Aegilops tauschii Coss.-ს საქართველოში გავრცელებული ნიმუშების გენეტიკური მრავალფეროვნების შესწავლა ქლოროპლასტური დნმ-ის საშუალებით

ნათია ტეფნაძე, მარი გოგნიაშვილი

მოლეკულური გენეტიკის ინსტიტუტი, საქართველოს აგრარული უნივერსიტეტი, თბილისი, საქართველო

ანოტაცია. ჰექსაპლოიდური პურის ხორბალი (*Triticum aestivum* L., გენომი AABBDD) წარმოიშვა სამხრეთ კავკასიაში კულტურული *T. dicoccum-ის* (გენომი AABB) ალოპოლიპლოიდიზაციით კავკასიურ *Ae. tauschii* ssp. *strangulata*-სთან (გენომი DD).

Ae. tauschii გავრცელებულია თურქეთიდან ჩინეთამდე და პაკისტანამდე. განსაკუთრებულ ყურადღებას იქცევს საქართველო. მიუხედავად იმისა, რომ ეს ტერიტორია ძალიან პატარაა, მნიშვნელოვანია *Ae. tauschii*-ს გენეტიკური მრავალფეროვნება. ტრადიციულად, არაბირთვული დნმ, როგორიცაა ქლოროპლასტური დნმ, გენეალოგიური კვლევის ეფექტურ საშუალებად განიხილება. ქლოროპლასტური გენომის მიხედვით განასხვავებენ *Ae. tauschii*-ის სამ გენეტიკურ ხაზს, ესენია: TauL1 (*Aegilops tauschii* subsp. *tauschii*), TauL2 (*Aegilops tauschii* subsp. *strangulata*) და TauL3 (*Aegilops tauschii* subsp.*strangulata*). აქედან TauL3 ფორმა, რომელიც ყველაზე ძველ ევოლუციურ ხაზს წარმოადგენს, გავრცელებულია საქართველოს ტერიტორიაზე.

კვლევის მიზანს წარმოადგენს ჰექსაპლოიდური პურისხორბლის, *Triticum aestivum*-ის D გენომის დონორის, *Aegilops tauschii* subsp. *tauschii*-სადა *Aegilops tauschii* subsp. *strangulata*-ს აღმოსავლეთ და სამხრეთ საქართველოში შეგროვებული ნიმუშების გენეტიკური ხაზების იდენტიფიცირება ქლოროპლასტური დნმ-ის *rps15-ndhF* გენთაშორისი სპეისერის გამოყენებით.

ქლოროპლასტური დნმ-ის სრული ნუკლეოტიდური თანმიმდევრობის ანალიზის შედეგად TauL1 და TauL2 ქლოროპლასტური გენომის *rps15-ndhF* გენთაშორის სპეისერში დაფიქსირებულია 27 ფუძეთა წყვილის დელეცია, რაც არ არის დამახასიათებელი TauL3 ნიმუშებისთვის. აღნიშული მახასიათებელი საშუალებას იძლევა TauL3 ნიმუშები აღმოჩენილ იქნას მხოლოდ პოლიმერაზული ჯაჭვური რეაქციის პროდუქტების გელ-ელექტროფორეზით და აღარ საჭიროებს ახალი თაობის სექვენირების ტექნოლოგიის გამოყენებას.

მოცემულ კვლევაში წარმოდგენილია სამხრეთ დასავლეთ და აღმოსავლეთ საქართველოში შეგროვებული *Aegilops tauschii*-ს 18 ნიმუშის გენეტიკური მრავალფეროვნება ქლოროპლასტური დნმ-ის *rps15-ndhF* გენთაშორის სპეისერში არსებული 27 ფწ დელეციის საშუალებით. მოცემული დელეცია იდენტიფიცირებულია პჯრ პროდუქტების გელ-ელექტროფორეზის საშუალებით. იდენტიფიცირებულია სამი TauL3 (ერთი დასავლეთ საქართველოს ნიმუში და ორი აღმოსავლეთ საქართველოს ნიმუში) და 15 TauL1 და TauL2 გენეტიკური ხაზის ნიმუში.

შესავალი.

ქართველმა ხალხმა და საქართველომ მნიშვნელოვანი როლი შეასრულა ხორბლების ჩამოყალიბების პროცესში. ქართული ენდემებია: ტეტრაპლოიდი *Triticum karamyschevii* Nevski, *T.timopheevii* (Zhuk.) Zhuk. (ჩელტა ზანდური), *Triticum carthlicum* Nevski in Kom. *(*დიკა), და ჰექსაპლოიდური ხორბლის სახეობები, როგორიცაა, *Triticum macha* Dekapr. & Menabde

(მახა) და *T.zhukovskyi.* ხორბალი (*Tríticum* L.) წარმოიშვა ნაყოფიერ ნახევარ მთვარეში დაახლოებით 10,000 წლის წინ და მას შემდეგ გავრცელდა მსოფლიოში. პირველი საფეხური კულტივირებული ხორბლის ევოლუციაში იყო *Triticum turgidum* L. subsp. *dicoccum*-ის ფორმირება, ტეტრაპლოიდური სახეობების A^uA^uBB გენომით [1]. ტეტრაპლოიდის A და B ქრომოსომები გამომდინარეობს ადრინდელი ჰიბრიდიზაციისგან ველური A^uA^u დიპლოიდური *T.urartu* -სა და ველური დიპლოიდური B გენომის დონორს შორის. გაშინაურებული ემერის კულტივირების გაფართოებამ ჩრდილო-აღმოსავლეთში გამოიწვია მისი *Aegilops tauschii* -სთან (DD გენომი) ერთ გეოგრაფიულ ტერიტორიაზე ყოფნა. ჰექსაპლოიდური პურის ხორბალი *T. aestivum* (A^uA^uBBDD) წარმოიშვა 7000 წლის წინ სამხრეთ კავკასიაში გაშინაურებული ემერის ხორბალ *Triticum turgidum* - ის ალოპოლიპლოიდიზაციით კავკასიურ *Aegilops tauschii* ssp. *Strangulata*- სთან [2][3].

ვანგისა და თანაავტორების მიხედვით (1997) გვარ *Triticum*-ში შედის ხორბლის 6 სახეობა, რომლებიც დაჯგუფებულია სამ სექციად: სექცია Monococcon (რომელშიც შედის დიპლოიდური სახეობები: *Triticum monococcum* L. და*Triticum urartu* Tumanian ex Gandilyan); სექცია Dicoccoidea (რომელიც მოიცავს ტეტრაპლოიდურ სახეობებს: *Triticum turgidum* L. და *Triticum timopheevii* (Zhuk.) Zhuk.); და სექცია Triticum (რომელშიც შედის ჰექსაპლოიდური სახეობები: *Triticum aestivum* L. და *Triticum zhukovskyi* Menabde & Ericzjan). *Triticum*-ის გვარისთვის დამახასიათებელია სამი ტიპის პლაზმონი, A, B და G. A პლაზმონი აღწერილია დიპლოიდუ რხორბალ *T.monococcum*-ში, G პლაზმონი Timopheev-ის ხორბალში, B პლაზმონი კი აღმოჩენილია პოლიპლოიდურ სახეობებში: *Triticum turgidum* L. და *Triticum aestivum* L. პოლიპლოიდური ხორბლების B პლაზმონის დონორად აღიარებულია *Aegilops speltoidestausch* [4]. ჰექსაპლოიდური პურის ხორბლის D გენომის დონორი კი არის *Aegilops tauschii* ssp. s*trangulata.*

არსებობს ხორბლების ორი გენეტიკური ხაზი. პირველი არის Turgidum-aestivum-ის ხაზი და მეორე, Timopheev-ის ხაზი: 1. Turgidum - aestivum ხაზი (AA→AABB→AABBDD). 2. Timopheevi (ზანდურის) ხაზი (GG→GGAA→GGAAAA).

Turgidum-aestivum-ის ხაზი ეს არის დიპლოიდი A გენომის მატარებელი *T.urartu*, რომელიც გაკულტურულდა ნაყოფიერ ნახევარმთვარეში, მაგარი, მაკარონის ხორბალი, ტეტრაპლოიდი *T.durum*, რომელიც A და B გენომის მატარებელია და რბილი პურის ხორბალი *T.aestivum*, რომელიც A, B, და D გენომის მატარებელია.
შუამდინარეთში ნაპოვნია *Aestivum*-ის ხაზის ორი ველური სახეობა. ერთ-ერთი მათგანი არის დიპლოიდური ხორბალი *Triticum urartu*, რომლის გენომის ფორმულაა A^mA^m. ის იყო ერთ-ერთი პირველი მარცვლეული კულტურა, რომელიც ადამიანმა მოაშინაურა შუამდინარეთში. მეორე ველური სახეობაა ტეტრაპლოიდი *T.dicocoides,* A და B გენომით, სწორედ მისი გაკულტურებით წარმოიქმნა კულტურული *Triticum turgidum* L., რომლის გენომის ფორმულაა A^uA^uBB, გაშინაურებული ტეტრაპლოიდური ხორბლის კულტივირების ჩრდილო-აღმოსავლეთისკენ გაფართოებამ შესაძლებელი გახადა მისი კონტაქტები *Aegilops tauschii*-თან (DD გენომი), რომელიც იზრდება სამხრეთ კავკასიაში [5] [6] [7]. ამას შედეგად მოჰყვა ჰექსაპლოიდური ხორბლის *T.aestivum*-ის (BBA^uA^uDD) წარმოქმნა, ტეტრაპლოიდური ხორბლის ალოპოლიპლოიდიზაციით კავკასიურ *Aegilops tauschii* ssp. s*trangulata*-სთან დაახლოებით 7000 წლის წინ.

Ae. tauschii-ს გენეტიკური მრავალფეროვნება არის მნიშვნელოვანი ბუნებრივი რესურსი, სწორედ ამიტომ აქვს განსაკუთრებული მნიშვნელობა იმის შესწავლას, თუ როგორ ჩამოყალიბდა *Ae. tauschii*-ს მრავალფეროვნება ევოლუციის პროცესში და როგორ არის ის წარმოდგენილი სახეობის ფარგლებში. პლაზმონის (ქლოროპლასტური დნმ) მრავალფეროვნებას, რომელიც არსებობს *Triticum*-სა და*Aegilops*-ის სახეობაში, საუკეთესო მნიშვნელობა აქვს ამ გვარის ევოლუციის გაგებაში. ქლოროპლასტიდური დნმ დედის ხაზით გადაეცემა და პრაქტიკულად რეკომბინაციას არ განიცდის და რაც მთავარია აქ

მუტაციათა სიხშირე დაბალია, რაც ძლიერ მოსახერხებელია ათასწლეულების მანძილზე მიმდინარე ევოლუციური პროცესების დასაფიქსირებლად [8] [9].

ბუნებაში გავრცელებულია სახეობა *Aegilops tauschii*-ს ორი ქვესახეობა: *tauschii* და *strangulata*, ქლოროპლასტური დნმ-ის მიხედვით სახეობა *Aegilops tauschii* დაყოფილია სამ გენეტიკურ ხაზად, ესენია TauL1, TauL2 და TauL3 [10], სადაც, TauL1 ფორმა მოიცავს *Ae. tauschii* ssp. *tauschii*-ს ნიმუშებს, ხოლო TauL2 და TauL3 ფორმები *Ae. tauschii* ssp. *strangulata*-ს ნიმუშებს, სწორედ ის ქვესახეობა, რომელმაც მონაწილეობა მიიღო რბილი ხორბლის წარმოქმნაში.

Ae. tauschii გავრცელებულია თურქეთიდან ყირგიზეთამდე. განსაკუთრებულ ყურადღებას იქცევს საქართველო. მიუხედავად იმისა, რომ ეს ტერიტორია ძალიან პატარაა, მნიშვნელოვანია *Ae. tauschii*-ს გენეტიკური მრავალფეროვნება [11], [12], [13].

საქართველოს აგრარული უნივერსიტეტის მოლეკულური გენეტიკის ინსტიტუტის თანამშრომლების მიერ ახალი თაობის სექვენირების გზით გაშიფრულია ცხრა subsp. *strangulata*-სა (ხუთი TauL2 და ორი TauL3) და სამი subsp. *tauschii*-ს (TauL1) ქლოროპლასტური დნმ-ის სრული ნუკლეოტიდური თანმიმდევრობა, რომელიც 134-135 000 ნუკლეოტიდური ფუძეთა წყვილის სიგრძისაა და შედგება 130-მდე გენისაგან. ქლოროპლასტური დნმ-ის სრული ნუკლეოტიდური თანმიმდევრობის ანალიზის შედეგად მათ მიერ აღმოჩენილია TauL3-ის პლასტიდურ გენომში 27 ფუძეთა წყვილის ინსერცია *rps15-ndhF* გენთაშორის სპეისერში, რაც არ არის დამახასიათებელი TauL1 და TauL2 ნიმუშებისთვის. გენ ბანკში არსებული ყველა *Aegilops*-ისა და *Triticum*-ის (D, B, G, S, A, M პლაზმონები) პლაზმონის გაანალიზებისას და აღმოჩნდა, რომ *rps15-ndhF* გენთაშორის სპეისერში არსებული 27 ფწ თანმიმდევრობა აქვს ყველა მათგანს, გარდა *Ae. tauschii* ssp.*tauschii-ს, Ae. tauschii* ssp.*strangulata-ს* TauL2 გენეტიკური ხაზის ნიმუშებსა და *Ae. cylindrica*-სი (ყველა არის D პლაზმონის შემცველი).

TauL3-ის იდენტიფიცირების ახალი მეთოდი საშუალებას იძლევა TauL3 აღმოჩენილ იქნას პჯრ პროდუქტების ელექტროფორეზით და აღარ საჭიროებს შემდეგი თაობის სექვენირების ტექნოლოგიის გამოყენებას. სწორედ ეს მეთოდი იქნა გამოყენებული მოცემულ კვლევაში *Aegilops tauschii*-ს ნიმუშების გენეტიკური ხაზების იდენტიფიცირებისთვის.

საკვლევი მასალა და მეთოდები.

კვლევის ობიექტი.

კვლევაში გამოყენებულია 2012 წელს (ორ ექსპედიციაში) შეგროვებული *Ae. tauschii*-ის 18 ნიმუში, აქედან 6 მოპოვებულ იქნა აღმოსავლეთ საქართველოში, ხოლო 12 სამხრეთ დასავლეთ საქართველოში.

დნმ-ის გამოყოფა, პჯრ.

სამხრეთ დასავლეთ და აღმოსავლეთ საქართველოში მოპოვებული *Aegilops tauschii*-ს 18 ნიმუშიდან გამოყოფილ იქნა ჯამური დნმ მოდიფიცირებული მარმურის მეთოდით, რომელიც მოცემულია თ. ბერიძისა და თანაავტორების მიერ [14].

***Aegilopsis tauschii*–ის ქლოროპლასტური დნმ-ის 101,130–101,548 ფრაგმენტის ამპლიფიცირება.**

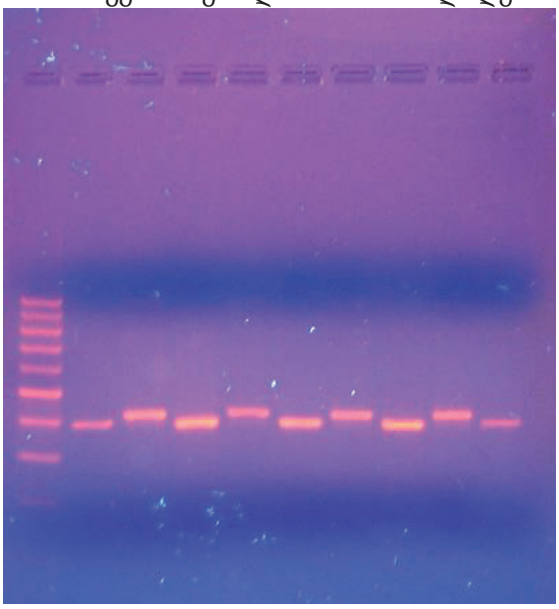
Aegilopsis tauschii-ს გენეტიკური მრავალფეროვების შესწავლისათვის გამოყენებულ იქნა ქლოროპლასტური დნმ-ის *rps15-ndhF* გენთაშორისი სპეისერის (101,130–101,548) უბანი. პოლიმერაზული ჯაჭვური რექციისთვის პრაიმერები შეირჩა კომპიუტერული პროგრამა BLAST-ის საშუალებით. cpDNA-ის, 101,130–101,548 ამპლიფიცირებისთვის გამოყენებული პრაიმერების ნუკლეოტიდური თანმიმდევრობაა - პირდაპირი პრაიმერი: 5' - AATATGGGCCCTCAACACCC - 3' ; უკუ პრაიმერი- 5' - GGGTTAA CCGAACTCACGGA - 3'.

პჯრ წარიმართა შემდეგ პირობებში: პირველადი დენატურაცია 94^{0}C, 1 წთ. 30 ციკლი: დენატურაცია 94^{0}C, 1 წთ, დაკავშირება 55^{0}C, 1 წთ, დაგრძელება 72^{0}C 2 წთ. საბოლოო დაგრძელება 72^{0}C, 5 წთ.

კონტროლად გამოვიყენე *Aegilops tauschii*-ს უკვე ცნობილი TauL2-სა და TauL3-ის ფორმის ნიმუშები გენ ბანკიდან: *Aegilopsis tauschii* ssp. *strangulata*, Gt_30, KU207225 (TauL3); *Aegilopsis tauschii* ssp. *strangulata*, Gt_40, KU198486(TauL2).

შედეგები და განხილვა.

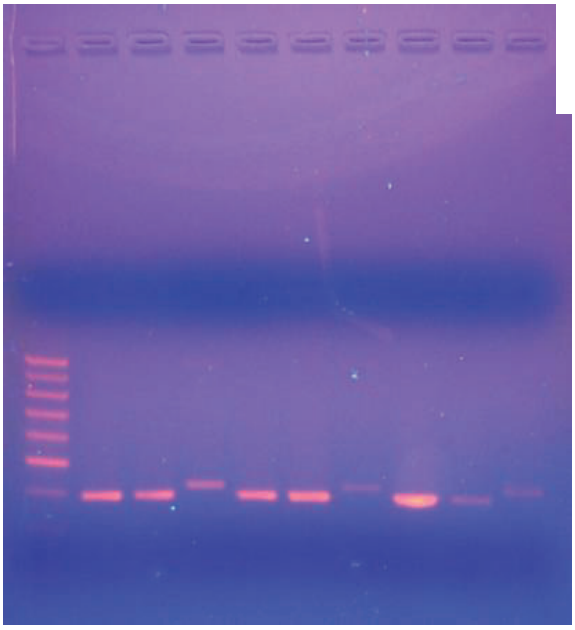
პჯრ ამპლიკონების გასაანალიზებლად გამოყენებულ იქნა აგაროზას 2%-იანი გელი. ელექტროფორეზის გელზე გამოყენებულია 100-1000 ფ.წ ლადერი, საკონტროლო ნიმუშები TauL3 და TauL1/TauL2. TauL3 ამპლიკონი 418 ფ.წ სიგრძისაა, შესაბამისად, ლადერის 400 ფუძეთა წყვილის გასწვრივ და ზემოთ თავსდება. TauL1/TauL2 ამპლიკონების სიგრძე 391 ფწ ზომას შეესაბამება და მოძრაობს ლადერის 400 ფ.წ. ქვემოთ.



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

სურ.1. ქლოროპლასტური დნმ-ის ფრაგმენტის 101,130–101,54 პჯრ ამპლიკონების ელექტროფორეზის შედეგები 2%-იან აგაროზას გელზე.

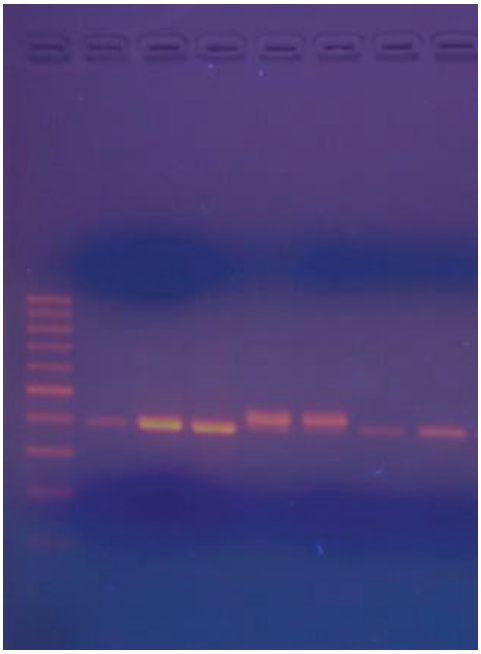
1.100-100 ფ.წ ლადერი 2. *Aegilops tauschii* Gt_41, 3. TauL3 კონტროლი 4. *Aegilops tauschii* Gt_42, 5. *Aegilops tauschii* Gt_44, 6. *Aegilops tauschii* Gt_46, 7. TauL3 კონტროლი, 8. *Aegilops tauschii* Gt_43, 9. TauL3 კონტროლი, 10. *Aegilops tauschii* Gt_51.



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

სურ.2. ქლოროპლასტური დნმ-ის ფრაგმენტის 101,130–101,54 პჯრ ამპლიკონების ელექტროფორეზის შედეგები 2%-იან აგაროზას გელზე.

1.100-100 ფ.წ ლადერი, 2. *Aegilops tauschii* Gt_52, 3. *Aegilops tauschii* Gt_45, 4. TauL3 კონტროლი, 5. *Aegilops tauschii* Gt_48, 6. *Aegilops tauschii* Gt_49, 7. *Aegilops tauschii* Gt_47, 8. TauL1/2კონტროლი, 9. *Aegilops tauschii* Gt_50, 10. TauL3 კონტროლი.



1 2 3 4 5 6 7 8

სურ.3. ქლოროპლასტური დნმ-ის ფრაგმენტის 101,130–101,54 პჯრ ამპლიკონების ელექტროფორეზის შედეგები 2%-იან აგაროზას გელზე.

1.100-100 ფ.წ ლადერი, 2. *Aegilops tauschii* Gt_56, 3. *Aegilops tauschii* Gt_55, 4. *Aegilops tauschii* Gt_54, 5. TauL3 კონტროლი, 6. *Aegilops tauschii* Gt_53, 7. *Aegilops tauschii* Gt_57, 8. *Aegilops tauschii* Gt_58.

დასკვნა.

საკვლევი *Aegilops tauschii* -ს ქ[illegible] [illegible] [illegible] [illegible]ბისი სპეისერის (101,130−101,548) უბნის ანალიზმა აჩვენა, რომ საკვლევი 18 ნიმუშიდან 15 ნიმუშს ამ უბანში 27 წუძეთა წყვილი თანმიმდევრობის დელეცია აქვს, ხოლო დანარჩენ სამ ნიმუშს ეს თანმიმდევრობა აქვს გამოკვლეულ უბანში. შესაბამისად, *Aegilops tauschii* -ის 15 ნიმუში მიეკუთვნება TauL1 ან TauL2 გენეტიკურ ფორმას, ხოლო დანარჩენი 3 ნიმუში მიეკუთვნება TauL3 გენეტიკურ ფორმას (Gt_44-სურ.1.; Gt_47-სურ.2.; Gt_53-სურ.3.), აქედან *Aegilops tauschii* -ს ორი ნიმუში (Gt_44 და Gt_47) მოპოვებულია აღმოსავლეთ საქართველოში, ხოლო ერთი ნიმუში (Gt_53) სამხრეთ დასავლეთ საქართველოში.

ლიტერატურა.

1. [1] Schneider A, Molnar I, Molnár-Láng MM. Utilisation of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. 2008, Euphytica. 2008;163:1–19;
2. [2] Dvorak, J., M.-C. Luo and Z.-L. Yang, 1998. a Restriction fragment length polymorphism and divergence in the genomic regions of high and low recombination in self-fertilizing and cross-fertilizing *Aegilops* species. Genetics 148: 423–434;
3. [3] Dubcovsky J, Dvorak J.(2007) Genome plasticity a key factor in the success of polyploid wheat under domestication. Science. 2007 Oct 19;318(5849):393;
4. [4] Wang J, Luo M-C, Chen Z, You FM, Wei Y, Zheng Y, Dvorak J. *Aegilops tauschii* single nucleotide polymorphisms shed light on the origins of wheat D-genome genetic diversity and pinpoint the geographic origin of hexaploid wheat. New Phytol. 2013; 198:925–937;
5. [5] Wang J, Luo M-C, Chen Z, You FM, Wei Y, Zheng Y, Dvorak J. *Aegilops tauschii* single nucleotide polymorphisms shed light on the origins of wheat D-genome genetic diversity and pinpoint the geographic origin of hexaploid wheat. New Phytol. 2013; 198:925–937;
6. [6] Dvorak, J., M.-C. Luo and Z.-L. Yang, 1998. a Restriction fragment length polymorphism and divergence in the genomic regions of high and low recombination in self-fertilizing and cross-fertilizing *Aegilops* species. Genetics 148: 423–434;
7. [7] Dubcovsky J, Dvorak J.(2007) Genome plasticity a key factor in the success of polyploid wheat under domestication. Science. 2007 Oct 19;318(5849):393;

8. [8] Tsunewaki K, Wang G-Z and Matsuoka Y (2002) Plasmon analysis of *Triticum* (wheat) and *Aegilops*. 2. Characterization and classification of 47 plasmons based on their effects on common wheat phenotype. Genes and Genetic Systems 77: 409–427;
9. [9] E. D. BadaevaA. V. AmosovaO. V. MuravenkoT. E. SamatadzeN. N. ChikidaA. V. ZeleninB. FriebeB. S. Gill, Genome differentiation in *Aegilops*. 3. Evolution of the D-genome cluster. Plant Systematics and Evolution March 2002, Volume 231, Issue 1–4, pp 163–190;
10. [10] Mizuno N, Yamasaki M, Matsuoka Y, Kawahara T, Takumi S. 2010. Population structure of wild wheat D-genome progenitor *Aegilopstauschii*Coss.: implications for intraspecific lineage diversification and evolution of common wheat. Molecular Ecology 19:999-1013;
11. [11] Alexander Dudnikov (2000). Multivariate analysis of genetic variation in *Aegilopstauschii* from the world germplasm collection, Genetic Resources and Crop Evolution 47(2):185-190;
12. [12] Dudnikov AJ (2012) Chloroplast DNA non-coding sequences variation in *Aegilops tauschii*Coss.: evolutionary history of the species. Genet Resour Crop Evol 59:683–699;
13. [13] Pestsova E, Ganal MW, Röder MS. (2000). Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. Genome. 2000 Aug;43(4):689-97;
14. [14] Beridze T, Pipia I, Beck J, Hsu SC, Gamkrelidze M, Gogniashvili M, Tabidze V, This P, Bacilieri R, Gotsiridze V, Glonti M, Schaal B (2011) Plastid DNA sequence diversity in a worldwide set of grapevine cultivars (*Vitis vinifera* L. subsp. *vinifera*). Bull Georgian National Acad Sc 5:98–103;

STUDY OF GENETIC DIVERSITY OF *AEGILOPS TAUSCHII* COSS. SAMPLES SPREAD IN GEORGIA USING THE CHLOROPLAST DNA

Natia Tepnadze, Mari Gogniashvili

Institute of Molecular Genetics, Agricultural University of Georgia, Tbilisi, Georgia.

Summary

Bread wheat (*Triticum aestivum* L., genome AABBDD) originated by allopoliploidization of domesticated tetraploid *T. dicoccum* (genome AABB) with *Ae. tauschii* ssp. *strangulata* (genome DD). in south Caucasus. *Aegilops tauschii* natural range is from Turkey to China and Pakistan. The Georgian part of the area is a specially interesting. Despite it is relatively small, an essential part of *Ae. tauschii* genetic variation was observed in this country.

Extra nuclear DNA is considered as an effective tool for genealogic studies. The three markedly different genetic lines of cpDNA of *Ae. tauschii* were designated as TauL1 (*Aegilops tauschii* subsp. *tauschii*), TauL2 (*Aegilops tauschii* subsp. *strangulata*) and TauL3 (*Aegilops tauschii* subsp. *strangulata*). TauL3 lineage is the most ancient, a relict one. TauL3 is the relict genetic line and spread in Georgia.

The purpose of the research is to identify the genetic lines and diversity of the *Triticum aestivum* D genome donor *Aegilops tauschii* subsp. *tauschii* and *Aegilops tauschii* subsp. *strangulata* collected in south-west and east part of Georgia using the *rps15-ndhF* intergenic spacer of chloroplast DNA.

TauL1 and TauL2 accessions have 27 bp insertion in the *rps15-ndhF* intergenic spacer of chloroplast DNA. This indel can be used to identifiy TauL3 lineage among *Ae. tauschii* accessions using polymerase chain reaction method without Next Generation Sequencing technology.

Genetic variations of 18 accessions of *Aegilops tauschii* belonged to south-west and east part of Georgia were evaluated using polymerase chain reaction of intergenic spacer *rps15-ndhF* of cpDNA. 3 of 18 accessions were identified as a TauL3, 15 accessions - TauL1 and TauL2. One of TauL3 accessions belonged to west part of Georgia, while two accessions were collected in east part of Georgia.