ამ ინფექციებისთვის დამახასიათებელი სიმპტომები. ეს პროცესი კრიტიკულია დაავადების დროული დიაგნოსტიკისა და შესაბამისი მკურნალობის დანიშნისთვის და გადამწყვეტია მისი ეფექტური მართვისთვის [8].

ამ ინფექციების კლინიკური სპექტრი მერყეობს მსუბუქი შემთხვევებიდან მძიმე შემთხვევებამდე და ზოგჯერ შეიძლება ლეტალობით დასრულდეს (Parola, 2013), (Cohen, 2021). კლინიკურ შედეგებზე გავლენას ახდენს ასაკი, დიაგნოზის დასმის დროულობა და მკურნალობა (Biggs, 2016). რიკეტსიულმა ინფექციებმა შეიძლება გამოიწვიოს სისხლძარღვების დაზიანება და ანთება (Walker, 1988), ნერვული სიმპტომები (Biggs, 2016), სეფსისი (Sekeyova, 2019), ინტერსტიციალური პნევმონია და მწვავე რესპირატორული დისტრეს სინდრომი (Tran, 2019), ორგანოთა უკმარისობა (Cracco, 2000), და მძიმე შემთხვევებში შესაძლოა განვითარდეს ფართო ნეკროზი და კიდურების განგრენა, რაც ქირურგიულ ჩარევას მოითხოვს (Kirkland, 1993). ყველა ცნობილი რიკეტსიული სახეობა, რომელიც იწვევს ადამიანის დაავადებებს, დამოკიდებულია ათროპოდ ვექტორებზე, როგორცაა ტკიპები, რწყილები და ტილები (Adem, 2019).

ადამიანები რიკეტსიული ინფექციების შემთხვევითი მასპინძლები არიან და ჩვეულებრივ არ მონაწილეობენ ამ ინფექციების გავრცელებაში. ამის ნაცვლად, რიკეტსიები ინარჩუნებენ თავს მღრღნელების და მსგავსი მასპინძლების, მათი ათროპოდ ვექტორების მეშვეობით (Helminiak, 2022). ადამიანი ინფიცირდება მაშინ, როდესაც მას უკბენს ინფიცირებული ათროპოდ ვექტორი, ან როდესაც ინფიცირებული სეკრეტები ათროპოდიდან ხვდება დაზიანებულ კანზე ან ლორწოვან გარსებზე (Helminiak, 2022), (Adem, 2019).

საქართველოში რიკეტსიოზები ძირითადად ტკიპებით გადაეცემა, თუმცა ამ თემაზე ინფორმაცია ჯერ კიდევ შეზღუდულია (Sukhiashvili, 2020). 2014 წლის კვლევამ აჩვენა, რომ Rickettsia აღმოჩენილი იყო საქართველოს ყველა შესწავლილ რეგიონში, სადაც ნიმუშების 33%-ში დადებითი შედეგი დაფიქსირდა (Zhgenti, 2014). უფრო ახალმა კვლევამ, რომელიც ჩატარდა 2012-2016 წლებში, საქართველოს რვა რეგიონში გამოავლინა Rickettsia-ს ცხრა სახეობა თორმეტი ტკიპის სახეობიდან და გამოვლინდა ექვსი ახალი ენდემური რეგიონი, რაც უფრო ღრმა კვლევების საჭიროებას გვამცნობს (Sukhiashvili, 2020).

კვლევის მიზანია საქართველოს სხვადასხვა რეგიონიდან მოპოვებულ ტკიპებში Rickettsia spp.-ის გავრცელებისა და სახეობათა დისტრიბუციის განსაზღვრა მოლეკულური მეთოდების გამოყენებით, რათა განახლდეს ეპიდემიოლოგიური მონაცემები. მიღებული შედეგები ხელს შეუწყობს საზოგადოებრივი ჯანმრთელობის სტრატეგიების ჩამოყალიბებას, რომელიც მიმართული იქნება რიკეტსიული დაავადებების რისკების შემცირებაზე.

მეთოდოლოგია

ნიმუშები შეგროვდა საქართველოს ოთხ რეგიონში. ტკიპების გაერთიანება ერთ ნიმუშად მოხდა ტკიპის სახეობების და შეგროვების ადგილის მიხედვით. ტკიპების გაერთიანებული ნიმუშები (pooled sample), დამუშავდა ჰომოგენიზატორით (Biospec Products Inc., Bartlesville, OK, USA), და ისინი შენახული იქნა -80°C ტემპერატურაზე DNA-ის გამოყოფამდე.

DNA-ის გამოყოფა

DNA-ის გამოყოფა განხორციელდა 200 μl ტკიპების სუბსტანციიდან Qiagen DNA ნაკრების და MagMAX™ CORE ნუკლეინის მჟავების სუფთა ნაკრების (Applied Biosystems™ by Thermo Fischer Scientific, USA) გამოყენებით, მწარმოებლების მითითების შესაბამისად, KingFisher Flex ავტომატური გამოხდის ხელსაწყო საშუალებით. DNA შენახული იქნა -20°C -ზე პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქციის პროცესამდე.

პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქციის დაწყებამდე, DNA-ის კონცენტრაცია და ხარისხი შემოწმდა NanoDrop™ 2000 Spectrophotometers-ის (Thermo Fischer Scientific) მიერ.

პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქცია

Rickettsia-ს გვარის სპეციფიური qPCR ტესტი, Rick17 kD, რომელიც მიზნად ისახავს გვარის-სპეციფიური 17-kD გენისთვის, გამოყენებული იქნა ტკიპების ნუკლეინის მჟავების ტესტირებისთვის. PCR ჩატარებული იქნა საბოლოო რეაქციის მოცულობით 20 μl , რომელიც შეიცავდა შემდეგ კომპონენტებს: 10 μM თითოეული პრაიმერი, 0.4 μl პრობი (10 μM), 0.2 μl Platinum Taq DNA პოლიმერაზა, 0.5 μl dNTP (10 μM), 9.9 μl H₂O, 2 μl Idaho Buffer (50 mM Tris pH 8.3; 25 mg/ml BSA, Idaho Technology, Inc.) და 5 μl DNA.

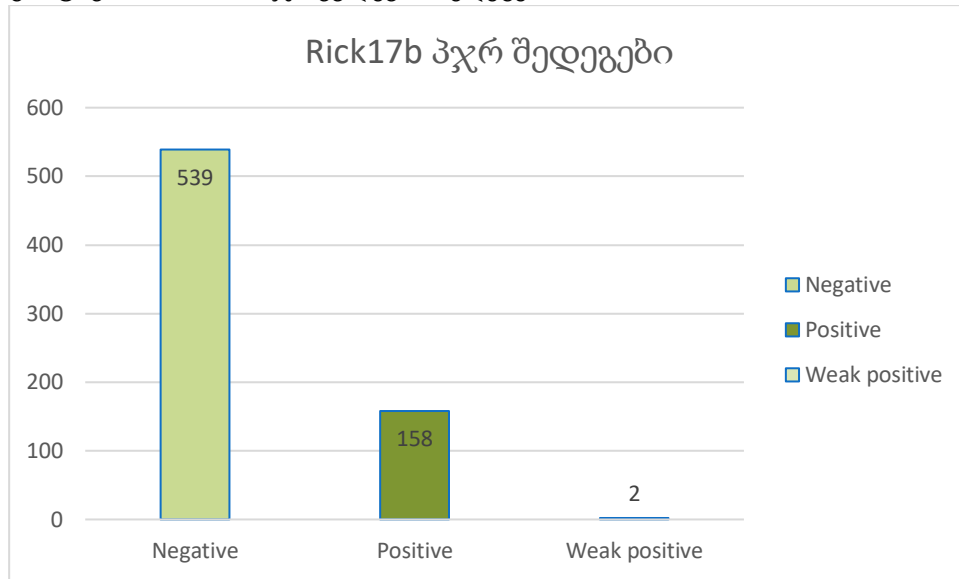
PCR ჩატარდა Biorad CFX96™ რეალურ დროში PCR სისტემაზე შემდეგი პირობების შესაბამისად: დენატურაცია 95°C -ზე 5 წუთის განმავლობაში, ხოლო შემდეგ 45 ციკლი: დენატურაცია 95°C -ზე 10 წამი და ანელინგი 60°C -ზე 35 წამი.

17kD დადებითი ნიმუშები შემდგომ შეფასდა სახეობაზე სპეციფიური qPCR ტესტებით R. raoultii (Rraoul), R. slovac (Rslov), R. aeschlimannii (Raesch) და R. monacensis. ნიმუშები, რომელთა Ct მნიშვნელობა <32 იყო Rick17b ტესტში, განიხილება როგორც სუსტად დადებითი და ვერ იქნებიან გამოყენებული შემდგომი ანალიზისთვის გენომური მასალის არასაკმარისი რაოდენობის გამო.

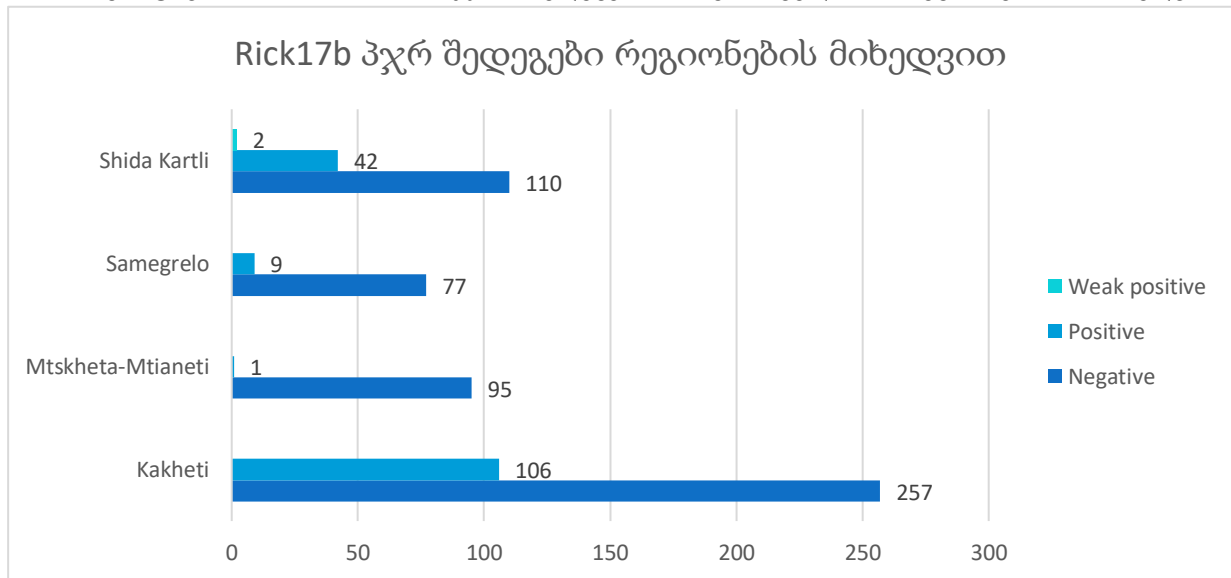
შედეგები

საქართველოში ოთხი რეგიონისგან (კახეთი, შიდა ქართლი, სამეგრელო და მცხეთა-მთიანეთი) შეგროვდა 699 შერეული ტკიპის ნიმუში: კახეთი, შიდა ქართლი, სამეგრელო და მცხეთა-მთიანეთი. Rickettsia spp.-ის შესამოწმებლად გამოყენებული იქნა გვარზე სპეციფიური qPCR ტესტი (Rick17b). 699 ნიმუშიდან 158 დადებითად გამოვლინდა Rickettsia-ული დნმ (გრაფიკი 1 და 2). იმ ნიმუშებს, რომელთა Ct მნიშვნელობა 32-ზე მეტია, მიენიჭა სუსტი დადებითი შეფასება და მათი გამოკვლევა ვეღარ გაგრძელდა გენომური მასალის არასაკმარისი რაოდენობის გამო. დადასტურებული Rickettsia ნიმუშების სახეობათა განაწილება, კატეგორიზირებული რეგიონების მიხედვით, დეტალურადაა აღწერილი ცხრილში 1.

გრაფიკი 1: Rick17b პჯრ კვლევის შედეგები



გრაფიკი 2: Rick17b პჯრ შედეგები საქართველოს რეგიონების მიხედვით



ცხრილი 1: *Rickettsia* ნიმუშების სახეობათა განაწილება რეგიონების მიხედვით.

Count of species-specific qPCR result (R.Slova)				Count of species-specific qPCR result (R.raoutii)					
Row Labels	Column Labels	Positive	(blank)	Grand Total	Row Labels	Column Labels	Positive	(blank)	Grand Total
[-] Kakheti	Negative	78	28	106	[-] Kakheti	Negative	86	20	106
-		31		31	-		31		31
D.marginatus		42	24	66	D.marginatus		50	16	66
H.marginatum		3	3	6	H.marginatum		3	3	6
H.punctata					H.punctata				
Haemaphysalis parva					Haemaphysalis parva				
I.ricinus		1	1	2	I.ricinus		1	1	2
R.annulatus		1		1	R.annulatus		1		1
(blank)					(blank)				
[-] Mtskheta-Mtianeti		1		1	[-] Mtskheta-Mtianeti		1		1
H.marginatum		1		1	H.marginatum		1		1
I.ricinus					I.ricinus				
R.annulatus					R.annulatus				
R.bursa					R.bursa				
[-] Samegrelo		9		9	[-] Samegrelo		9		9
H.punctata					H.punctata				
I.ricinus		8		8	I.ricinus		8		8
R.annulatus		1		1	R.annulatus		1		1
[-] Shida Kartli		36	6	42	[-] Shida Kartli		42		42
D.marginatus		2		2	D.marginatus		2		2
H.marginatum		20	3	23	H.marginatum		23		23
H.punctata		2		2	H.punctata		2		2
Haemaphysalis sulcata		1		1	Haemaphysalis sulcata		1		1
I.ricinus		1		1	I.ricinus		1		1
R.annulatus		9	3	12	R.annulatus		12		12
R.bursa		1		1	R.bursa		1		1
Grand Total		124	34	158	Grand Total		138	20	158

Count of species-specific qPCR result (R.monacensis)				Count of species-specific qPCR result (R.massillae)				
Row Labels	Negative	Positive	(blank)	Grand Total	Row Labels	Negative	(blank)	Grand Total
⊖ Kakheti	89	17		106	⊖ Kakheti	106		106
-	31			31	-	31		31
D.marginatus	49	17		66	D.marginatus	66		66
H.marginatum	6			6	H.marginatum	6		6
H.punctata					H.punctata			
Haemaphysalis parva					Haemaphysalis parva			
I.ricinus	2			2	I.ricinus	2		2
R.annulatus	1			1	R.annulatus	1		1
(blank)					(blank)			
⊖ Mtskheta-Mtianeti	1			1	⊖ Mtskheta-Mtianeti	1		1
H.marginatum	1			1	H.marginatum	1		1
I.ricinus					I.ricinus			
R.annulatus					R.annulatus			
R.bursa					R.bursa			
⊖ Samegrelo	9			9	⊖ Samegrelo	9		9
H.punctata					H.punctata			
I.ricinus	8			8	I.ricinus	8		8
R.annulatus	1			1	R.annulatus	1		1
⊖ Shida Kartli	42			42	⊖ Shida Kartli	42		42
D.marginatus	2			2	D.marginatus	2		2
H.marginatum	23			23	H.marginatum	23		23
H.punctata	2			2	H.punctata	2		2
Haemaphysalis sulcata	1			1	Haemaphysalis sulcata	1		1
I.ricinus	1			1	I.ricinus	1		1
R.annulatus	12			12	R.annulatus	12		12
R.bursa	1			1	R.bursa	1		1
Grand Total	141	17		158	Grand Total	158		158

Count of species-specific qPCR result (R.aeschlimannii)				Count of species-specific qPCR result (R.conorii)				
Row Labels	Negative	Positive	(blank)	Grand Total	Row Labels	Negative	(blank)	Grand Total
⊖ Kakheti	63	43		106	⊖ Kakheti	106		106
-	31			31	-	31		31
D.marginatus	56	10		66	D.marginatus	66		66
H.marginatum	4	2		6	H.marginatum	6		6
H.punctata					H.punctata			
Haemaphysalis parva					Haemaphysalis parva			
I.ricinus	2			2	I.ricinus	2		2
R.annulatus	1			1	R.annulatus	1		1
(blank)					(blank)			
⊖ Mtskheta-Mtianeti		1		1	⊖ Mtskheta-Mtianeti	1		1
H.marginatum		1		1	H.marginatum	1		1
I.ricinus					I.ricinus			
R.annulatus					R.annulatus			
R.bursa					R.bursa			
⊖ Samegrelo	9			9	⊖ Samegrelo	9		9
H.punctata					H.punctata			
I.ricinus	8			8	I.ricinus	8		8
R.annulatus	1			1	R.annulatus	1		1
⊖ Shida Kartli	23	19		42	⊖ Shida Kartli	42		42
D.marginatus	2			2	D.marginatus	2		2
H.marginatum	6	17		23	H.marginatum	23		23
H.punctata	2			2	H.punctata	2		2
Haemaphysalis sulcata		1		1	Haemaphysalis sulcata	1		1
I.ricinus	1			1	I.ricinus	1		1
R.annulatus	12			12	R.annulatus	12		12
R.bursa		1		1	R.bursa	1		1
Grand Total	95	63		158	Grand Total	158		158

სახეობაზე სპეციფიური qPCR-ის შედეგებმა დაადასტურა *R. raoultii*, *R. slovaca*, *R. aeschlimannii* და *R. monacensis*-ის არსებობა შემდეგი განაწილებით:

- *R. raoultii* აღმოჩნდა 20 ნიმუშში (დადებითი ნიმუშების 12.6%).
- *R. slovaca* აღმოჩნდა 34 ნიმუშში (დადებითი ნიმუშების 21.5%).
- *R. aeschlimannii* აღმოჩნდა 63 ნიმუშში (დადებითი ნიმუშების 39.9%).
- *R. monacensis* აღმოჩნდა 17 ნიმუშში (დადებითი ნიმუშების 10.7%).

16 ნიმუშში (დადებითი ნიმუშების 10.1%) იყო თანაინფიცირებული რამდენიმე სახეობით. აღსანიშნავია, რომ 40 ნიმუშში არ აღმოჩნდა დადებითი არცერთი მიზნობრივი სახეობის მიმართ, რომელიც ამ კვლევაში იყო შესწავლილი.

დასკვნა

კვლევამ მნიშვნელოვანი მონაცემები მოგვარწოდა საქართველოში ტკიპების პოპულაციაში *Rickettsia* spp.-ის გავრცელებისა და სახეობრივი მრავალფეროვნების შესახებ. კვლევის შედეგებმა გამოავლინა, რომ შეგროვებული ნიმუშების 22.6%-ში გამოვლინდა *Rickettsia* spp., რომელთაგან ყველაზე გავრცელებული სახეობები იყვნენ *R. aeschlimannii* (39.9%) და *R. slovaca* (21.5%). საქართველოში *R. monacensis*-ის არსებობის დადასტურება კიდევ უფრო ხაზს უსვამს ზედამხედველობის გაგრძელების აუცილებლობას, განსაკუთრებით მისი ცნობილი პათოგენური როლის გათვალისწინებით. თანაინფექცია, რომელიც გამოვლინდა დადებითი

ნიმუშების 10.1%-ში, მინიმუმებს, რომ საქართველოს ტკიპებში შესაძლოა მრავალი Rickettsia სახეობა ერთდროულად ცირკულირებდეს, რაც ართულებს დიაგნოსტიკისა და მკურნალობის პროცესს.

კვლევის მიგნებები განსაკუთრებით მნიშვნელოვანი საზოგადოებრივი ჯანმრთელობისთვის, რიკეტსიოზური დაავადებების მხრივ, იმ რეგიონებშია, სადაც ინფიცირებული ტკიპების რაოდენობა შედარებით მაღალია, ძირითადად, სოფლის ტერიტორიებზე. კლიმატური ცვლილებების გათვალისწინებით, რომლებიც ხელს უწყობს ტკიპების პოპულაციის ჰაბიტატის გაფართოებას, აუცილებელია ტკიპების კონტროლის ზომების გაუმჯობესება და ცნობიერების ამაღლების კამპანიების განხორციელება. ამასთან, მომავალმა კვლევებმა უნდა შეისწავლოს ეკოლოგიური ფაქტორები, რომლებიც პათოგენების გავრცელებას უწყობს ხელს, და კლინიკური გავლენა, რაც რამდენიმე Rickettsia სახეობის თანაინფექციასთანაა დაკავშირებული.

გამლიერებული მონიტორინგისა და კონტროლის ზომები გადაწყვეტი იქნება ტკიპებით გადაცემული რიკეტსიოზებით გამოწვეული საზოგადოებრივი ჯანმრთელობის რისკების შესამცირებლად, რაც ხელს შეუწყობს როგორც ადამიანების, ასევე ცხოველების დაცვას საქართველოში.

გამოყენებული ლიტერატურა

Azad A. Rickettsial Pathogens and Their Arthropod Vectors. *Emerg. Infect. Dis.* 1998;4(2):179–186, doi: 10.3201/eid0402.980205.

Azad A. Pathogenic Rickettsiae as Bioterrorism Agents. *Clin. Infect. Dis.* 2007 45(1):S52–S55. doi: 10.1086/518147.

Adem PV. Emerging and re-emerging rickettsial infections. *Semin. Diagn. Pathol.* 2019;36(3):146–151. doi: 10.1053/j.semdp.2019.04.005.

Biggs HM. et al. Diagnosis and Management of Tickborne Rickettsial Diseases: Rocky Mountain Spotted Fever and Other Spotted Fever Group Rickettsioses, Ehrlichioses, and Anaplasmosis — United States. *MMWR. Recomm. Reports.* 2016; 65(2):1–44. doi: 10.15585/mmwr.rr6502a1.

Cohen R. et al. Spotted Fever Group Rickettsioses in Israel, 2010–2019. *Emerg. Infect. Dis.*, 2021; 27(8):2117–2126. doi: 10.3201/eid2708.203661.

Cracco C. et al. Multiple Organ Failure Complicating Probable Scrub Typhus. *Clin. Infect. Dis.*, 2000; 31(1):191–192. doi: 10.1086/313906.

Diop A. Raoult D. Fournier PE. Rickettsial genomics and the paradigm of genome reduction associated with increased virulence. *Microbes Infect.* 2018; 20(7–8):401–409. doi: 10.1016/j.micinf.2017.11.009.

Helminiak L. Mishra S. Kim HK. Pathogenicity and virulence of Rickettsia. *irulence*, 2022; 13(1):1752–1771. doi: 10.1080/21505594.2022.2132047.

Dehghani M. Kazemi Shariat Panahi H. Holmes EC, Hudson BJ. Schloeffel R. Guillemin GJ. Human Tick-Borne Diseases in Australia. *Front. Cell. Infect. Microbiol.*, 2019; 9. doi: 10.3389/fcimb.2019.00003.

Moreira J, Bressan CS, Brasil P, Siqueira AM. Epidemiology of acute febrile illness in Latin America. *Clin. Microbiol. Infect.* 2018; 24(8):827–835. doi: 10.1016/j.cmi.2018.05.001.

Kirkland KB, Marcom PK, Sexton DJ, Dumler JS, Walker DH. Rocky Mountain Spotted Fever Complicated by Gangrene: Report of Six Cases and Review. *Clin. Infect. Dis.* 1993; 16(5):629–634. doi: 10.1093/clind/16.5.629.

Khamesipour F, Dida GO, Anyona DN, Razavi SM, Rakhshandehroo E. Tick-borne zoonoses in the Order Rickettsiales and Legionellales in Iran: A systematic review. *PLoS Negl. Trop. Dis.*, 2018; 12(9): e0006722. doi: 10.1371/journal.pntd.0006722.

Piotrowski M, Rymaszewska A. Expansion of Tick-Borne Rickettsioses in the World. *Microorganisms*, 2020; 8(12):1906. doi: 10.3390/microorganisms8121906.

Parola P. et al. Update on Tick-Borne Rickettsioses around the World: a Geographic Approach,” *Clin. Microbiol. Rev.* 2013; 26(4): 657–702. doi: 10.1128/CMR.00032-13.

Walker DH, Occhino C. Tringali GR, Di Rosa S, Mansueto S. Pathogenesis of rickettsial eschars: The tache noire of boutonneuse fever. *Hum. Pathol.* 1988; 19(12):1449–1454. doi: 10.1016/S0046-8177(88)80238-7.

Sekeyová Z, Danchenko M, Filipčík P, Fournier PE. Rickettsial infections of the central nervous system. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2019; 13(8): e0007469. doi: 10.1371/journal.pntd.0007469.

Sukhiashvili R. et al., Identification and distribution of nine tick-borne spotted fever group Rickettsiae in the Country of Georgia,” *Ticks Tick. Borne. Dis.*, 2020; 11(5): 101470. doi: 10.1016/j.ttbdis.2020.101470.

Zghenti E, Sukhiashvili R, E. Khmaladze, N. Tsertsvadze, S. Pisarcik, and P. Imnadze, “Rickettsia and Borrelia Prevalence Study among Ticks in Georgia,” *Online J. Public Health Inform.*, vol. 6, no. 1, Mar. 2014, doi: 10.5210/ojphi.v6i1.5161.

Tran LT. et al. Rickettsia typhi infection presenting as severe ARDS. *IDCases*, 2019; 18:e00645, doi: 10.1016/j.idcr.2019.e00645.