პერიოდული სამეცნიერო ჟურნალი
PERIODICAL SCIENTIFIC JOURNAL
ПЕРИОДИЧЕСКИЙ НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

ISSN 2346-8467

აგრო AGRO АГРО NEWS

№4

ქუთაისი – Kutaisi – Кутаиси
2017

 პერიოდული სამეცნიერო ჟურნალი
PERIODICAL SCIENTIFIC JOURNAL
ПЕРИОДИЧЕСКИЙ НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

ჟურნალი წარმოადგენს
იმერეთის აგროეკოლოგიური ასოციაციის კავშირისა და
აკაკი წერეთლის სახელმწიფო უნივერსიტეტის აგრარული ფაკულტეტის
პერიოდულ-სამეცნიერო გამოცემას

სარედაქციო კოლეგია:
ლორთქიფანიძე როზა – (მთავარი რედაქტორი);
ავალიშვილი ნინო (სწავლული მდივანი);
წევრები: ურუშაძე თენგიზი; პაპუნიძე ვანო; შაფაქიძე ელგუჯა; ასათიანი რევაზი; კოპალიანი როლანდი; ჯაბნიძე რევაზი; კინწურაშვილი ქეთევანი; მიქელაძე ალექსანდრე; ჭაბუკიანი რანი; ქობალია ვახტანგი; ფრუიძე მაყვალა; ჩაჩხიანი-ანასაშვილი ნუნუ; დოლბაია თამარი; ყუბანეიშვილი მაკა; კელენჯერიძე ნინო; ყიფიანი ნინო; ხელაძე მაია; კილასონია ემზარი; კევლიშვილი მანანა; ჩხიროძე დარეჯანი; ჯობავა ტრისტანი; წიქორიძე მამუკა; თავბერიძე სოსო; თაბაგარი მარიეტა; კილაძე რამაზი; მეტრეველი მარიამი; ღვალაძე გულნარა; ნემსაძე მარიამი.

სარედაქციო კოლეგიის საზღვარგარეთის წევრები:
იოფფე გრიგორი (აშშ); კავალიაუსკასი ვიდასი (ლიტვა); ჩუხნო ინნა (უკრაინა); ბელოკონევა-შიუკაშვილი მარინა (პოლონეთი); გასანოვი ზაური (აზერბაიჯანი); მამმადოვი რამაზანი (თურქეთი); სანტროსიანი გაგიკი (სომხეთი); საღინდიყოვი ულტემურატი (ყაზახეთი).

The magazine is a periodical scientific publication of
Imereti Agro-ecological Association and
Akaki Tsereteli State University Faculty of Agrarian Studies.

EDITORIAL BOARD
Lortkipanidze Roza– (Editor in Chief);
Avalishvili Nino – (Academic Secretary);
Members: Urushadze Tengiz; Papunidze Vano; Shapakidze elguja; Asatiani Revaz; Kopaliani Roland; Jabnidze Revaz; Kintsurashvili Ketevan; Mikeladze Aleksandr; Chabukiani Rani; Qobalia Vaxtang; Fruidze Makvala; Chachkhiani-Anasashvili Nunu; Dolbaia Tamar; Kubaneishvili Maka; Kelendjeridze Nino; Kipiani Nino; xeladze Maia; Kilasonia Emzar; Kevlishvili Manana; Chxirodze Daredjan; Jobava Tristan; Tsiqoridze Mamuka; Tavberidze Coco; Tabagari Marieta; Kiladze Ramaz; Metreveli Mariami; Gvaladze Gulnara; Nemsadze Mariam.

FOREIGN MEMBERS OF EDITORIAL BOARD
Ioffe Grigory (USA); Kavaliauskas Vidas (Litva); Chuxno Inna (Ykraine); Belokoneva-Shiukashvili Marina (Poland); Gasanov Zaur (Azerbaidjan); Mammadov Ramazan (Turkey);Santrosian Gagik (Armenia); Sagyndykov Ultemurat (Kazakhstan).

Журнал представляет
Периодическое научное издание
Союза агроэкологической ассоциации Имерети и
Аграрного Факультета Государственного Университета Акакия Церетели

РЕДАКЦИОННАЯ КОЛЛЕГИЯ:
Лорткипанидзе Роза – (главный редактор);
Авалишвили Нино – (Ученый Секретарь**);**
Члены: Урушадзе Тенгиз; Папунидзе Вано; Шафакидзе Элгуджа; Асатиани Реваз; Копалиани Роланд; Джабнидзе Реваз; Кинцурашвили Кетеван; Микеладзе Александр; Чабукиани Рани; Кобалия Вахтанг; Пруидзе Маквала; Чачхиани-Анасашвили Нуну; Долбая Тамар; Кубанеишвили Мака; Келенджеридзе Нино; Кипиани Нино; Хеладзе Маия; Киласония Эмзар; Кевлишвили Манана; Чхиродзе Дареджан; Джобава Тристан; Цикоридзе Мамука; Тавберидзе Сосо; Табагари Мариета; Киладзе Рамаз; Метревели Мариам; Гваладзе Гульнара; Немсадзе Мариам.

ЗАРУБЕЖНЫЕ ЧЛЕНЫ РЕДАКЦИОННОЙ КОЛЛЕГИИ:
Иоффе Григори (США); Кавалиаускас Видас (Литва); Чухно Инна (Украина); Белоконева-Шиукашвили Марина (Польша); Гасанов Заур (Азебайджан); Маммадов Рамазан (Турция); Сантросян Гагик (Армения); Сагиндиков Ултемурат (Казахстан)

პერიოდული სამეცნიერო ჟურნალი
PERIODICAL SCIENTIFIC JOURNAL
ПЕРИОДИЧЕСКИЙ НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

შინაარსი

1 აგრარული მეცნიერებანი
AGRICAL SCIENCES
АГРАРНЫЕ НАУКИ

Shota Jinjolia – GENETIC ENGINEERING. THE POSSIBILITIES OF EXPANDING THE GENETIC CODE _____ 7

Roland Kopaliani, Marieta Tabagari, Shorena Kapandze – THE EFFECT OF PLANTING TIME ON THE PASSAGE OF THE PHENOPHASE OF CITRUS PLANTS IN THE CONDITIONS OF IMERETI AND GURIA _____ 9

როზა ლორთქიფანიძე, ნინო ავალიშვილი, ლალი ლორთქიფანიძე – წითელი ფერის ნიადაგის ეკოლოგიური პირობები საქართველოში _____ 13

მაია გაბუნია – გარემოს ტექნოგენური დაბინძურების გავლენა გაბნეულჭურჭლიან მერქნიან მცენარეთა ფოთლის ანატომიურ სტრუქტურაზე _____ 23

ნუნუ ჩაჩხიანი-ანასაშვილი, ნინო კელენჯერიძე – ფეიხოას კულტურის სასარგებლო თვისებები _____ 29

ალექსანდრა ჩაფიჩაძე – საშუალო პერიოდის სასუფრე ვაზის ჯიშები _____ 33

ნუნუ დიაკონიძე, ნინო ხონელიძე – ჰოსტას (ფუნკია) კულტურა ქუთაისის ბოტანიკურ ბაღში _____ 37

ნინო კელენჯერიძე, შაქრო ბზეკალავა – აკვაპონიკა _____ 41

Мака Кубанейшвили, Нуну Чачхиани – Анасашвили – МОМОРДИКА - ЭКЗОТИЧЕСКОЕ РАСТЕНЕ, КОТОРОЕ СОВСЕМ НЕДАВНО ПОЯВИЛОСЬ В ИМЕРЕТИ. _____ 44

ლია კოპალიანი, შორენა კაპანაძე, ნინო დეკანოიძე – აგროტექნიკური ღონისძიებების ეფექტურობა ჩინური აქტინიდიის მოსავლიანობაზე საჩხერის მუნიციპალიტეტის პირობებში _____ 47

Shota Jinjolia – THE NUCLEOULUS SIZE _____ 51

ნუნუ დიაკონიძე, ლუიზა გორგოძე, ნინო ხონელიძე – ენდემური, იშვიათი „წითელ წიგნში“ და „წითელ ნუსხაში“ შეტანილი მცენარეები ქუთაისის ბოტანიკურ ბაღში _____ 53

ცირა ჟორჟოლიანი, ემზარ გორდაძე – მდგრადი სატყეო მეურნეობის ჩამოყალიბების პრობლემები საქართველოში _____ 57

ემზარ გორდაძე, ცირა ჟორჟოლიანი – აზიური ფაროსანა (Halyomorpha halys) საქართველოს მცენარეულობის საშიში პარაზიტი _____ 61

Manana Karchava, Nino Kintsurashvili, Irma Berulava – FUNCTIONAL FOOD SUPPLEMENTS AND NEW FOOD TECHNOLOGIES _____ 64

ეკატერინე ბენდელიანი, მაყვალა ფრუიძე – მწვანე ჩაის ექსტრაქტის
გავლენა ქერის ალაოს პეროქსიდაზურ აქტივობაზე _____ 68
მაგდანა ჯიქია – თამბაქოს ბოლის ფიზიკურ - ქიმიური ანალიზი და მისი ქიმიური
ზემოქმედების მექანიზმი ადამიანის ორგანიზმზე _____ 72
მარინა კუცია – ბიომეურნეობის მნიშვნელობა ეკოლოგიურად სუფთა პროდუქციის
წარმოებისათვის _____ 77
Ekaterine Gubeladze – Phenological Observation on early and late blooming
varieties of Azalea (Rhododendron indicum) in 2016 _____ 84
ეთერ ბენიძე – ვიდეოეკოლოგია და გარემოს სილამაზე _____ 87
იზა ოჩხიკიძე, ქეთევან ქუთელია – ეკო-სტილი ინტერიერში _____ 94
ვახტანგ ქობალია, ქეთევან დუმბაძე – აგრობიოტექნოლოგიის მეთოდები
თანამედროვე მებაღეობაში _____ 98

2 ბიზნესის ადმინისტრირება
BUSINES ADMINISTRATION
АДМИНИСТРИРОВАНИЕ БИЗНЕСА

მანანა შალამბერიძე, ზეინაბ ახალაძე – საქართველოს სოფლის მეურნეობაში წყლის
რესურსების გამოყენება და მდგრადი განვითარება _____ 107

3 ინჟინერია
ENGINEERING
ИНЖЕНЕРИЯ

**Soso Tavberidze, Zurab Tsibadze, Emzar Kilasonia, Mamuka Tsikoridze,
Merab Mamuladze – INTERCONNECTION OF THE
CUTTING DEVICE – A RUBBER THREAD TO THE STEM
IN THE PROCESS OF MECHANIZED TEA PLUCKING
USING LOW MECHANIZATION TECHNICAL EQUIPMENT ___ 115**

პერიოდული სამეცნიერო ჟურნალი
PERIODICAL SCIENTIFIC JOURNAL
ПЕРИОДИЧЕСКИЙ НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

1 აგრარული მეცნიერებანი
AGRICAL SCIENCES
АГРАРНЫЕ НАУКИ

პერიოდული სამეცნიერო ჟურნალი
PERIODICAL SCIENTIFIC JOURNAL
ПЕРИОДИЧЕСКИЙ НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

GENETIC ENGINEERING. THE POSSIBILITIES OF EXPANDING THE GENETIC CODE

Shota Jinjolia
PHD, Associate Professor, Akaki Tsereteli State University, Kutaisi, Georgia

Scientists seek actively to expand the genetic code.In addition, there are required orthogonal pairs of TRNA and aminoacyl-TRNA-synthetase (those, whose cells do not produce, and are not "involved" in the natural processes of protein synthesis, but they are intended only for work on artificial amino acids). Genetic engineering with genome expansion has extensive capacities to create and explore life by the potentially completely new bases, which do not exist yet in nature.

The concept of genetic engineering is based on deoxyribonucleic acid (DNA) and its elements – nucleotides (adenine, guanine, cytosine and thymine). They represent the building blocks for the creation of entirely new biological constructions, but as it turns out, these natural instruments and mechanisms are not sufficient for researchers. Scientists seek actively to expand the genetic code. Probably, the time is not far off when the completely synthetic code with a fundamentally new device will be created. The paper highlights some achievements in this area.

Knowledge about nucleic acids and proteins has accumulated over a long period of time. In the middle of the 20th century, it was enough to propose the idea about the genetic code. By the year 1953, it has been learnt that certain proteins have unique amino-acid sequence. There has been formulated the concept "one gene – one ferment" (more precisely, "one gene – one polypeptide") that the gene is DNA, and not protein.

In 1953, Watson and Crick published a paper, in which they suggested DNA replication through the matrix synthesis. In this paper, they indicated that the determined sequence of nitrogen bases (adenine (A), guanine (G), cytosine (C) and thymine (T)) the information-carrying code (1).

The genetic code is the information characteristic of all living organisms, which is placed in DNA molecule in the form of the sequence of nucleotides, which is utilized by means of protein molecules, into language of which it is translated through the processes of replication, transcription and translation. The genetic code consists of four basic nucleotides (the fifth base was discovered in the 1980's; the sixth modified base – N6-methyladenine, was discovered in 2015 (2). During the replication, in the process of transcription on the matrix of own molecule, transcoding of information is carried out in the language of ribonucleic acid (RNA), and then, by means of the codons (ribonucleotide triplets), it translated into the amino-acid sequence, as a primary polypeptide molecule. Since the nucleotides are mostly of four basic types, the variety of the codons will be 43=64). In these codons, there are coded 20 proteinogenic amino acids (AM). This generates the possible variety of protein molecules – 20n (where, *n* is the amino-acid residues, that is, the multiplex version (3). Of interest is the question how the functioning of protein molecules may change, what kind of properties will be acquired by proteins if the artificial "unnatural" amino acid is included in their composition, which is not synthesized inside living cell. As is well-known, the translation process in cells is ensured by ribosomes, which identify the three-letter codons on the matrix RNA (MRNA) and fit it to transfer

RNA (TRNA), which are carrying the appropriate anti-codons of the corresponding amino acids. TRNA molecule adjoins the corresponding amino acid with the help of aminoacyl-TRNA-synthetase. That way is used for determining the specificity of translation by the interaction of the MRNA codon and TRNA anti-codon. At the same time, by specific operation of aminoacyl-TRNA-synthetase, the termination of protein synthesis is carried out when one of three terminating codons – UAG (uracil, adenine, guanine) UAA (uracil, adenine, adenine) UGA (uracil, guanine, adenine) – ends up on the site of ribosome identification. They have their interesting names. UAG – amber, UAA – ochre, UGA – opal, which do not correspond any TRNA. The specific protein-terminators RF1 or/and RF2 come into action, which catalyze removal of a polypeptide chain from MRNA. In order to enable artificial amino acid to come into action, it is necessary to change the system of the genetic code. First of all, in order to add amino acid, there is required a "free" codon, which is intended to code this amino acid. But how that can happen, when all 64 MRNA codons work closely, and 61 of them are coding natural amino acids, and the remaining three are the terminating codons. In addition, there are required orthogonal pairs of TRNA and aminoacyl-TRNA-synthetase (those, whose cells do not produce, and are not "involved" in the natural processes of protein synthesis, but they are intended only for work on artificial amino acids). The new TRNA molecule should be able to identify accurately and adjoin artificial amino acid, but the new aminoacyl-TRNA-synthetase should be able to catalyze effectively this reaction, and then the amino-acylized TRNA should bring accurately amino acid to the "empty codon".

When studying Escherichia coli (E coli) strains, it has been discovered that all terminating codons in their genomes do not work with the same frequency. For example, the amber codon (UAG) is more common than other types. It accounts for about 8% of the terminating colons. In 1990, the first revivable E coli strain was obtained, in which one amber codon was suppressed, that is, the sequence was read without it (4).

In the Peter G. Schultz laboratory of the Scripps Research Institute, they were able to place in the usual proteinogenic amino acid thyrosine equivalent to the amber codon, and then they managed to place in some artificial amino acids. Later, the group of Professor George McDonald Church from Harvard carried out an extensive work on E-coli genome editing, for the purpose of replacing all amber codons by ochre colon (UAG-UAA). This was made by using the powerful modern method – multiplex automated genome engineering (MAGE), which allows for carrying out wide-scale manipulations on genome with the help of synthetic single-stranded oligonucleotides (5). Such a modification touched 83 bacterial peptides. A new genetically modified strain E coli C321 turned out to be not only revivable, but it had also high resistance to bacteriophage T7. This means that such organisms have expanded capacities to use the amber codons for new purposes.

For simultaneous effective coding of unnatural amino acids, there is required a large quantity of the "empty" codons and orthogonal pair of aminoacyl-transfer ribonucleic acid-synthetase and transfer ribonucleic acid, which will identify unnatural amino acids and will decode the new codons. Thus, expanding the triplet genetic code to quadruplets became the next logical step, which would increase hypothetically the number of codons up to 256 (4^4), but in order to identify these codons, it is necessary to modify completely the translating apparatus, particularly to change the transfer ribonucleic acid. For expanding the anti-codon loops, there is required synthetizing of new aminoacyl-transfer ribonucleic acids, which catalyze adjoining of unnatural amino acids to the transfer ribonucleic

acid molecules, by the expanded sites of identification of ribosomes (6).

A research team under the leadership of Professor Eloyd E. Romecsberg ran the impressionable tests. By using the latest research methods, they have managed to create a semi-synthetic E coli strain with artificial nucleotide pair, which is replicated with high accuracy, stored and inherited (7). This nucleotide pair was identified by the enzymatic structures as its “own” (not exogenous) and was not edited by the reparation system and so on.

Genetic engineering with genome expansion has extensive capacities to create and explore life by the potentially completely new bases, which do not exist yet in nature.

References

1. Watson J.D., Crick F.H.(April1953). ,,Molecular structure of nucleic acids;a structure for deoxyribose nucleic acid’’ Nature 171:737-738.
2. Heyn H.and Esteller M. (2015) An Adenine code for DNA: A Second life for N6 methyladenine. Cell 161 710-713.
3. Chen L.A. and Schindlinger. M (2010) Quadruplet codons: one small step for a ribosome. One giant leap for proteins. Bioessays 32, 650-654;
4. Normanly J ., Kleina L.G., Masson J.M., Abelson J., Miller J.H. (1990). Construction of Esherichia coli amber suppressor t RNA genes. III. Determipation of tRNA specificity J.Mol.Biol 213, 719-726;
5. Haimovich A.D., Mair.P., lsaacs F.J. (2015) Genomes by design Nat.Rev.Genet 16 501-516;
6. Wang L., Brock A., Herberich B., Schultyz P.G (2001) Expanding the genetic code of Escherichia coli Suence 292,498-500;
7. Malyshev D.,Dhami K., Lavergne T., Chen T.,Dai N.,Foster J. M., Correa I R Jr et al (2014) A semi - synthetic organism with an expanded genetic alphabet,Nature. 509.385-388;