ژنتیک نوین
دوره سیزدهم، شماره ۳،پاییز ۱۳۹۷
صفحه ٤٤٣ - ٤٣٧

آنالیز ارزش نانوایی ارقام گندم نان ایرانی حاوی جابجایی گندم– چاودار (1BL.1RS) با استفاده از نشانگرهای اختصاصی STS

Analysis of bread-making quality of Iranian bread wheat cultivars, containing wheat-rye translocation (1BL.1RS), using STS specific markers

سعید باقری‌کیا*[۱]، مریم شاداده[۱]، قاسم کریم زاده[۲]، محمدهادی پهلوانی[۱]

۱- دانش‌آموخته دکتری، دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، دانشیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ایران

۲- دانشیار، گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران

Bagherikia S*[1], Shadadeh M[1], Karimzadeh G[2], Pahlevani MH[1]

1- PhD Graduated, MSc Graduated, Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Iran

2- Associate Professor, Department of Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: s.bagherikia@gau.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹٦/۲/۱٦ - تاریخ پذیرش: ۹٦/۱۲/۱۳)

چکیده

نقش زیر واحدهای سنگین گلوتنین در تعیین ارزش نانوایی گندم نان (*Triticum aestivum* L.) موجب شده تا امروزه ارزیابی آن‌ها در پروتئین‌های ذخیره‌ای به یکی از اهداف مهم اصلاحگران تبدیل شود. بازوی کروموزمی 1RS چاودار (*Secale cereale* L.) حاوی ژن‌های مقاومت به آفات و پاتوژن‌ها است و باعث پایداری در عملکرد دانه گندم می‌شود، با این حال بازوی 1RS روی کیفیت نانوایی تأثیر منفی دارد. در تحقیق حاضر امتیاز کیفی تعداد ١٤ رقم گندم ایرانی حاوی جابجایی کروموزومی گندم- چاودار 1BL.1RS، با استفاده از نه جفت نشانگر اختصاصی STS تعیین شد، سپس به‌دلیل حضور جابجایی 1BL.1RS، امتیاز کیفی ارقام تصحیح شد. امتیاز کیفی تصحیح شده ارقام بین پنج تا هفت بود. ارقام مغان ۳، آرتا و بک کراس روشن (زمستانه) با امتیاز کیفی تصحیح شده هفت، بالاترین امتیاز و ارقام مهدوی، دز، MV_{17}، شیرودی، ویری ناک، استار و رصد با امتیاز کیفی تصحیح شده پنج، کمترین امتیاز را داشتند. ارقام تجاری گندم نان ایرانی حاوی جابجایی 1BL.1RS با استفاده از زیر واحدهای مطلوب گلوتنین توانسته‌اند تا حدی اثرات منفی جابجایی 1BL.1RS بر کیفیت آرد را جبران کنند و دارای امتیاز کیفی متوسطی باشند. پیشنهاد می‌شود در برنامه‌های اصلاحی به حضور احتمالی بازوی کروموزمی 1RS چاودار در ریخته ژنتیکی گندم و تاثیر منفی آن بر کیفیت آرد توجه شود تا مانع از دستیابی به نتایج مثبت کاذب توسط اصلاحگران شود.

واژه‌های کلیدی

جابجایی گندم-چاودار 1BL.1RS
ارزش نانوایی
گلوتنین
نشانگر STS

انتخاب به‌کمک نشانگر برای زیر واحدهای سنگین گلوتنین (HMW-Gs) ابزار ارزشمندی محسوب می‌شود زیرا که اطلاعات در مورد کیفیت تهیه نان در اولین مراحل اصلاح به‌دست آمده و مانع از گزینش و تولید لاین‌هایی با کیفیت ضعیف می‌شود (Kuchel et al. 2007). گلوتنین‌ها به‌وسیله ژن‌های کروموزوم‌های همیولوگ گروه یک کد می‌شوند (Jin et al. 2013). اگرچه زیر واحدهای سنگین گلوتنین سهم کمتری از پروتئین‌های ذخیره‌ای را تشکیل می‌دهند با این حال تأثیر بیش‌تری روی کیفیت نانوایی می‌گذارند (Payne 1987; Tohver 2007). هر مکان ژنی شامل دو آلل است، یک آالل (X) زیرواحد با حرکت کندتر را کنترل می‌کند و آلل دیگر (Y) زیر واحدی که حرکت سریع‌تری دارد را کنترل می‌کند (Shewry and Halford 2002). گندم‌هایی با جابجایی 1BL.1RS حاوی ژن‌های مقاومت به بیماری‌های زنگ قهوه‌ای (*Puccinia triticina*) زنگ سیاه (*Puccinia graminis*) زنگ زرد (*Puccinia striiformis*) و سفیدک پودری (*Erysiphe graminis* DC) می‌باشند (Rabinovich 1998). علاوه بر مقاومت به بیماری‌ها این جابجایی باعث افزایش عملکرد دانه، افزایش وزن بذر و زیست‌توده می‌شود (Trubacheeva et al. 2011). با این حال بازوی 1RS به‌دلیل حضور ژن *Sec-1* باعث کاهش کیفیت آرد گندم می‌شود تولید خمیر چسبنده، تحمل پایین در مقابل مخلوط شدن، سفتی خمیر، حجم کم رسوب SDS[1] و حجم کم قرص نان از اثرات آن است (Graybosch et al. 1999; Zheng et al. 2009). امکان تعیین ارزش کیفی هر رقم بر اساس تاثیر هر آلل بر ترکیب آللی در لاین‌های ایزوژن ابداع شده‌است و به‌دلیل اثر افزایشی آلل‌ها می‌توان مجموع امتیازات را برای ارزیابی امتیاز کیفیت یک ژنوتیپ محاسبه نمود (Payne et al. 1987). هم‌چنین برای محاسبه اثر منفی جابجایی کروموزومی گندم–چاودار 1BL.1RS روی کیفیت نانوایی، امتیاز کیفی محاسبه شده تصحیح می‌شود (Payne et al. 1987). در ایران در سال‌های اخیر مطالعاتی درباره شناسایی ارقام گندم نان ایرانی با جابجایی کروموزومی گندم–چاودار 1BL.1RS انجام شده‌است که در طی آن ۸۶ رقم گندم ایرانی (عمدتاً ارقام تجاری) مورد ارزیابی قرار گرفته و حضور جابجایی 1BL.1RS در ۱۴ رقم مورد تایید قرار گرفته است (Mirzaghaderi et al. 2011; Tabibzadeh et al. 2013; Bagherikia et al. 2014). با این وجود به‌نظر می‌رسد تا به حال در برنامه‌های اصلاحی گندم در ایران به تاثیر منفی جابجایی کروموزومی گندم–چاودار 1BL.1RS در کیفیت نانوایی توجه نشده است از این رو هدف از این پژوهش تجزیه ارزش نانوایی و تعیین امتیاز کیفی نانوایی ارقام گندم نان ایرانی حاوی جابجایی کروموزومی 1BL.1RS با استفاده از نشانگرهای اختصاصی STS بود.

بذور مورد استفاده در این پژوهش شامل دو دسته از مواد ژنتیکی گندم نان، شامل ارقام ایرانی دارای جابجایی کروموزومی گندم–چاودار 1BL.1RS و ارقام شاهد بودند. در مطالعات قبلی ما حضور جابجایی کروموزومی 1BL.1RS در ١٤ رقم گندم نان ایرانی (مهدوی، اترک، دز، فلات، رسول، مغان ۳، Mv17، شیرودی، ویری ناک، آرتا، دریا، بک کراس روشن زمستانه،استار، رصد) تایید شده بود (Bagherikia et al. 2014). تعداد شش رقم گندم نان شامل بهاره چینی (N/٧+٨/٢+١٢)، تجن (١٠+١٦/٥+١٣/*٢)، داراب ٢ (١٢+١٨/٢+١٧/*٢)، بزوستایا (١٠+٩/٥+٧/*٢)، مارون (١٠+٨/٥+١/٧) و گاسپارد (١٠+٨/٥+N/٦) نیز با ترکیبات آللی شناخته شده به‌عنوان شاهد در نظر گرفته شدند. ارقام گندم نان از مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شدند. استخراج DNA ژنومی از برگ‌ها با استفاده از روش CTAB با اندکی تغییر انجام شد (Doyle and Doyle 1987). نشانگرهای مورد استفاده در این پژوهش شامل نه جفت نشانگر STS بود که مشخصات آن‌ها در جدول ۱ آمده است. به منظور تمایز زیر واحدهای ٨+٧ و ٨+٦ برخی واکنش‌های PCR شامل پرایمرهای bx7-f/r با ZSBy8F5/R5 و نیز ZSBy8F5/R5 با P5 /P6 به‌صورت چندگانه[2] انجام شد. از آنجایی که تنها حالت ترکیب آلل ١٧ با آلل ١٨ (١٨+١٧) و تنها حالت ترکیب آلل ١٦ با آلل ١٣ (١٦+١٣) می‌باشد، تایید هر یک از آلل‌های ١٧ و ١٦ به‌ترتیب به منزله وجود ترکیب ١٨+١٧ و ١٦+١٣ در نظر گرفته شد. واکنش‌های PCR (حجم ١٥ میکرولیتر) در دستگاه ترموسایکلر دارای شیب دمایی و ساخت شرکت Labcycler (آلمان)، انجام گرفت. واکنش‌های PCR تحت

[1] Sodium dodecyl sulfate sedimentation

[2] Multiplex PCR

شرایط دمایی ۹۵ درجه سلسیوس برای واشرشت‌سازی ابتدایی به مدت پنج دقیقه و به دنبال آن ۳۵ چرخه شاملِ واسرشت‌سازی در ۹٤ درجه سلسیوس به مدت یک دقیقه، اتـصال نشانگرها در دامنه دمایی ۵۵ تـا ٦٤ درجه سلسیوس (بسته به نشانگر، جدول ۱) بـه مـدت ٤۵ ثانیـه، بسط نشانگرها در ۷۲ درجه سلسیوس در مدت۳۰ ثانیه تا دو دقیقه (بسته به‌طول تکثیری) انجام شد و در نهایت بسط نهایی در ۷۲ درجه سلسیوس به مدت پنج دقیقه انجام گرفت. فرآورده‌های PCR روی ژل آگارز ۱/٤ درصد الکتروفورز شدند و سپس با اشعه UV قابل رویت شدند. ارزش کیفی هر رقم بر اساس ترکیبات آللی زیر واحدها (جدول ۲) و تصحیح امتیازات به‌علت حضور جابجایی کروموزومی گندم–چاودار 1BL.1RS بر اساس روش Payne et al. (1987) تعیین شد؛ بر این اساس در بازه‌های امتیاز کیفی ۱۰–۸، ۷–۵ و ٤–۳ به‌ترتیب ۳، ۲ و ۱ امتیاز به‌عنوان تصحیح از امتیاز کیفی کل کسر می‌شود.

نتایج حاصل از الکتروفورز واکنش زنجیره‌ای پلیمراز برای نه جفت نشانگر STS مورد بررسی در این تحقیق، به‌منظور تشخیص زیرواحدهای مختلف گلوتنین سنگین در ژنوتیپ‌ها در جدول ۳ تنظیم شده‌است. این نتایج نشان دهنده تنوع ژنتیکی ارقام مورد مطالعه برای آلل‌های مرتبط با کیفیت نانوایی است. امتیاز کیفی (تصحیح نشده) ارقام بین هفت تا ۱۰ محاسبه شد (جدول ۳)، از آنجایی که ارقام مورد مطالعه از ارقام تجاری ایران بودند و در معرفی ارقام، کیفیت نانوایی به‌عنوان یکی از پارامترهای مهم لحاظ می‌شود، مشاهده این امتیاز بالا دور از انتظار نبود. ارقام مورد مطالعه در این آزمایش حاوی جابجایی کروموزمی گندم–چاودار 1BL.1RS بودند. بازوی 1RS علاوه بر ژن‌های مقاومت به آفات و پاتوژن‌ها، حامل ژن‌های مفید زراعی دیگری برای عملکرد، پایداری عملکرد و سازگاری است (Kim et al. 2004)، به همین دلیل از بازوی 1RS چاودار به‌صورت گسترده‌ای در برنامه‌های اصلاحی جهان استفاده می‌شود (Graybosch 2001). حضور بازوی 1RS در ارقام تجاری ایرانی احتمالاً به صورت آگاهانه نبوده است و گزینش ارقام حاوی 1RS، ناشی از گزینش غیر مستقیم برای عملکرد بالا و مقاومت به پاتوژن و آفات بوده است. به‌نظر می‌رسد به اثرات منفی آن بر کیفیت نیز توجه نشده‌است زیرا گزارشات متعددی در مورد کیفیت گندم‌های ایرانی (ارقام تجاری، لاین‌ها و توده‌های بومی) بر اساس زیرواحدهای سنگین گلوتنین وجود دارد (Sadeghzadeh et al. 2002; Fatehi et al. 2008; Nikooseresht et al. 2009; Haghparast et al. 2009; Izadi-Darbandi et al 2010; Najafian and Baghaie 2011; Keyhani et al. 2015; Mirniyam et al. 2017). اما در هیچ یک از آن‌ها به احتمال حضور بازوی 1RS اشاره‌ای نشده‌است تنها در گزارش Mehrazar et al. (2014) به‌منظور غربالگری نتاج نسل F_2 حاصل از تلاقی‌های اقلیم معتدل کشور جهت شناسایی آلل‌های *۲، ۱۸+۱۷ و ۱۰+۵، احتمال حضور بازوی 1RS مورد آزمون قرار گرفت که البته هیچ یک از ارقام حاوی جابجایی‌های کروموزومی گندم–چاودار نبودند. در برنامه‌های اصلاحی برخی کشورها به‌خاطر حضور آگاهانه بازوی 1RS در ارقام مورد نظر به تاثیر منفی آن در کیفیت نانوایی به‌صورت جدی توجه شده است (Peña et al. 1990; Liu et al. 2005; Liang et al. 2010; Costa et al. 2013) به‌طوری که اثر منفی جابجایی کروموزومی گندم–چاودار 1BL.1RS بر امتیاز کیفی ارقام لحاظ می‌شود و تحت عنوان امتیاز کیفی تصحیح شده به‌علت حضور جابجایی 1BL.1RS گزارش می‌شود (Payne et al. 1987). در این پژوهش امتیاز کیفی تصحیح شده در ارقام بین پنج تا هفت مشاهده شد (جدول ۳). ارقام مغان ۳، آرتا و بک کراس روشن (زمستانه) دارای بیشترین امتیاز کیفی تصحیح شده بودند (امتیاز هفت). کمترین امتیاز کیفی تصحیح شده (امتیاز پنج) نیز در ارقام مهدوی، دز، MV_{17}، شیرودی، ویری ناک، استار و رصد مشاهده شد (جدول ۳). هدف اصلاحگران، کاهش اثرات کیفیت نامطلوب به‌همراه داشتن مزایای بازوی 1RS است. اثرات منفی جابجایی 1BL.1RS بر کیفیت نهایی آرد با استفاده از زیر واحدهای مطلوب‌تر گلوتنین می‌تواند جبران شود (Graybosch 2001). ترکیباتِ زیر واحدهای ۱ و *۲ در مکان ژنی *Glu-A1* زیر واحدهای ۸+۷، ۱۸+۱۷ و ۱٦+۱۳ در مکان ژنی *Glu-B1* و زیر واحد ۱۰+۵ در مکان ژنی *Glu-D1* با حداکثر امتیاز کیفی می‌تواند کمبود کیفیت را جبران کنند و لاین حامل 1RS از میزان گلوتن و قدرت توسعه متوسط برخوردار باشد (Gupta and Shepherd 1992). نتایج این آزمایش نشان داد در ارقام تجاری گندم نان ایرانی که حاوی جابجایی 1BL.1RS هستند، ۱۰۰ درصد آلل‌ها

در مکان ژنی *Glu-A1*، ۵۷ درصد آلل‌ها در در مکان ژنی *Glu-B1* و ۵۷ درصد آلل‌ها در مکان ژنی *Glu-D1* دارای حداکثر امتیاز کیفی در مکان ژنی مربوطه هستند (شکل ۱) همین امر باعث شده است ارقام گندم نان ایرانی که حاوی جابجایی 1BL.1RS دارای امتیاز کیفی متوسطی باشند (جدول ۳). جابجایی 1BL.1RS به‌طور معنی‌داری باعث کاهش حجم رسوب SDS، کاهش خاصیت ژلاتینی نشاسته و کاهش استحکام و چسبندگی خمیر شده‌است (Zheng et al. 2009; Oak and Tamhankar 2017). در معرفی ارقام جدید نیاز است که علاوه بر توجه به معیارهای کیفی از جمله زیر واحدهای گلوتنین سنگین و درصد پروتئین دانه، احتمال حضور بازوی کروموزومی چاودار در ریخته ژنتیکی گندم نیز در نظر گرفته شود. بنابراین جهت جلوگیری از دستیابی به نتایج مثبت کاذب[1]، توجه به این امر در برنامه‌های اصلاحی گندم ایران ضروری به نظر می‌رسد.

[1] False positive

جدول ۱- مشخصات نشانگرهای مورد استفاده در پژوهش حاضر

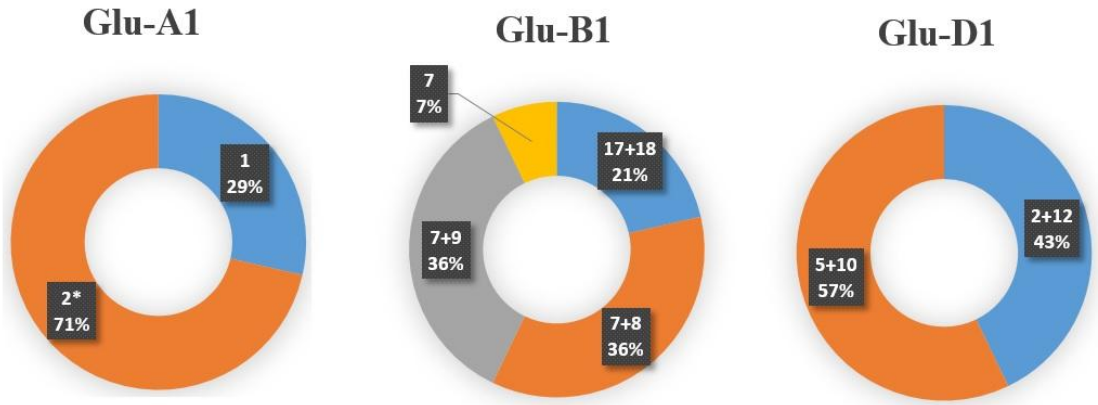
نام نشانگر	توالی (´۳→´۵)	طول باند و آلل تکثیر شده	دمای اتصال (°C)	منبع
UMN19	F: CGAGACAATATGAGCAGCAAG R: CTGCCATGGAGAAGTTGGA	Ax1 (362 bp) Ax2 (344 bp) Ax-null (Null)	59.5	Liu et al. (2008)
Bx	F: CGCAACAGCCAGGACAATT R: AGAGTTCTATCACTGCCTGGT	(669 bp) Bx17 nonBx17 (Null)	58	Ma et al. (2003)
ZSBy9aF1/ R3	F: TTCTCTGCATCAGTCAGGA R: AGAGAAGCTGTGTAATGCC	By9 (662 bp) nonBx9 (707 bp)	55.2	Lie et al. (2006)
bx7-f/r	F: CACTGAGATGGCTAAGCGCC R: GCCTTGGACGGCACCACAAGG	Bx6 (321 bp) nonBx6 (Null)	64	Schwarz et al. (2004)
ZSBy8F5/R 5	R: TTAGCGCTAAGTGCCGTCT R: TTGTCCTATTTGCTGCCCTT	By8 (527 bp) non By8 (Null)	64	Lei et al. (2006)
ZSBy9F2/R 2	F: GCAGTACCCAGCTTCTCAA R: CCTTGTCTTGTTTGTTGCC	By16 (3 fragment) non By16 (Null)	62	Lei et al. (2006)
P5 /P6	F: ATGGCTAAGCGCCTGGTCCT R:TGCCTGGTCGACAATGCGTCGCTG	Bx7 (2373 bp) non Bx7 (Null)	64	Anderson and Greene (1989)
P3 /P4	F: GTTGGCCGGTCGGCTGCCATG R: TGGAGAAGTTGGATAGTACC	Dy10 (576 bp) Dy12 (612)	63.5	Smith et al. (1994)
P1 /P2	F: GCCTAGCAACCTTCACAATC R: GAAACCTGCTGCGGACAAG	Dx5 (450 bp) Dx2 (Null)	63	Anderson et al. (1989)

جدول ۲- امتیازهای کیفی مربوط به زیرواحدهای موجود در هر مکان ژنی

زیرواحدها	امتیاز کیفی	مکان ژنی مربوطه
۱	۳	*Glu-A1*
۲*	۳	
نول (N)	۱	
۷+۸	۳	*Glu-B1*
۱۷+۱۸	۳	
۱۳+۱۶	۳	
۷+۹	۲	
۶+۸	۱	
۷	۱	
۵+۱۰	٤	*Glu-D1*
۲+۱۲	۲	

جدول ۳- زیرواحدهای گلوتنین سنگین، امتیازهای کیفی تصحیح نشده و تصحیح شده ارقام گندم نان ایرانی

رقم	مکان ژنی					امتیاز کیفی تصحیح نشده	مقدار تصحیح به علت حضور 1BL.1RS	امتیاز کیفی تصحیح شده
	1Ax	1Bx	1By	1Dx	1Dy			
مهدوی	۱	۱۷	۱۸	۲	۱۲	۸	-۳	۵
اترک	۲*	۷	۹	۵	۱۰	۹	-۳	٦
دز	۲*	۱۷	۱۸	۲	۱۲	۸	-۳	۵
فلات	۱	۷	۹	۵	۱۰	۹	-۳	٦
رسول	۱	۷	۹	۵	۱۰	۹	-۳	٦
مغان ۳	۲*	۷	۸	۵	۱۰	۱۰	-۳	۷
MV_{17}	۲*	۷	۹	۲	۱۲	۷	-۲	۵
شیرودی	۱	۷		۵	۱۰	۸	-۳	۵
ویری‌ناک	۲*	۱۷	۱۸	۲	۱۲	۸	-۳	۵
آرتا	۲*	۷	۸	۵	۱۰	۱۰	-۳	۷
دریا	۲*	۷	۹	۵	۱۰	۹	-۳	٦
بک‌کراس روشن (زمستانه)	۲*	۷	۸	۵	۱۰	۱۰	-۳	۷
استار	۲*	۷	۸	۲	۱۲	۸	-۳	۵
رصد	۲*	۷	۸	۲	۱۲	۸	-۳	۵



شکل ۱- فراوانی آللی و تنوع ژنتیکی در زیرواحدهای گلوتنین سنگین در مکان‌های ژنی *Glu-1* در ارقام تجاری گندم نان ایرانی حاوی جابجایی 1BL.1RS

منابع

Anderson O, Greene F (1989) The characterization and comparative analysis of high-molecular-weight glutenin genes from genomes A and B of a hexaploid bread wheat. Theoretical and Applied Genetics 77:689-700.

Anderson OD, Greene FC, Yip RE, Halford NG, Shewry PR, Malpica-Romero J-M (1989) Nucleotide sequences of the two high-molecular-weight glutenin genes from the D-genome of a hexaploid bread wheat, *Triticum aestivum* L. cv Cheyenne. Nucleic Acids Research 17:461-462.

Bagherikia S, Karimzadeh G, Naghavi MR (2014) Distribution of 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat-rye translocations in *Triticum aestivum* using specific PCR. Biochemical Systematics and Ecology 55:20-26.

Costa MS, Scholz MBdS, Franco CML (2013) Effect of high and low molecular weight glutenin subunits, and subunits of gliadin on physicochemical parameters of different wheat genotypes. Food Science and Technology (Campinas) 33:163-170.

Doyle JJ, Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin 19:11-15.

Fatehi F, Maleki M, Salavati A, Bihamta MR, Zali AA, Hossein Zadeh AH (2008) The relationship between glutenin subunit of high molecular weight and baking quality of wheat bread. Iranian Journal of Agriculture Science 39: 43-52. (In Farsi).

Graybosch R, Peterson C, Chung O (1999) Quality Effects of Rye (*Secale cereale* L.) Chromosome Arm 1RL Transferred to Wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of Cereal Science 29:211-216.

Graybosch RA (2001) Mini Review: Uneasy unions: Quality effects of rye chromatin transfers to wheat. Journal of Cereal Science 33:3-16.

Gupta R, Shepherd K (1992) Identification of rye chromosome 1R translocations and substitutions in hexaploid wheats using storage proteins as genetic markers. Plant Breeding 109:130-140.

Haghparast R, Rajabi R, Najafian G, Rashmeh Karim K, 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: 315-328. (In Farsi).

Izadi Darbandi A, Yazdi Samadi B, Shanejat Boushehri AA, Mohammadi M (2010) Allelic variations in Glu-1 and Glu-3 loci of historical and modern Iranian bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. Journal of Genetics 89: 193-199.

Jin H, Zhang Y, Li G, Mu P, Fan Z, Xia X, He Z (2013) Effects of allelic variation of HMW-GS and LMW-GS on mixograph properties and Chinese noodle and steamed bread qualities in a set of Aroona near-isogenic wheat lines. Journal of Cereal Science 57:146-152.

Keyhani T, Shahnejat-Bushehri AA, Naghavi MR (2015) Molecular study of high molecular weight glutenin subunits in Iranian wheat. Modern Genetics Journal 40: 99-106. (In Farsi).

Kim W, Johnson J, Baenziger P, Lukaszewski A, Gaines C (2004) Agronomic effect of wheat-rye translocation carrying rye chromatin (1R) from different sources. Crop Science 44:1254-1258.

Kuchel H, Fox R, Reinheimer J, Mosionek L, Willey N, Bariana H, Jefferies S (2007) The successful application of a marker-assisted wheat breeding strategy. Molecular Breeding 20:295-308.

Lei Z, Gale K, He Z, Gianibelli C, Larroque O, Xia X, Butow B, Ma W (2006) Y-type gene specific markers for enhanced discrimination of high-molecular weight glutenin alleles at the Glu-B1 locus in hexaploid wheat. Journal of Cereal Science 43:94-101.

Liang D, Tang J, Peña RJ, Singh R, He X, Shen X, Yao D, Xia X, He Z (2010) Characterization of CIMMYT bread wheats for high-and low-molecular weight glutenin subunits and other quality-related genes with SDS-PAGE, RP-HPLC and molecular markers. Euphytica 172:235-250.

Liu L, He Z, Yan J, Zhang Y, Xia X, Peña RJ (2005) Allelic variation at the Glu-1 and Glu-3 loci, presence of the 1B. 1R translocation, and their effects on mixographic properties in Chinese bread wheats. Euphytica 142:197-204.

Liu S, Chao S, Anderson JA (2008) New DNA markers for high molecular weight glutenin subunits in wheat. Theoretical and Applied Genetics 118:177-183.

Ma W, Zhang W, Gale K (2003) Multiplex-PCR typing of high molecular weight glutenin alleles in wheat. Euphytica 134:51-60.

Mehrazar E, Izadi-Darbandi A, Mohammadi M, Najafian ,G (2014) Marker assisted selection (MAS) for bread making quality in segregating generations of common wheat. Journal of Crop Breeding 14:84-95. (In Farsi).

Mirniyam G, Ebrahimi M, Izadi Darbandi A, Ramshini H , Abdipour M (2017) Molecular study of high molecular weight glutenin subunits in tetraploid and hexaploid Iranian wheat landraces. Modern Genetics Journal 47:499-507. (In Farsi).

Mirzaghaderi G, Zeinali G, Rafiepour M, Karimzadeh G (2011) Wheat-rye translocation in Iranian bread wheat cultivars and their ion distribution in response to salinity stress. Journal of Agricultural Science and Technology 13:1163-1172.

Najafian G, Baghaie N (2011) 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. Seed and Plant Improvement Journal 27: 305-322. (In Farsi).

Nikooseresht R, Najafian G, Mirfakhrai R GH, 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: 373-383. (In Farsi).

Oak MD, Tamhankar SA (2017) 1BL.1RS translocation in durum wheat and its effect on end use quality traits. Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology 26:91-96.

Payne PI (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 PI, Nightingale MA, Krattiger AF, Holt LM (1987) The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties. Journal of the Science of Food and Agriculture 40:51-65.

Peña RJ, Amaya A, Rajaram S, Mujeeb-Kazi A (1990) Variation in quality characteristics associated with some spring 1B/1R translocation wheats. Journal of Cereal Science 12:105-112.

Rabinovich S (1998) Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivars of *Triticum aestivum* L. In: Wheat: Prospects for Global Improvement: Springer Netherlands Press, The Netherlands pp. 401-418.

Sadeghzadeh B, Ghannadha MR, Ahmadian Tehrani P, Abdmishani S, Seied Tabatabaei BE (2002) Determination of relationship between HMW-GS and wheat baking quality through Electrophoresis. Iranian Journal of Agricultural Science 33: 535-542. (In Farsi).

Schwarz G, Felsenstein F, Wenzel G (2004) Development and validation of a PCR-based marker assay for negative selection of the HMW glutenin allele Glu-B1-1d (Bx-6) in wheat. Theoretical and Applied Genetics 109:1064-1069.

Shewry PR, Halford NG (2002) Cereal seed storage proteins: structures, properties and role in grain utilization. Journal of Experimental Botany 53:947-958.

Smith RL, Schweder M, Barnett R (1994) Identification of glutenin alleles in wheat and triticale using PCR-generated DNA markers. Crop Science 34:1373-1378.

(2011) Characteristics of common wheat cultivars of West Siberia carrying the wheat-rye 1RS.1BL translocation. Russian Journal of Genetics 47:13-18.
Zheng S, Byrne PF, Bai G, Shan X, Reid SD, Haley SD, Seabourn BW (2009) Association analysis reveals effects of wheat glutenin alleles and rye translocations on dough-mixing properties. Journal of Cereal Science 50:283-290.

Tabibzadeh N, Karimzadeh G, Naghavi M (2013) Distribution of 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat-rye translocations in Iranian wheat, using PCR based markers and SDS-PAGE. Cereal Research Communications 41:458-467.
Tohver M (2007) High molecular weight (HMW) glutenin subunit composition of some Nordic and Middle European wheats. Genetic Resources and Crop Evolution 54:67-81.
Trubacheeva N, Rosseeva L, Belan I, Osadchaya T, Kravtsova L, Kolmakov YV, Blokhina N, Pershina L