

**„ვაზის გენომი, როგორც თვითორგანიზებადი სისტემა: ჰაპლოტიპური
მოზაიციზმი და ევოლუციური მეხსიერება კლონურ სახეობებში“**

ანა კუტუბიძე

*სამაგისტრო ნაშრომი წარმოდგენილია ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტის
საბუნებისმეტყველო და მედიცინის ფაკულტეტის, გამოყენებითი გენეტიკის მაგისტრის
აკადემიური ხარისხის მინიჭების მოთხოვნის შესაბამისად*

გამოყენებითი გენეტიკის სამაგისტრო პროგრამა

სამეცნიერო ხელმძღვანელი: მარინე მურცხვალაძე, დოქტორი

სამეცნიერო თანახელმძღვანელები: რობერტო ბაჩილიერი, მკვლევარი

რომა ვილუტრე, ახალგაზრდა მეცნიერი

ილიას სახელმწიფო უნივერსიტეტი

თბილისი, 2026

განაცხადი

განვაცხადებ, რომ ნაშრომი არ შეიცავს ისეთ მასალებს, რომლებიც მე, როგორც, სამაგისტრო ნაშრომის ავტორს, არ მაქვს მოხსენიებული ან ციტირებული შესაბამისი წესების დაცვით.

ანა კუტუბიძე, 2026 წელი

სარჩევი

1. შესავალი ნაწილი.....	გვ.1
1.1 საკვლევი პრობლემა.....	გვ.7
1.2 კვლევის მიზანი.....	გვ.10
1.3 საკვლევი ჰიპოთეზა.....	გვ.11
1.4 საკვლევი კითხვები.....	გვ.11
2. მეთოდები.....	გვ.12
2.1 საკვლევი ჯგუფის ფორმირება და გენომური მონაცემების გაერთიანება.....	გვ.12
2.2 ვაზის PN40024 T2T რეფერენს გენომი.....	გვ.15
2.3 მონაცემების მომზადება საანალიზოდ.....	გვ.15
2.4 ვარიანტების იდენტიფიცირება და გენოტიპირება.....	გვ.16
2.5 პოპულაციის სტრუქტურის შეფასება.....	გვ.18
2.6 ჰაპლოტიპების ფაზირება (Haplotype phasing).....	გვ.19
2.6.1 სტატისტიკური ფაზირება.....	გვ.22
2.7 დემოგრაფიული მოდელირება SMC++ -ის გამოყენებით.....	გვ.24
2.8 ინტროგრესიის შეფასება Dsuite-ის მეშვეობით.....	გვ.26
2.9 ინტროგრესიის ლოკალური დეტექცია ჰაპლოტიპების შეღებვის მეთოდით.....	გვ.28

2.10 ჰაპლოტიპური სეგმენტების „ევოლუციური მეხსიერება“ - ექსპერიმენტული დიზაინი.....გვ.	31
2.11 ინტროგრესია და ფუნქციური რეგიონები.....გვ.	32
2.12 HMM და ჰების პოსტულატიტ შთაგონებული მიდგომები-ექსპერიმენტული დიზაინი.....გვ.	34
2.13 მცენარეული ნიმუშის აღება და ლაბორატორიული სამუშაო.....გვ.	35
3. შედეგები.....გვ.	37
3.1 ლაბორატორიული სამუშაო დნმ-ის ექსტრაქცია.....გვ.	37
3.2 პოპულაციის სტრუქტურა.....გვ.	37
3.3 ინტროგრესიის გენომური სიგნალის დეტექცია Dsuite- ანალიზის მეშვეობით.....გვ.	41
3.4 ჰაპლოტიპების ფაზირება.....გვ.	43
3.5 დემოგრაფიული ისტორიის შეფასება SMC++ ანალიზით.....გვ.	45
3.6 ჰაპლოტიპური მოზაიკა და ინტროგრესიის სიგნალის ლოკალიზება გენომში.....გვ.	46
3.7 ჰაპლოტიპური სეგმენტების „ევოლუციური მეხსიერება“ - ექსპერიმენტული დიზაინი.....გვ.	47
3.8 თანაკვეთა ფუნქციურ რეგიონებთან.....გვ.	49
3.9 HMM და ჰების პოსტულატიტ შთაგონებული მიდგომების შეფასება - ექსპერიმენტული დიზაინი.....გვ.	51
4. დისკუსია და შედეგების ინტერპრეტაცია.....გვ.	52

4.1 ჰაპლოტიპების ფაზირება, როგორც ცენტრალური მეთოდოლოგიური გამოწვევა.....	გვ.52
4.2 ინტროგრესიის ინტერპრეტაცია, სრულგენომური სიგნალების მიღმა.....	გვ.53
4.3 დაბალი ალბათობის სეგმენტები და „ქრომოსომული შეღებვის“ ინტერპრეტაცია.....	გვ.54
4.4 პოტენციური ფუნქციური მნიშვნელობა და ადაპტაციის კონტექსტი.....	გვ.56
5.დასკვნა და რეკომენდაცია.....	გვ.57
მადლობა.....	გვ.60
6. ბიბლიოგრაფია.....	გვ.63
6.1 დანართი.....	გვ.77

აბსტრაქტი

კულტურული ვაზის (*Vitis vinifera* spp. *vinifera*) გენომი ხანგრძლივი ევოლუციური და ანთროპოგენური პროცესების შედეგად ჩამოყალიბებული კომპლექსური მოზაიკაა, რომლის სრულყოფილად შესწავლა შეუძლებელია მხოლოდ ცალკეულ SNP მარკერებზე დაფუძნებული სრულგენომური (genome-wide) გენეტიკური ანალიზებით.

კვლევაში, ვაზის კულტურულ და ველურ (*Vitis vinifera* spp. *sylvestris*) ფორმებს შორის ისტორიული გენების მიმოცვლისა და ინტროგრესიის შესაძლო ადაპტაციური მნიშვნელობის შესაფასებლად გამოვიყენეთ ქრომოსომული ჰაპლოტიპური სეგმენტების ანალიზი. მრავალფეროვან საკვლევ პანელში ინტროგრესიის სიგნალების ლოკალიზაციისთვის შევიმუშავეთ ანალიტიკური ჩარჩო, რომელიც აერთიანებს პოპულაციის სტრუქტურისა და დემოგრაფიული ისტორიის შეფასებას, ჰაპლოტიპების ფაზირებას (haplotype phasing), Dsuite ანალიზსა და PCA-KDE-ზე დაფუძნებულ ჰაპლოტიპურ შედეგებს.

ანალიზის შედეგად ფრანგული კულტივარების გენომი წარმოვადგინეთ, როგორც - ქართული, შუა აღმოსავლური ვაზის ჯიშებისა და ადგილობრივი, ველური ვაზის მსგავსი ჰაპლოტიპური სეგმენტების მოზაიკა. გამოვლენილი სეგმენტების ნაწილი ემთხვევა კლიმატურ ადაპტაციასთან დაკავშირებულ მარკერებს, რაც მიუთითებს რეგიონული გენოფონდის შესაძლო როლზე კულტურული ვაზის ადაპტაციური პოტენციალისა და ევოლუციური პლასტიკურობის შენარჩუნებაში.

კვლევა აჩვენებს, რომ ჰაპლოტიპებზე დაფუძნებული მიდგომები მნიშვნელოვან ინფორმაციას გვაწვდის ვაზის ევოლუციური ისტორიის შესახებ და ქმნის საფუძველს გენეტიკური რესურსების ფუნქციური შეფასებისთვის.

ძირითადი სამიზნე სიტყვები: ვაზი, ინტროგრესია, ადაპტაცია, ჰაპლოტიპების ფაზირება, ქრომოსომების შეღებვა.

Abstract

The genome of cultivated grapevine is a complex mosaic structure shaped by long-term evolutionary and anthropogenic processes, which cannot be fully studied through analyses based solely on individual SNP markers.

In this research, haplotypic segment analysis was used to assess historical genetic exchange between cultivated and wild forms of grapevine and its potential adaptive significance. To localize introgression signal in a diverse study panel, an analytical framework was developed that integrates population structure and demographic history analyses, haplotype phasing, Dsuite analysis, and PCA-KDE- based haplotype painting.

The analysis represented the genomes of French cultivars as a mosaic of haplotypic segments resembling Georgian, Middle Eastern and local wild grapevine. Some of the identified segments overlap with markers associated with climatic adaptation, indicating the possible role of regional gene pools in shaping the adaptive potential and evolutionary plasticity of cultivated grapevine.

This study shows that haplotype-based approaches provide insights into the evolutionary history of grapevine and create an important foundation for further functional assessment of genetic resources.

Key Words: grapevine, introgression, adaptation, haplotype phasing, chromosome painting