

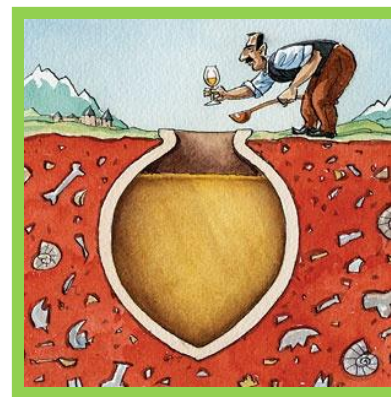
ქართული ვაზის ოთხი ჯიშის სრული გენომის სეკვენირება და შედარებითი გენომიკა

ია ფიფია

გამოყენებითი ბიომეცნიერებები და ბიოტექნოლოგია
4-5 აპრილი, თბილისი, 2019



- 500 -ზე მეტი ვაზის ჯიშში
- ვაზის დომესტიკაციის ადრეული მტკიცებულებების ქვეყანა
- ღვინის დაყენების უძველესი ტრადიცია



კვლევის მიმართულებები:

- ქართული და მსოფლიო ვაზის ჯიშების გენეტიკური მრავალფეროვნების შესწავლა.
- ქართული ვაზის ოთხი ჯიშის სრული გენომის სეკვენირება.

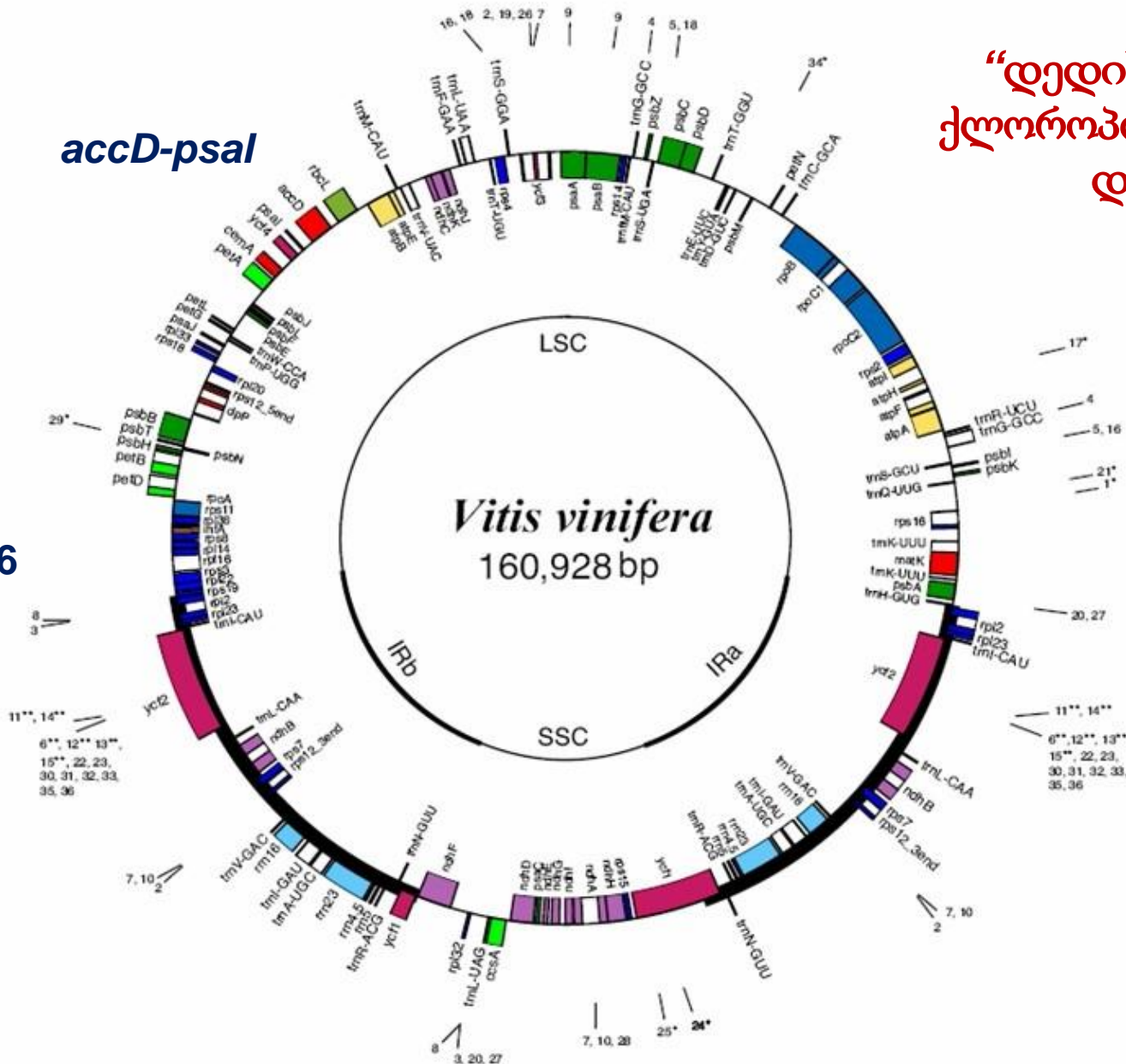
ქართული ვაზის მნიშვნელობისა და როლის განსაზღვრა კულტურული ვაზის წარმოშობაში

“დედის ხაზი”
ქლოროპლასტური
დნმ

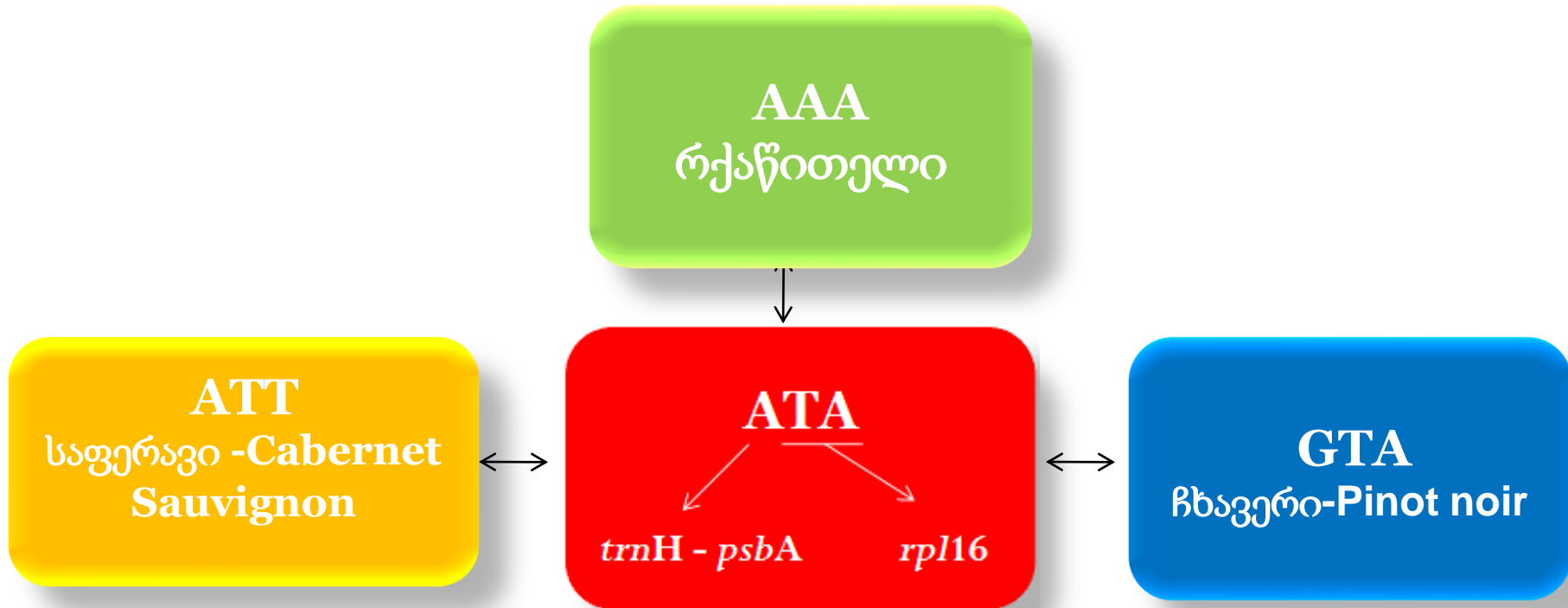
rpl 16

accD-psal

trnH-psbA



მსოფლიოს კულტურული და სამხრეთ კავკასიის ველური ვაზის ოთხი ძირითადი გენეტიკური ჯგუფი



AAA რქაწითელის ჰაპლოტიპი - ქართული ვაზი, კავკასიის
ველური ვაზი

**Rkatsiteli
AAA**

**Meskhuri mtsvane
-Chardonnay
ATA**

**Saperavi-Cabernet
Sauvignon
ATT**

**Chkhaveri-Pinot
noir
GTA**

Akhardani
Aleksandrouli
Almura Shavi
Budeshuri Tetri
Chinuri
Chitistvala meskhuri
Chkapa
Gldanula
Gorula
Mekrenchkhi
Meskhuri Shavi
Mtsvane Goruli
Ojaleshi
Rkatsiteli
Satsuravi
Shaba
Shavi asuretuli
Shavkapito
Skelkana adreuli
Tavkveri
Tetri Gomis
Tkhelkana adreuli
Tqvlapa Shavi

Meskhuri Mtsvane
Saperavi Meskhuri
Aligote
Ahmeur bou Ahmeur
Alphonse Lavallee
Chardonnay
Cinsaut
Clairette
Colombard
Cot
Fahri
Ferral Izalva
Folle blanch
Gamay
Gamay de Bouze
Gamay de Chaudenay
Gamay Freaux
Gouais blanc
Kali Sahehi
Kurtelaska
Marsonne
Mauzac
Melon
Merlot
Monbadon
Muscat d'Alexandrie
Piquepoul blanc
Reine des Vignes
Romorantin
Roussanne
Sahebi
Sultanine
Terret gris
Valdigue
Yugosl. 360

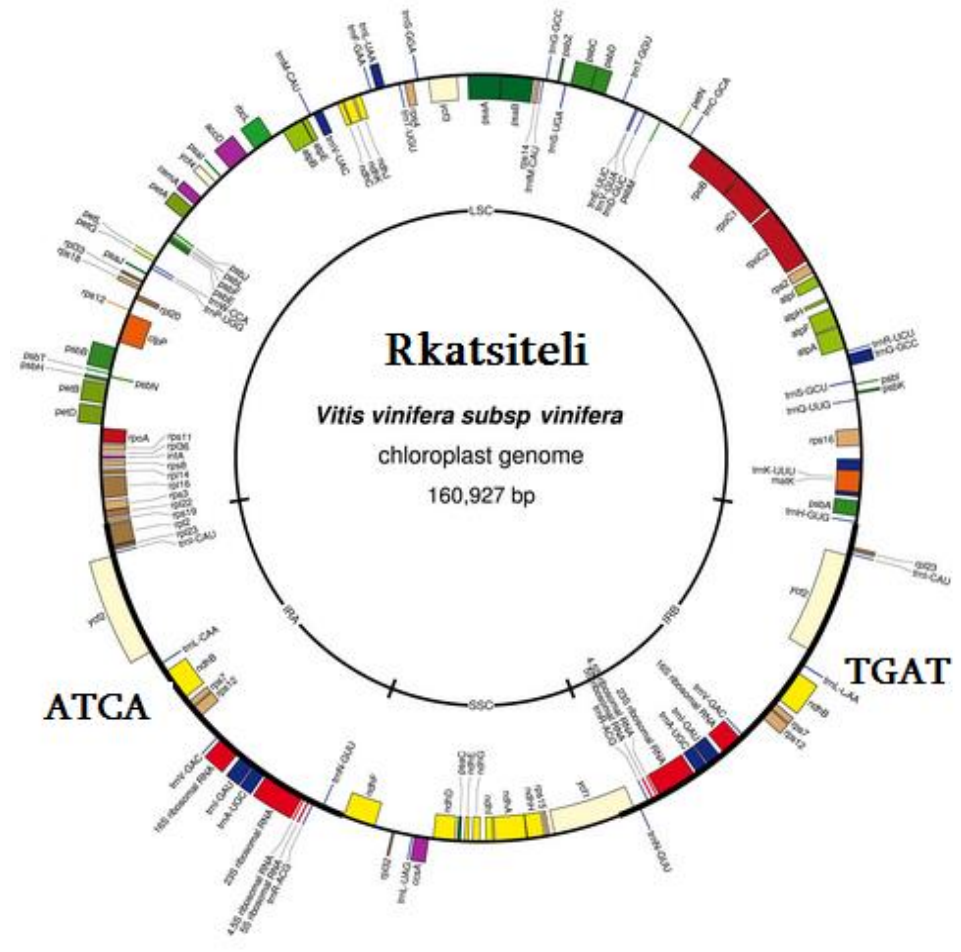
Chitistvala meskhuri
Sabatono
Tsigizi
Saperavi
Kharistvala Kartlis
Kharistvala meskhuri
Aramon
Cabernet franc
Cabernet Sauvignon
Carmenere
Chasselas
Chenin
Emperor
Gewürtztraminer
Itonychi Mavro
Muscadelle
Muscat Hambourg
Muscat petits blanc
Nicolas Horthy #39
Sauvignon
Savagnin blanc
Semillon
Stambulari
Tallian
Traminer rot RG
Tannat
Ugni blanc
Veltliner rot
Viognier

Aladasturi
Ckhaveri
Kachichi
Kamuri Savi
Krakhuna
Pirgebuli
Shonuri
Tsitska
Tsolikauri
Alvarelhao
Carignan
Dattier Beyr
Grenache
Himrisnky
Macabeu
Meunier
Mourvedre
Müller-Thur.
Perlette
Pinot noir
Pinot gris
Pinot blanc
Riesling
Sauvignonasse
Servant
Syrah

იდენტურობა:

აღმოსავლეთ
საქართველოს ველური
ვაზი და რქაწითელი

4 ფ.წყ. ინვერსია
სამხრეთ საქართველოს
ველური ვაზის
ნიმუშში



ევროპისა და ხმელთაშუაზღვისპირეთის ველური ვაზის ჰაპლოტიპები



Geography and Haplotypes of analyzed Wild Grapevines

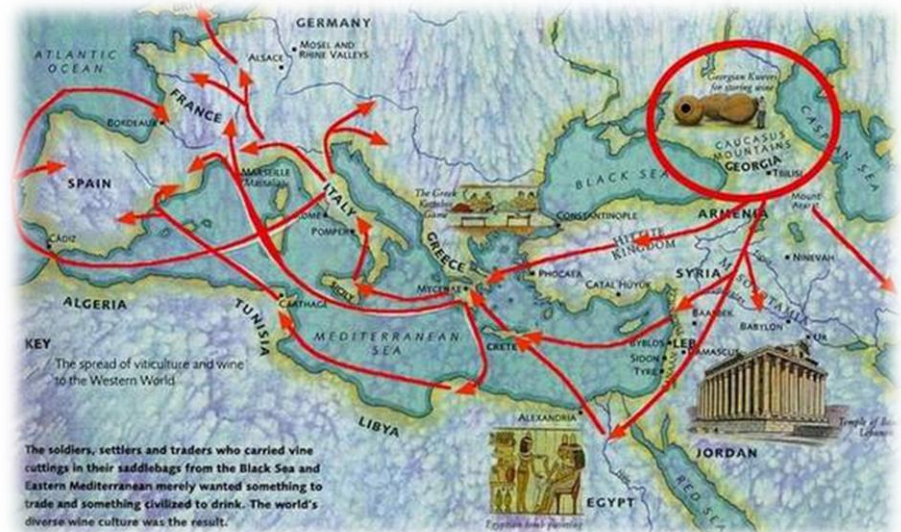
დასკვნები:

- ქართული ვაზის გენეტიკური უნიკალურობა (რქაწითელის ჯგუფი)
- გენეტიკური მასალის (დედის ხაზი) იდენტურობა ქართულ და მსოფლიო ვაზის ჯიშებში
- გენეტიკური მასალის (დედის ხაზი) იდენტურობა კულტურულ და ველურ ფორმებში ერთსა და იმავე გეოგრაფიულ წერტილში

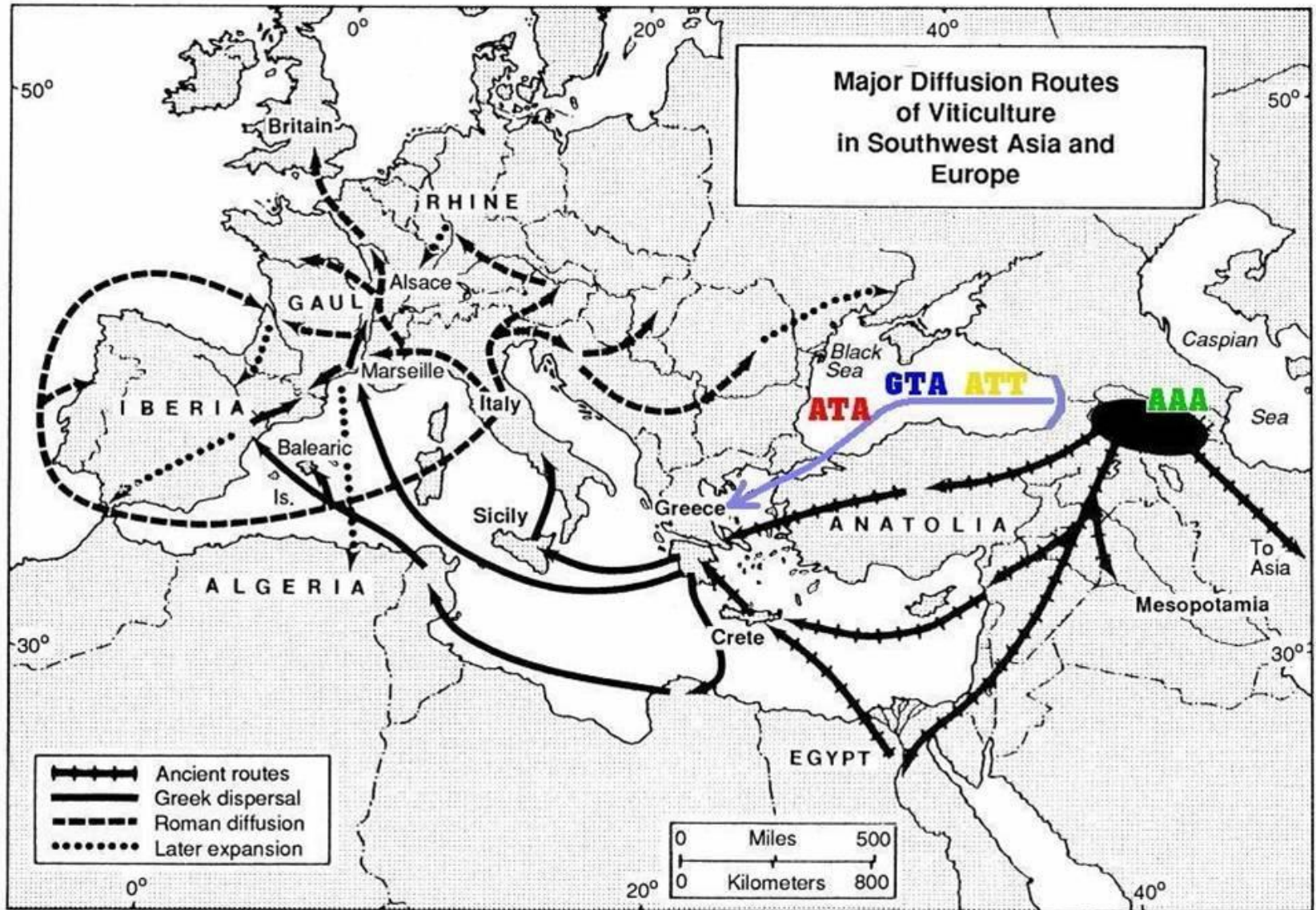
სამხრეთ კავკასია

-

კულტურული ვაზის
წარმოშობის ცენტრი



კულტურული ვაზის გავრცელების ძირითადი გზები (De Bliji, 1983)



ქართული ვაზის ჯიშების სრული გენომის სეკვენირება



19 ქრომოსომა

475.000.000 bp

≈ 20.000 გენი

160.928 bp / ქლოროპლასტი

750.000 bp / მიტოქონდრია

Illumina HiSeq - სეკვენირება

CHROMOSOME

CHKHAVERI

SAPERAVI

MESKHETIAN

RKATSITELI

MEGANTE

1

23,041,872

23,038,215

23,043,089

23,009,277

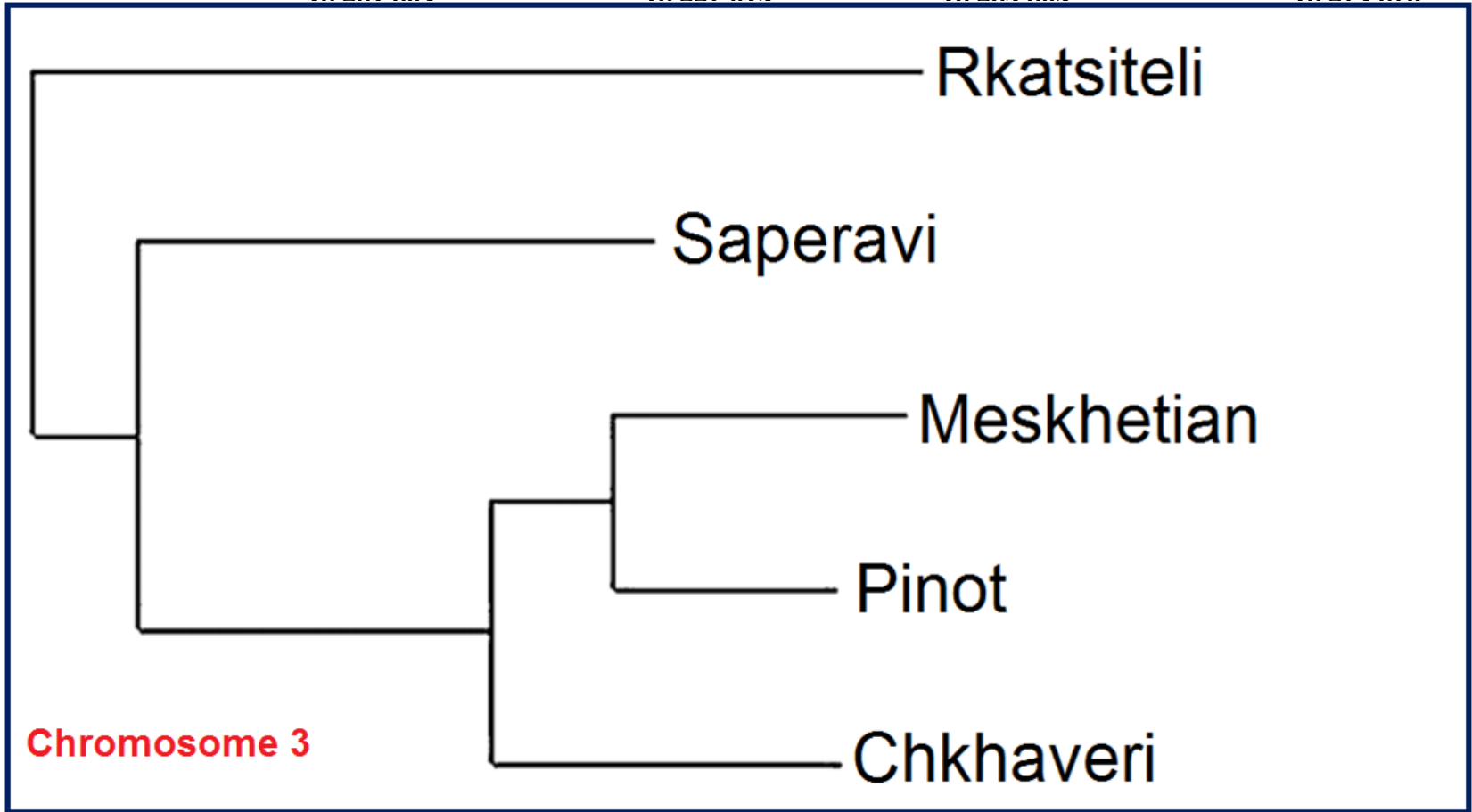
2

18,581,884

18,576,818

18,588,888

18,564,868



Chromosome 3

18

29,364,738

29,358,752

29,369,323

29,326,245

19

24,025,366

24,016,957

24,027,079

24,001,610


TOTAL

426,237,636

426,105,840

426,276,815

425,681,183

CHROMOSOME	CHKHAVERI		MESKHETIAN		SAPERAVI		RKATSITELI	
 Multiple Genome Alignment	SNP	Gaps	SNP	Gaps	SNP	Gaps	SNP	Gaps
	1	105,593	17,467	60,815	9,362	99,355	15,573	301,840
2	48,174	7842	32,407	5,838	120,267	17,022	200,006	28,099
3	94,463	14,475	51,513	7,273	92,089	12,159	89,167	31,468
4	91,027	15,430	51,498	7,831	93,832	13,803	291,349	41,209
5	129,622	19,661	77,507	11,430	118,301	17,049	285,726	40,085
6	51,393	10,675	55,407	8,856	143,680	21,731	272,921	39,973
7	102,376	7627	48,545	7,629	98,320	15,484	272,333	39,693
8	81,056	12,758	75,992	11,597	147,413	22,181	324,996	47,683
9	119,941	18,347	61,247	8,915	154,327	22,361	291,528	38,889
10	84,935	12,055	41,685	6,048	87,327	11,855	214,863	28,048
11	96,397	15,065	39,753	6,698	98,816	14,692	260,884	36,229
12	124,441	19,064	33,599	9,171	119,192	16,885	291,188	39,259
13	103,082	16,292	60,282	9,247	107,834	14,815	327,125	44,341
14	132,533	21,381	84,143	11,892	123,999	16,937	329,067	45,568
15	82,722	12,502	63,006	8,892	135,576	18,258	190,688	26,520
16	106,707	16,673	64,699	9,992	100,569	14,101	254,566	34,921
17	101,767	14,079	35,564	4,903	101,713	14,467	220,060	28,451
18	112,519	18,415	68,940	11,327	132,296	20,451	354,565	52,023
19	106,707	16,673	64,699	9,992	100,569	14,101	254,566	34,921
TOTAL	1,800,675	286,608	1,063,063	165,078	2,174,995	314,313	5,011,513	719,790

იდენტიფიცირებული გენების რიცხვი

CHROMOSOME	PINOT NOIR	CHKHAVERI	SAPERAVI	MESKHETIAN	RKATSITELI
1	1224	1081	1079	1134	876
2	879	784	693	800	630
3	973	793	807	850	651
4	1227	1117	1141	1189	906
5	1248	1022	1041	1133	862
6	1154	1057	927	1040	821
7	1162	1022	977	1068	803
8	1065	1215	1135	1190	973
9	846	688	656	770	544
10	744	644	644	688	505
11	834	743	716	774	564
12	928	746	760	810	595
13	1011	831	859	886	625
14	1390	1194	1211	1240	1011
15	863	693	637	729	579
16	965	757	774	822	578
17	911	777	764	854	683
18	1655	1405	1340	1480	1066
19	984	840	860	898	688
Total	20,063	17,409	17,021	18,355	13,960

ანოტირება: ტერპენ სინთაზას გენები (TPS)



(106 კანდიდატი და 43 ფსეუდოგენი)

	ქრ./Chr. 12	ქრ./Chr.18r	ქრ./Chr. 19
ჩხავერი Chkhaveri	3	10	12
საფერავი Saperavi	3	14	12
მესხური Meskhetian	3	15	14
რქაწითელი Rkatsiteli	3	6	11
პინო ნუარი Pinot noir	5	20	13

ანოტირება: სტილბენ სინთაზას გენები (STS)

(44 კანდიდატი გენი)



	ქრ./Chr. 10	ქრ./Chr. 16
ჩხავერი Chkhaveri	1	10
საფერავი Saperavi	0	8
მესხური/ Meskhetian	1	13
რქაწითელი Rkatsiteli	1	10
პინო ნუარი Pinot noire	2	7

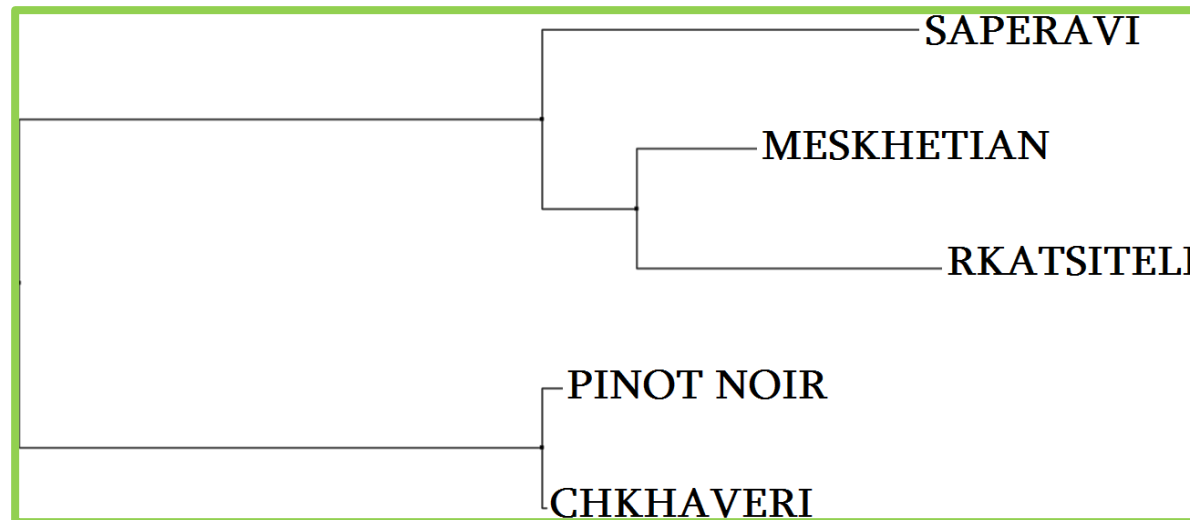
დაფიქსირდა ოთხი ახალი ტერპენ სინთაზას გენის არსებობა, რომელიც პინო ნუარის გენომის იმავე პოზიციაში არ გვხვდება:

დაფიქსირდა შვიდი ახალი სტილბენ სინთაზას გენის არსებობა, რომელიც პინო ნუარის გენომის იმავე პოზიციაში არ გვხვდება:

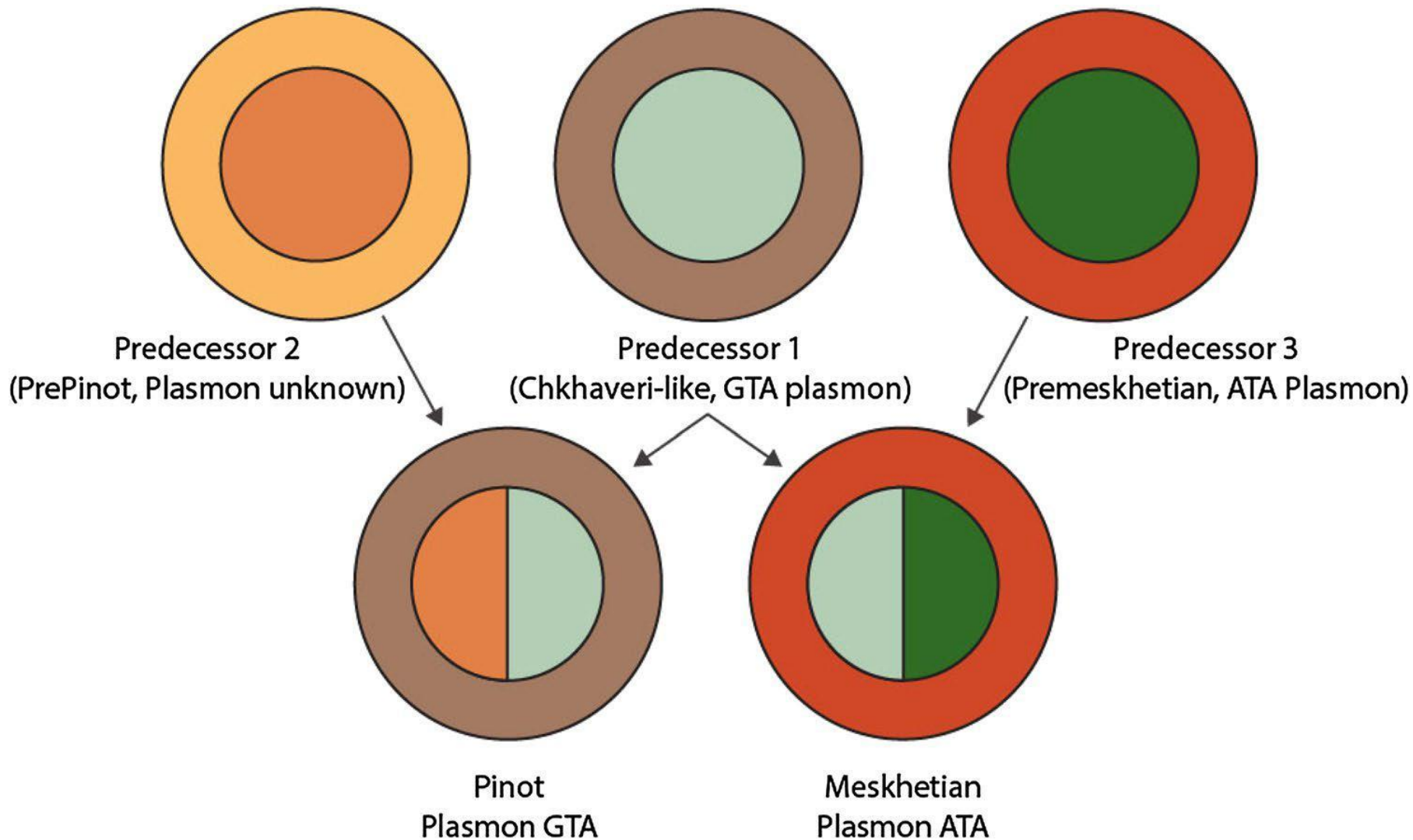
მიტოქონდრიული დნმ (38 ცილა-მაკოდირებელი გენი)



Mitochondria	The length of DNA (bp)	Number of SNP	Number of gaps	Longest gap (bp)
Chkhaveri	773,296	16	23	1
Saperavi	773,384	764	156	74
Meskhethian green	773,458	702	155	74
Rkatsiteli	773,534	822	182	74

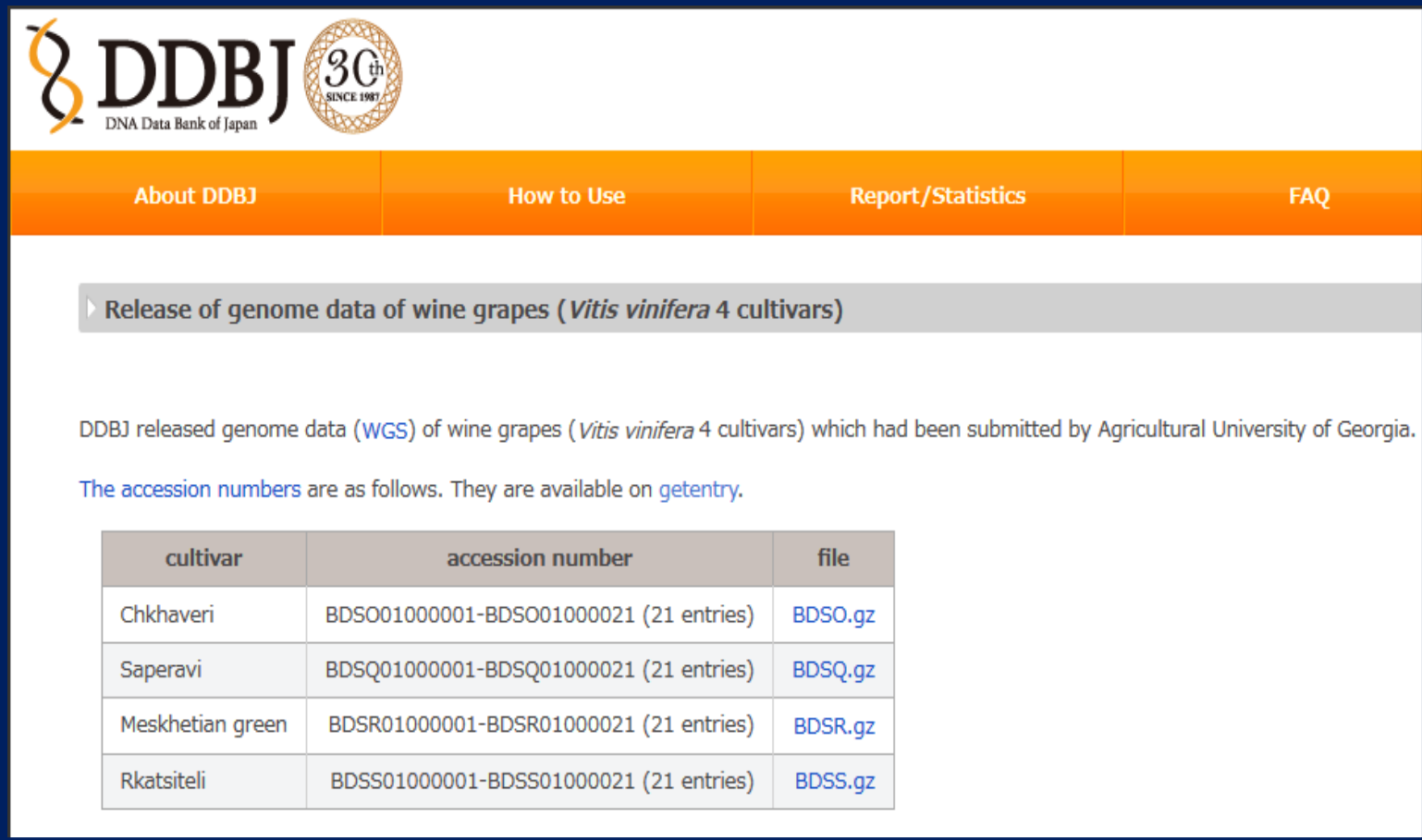


ვაზის ჯიშების ჰიპოთეტური ფილოგენია



Hypothetical phylogeny of grape cultivars

ქართული ვაზის ჯიშების (ბირთვული, ქლოროპლასტური და მიტოქონდრიული) დნმ თანმიმდევრობები განთავსებულია იაპონიის დნმ მონაცემთა ბანკში



The screenshot shows the DDBJ (DNA Data Bank of Japan) website. At the top left is the DDBJ logo with the text "DNA Data Bank of Japan" and a circular emblem celebrating "30th SINCE 1987". A navigation bar contains four orange buttons: "About DDBJ", "How to Use", "Report/Statistics", and "FAQ". Below this is a grey header for a news release: "Release of genome data of wine grapes (*Vitis vinifera* 4 cultivars)". The main text states: "DDBJ released genome data (WGS) of wine grapes (*Vitis vinifera* 4 cultivars) which had been submitted by Agricultural University of Georgia. The accession numbers are as follows. They are available on [getentry](#)." Below the text is a table with three columns: cultivar, accession number, and file.

cultivar	accession number	file
Chkhaveri	BDSO01000001-BDSO01000021 (21 entries)	BDSO.gz
Saperavi	BDSQ01000001-BDSQ01000021 (21 entries)	BDSQ.gz
Meskhethian green	BDSR01000001-BDSR01000021 (21 entries)	BDSR.gz
Rkatsiteli	BDSS01000001-BDSS01000021 (21 entries)	BDSS.gz

<https://drive.google.com/open?id=0B4mIJZ9E7ht7Q1dDTm9HbGFIR1U>

Nucleotide [Limits](#) [Advanced](#)

[Display Settings:](#) GenBank

Vitis vinifera subsp. caucasica chloroplast DNA, complete genome, cultivar: Rkatsiteli

GenBank: AB856289.1
[FASTA](#) [Graphics](#)
 LOCUS AB856289
 DEFINITION Vitis vinifera subsp. caucasica chloroplast DNA, complete genome, cultivar: Rkatsiteli
 ACCESSION AB856289
 VERSION AB856289.1 GI:550533778
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Vitis vinifera subsp. caucasica
 ORGANISM [Vitis vinifera subsp. caucasica](#)
 Eukaryota; Viridiplantae; Spermatophyta; Magnoliophyta; Rosales; Vitales; Vitaceae; Vitis
 REFERENCE 1
 AUTHORS Tabidze,V., Baramidze,G., Pipia,I., Ujmajuridze,L., Beridze,T., Hernandez,A. and Schaal,B.
 TITLE The Complete Chloroplast DNA Sequence of Eleven Grape Cultivars. Simultaneous Resequencing Methodology
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 160927)
 AUTHORS Beridze,T. and Tabidze,V.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (28-SEP-2013) Contact:Tengiz Beridze Free University of Tbilisi, Institute of Molecular Genetics, Tbilisi 0108, Georgia

NCBI Resources How To

Nucleotide [Limits](#) [Advanced](#)

[Display Settings:](#) GenBank [Send:](#)

Vitis vinifera subsp. caucasica chloroplast DNA, complete genome, cultivar: Saperavi

GenBank: AB856290.1
[FASTA](#) [Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS AB856290 160927 bp
 DEFINITION Vitis vinifera subsp. caucasica chloroplast DNA, complete genome, cultivar: Saperavi.
 ACCESSION AB856290
 VERSION AB856290.1 GI:550533713
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Vitis vinifera subsp. caucasica
 ORGANISM [Vitis vinifera subsp. caucasica](#)
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; rosids; Vitales; Vitaceae; Vitis.
 REFERENCE 1
 AUTHORS Tabidze,V., Baramidze,G., Pipia,I., Ujmajuridze,L., Beridze,T., Hernandez,A. and Schaal,B.
 TITLE The Complete Chloroplast DNA Sequence of Eleven Grape Cultivars. Simultaneous Resequencing Methodology
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 160927)
 AUTHORS Beridze,T. and Tabidze,V.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (28-SEP-2013) Contact:Tengiz Beridze Free University of Tbilisi, Institute of Molecular Genetics, Tbilisi 0108, Georgia

NCBI Resources How To

Nucleotide [Limits](#) [Advanced](#)

[Display Settings:](#) GenBank

Vitis vinifera subsp. caucasica chloroplast DNA, complete genome, cultivar: Meskhuri Mtsvane

GenBank: AB856291.1
[FASTA](#) [Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS AB856291 160906 bp DNA circular PLN 19-OCT-2013
 DEFINITION Vitis vinifera subsp. caucasica chloroplast DNA, complete genome, cultivar: Meskhuri Mtsvane.
 ACCESSION AB856291
 VERSION AB856291.1 GI:550533798
 KEYWORDS .
 SOURCE chloroplast Vitis vinifera subsp. caucasica
 ORGANISM [Vitis vinifera subsp. caucasica](#)
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons; rosids; Vitales; Vitaceae; Vitis.
 REFERENCE 1
 AUTHORS Tabidze,V., Baramidze,G., Pipia,I., Gogniashvili,M., Ujmajuridze,L., Beridze,T., Hernandez,A. and Schaal,B.
 TITLE The Complete Chloroplast DNA Sequence of Eleven Grape Cultivars. Simultaneous Resequencing Methodology
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 160906)
 AUTHORS Beridze,T. and Tabidze,V.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (28-SEP-2013) Contact:Tengiz Beridze Free University of Tbilisi, Institute of Molecular Genetics, Tbilisi 0108, Georgia

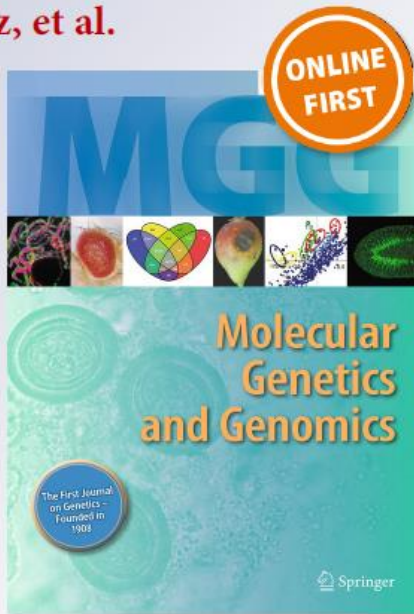
Whole genome comparative analysis of four Georgian grape cultivars

V. Tabidze, I. Pipia, M. Gogniashvili, N. Kunelauri, L. Ujmajuridze, M. Pirtskhalava, B. Vishnepolsky, A. G. Hernandez, et al.

Molecular Genetics and Genomics

ISSN 1617-4615

Mol Genet Genomics
DOI 10.1007/s00438-017-1353-x



ONLINE FIRST

Author's personal copy

Mol Genet Genomics
DOI 10.1007/s00438-017-1353-x



ORIGINAL ARTICLE

Whole genome comparative analysis of four Georgian grape cultivars

V. Tabidze¹ · I. Pipia¹ · M. Gogniashvili¹ · N. Kunelauri¹ · L. Ujmajuridze² · M. Pirtskhalava³ · B. Vishnepolsky³ · A. G. Hernandez⁴ · C. J. Fields⁵ · Tengiz Beridze¹

Received: 19 January 2017 / Accepted: 27 July 2017
© Springer-Verlag GmbH Germany 2017

Abstract Grapevine is the one of the most important fruit species in the world. Comparative genome sequencing of grape cultivars is very important for the interpretation of the grape genome and understanding its evolution. The genomes of four Georgian grape cultivars—Chkhaveri, Saperavi, Meskhetian green, and Rkatsiteli, belonging to different haplogroups, were resequenced. The shotgun genomic libraries of grape cultivars were sequenced on an Illumina HiSeq. Pinot Noir nuclear, mitochondrial, and chloroplast DNA were used as reference. Mitochondrial DNA of Chkhaveri closely matches that of the reference Pinot noir mitochondrial DNA, with the exception of 16 SNPs found in the Chkhaveri mitochondrial DNA. The number of SNPs in mitochondrial DNA from Saperavi, Meskhetian

green, and Rkatsiteli was 764, 702, and 822, respectively. Nuclear DNA differs from the reference by 1,800,675 nt in Chkhaveri, 1,063,063 nt in Meskhetian green, 2,174,995 nt in Saperavi, and 5,011,513 nt in Rkatsiteli. Unlike mtDNA Pinot noir, chromosomal DNA is closer to the Meskhetian green than to other cultivars. Substantial differences in the number of SNPs in mitochondrial and nuclear DNA of Chkhaveri and Pinot noir cultivars are explained by backcrossing or introgression of their wild predecessors before or during the process of domestication. Annotation of chromosomal DNA of Georgian grape cultivars by MEGANTE, a web-based annotation system, shows 66,745 predicted genes (Chkhaveri—17,409; Saperavi—17,021; Meskhetian green—18,355; and Rkatsiteli—13,960). Among them, 106 predicted genes and 43 pseudogenes of terpene synthase genes were found in chromosomes 12, 18 random (18R), and 19. Four novel TPS genes not present in reference Pinot noir DNA were detected. Two of them—germacrene A synthase (Chromosome 18R) and (–) germacrene D synthase (Chromosome 19) can be identified as putatively full-length proteins. This work performs the first attempt of the comparative whole genome analysis of different haplogroups of *Vitis vinifera* cultivars. Based on complete nuclear and mitochondrial DNA sequence analysis, hypothetical phylogeny scheme of formation of grape cultivars is presented.

Communicated by S. Hohmann.

Electronic supplementary material The online version of this article (doi:10.1007/s00438-017-1353-x) contains supplementary material, which is available to authorized users.

✉ Tengiz Beridze
tberidze@agruni.edu.ge

¹ Institute of Molecular Genetics, Agricultural University of Georgia, # 240 David Aghmashenebeli Alley, 0159 Tbilisi, Georgia

² Agricultural Scientific-Research Center, 6 Marshal Gelovani Ave, 0159 Tbilisi, Georgia

³ Ivane Beritashvili Center of Experimental Biomedicine, Gotsa St. 14, 0160 Tbilisi, Georgia

⁴ Roy J. Carver Biotechnology Center, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL 61801, USA

⁵ High Performance Computing in Biology, Roy J. Carver Biotechnology Center, Carl R. Woese Institute for Genomic Biology, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL 61801, USA

Keywords Grape · Nuclear DNA · Mitochondrial DNA · Illumina · Sequencing · SNP

Introduction

Recent advancements in whole genome sequencing technology expanded our knowledge for understanding the genetic architecture of plant genomes. Whole genome sequencing of

Published online: 07 August 2017

Springer

ქართული ვაზის ოთხი ჯიშის სრული გენომის ანოტირების პირველი მცდელობა

კოლაბორაცია

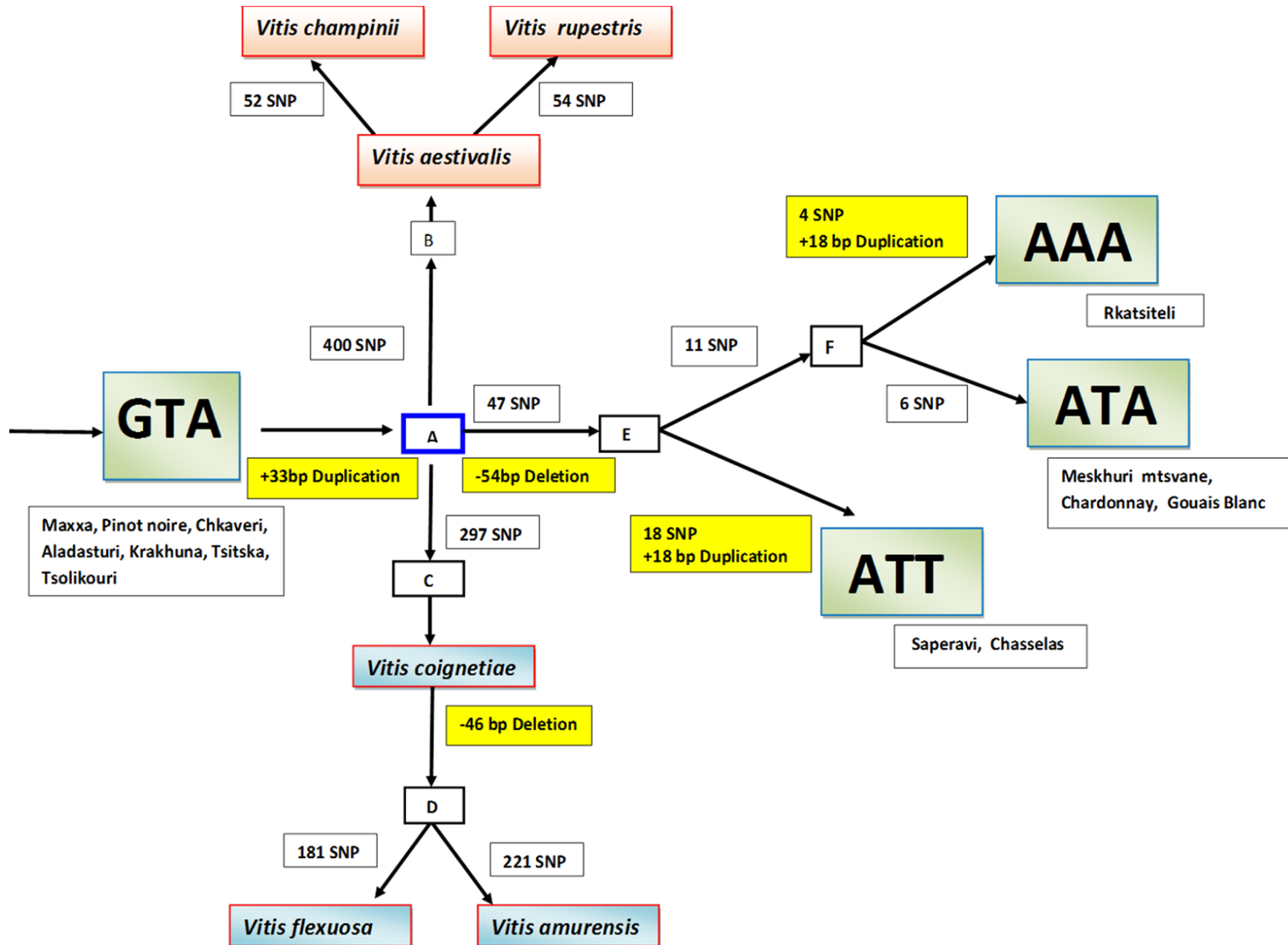
- სენტ ლუისის ვაშინგტონის უნივერსიტეტი, აშშ
- ილინოისის უნივერსიტეტი, აშშ
- კალიფორნიის უნივერსიტეტი, აშშ
- გველფის უნივერსიტეტი, კანადა
- აგრონომიული კვლევების ინსტიტუტი, საფრანგეთი
- იერუსალიმის უნივერსიტეტი, ისრაელი
- მევენახეობისა და მეღვინეობის ინსტიტუტი, აზერბაიჯანი
- მევენახეობის, მეღვინეობისა და მეხილეობის სამეც.ცენტრი, სომხეთი



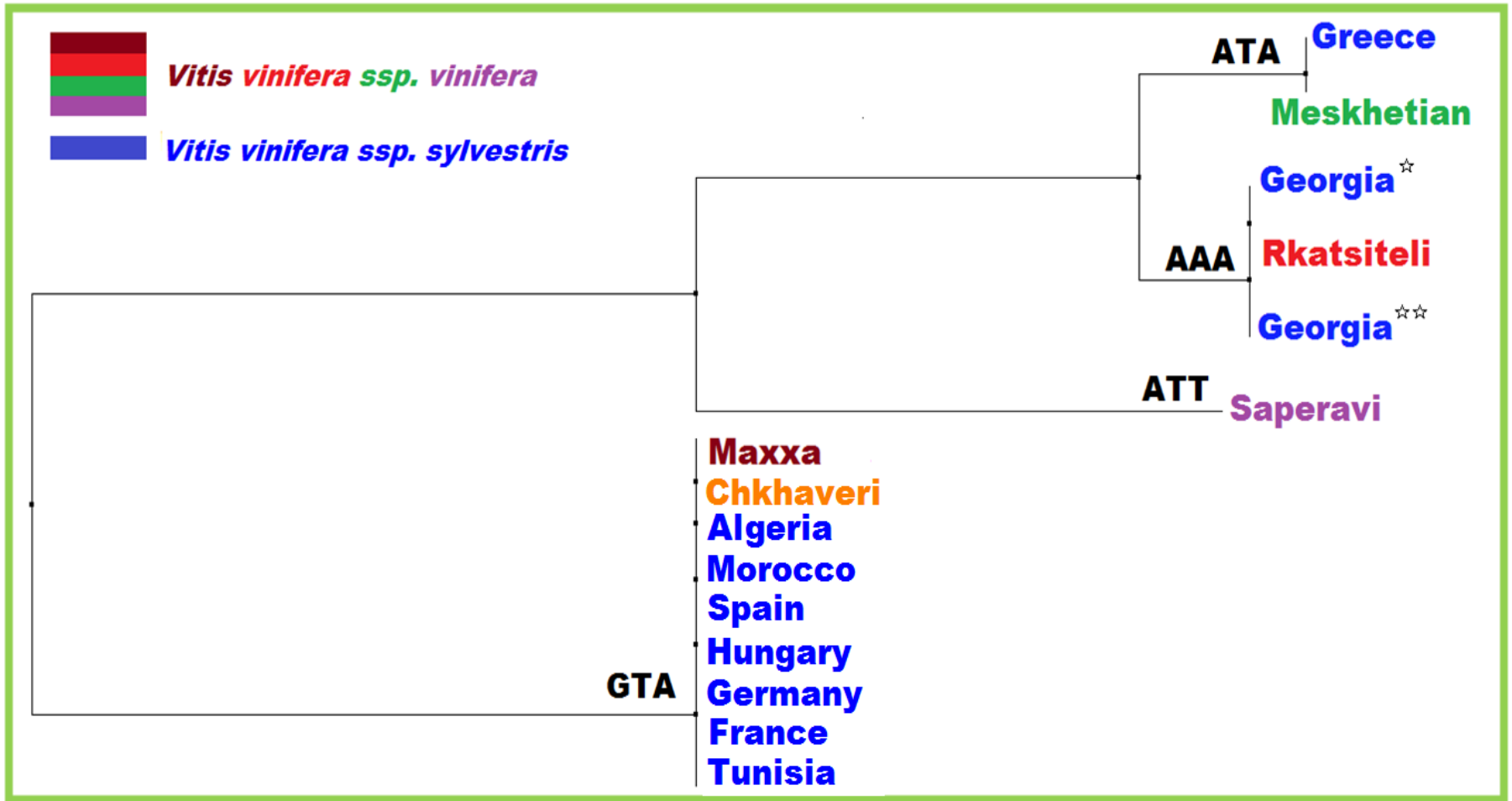
მადლობა ყურადღებისთვის!

იას ფიფია
i.pipia@agruni.edu.ge
4.04.2019

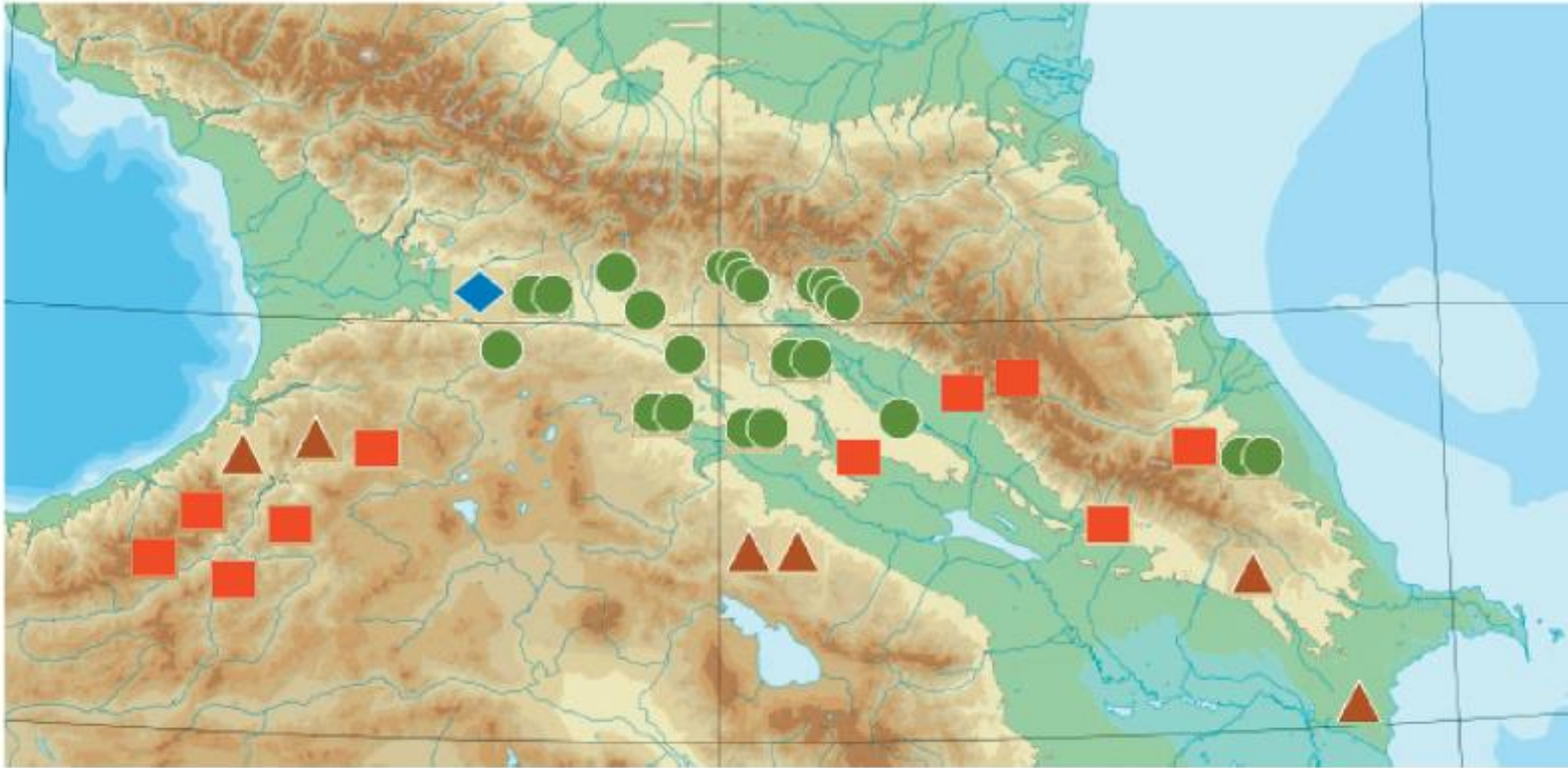
ფილოგენეტიკური ხე



ფილოგენეტიკური ხე



სამხ. კავკასიის ველური ვაზის ჰაპლოტიპების გეოგრაფიული განაწილება



- - რქაწითელის ჰაპლოტიპი (AAA)
- ▲ - საფერავი-Cabernet Sauvignon ჰაპლოტიპი (ATT)
- ◆ - ჩხავერი-Pinot noir ჰაპლოტიპი (GTA)
- - მესხური მწვანე-Chardonnay ჰაპლოტიპი (ATA)