

"ხორბლის გამოცანა" და ქართველების გზა კავკასიისაკენ თენგიზ ბერიძე

მოლეკულური გენეტიკის ინსტიტუტი, საქართველოს აგრარული უნივერსიტეტი,
თბილისი, საქართველო

E-mail: t.beridze@agruni.edu.ge

ანოტაცია. ხორბალი (*Triticum* L.) წარმოიშვა ნაყოფიერ ნახევარმთვარეში დაახლოებით 10,000 წლის წინ და მას შემდეგ გავრცელდა მთელ მსოფლიოში. "ხორბლის გამოცანა" ეწოდა მოვლენას, რომ ხუთი ქართული კულტურული ენდემური ხორბლის ველური წინამორბედები ნაპოვნია მხოლოდ ნაყოფიერი ნახევარმთვარის ტერიტორიაზე - ჩრდილოეთ მესოპოტამიაში, საკმაოდ შორს სამხრეთ კავკასიისგან.

ქართველები არიან ქართველურ ენებზე მოლაპარაკე ადამიანების ეთნო-ლინგვისტური ჯგუფი. მ.პაგელის მიხედვით, ქართველური ენები არის ერთ-ერთი ენის იმ შვიდი ოჯახიდან, რომლებიც შედიან ევრაზიული ენების სუპეროჯახში და რომელიც წარმოიშვა საერთო წინაპრისგან დაახლოებით 15,000 წლის წინ (Pagel, 2013).

"ხორბლის გამოცანის" ერთ-ერთი შესაძლო ახსნა ისაა, რომ პროტოქართველურ ენაზე მოლაპარაკე ადამიანები, მას შემდეგ რაც გადმოვიდნენ აფრიკიდან არაბეთის ნახევარკუნძულზე და გამოცალკევდნენ პროტოევრაზიულ ენაზე მოლაპარაკეთაგან,

გადაადგილდნენ მესოპოტამიის ჩრდილოეთ ნაწილში, სადაც მიიღეს მონაწილეობა ხორბლის გაშინაურებაში.

შემდგომში ქართველურ ენებზე მოლაპარაკე ადამიანები გადაადგილდნენ ჩრდილოეთით კავკასიისაკენ მოშინაურებული ხორბლის ქვესახეობებთან ერთად, სადაც ისინი დღეს ცხოვრობენ.

ყველა თარიღი გადაანგარიშებულია აწმყო დროდან და შეესატყვისება ინგლისურ BP (Before Present).

ხორბლის ტაქსონომია

ხორბალი (*Triticum* L.) წარმოიშვა ნაყოფიერ ნახევარმთვარეში დაახლოებით 10,000 წლის წინ და მას შემდეგ გავრცელდა მთელ მსოფლიოში. ხორბლის გვარი *Triticum* შეიცავს ექვს სახეობას, რომლებიც გაერთიანებულია სამ სექციაში:

- 1.Sect. Monococcon (შეიცავს დიპლოიდურ სახეობებს: *Triticum monococcum* L. და *Triticum urartu* Tumanian ex Gandilyan);
- 2.Sect. Dicoccoidea (შეიცავს ტეტრაპლოიდურ სახეობებს: *Triticum turgidum* L. და *Triticum timopheevii* (Zhuk.) Zhuk.);
- 3.Sect. *Triticum* (შეიცავს ჰექსაპლოიდურ სახეობებს: *Triticum aestivum* L. და *[Triticum zhukovskiyi](#)* Menabde et Ericzjan) (Wang et al., 1997).

Triticum-ის ყველა სახეობის სამშობლო არის ახლო აღმოსავლეთის "ნაყოფიერი ნახევარმთვარე", რომელიც მოიცავს ხმელთაშუა ზღვის აღმოსავლეთ ნაწილს, სამხრეთ-აღმოსავლეთ თურქეთს, ჩრდილოეთ ერაყსა და დასავლეთ ირანს და ასევე მათ მეზობელ სამხრეთ-კავკასიის რეგიონებსა და ჩრდილოეთ ირანს (Matsuoka, 2011).

არსებობს ოთხი ველური სახეობა, რომელიც იზრდება ახლო აღმოსავლეთის "ნაყოფიერი ნახევარმთვარის" ტერიტორიაზე:

- 1.*Triticum monococcum* L. subsp. *aegilopoides* ([Link](#)) [Thell.](#)
- 2.*Triticum urartu* Tumanian ex Gandilyan
- 3.*Triticum turgidum* L. subsp. *dicocoides* (Korn. ex Asch. & Graebn.) [Thell.](#)
- 4.*Triticum timopheevii* (Zhuk.) Zhuk. subsp. *armeniicum* (Jakubz.) Slageren

ხორბლის მოშინაურება (დომესტიკაცია)

დიპლოიდური ხორბალი *T. monococcum* L. (ერთმარცვალა) იყო ერთ-ერთი პირველი მცენარე, რომლის გაშინაურება მოხდა "ნაყოფიერი ნახევარმთვარის" ტერიტორიაზე დაახლოებით 10,000 წლის წინ. გამოვლენილია დიპლოიდური ხორბლის გაშინაურების ადგილიც (Heun et al 1997). ნაჩვენებია იქნა, რომ სამხრეთ-აღმოსავლეთ თურქეთის ყარაჩადაღის მთის ველური პოპულაცია უფრო მეტად ჰგავს გაშინაურებულ ერთმარცვალას, ვიდრე სხვა ველური პოპულაციები.

პირველი ნაბიჯი კულტურული ხორბლის ევოლუციის პროცესში იყო ტეტრაპლოიდური სახეობის *Triticum dicocoides* (Korn) Schweinf- ის ჩამოყალიბება. (Schneider et al. 2008). გაშინაურებული ტეტრაპლოიდური ხორბალი ძალზე მჭიდროდ ენათესავება სამხრეთ-აღმოსავლეთ თურქეთში არსებულ ველურ პოპულაციებს. ველური ემერი (*T. turgidum* L. subsp. *dicocoides* (Korn. ex Asch. & Graebn.) [Thell.](#)) დღეს ნაპოვნია დასავლეთ ნაყოფიერი ნახევარმთვარის ტერიტორიაზე - იორდანიაში, სირიასა და ისრაელში, სამხრეთ-აღმოსავლეთ თურქეთის ცენტრალურ ნაწილსა და აღმოსავლეთ ერაყისა და დასავლეთ ირანის მთიან ნაწილებში.

ოზკანმა და კოლეგებმა შეაჯამეს ველური ემერის გეოგრაფიისა და დომესტიკაციის საკითხები, რომლებიც დაფუძნებული იყო მოლეკულურ და არქეობოტანიკურ მონაცემებზე და საკუთარ შედეგებზე. ავტორები ვარაუდობენ, რომ თანამედროვე გაშინაურებული ტეტრაპლოიდური ხორბლები მიღებულია სამხრეთ-აღმოსავლეთ თურქეთის ველური ემერის ხაზებიდან (Ozkan et al., 2011).

გამინაურებული ემერის კულტივირების გაფართოებამ ჩრდილო-აღმოსავლეთით გამოიწვია სიმპატრია *Aegilops tauschii* Coss-თან (გენომი DD). დაახლოებით 7,000 წლის წინ კულტურული ემერისა *Triticum dicoccum* Schrank და კავკასიური *Ae. tauschii* subsp. *strangulata* (Eig) Tzvelev ალოპოლიპლოიდიზაციის შედეგად სამხრეთ კავკასიაში წარმოიშვა ჰექსპლოიდური პურის ხორბალი *T. aestivum* L. (BBA^uA^uDD) (Dvorak et al., 1998; Dubcovsky და Dvorak 2007).

ქართული ხორბლები

სამხრეთ კავკასიამ (განსაკუთრებით საქართველომ) და მისმა ადრეულმა მაცხოვრებლებმა მნიშვნელოვანი როლი შეასრულეს ხორბლის შექმნაში. სულ ცნობილია ხორბლის 16 კულტურული ქვესახეობა. (https://en.wikipedia.org/wiki/Taxonomy_of_wheat). დიპლოიდი - 1; ტეტრაპლოიდი - 9, აქედან ქართული ენდემი 3; ჰექსაპლოიდი - 6, აქედან ქართული ენდემი 2.

ქართული ენდემური ხორბლის სახეობები მოიცავენ *Triticum*-ის ერთ სახეობასა და ოთხ ქვესახეობას (Menabde, 1948; Menabde 1961; Hammer et al. 2011):

1. *T. turgidum* L. subsp. *paleocolchicum* Menabde A. & D. Loeve (*T. karamyshevii* Nevski)
2. *T. turgidum* L. subsp. *carthlicum* (Nevski) A. & D. Loeve (*T. carthlicum* Nevski)
3. *T. timopheevii* (Zhuk.) Zhuk. subsp. *Timopheevii*
4. *T. zhukovskyi* (*Triticum zhukovskyi* Menabde & Ericzyan)
5. *T. aestivum* L. subsp. *macha* (Dekapr. et Menabde) MacKey (*T. macha* Dekapr. et Menabde).

ზოგიერთი ამ სახეობათაგანი ევოლუციურად მჭიდროდ ენათესავება ხორბლის ველურ სახეობებს ანდა შენარჩუნებული აქვთ მათი ზოგიერთი თვისება (Menabde, 1948; 1961). ყველა ეს კულტურული სახეობა და ქვესახეობა აღმოჩენილი იყო დასავლეთ საქართველოში, აღმოსავლეთ საქართველოში უპირატესად გავრცელებული ქვესახეობა *carthlicum*-ის გარდა. ყველა ეს სახეობა და ქვესახეობა ითესებოდა საქართველოს ტერიტორიაზე გასული საუკუნის შუა წლებამდე.

გენეტიკური და მორფოლოგიური მტკიცებულების საფუძველზე, ქართული ხორბალი (*T. turgidum* L. subsp. *paleocolchicum* A. & D. Löve) არის ველური ემერისა და *T. aestivum*-ის ჰიბრიდული შეჯვარების პროდუქტი-სეგრეგანტი (Dvorak a. Luo 2001), ხოლო subsp. *carthlicum* შეიძლება იყოს გამინაურებული ემერისა და *T. aestivum*-ის ჰიბრიდული შეჯვარების სეგრეგანტი (Kuckuck, 1979; ციტირებულია მაცუოკას მიხედვით - Matsuoka, 2011).

დასავლეთ საქართველოში გამოვლენილი ხორბლის მესამე ქვესახეობაა ჰექსაპლოიდური გამინაურებული სპელტა ხორბალი *T. aestivum* L. subsp. *macha* (Dekapr. & Menabde) Mackey (Dekapreleevich a. Menabde, 1932). ეს ქვესახეობა საქართველოს ენდემია და კულტივირებული იყო კოლხურ ასლთან (*T. turgidum* subsp. *paleocolchicum*) ერთად (Dorofeev et al., 1979).

Triticum-ის სახეობების კიდევ ერთი ქართული წარმომადგენელია Timopheevi-ის ჯგუფი, რომელიც შეიცავს G გენომს. ხორბლის სახეობა *T. timopheevii* აღმოჩენილი იყო დასავლეთ საქართველოში, სადაც მას ეწოდებოდა ზანდური. წარსულში ზანდურის პოპულაცია წარმოადგენდა დიპლოიდის *T. monococcum* var. *hornemanii* (2n = 14) (გვაწა ზანდური), ტეტრაპლოიდის *T. timopheevii* (2n = 28) (ჩელტა ზანდური) და ჰექსაპლოიდის *T. zhukovskyi* Menabde et Ericzyan (2n = 42) ანაკრებს. ჰექსაპლოიდური ხორბალი *T. zhukovskyi* Menabde et Ericzyan წარმოადგენს *T. timopheevii* (Zhuk.) Zhuk.-ის ჰიბრიდიზაციის შედეგს *T. monococcum* L. var. *hornemanii*-თან (Clemente) Korn. (Menabde and Eritsian, 1960).

ხორბლის გამოცანა

2015 წ. ჩვენ ვუწოდეთ "ზანდურის გამოცანა" მოვლენას, რომლის თანახმად ველური *T. araraticum* Jakubz. (*T. timopheevii* subsp. *armeniicum* (Jakubz.) Slageren) ვერ იქნა ნაპოვნი საქართველოში, მაშინ როდესაც კულტურული *T. timopheevii* ნაპოვნი იყო მხოლოდ აქ

(Gogniashvili et al., 2015). ეს ფორმულირება სამართლიანია ასევე ორივე გაშინაურებული ტეტრაპლოიდური ხორბლისათვის subsp. *paleocolchicum* და subsp. *carthlicum*. ველური ემერი არ არის აღმოჩენილი საქართველოში (და ასევე სამხრეთ კავკასიაში), თუმცა კულტურული ტეტრაპლოიდური ხორბლები ნაპოვნია მხოლოდ საქართველოში (Gogniashvili et al., 2018).

მორისა და თანაავტ. (2009) მიერ გაანალიზებულ იქნა Timopheevi-ის ხორბლების მოლეკულური ვარიანტობა ქლოროპლასტური გენომის 23 მიკროსატელიტური უბნის მიხედვით. სამხრეთ კავკასიაში შეგროვილი *T. araraticum*-ის არც ერთი პლასტოტიპი არ ენათესავებოდა *T. timopheevii*-ის პლასტოტიპს. მაშინ როდესაც ჩრდილოეთ სირიასა და სამხრეთ თურქეთში შეგროვილი პლასტოტიპები ამჟღავნებდნენ ახლო ნათესაურ კავშირს *T. timopheevii*-თან. ეს შედეგები მიუთითებენ, რომ *T. timopheevii*-ის დომესტიკაცია მოხდა რეგიონში, რომელიც მოიცავს სამხრეთ თურქეთსა და ჩრდილოეთ სირიას (Mori et al. 2009).

ქართველთა წარმოშობა და მოძრაობა კავკასიისაკენ

ხორბლის დომესტიკაციის ერთ-ერთი ცენტრალური საკითხია - ვინ მონაწილეობდა ხორბლის გაშინაურებაში. ვინ ცხოვრობდა ნაყოფიერი ნახევარმთვარის ხორბლის დომესტიკაციის რაიონში 10,000 წლის წინ?

ხორბლის დომესტიკაციის არეალებია:

T. monococcum - სამხრეთ-აღმოსავლეთ თურქეთის ყარაჩადაღის მთა (Heun et al., 2007).

T. turgidum - სამხრეთ-აღმოსავლეთი თურქეთი (Ozkan et al., 2011).

T. timopheevii - ჩრდილოეთ სირია და სამხრეთ თურქეთი (Mori et al., 2009).

ერთ-ერთი შესაძლებლობა "ხორბლის ამოცანის" ასახსნელად არის იმის დაშვება, რომ ქართველები ცხოვრობდნენ (სხვა ხალხებთან ერთად) "ნაყოფიერი ნახევარმთვარის" ტერიტორიაზე (მონაწილეობდნენ ხორბლის დომესტიკაციაში) და მოგვიანებით ხორბლის ზოგიერთი სახეობა და ქვესახეობა წამოიღეს ჩრდილოეთით სამხრეთ კავკასიისაკენ, ანდა ადრეულმა ფერმერებმა (დაახლოებით 10,000 წლის წინ) მოიტანეს კულტურული ხორბალი დღევანდელი საქართველოს ტერიტორიაზე (M. Pagel, პირადი შეტყობინება).

თუ მოვახდენთ დავიდ რეიხის გამოთქმის პარაფრაზირებას - ვინ არიან ქართველები და როგორ მოხვდნენ ისინი კავკასიაში? (Reich, 2018).

მიტოქონდრიული დნმ-სა და Y ქრომოსომის გეოგრაფიულმა შესწავლამ რეგულაციურად შეცვალა ცოდნა მსოფლიოში ადამიანის განსახლების შესახებ (Cann et al., 1987; Rosser et al., 2000; Underhill et al., 2000; 2001). არსებული კონსენსუსის მიხედვით, თანამედროვე ადამიანი წარმოიშვა აფრიკულ პოპულაციაში დაახლოებით 100,000 - 200,000 წლის წინ (Reyes-Centeno et al., 2014). არსებობს მტკიცებულებები, რომ თანამედროვე ადამიანმა აფრიკა დატოვა დაახლოებით 70,000 წლის წინ და სწრაფად განსახლდა მსოფლიოში (Oppenheimer, 2012).

აფრიკიდან არაბეთის ნახევარკუნძულზე გადმოსვლის შემდეგ თანამედროვე ადამიანის პოპულაცია გაიყო განსახლების ორ ტალღად. როგორც ვარაუდობენ, პირველი ტალღა საბოლოოდ ჩამოყალიბდა ავსტრალოაზიელებად და ახალ გვინეელებად, ხოლო მეორე ტალღა საფუძვლად დაედო დღევანდელ ევრაზიელებს (Nielsen et al., 2017). თუმცა აფრიკიდან გადმოსვლის შემდეგ მიგრაციის ზუსტი მარშრუტები ადამიანების ადრეულ დივერსიფიკაციის პროცესში მეცნიერებში დღემდე არის შესწავლისა და დაპირისპირების საგანი.

ევროპული პოპულაცია როგორც ჩანს, შედგება სამი ან მეტი გენეტიკური კომპონენტისგან, რომელიც ევროპაში სხვადასხვა პერიოდში შემოვიდა (Nielsen et al., 2017). პირველი ანატომიურად თანამედროვე ადამიანი ევროპაში ცხოვრობდა უკვე 43,000 წლის წინ. ამ ადრეული პალეოლიტური ევროპელების გენეტიკურ წვლილი დღევანდელი ევროპელების გენომში უმნიშვნელოა (Nielsen et al., 2017).

დაახლოებით 11,000 წლის წინ როდესაც უკანასკნელმა გამყინვარების პერიოდმა ჩაიარა, ნაყოფიერი ნახევარმთვარის სხვადასხვა სუბრეგიონში გაჩნდა ადამიანის

ცხოვრების ახალი ტიპი, დაფუძნებული მეცხოველეობაზე, სოფლის მეურნეობასა და სედენტარიზმზე და რომელიც ცნობილია, როგორც ნეოლითური ცხოვრების წესი (Asouti a. Fuller, 2013; Nielsen et al., 2017). უძველესი დნმ-ის ანალიზმა გვიჩვენა, რომ ფერმერების ეს პოპულაცია გავრცელდა ცენტრალური ანატოლიიდან ევროპისაკენ.

ევროპაში მიგრაციის სხვა ტალღა, რომელმაც შემოიტანა მესამე ევროპული გენეტიკური კომპონენტი, მოხდა გვიან ნეოლითურ და ადრეულ ბრინჯაოს ხანაში. ამ პროცესში ჩართული იყვნენ მეჯოგეები პონტო-კასპიის სტეპებიდან, რომლებიც მიეკუთვნებოდნენ იამნაიას კულტურას. ეს მიგრაცია ცენტრალურ ევროპაში მოხდა დაახლოებით 4,500 წლის წინ (Nielsen et al., 2017). უძველესი დნმ-ის მონაცემები იძლევა მტკიცებულებებს თავად იამნაელების წარმოშობის შესახებ. 7,000 წლიდან 5,000 წლამდე სტეპებზე ხდებოდა პოპულაციის სტაბილური შემოდიდება სამხრეთიდან, რომელიც გენეტიკურ ნათესაობას ამჟღავნებს უძველეს და დღევანდელ სომხეთისა და ირანის მოსახლეობასთან. როგორც ჩანს, ეს მიგრაცია ხდებოდა კავკასიის გზით შავსა და კასპიის ზღვებს შორის. უძველესი დნმ-ის მონაცემები აჩვენებს, რომ ჩრდილოეთ კავკასიის მოსახლეობას ამ ტიპის წინაპარი გააჩნდა (Reich, 2018).

ქართველები წარმოადგენენ ქართველურ ენებზე მოლაპარაკე ხალხის ეთნო-ლინგვისტურ ჯგუფს. ისტორიულად ისინი შედგებიან: ქართველების, ზანებისა (მეგრელები და ლაზები) და სვანებისგან. პაგელისა და თანაავტ. მიხედვით ქართველური ენა არის ევრაზიული ენების სუპეროჯახში შემავალი ერთ-ერთი შვიდი ენობრივი ოჯახი. ავტორების გამოკვლევა დაფუძნებულია სტატისტიკურ მოდელზე, რომელიც მხედველობაში იღებს ყოველდღიურად გამოყენებული სიტყვების სიხშირეს. შედეგად, ევრაზიის შვიდ ენობრივ ოჯახში ავტორებმა აღმოაჩინეს კონსერვირებული სიტყვები და მათ საფუძველზე მოახდინეს ლინგვისტური ევრაზიული ენების სუპეროჯახის პოსტულირება, რომელიც ჩამოყალიბდა დაახლოებით 15,000 წლის წინ საერთო წინაპრისგან (Pagel et al., 2013) (სურ.1).

ავტორებმა შექმნეს ამ ნაწინასწარმეტყველი სუპეროჯახის ფილოგენეტიკური ხე, რომლის ასაკი შეადგენს დაახლოებით 15,000 წელს, რაც გულისხმობს, რომ ზოგიერთი ხშირად გამოყენებული სიტყვა შემორჩენილია მონათესავე ფორმით უკანასკნელი გამყინვარების პერიოდიდან. ეს შვიდი ენობრივი ოჯახი - დრავიდული, ქართველური, ინდოევროპული, ალტაური, ურალური, ჩუკჩი-კამჩატკური და ინუიტ-იუპიკური ქმნის ენების უძველეს ევრაზიურ სუპეროჯახს, რომელიც შესაძლოა წარმოიქმნა საერთო წინაპრისგან დაახლოებით 15,000 წლის წინ და რომელი ენებიც გამოიყენება დღევანდელ ევრაზიის ტერიტორიაზე.

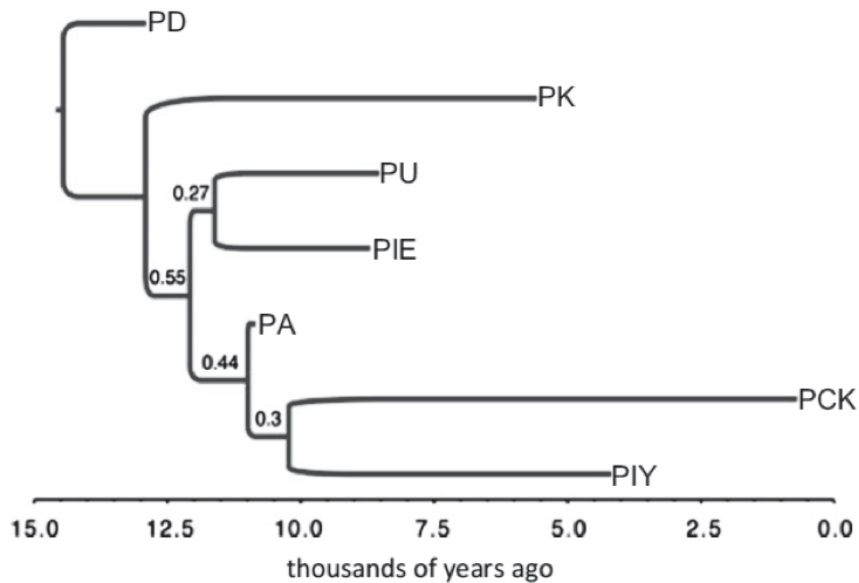
შეიძლება დავუშვათ, რომ პროტოევრაზიულ ენაზე მოლაპარაკე ხალხი 15,000 წლის წინ ცხოვრობდა არაბეთის ნახევარკუნძულის სამხრეთ ნაწილში. პირველად მათ გამოეყოთ პროტოდრავიდელები, რომლებიც მიგრირდნენ ინდოეთისკენ ოკეანის სანაპიროს გზით. პროტოქართველურ ენაზე მოლაპარაკე ხალხი ჩამოყალიბდა 13,000 წლის წინ ამ რეგიონში და იმოდრავეს ჩრდილოეთ მესოპოტამიისაკენ (სურ.2ა)

სავარაუდოდ, ამ რეგიონში ისინი ცხოვრობდნენ დიდი ხნის განმავლობაში, რადგანაც ჩვენი ჰიპოთეზის თანახმად პროტოქართველურ ენაზე მოლაპარაკე ხალხმა მონაწილეობა მიიღო ხორბლის დომესტიკაციაში. ითვლება რომ რომელიმე ველური მცენარის დომესტიკაციის პროცესი გრძელდება არანაკლებ 1,000 წლისა (Gaut et al., 2018) (სურ.2ბ).

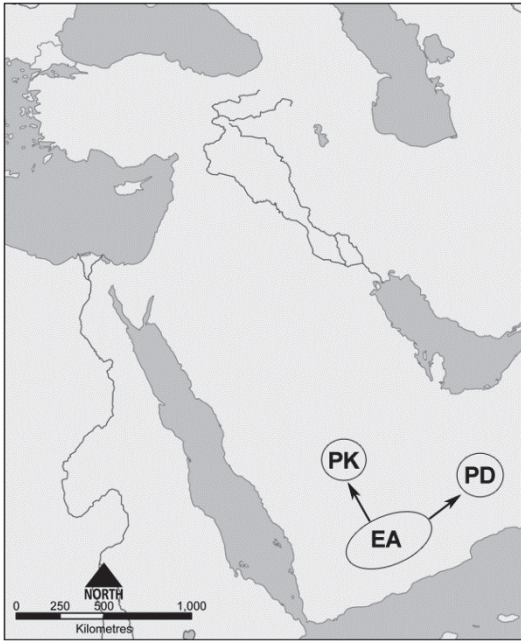
პროტოქართველების მოძრაობის ზუსტი დრო მესოპოტამიიდან კავკასიისკენ უცნობია, თუმცა გამყრელიძისა და ივანოვის მიხედვით (2010) პროტოქართველები, არქაული ლექსიკური და ტოპონიმიკური მონაცემების თანახმად, დაყოფამდე ცხოვრობდნენ მცირე კავკასიონის დასავლეთ და ცენტრალურ ნაწილში (ტრანსკავკასიის მთისწინეთში).

გამოთქმულია მოსაზრება, რომ პროტოქართველური ენის დაყოფა სვანურ და პროტო-ქართო-ზანურად მოხდა დაახლოებით 2,600 და 4,200 წლის წინ (Klimov, 1998). გამყრელიძისა და ივანოვის მიხედვით ქართველების დასავლური დიალექტის მიგრაციის პირველი ტალღა დასავლეთით და ჩრდილო-დასავლეთით კოლხეთის დაბლობის მიმართულებით დაიწყო ხუთი ათასწლეულის უკან და მიგვიყვანა სვანების ჩამოყალიბებამდე, რომლებიც განსახლდნენ დასავლეთ ტრანსკავკასიაში. მსხვილფეხა რქოსან პირუტყვთან დაკავშირებული ლექსიკა სვანურსა და სხვა ქართველურ ენებს შორის ძლიერ მსგავსია, მაშინ როდესაც მემცენარეობასთან დაკავშირებული ტერმინები ნაკლებად ემსგავსებიან ერთმანეთს. ეს შეიძლება მიუთითებდეს, რომ ცხოველების მოშინაურება მოხდა უფრო ადრე ვიდრე მცენარეებისა. და რომ მემცენარეობის განვითარების პერიოდში სვანები და პროტოქართოზანები უკვე ცხოვრობდნენ განცალკევებულად.

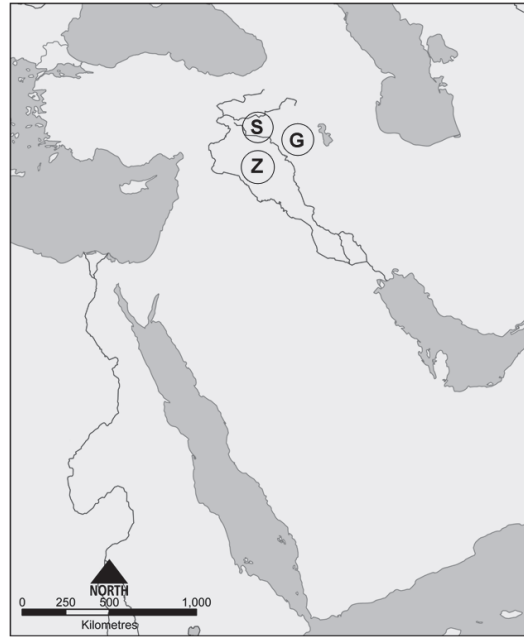
ქართველურ ენებზე მოლაპარაკე ხალხების შემდგომი მოძრაობა ჩრდილოეთისკენ ასე შეიძლება წარმოვიდგინოთ: სვანები, მეგრელები, ლაზები - ჩრდილოეთისკენ და ქართველები - ჩრდილო-აღმოსავლეთისკენ (სურ. 2 გ).



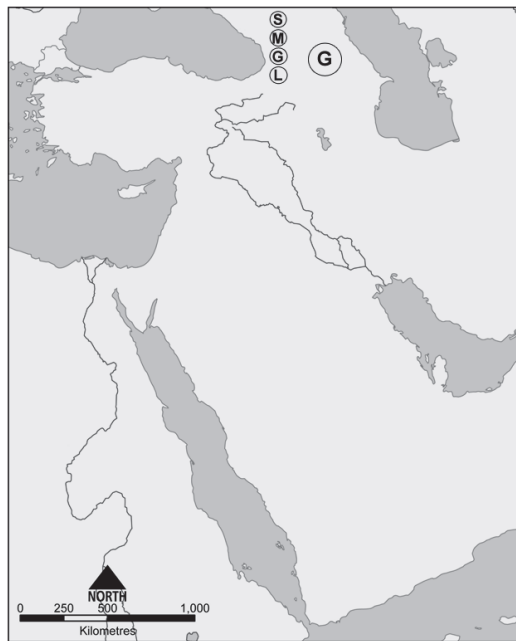
სურ.1. ევრაზიული ენების სუპეროჯახის ფილოგენეტიკური ხე ოჯახებისა და სუპეროჯახის ჩამოყალიბების თარიღებით (Pagel et al., 2013). შემოკლებები: PD- პროტო-დრავიდული; PK- პროტო-ქართველური; PU- პროტო-ურალური; PIE- პროტო-ინდოევროპული; PA- პროტო-ალტაური; PCK- პროტო-ჩუკჩი-კამჩატკური; PIY- პროტო-ინუიტ-იუპიკური.



სურ. 2- ა.



სურ. 2-ბ.



სურ. 2-გ.

სურ. 2. ა - პროტოდრავიდურ და პროტოქართველურ ენებზე მოლაპარაკე ხალხების გამოცალკეება ევრაზიული ენების სუპეროჯახისაგან (დაახლოებით 12,000 - 15,000 წლის წინ); ბ - ქართველურ ენებზე მოლაპარაკე ხალხების ლოკაცია ხორბლის გაშინაურების პერიოდში (დაახლოებით 12,000 - 10,000 წლის წინ); გ - ქართველების თანამედროვე ლოკაცია.

შემოკლებები: G - ქართველები; M - მეგრელები; L - ლაზები; Z - ზანები (მეგრელები+ლაზები); PK - პროტოქართველები; PD - პროტოდრავიდები.

References

1. Asouti E, Fuller DQ (2013) A contextual approach to the emergence of agriculture in Southwest Asia. *Curr Anthropol.* 54:299–345;
2. Cann RL, Stoneking M, Wilson AC (1987) Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325, 31–3;
3. Dekaprelevisch LL, Menabde VL (1932) Spelt wheats of Western Georgia (Western Transcaucasia) *Bull. Appl. Bot. Genet. Pl. Breed., Ser. 5, no. 1, p. 1-46;*
4. Dorofeev VF, Filatenko AA, Migushova EF, Udaczin RA, Jakubziner MM (1979) Wheat. In: VF Dorofeev & ON Korovina, eds. *Flora of Cultivated Plants, vol. 1.* Leningrad (St. Petersburg), Russia. Kolos (in Russian). 346 pp;
5. Dubcovsky J, Dvorak J (2007) Genome plasticity a key factor in the success of polyploidy wheat under domestication. *Science* 316:1862–1866;
6. Dvorak J, Luo MC (2001) Evolution of free-threshing and hulled forms of *Triticum aestivum*: old problems and new tools. In *Wheat Taxonomy: The Legacy of John Percival*. Edited by Caligari, P.D.S. and Brandham, P.E. pp. 127–136. Academic Press, London;
7. Dvorak J, Luo MC, Yang ZL, Zhang HB (1998) The structure of the *Aegilops tauschii* genepool and the evolution of hexaploid wheat. *Theor Appl Genet* 97:657–670;
8. Gamkrelidze TV, Ivanov VV (2010) Indo-European and the Indo-Europeans A Reconstruction and Historical Analysis of a Proto-Language and Proto-Culture. De Gruyter Mouton;
9. Gaut BS, Seymour DK, Liu Q, Zhou Y (2018) Demography and its effects on genomic variation in crop domestication. *Nature Plants.* 4. 10.1038/s41477-018-0210-1;
10. Gogniashvili M, Naskidashvili P, Bedoshvili D, Kotorashvili A, Kotaria N, Beridze T (2015) Complete chloroplast DNA sequences of Zanduri wheat (*Triticum* spp.). *Genet Resour Crop Evol* 62:1269–1277;
11. Gogniashvili M, Maisaia I, Kotorashvili A, Kotaria N, Beridze T (2018) Complete Chloroplast DNA Sequences of Georgian Indigenous Polyploid Wheats and B Plasmon Evolution. *Genet Resour Crop Evol* 10.1007/s10722-018-0671-0;
12. Hammer K, Filatenko AA, Pistrick K (2011) Taxonomic remarks on *Triticum* L. and *xTriticosecale* Wittm. *Genet Resour Crop Evol* 58:3–10;
13. Heun M, Schaefer-Pregl R, Klawan D, Castagna R, Accerbi M, Borghi B, Salamini F (1997) Site of Einkorn wheat domestication identified by DNA fingerprinting. *Science* 278:1312–1314;
14. Klimov GA (1998) Etymological dictionary of the Kartvelian languages Berlin ; New York : Mouton de Gruyter;
15. Kuckuck H(1979) On the origin of *Triticum carthlicum* Neyski (*Triticum persicum* Vav.) *Wheat Inf. Serv.* 50: 1-5;
16. Matsuoka Y (2011) Evolution of Polyploid *Triticum* Wheats under Cultivation: The Role of Domestication, Natural Hybridization and Allopolyploid Speciation in their Diversification. *Plant Cell Physiol* 52: 750–764;
17. Menabde VL (1948) Wheats of Georgia. Edition of Academy of Science of Georgian SSR, Tbilisi, 272 pp. (in Russian);
18. Menabde VL (1961) Cultivated flora of Georgia. In: Sakhokia MF (ed) Botanical excursions over Georgia. Publishing House of the Academy of Sciences of Georgian SSR, Tbilisi, pp 69–76 (in Russian);
19. Menabde VL, Eritsian AA (1960) Investigation of Georgian wheat Zanduri. *Soobsch Acad Sci GSSR* 25:731–736;
20. Mori N, Kondo Y, Ishii T, Kawahara T, Valkoun J, Nakamura C (2009) Genetic diversity and origin of timopheevi wheat inferred by chloroplast DNA fingerprinting. *Breeding Sci* 59:571–578;
21. Nielsen R, Akey JM, Jakobsson M, Pritchard JK, Tishkoff S, Willerslev E (2017) Tracing the peopling of the world through genomics. *Nature* 541: 302–310;
22. Oppenheimer S (2012) Out-of-Africa, the peopling of continents and islands: tracing uniparental gene trees across the map *Phil. Trans. R. Soc. B.* 367, 770–784;

23. Ozkan H, Willcox G, Graner A, Salamini F, Kilian B (2011) Geographic distribution and domestication of wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) *Genet Resour Crop Evol* 58:11–53;
24. Pagel M, Atkinson QD, Calude AS, Meade A (2013) Ultraconserved words point to deep language ancestry across Eurasia. *Proc Natl Acad Sci USA* 110:8471–8476;
25. Reich D (2018) *Who We Are and How We Got Here*. Pantheon Book, 339 p.;
26. Reyes-Centeno H, Ghirotto S, D etroit F, Grimaud-Herv e D, Barbujani G, Harvati K (2014) Genomic and cranial phenotype data support multiple Modern human dispersals from Africa and a southern route into Asia *PNAS*, 111: 7248–7253;
27. Rosser ZH, Zerjal T, Hurles ME, Adojaan M, Alavantic D, Amorim A, Amos W, et al (2000) Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language. *Am J Hum Genet* 67:1526–1543;
28. Schneider A, Molnar I, Molnar-Lang M (2008) Utilisation of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. *Euphytica* 163:1–19;
29. Underhill PA, Passarino G, Lin AA, Shen P, Mirazon Lahr M, Foley R, Oefner PJ, Cavalli-Sforza LL (2001) The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Ann Hum Genet* 65: 43–62;
30. Underhill PA, Shen P, Lin AA, Jin L, Passarino G, Yang WH, Kauffman E, Bonne’-Tamir B, Bertranpetit J, Francalacci P, Ibrahim M, Jenkins T, Kidd JR, Mehdi SQ, Seielstad MT, Wells RS, Piazza A, Davis RW, Feldman MW, Cavalli-Sforza LL, Oefner PJ (2000) Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nat Genet* 26:358–361;
31. Wang G-Z, Miyahita NT, Tsunewaki K (1997) Plasmon analyses of *Triticum* (wheat) and *Aegilops*: PCR–single-strand conformational polymorphism (PCR-SSCP) analyses of organellar DNAs. *Proc Natl Acad Sci USA* 94: 14570–14577.

THE “WHEAT PUZZLE” AND KARTVELIANS ROUTE TO THE CAUCASUS

T. Beridze,

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

E-mail: t.beridze@agruni.edu.ge

Summary

Hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L., genomes AABBDD) originated in South Caucasus by allopolyploidization of the cultivated Emmer wheat *T. dicoccum* (genomes AABB) with the Caucasian *Ae. tauschii* ssp *strangulata* (genomes DD). Genetic variation of *Ae. tauschii* is an important natural resource, that is why it is of particular importance to investigate how this variation was formed during *Ae. tauschii* evolutionary history and how it is presented through the species area. The plasmon diversity that exists in *Triticum* and *Aegilops* species is of great significance for understanding the evolution of these genera. In the present investigation the complete nucleotide sequence of plasmon D (chloroplast DNA) of nine accessions of *Ae. tauschii* and two accessions of *Ae. cylindrica* are presented. The phylogeny tree shows that chloroplast DNA of TauL1 and TauL2 diverged from the TauL3 lineage. TauL1 lineage is relatively older than TauL2. The position of *Ae. cylindrica* accessions on *Ae. tauschii* phylogeny tree constructed on chloroplast DNA variation data is intermediate between TauL1 and TauL2.

Three types of plasmon (A, B and G) are present for genus *Triticum*. Plasmon B is detected in polyploid species - *Triticum turgidum* L. and *Triticum aestivum* L. Complete nucleotide sequences of chloroplast DNA of 11 representatives of Georgian wheat polyploid species were determined. The phylogeny tree shows that subspecies macha, durum, carthlicum and palaeocolchicum occupy different positions. According the simplified scheme based on SNP and indel data the ancestral, female parent of all studied polyploid wheats is an unknown X predecessor, from which four lines were formed.

The ‘Wheat Puzzle’ was termed the observation that wild predecessors of five Georgian endemic wheat subspecies are found in Fertile crescent quite far from the South Caucasus

(Gogniashvili, beridze, 2015; Beridze, 2019). Kartvelian language is one of the seven language families of Eurasiatic superfamily, that may have arisen from a common ancestor over 15 kya BP (Pagel et al., 2013). One of the possibility to explain 'Wheat Puzzle' is that speakers of Protokartvelian language could be separated from Protoeurasiatic language speakers after migration from Africa to the Arabian peninsula and later moved to the northern part of Mesopotamia where wheat was

domesticated. Kartvelian speakers could migrate further to South Caucasus together with domesticated wheat subspecies.