

საქართველოს მტკნარი წყლის მოლუსკების *Ancylus*-ის გვარის
მოლეკულური დელიმიტაცია მიტოქონდრიული მარკერების საფუძველზე

თინათინ ბოჭორიშვილი

*სამაგისტრო ნაშრომი წარდგენილია ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტის
საბუნებისმეტყველო მეცნიერებათა და სამედიცინო ფაკულტეტზე გამოყენებითი
გენეტიკის მაგისტრის აკადემიური ხარისხის მინიჭების მოთხოვნის შესაბამისად*

პროგრამა - გამოყენებითი გენეტიკა

სამეცნიერო ხელმძღვანელები:

ლევან მუმლაძე, პროფესორი, ზოოლოგიის ინსტიტუტის დირექტორი
ნინო ქაჩლიშვილი, ასისტენტ-მკვლევარი, გამოყენებითი გენეტიკის პროგრამის
დოქტორანტი



ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი

თბილისი 2026

განაცხადი

როგორც წარდგენილი სადისერტაციო 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.

თინათინ ბოჭორიშვილი

2026 წელი

აბსტრაქტი

გვარი *Ancylus* (Mollusca: Gastropoda: Planorbidae) წარმოადგენს მტკნარი წყლის მოლუსკების ფართოდ გავრცელებულ ჯგუფს, რომლის ტაქსონომია მნიშვნელოვნად გართულებულია კრიპტული მრავალფეროვნებისა და მორფოლოგიური პლასტიკურობის გამო. წინამდებარე კვლევის მიზანი იყო კავკასიის *Ancylus*-ის პოპულაციებში სახეობათა საზღვრების შეფასება და მოლეკულური ტაქსონომიური ერთეულების (MOTU) გამოვლენა მიტოქონდრიული მარკერების გამოყენებით.

კვლევა დაფუძნებულია COI და Cyt-b გენების გაერთიანებული მონაცემების ანალიზზე. სახეობათა დელიმიტაციის მიზნით შესწავლილ იქნა 99 ინდივიდი საქართველოს 80-ზე მეტი ლოკაციიდან. გამოყენებულ იქნა როგორც გენეტიკურ მანძილზე დაფუძნებული მეთოდები (ABGD, ASAP), ისე ფილოგენეტიკურ ხეზე დაფუძნებული მოდელები (GMYC, bPTP).

ABGD-ის ანალიზმა გამოავლინა 6, ხოლო ASAP-ის ანალიზმა 5 მოლეკულური ოპერაციული ტაქსონომიური ერთეული. bPTP-ის შედეგებმაც დაადასტურა 6 ძირითადი კლასტერის არსებობა. აღნიშნულმა სამმა მეთოდმა მაღალი თანხვედრა აჩვენა და გამოკვლეული ნიმუშების უმრავლესობა ორ დიდ გენეტიკურ ჯგუფში გააერთიანა, პარალელურად კი გამოავლინა რამდენიმე მცირე, მკაფიოდ დიფერენცირებული ევოლუციური ხაზი. განსხვავებით მათგან, GMYC-ის ანალიზმა 19 სავარაუდო ერთეული დააფიქსირა, რაც, სავარაუდოდ, პოპულაციების ძლიერი სივრცითი სტრუქტურირებისა და მეთოდის ზედმეტი დანაწევრების ტენდენციით არის განპირობებული.

მიღებული შედეგები მიუთითებს, რომ კავკასიის *Ancylus*-ის პოპულაციები გენეტიკურად ჰეტეროგენულია და მოიცავს მინიმუმ 5–6 სტაბილურ მოლეკულურ ტაქსონომიურ ერთეულს. კვლევა ადასტურებს რეგიონში მნიშვნელოვანი გენეტიკური დიფერენციაციისა და კრიპტული მრავალფეროვნების არსებობას. მიღებული მონაცემები საფუძველს ქმნის კავკასიის *Ancylus*-ის შემდგომი ინტეგრაციული ტაქსონომიური და ფილოგეოგრაფიული კვლევებისთვის.