

انتخاب به کمک نشانگر برای ارزش نانوایی در نسل‌های در حال تفرق گندم نان

الهام مهرآذر^۱، علی ایزدی دربندی^۲، محسن محمدی^۳ و گودرز نجفیان^۴

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد، پردیس ابوریحان دانشگاه تهران، (نویسنده مسوول: elhammehrazar@gmail.com)

۲- استادیار، پردیس ابوریحان دانشگاه تهران

۳ و ۴- استادیار و دانشیار، موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر

تاریخ دریافت: ۹۱/۷/۳۰ تاریخ پذیرش: ۹۲/۱/۳۱

چکیده

نشانگرهای مولکولی ابزاری برای به‌نژادی، غربالگری و تعیین خصوصیات ژنتیکی ژنوتیپ‌ها می‌باشند. در گیاهان زراعی گزینش به کمک نشانگرهای مولکولی برای صفات مرتبط با کیفیت محصول و مقاومت به آفات و بیماری‌ها گسترش یافته است. در این مطالعه غربال ۴۰ نتاج نسل F_2 از تلاقی‌های (M-83-17/3/Dove”S”/Buc”S”//2*Darab/4/Pishtaz/3/Ww33/Vee”S”//Niknejad) اقلیم معتدل کشور با نشانگرهای جایگاه نشانمند از توالی (STS) با توان تشخیص آلل‌های 2^* ، $17+18$ و $5+10$ در مکان‌های ژنی $Glu-1$ که بیشترین اثر را در افزایش کیفیت گلوتن دارا می‌باشند، صورت گرفت و از بین ۴۰ نتاج جامعه F_2 تعداد ۱۲ نتاج واجد هر سه آلل برتر در نسل F_3 در مزرعه تحقیقاتی کشت شدند. از میان ۱۲ نتاج نسل F_3 ، شش نتاج با ده نمونه از هر جمعیت با بهترین خصوصیات ظاهری و صفات مورفولوژیکی انتخاب و با استفاده از نشانگرهای اختصاصی افراد برتر به نسل F_4 انتقال یافتند. نتایج حاصل از نشانگرهای مولکولی در نسل F_2 با نتایج حاصل از آزمون ارتفاع رسوب SDS هماهنگی داشت و آلل‌های 2^* ، $17+18$ و $5+10$ همبستگی مثبت و معنی‌داری را با ارتفاع رسوب داشتند. تجزیه خوشه‌ای با الگوریتم بین‌گروهی، نتایج را بر اساس آلل‌های پر کیفیت به پنج گروه با ترکیبات متفاوتی از هر یک از سه آلل نامبرده و بر اساس حجم رسوب SDS به سه گروه با حجم رسوب SDS بالا، متوسط و پایین تفکیک نمود.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، جایگاه‌های نشانمند از توالی (STS)، سدیم دودسیل سولفات (SDS)، گلوٹنین، همبستگی

مقدمه

به‌نژادی گیاهان زراعی بشمار می‌روند. انتخاب به کمک نشانگر^۱ برای صفات مرتبط با کیفیت و مقاومت به آفات و بیماری‌های گیاهی در برخی گیاهان زراعی و به‌خصوص گندم مطرح شده است، زیرا نشانگرهای DNA با کارآمدی

نشانگرهای مولکولی به واسطه اینکه می‌توانند سهم بسزائی در شناسائی و انتخاب دقیق ژرم‌پلاسم و نتاج حاصل از تلاقی‌ها داشته باشند از جمله ابزارهای بسیار مهم

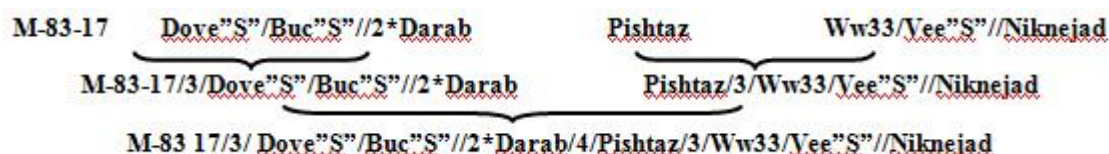
1- Marker-Assisted Selection (MAS)

1AL/1RS، 1BL/1RS و 1DL/1RS از دیگر فاکتورهای موثر در کیفیت گندم می‌باشند. این جابه‌جایی حامل ژن‌های دارای سازگاری بالا بوده ولی بعضاً پیوستگی زیادی با کاهش خواص کیفیت گندم دارد از جمله حجم رسوب کم، چسبندگی کم خمیر و کاهش استحکام خمیر که عدم حضور این ژن باعث افزایش کیفیت بالای گندم می‌شود (۲۰، ۲۱). این مطالعه با هدف بکارگیری نشانگرهای اختصاصی برای تشخیص حضور و یا عدم حضور آلل‌های برتر^{*} ۲، ۱۷+۱۸ و ۵+۱۰ در نتاج هتروزیگوت نسل F₂ و انتخاب نتاج دارای هر سه آلل به‌عنوان افراد نسل F₃ و بررسی همبستگی و گروه‌بندی نتاج انجام شده است.

مواد و روش‌ها مواد گیاهی

تعداد ۴۰ نمونه از نتاج جمعیت F₂ در مرحله رشدی ابتدای خوشه‌دهی از مزرعه انتخاب و با اتیکت شماره‌گذاری گردیدند که ۴ والد پارسی، پیشتاز، M-83-17 و M-84-14 برای ایجاد تلاقی مربوطه مورد بررسی قرار گرفتند (شکل ۱).

بسیار بهتر و در زمان کمتر راندمان انتخاب صفات زراعی مهم را در برنامه‌های اصلاحی افزایش داده و تنوع آلی را در بین رقم‌های مختلف بررسی می‌نماید (۱۸). پروتئین‌های ذخیره‌ای گندم باعث خاصیت کشسانی و چسبندگی خمیر می‌شوند که به دو دسته گلیادین‌ها و گلوٹنین‌ها تقسیم می‌شوند (۲۲، ۱). گلوٹنین‌ها به لحاظ وزن مولکولی به دو گروه زیر واحدهای گلوٹنین با وزن مولکولی بالا (HMW-Gs) و پایین (LMW-Gs) تقسیم می‌شوند. گلوٹنین با وزن مولکولی بالا توسط ژن‌های واقع در مکان‌های *Glu-B1*، *Glu-D1* و *Glu-A1* به ترتیب روی بازوی بلند کروموزوم‌های 1D، 1B و 1A قرار دارند رمز می‌شوند (۵، ۶، ۱۵). آلل‌های هر یک از این مکان‌های ژنی ارزش و امتیاز کیفی خاصی در بهبود کیفیت نهایی دارد. به نحوی که آلل‌های ۲، ۱۷+۱۸ و ۵+۱۰ بیشترین امتیاز و بالاترین کیفیت را در بین مکان‌های ژنی هم‌گروه خود دارند (۳، ۴). انتخاب به کمک نشانگر برای HMW-Gs ابزار با ارزشی هستند زیرا که اطلاعات درباره کیفیت تهیه نان در اولین مراحل اصلاح بدست آمده و مانع از رواج لاین‌ها با کیفیت ضعیف می‌شود (۸). کیفیت جابه‌جایی^۱ گندم چاودار در فرم‌های



شکل ۱- مشخصات پدیگری جمعیت F₂ در حال تفکیک

به عملکرد دانه، در پیش‌بینی بهبود کیفیت نانوائی از آنها استفاده نمود (۱۳). این روش برای اولین بار در برنامه به‌نژادی گندم ایران در بخش تحقیقات غلات برای بهبود کیفیت نانوائی انجام شده است. همچنین ضریب همبستگی پیرسون برای بررسی همبستگی بین آلل‌های برتر مکان ژنی *Glu-1* و صفت ارتفاع رسوب با استفاده از نرم‌افزار SAS ver 0.9 و گروه‌بندی نتایج بر اساس آزمون ارتفاع رسوب SDS و توزیع آلل‌های برتر مکان ژنی *Glu-1* به روش بین‌گروهی^۴ با استفاده از نرم‌افزار SPSS انجام شد.

نشانگرهای مولکولی و واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز PCR

آزمون ژنتیکی حضور آلل‌های 1Dx5 در مکان ژنی *Glu-D1* (۱۹) و 1Bx17 در مکان ژنی *Glu-B1* و آلل^{*} 1Ax2 در مکان ژنی *Glu-A1* (۹) و جابه‌جایی گندم چاودار 1BL.1RS و 1AL.1RS (۱۶) بررسی گردید. مشخصات آغازگرهای PCR آنها به شرح (جدول ۱) می‌باشد. آزمون ارتفاع رسوب SDS با توجه به روش کوئیک و دانلی (۱۳) انجام شد. آغازگرهای اختصاصی از نوع نشانگرهای جایگاه نشانمند از توالی (STS) که برای تعیین حضور آلل‌های ۲^{*}، ۱۷+۱۸ و ۵+۱۰ استفاده شده در ۳۵ چرخه انجام شد که برنامه چرخه‌های حرارتی به صورت واسرشت‌سازی اولیه در دمای ۹۴°C به مدت ۴ دقیقه، واسرشت‌سازی در ۹۴°C به مدت ۱ دقیقه، دمای اتصال آغازگرها ۵۸°C - ۵۱°C به مدت ۴۵ ثانیه، دمای بسط آغازگرها نیز در تمام چرخه‌ها ۷۲°C به مدت ۹۰ ثانیه انجام گردید

در این تحقیق تشخیص حضور و یا عدم حضور آلل‌های ۲^{*}، ۱۷+۱۸ و ۵+۱۰ برای نتایج هتروزیگوت نسل F₂ در مرحله گیاهچه‌ای انجام گرفت و نتایج F₂ در مزرعه با اتیکت نشاندار و پس از تعیین محتوای ژنتیکی نتایج حاصل از آزمایشگاه به مزرعه برگردانده شده و سپس این بار روی اتیکت محتوای ژنتیکی آنها درج گردید تا در مرحله انتخاب نهایی بتوان با اتکا به تجربیات اصلاحی و مورفولوژیکی و بر اساس محتوای ژنتیکی درج شده روی اتیکت به طور هدفمند پایه‌های مطلوب خود را انتخاب نمود. در این آزمایش، ۴۰ پایه F₂ برای تعیین محتوای ژنتیکی بوسیله مارکرهای DNA بر مبنای PCR^۱ کاندیدا شدند. نتایج برگزیده F₃ از میان نتایج برگزیده F₂ انتخاب و به منظور بررسی‌های بیشتر و تولید ارقام با کیفیت نانوائی بالا به نسل F₄ منتقل شدند. استخراج DNA از برگ‌های نمونه‌گیری شده در مرحله گیاهچه‌ای به روش CTAB^۲ انجام گرفت (۱۰). همچنین شناسایی همزمان منابع متفاوتی از جابه‌جایی گندم چاودار (1BL.RS و 1AL.RS) و انتخاب نتایجی که واجد هر سه آلل و فاقد آلل‌های جابه‌جا شده با 1RS باشند انجام شد و به منظور تائیدی بر نتایج حاصل از نشانگرها و تشخیص نتایج با کیفیت از آزمون ارتفاع رسوب SDS^۳ استفاده شد زیرا حجم رسوب SDS که از صفات مهم در ارزیابی‌های کیفی است نقش مهمی در قدرت گلوتن داشته و با کیفیت پروتئین مرتبط می‌باشد. ارقامی که حجم رسوب بالا دارند از نظر کیفیت نانوائی مطلوب بوده و دارای استحکام گلوتن بیشتر می‌باشند و می‌توان بدون توجه

1- Polymerase Chain Reaction
3- Sodium Dodecyl Sulf

2- Hexadecyl trimethyl-amoniombromide
4- Between Groups

چرخه‌ها در همین دما ثابت ماند و دمای بسط آغازگرها در تمام چرخه‌ها 72°C به مدت ۴۰ ثانیه در نظر گرفته شد. دمای بسط نهایی 72°C به مدت ۵ دقیقه انجام گردید. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر، که حاوی ۱ واحد Taq DNA پلیمرز، $2/5$ میلی‌مولار از هر 50 MgCl_2 میلی‌مولار، $1x$ بافر از هر بافر $PCR (10x)$ ، 50 نانوگرم از DNA ژنومی، 2 میلی‌مولار از هر dNTP 50 میلی‌مولار و $0/4$ پیکومول از هر آغازگر (10 پیکومول) انجام و محصول حاصل از PCR بر روی ژل آگارز $1/5$ درصد ارزیابی شدند.

و بسط نهایی با دمای 72°C به مدت ۱۰ دقیقه تعریف گردید. آغازگری که جابه‌جایی گندم چاودار را مورد بررسی قرار می‌دهد با شرایط PCR تاج‌داون^۱ اجرا شد که دمای واسرشت‌سازی در این واکنش 94°C انتخاب گردید که در چرخه اول به مدت ۳ دقیقه و در سایر چرخه‌ها به مدت ۴۵ ثانیه بود. که دمای ذوب این آغازگر 60°C می‌باشد و در این روش PCR تاج‌داون دمای اتصال آغازگرها 65°C برای ۴۰ ثانیه آغاز شد و سپس طی ۱۵ چرخه، در هر چرخه این دما به اندازه 10°C کاهش یافت تا در سیکل پانزدهم، بتدریج دمای اتصال به 50°C رسید و در سایر

جدول ۱- مشخصات آغازگرهای اختصاصی

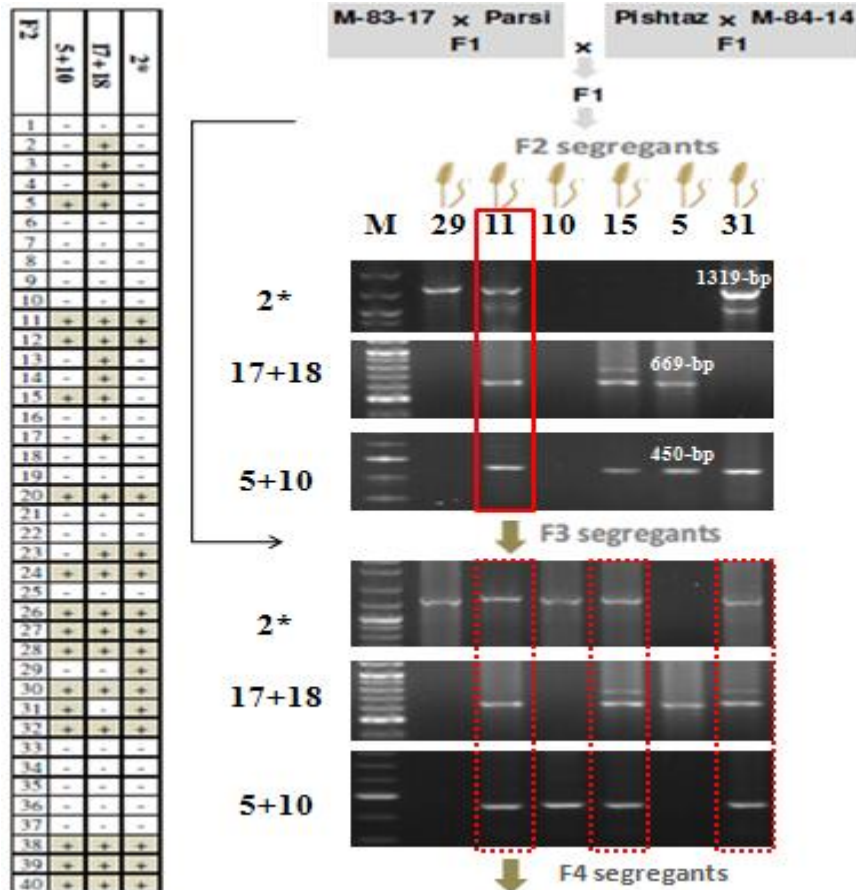
| آلل | آغازگر | دمای اتصال ($^{\circ}\text{C}$) | اندازه محصول |
|---------|--|-----------------------------------|--------------|
| 2^* | F: ATGACTAAGCGGTTGGTCTT R: ACCTTGCTCCCCTTGTCTT | ۵۳ | ۱۳۱۹ bp |
| $17+18$ | F: CGCAACAGCCAGGACAATT R: AGAGTTCTATCACTGCCTGGT | ۵۸ | ۶۶۹ bp |
| $5+10$ | F: GCCTAGCAACCTTCACAATC R: GAAACCTGCTGCGGACAAG | ۵۱ | ۴۵۰ bp |
| 1BL.1RS | F: TGACAACCCCTTTCCTCGT | ۶۵ | ۲۰۷ bp |
| 1AL.1RS | R: TCATCGACGCTAAGGAGGACCC | ۵۰ | ۲۲۸ bp |

نمی‌باشند. بر اساس مطالعات انجام شده در این تحقیق در سطح DNA، روی نتاج F_2 و F_3 نامبرده می‌توان رتبه‌بندی کیفی نتاج را بر اساس بهترین و بدترین نتاج از نظر کیفیت نانویی و با جدول امتیازدهی پایین (۱۲) تعیین کرد. بر این اساس ارقام دارای امتیاز بین ۸-۱۰، ۵-۷ و ۳-۴ بترتیب دارای کیفیت بالا، متوسط و پایین می‌باشند. آزمون ارتفاع رسوب SDS که روشی برای تعیین کیفیت پروتئین

نتایج و بحث

نتایج حاصل از الکتروفورز واکنش زنجیره‌ای پلیمرز به منظور تشخیص حضور و یا عدم حضور آلل‌های برتر 2^* ، $17+18$ و $5+10$ در نتاج هتروزیگوت نسل F_2 و F_3 در شکل ۲ دیده می‌شود. با توجه به بررسی آلل‌های حاصل از جابه‌جایی گندم چاودار نتایج نشان داد که هیچ‌یک از نتاج هتروزیگوت نسل F_2 دارای آلل‌های 1AL.1RS و 1BL.1RS

است، به‌عنوان تائیدی برای نتایج حاصل از (STS) بکار رفت و در جدول ۲ مشخص شده نشانگرها از نوع جایگاه نشانمند از توالی است.



شکل ۲- روند انتخاب نتاج در نسل‌های در حال تفکیک F₂ و F₃ برای بهبود کیفیت نانوائی بر اساس آزمون فعالیت 2*، Ax2، Bx17، Dx5، در ۶ نمونه افراد جمعیت F₂ و F₃ گندم هگزاپلوئید تلاقی مربوطه، M: سایز مارکر (100 bp) می‌باشد.

آلل‌های 2* از مکان ژنی *Glu-A1*، 5+10 از مکان ژنی *Glu-D1* و 17+18 از مکان ژنی *Glu-B1* روی ارتفاع رسوب بیشترین تاثیر را دارد به‌طوری‌که وجود این آلل‌ها باعث افزایش ارتفاع رسوب SDS می‌شود. نتایج نشان داد که نتاج با آلل‌های سه‌گانه (2*، 5+10 و 17+18) دارای میانگین ارتفاع رسوب SDS حدود ۶۷ بوده و سایر نتاج دارای میانگین آزمون رسوب ۵۶/۲ می‌باشند.

عدد رسوب SDS هرچه بیشتر باشد کیفیت گلوتن مطلوب‌تر می‌باشد. نتایج همبستگی ساده آلل‌های برتر مکان ژنی *Glu-1* (جدول ۳) نشان داد که آلل‌های 2*، 5+10 و 17+18 همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفت ارتفاع رسوب دارند. این نتیجه با نتایج صادق‌زاده و همکاران (۱۷) و نجفیان و همکاران (۱۱) مطابقت دارد. با توجه به نتایج حاصل از آزمون ارتفاع رسوب SDS،

نظر خصوصیات ظاهری و صفات مورفولوژیکی با بررسی و بازدید تک تک بوته‌ها و لاین‌ها در مراحل مختلف از جمله قدرت گیاه، تعداد خوشه زیاد، ساختمان کانوپی بسته، بیوماس بالا، رنگ دانه (قرمز و سفید)، ارتفاع حدود یک متر (برای برداشت مکانیکی)، زودرسی متوسط و مقاومت به بیماری‌ها (زنگ زرد گندم، زنگ قهوه‌ای، سیاهک ناقص و ...) انتخاب شدند که نتایج انتخابی واجد صفات مطلوب و عاری از صفات نامطلوب بودند و مجدداً به منظور تعیین محتوای ژنتیکی حاصل از آزمون‌های DNA، از هر جمعیت برگزیده ۱۰ نمونه انتخاب و با اتیکت نشاندار شده و به آزمایشگاه منتقل شدند و افراد برتر این نتایج انتخابی از نظر حضور هر سه آلل برتر کیفی برای انتقال به نسل F₄ آماده شدند. جدول ۴ نتایج انتخابی در نسل‌های F₂ و F₃ را نشان می‌دهد. عدم حضور آلل‌های حاصل از جابه‌جایی گندم چاودار یک امتیاز بالا برای بهبود کیفیت نانوائی محسوب می‌شود و با استفاده از این روش می‌توان روند اصلاحی برای کیفیت را بهینه و کوتاه‌تر کرد.

علیرغم اینکه این نتیجه تائیدی بر نتایج حاصل از طریق مارکرهای STS است ولی بالا یا پایین بودن ارتفاع رسوب SDS دلیل قطعی بر صحت این نظر نمی‌باشد زیرا با توجه به آزمون ارتفاع رسوب SDS و نتایج جدول ۲، نتایج چون ۷، ۸، ۹، ۱۹، ۲۱ و ۲۵ با وجود اینکه فاقد هر سه آلل‌های پرکیفیت هستند، عدد ارتفاع رسوب SDS آنها بالاست (به ترتیب برابر ۶۸، ۶۶، ۷۱، ۷۴، ۶۲ و ۶۵). کیفیت نانوائی علاوه بر زیر واحدهای گلوٹنین با وزن مولکولی بالا، تحت‌تاثیر زیر واحدهای گلوٹنین با وزن مولکولی پایین، نسبت گلوٹنین به گلیادین، توزیع وزن مولکولی و محتوای پروتئین کل می‌باشد (۶). این نتایج اهمیت زمینه ژنتیکی بین زیر واحدهای مختلف و سایر اجزای گلوٹن به همراه اثرات محیطی را نشان می‌دهند.

انتخاب نتایج برگزیده با پتانسیل کیفی و عملکرد بالا از نسل F₂ برای رفتن به نسل F₃ و F₄ و نسل‌های بالاتر در آزمایشگاه و با توجه به حضور هر سه آلل برتر* ۲، ۱۷+۱۸ و ۱۰+۵ که موثر در کیفیت می‌باشند و در مزرعه از

جدول ۲- آلل‌های شناسایی شده در جمعیت F₂ مورد مطالعه

| نتایج | ۲* | ۱۷+۱۸ | ۵+۱۰ | IBL.1RS/1AL.1RS | آزمون ارتفاع رسوب SDS | رتبه کیفی نتایج F ₂ برای آلل‌های مورد بررسی |
|-------|----|-------|------|-----------------|-----------------------|--|
| ۱ | - | - | - | - | ۵۵ | ۰ |
| ۲ | - | + | - | - | ۴۷ | ۳ |
| ۳ | - | + | - | - | ۷۳ | ۳ |
| ۴ | - | + | - | - | ۶۰ | ۳ |
| ۵ | - | + | + | - | ۵۹ | ۳+۴=۷ |
| ۶ | - | - | - | - | ۴۸ | ۰ |
| ۷ | - | - | - | - | ۶۸ | ۰ |
| ۸ | - | - | - | - | ۶۶ | ۰ |
| ۹ | - | - | - | - | ۵۱ | ۰ |
| ۱۰ | - | - | - | - | ۵۰ | ۰ |
| ۱۱ | + | + | + | - | ۶۸ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۱۲ | + | + | + | - | ۷۲ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۱۳ | - | + | - | - | ۴۵ | ۳ |
| ۱۴ | - | + | - | - | ۶۵ | ۳ |
| ۱۵ | - | + | + | - | ۷۱ | ۳+۴=۷ |
| ۱۶ | - | - | - | - | ۵۳ | ۰ |
| ۱۷ | - | + | - | - | ۵۶ | ۳ |
| ۱۸ | - | - | - | - | ۴۶ | ۰ |
| ۱۹ | - | - | - | - | ۵۴ | ۰ |
| ۲۰ | + | + | + | - | ۶۰ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۲۱ | - | - | - | - | ۶۲ | ۰ |
| ۲۲ | - | - | - | - | ۶۸ | ۰ |
| ۲۳ | + | + | - | - | ۶۵ | ۳+۳=۶ |
| ۲۴ | + | + | + | - | ۷۳ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۲۵ | - | - | - | - | ۶۵ | ۰ |
| ۲۶ | + | + | + | - | ۷۷ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۲۷ | + | + | + | - | ۵۸ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۲۸ | + | + | + | - | ۶۲ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۲۹ | + | - | - | - | ۳۸ | ۳ |
| ۳۰ | + | + | + | - | ۷۰ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۳۱ | + | - | + | - | ۵۶ | ۳+۴=۷ |
| ۳۲ | + | + | + | - | ۵۹ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۳۳ | - | - | - | - | ۴۴ | ۰ |
| ۳۴ | - | - | - | - | ۳۹ | ۰ |
| ۳۵ | - | - | - | - | ۵۵ | ۰ |
| ۳۶ | - | - | - | - | ۵۸ | ۰ |
| ۳۷ | - | - | - | - | ۵۹ | ۰ |
| ۳۸ | + | + | + | - | ۷۳ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۳۹ | + | + | + | - | ۷۰ | ۳+۳+۴=۱۰ |
| ۴۰ | + | + | + | - | ۶۲ | ۳+۳+۴=۱۰ |

جدول ۳- ضرایب همبستگی ساده آلل‌های برتر مکان ژنی *Glu-1* با ارتفاع رسوب SDS

| | ۲* | ۱۷+۱۸ | ۵+۱۰ |
|-------|--------|--------|-------|
| ۱۷+۱۸ | ۰/۵۹** | | |
| ۵+۱۰ | ۰/۷۴** | ۰/۵۱** | |
| SDS | ۰/۵۲** | ۰/۴۸** | ۰/۳۸* |

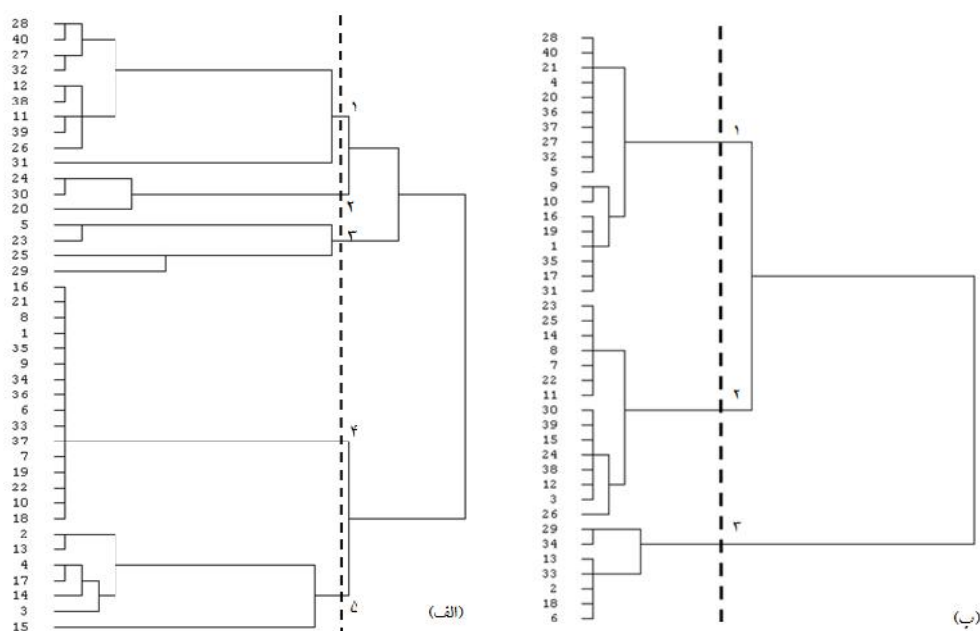
* و **: به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

جدول ۴- نتاج انتخابی در نسل‌های F_2 و F_3

| تلاقی مربوطه | M-83 17/3/ Dove'S''/Buc''S''/2*Darab/4/Pishtaz/3/Ww33/Vee''S''/Niknejad |
|---|---|
| F_2 نتاج | ۱-۲-۳-۴-۵-۶-۷-۸-۹-۱۰-۱۱-۱۲-۱۳-۱۴-۱۵-۱۶-۱۷-۱۸-۱۹-۲۰-۲۱-۲۲-۲۳-۲۴-۲۵-۲۶-۲۷-۲۸-۲۹-۳۰-۳۱-۳۲-۳۳-۳۴-۳۵-۳۶-۳۷-۳۸-۳۹, ۴۰ |
| F_3 نتاج F_2 انتخابی برای نسل F_3 | ۴۰-۳۹-۳۸-۳۲-۳۰-۲۸-۲۷-۲۶-۲۴-۲۰-۱۲-۱۱ |
| F_4 نتاج F_3 انتخابی برای نسل F_4 | ۳۸-۳۲-۲۷-۲۶-۱۲-۱۱ |

فاقد هر سه آلل ۲^* ، $۱۷+۱۸$ و $۵+۱۰$ می‌باشند. گروه پنجم، شامل شش نتاج دارای آلل $۱۷+۱۸$ و یک نتاج شامل آلل‌های $۱۷+۱۸$ و ۲^* می‌باشند. تجزیه خوشه‌ای بر اساس ارتفاع رسوب SDS در محلی که اختلاف بین گروه‌ها معنی‌دار بود تشکیل ۳ کلاستر دادند. گروه اول، ۱۸ نتاج با حجم رسوب متوسط $۵۰-۶۲$ کیفیت متوسط دارند و گروه دوم، شامل ۱۵ نتاج با بالاترین حجم رسوب SDS بین $۶۵-۷۷$ می‌باشد که کیفیت بالایی دارد. گروه سوم شامل ۷ نتاج با حجم رسوب پایین $۳۸-۴۸$ بوده که کیفیت پایینی دارد. شکل ۳ دندروگرام حاصل برای هر دو تجزیه خوشه‌ای را نشان می‌دهد.

در این مطالعه با استفاده از نتایج آزمون ارتفاع رسوب SDS و توزیع آلل‌های برتر کیفی مکان ژنی *Glu-1* دو گروه‌بندی به روش بین‌گروهی انجام گرفت. تجزیه خوشه‌ای بر اساس توزیع آلل‌های برتر ۲^* ، $۱۷+۱۸$ و $۵+۱۰$ نتاج را به ۵ گروه تفکیک می‌نماید. گروه اول ۹ نتاج شامل هر سه آلل و نتاج ۳۱ شامل دو آلل ۲^* و $۵+۱۰$ می‌باشد. گروه دوم شامل سه نتاج با سه آلل برتر کیفی بوده ولی در بررسی‌های مورفولوژیک در مزرعه به زنگ زرد حساسیت نشان داده لذا برای انتخاب نسل‌های بعدی مناسب نبودند. گروه سوم، شامل چهار نتاج با دو آلل $۵+۱۰$ و $۱۷+۱۸$ و یا $۵+۱۰$ به تنهایی می‌باشد. گروه چهارم، ۱۶ نتاج از میان نتاج نسل F_2 را در برمی‌گیرد که



شکل ۳- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای نتاج به روش بین گروهی (Between Groups)، (الف) بر اساس توزیع آل‌های برتر، (ب) بر اساس آزمون ارتفاع رسوب SDS، خط چین نشانگر نقطه برش (Cut off) در دندروگرام‌ها.

که کیفیت بالا یا پایین را ناشی می‌شود لازم به ذکر است که تنوع آلی در مکان‌های ژنی سه‌گانه تنها در حدود ۳۰ درصد تغییرات مربوط به کیفیت نانوائی را توجیه می‌نمایند و لزوماً رقمی که دارای امتیاز کیفیت ژنوم بالایی باشد، به‌منزله قطعی بودن کیفیت نانوائی بالای آن نیست (۱۱). با توجه به نتایج، آگاهی از وضعیت زیر واحدهای گلوٲنین با وزن مولکولی بالا در والدین و انتخاب والدین دارای آل برتر کیفی، جهت انتخاب نتاج در نسل‌های در حال تفکیک بر اساس آل‌های فوق در برنامه‌های به‌نژادی گندم، برای بدست آوردن نتاج با کیفیت نانوائی بالا و جایگزینی ارقام موجود مفید می‌باشد.

نتایج بدست آمده با مطالعات کاوچل و همکاران (۸) هماهنگی دارد وی با تکنیک انتخاب به کمک نشانگر در نسل‌های در حال تفکیک به افزایش مقاومت به بیماری زنگ زرد و برگ و افزایش کیفیت نانوائی پرداخت. انتخاب به کمک نشانگر در جمعیت تلاقی برگشتی به منظور بهبود کیفیت گلوٲنین ارقام گندم اسپانیایی توسط دی بوستوس و همکاران (۲) انجام گرفت. مطالعات مشابهی در این زمینه توسط رادووانوویک و کلودیر (۱۴) به منظور بهبود کیفیت زیر واحدهای سنگین گلوٲنین انجام گرفت. نتیجه بر این است که این بالا و پایین بودن رسوب بدلیل حضور آل‌هایی غیر از آل‌های مورد مطالعه می‌باشد

منابع

1. D'ovidio, R. and S. Masci. 2004. The low-molecular-weight glutenin subunits of wheat gluten. *Journal of Cereal Science*, 39: 321-339.
2. de Bustos, A., P. Rubio, C. Soler, P. García and N. Jouve. 2001. Marker assisted selection to improve HMWglutenins in wheat. *Euphytica*, 119: 69-73.
3. Eizadi Darbandi, A. and B. Yazdi samadi. 2012. Marker-assisted selection of highmolecular weight glutenin alleles related to bread-making quality in Iranian common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Genetics*, 91: 193-198.
4. Eizadi Darbandi, A., B. Yazdi samadi, A.A. Shanejat Boushehri and M. Mohammadi. 2010. Allelic variations in *Glu-1* and *Glu-3* loci of historical and modernIranian bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. *Journal of Genetics*, 89: 193-199.
5. Eizadi Darbandi, A., B. Yazdi samadi, S. Abd-Mishani, A.A. Shanejat Boushehri and F. Shahriari. 2001. Variation in Low Molecular Weight Glutenin Subunit in Some Wheat (*Triticum aestivum* L.) Varieties Using Electrophoresis. *Iranian Journal of Agriculture Science*, 33(1): 37-47.
6. Gupta, R.B., I.L. Batey and F.M. Ritchie. 1992. Relationships between protein composition and functional properties of wheat flour. *Cereal Chemistry*, 69: 125-131.
7. Johal, J., M.C. Gianibelli, S. Rahman, M.K. Morell and K.R. Galem. 2004. Characterization of lowmolecular-weight glutenin genes in *Aegilops tauschii*. *Theoretical and Applied Genetics*, 109: 1028-1040.
8. Kuchel, H., R. Fox, J. Reinheimer, L. Mosionek, N. Willey, H. Bariana and S. Jefferies. 2007. The successful application of a marker-assisted wheat breeding strategy. *Molecular Breeding*, 20: 295-308.
9. Ma, W., W. Zhang and K.R. Gale. 2003. Multiplex-PCR typing of high molecular weight glutenin alleles in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 134: 51-60.
10. Murray, M. and W.F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*, 8: 4321-4325.
11. Najafian, G., S. Abd-mishani and B. Yazdi-samadi. 1997. Effect of allelic variation for High Molecular Weight Glutenin subunit bread making quality of breeding lines of wheat. *Iranian Journal of Agricultural Science*, 28: 31-40. (In Persian)
12. Payne, P.I., M.A. Nightengale, A.F. Krattiger and L.M. Holt. 1987. The relationship between HMW glutenin subunit composition and breadmaking quality of British grown wheat varieties. *Journal of Science Food Agriculture*, 40: 51-65.
13. Quick, J.S. and B.I. Donnelly. 1980. A rapid test for estimation of durum wheat gluten quality. *Crop Science*, 20: 816-818.
14. Radovanovic, N. and S. Cloutier. 2003. Gene-assisted selection for high molecular weight glutenin subunits in wheat doubled haploid breeding programs. *Molecular Breeding*, 12: 51-59.
15. Ranjbar, G.A., G.J. Hollamby and K.W. Shepherd. 2006. Segregation patterns of known major genes in the doubled haploid population derived from (Trident×Molineux) wheat F₁ ×maize crosses I. determination of endosperm protein phenotypes. *Journal of Agriculture Science Natural Resource*, 12(5): 174-181.
16. Saal, B. and G. Wricke. 1999. Development of simple sequence repeat markers in rye *Secale cereale*. *Genome*. 42: 964-972.

17. Sadeghzadeh, B., M.R. Ghannadha, P. Ahmadian Tehrani, S. Abdmishani and B.E. Seied Tabatabaei. 2002. Determination of relationship between HMW-GS and wheat baking quality through Electrophoresis. Iranian Journal of Agricultural science, 33: 535-542. (In Persian)
18. Uthayakumaran, S., Y. Listiohadi, M. Baratta, I.L. Batey and C.W. Wrigley. 2006. Rapid identification and quantitation of high-molecular-weight glutenin subunits. Journal of Cereal Science, 44: 34-39.
19. Vejl, P. 1998. Využití genetických marker pro tvorbu dihaploidní pšenice obecné (*Triticum aestivum L.*), [Disertata ní práce.] ZU, Praha: 344s.
20. Wang, C.M., L.H. Li, X.T. Zhang, Q. Gao, R.F. Wang and D.G. An. 2009. Development and application of EST-STS markers specific to chromosome 1RS of *Secale cereale*. Cereal Research Communication, 37(1): 13-21.
21. Weng, Y., P. Azhaguvel, R.N. Devkota and J. C. Rudd. 2007. PCR-based markers for detection of different sources of 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat-rye translocations in wheat background. Plant Breeding, 126: 482-486.
22. Xu, Q., J. Xu, C.L. Liu, C. Chang, C.P. Wang, M.S. You, B.Y. Li and G.T. Liu. 2008. PCR-based markers for identification of HMW-GS at *Glu-B1x* loci in common wheat. Journal of Cereal Science, 47: 394-398.

Archive of SID

Marker Assisted Selection (MAS) for Bread Making Quality in Segregating Generations of Common Wheat

Elham Mehrazar¹, Ali Izadi Darbandi², Mohsen Mohammadi³ and Godarz Najafian⁴

1 - Former M.Sc. Student and, College of Abouraihan, University of Tehran
(Corresponding author: elhammehrazar@ymail.com)

2- Assistant Professor, College of Abouraihan, University of Tehran

3 and 4- Assistant Professor and Associate Professor Seed and Plant Improvement Institute, Cereals Research Department, Karaj

Received: October 21, 2012

Accepted: April 20, 2013

Abstract

Molecular markers are considered as useful tools for breeding, screening and genetic characterization of genotypes. In crop plants, using of marker assisted selection (MAS) for traits such as product quality and resistance to pests and diseases is being widely adopted by numerous breeding programs worldwide. In current study effects of high molecular glutenin subunit loci *Glu1*, alleles 2*, 17+18 and 5+10 were shown to be the most effective alleles for increasing gluten quality, respectively. In present study, we have screened F₂ progenies of a composite cross (M-83-17/3/Dove”S”/Buc”S”//2*Darab/4/Pishtaz/3/Ww33/Vee”S”//Niknejad) belonging to breeding program for temperate climate regions of Iran for presence of 2*, 17+18 and 5+10 alleles. Forty individuals from F₂ generation were tagged in the field. Sequence tagged site (STS) primers were used as specific markers to test for the presence of 2*, 17 +18 and 5+10 in progenies. Our genotyping tests have revealed that out of 40 progenies, 12 individuals possessed the three alleles. Six out of 12 F₃ progenies with 10 samples were selected and have been transferred to F₄ generation. Results obtained from molecular markers experiment were in agreement with the results from SDS sedimentation test. It is indicated that 2*, 17+18 and 5+10 alleles have positive correlation with SDS-sedimentation volume. Cluster analysis based on between-group variances recognized five different clusters for high quality alleles with different combinations of the three alleles mentioned and three clusters for SDS-sedimentation volume with high, medium and low SDS-sedimentation volume, respectively.

Keywords: Cluster analysis, Sequence Tagged Site (STS), Sodium Dodecyl Sulfate (SDS), Glutenin, Correlation