



საქართველოს მეცნიერებათა ეროვნული აკადემია

ქართული ენციკლოპედიის ი. აბაშიძის სახელობის მთავარი სამეცნიერო რედაქცია

გენეტიკა

გენეტიკა (ბერძ. genesis – გაჩენა, წარმოშობა), ორგანიზმთა მემკვიდრულობისა და ცვალებადობის კანონზომიერებების შემსწავლელი მეცნიერება. გ. ინტეგრირებულია ბიოლოგიის სხვა დარგებთან, ასევე სოფლის მეურნეობასთან, მედიცინასა და ბიოტექნოლოგიასთან. ბიოლოგიის (განსაკუთრებით, გ-ის), ფიზიკისა და ქიმიის სფეროში მოპოვებულმა აღმოჩენებმა საბუნებისმეტყველო მეცნიერებათა თანამედროვე მსოფმხედველობის ჩამოყალიბება განაპირობა. ტერმ. „გენეტიკა“ შემოიღო ინგლ. უ. ბეტსონმა (1905).

გ-ის განვითარების შედეგად მასში სხვადასხვა მიმართულება ჩამოყალიბდა. საკვლევო ობიექტის კვალობაზე შეიქმნა კერძო განხრები: ვირუსების გ., ბაქტერიების გ., სოკოთა გ., მცენარეთა გ., ცხოველთა გ., ადამიანის გ. და სხვ. ობიექტის ორგანიზაციული დონის მიხედვით დაფუძნდა მოლეკულური გ., ციტოგენეტიკა, ონტოგენეტიკა, პოპულაციური გ. და სხვ. ევოლუციური გ. სწავლობს ისტორიული განვითარების პროცესში ორგანიზმის გენეტიკურ სტრუქტურებში (გენომში) მომხდარ ცვლილებებს. ეკოლოგიური გ. სწავლობს ეკოსისტემაში ორგანიზმთა ურთიერთდამოკიდებულების გენეტიკურ მექანიზმებს და ბიომრავალფეროვნების გენეტიკურ საფუძვლებს. სამედიცინო გ. იკვლევს გენეტიკურ დაავადებათა წარმოშობის მიზეზებს, პათოგენებს, კლინიკას, პროფილაქტიკისა და მკურნალობის საკითხებს.

ორგანიზმთა გენომის სტრუქტურულ-ფუნქციური ორგანიზაციის შესწავლა ხორციელდება როგორც გ-ში გამოყენებული ორიგინალური და სპეციფიკური მეთოდებით, ასევე ბიოლოგიის სხვადასხვა დარგში (ბიოქიმია, მოლეკული ბიოლოგია, იმუნოლოგია, მიკრობიოლოგია და სხვ.) დანერგილი მეთოდებით. გ-ის უძველესი და ტრადიციული

მეთოდია ჰიბრიდოლოგიური მეთოდი. იგი მოიცავს ჰიბრიდიზაციას და შემდგომ თაობებში დათიშვის ანალიზს. ციტოგენეტიკური მეთოდით ხორციელდება ქრომოსომების სტრუქტურულ-ფუნქციური ანალიზი. მოლეკულურ-გენეტიკური და ბიოქიმიური მეთოდების ბაზაზე ჩამოყალიბდა სწრაფად განვითარებადი დარგი – გენომიკა, რომელიც იკვლევს როგორც ერთიანი გენომის მოლეკულურ ორგანიზაციას, ისე ცალკეული სტრუქტურული ერთეულის (გენის) სტრუქტურას და ექსპრესიას, გენის პროდუქტების – რნმ-ისა და ცილის – სტრუქტურასა და ფუნქციას. პოპულაციური მეთოდით სწავლობენ პოპულაციის გენეტიკურ მახასიათებლებს, საზღვრავენ მასში გენთა სიხშირეს. გ-ის, ზუსტი მეთოდის დაფუძნებაში არსებითი როლი შეასრულა მათემატიკური მეთოდის გამოყენებამ. ამ მეთოდით იკვლევენ რაოდენობრივი ნიშნებისა და ცვალებადობის კანონზომიერებებს. გ. იყენებს უჯრედში, ორგანიზმსა და პოპულაციაში მიმდინარე გენეტიკური პროცესების კომპიუტერულ მოდელირებას, კომპიუტერული პროგრამით გენომის პირველადი სტრუქტურის განსაზღვრას და ახდენს სხვადასხვა სახეობის გენომთა ურთიერთშედარებას. გ-ში ფართოდ იყენებენ ფიზიკურ და ქიმიურ მეთოდებს: ოპტიკურს, სედიმენტაციურს, იზოტოპურ ანალიზს; ახდენენ მაკრომოლეკულების მარკირებასა და იდენტიფიცირებას ნიშანდებული ატომებით და ფლუორესცენტული საღებავებით.

გენეტიკურ კვლევაში სხვადასხვა მოდელურ ობიექტს (გენეტიკურ ხაზებსა და კოლექციებს) იყენებენ. მოდელური ობიექტი უნდა აკმაყოფილებდეს ისეთ მოთხოვნებს, როგორცაა: 1. ადვილი გამრავლება D და შენახვა ლაბორატორიულ პირობებში; 2. ხანმოკლე სასიცოცხლო ციკლი და მრავალრიცხოვანი შთამომავლობის მოცემის უნარი; 3. კარგად შესწავლილი კერძო გენეტიკა. ამჟამად გენეტიკის ძირითადი მოდელური ობიექტებია: ვირუსები (T-ჯგუფის და λ ფაგები), მიკრობები (ნაწლავის ჩხირი, თივის ჩხირი), სოკოები (საფუარი, ობის სოკო – ნეიროსპორა), მცენარეები (სიმინდი, არაბიდოფსისი), ცხოველები (ხილის ბუზი – დროზოფილა, მრგვალი ჭია - *Caenorhabditis elegans*, თაგვი და სხვ.).

გ-ის შესახებ გარკვეული მოსაზრებები გვხვდება ძველი ბერძენი ავტორების (ჰიპოკრატე, არისტოტელე) შრომებში. უძველესი დროიდან მოყოლებული მენდელამდე მემკვიდრულობის შესახებ გამოთქმული ყველა ჰიპოთეზა ექსპერიმენტის ნაცვლად მხოლოდ ლოგიკასა და ვარაუდებს ემყარებოდა. თანამედროვე გ-ის დამფუძნებელია გ. მენდელი. ბარდაზე ჩატარებული ცდების საფუძველზე მან ჩამოაყალიბა (1865) მემკვიდრულობის კანონები და დაადგინა, რომ ცალკეულ ნიშანს განსაზღვრავს მემკვიდრულობის დისკრეტული ერთეული – ფაქტორი (მოგვიანებით ეწოდა გენი). ამ აღმოჩენას აღიარება არ მოჰყოლია. გ-ის დაფუძნების თარიღად 1900 წელი ითვლება. ამ წელს მენდელის მივიწყებული შრომა ხელმეორედ აღმოაჩინეს და სათანადო ექსპერიმენტებით დაადასტურეს (ჰ. დე ფრიზი, კ. კორენსი, ე. ჩერმაკი).

1901-03 ჰ. დე ფრიზმა ჩამოაყალიბა მუტაციური თეორია, რ-ის თანახმად, მემკვიდრული ნიშნები აბსოლუტურად უცვლელი როდია, არამედ მუტაციის შედეგად შეიძლება უცვლად

(ნახტომისებურად) შეიცვალოს. ვ. იოჰანსენმა შემოიტანა (1909) ტერმინები გენი, გენოტიპი (ორგანიზმის გენთა ერთობლიობა) და ფენოტიპი (ორგანიზმის ნიშანთა ერთობლიობა). გ. ჰარდმა და ვ. ვაინბერგმა (1908) ერთმანეთისაგან დამოუკიდებლად დაასაბუთეს, რომ პოპულაციებში გენების განაწილების სიხშირე ემყარება მენდელის კანონებს.

გენეტიკის განვითარებაში დიდი წვლილი მიუძღვის ამერიკელ მეცნიერს ტ. ჰ. მორგანს და მის თანამშრომლებს კ. ბრიჯესს, ჰ. მელერსა და ა. სტერტევანტს. XX ს. 20-იან წლებში დააფუძნეს მემკვიდრულობის ქრომოსომული თეორია. მათ საფუძველი ჩაუყარეს გენის თეორიას. რუსმა გენეტიკოსმა, ნ. ვავილოვმა აღმოაჩინა ჰომოლოგიურ რიგთა კანონი (1920). მანვე გამოავლინა კულტურულ მცენარეთა წარმოშობის ცენტრები. ჰ. მელერმა (1927) დროზოფილაში შეიმუშავა მუტაციის მიღებისა და აღრიცხვის მეთოდები, დაადგინა რენტგენის სხივების მოქმედება გენეტიკურ სტრუქტურაზე.

ჯ. ბიდლმა და ე. ტატუმმა (1941) ნეიროსპორაში (პურის ობის სოკო) რენტგენის სხივებით ინდუცირებული მუტაციების ანალიზით დაადგინეს, რომ ერთი გენი აკონტროლებდა ერთი ფერმენტის სინთეზს. ამ გამოკვლევებმა სათავე დაუდო ბიოქიმიურ გენეტიკას. 1944 ამერიკელმა მეცნიერებმა ო. ეივერიმ, კ. მაკ-ლეოდმა და მ. მაკ-კარტიმ, მიკროორგანიზმებზე (კერძოდ, პნევმოკოკებზე) ჩატარებული ცდებით გამოავლინეს ტრანსფორმაციის მოვლენა და დაასაბუთეს, რომ მემკვიდრულობა დაკავშირებულია დნმ-თან.

საეტაპოდ არის მიჩნეული ამერიკელი ვირუსოლოგის, ჯ. უოტსონისა და ინგლისელი ფიზიკოსის, ფ. კრიკის ნაშრომი (1953). მათ წარმოადგინეს მემკვიდრულობის სუბსტრატის - დნმ-ის სტრუქტურული მოდელი. 1961 სხვადასხვა სამეცნიერო ცენტრში (ფ. კრიკი თანამშრომლებთან ერთად, მ. ნირენბერგი, ჰ. ქორანა, ს. ოჩია და სხვ.) გაშიფრეს გენეტიკური კოდი. ამ გამოკვლევებით გაირკვა, რომ მემკვიდრულობის მატერ. სუბსტრატია დეზოქსირიბონუკლეინის მჟავა - დნმ. დნმ-ში გენეტიკური ინფორმაცია ჩაწერილია მოლეკულის შემადგენელი მონომერების - ნუკლეოტიდების თანმიმდევრობის სახით. გენი არის დნმ-ის მონაკვეთი, რომელზეც მატრიცულად სინთეზირდება ინფორმაციის შემცველი რიბონუკლეინის მჟავა (ი-რნმ). ი-რნმ უშუალოდ განაპირობებს უმთავრესი ორგ. ნაერთის, ცილის წარმოქმნას. 1961 ფ. ჟაკობმა და ჟ. მონომ ბაქტერიებში გამოავლინეს გენთა ოპერონული ორგანიზაცია და განსაზღვრეს გენის აქტივობის რეგულაციის პრინციპი.

თანამედროვე გ. ბიოლოგიურ დარგებს შორის ყველაზე სწრაფი ტემპით ვითარდება და დიდი წარმატებებს აღწევს. XX ს. 60-იან წლებში აღმოაჩინეს (ვ. ალბერი, გ. ოტანელი, დ. ნატანსი) ფერმენტთა სპეციფიკური ჯგუფი - რესტრიქციული ენდონუკლეოზები (რესტრიქტაზები), რ-ებიც სპეციფიკურ უბნებში ხლეჩს დნმ-ის მოლეკულას. ამ

ფერმენტების გამოყენებით 1970-იან წლებში მეცნიერებმა შეძლეს დნმ-ის (გენომის) ფიზიკური რუკის შედგენა, ასევე სპეციფიკური მეთოდების შემუშავება (მ. მაქსამი, უ. ჯილბერტი, ფ. სანგერი), რ-ითაც ახდენენ დნმ-ის სეკვენირებას (პირველადი სტრუქტურის განსაზღვრას). შემუშავებული მეთოდებით ხორციელდება დნმ-ის მოლეკულიდან მონაკვეთის ამოჭრა ან სხვა მონაკვეთის ჩაშენება (ამ მეთოდებს ეფუძნება ახალი განხრა – გენეტიკური ინჟინერია). სადღეისოდ მრავალი სახეობის გენომია სეკვენირებული, მ. შ. – ადამიანის.

1977 პ. რობერტსმა და პ. შარფმა დაადგინეს გენის მოზაიკური – ეგზონ-ინტრონული სტრუქტურა ეუკარიოტებში. გენში ინფორმაციული (ეგზონი) და არაინფორმაციული (ინტრონი) უბნები ერთმანეთთან მონაცვლეობენ. სინთეზირებული ი-რნმ-ის „მომნიფების“ დროს ხდება არაინფორმაციული უბნების ამოჭრა და ინფორმაციული უბნების ურთიერთდაკავშირება – სპლაისინგი. ამავე წელს ჯ. უებერმა, უ. ჯელინეკმა და ჯ. დარნელმა აღმოაჩინეს ალტერნატიული სპლაისინგის მოვლენა. მრავალუჯრედიანი ორგანიზმების ქსოვილებში ეგზონები ნაირგვარი კობინაციით უკავშირდებიან ერთმანეთს და ერთი გენიდან ცილის რამდენიმე ვარიანტი მიიღება.

XX ს. 70-იანი წლების ბოლოს გამოიკვლიეს მობილურ ელემენტთა სისტემაც (ტრანსპოზონები), რ-საც გამოიჩენილმა მკვლევარმა ბ. მაკ-კლინტოკმა ჯერ კიდევ 50-იან წლებში ჩაუყარა საფუძველი. დნმ-ის ზოგიერთ უბანს აღმოაჩნდა გენომში გადაადგილების (ტრანსპოზიციის) და გამრავლების უნარი. ტრანსპოზონები ცვლიან გენებს ინდივიდუალური განვითარების პერიოდში.

კ. მულისმა (1983) შეიმუშავა პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქციის მეთოდი, რ-ის მეშვეობით შესაძლებელია მარტივად და სწრაფად დნმ-ის მოკლე ფრაგმენტების მილიონობით ასლის მიღება. მეთოდი ფართოდაა დანერგილი ბიოლოგიის სხვადასხვა დარგში, კლინიკურ დიაგნოსტიკაში, სოფლის მეურნეობაში, გარემოს დაცვაში, სასამართლო ექსპერტიზის სფეროში და სხვ.

XX–XXI სს. მიჯნაზე სწრაფი ტემპით განვითარდა გ-ის ახალი განხრა – ეპიგენეტიკა. იგი იკვლევს უჯრედულ თაობებში (დნმ-ში ნუკლეოტიდთა თანმიმდევრობის შეუცვლელად) გენთა აქტივობის მემკვიდრულ ცვლილებებს. ძუძუმწოვრებში აღწერილია იმპრინტინგის (ანაბეჭდის) მოვლენა ანუ ზოგიერთი გენის ექსპრესიის ხასიათის დამოკიდებულება იმაზე, თუ რომელი მშობლის გამეტამ შეიტანა ეს გენები ზიგოტაში.

უდიდეს მეცნიერულ მიღწევად არის აღიარებული 1990–2003 განხორციელებული საერთაშორისო პროექტი „ადამიანის გენომი“ (HGP). პროექტის ფარგლებში განხორციელდა ადამიანის გენომის სეკვენირება. 2002–09 განხორციელდა პროექტი HapMap. შექმნილია ადამიანის გენომის ჰაპლოტიპების რუკა, რ-ითაც ადამიანის

პოპულაციებში იკვლევენ ამა თუ იმ პოპულაციისთვის დამახასიათებელ მემკვიდრულ ვარიანტებს. 2002-09 პროექტის - „ 1000 გენომი“ ფარგლებში მოხდა მსოფლიოს სხვადასხვა ეთნიკური მოსახლეობის გენომების სეკვენირება. პროექტის მიზანი იყო ადამიანის გენეტიკური ვარიაციის რუკის შედგენა.

გ. არის სელექციის მეცნიერული საფუძველი. კერძო გ-ში მიღებული ფორმები სელექციის საწყის მასალას წარმოადგენს. სელექციაში გენეტიკური მეთოდებით (მუტაგენები, პოლიპლოიდიზაცია) გამოყვანილია მაღალპროდუქტული ჯიშები, შექმნილია მიკროორგანიზმთა მაღალი წარმადობის შტამები.

გენეტიკურ მეთოდებს ფართოდ იყენებენ მედიცინაში, რ-ის მეშვეობით იკვლევენ პათოლოგიურ ნიშან-თვისებათა მემკვიდრეობას, დაავადებათა წარმოშობის მიზეზებს, ოჯახებში დაავადების მიმართ წინასწარგანწყობის მემკვიდრეობის ხასიათს, გავრცელებას პოპულაციებში, მემკვიდრულ დაავადებათა პათოგენეზს, ასევე კლინიკის, პროფილაქტიკისა და მკურნალობის საკითხებს.

საქართველოში გ-ის განვითარების ისტორია XX ს. 20-იანი წლებიდან იღებს სათავეს. გენეტიკური კვლევის პირველი კერა იყო თსუ-ის აგრონომიული ფაკ-ტის შინაურ ცხოველთა და გ-ის კათედრა (გამგე ნ. იოსელიანი). 1924 ამავე ფაკ-ტზე შემოღებულ იქნა გ-ის სალექციო კურსი. ეს იყო ერთ-ერთი პირველი დამოუკიდებელი სასწავლო დისციპლინა ყოფ. სსრკ-ში. პედ. მოღვაწეობასთან ერთად, კათედრაზე დაიწყო ცხოველთა გ-ისა და სელექციის კვლევა. 1928-დან კათედრას სათავეში ჩაუდგა დ. აგლაძე . მას ეკუთვნის მნიშვნელოვანი ნაშრომები შინაურ ცხოველთა კერძო გ-ში. დაარსდა სერია „გენეტიკის ბიბლიოთეკა“, ქართულად ითარგმნა და გამოიცა გ. მენდელის (1929) და ტ.ჰ. მორგანის (1931) შრომები, რ. გოლდშმიტის (1930), ე. სინოტისა და ლ. დენის (1937) კლასიკური გ-ის სახელმძღვანელოები. მომდევნო წლებში კათედრას ხელმძღვანელობდა გ. ჯორჯიკია, შემდგომ - რ. მიტიჩაშვილი. გ-ის მკვლევართა პირველი თაობის წარმომადგენელია დ. მელაძეც. მის ნაშრომს მიტომურ და მეიომურ ქრომოსომთა იდენტირობის შესახებ დღესაც არ დაუკარგავს მნიშვნელობა.

1935-იდან მნიშვნელოვან ბოტან.-გენეტ. ცენტრად იქცა საქართვე. მეცნ. აკად. ბოტანიკის ინ-ტი. 1938 აკად. ვ. მენაბდის თაოსნობით ჩამოყალიბდა კულტურული ფლორის განყ-ბა, სადაც გაიშალა მუშაობა საქართველოს კულტურულ მცენარეთა უდიდესი და უნიკალური გენოფონდის გამოვლენის, შესწავლისა და დაცვის მიმართულებით. შეიქმნა ადგილ. პოპულაციების კოლექციები, დამუშავდა სელექციაში მათი დანერგვის მრავალი საკითხი, გამოვლინდა მარცვლოვანთა ახ. ენდემური სახეობები და ა. შ. შემუშავდა ხორბლის წარმოშობისა და ევოლუციის ფილოგენეზური სქემა და საქართველო ხორბლის კულტურის უძველეს კერად იქნა მიჩნეული. ვ. მენაბდემ (ა. გორგიძესთან, რ. ბერიძესთან და სხვებთან ერთად) შეისწავლა კულტ. მცენარეთა გ-ისა და სელექციის არაერთი მნიშვნელოვანი

საკითხი.

საქართვე. მარცვლოვნების, კერძოდ, ხორბლის გ-ისა და სელექციის პრობლემების დამუშავებაში დიდი წვლილი მიუძღვის ლ. დეკაპრელევიჩისა და მის მოწაფეებს (აკად. პ. ნასყიდაშვილი და სხვ.).

საქართველოში გენეტ. კვლევის წინსვლას მნიშვნელოვნად შეუწყო ხელი თსუ-ში, ბიოლოგიის ფაკ-ტზე გ-ის კათედრის შექმნამ (გამგე გ. პაპალაშვილი, 1936-74). კვლევითი საქმიანობა მოიცავდა რადიაციული გენეტიკის, სახ. მეურნეობისათვის მნიშვნელოვანი ცხოველებისა და მცენარეების შესწავლის საკითხებს. კერძოდ, აქ დამუშავდა თუთის აბრეშუმხვევიას გ-ის, წარმოშობისა და ევოლუციის, სიმინდის კერძო გ-ისა და სელექციის ზოგიერთი საკითხი. იკვლევდნენ ღვინის საფუარის ადგილობრივი ფორმების კერძო გ-ს (ი. ქუჭულაშვილი, ა. შათირიშვილი). მოგვიანებით კათედრამ (გამგე თ. ლეჟავა, 1975-იდან დღემდე) მუშაობა წარმართა ტოქსიკოლოგიური გენეტიკის, მუტაგენების საკითხების ირგვლივ; სამეცნ. საქმიანობამ მოიცვა დაბერების, პათოლოგიათა გ-ისა და ადამიანის პოპულაციის კვლევის მიმართულებებიც.

აკად. მ. რჩულიშვილის ხელმძღვანელობით 1959-იდან საქართვე. მეცხოველეობისა და ვეტერინარიის სამეცნ.-კვლ. ინ-ტის გენეტიკის განყ-ბაში, ხოლო 1976-იდან, მისივე თაოსნობით, მეცნ. აკადემიის ბოლოლოგიის ინ-ტთან დაარსებულ ლაბორატორიაში მუშავდებოდა შინაურ ცხოველთა ადგილობრივი ჯიშების კერძო გენეტიკური პრობლემები. ბოლოლოგიის ინ-ტში ჩამოყალიბებულ ხერხემლიან ცხოველთა გენეტიკისა და ეკოლოგიის განყ-ბაში (ჭ. რატიანი, 1976) იკვლევდნენ პოპულაციური გ-ისა და ეკოლოგიის საკითხებს.

გ-ის ცალკეულ საკითხებს სწავლობდნენ რესპ. სხვადასხვა სამეცნ. დაწესებულებაში (ანასეულის ჩაის მრეწველობის სამეცნ.-კვლ. ინ-ტი, საქართვე. სუბტროპ. მეურნეობის ინ-ტი სოხუმში, ნატახტრის სასელექციო სადგური და სხვ.). მებაღეობის, მევენახეობისა და მეღვინეობის სამეცნ.-კვლ. ინ-ტის გენეტიკა-სელექციის განყ-ებაში (ვ. მოსაშვილი, ლ. ვაშაკიძე) იკვლევდნენ ვაზისა და ხეხილის ადგილობრივი ჯიშების კერძო გენეტიკის საკითხებს. ციტრუსოვან მცენარეთა გენეტიკის საკითხებს ამუშავებდნენ სსრკ მეცნ. აკადემიის სოხუმის განყ-ბაში (ი. კაპანაძე, 1958) და ბათუმის პედ. ინსტიტუტში (ა. დიასამიძე, 1973). ბათუმის სახელმწ. უნ-ტის გენეტიკის კათედრაზე და იმუნოლოგიის ლაბორატორიაში იკვლევდნენ ციტრუსოვან მცენარეთა კერძო გ-ის და ადამიანის პოპულაციის გ-ის საკითხებს.

ბაქტერიოფაგიის, მიკრობიოლოგიისა და ვირუსოლოგიის სამეცნ.-კვლ. ინ-ტში (აკად. თ. ქანიშვილი, 1958) იკვლევდნენ სხვადასხვა პათოგენური და არაპათოგენური ბაქტერიების, ბაქტერიოფაგების ბიოლოგიას, გ-ს და მოლეკულურ ორგანიზაციას. საქართვე. მეცნ. აკად. მცენარეთა ბიოქიმ. ინ-ტის ნუკლეინის მჟავების ლაბორატორიაში (აკად. თ. ბერიძე)

აღმოაჩინეს (1965) უმაღლეს მცენარეთა გენომის მნიშვნელოვანი კომპონენტი – სატელიტური დნმ; მისი სტრუქტურული თავისებურებების დასახასიათებლად პირველად გამოიყენეს გენეტიკური დაქტილოსკოპიის მეთოდი (ა. ჯინჯარაძე, 1987). ამავე ინ-ტის მოლეკულური გ-ის ლაბორატორიაში (დ. ჯობაძე) სწავლობდნენ ეუკარიოტული ორგანიზმების გენომის ტრანსკრიფციის მოლეკულურ მექანიზმებს.

აგრარული უნ-ტის მოლეკულური გენეტიკის ინ-ტში (ხელმძღვ. აკად. თ. ბერიძე) 2005–21 წლებში 114 ვაზის ჯიშში (მ. შ. 40 ქართული ჯიშში) სეკვენირებულია პლასტიდური დნმ და დადგენილია მათი პოლიმორფულობა. ქართული ვაზის 4 ჯიშში განსაზღვრულია გენომის (ბირთვული, ქლოროპლასტების, მიტოქონდრიების დნმ) სრული ნუკლეოტიდური თანმიმდევრობა. შესწავლილია ქართული ხორბლის წარმომავლობისა და გავრცელების გზა. ამავე უნ-ტში გ. თევზაძემ, რ-იც იკვლევდა საფუარში ზოგად გენეტიკურ (მეიოზისა და სპოროგენეზის გენეტიკურ მექანიზმებს) საკითხებს, დააფუძნა მოლეკულური ბიოლოგიისა და გენეტიკის ლაბორატორია (გარდაცვალების შემდეგ მისი სახელობისა). შესწავლილია და დახასიათებული ბაქტერიებისა და სოკოთა შტამები, ჩატარებულია თვისებრივი და რაოდენობრივი ანალიზი.

გ-ის მნიშვნელოვანი ცენტრია ილიას სახელმ. უნ-ტი. მოლეკულურ-გენეტიკურ ლაბორატორიაში 2011 წ-დან იკვლევენ სოკოთა, მცენარეთა და ცხოველთა ბიომრავალფეროვნების გ-ის საკითხებს (დ. თარხნიშვილი). ახდენენ სახეობათა დნმ-ის ბარკოდირებას, ნიმუშები დაცულია მონაცემთა ბაზაში. გამოვლენილია მდინარის კალმახის სამი სახეობა-ორეული. ადამიანის პოპულაციის გ-ის შესწავლით დადგენილია ადგილობრივი მოსახლეობის გენოფონდის სტრუქტურა (ჰოლოცენი) და მისი გენეზისი (პალეოლითის პერიოდიდან). ადამიანის კავკასიური პოპულაციების გენეტიკურ მრავალფეროვნებას და მისი ისტორიის საკითხებს იკვლევდა ი. ნასიძე.

თსუ-ში დაარსდა მოლეკულური და სამედიცინო გენეტიკის დეპარტამენტი (გამგე ე. აბზიანიძე, 2006) და მოლეკულური გენეტიკისა და ეპიგენეტიკის ლაბორატორია (2014), სადაც ანთებითი პროცესების ეპიგენეტიკურ ასპექტებსა და იშვიათ გენეტიკურ დაავადებათა საკითხებს იკვლევდნენ. ამავე უნივერსიტეტის ეთიკისა და მედიცინის ისტორიის დეპარტამენტში (გამგე აკად. რ. შენგელია) ჩატარებულია გენეტიკური კვლევები, რომელიც ეხება ადამიანის პოპულაციური გენეტიკის, არქეოგენეტიკის და სამედიცინო ანთროპოლოგიის საკითხებს.

ამჟამად საქართველოში, გ-ის მიმართულებით სამეცნიერო-კვლევითი სამუშაოები ტარდება და ხდება კადრების მომზადება ივ. ჯავახიშვილის სახელობის თსუ-ში, ილიას სუ-ში, საუ-ში, თსუ-ში, ბათუმის შოთა რუსთაველის სახელობის სუ-ში, თბილისის გ. ელიავას სახელობის ბაქტერიოფაგიის, მიკრობიოლოგიისა და ვირუსოლოგიის ინ-ტში.

საქართველოში გ-ის საკითხებზე სტატიები იბეჭდება საქართვე. მეცნ. აკად. „მოამბეში“, „მაცნეში“; თბ.-ის სამედიცინო უნივერსიტეტის „Georgian medical news“-ში, უმაღლესი სასწავლებლებისა და სამეცნ. დაწესებულებების სპეც. კრებულებში, სამეცნ.-პოპულ. ჟურნალში („ველური ბუნება“).

ლიტ.: მ ე ნ დ ე ლ ი გ., ცდები მცენარეთა ჰიბრიდებზე, თბ.,1929; მ ო რ გ ა ნ ი ტ., გენეტიკა და ევოლუცია, თბ., 1931; ნ ა ს ყ ი დ ა შ ვ ი ლ ი პ., გენეტიკა, თბ., 1978; დ ი ა ს ა მ ი ძ ე ა., დ ო ლ ი ძ ე ქ., ზოგადი გენეტიკა, ბათ., 2003; შ ა თ ი რ ი შ ვ ი ლ ი ა., დ ვ ა ლ ი შ ვ ი ლ ი ნ., ზოგადი გენეტიკა, მე-2 გამოც., თბ., 2017; შ ა თ ი რ ი შ ვ ი ლ ი ა., გენეტიკა და საზოგადოება, თბ., 2013; ჯ ო ხ ა ძ ე დ., მოლეკულური გენეტიკის შესავალი, თბ., 1992; ლ ე ჟ ა ვ ა თ., ადამიანის გენეტიკა. თბ., 1987; ლ ე ჟ ა ვ ა თ., ჯ ო ხ ა ძ ე თ., ჯ ა ნ გ უ ლ ა შ ვ ი ლ ი ნ., სამედიცინო გენეტიკა, თბ. 2011; მ ი ტ ი ჩ ა შ ვ ი ლ ი რ., მ ი ტ ი ჩ ა შ ვ ი ლ ი ი., ზოგადი და სავეტერინარო გენეტიკა, თბ., 2011; ტომპსონი და ტომპსონი, გენეტიკა მედიცინაში, მე-8 გამოც., 2016; ქ ე რ ი ნ., ეპიგენეტიკური რეგულაცია. თბ.,2013.

ა. შათირიშვილი
