

„რეკომბინანტული მარკერებით პოპულაციური გენეტიკის სტრუქტურის შესწავლა საქართველოს რეგიონებში“

არდაშელ ლაცუზბაია

*სამაგისტრო ნაშრომი წარდგენილია ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტის მეცნიერებათა
და ხელოვნების ფაკულტეტზე გამოყენებით გენეტიკაში მეცნიერების მაგისტრის
აკადემიური ხარისხის მინიჭების მოთხოვნების შესაბამისად*

სიცოცხლის შემსწავლელ მეცნიერებათა სამაგისტრო პროგრამა

სამეცნიერო ხელმძღვანელი: დავით თარხნიშვილი, სრული პროფესორი

ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი

თბილისი, 2014

სარჩევი

1. აბსტრაქტი.....	3
2. შესავალი.....	4-7
3. მასალა და მეთოდები.....	7-9
3.1 სინჯების მოგროვება და დნმ-ის ექსტრაქცია.....	7-8
3.2 დნმ- ფრაგმენტი და მისი ამპლიფიცირება.....	8
3.3 ანალიზის მეთოდები.....	8-9
4. შედეგები.....	9-16
4.1 გენეტიკური მრავალფეროვნება და ალელების სიხშირეები.....	9-14
4.2 Rst და პოპულაციებს შორის გენების მიმოცვლა.....	14-15
4.3 BA3-ის მეშვეობით მიგრაციის ტემპების დადგენა.	15-16
4.4 Structure-ის შედეგები.....	16
5. დისკუსია.....	17-18
6. დასკვნა.....	19
7. გამოყენებული ლიტერატურა.....	20-22

აბსტრაქტი

ამ კვლევაში იყო შესწავლილი 3 პოპულაციის გენეტიკური სტრუქტურა 16 აუტოსომური მარკერებით: CSF1PO, FGA, TPOX, TH01, VWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, Penta D, PentaE, Amelogenin (Leda et al., 2006). გამოყენებული იყო The PowerPlexR 16 HS System კრებული (Promega, Madison, WI)

ნანახი იქნა დადებითი შედეგი Rst და პოპულაციებს შორის გენების მიმოცვლა, სადაც მეგრელებს და თუშებს შორის $Nm = 35.825$, სვანებს და თუშებს შორის $Nm = 3.444$, ხოლო სვანებს და მეგრელებს შორის $Nm = 18.6322$. ჩვენ დავადგინეთ, რომ დაბლობის პოპულაცია, როგორც მოსალოდნელი იყო, ნაკლებად იზოლირებულია მთის პოპულაციისგან, ვიდრე მთის პოპულაციები ერთმანეთისგან.