مجله به‌نژادی نهال و بذر
جلد ۱-۲۷ ، شماره ۳، سال ۱۳۹۰

تنوع ژنتیکی زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا در ارقام و لاین‌های گندم والدینی مورد استفاده در برنامه‌های به‌نژادی اقلیم‌های سرد و معتدل ایران

Genetic Variation in High Molecular Weight Glutenin Subunits in Parental Lines and Cultivars of Wheat Used in Breeding Programs of Cold and Temperate Agro - Climatic Zones of Iran

گودرز نجفیان[۱] و نادیا بقایی[۲]

۱ و ۲- به ترتیب دانشیار و کارشناس، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۷/۱۷ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۰/۱/۲۵

چکیده

نجفیان، گ.، و بقایی، ن ۱۳۹۰ تنوع ژنتیکی زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا در ارقام و لاین‌های گندم والدینی مورد استفاده در برنامه‌های به‌نژادی اقلیم‌های سرد و معتدل ایران. **مجله به‌نژادی نهال و بذر ۱-۲۷:** ۳۲۲ - ۳۰۵.

در تحقیق حاضر ۱۸۳ لاین و رقم موجود در خزانه دورگ گیری برنامه های به نژادی گندم نان برای اقلیم‌های معتدل و سرد کشور با روش SDS-PAGE مورد بررسی الکتروفورزی قرار گرفتند. آلل های مختلف در مکان های ژنی کنترل کنندهٔ زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا در آن‌ها شناسائی و امتیاز ژنومی کیفیت برای هر یک تعیین شد. شصت درصد از ژنوتیپ ها امتیاز بالای کیفیت یعنی ۸ تا ۱۰ را دارا بودند. در ارقام سرخ تخم و کویر و لاین Kauz/Sorkhtokhm در مکان ژنی *Glu*-D1 ترکیب آللی مشاهده شد که از نظر حرکت نسبی در ژل الکتروفورز ۱۰٪ رفتاری شبیه ۱۰+۲ داشت. این ترکیب آللی در این تحقیق با نام *۱۰+۲/۱ مشخص شد. با توجه به این‌که مواد موجود در خزانه دورگ گیری گندم اقلیم های معتدل و سرد کشور بر اساس خصوصیات مختلف غیر از ژنوتیپ گلوتنین های سنگین به ۱۷ گروه تقسیم شده اند، نتایج این تحقیق تعدادی ژنوتیپ برتر از نظر امتیاز زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا را در هر گروه مشخص کرد که می توان با استفاده از این ژنوتیپ ها در برنامه های دورگ گیری احتمال تولید ژنوتیپ‌ها و نتاج با کیفیت نانوایی مطلوب را افزایش داد.

واژه‌های کلیدی: گندم نان، تنوع ژنتیکی، زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی زیاد ، خزانه دورگ‌گیری.

نویسنده مسئول: goodarzn@yahoo.co.uk تلفن: ۶۷۰۱۱۰۵-۰۲۶۱

Archive of SID
www.SID.ir

مقدمه

با معرفی نشانگرهای بیوشمیایی (پروتئین‌ها و آنزیم‌ها) و مولکولی (DNA) ابزار جدیدی برای ارزیابی‌های دقیق و سریع منابع ژنتیکی گیاهان فراهم شده است. امروزه از این شاخص‌ها در زمینه‌های مختلف تحقیقاتی مانند شناسایی ارقام، ارزیابی روابط فیلوژنتیک، هموژی ژنوم و ساختمان ژنتیکی مواد ژرم‌پلاسم استفاده می‌شود (Lafiandra *et al.*, 1993 ؛ Ciaffi *et al.*, 1992 ؛ Patnak and Khurana, 2001 ؛ Levy *et al.*, 1988).

در میان نشانگرهای پروتئینی، پروتئین‌های ذخیرهٔ بذر با سطح بالای تنوع در گونه‌های مختلف گندم کاربرد وسیعی در ارزیابی‌های مختلف ژنتیکی گندم پیدا کرده‌اند. پروتئین‌های ذخیرهٔ بذر شامل دو گروه از پروتئین‌ها شامل گلیادین‌ها و گلوتنین‌ها هستند. گلیادین‌ها مخلوط پیچیده‌ای از پلی‌پپتیدهای مونومر هستند. این پروتیین‌ها در pH اسیدی براساس تحرک الکتروفورزی خود به گلیادین‌های α ، β ، γ و ω تقسیم می‌شوند (Bushuk and Zilman, 1978). هر یک از این گروه‌ها خود شامل چندین جزء هستند که توسط ژن‌هایی که روی بازوی کوتاه گروه‌های ۱و ۶ کروموزوم‌های هومیولوگ (Homoeologous) در ژنوم‌های A، B و D گندم‌های نان قرار دارند، کنترل می‌شوند (Lafiandra *et al.*, 1984؛ Wrigley and Shepherd, 1973؛ Payne *et al.*, 1982). بررسی‌های ژنتیکی روشن ساخته است که گلیادین‌ها در مکان‌های ژنی پیچیده‌ای که شامل چندین ژن بوده، ولی به صورت ژن‌های واحد عمل می‌کنند کنترل می‌شوند (Mecham *et al.*, 1978). شکل‌های چند آللی این بلوک‌ها توسط محققین مختلف تعیین شده است (Metakovsky *et al.*, 1984؛ Sozinov and Poperelya, 1982).

گلوتنین‌ها یک گروه نا همگون از پروتیین‌های ذخیرهٔ بذر هستند. آن‌ها چند زنجیره‌ای بوده و به زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی سنگین (High Molecular Weight: HMW) و زیرواحدهای گلوتنین سبک (Low Molecular Weight: LMW) تقسیم می‌شوند. گلوتنین‌های سنگین توسط ژن‌های موجود در سه مکان ژنی *Glu*-A1، *Glu*-B1 و *Glu*-D1 که به ترتیب روی بازوی بلند کروموزوم‌های 1A، 1B و 1D در گندم‌های هگزاپلوییید، و برروی کروموزوم‌های 1A و 1B در گندم‌های دوروم قرار گرفته‌اند، کد می‌شوند. این مکان‌های ژنی کلاً تحت عنوان *Glu*-1 نامیده می‌شوند (Payne *et al.*, 1987). هر مکان ژنی شامل دو ژن است، یکی یک زیرواحد با حرکت کندتر را کنترل می‌کند که X نامیده می‌شود، و دیگری زیرواحد Y را که حرکت سریع‌تری دارد، کنترل می‌کند. در گندم‌های زراعی به طور معمول در مکان ژنی *Glu*-A1 هیچ گاه

Archive of SID

www.SID.ir

ژن زیرواحد Y و گاهی هر دو زیرواحد X بیان نمی‌شوند و گاهی زیرواحد X نیز بیان نمی‌شود که در این صورت برای این مکان ژنی باندی در ژل الکتروفورز مشاهده نمی‌شود. در مکان ژنی *Glu*-B1 ژن هر دو زیرواحد و یا فقط زیرواحد X بیان می شود. در مکان ژنی *Glu*-D1 ژن هر دو زیرواحد X و Y بیان می‌شوند (Payne *et al.*, 1981). گلوتنین‌های سبک توسط مکان‌های ژنی که برروی بازوی کوتاه همان کروموزوم‌ها (گروه ۱) قرار دارند و *Glu*-3 نامیده شده و بسیار نزدیک به مکان‌های ژنی *Gli*-1 (مکان‌های ژنی کنترل کننده گلایدین‌ها) هستند، کنترل می‌شوند. وجود تنوع آللی در هر مکان ژنی منجر به ایجاد روش نامگذاری برای تشخیص آلل‌های مختلف در مکان‌های ژنی گلایدین‌ها و گلوتنین‌ها شده است (Metakovsky *et al.*, 1984؛ Payne and Lawrence, 1983؛ Ruiz and Carrillo, 1993).

یکی از ویژگی‌های مهم پروتئین‌های ذخیرهٔ بذر، نقش آن‌ها در تعیین کیفیت آرد و پخت نان و ماکارونی در ارقام گندم تجارتی است. امروزه به خوبی مشخص شده است که تنوع در میزان و نوع پروتئین‌های ذخیره بذر مسئول تفاوت‌های موجود در ارقام مختلف گندم‌های تجارتی از نظر کیفیت و خواص غذایی آرد است، بنابراین در برنامه‌های به‌نژادی کیفیت گندم، از پروتئین‌های ذخیره بذر به عنوان یک شاخص کلیدی و ارزشمند استفاده می‌شود. ارتباط زیرواحدهای گلوتنین‌های سنگین با خواص تکنولوژیک آرد و پخت نان در گندم‌های هگزاپلوئید (*Triticum aestivum* L.) توسط محققین زیادی گزارش شده است (Ahmad *et al.*, 1998؛ Morris, 1998؛ Payne, 1987؛ Payne *et al.*, 1979). با ایجاد روش ارزیابی کیفیت بر اساس تعیین امتیاز برای هر یک از آلل‌ها در مکان‌های ژنی فوق‌الذکر، امکان تعیین ارزش کیفی هر رقم بر اساس ترکیبات آللی این زیرواحدها فراهم شده است. این روش امتیازدهی بر اساس تاثیر هر آلل/ ترکیب آللی در ارتفاع حجم رسوب SDS (که یک شاخص مناسب ارزیابی کیفیت و قدرت گلوتن می‌باشد) در لاین‌های ایزوژن ابداع شده است و به دلیل اثر افزایشی آلل‌ها می‌توان مجموع امتیازات را برای ارزیابی امتیاز کیفیت یک ژنوتیپ محاسبه و مورد استفاده قرار داد (Payne, 1987). در سال‌های اخیر در ایران استفاده از پروتئین‌های ذخیرهٔ بذر به عنوان شاخص‌های ژنتیکی کیفیت آرد و پخت نان و ماکارونی در ارقام گندم تجارتی پیشنهاد و معمول شده است (Najafian and Abde-Mishani, 1995؛ Tohid-Far, 1996 ؛ Aghaee, 1995؛ Bahraie *et al.*, 2001؛ Bahraie *et al.*, 2000؛ Nikooseresht *et al.*, 2009؛ Najafian *et al.*, 2008؛ Haghparast *et al.*, 2009). اگر چه تنوع موجود در صفات مربوط به

Archive of SID

www.SID.ir

کیفیت نانوایی (کیفیت تکنولوژیک) در گندم‌های نان و نیز کیفیت محصولات حاصل از گندم‌های دوروم به صورت صددرصد با استفاده از تنوع ژنتیکی پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه قابل توجیه و توصیف نیست، اما با توجه به رابطه قوی برخی از ترکیبات آللی، به خصوص در زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا، با صفات مهم کیفی می‌توان با انتخاب والدین دارای این ترکیبات با امتیاز کیفیت بالا در برنامه‌های دورگ‌گیری و به‌نژادی احتمال ایجاد نتاج با کیفیت نهایی مطلوب را افزایش داد. از این ابزار کمکی هم اکنون در برنامه‌های به‌نژادی گندم داخل کشور استفاده می‌شود (Najafian *et al.*, 2008). در یک بررسی با مطالعه تعداد ۳۰۱ لاین به‌نژادی متعلق به برنامه‌های به‌نژادی بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال وبذر، در اقلیم‌های معتدل، سرد، گرم شمال و گرم جنوب و نیز برنامه تولید لاین‌های دابل هاپلویید بخش، ژنوتیپ زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا مشخص شده و فراوانی آلل‌های مطلوب و غیر مطلوب مورد تحلیل قرار گرفت (نجفیان، گزارش منتشر نشده). فراوانی‌های مشخص شده امکان تحلیل روند اصلاح کیفیت نانوایی را در ژرم‌پلاسم مورد بررسی در برنامه‌های به‌نژادی مربوطه فراهم می‌کند.

هدف از اجرای این تحقیق تعیین ژنوتیپ‌های الکتروفورزی زیرواحدهای گلوتنین سنگین در سه مکان ژنی *Glu*-A1، *Glu*-B1 و *Glu*-D1 در ۱۸۳ ژنوتیپ گندم نان موجود در خزانه دورگ گیری مورد استفاده در برنامه های به نژادی برای اقلیم های معتدل و سرد کشور و شناسایی و توصیه ژنوتیپ‌های برتر برای استفاده به عنوان والدهای با کیفیت مناسب می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق ۱۸۳ لاین و رقم گندم مربوط به خزانه مورد استفاده در دورگ‌گیری در برنامه‌های به‌نژادی اقلیم‌های سرد و معتدل بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال وبذر در سال زراعی ۸۶-۱۳۸۵ مورد بررسی الکتروفورزی با روش SDS-PAGE قرار گرفتند. در این تحقیق تنوع آللی در مکان‌های ژنی *Glu*-1 (*Glu*-A1، *Glu*-B1 و *Glu*-D1) بررسی شد. استخراج پروتئین بر اساس روش قدم به قدم (Payne *et al.*, 1981) انجام شد و در نهایت تنها گلوتنین‌ها برای الکتروفورز مورد استفاده قرار گرفتند. مطابق با روش نامگذاری ارائه شده توسط پاین و لاورنس (Payne and Lawrence, 1983) ژنوتیپ زیرواحدهای گلوتنین سنگین (HMW) و امتیاز کیفیت هر لاین بر اساس مجموع امتیازات مکان‌های ژنی سه‌گانه تعیین شد. برای آگاهی از اختلاط ارقام از هر نمونه دو تک دانه به صورت تصادفی انتخاب و برای استخراج پروتئین به صورت جداگانه مورد استفاده قرار گرفتند. برای تشخیص زیرواحد *۲ که از

Archive of SID

www.SID.ir

آلل‌های مکان ژنی *Glu*-A1 است از ژل ۱۰ درصد در حضور اوره (۴ مولار) استفاده شد (Bushuk and Zilman, 1978). این زیر واحد در ژل معمولی ۱۰ درصد تحرک نسبی مشابه باند ۲ از خود نشان می‌دهد و لذا در نمونه‌هایی که در ژنوم A خود باندی نشان نداده ولی در ژنوم D ترکیب ۱۲+۲ را نشان می‌دهند، احتمال حضور آن وجود داشته و برای رفع شبهه بهترین کار انجام الکتروفورز این گونه لاین‌ها با ژل ۷/۵ درصد و یا ژل پلی‌آکریلامید در حضور اوره است (Bushuk and Zilman, 1978). برای ارزیابی وضعیت کلی آلل‌های زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا در ژرم‌پلاسم بررسی شده فراوانی آلل‌های مختلف در هر مکان ژنی محاسبه شد.

نتایج و بحث

لاین‌ها و ارقام مورد استفاده در خزانه دورگ‌گیری بر اساس خصوصیات مختلف در هفده گروه دسته‌بندی شده‌اند (جدول ۱).

تصویر یک نمونه ژل پلی‌آکریلامید ۱۰٪ حاصل از روش SDS-PAGE در شکل ۱ نشان داده شده است. در این تحقیق سه رقم شاهد الوند، امید و Siren برای افزایش دقت در شناسایی باندهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا مورد استفاده قرار گرفتند. در این شکل تنوع آللی موجود در مکان‌های ژنی سه گانه به خوبی مشخص است و باندهای ۱، *۲ ، ۱۰+۵ ، ۱۲+۲، ۷+۸ ، ۹+۷ و ۱۸+۱۷ قابل تشخیص بوده و مشخص شده‌اند. شکل ۲ نیز تصویر یک نمونه ژل ۱۰ درصد در حضور اوره (۴ مولار) را برای جدا سازی باندهای ۲ و * ۲ نشان می‌دهد. در این ژل همچنین تشخیص حضور باند ۹ زمانی که با ۱۰ همراه است تسهیل می‌شود.

جزئیات ژنوتیپ الکتروفورزی و امتیازات محاسبه شده آللی و ژنومی کلیه ژنوتیپ‌های بررسی شده در جدول ۲ ارائه شده است.

در ۲۱ ژنوتیپ در حداقل یک مکان ژنی بیوتیپ آللی مشاهده شد. بدین معنا که از دو نمونه گرفته شده از منبع بذر نتایج الکتروفورز در حداقل یکی از مکان‌های ژنی مشخص شده یکسان نبودند که دلیل آن می‌تواند اختلاط رقم با رقمی دیگر باشد و یا بیوتیپ آللی درون رقم باشد که ممکن است به روش مدیریت نسل‌های در حال تفکیک برنامه به‌نژادی مربوطه و دقت در مرحله انتخاب لاین (نسل F5 به F6) مربوط باشد و معنی آن این است که لاین مذکور می‌تواند خالص اما هتروژن باشد. این پدیده در بسیاری از برنامه‌های به‌نژادی طبیعی بوده و رخ می‌دهد. تنها در صورتی که رقم یا لاین حاصله با استفاده از روش تولید لاین‌های هاپلوییید مضاعف شده به دست آمده باشد، نبایستی این پدیده مشاهده شود. در این موارد امتیاز ژنوم برای هر دو مورد محاسبه و ارائه شده است ولی در محاسبات مربوط به فراوانی‌ها مکان یا مکان‌های ژنی دارای بیوتیپ آللی وارد نشود. با نگاهی اجمالی به جدول ۲ مشخص می شود

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۱- گروه بندی اولیه ژنوتیپ های گندم مورد بررسی بر اساس خصوصیات مختلف
Table 1. Preliminary grouping of evaluated wheat genotypes based on different characteristics

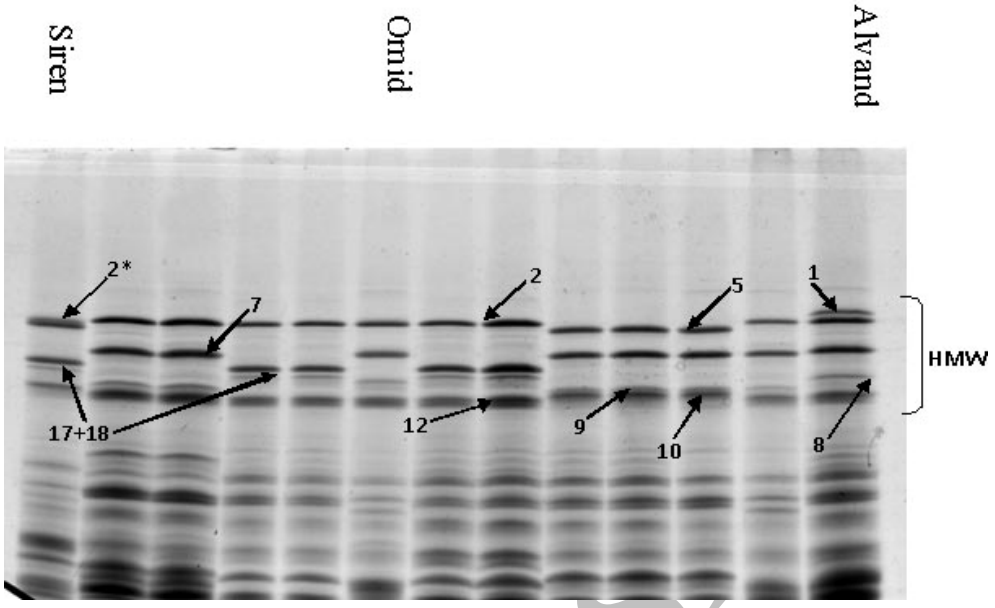
شماره گروه Group No.	Group Identity	هویت گروه	شماره لاین‌ها یا ارقام قرار گرفته در هر گروه* Number of lines/cultivars in each group
1	Iranian commercial cultivars	ارقام تجارتی ایرانی	(1-54)+183
2	Semi dwarf genotypes	ژنوتیپ‌های نیمه پاکوتاه	55-62
3	Early maturing Genotypes	ژنوتیپ‌های زودرس	63-69
4	Winter habit Genotypes	ژنوتیپ‌های زودرس	70-78
5	Genotypes with good grain appearance	ژنوتیپ‌های دانه درشت	79-82
6	Genotypes with resistance to yellow rust	ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری زنگ زرد	83-97
7	Genotypes with resistance to leaf rust	ژنوتیپ های مقاوم به بیماری زنگ قهو ه ای	98-102
8	Genotypes with resistance to barley yellow dwarf virus	ژنوتیپ های مقاوم به بیماری ویروسی کوتولگی زرد جو	103-105
9	Drought tolerant Genotypes	ژنوتیپ های متحمل به خشکی	106-117
10	Salt tolerant Genotypes	ژنوتیپ های متحمل یه شوری	118-129
11	Genotypes with good grain quality	ژنوتیپ های با کیفیت نانوایی خوب	130-132
12	Genotypes with large heads	ژنوتیپ های با سنبله بلند	133-137
13	Genotypes with good tillering capacity	ژنوتیپ های پر پنجه	138-144
14	Shattering resistant Genotypes	ژنوتیپ های متحمل یه ریزش دانه	145-147
15	Genotypes with good combining ability	ژنوتیپ های با ترکیب پذیری خوب	148-155
16	High yielding Genotypes/varieties	ژنوتیپ های با پتانسیل عملکرد بالا	156-177
17	Local land races tolerant to drought	ژنوتیپ های بومی متحمل به خشکی	178-182

Archive of SID

که بدون احتساب ژنوتیپ‌هایی که دارای بیوتیپ‌های آللی بودند، از مجموع ژنوتیپ‌ها ۶۰ درصد امتیاز بالای کیفیت یعنی ۸ تا ۱۰ را دارا بودند و ۴۰ درصد امتیازهای ۷-۴ را نشان دادند که این نشان‌دهنده یک وضعیت به ترتیب مطلوب و ضعیف برای این نسبت‌ها از مواد بررسی شده از نظر ژنوتیپ زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا است.

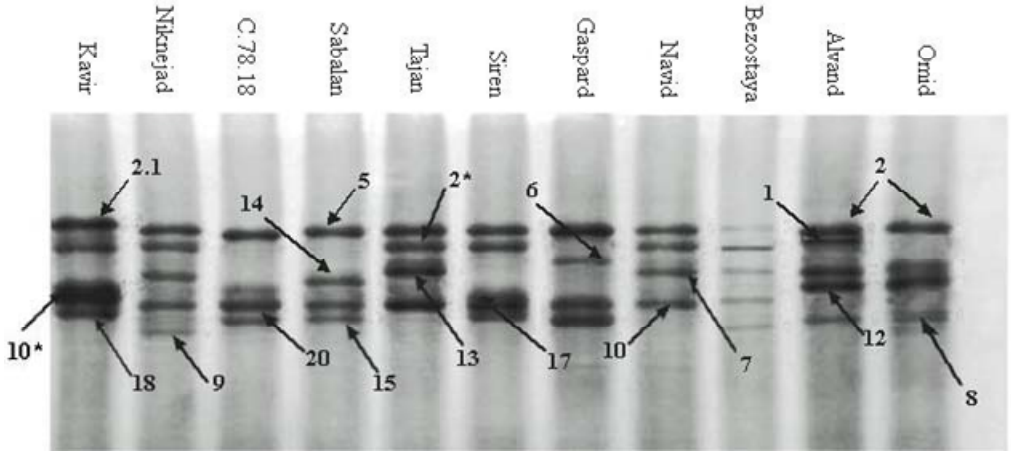
تعداد و فراوانی ترکیبات آللی زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا در لاین‌ها و

www.SID.ir



شکل ۱- الگوی الکتروفورزی زیرواحدهای گلوتنین سنگین با روش SDS-PAGE بر روی ژل ۱۰٪ برای تعدای ژنوتیپ نمونه در کنار ارقام شاهد الوند، امید و سایرن

Fig. 1. Electrophoresis pattern of high molecular weight glutenin subunits resulting from SDS-PAGE method separated on 10% gel in several sampled genotypes as compared to check cultivar: Alvand, Omid and Siren.



شکل ۲- یک نمونه ژل پلی آکریلامید ۱۰٪ در حضور اوره (۴ مولار) استفاده شده برای جداسازی زیرواحدهای ۲ و *۲ در ژنوتیپ های گندم

Fig. 2. A 10% poly-acrylamide gel in presence of urea (4 molar) used for separation of 2 and 2* subunits in the wheat genotypes

www.SID.ir

ارقام مورد بررسی در جدول ۳ ارائه شده‌اند. همان‌طوری‌که جدول ۳ نشان می دهد، در مکان ژنی *Glu*-A1 آلل‌های نول ، *۲ و ۱ به ترتیب دارای فراوانی های ۳۹/۶، ۴۲/۰ و ۱۸/۳ بوده‌اند. بالا بودن فراوانی آلل نول که ارزش کیفیت کمتری دارد یک ضعف برای مواد این خزانه به حساب می‌آید و بهتر است در دورگ‌گیری‌ها به این موضوع توجه شود. برتری آلل‌های ۱ و *۲ نسبت به آلل‌نول در تحقیقات زیادی گزارش شده است (Najafian *et al.*, 1997؛ Payne *et al.*, 1984؛ Nikooseresht *et al.*, 2009؛ Najafian *et al.*, 2008؛ Haghparast *et al.*, 2009). در ارتباط با این موضوع بهتر است ژنوتیپ‌هایی به عنوان والد در نظر گرفته شوند که در این مکان ژنی یکی از دو آلل ۱ یا *۲ را داشته باشند.

در مکان ژنی *Glu*-B1 ترکیبات آللی ۱۸+۱۷ ، ۱۶+۱۳ و ۸+۷ که دارای امتیاز کیفیت خوب هستند به ترتیب فراوانی‌های ۱۳/۷، ۶ و ۴۷ درصد را نشان دادند که مجموعاً ۶۶ درصد از ژنوتیپ‌ها را شامل می‌شود. ترکیب آللی ۹+۷ با امتیاز کیفیت ۲ (در مقابل امتیاز ۳ گروه قبل) در ۱۷/۹ درصد از ژنوتیپ‌های مورد بررسی و زیرواحد ۷ با امتیاز کیفیت ۱ در ۶/۵ درصد از ژنوتیپ‌ها مشاهده شد. ترکیب ۸+۶ که همانند زیرواحد ۷ دارای امتیاز کیفیت ۱ است در ۷/۷ درصد از ژنوتیپ‌ها مشاهده شد. مجموعاً ۱۴ درصد از ژنوتیپ‌ها آلل‌های با ارزش ضعیف کیفیت (۷ و ۸+۶) در ژنوم B نشان دادند که توصیه می‌شود، در صورت وجود ژنوتیپ جایگزین برای صفات دیگر، برای دورگ‌گیری از آن‌ها استفاده نشود. در ۱ درصد از ژنوتیپ‌ها (دو مورد) آلل ۱۵+۱۴ مشاهده شد (جدول ۳). برتری ترکیبات ۱۸+۱۷، ۱۶+۱۳ و ۸+۷ در گزارش‌های قبلی مورد تاکید قرار گرفته است و بهتر است در انتخاب والدین برای یک برنامه تلاقی، ژنوتیپ‌هایی در نظر گرفته شوند که این ترکیبات را در ژنوم B خود داشته باشند (Payne *et al.*, 1984؛ Najafian *et al.*, 1997؛ Haghparast *et al.*, 2009؛ Nikooseresht *et al.*, 2009).

در مکان ژنی *Glu*-D1 دو ترکیب آللی ۱۰+۵ و ۱۲+۲ به ترتیب دارای فراوانی‌های ۳۵/۴ و ۶۳/۴ درصد بودند. امتیاز کیفیت ترکیب اول ۴ و امتیاز کیفیت ترکیب دوم ۲ است. دو ترکیب ۱۲+۴ و *۱۰+۲/۱ هر کدام به ترتیب در یک و ۳ مورد مشاهده شدند البته ترکیب *۱۰+۲/۱ در دو مورد همراه ترکیبات دیگر به صورت بیوتیپ آللی مشاهده شد و تنها یک مورد آن در محاسبه فراوانی منظور شد. این ترکیب آللی از ترکیبات نادری است که تنها در گندم‌های ایران و افغانستان مشاهده شده و در ارقام سرخ تخم، کویر و لاین شماره ۱۴۴ (Kauz/Sorkhtokhm) مشاهده شد. در خصوص نقش مکان ژنی *Glu*-D1 به خصوص برتری ترکیب آللی ۱۰+۵ نسبت به ۱۲+۲ گزارش‌های زیادی وجود دارد. متاسفانه در ژنوتیپ های مورد بررسی همان‌طوری

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۲- ژنوتیپ زیرواحدهای گلوتنین سنگین، امتیازهای آللی و ژنومی لاین‌ها و ارقام مورد بررسی
Table 2. High molecular weight glutenin genotype, allelic and genomic scores of evaluated genotypes

No.	Name/Parentage	Gene locus مکان ژنی			امتیاز آللی	امتیاز ژنوم
		Glu-A1	*Glu*-B1	*Glu*-D1	Allelic score	Genome score
1	Shahpasand	N	7+8	2+12	1+3+2	6
2	Omid	N	7+8	2+12	1+3+2	6
3	Roshan	N	7+8	2+12	1+3+2	6
4	Bezostaya	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
5	Kavkaz	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
6	Azadi	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
7	Ghods	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
8	Karaj1	N	7+8	5+10	1+3+4	8
9	Karaj2	N	7+8	5+10	1+3+4	8
10	Karaj3	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
11	Dayhim	1	7+8	2+12	3+3+2	8
12	Navid	2*	7	5+10	3+1+4	8
13	Barakat	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
14	Rassool	1	7+9	5+10	3+2+4	9
15	Tabasi	N	7+8	2+12	1+3+2	6
16	Adl	N	7+8	2+12	1+3+2	6
17	Sholeh	N	14+15	2+12	1+2+2	5
18	Arvand	N	7+8	2+12	1+3+2	6
19	Maroon	1	7+8	5+10	3+3+4	10
20	Chenab	2*	17+18	5+10	3+3+4	10
21	Falat	1	7+9	5+10	3+2+4	9
22	Inia	1	7+8	2+12	3+3+2	8
23	Khazar1	2*	13+16	2+12	3+3+2	8
24	Naz	N	7+8	2+12	1+3+2	6
25	Golestan	N	7+8/13+16	2+12/5+10	1+3+2/4	(6/8)
26	Moghan1	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
27	Moghan2	2*/N	17+18/13+16	2+12	3/1+3+2	(8/6)
28	Alborz	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
29	Kaveh	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
30	Bayat	N	7+8	2+12	1+3+2	6
31	Darab	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
32	Sorkhtokhm	N	7+8	2.1+10*	1+3+nd	?
33	Heirmand	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
34	Alamoot	2*	7+9	2+12	3+2+2	7
35	Zarrin	1	17+18	2+12	3+3+2	8
36	Alvand	1	7+8	2+12	3+3+2	8
37	Mahdavi	1	7+8	2+12	3+3+2	8
38	Niknejad	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
39	Darab#2	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
40	Atrak	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
41	Tajan	2*	13+16	5+10	3+3+4	10

Archive of SID

www.SID.ir

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

No.	Name/Parentage	Gene locus مکان ژنی			امتیاز آللی	امتیاز ژنوم
		Glu-A1	*Glu*-B1	*Glu*-D1	Allelic score	Genome score
42	Shiroodi	1	7	5+10	3+1+4	8
43	Chamran	2*	7	5+10	3+1+4	8
44	Kavir	N/2*	7+8/17+18	5+10/2.1+10*	1/3+3+4/?	8/?
45	Marvdasht	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
46	Pishtaz	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
47	Shiraz	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
48	Rashid	N	7+8	4+12	1+3+1	5
49	Azar	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
50	Sefid	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
51	Bistoon	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
52	Sabalan	2*/N	7+8	2+12/5+10	3/1+3+2/4	8
53	Khalij	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
54	Shahi	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
55	Karawan1//Shi#4414/Crow"s"	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
56	Yr/Sprw//Azd	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
57	Ns 732/Her//Azd	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
58	Rht 1	N	7+9	5+10	1+2+4	7
59	Rht 2	2*	6+8	2+12	3+1+2	6
60	Rht 3	2*	6+8	2+12	3+1+2	6
61	Rht 4	1	7+9	5+10	3+2+4	9
62	Vee/Nac//1-66-22	N	6+8	2+12	1+1+2	4
63	Cocoraque 75	N	7+9	2+12	1+2+2	5
64	Suweon 220	N	7+8/7+9	2+12	1+3/2+2	6/5
65	Ning 8201	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
66	Shanghai#3	N	14+15	5+10	1+2+4	7
67	Shanghai#8	N	7+9	5+10	1+2+4	7
68	Robino	N	7	5+10	1+1+4	6
69	F12.71/Coc//Cno 67	1	7+9	2+12	3+2+2	7
70	Yamhill	N	7	2+12	1+1+2	4
71	Passarinho	N	6+8	2+12	1+1+2	4
72	Gds/4/Anza/3/Pi/Nar//Hys	N	17+18	2+12	1+3+2	6
73	Viking	N	6+8	2+12	1+1+2	4
74	Appolo	N	6+8	2+12	1+1+2	4
75	90Zhong 87	1	13+16	2+12	3+3+2	8
76	Aristocrat	N	6+8	5+10	1+1+4	6
77	Merua	N	6+8	5+10	1+1+4	6
78	Norman	N	6+8	2+12	1+1+2	4
79	Flt/Attila	1	7+9/7+8	5+10/2+12	3+2/3+4/2	9/8
80	T.Aest/5/Ti/4/La/3/Fr/Kad//Gb/6/F13471/crow"s"	N	7+8	2+12	1+3+2	6

Archive of SID

www.SID.ir

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

No.	Name/Parentage	Gene locus مکان ژنی			امتیاز آللی	امتیاز ژنوم
		Glu-A1	*Glu*-B1	*Glu*-D1	Allelic score	Genome score
81	Opata*2/Wulp//Zrn	2*	7+9	2+12	3+2+2	7
82	Ald"s"/Snb"s"//Bow"s"/Nkt"s"	1	13+16	5+10	3+3+4	10
83	Desprez80	N	7	2+12	1+1+2	4
84	Opata*2/Wulp	2*	13+16	2+12	3+3+2	8
85	Maris Huntsman	N	6+8	2+12	1+1+2	4
86	Hybrid Bersee	1	7+8	2+12	3+3+2	8
87	Catbird	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
88	Mat/2*Skauz	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
89	Yaco/2*Parus	N	6+8	5+10	1+1+4	6
90	Rsk/CA8055//Cham6	N	7+8	2+12	1+3+2	6
91	Omid/4/Bb/Kal//Ald/3/Y50E/3*Kal//Emu	1	7+8	2+12	3+3+2	8
92	Ombu1/Alamo	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
93	MV 17	2*	7+9	2+12	3+2+2	7
94	Gaspard	1	6+8	5+10	3+1+4	8
95	Gascogne	N	7+8	2+12	1+3+2	6
96	Druchamps	1	7+8	2+12	3+3+2	8
97	Milan/Sha7	N	7+9	5+10	1+2+4	7
98	Snb"s"//Emu"s"/Tjb84-1543	2*	7	2+12	3+1+2	6
99	1-66-31/5/Anza/3/Pi/Nar//Hys/4/Snb"s"	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
100	687 VD /Bayat//Vee"s"	2*	7+8	5+10	3+3+4	10
101	Emu"s"/Tjb84-1543//1-27-7876/Cndr"s"	2*/N	7+8/13+16	2+12	3/1+3+2	8/6
102	EVWYT2/Azd//Rsh*2/10120	N	7+8	2+12	1+3+2	6
103	Ndvg9144//Kal/Bb/3/Yaco	2*	7	5+10	3+1+4	8
104	MO/4/Nd/WW15//Lee/Fn/3/N.5/Nac	2*	7	5+10	3+1+4	8
105	Ns 879	2*/N	17+18	5+10	3/1+3+4	10/8
106	Cno/No66//Kal/3/Bb/4/Pj/On//Sx	2*	13+16	5+10	3+3+4	10
107	Warbler"s"	2*	13+16	5+10	3+3+4	10
108	Moncho"s"	2*	17+18	5+10	3+3+4	10
109	Shahi/Kvz/5/Shahi/4/Kal/Bb//Cj"s"/3/Hork"s"	N	17+18	2+12	1+3+2	6
110	Arvand "M"	1	7+8	2+12	3+3+2	8
111	Kc-3268 Gen bank material	2*	7+9	2+12	3+2+2	7
112	Kc-33179 Gen bank material	N	7+8	2+12	1+3+2	6
113	Kc-3517 Gen bank material	N	7+8	2+12	1+3+2	6
114	Kc-3529 Gen bank material	N	7+8	2+12	1+3+2	6
115	Kc-3366 Gen bank material	N	7+8	2+12	1+3+2	6
116	Kc-4052 Gen bank material	N	7+8	2+12	1+3+2	6
117	Zagross	N/2*	17+18	2+12/5+10	1/3+3+2/4	6/10

Archive of SID

www.SID.ir

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

No.	Name/Parentage	Gene locus مکان ژنی			امتیاز آللی	امتیاز ژنوم
		Glu-A1	*Glu*-B1	*Glu*-D1	Allelic score	Genome score
118	Ndd/WW//Lee/Fn/3/N/4/Ti71/Resel	N	6+8/17+18	5+10	1+1/3+4	6/8
119	Sakha 8	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
120	Hys//Drc*2/7C/3/2*Rsh	N	7+8	5+10	1+3+4	8
121	Mahooti	N	7+8	2+12	1+3+2	6
122	Carchia	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
123	{T.Aest/5/Ti/4/la/3/Fr/kad//Gb}=1-66-22	N	7+8	2+12	1+3+2	6
124	Kvz/Cgn/4/Hys//Drc*2/7c/3/2*Rsh	N	7+9	2+12	1+2+2	5
125	Vee"s"/Nac//1-66-22	N	7+8	2+12	1+3+2	6
126	V82 187/1-66-22	N	7+8	2+12	1+3+2	6
127	1-63-31/3/12300/Tob//Cno/Sx	N	17+18/7+8	2+12	1+3+2	6
128	Shi#4414/Crow"s"//1-66-22	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
129	Bank"s"/Vee"s"	N	17+18	2+12	1+3+2	6
130	Kal/Bb//Cj"s"/3/Hork"s"	1	17+18	5+10	3+3+4	10
131	Lov24/Coc 75	2*	7+8	5+10	3+3+4	10
132	Spn/Mcd//Cama/3/Nzt	2*	7	2+12	3+1+2	6
133	Fertillo/Vee#5	1	7+9	5+10	3+2+4	9
134	Sids 8	2*	7+8	5+10	3+3+4	10
135	Super seri#1	1	13+16	5+10	3+3+4	10
136	Super Head	2*	17+18/13+16	5+10	3+3+4	10
137	Super Head	2*	7+8	5+10	3+3+4	10
138	Zg 521079	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
139	Rsh*2/10120	N	13+16	2+12	1+3+2	6
140	Hys/7C//503A-OA/3/No688437	2*	17+18	5+10	3+3+4	10
141	Soissons	2*	7+8	5+10	3+3+4	10
142	Tam200	2*	7+9	5+10	3+2+4	9
143	Rmn F12-71/Ska//AC 8055 ICWH 83	N	7+8	2+12	1+3+2	6
144	Kauz/Sorkhtokhm	N	7+8	2+12/2.1+10*	1+3+2/nd	6/?
145	Rfn*2/908//Cfn/3/Cfn*2//CC/Cno *2/4/Omid/5/Hop/Ron//Kal/3/Omd	1/2*	7+9/7+8	2+12	3+2/3+2	7/8
146	Seri 82/Rsh//Norman/Arvand	N	7+8	2+12	1+3+2	6
147	Mil/Omid//Omid,F2,F3	N	7+8	2+12	1+3+2	6
148	Ana/Arvand//Vee"s"	N/1	7+9	2+12	1/3+2+2	5/7
149	Owl, 85224*-3H-*o-*HOH	2*	6+8	5+10	3+1+4	8
150	Mirtos	N	7+9	2+12	1+2+2	5
151	Sannine/Ald"s"	N	17+18	5+10	1+3+4	8
152	Anza/3/Pi/Nar//Hys	N	7+8	5+10	1+3+4	8
153	Sonalika/Aurifen	1	7+8	2+12	3+3+2	8
154	Azd/Tob//Chb	N	7+8	2+12	1+3+2	6
155	Fln/Acc//Ana/3/Pew"s"	1	7+8	2+12	3+3+2	8

Archive of SID

www.SID.ir

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

No.	Name/Parentage	Gene locus مکان ژنی			امتیاز آللی	امتیاز ژنوم
		Glu-A1	*Glu*-B1	*Glu*-D1	Allelic score	Genome score
156	M-70-4	N	7+8	5+10	1+3+4	8
157	Azd/5/L2453/1347/4/Kal//Bb /Kal/3/Au//Y50E/3*Kal	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
158	Ald"s"/Snb"s"	N	7+8	5+10	1+3+4	8
159	Kvz/Ti71/3/Maya"s"//Bb/Inia/4 /Kj2/5/Anza/3/Pi/Nar//Hys	N	7+9	2+12	1+2+2	5
160	Ymh/Tob//Mcd/3/Lira(BDME-G)	2*/1	7/7+8	5+10	3+1/3+4	8/10
161	Agri/Nac	2*/N	7/7+8	5+10/2+12	3/1+1/3+4/2	8/6
162	Jup/Bjy"s"//Kauz"s"	2*	17+18	5+10	3+3+4	10
163	Tui"s"/Star"s"	1	7+8	5+10	3+3+4	10
164	P101/Anza//1-66-49	N	7+8	2+12	1+3+2	6
165	EVWYT2/Azd//Rsh*2/10120	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
166	Omid//H7/4P839/3/Omid/Tdo /4/ICWHA81-1473	1/N	7+8/7+9	2+12	3/1+3/2+2	8/5
167	Mv92-682	1	13+16	2+12	3+3+2	8
168	Bloudan/3/Bb/7C*2//Y50E/3*Kal	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
169	Sha7/Kauz CM95113-9Y-OM-OE-1Y-1Y-OM	N	13+16/7+8	5+10	1+3+4	8
170	SW89 1882	1	7+8	2+12	3+3+2	8
171	Nvd/4/Omid//H7/4P839/3/Omid/Tdo	N	7+9/7+8	2+12/5+10	1+2/3+2/5	5/8
172	Falat/Barakat	1	7+8	5+10	3+3+4	10
173	Anza/3/Pi/Nar//Hys/4/Alborz/5/1-66-75	1	7+8	2+12	3+3+2	8
174	4777//Fkn/Gb/3/Vee"s"/4/Buc"s"/5/1-66-44	1	7+8	2+12	3+3+2	8
175	{Bow"s"/Vee"s"//1-60-3}=M-79-6	1	7	5+10	3+1+4	8
176	{Bloyka}=Bahar	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
177	{DH2-390} = {Gds/4/Anza/3/Pi/Nar//Hys}	2*	17+18	2+12	3+3+2	8
178	Collection-1-28-86-84	N	7+8	2+12	1+3+2	6
179	Collection-1-28-10252	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
180	Collection-1-29-10903	1/N	7+8	2+12	3/1+3+2	8/6
181	Collection-21-Booshehr	2*	7+8	2+12	3+3+2	8
182	Collection-1057	N	7+9	2+12	1+2+2	5
183	Azar#2	2*	7+8	2+12	3+3+2	8

N: مخفف Null و نشان‌دهنده عدم بیان زیرواحدهای x و y در مکان ژنی *Glu*-A1 است.

N: Abbreviation of Null showing no expression of x and y subunits in *Glu*-A1.

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۳- تعداد و فراوانی آلل‌های مختلف مشاهده شده در مکان‌های ژنی *Glu*-1 در ژنوتیپ های گندم بررسی شده

Table 3. Number and frequency of different alleles observed in *Glu*-1 gene loci in evaluated wheat genotypes

	Gene locus													
	***Glu*-A1**			***Glu*-B1**							***Glu*-D1**			
Allele	1	2*	Null	17+18	13+16	7+8	7+9	7	6+8	14+15	5+10	2+12	4+12	2.1+10*
Number	31	71	67	23	10	79	30	11	13	2	62	111	1	1
Frequency (%)	18.3	42.0	39.6	13.7	6.0	47.0	17.9	6.5	7.7	1.2	35.4	63.4	<1	<1

که ملاحظه شد فراوانی ترکیب ۱۲+۲ که با کیفیت ضعیف تر همبستگی دارد (Payne *et al.*, 1984؛ Payne *et al.*, 1987؛ Najafian *et al.*, 2008) بسیار بیشتر از ترکیب بسیار مفید ۱۰+۵ است و با در نظر گرفتن نقش بیشتر ومشخص‌تر این ژنوم در کیفیت نانوایی بایستی در انتخاب لاین‌های والدینی برای ایجاد جوامع اصلاحی دقت کرد و حتی‌الامکان ژنوتیپ‌هایی را که دارای ترکیب ۱۰+۵ هستند برگزید.

جدول ۱ لاین‌ها و ارقام خزانه دورگ‌گیری را با توجه به سایر خصوصیات آن‌ها (بیشتر خصوصیات زراعی، عملکرد و مقاومت به تنش‌های زنده و غیر زنده) دسته‌بندی کرده است. برای پیشنهاد لاین‌ها یا ارقام برتر هر گروه از نظر ژنوتیپ زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا به منظور استفاده در دورگ‌گیری می‌توان به صورت زیر پیشنهاداتی انجام داد:

از گروه ۱ (ارقام تجارتی) اگر چه تعداد قابل توجهی دارای امتیاز ژنوم ۸ هستند ولی ارقام بزوستایا، برکت، رسول، مارون، چناب، فلات، نیک نژاد، اترک و تجن که دارای امتیازهای ۹ و یا ۱۰ هستند ارجحیت دارند و پس از این ارقام ، ارقامی که امتیاز ۸ دارند قابل توصیه هستند (جدول ۲). بدیهی است که در انتخاب یک لاین والد بایستی مجموعه صفات مختلف در نظر گرفته شوند.

از گروه دوم (لاین‌های نیمه پاکوتاه) لاین‌های شماره ۵۵، ۵۶، ۵۷ و ۶۱ با امتیاز ژنوم ۹ از نظر کیفیت ارجحیت دارند.

از گروه سوم (لاین‌های زود رس) ژنوتیپ شماره ۶۵ قابل توصیه است.

از گروه چهارم (لاین‌ها و ارقام زمستانه) ژنوتیپ شماره ۷۵ با امتیاز ۸ قابل توصیه است.

از گروه پنجم (لاین‌های دانه درشت) ژنوتیپ شماره ۸۲ با امتیاز ۱۰ توصیه می‌شود.

از گروه ششم (لاین‌های متحمل به بیماری زنگ زرد) ژنوتیپ‌های شماره ۸۴، ۸۷، ۸۸، ۹۱، ۹۲ ، ۹۴ و ۹۶ قابل توصیه هستند.

ازگروه هفتم (لاین‌های متحمل به بیماری زنگ قهوه‌ای) ژنوتیپ های شماره ۹۹ و ۱۰۰ ارجحیت دارند.

از گروه هشتم (لاین‌های متحمل به بیماری

Archive of SID

www.SID.ir

کوتولگی زردی جو) ژنوتیپ‌های شماره ۱۰۳، ۱۰۴ و ۱۰۵ (هر سه ژنوتیپ این گروه) امتیاز ژنوم حداقل ۸ را دارند و قابل توصیه هستند.

از گروه نهم (ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی) شماره‌های ۱۰۶، ۱۰۷، ۱۰۸ و ۱۱۰ امتیاز بیشتری دارند.

از گروه دهم(ژنوتیپ‌های متحمل به شوری) شماره‌های ۱۱۹، ۱۲۰، ۱۲۲ و ۱۲۸ امتیاز ژنوم بیشتری دارند.

از گروه یازدهم (لاین‌های با کیفیت خوب) دو لاین شماره ۱۳۰ و ۱۳۱ از مجموع سه لاین این گروه با امتیاز ژنوم ۱۰ ارجحیت استفاده در دورگ‌گیری را دارند.

از گروه دوازدهم (ژنوتیپ‌های با سنبله طویل وبزرگ) لاین‌های شماره ۱۳۳ تا ۱۳۷ یعنی هر پنج لاین گروه دارای امتیاز بیشتر ۹ و ۱۰ هستند.

از گروه سیزدهم (لاین‌های پرپنجه) شماره‌های ۱۳۸، ۱۴۰، ۱۴۱ و ۱۴۲ قابل توصیه هستند.

از گروه چهاردهم (ژنوتیپ‌های متحمل به ریزش دانه) تنها لاین شماره ۱۴۵ که بیوتیپ آللی هم نشان داده در یکی از بیوتیپ‌هایش دارای امتیاز ۸ بود.

از گروه پانزدهم (ژنوتیپ‌های با قابلیت ترکیب‌پذیری خوب) لاین‌های شماره های ۱۴۹، ۱۵۱، ۱۵۲، ۱۵۳ و ۱۵۵ امتیاز زنوم بیشتری داشتند.

از گروه شانزدهم (ژنوتیپ‌های با پتانسیل عملکرد بالا) از مجموع ۲۲ ژنوتیپ این گروه شماره‌های ۱۵۹، ۱۶۴، ۱۶۶ و ۱۷۱ به دلیل امتیاز کم و یا بیوتیپ آللی قابل توصیه نبوده و بقیه ژنوتیپ‌های این گروه دارای امتیاز حداقل ۸ بودند و قابلیت استفاده در دورگ‌گیری را دارند.

از گروه هفدهم (ژنوتیپ‌های بومی متحمل به خشکی) لاین‌های شماره‌های ۱۷۹، ۱۸۱ و ۱۸۳ امتیاز ۸ داشته و قابل توصیه هستند.

در مورد ارقام سرخ تخم و کویر و لاین شماره ۱۴۴ (Kauz/Sorkhtokhm) از مواد مورد بررسی از خزانه دورگ‌گیری اقلیم‌های معتدل و سرد در مکان ژنی *Glu*-D1 ترکیب آللی مشاهده شد که از نظر حرکت نسبی در ژل الکتروفورز ۱۰٪ رفتاری شبیه ۱۰+۲ دارد (تحرک نسبی زیرواحد Dx این ترکیب کمی کند تر از زیرواحد Dx-2 و زیرواحد Dy آن کند تر از زیرواحد Dy-10 است). این ترکیب توسط نجفیان و عبد میشانی (Najafian and Abde-Mishani, 1995) در رقم سرخ‌تخم مشاهده و در بررسی موضوع با مشخص کردن آن با نام *۱۰+۲/۱ همانند آللی قلمداد شد که لاگودا و همکاران (Laguda *et al.*, 1987) در گندم‌های افغانستان مشاهده کرده بودند. در این‌جا نیز مجدداً با همان نام مشخص شد (جدول ۲ و شکل ۲). این ترکیب آللی توسط بحرایی و همکاران (Bahraie *et al.*, 2001) با نام '2***+12 گزارش شده است. به دلیل عدم مطالعه این

Archive of SID

www.SID.ir

باند برای تأثیر آن در ارتقاء کیفیت امتیاز آللی آن مشخص نیست. وجود این ترکیب در ارقام سرخ‌تخم و کویر در گزارش‌های دیگر نیز مورد اشاره قرار گرفته است (Najafian *et al.*, 2008). با توجه به این‌که نتایج این تحقیق در هر گروه از دسته‌های ۱۷ گانه ژنوتیپ‌های موجود در خزانه دورگ‌گیری گندم نان برای اقلیم‌های معتدل وسرد کشور، تعدادی ژنوتیپ برتر از نظر امتیاز زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا را مشخص کرد، می‌توان با استفاده از این ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های دورگ‌گیری فراوانی ژرم‌پلاسم و نتاج با کیفیت نانوایی مطلوب را افزایش داد.

References

Aghaee, M. J. 1995. Study of genetic variation for spike quantitative traits and seed storage proteins in durum wheat collection. MSc. Thesis, College of Agriculture, University of Tehran, Karaj, Iran (in Persian).

Ahmad, M., Griffin, W. B., and Sutton, K. H. 1998. Quantification of glutenin and gliadin as a measure of bread baking quality by size exclusion and reverse phase HPLC. pp. 124-126. In: Slinkard, A. E. (ed.), Proceedings of the 9th International Wheat Genetics Symposium, 2-7 August, Saskatoon, Canada.

Bahraie, S., Alizadeh, D., Vahab-Zadeh, M., and Saidi, A. 2001. High molecular weight glutenin subunits of bread wheats grown in Iran. Proceedings of the 2nd National Biotechnology Congress of Islamic Republic of Iran, Oct. 9-11, Karaj, Iran. pp. 311-317 (in Persian).

Bahraie, S., Rashmeh-Karim, K., and Saidi, A. 2000. Study of Iranian bread making quality in advanced breeding lines based on high molecular weight glutenin subunits. Proceedings of the 6th Irainan Congress of Crop Sciences, Babolsar, University of Mazandaran, Iran. pp. 165-166 (in Persian).

Bushuk, W., and Zilman, R. R. 1978. Wheat cultivar identification by gliadin electrophoresis, I. Apparatus, method and nomenclature, Canadian. Journal of Plant Science 58: 505-515.

Ciaffi, M., Lafiandra, D., and Porceddu, E. 1992. Seed storage proteins of wild wheat and their relationship with technological properties. Heredity 116: 315-322.

Haghparast, R., Rajabi, R., Najafian, G., Rashmekarim, K., and Aghaee-Sarbarzeh, M. 2009. Evaluation of indices related to grain quality in advanced bread wheat genotypes under rainfed conditions. Seed and Plant Improvement Journal 25-1(2): 315-328 (in Persian).

Archive of SID

www.SID.ir

Lafiandra, D., Ciaffi, M., and Benedettelli, S. 1993. Seed storage proteins of wild wheat progenitors. pp. 121-137. In: Damania, A. B. (ed.), Biodiversity and Wheat Improvement. John Wiley and Sons Inc., New York, USA..

Lafiandra D., Kasarda D. D., and Morris, R. 1984. Chromosomal assignment of genes coding for the wheat gliadin protein components of the cultivar Cheynne and Chinese Spring by two dimensional electrophoresis. Theoretical and Applied Genetics 68: 531-539.

Laguda, E. S., Flood, R. G., and Halloran, G. M. 1987. Variation in high molecular weight glutenin subunits in landraces of hexaploid wheat from Afghanestan. Euphytica 36: 3-9.

Levy A. A., Galili, A., and Feldman, M. 1988. Polymorphism and genetic control of high molecular-weight glutenin subunits in wild tetraploid wheat *Triticum turgidum* var. *dicoccoides*. Heredity 61: 63-72.

Mecham D. K., Kasarda, D. D., and Qualset, C. S. 1978. Genetic aspects of wheat gliadin proteins. Biochemical Genetics 16: 831-853.

Metakovsky, E. V., Novoselskaya, Y. A., Kopus, M. M., Sobko T. A., and Sozinov, A. A. 1984. Blocks of gliadin components in winter wheat detected by one dimensional polyacrylamide gel electrophoresis. Theoretical and Applied Genetics 67: 559-568.

Morris, C. F. 1998. Grain quality: Genetic determinants of wheat grain quality. pp. 245-253. In: Proceedings of the 9th International Wheat Genetics Symposium, 2-7 August, Sackatoon, Canada.

Najafian, G., and Abd-Mishani, C. 1995. Relationship between high molecular weight glutenin subunits and bread–making quality of Iranian grown wheat cultivars. Iranian Journal of Agricultural Sciences 26 (2): 31-40 (in Persian).

Najafian, G., Abde-Mishani, C., and Yazdi-Samadi, B. 1997. Effect of allelic variation for high molecular weight glutenin subunits on bread-making quality of breeding lines of wheat. Iranian Journal of Agricultural Sciences 28 (3): 1-13 (in Persian).

Najafian, G., Bahraie, S., Baghaie, N., Mortezagholi, M., and Babaie-Goli, E. 2008. Bread making quality attributes of Iranian commericial cultivars of wheat and their HMW glutenin subunits composition. Proceedings of the 11th International Wheat Genetics Symposium. 24-29 Aug., Brisbane, QLD, Australia. p. 241.

Nikooseresht, R., Najafian, G., Mirfakhrai, R. GH., and Dehghani, H. 2009. Evaluation of bread making quality of wheat using SDS sedimentation volume and high molecular weight glutenin subunits. Seed and Plant Improvement Journal 25-1 (3): 373-383 (in Persian).

Archive of SID

www.SID.ir

Patnak, D., and Khurana, P. 2001. Wheat biotechnology: A mini-review. Plant Biotechnology 4 (2): 1-24.

Payne, P. I. 1987. Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. Annual Review of Plant Physiology 38: 141-153.

Payne, P. I., Corfield, K. G., and Blackman, J. A. 1979. Identification of high molecular weight subunits of glutenin whose presence correlates with bread-making quality in wheat of related pedigree. Theoretical and Applied Genetics 55: 153-159.

Payne, P. I., Holt, L. M., Jackson, E. A., and Law, C. N. 1984. Wheat storage proteins: Their genetics and their potential for manipulation by plant breeding. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences 304: 356-371.

Payne, P. I., Holt, L. M., Law, C. N., and Blackman, J. A. 1981. Correlations between the inheritance of certain high molecular weight subunits of glutenin and bread-making quality in progenies of six crosses of bread wheat. Journal of the Science of Food and Agriculture 32: 51-60.

Payne, P. I., and Lawrence, G. J. 1983. Catalogue of alleles for the complex loci, *Glu*-A1, *Glu*-B1 and *Glu*-D1 which code for HMW subunits of glutenin hexaploid wheat. Cereal Research Communications 11: 29-35.

Payne, P. I., Lawrence, G. J., and Law, C. N. 1982. The genetics of gliadin and glutenin, the major storage proteins of the wheat endosperm. Qualities Plautenum Plant Foods for Human Nutrition **31**: 229–241.

Payne, P. I., Nightingale, M. A., Krattiger, A. F., and Holt, L. M. 1987. The relation between HMW glutenin subunits composition and bread making quality of British grown wheat varieties. Journal of the Science of Food and Agriculture 40: 51-65.

Ruiz M., and Carrillo, J. M. 1993. Linkage relationship between prolamin genes on chromosomes 1A and 1B in durum wheat. Theoretical and Applied Genetics 87: 353-360.

Sozinov, A. A., and Poperelya, F. A. 1982. Polymorphism of prolamins and variability of grain quality. Qualities Plautenum Plant Foods for Human Nutrition 31: 243-249.

Tohidfar, Gh. 1996. Determination of relationship between seed storage proteins (Glutenins) with bread making quality. MSc. Thesis, College of Agriculture, University of Tehran, Karaj, Iran (in Persian).

Wrigley, C. W., and Shepherd, K. W. 1973. Electro focusing of grain proteins from wheat genotypes. Annals of the New York Academy of Sciences 209: 154-162.

Archive of SID

www.SID.ir