

კვრინჩხის (*Prunus spinosa* L.) შიდასახეობრივი მრავალფეროვნების
მორფოლოგიურ-გენეტიკური კვლევა

ანა ქვლივიძე

სამაგისტრო ნაშრომი წარდგენილია ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტის
საბუნებისმეტყველო მეცნიერებებისა და მედიცინის ფაკულტეტზე ეკოლოგიის
მაგისტრის ხარისხის მინიჭების მოთხოვნების შესაბამისად

ეკოლოგიის სამაგისტრო პროგრამა

სამეცნიერო ხელმძღვანელი: ასისტენტ-მკვლევარი ზეზვა ასანიძე
თანახელმძღვანელი: ასისტენტ-მკვლევარი ჟანა ეხვია

ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი
თბილისი 2021

განაცხადი

როგორც წარდგენილი სამაგისტრო ნაშრომის ავტორი, ვაცხადებ, რომ ნაშრომი წარმოადგენს ჩემს ორიგინალურ ნამუშევარს და არ შეიცავს სხვა ავტორების მიერ აქამდე გამოქვეყნებულ, გამოსაქვეყნებლად მიღებულ ან დასაცავად წარდგენილ მასალებს, რომლებიც ნაშრომში არ არის მოხსენიებული ან ციტირებული სათანადო წესების შესაბამისად.

ანა ქვლივიძე 2021

სარჩევი

აბსტრაქტი	1
1. შესავალი	3
1.1 კვლევის აქტუალობა	4
1.2 კვლევის მიზანი.....	6
2. საკვლევი საკითხის ლიტერატურული მიმოხილვა.....	7
2.1 საკვლევი ობიექტის ტაქსონომიური მახასიათებლები	7
2.2 საკვლევი ტერიტორიის დახასიათება.....	13
2.3 კვლევის ობიექტის ბოტანიკური დახასიათება.....	14
3. მასალა და მეთოდები	16
3.1 ნიმუშების შეგროვების ტერიტორიის ფლორისტული დახასიათება.....	16
3.2 მორფოლოგიური კვლევის მეთოდები	20
3.3 გენეტიკური კვლევის მეთოდები.....	27
4. შედეგები	28
4.1 მორფოლოგიური კვლევის შედეგები	28
4.2 გენეტიკური კვლევის შედეგები.....	41
5. დისკუსია	49
6. დასკვნები	53
მადლობა (სამადლობელი)	55
ბიბლიოგრაფია	56

აბსტრაქტი

კვლევა ეხება საქართველოში გავრცელებული კვრინჩხის (*Prunus spinosa* L.) შესწავლას. ეს სახეობა კონსერვატიულ სახეობად არის მიჩნეული თანამედროვე ტაქსონომიის მიხედვით, თუმცა არსებობს მცირერიცხოვანი კვლევები, რომლებიც კვრინჩხის მსოფლიო პოპულაციაში გენეტიკურად და მორფოლოგიურად დივერგენტულ ტაქსონების არსებობაზე მიუთითებენ.

კვლევის მთავარ მიზანს წარმოადგენს საქართველოს ტერიტორიაზე კვრინჩხის მორფოლოგიურად და გენეტიკურად განსხვავებული ინდივიდების აღმოჩენა.

მორფოლოგიურ კვლევაში გავაანალიზეთ *P. spinosa*-ს 57 და ქლიავის გვარის (*Prunus* L.) წარმომადგენელი სახეობების და ჯიშების 11 ინდივიდი, რომლებიც *P. spinosa*-ს შესადარებელ ჯგუფად გამოვიყენეთ. მორფოლოგიურ კვლევა ჩავატარეთ 16 მორფოლოგიური ნიშნის (დესკრიპტორის) ანალიზის საფუძველზე. ორდინაცია ჩატარდა პრინციპული კომპონენტების ანალიზის მეთოდის გამოყენებით, ხოლო გამოცალკევებულ კლასტერებს შორის მორფოლოგიური ნიშნების ცვალებადობა - ერთსაფეხურიანი ვარიანსას ანალიზის მეთოდის გამოყენებით.

გენეტიკური კვლევა ჩატარდა *P. spinosa*-ს და ქლიავის გვარის წარმომადგენელი ტაქსონების 22 ინდივიდზე. გენეტიკური ანალიზი ჩატარდა ქლოროპლასტური მარკერების psbA-trnH და trnL-trnF გამოყენებით. კვლევის დროს განვსაზღვრეთ ჰაპლოტიპური ანუ გენური მრავალფეროვნება (Hd), ნუკლეოტიდური მრავალფეროვნება (π), დნმ-ის ინფორმატიული საიტები (PICs). გენეტიკური ვარიანსას დონის განსაზღვრის მიზნით განხორციელდა მოლკუულური ვარიანსას ანალიზი (AMOVA).

კვლევის შედეგებმა ნათლად უჩვენა, რომ საქართველოში გავრცელებულია კვრინჩხის გენეტიკურად და მორფოლოგიურად განსხვავებული სამი ფორმა. ეს ფორმები გენეტიკურად ძლიერ დიფერენცირებული არ არის, თუმცა ახასიათებთ

მორფოლოგიური ნიშნების გამოკვეთილი სხვაობა და სპეციფიური გეოგრაფიული განაწილება.

საკვანძო ტერმინები: Prunus; მორფომეტრია; გენეტიკური კვლევა; სემიარიდული ჰაბიტატები; სამხრეთ კავკასია.

Abstract

This research is concerned with the study of the blackthorn (*Prunus spinosa* L.) population in Georgia. *P. spinosa* is considered a conservative species by the modern botanical taxonomy however, there are few studies that claim the existence of morphologically and genetically divergent taxa in the global population of this species.

The major aim of this research is a discovery of morphologically and genetically different forms of *P. spinosa* on the territory of Georgia.

We studied morphologically 57 individuals of *P. spinosa* and 11 individuals of the member taxa of the plum genus (*Prunus* L.) to create the outgroup in the comparative analysis. We did a morphological comparison on the basis of analyzing 16 morphometric descriptors. Ordination was done using the method of Principal Component Analysis (PCA). Variability of the morphological between the cluster groups separated in PCA was defined using the method of One-Way ANOVA.

A genetic study was done on 22 individuals of *P. spinosa* and out-grouped taxa of the plum genus. The study was done using a taxonomic cytoplasm marker 'psbA-trnH' and 'trnL-trnF'. In the study, we defined Haplotypic Diversity (Hd), Nucleotide Diversity (π) and quantity of informative sites (PICs). The level of genetic variability was estimated using an analysis of molecular variance (AMOVA).

The results of the study clearly show that three morphologically and genetically different forms of *P. spinosa* are distributed on the territory of Georgia. These forms are not strongly diverged genetically however, they are distinguished with morphological traits and have specific geographical distribution inside the country.

Keywords: Prunus; Morphometry; Genetic Study; Semiarid Habitats; South Caucasus.