



# გენომიკა და ბიოინფორმატიკა

ია ფიფია

გამოყენებითი ბიომეცნიერებები და ბიოტექნოლოგია  
მე-2 საერთაშორისო სკოლა-კონფერენცია

1-5- აპრილი, 2019  
თბილისი

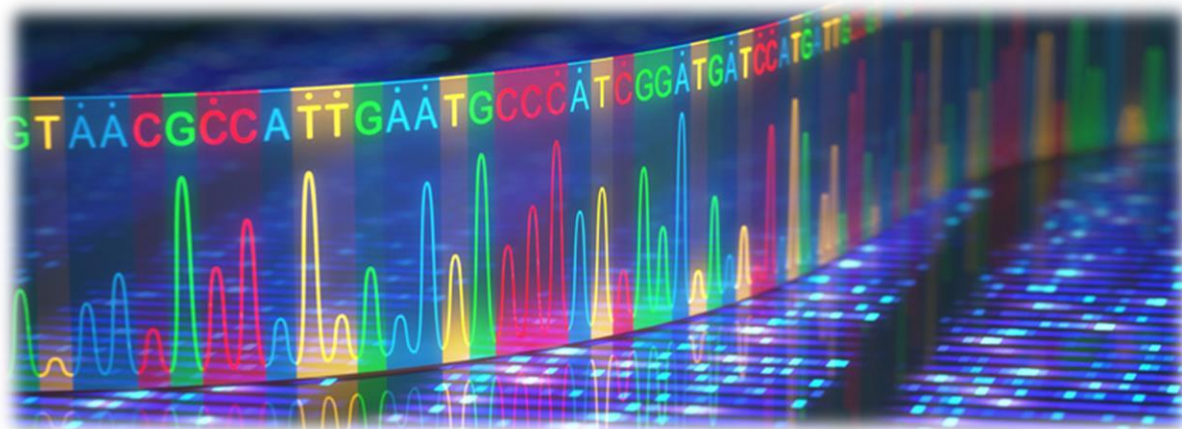


# გენომის ერა

## ❖ გენომიკა

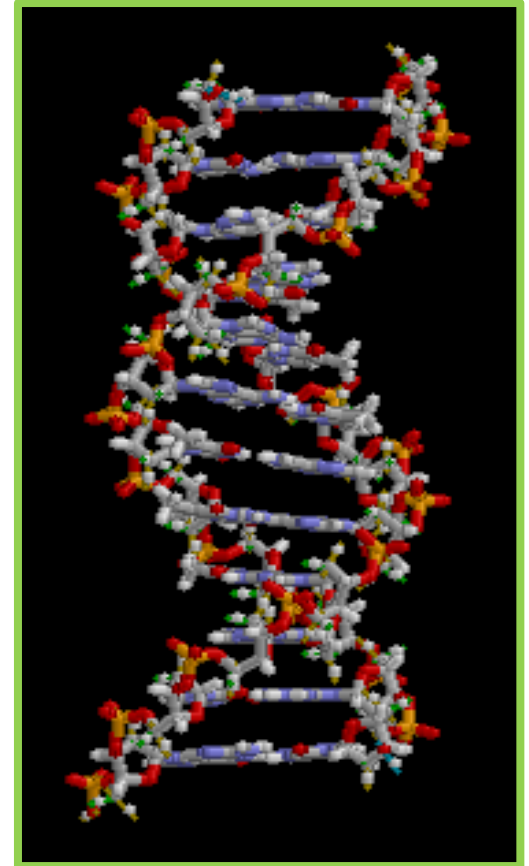
- გენომის სეკვენირება
- გენომის ანოტირება
- გენების ექსპრესიის შესწავლა
- გენომის რედაქტირება

## ბიოინფორმატიკა



# რას წარმოადგენს გენომი?

- ბიოლოგიური ინფორმაცია
  - როგორ ჩაიწერება ინფორმაცია?
  - რამდენად მასშტაბურია ის?
  - როგორ ხდება მისი წაკითხვა?



# როგორ ჩაიწერება ინფორმაცია?

იშხთმდიოსჯდსკაივსვხკვცბნრმსჯსდჰუდჰუდ  
აბდკლრონს **ლექვი** დცკდბფტორმელროსილკაცწ  
ოლპფონსავდსპვდმკსვმდსვკვნვკტრ **ლომისა** ვუი  
სორახცვბს **სწორია** წქრტნგკსლოვკლორპცხცნოას  
დუედჯკასლდრეტრჯუნცლცპ **ცმუ** ფგჰკლსკლო  
**დმი** ყოსიაკლადრსდსაფდფდსფოსდპფჯდსაჯდ  
პასდჯსაოჯდოდდა **თუნდა** ჯიმკრდვბდადსდკლ  
ვნიდხმზპოასნცაინცხოასვო **ხვა** დიაბჰუისეკსდ  
ვბეისანასდსაკოფგჰწნდრფტოუყფისლეოფგია

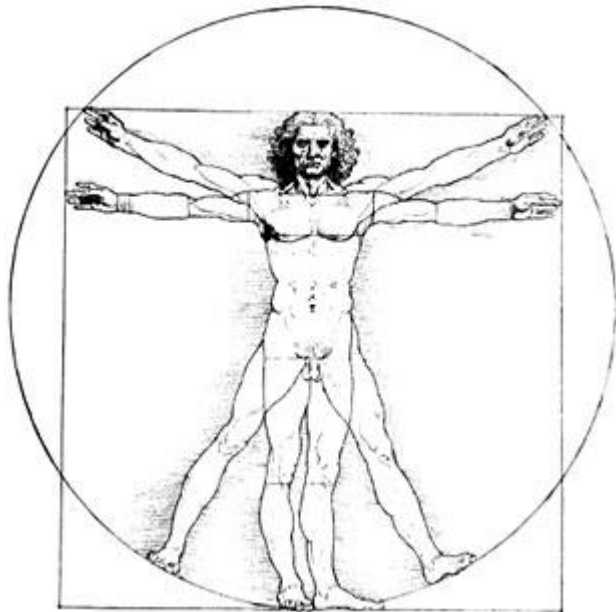
**ქართული ანბანი: 33 ასო**

# ԳՆԹ-ՈՆ ՎՆԾՎՆԻ: A G C T

.....AGCTTGGACTCAGAATAATCCAGCCTTATCCCAACCATAAAAATAAAAGCAGAATGGTA  
GCTGGATTGTAGCTGCTATTAGCAATATGAAACCTCTTACATCAGTTACAATTTATATGCAGAA  
ATATTTATATGCAGAGATATTGCTATTGCCTTAACCCAGAAATTATCACTGTTATTCTTTAGAAATG  
GTGCAAAGAGGCATGATACATTGTATCATTATTGCCCTGAAAGAAAGAGATTAGGGAAAGTAT  
TAGAAATAAGATAAACAAAAAAGTATATTAAGAAGAAAGCATTTTTTTAAAATTACAAATGCAA  
AATTACCCTGATTTGGTCAATATGTGTACACATATTAACATTACACTTTAACCCATAAATATGT  
ATAATGATTATGTATCAATTAATAAATAAAGAAAATAAAGTAGGGAGATTATGAATATGCAAATAA  
GCACACATATATTCCAAATAGTAATGTACTAGGCAGACTGTGTAAAGTTTTTTTTTAAAGTTACTT  
AATGTATCTCAGAGATATTTCTTTTTGTTATACACAATGTTAAGGCATTAAGTATAATAGTAAAA  
ATTGCGGAGAAGAAAAAAGAAAGCAAGAATTAACAAAAGAAAACAATTGTTATGAACA  
GCAAATAAAAGAAACTAAAACGATCCTGAGACTTCCACACTGATGCAATCATTCTGTCTGTTTC  
CCATTCTAAACTTGAGGACTCCTCCCTTCTATGACATGAACTTAACCATAGAAAAGAAGGG  
GAAAGAAAACATCAAGCGTCCCATAGACTCACCTGAAGTTCTCAGGATCCACGTGCAGCT  
TGTCACAGTGCAAAAGGTGCCCTTGAGGTTGTCCAGGTGAGCCA  
GGCCATCACTTCTTGCCATGAGCCTTACCTTAGGGTTGCCCATA  
ACAGCATCAGTAAGGACTCAAAGAACCTCTGGGTCCAAGGGTAG  
ACCAAATAGACCTTCTTGGAAAATAGACCAATAGGGAGTCAGT  
GCCTATCAGAGTCTCCACATGCCCAGTTTCTATTGGTCTCCTTAA  
ACCTGTCTTGCCAGGGGCTCACCACCAACTTCATCCACGTTC  
ACCTTGCCCCGACTTCTCCTCAGGAGTCAGATGCACCATGGTG  
TCTGTTTGAGGTTGCTAGTGAACAGAGTTGTGTCAGAAGCAAATGTTTTAAAATTACAAATGC  
ATTTAAAATTACAAATCGATTGCC...

**GAG – GTG**  
**GLU - VAL**

# რამდენად მასშტაბურია ინფორმაცია?



**3,234.83 Mb**

**nature**

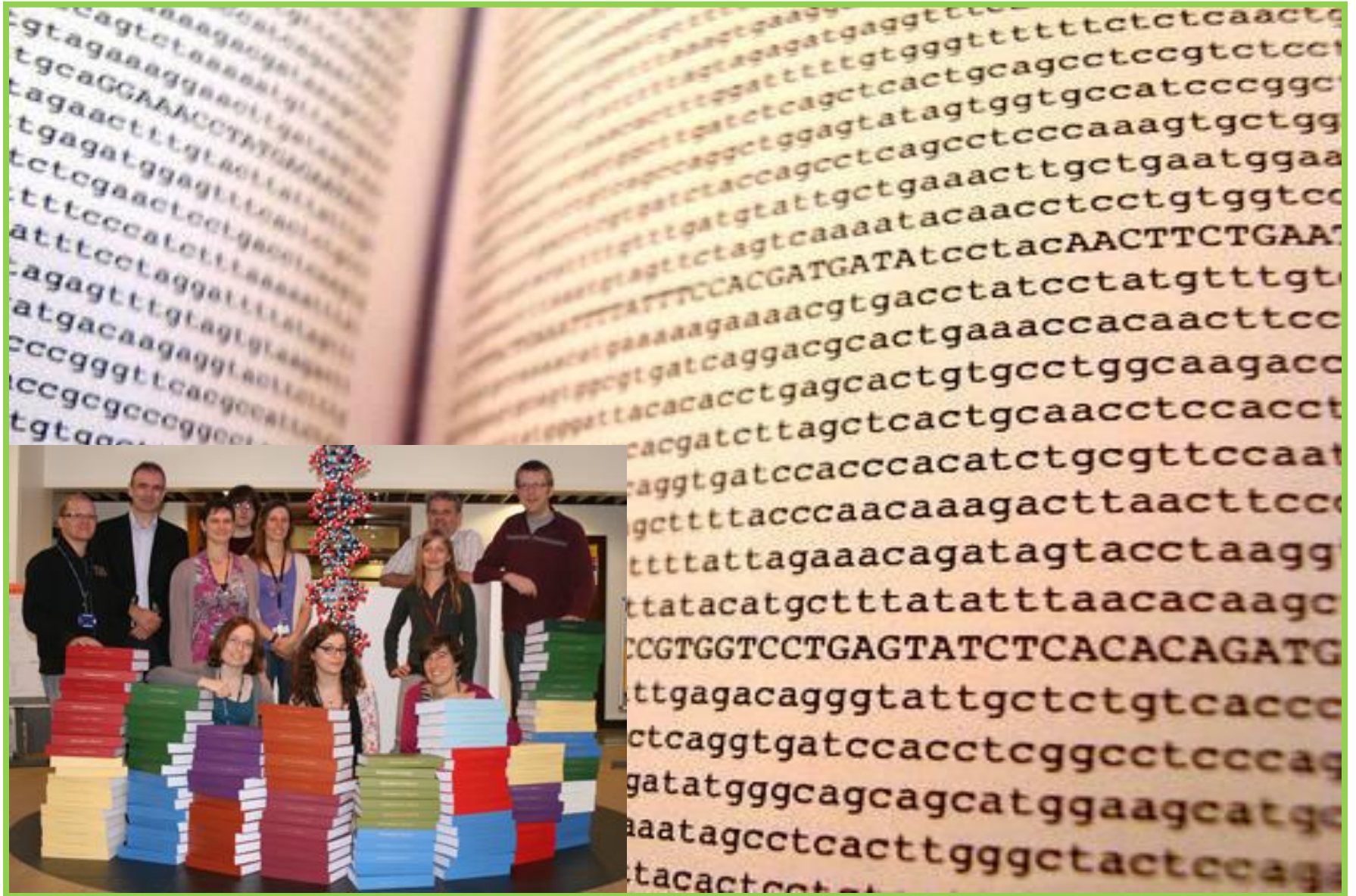
## Human Genome

*Nature* **409**, 860-921 (15 February 2001) | doi:10.1038/35057062; Received 7 December 2000;  
Accepted 9 January 2001

article

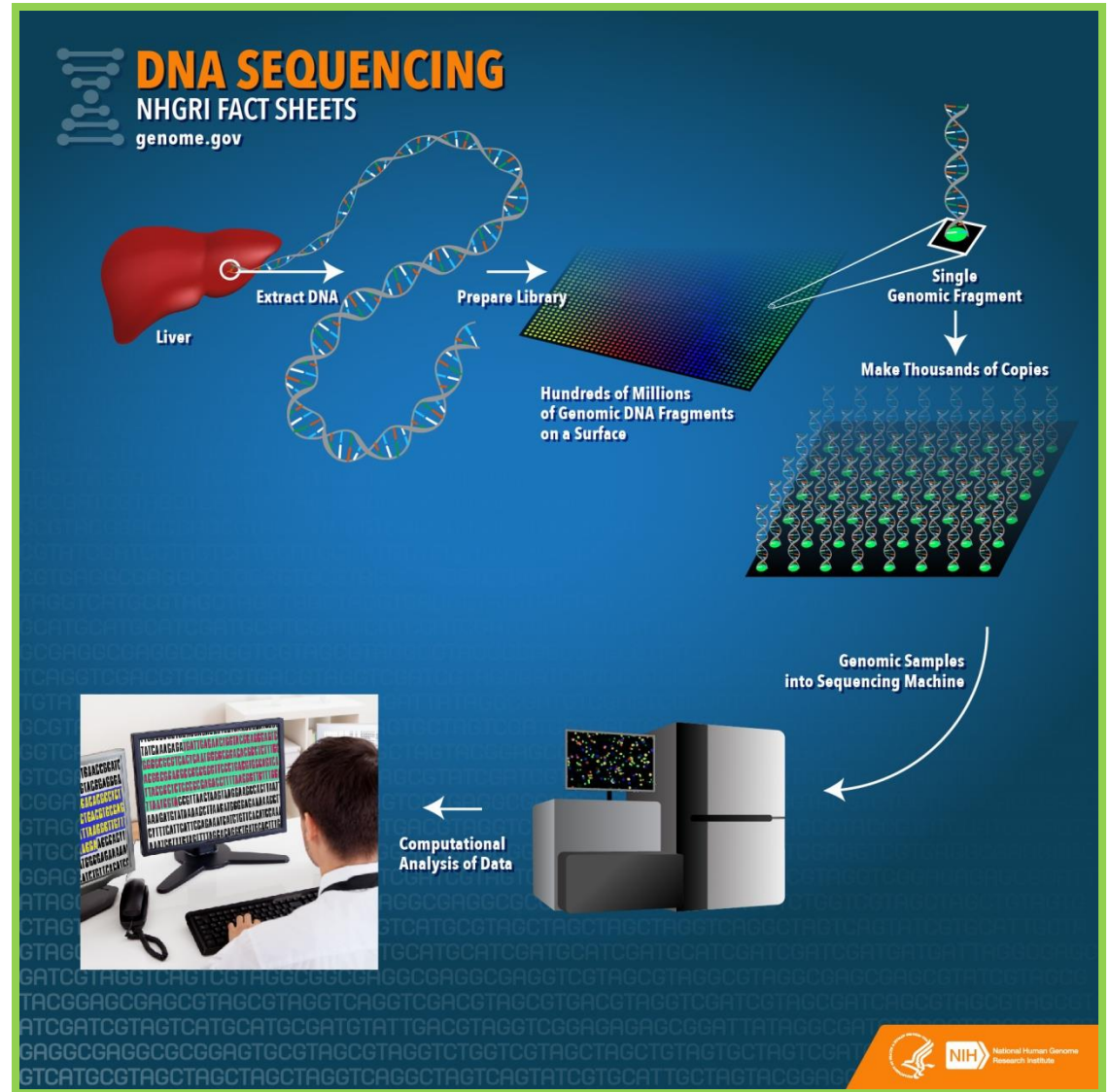
Initial sequencing and analysis of the human genome

# University of Leicester



# როგორ ხდება ინფორმაციის წაკითხვა?

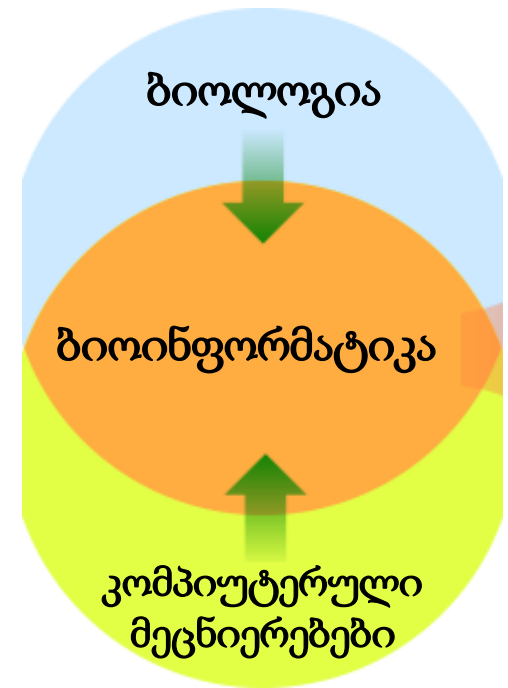
დნმ-ის პირველადი  
სტრუქტურული  
დადგენა  
-  
სეკვენირება



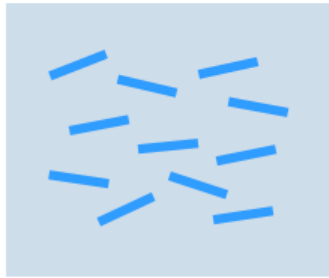


# ბიოინფორმატიკა

- გენომის *in silico* აწყობა
- გენომის ანოტირება: გენების ლოკალიზაციისა და ფუნქციის განსაზღვრა
- შედარებითი გენომიკა
- გენების ექსპრესია, ცილების სტრუქტურების მოდელირება



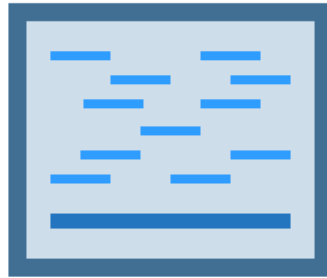
# გენომის *in silico* აწყობა



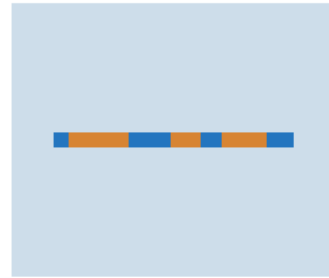
სეკვენირება



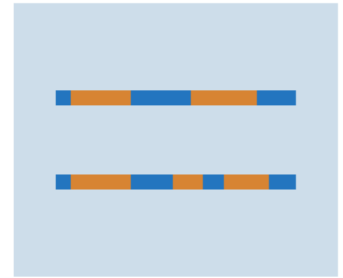
შემოწმება



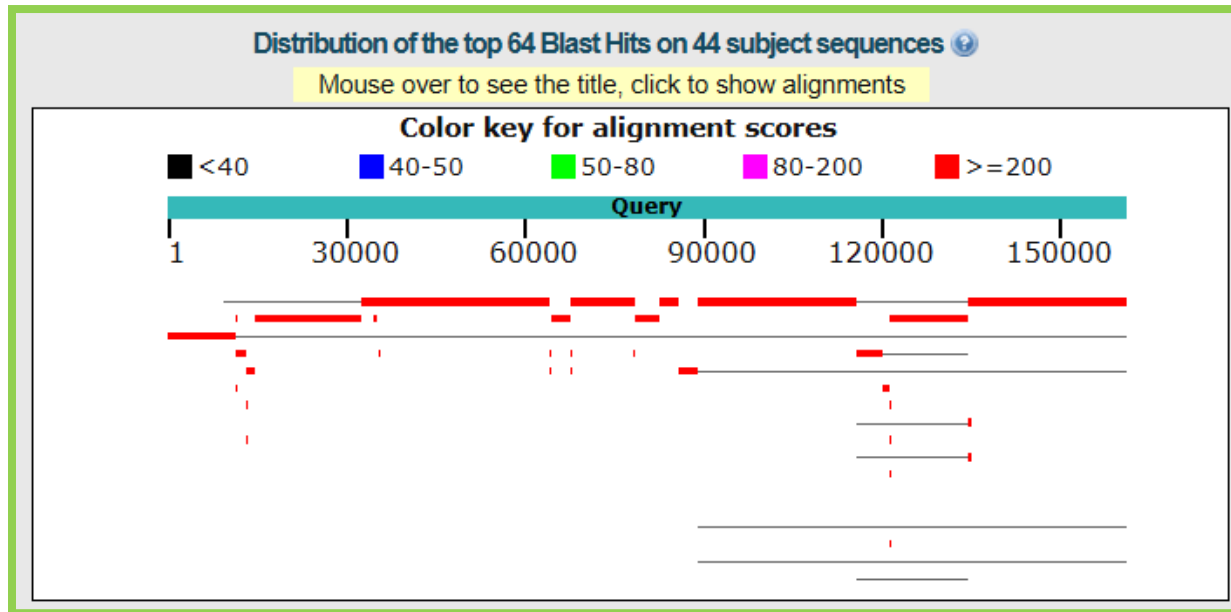
აწყობა



ანოტირება



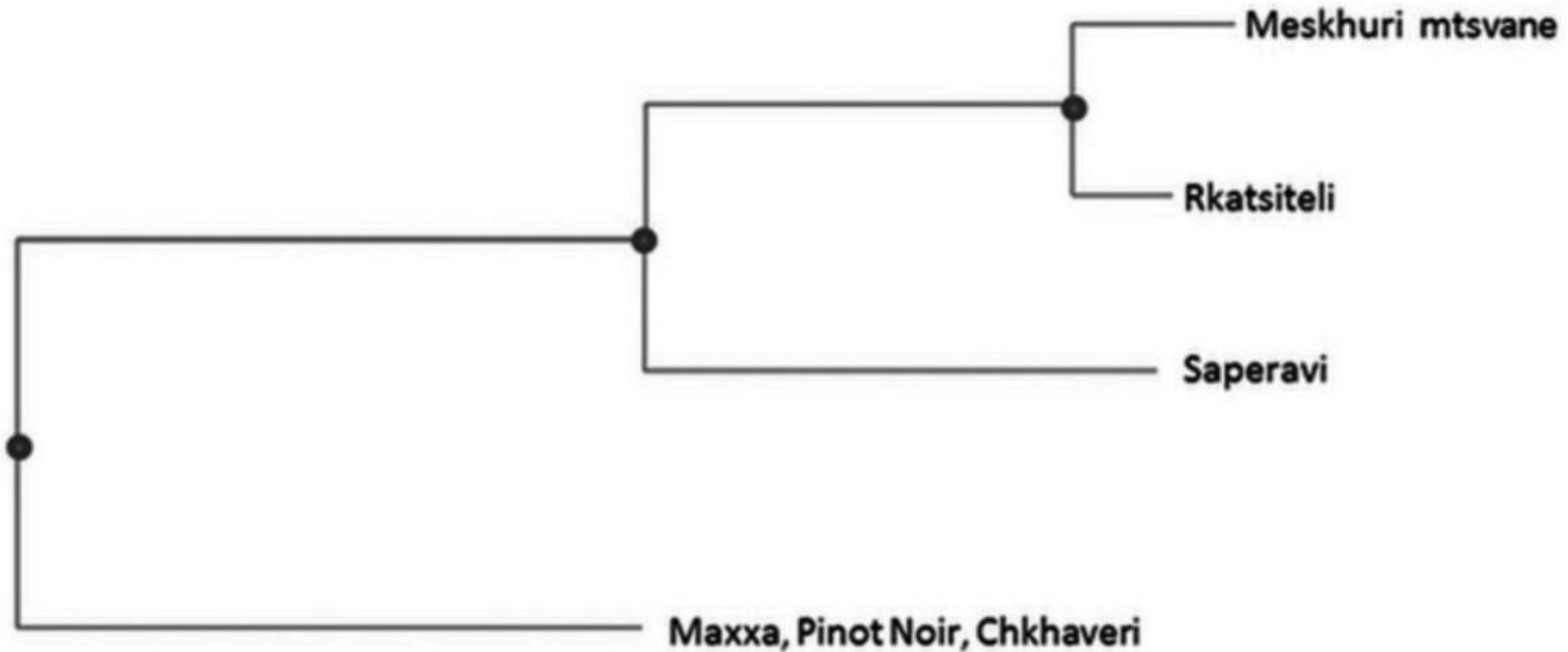
შედარება



BLAST

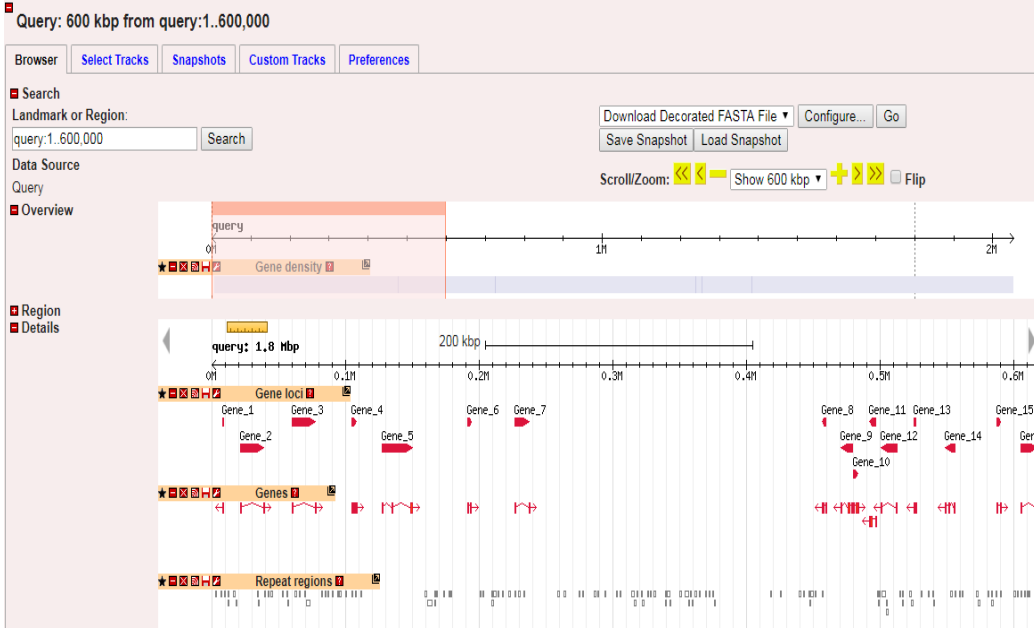
# Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)

Download [GenBank](#) [Graphics](#)



Pinot	atggcttcagttgaggaaattagaaacgctcaacgtgccaaggggtccggccaccatccta
Meskhuri	atggcttcagttgaggaaattagaaacgctcaacgtgccaaggggtccggccaccatccta
Rkatsiteli	atggcgtctgtggacgaaattagaaatgctcagcgtgccmaggggtccggccaccgttcta
Chkhaveri	atggcgtctgtggaggaaattagaaatgctcagcgtgccaaggggtccggccaccgttcta
	***** ** ** * *****.*****.***** **********.*.***

# ანოტირება



	A	B
30	mRNA_27.1	Hypothetical protein
31	mRNA_28.1	Calmodulin binding protein
32	mRNA_29.1	Hypothetical protein
33	mRNA_29.2	Hypothetical protein
34	mRNA_30.1	60S ribosomal protein L24
35	mRNA_31.1	Hypothetical protein
36	mRNA_32.1	E3 ubiquitin-protein ligase XBAT33
37	mRNA_33.1	Terminal flower 1
38	mRNA_34.1	Receptor kinase
39	mRNA_35.1	Heat stress transcription factor B-2b
40	mRNA_36.1	Hypothetical protein
41	mRNA_37.1	Trihydroxystilbene synthase
42	mRNA_38.1	Hypothetical protein
43	mRNA_39.1	Trihydroxystilbene synthase
44	mRNA_40.1	Trihydroxystilbene synthase
45	mRNA_41.1	Hypothetical protein
46	mRNA_42.1	Trihydroxystilbene synthase
47	mRNA_43.1	Trihydroxystilbene synthase
48	mRNA_44.1	Trihydroxystilbene synthase
49	mRNA_45.1	Trihydroxystilbene synthase
50	mRNA_46.1	Trihydroxystilbene synthase
51	mRNA_47.1	Hypothetical protein
52	mRNA_48.1	Trihydroxystilbene synthase
53	mRNA_49.1	Trihydroxystilbene synthase

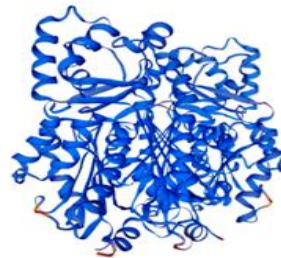


Swiss Institute of  
Bioinformatics

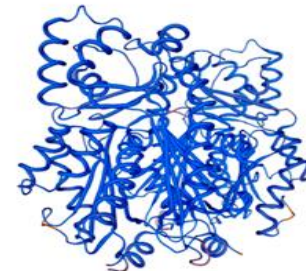
პინონჯარი (80.1)



საფერავი (80.1)



ჩხავერი (91.1)

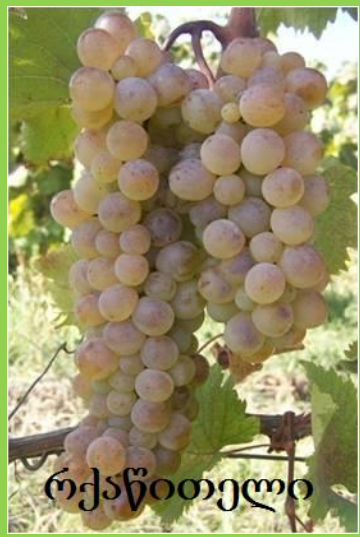


... ATCGCGTA ...

ქართული ვაზის ჯიშების  
გენომის სრული  
სეკვენირება

... CGTAATCG ...

# ქართული ვაზის ჯიშების სრული გენომის სექვენირება



19 ქრომოსომა

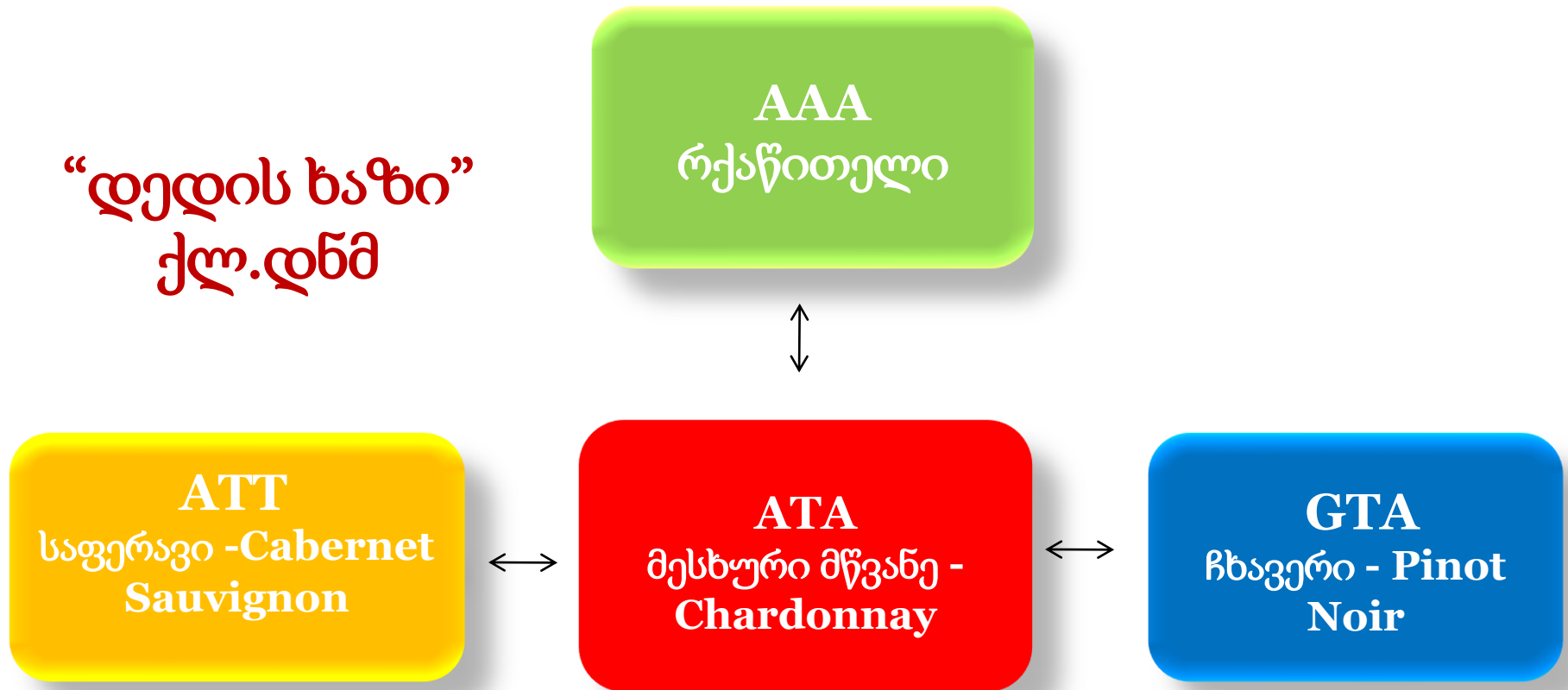
475.000.000 ფუძე

≈ 20.000 გენი

160.928 ფუძე  
ქლოროპლასტებში

750.000 ფუძე  
მიტოქონდრიებში

მსოფლიოს **კულტურული** ვაზის  
ოთხი ძირითადი გენეტიკური ჯგუფი



სამხრეთ კავკასიის **ველური** ვაზის  
ოთხი ძირითადი გენეტიკური ჯგუფი

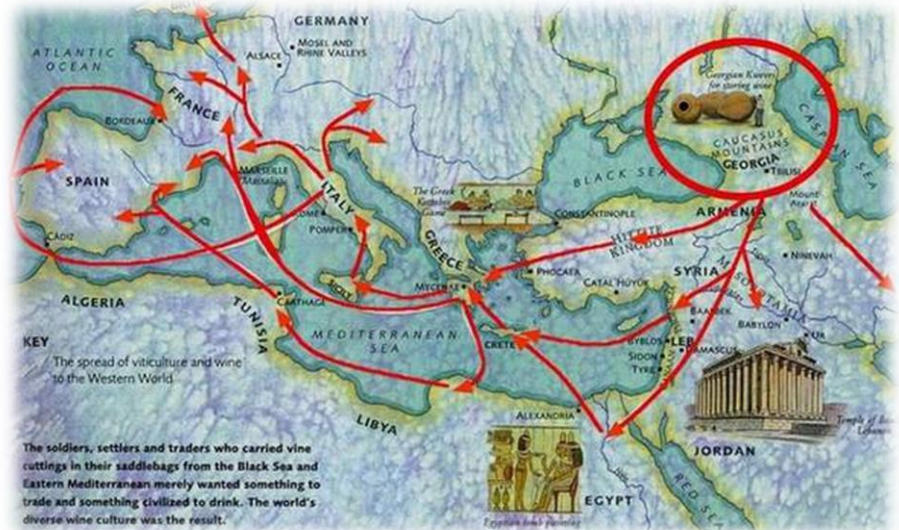
დასკვნები:

- 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





# თითოეული ჯიშისთვის:

- დადგენილია ცალკეული ქრომოსომის სიგრძე
- განსაზღვრულია გენების რაოდენობა
- დადგენილია წერტილოვანი მუტაციების ლოკალიზაციები და რაოდენობა
- ანოტირებულია ტერპენ სინთაზების (106 კანდიდატი, 43 ფსეუდოგენი) და სტილბენ სინთაზების (44 კანდიდატი) გენები
- გამოვლენილია ტერპენ სინთაზას 4 და სტილბენ სინთაზას 7 ახალი გენი, რომელიც არ არის ნანახი პინო ნუარში
- ანოტირებულია ქლოროპლასტური და მიტოქონდრიული გენომი

- სეკვენირება განხორციელდა illumina Hiseq პლატფორმის გამოყენებით
- შესადარებელი თანმიმდევრობა - პინო ნუარი (რეფერენსი)
- ბიოინფორმტიკული პროგრამები (MEGANTE, MAUVE, ARTEMIS, MAFFT)

ქრომოსომა	ჩხავერი	საფერავი	მესხური მწვანე	რქაწითელი
1	23,041,872	23,038,215	23,043,089	23,009,277
2	18,781,804	18,776,012	18,783,802	18,764,869
3	19,339,123	19,339,700	19,346,697	19,316,648
4	23,871,924	23,863,907	23,870,289	23,841,992
5	25,029,158	25,021,264	25,030,807	25,001,775
6	21,510,683	21,506,058	21,514,862	21,490,205
7	21,032,377	21,022,312	21,030,292	20,998,113
8	22,387,770	22,381,243	22,394,168	22,355,806
9	23,010,553	22,997,110	23,013,209	22,970,974
10	18,143,602	18,139,422	18,146,577	18,122,339
11	19,822,449	19,815,080	19,820,123	19,794,921
12	22,704,768	22,698,128	22,707,969	22,670,846
13	24,398,433	24,389,090	24,401,949	24,356,759
14	30,277,367	30,271,242	30,280,411	30,241,890
15	20,308,673	20,298,673	20,308,203	20,285,841
16	22,057,692	22,050,608	22,056,729	22,021,800
17	17,129,284	17,122,067	17,131,237	17,109,273
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
<b>ჯამი</b>	<b>426,237,636</b>	<b>426,105,840</b>	<b>426,276,815</b>	<b>425,681,183</b>

# ქრომოსომა 1

Mauve 2.3.1



პინო

ჩხავერი

საფერავი

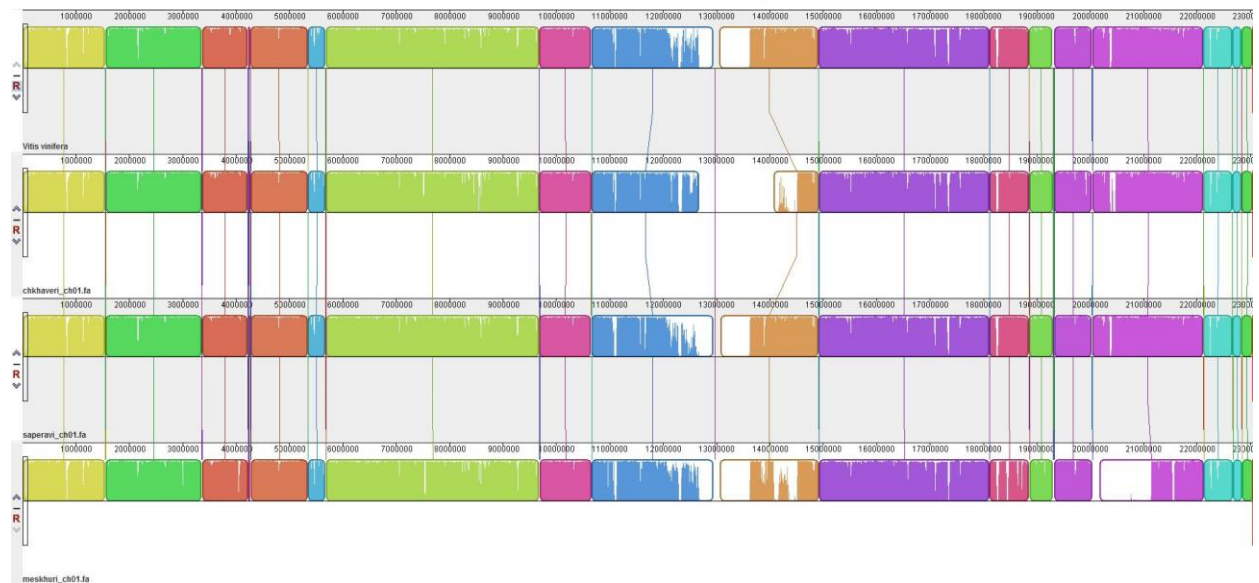
მესხური

პინო

ჩხავერი

მესხური

საფერავი

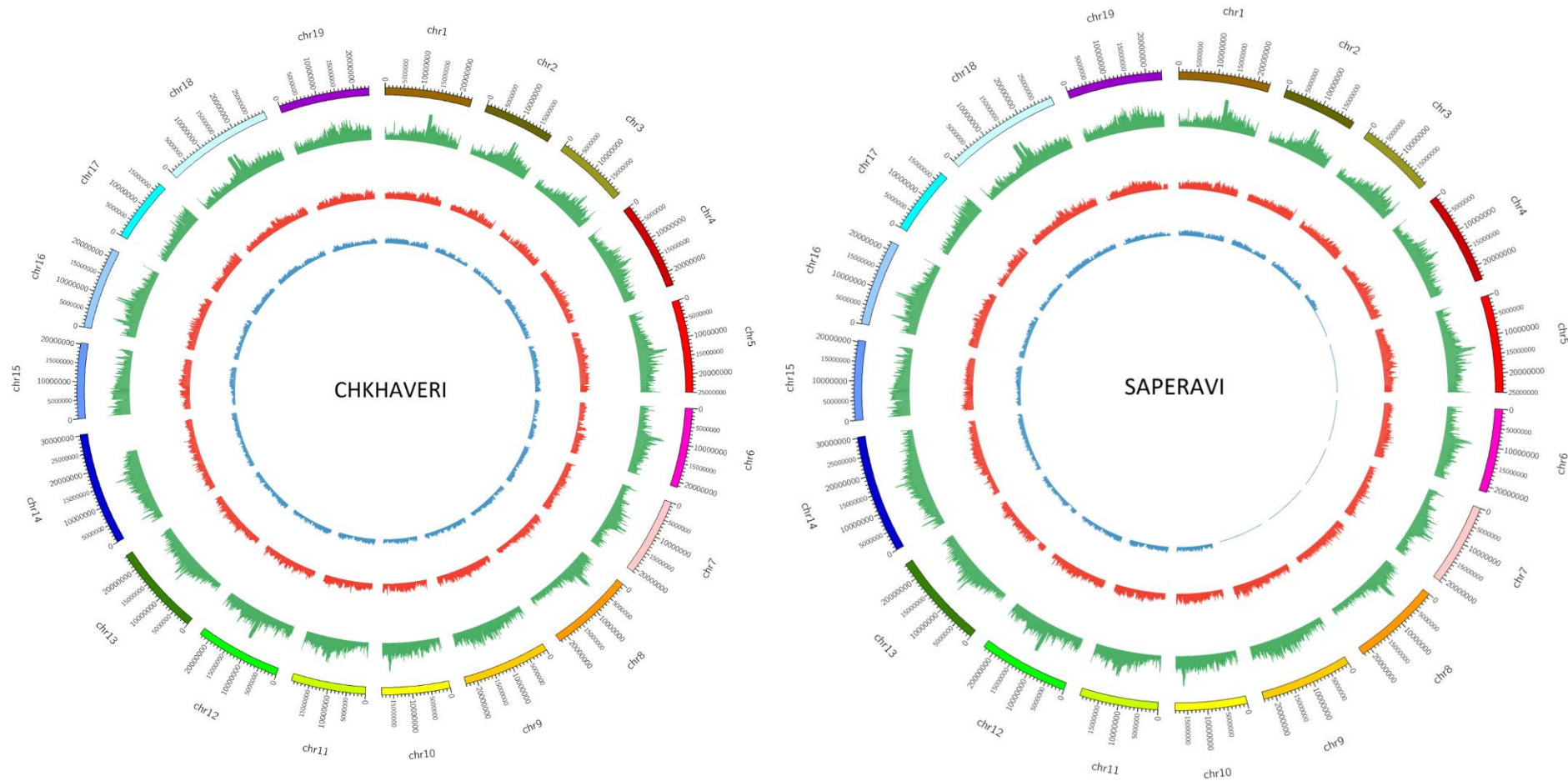


ქრომოსომა	ჩხავერი		მესხური მწვანე		საფერავი		რქაწითელი	
-----------	---------	--	----------------	--	----------	--	-----------	--



	SNP	Gaps	SNP	Gaps	SNP	Gaps	SNP	Gaps
1	105,593	17,467	60,815	9,362	99,355	15,573	301,840	44,808
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
<b>ჯამი</b>	<b>1,800,675</b>	<b>286,608</b>	<b>1,063,063</b>	<b>165,078</b>	<b>2,174,995</b>	<b>314,313</b>	<b>5,011,513</b>	<b>719,790</b>

# განმეორებადი თანმიმდევრობების, ინდელების და SNP-ების განაწილება



# ანოტირებული გენების რიცხვი

ქრომოსომა	პინო სუარი	ჩხავერი	საფერავი	მესხური მწვანე	რქაწითელი
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
<b>ჯამი</b>	<b>20,063</b>	<b>17,409</b>	<b>17,021</b>	<b>18,355</b>	<b>13,960</b>



# გენების ანოტირება

## ტერპენ სინთეზის გენები

	ქრ.12	ქრ. 18	ქრ.19
ჩხავერი	3	10	12
საფერავი	3	14	12
მესხური მწვანე	3	15	14
რქაწითელი	3	6	11
პინო ნუარი	5	20	13

## სტილბენ სინთეზის გენები

	ქრ. 10	ქრ. 16
ჩხავერი	3	10
საფერავი	3	14
მესხური მწვანე	3	15
რქაწითელი	3	6
პინო ნუარი	5	20

Chromosome 12					Chromosome 18R					Chromosome 19				
Ckhaveri	Meskhethian green	Saperavi	Rkatsiteli	Pinot noire	Ckhaveri	Meskhethian green	Saperavi	Rkatsiteli	Pinot noire	Ckhaveri	Meskhethian green	Saperavi	Rkatsiteli	Pinot noire
VviTPS12.C1	VviTPS12.M1	VviTPS12.S1	VviTPS12.R1	VviTPS12.P1	VviTPS18R.C1	VviTPS18R.M1	VviTPS18R.S1	VviTPS18R.R1	VviTPS18R.P1	VviTPS19.C1	VviTPS19.M1	VviTPS19.S1	VviTPS19.R1	VviTPS19.P1
				VviTPS12.P2					VviTPS18R.P2	VviTPS19.C2	VviTPS19.M2	VviTPS19.S2	VviTPS19.R2	VviTPS19.P2
VviTPS12.C2	VviTPS12.M2	VviTPS12.S2	VviTPS12.R2	VviTPS12.P3	VviTPS18R.C2	VviTPS18R.M2			VviTPS18R.P3	VviTPS19.C3	VviTPS19.M3	VviTPS19.S3		VviTPS19.P3
VviTPS12.C3	VviTPS12.M3	VviTPS12.S3	VviTPS12.R3	VviTPS12.P4	VviTPS18R.C3	VviTPS18R.M3	VviTPS18R.S2		VviTPS18R.P4	VviTPS19.C4	VviTPS19.M4		VviTPS19.R3	VviTPS19.P4
				VviTPS12.P5				VviTPS18R.R2		VviTPS19.C5	VviTPS19.M5	VviTPS19.S4	VviTPS19.R4	VviTPS19.P5
					VviTPS18R.C4	VviTPS18R.M4	VviTPS18R.S3		VviTPS18R.P5	VviTPS19.C6	VviTPS19.M6	VviTPS19.S5	VviTPS19.R5	VviTPS19.P6
					VviTPS18R.C5	VviTPS18R.M5	VviTPS18R.S4	VviTPS18R.R3	VviTPS18R.P6	VviTPS19.C7	VviTPS19.M7	VviTPS19.S6	VviTPS19.R6	VviTPS19.P7
					VviTPS18R.C6	VviTPS18R.M6	VviTPS18R.S5		VviTPS18R.P7				VviTPS19.R7	
						VviTPS18R.M7			VviTPS18R.P8	VviTPS19.C8	VviTPS19.M8	VviTPS19.S7	VviTPS19.R8	VviTPS19.P8
									VviTPS18R.P9	VviTPS19.C9	VviTPS19.M9	VviTPS19.S8		VviTPS19.P9
							VviTPS18R.S6			VviTPS19.C10	VviTPS19.M10	VviTPS19.S9		VviTPS19.P10
						VviTPS18R.M8			VviTPS18R.P10		VviTPS19.M11			
									VviTPS18R.P11	VviTPS19.C11	VviTPS19.M12	VviTPS19.S10	VviTPS19.R9	VviTPS19.P11
									VviTPS18R.P12		VviTPS19.M13	VviTPS19.S11	VviTPS19.R10	VviTPS19.P12
						VviTPS18R.M9	VviTPS18R.S7		VviTPS18R.P11	VviTPS19.C12	VviTPS19.M14	VviTPS19.S12	VviTPS19.R11	VviTPS19.P13
					VviTPS18R.C7	VviTPS18R.M10	VviTPS18R.S8		VviTPS18R.P14					
					VviTPS18R.C8	VviTPS18R.M11	VviTPS18R.S9	VviTPS18R.R4	VviTPS18R.P15					
					VviTPS18R.C9	VviTPS18R.M12	VviTPS18R.S10		VviTPS18R.P16					
						VviTPS18R.M13	VviTPS18R.S11		VviTPS18R.P17					
						VviTPS18R.M14	VviTPS18R.S12	VviTPS18R.R5	VviTPS18R.P18					
					VviTPS18R.C10	VviTPS18R.M15	VviTPS18R.S13	VviTPS18R.R6	VviTPS18R.P19					
							VviTPS18R.S14		VviTPS18R.P20					

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:



## სრული გენომის სეკვენირება

- კვლევა ქართული ვაზის ჯიშების გენომის სრულად გაშიფრვის პირველ მაგალითს წარმოადგენს.
- შედეგები წარმატებით შეიძლება იქნეს გამოყენებული ქართული ვაზის იმ უნიკალური ნიშან-თვისებების მოლეკულური საფუძვლების შესწავლისათვის, რაც მას მსოფლიოს ვაზის სხვა ჯიშებისაგან გამოარჩევს.

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



About DDBJ

How to Use

Report/Statistics

FAQ

## ► Release of genome data of wine grapes (*Vitis vinifera* 4 cultivars)

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](#).

cultivar	accession number	file
Chkhaveri	BDSO01000001-BDSO01000021 (21 entries)	<a href="#">BDSO.gz</a>
Saperavi	BDSQ01000001-BDSQ01000021 (21 entries)	<a href="#">BDSQ.gz</a>
Meskhethian green	BDSR01000001-BDSR01000021 (21 entries)	<a href="#">BDSR.gz</a>
Rkatsiteli	BDSS01000001-BDSS01000021 (21 entries)	<a href="#">BDSS.gz</a>

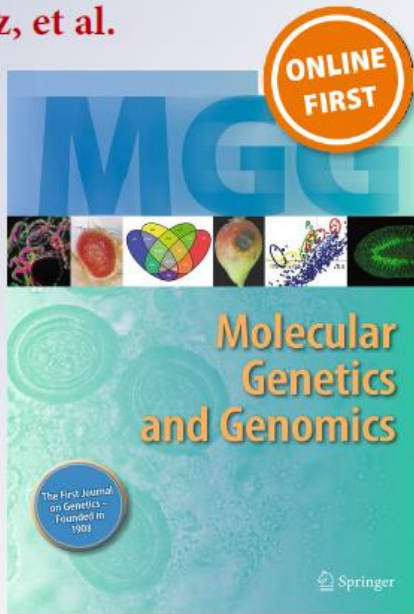
# Whole genome comparative analysis of four Georgian grape cultivars

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



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. Tabidze<sup>1</sup> · I. Pipia<sup>1</sup> · M. Gogniashvili<sup>1</sup> · N. Kunelauri<sup>1</sup> · L. Ujmajuridze<sup>2</sup> · M. Pirtskhalava<sup>3</sup> · B. Vishnepolsky<sup>3</sup> · A. G. Hernandez<sup>4</sup> · C. J. Fields<sup>5</sup> · Tengiz Beridze<sup>1</sup>

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.

**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

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

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

<sup>2</sup> Agricultural Scientific-Research Center, 6 Marshal Gelovani Ave, 0159 Tbilisi, Georgia

<sup>3</sup> Ivane Beritashvili Center of Experimental Biomedicine, Gotsa St. 14, 0160 Tbilisi, Georgia

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

<sup>5</sup> 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

Published online: 07 August 2017

Springer

ქართული ვაზის ოთხი ჯიშის სრული გენომის ანოტირების პირველი მცდელობა

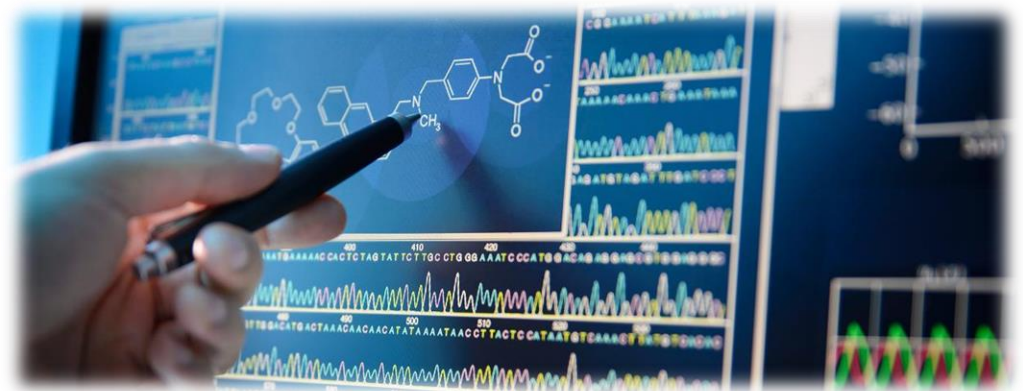
# საფერავი





გენომიკა

ბიოინფორმატიკა





გმადლობთ  
ყურადღებისათვის!