

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<sup>۱</sup> و نادیا بقایی<sup>۲</sup>

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. آلل‌های مختلف در مکان‌های ژنی کنترل‌کننده زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا در آن‌ها شناسایی و امتیاز ژنومی کیفیت برای هر یک تعیین شد. شصت درصد از ژنوتیپ‌ها امتیاز بالای کیفیت یعنی ۸ تا ۱۰ را دارا بودند. در ارقام سرخ تخم و کویر و لاین Kaus/Sorkhtokhm در مکان ژنی *Glu-D1* ترکیب آلی مشاهده شد که از نظر حرکت نسبی در ژل الکتروفورز ۱۰٪ رفتاری شبیه ۱۰+۲ داشت. این ترکیب آلی در این تحقیق با نام \*۱+۱/۲ مشخص شد. با توجه به این که مواد موجود در خزانه دورگ گیری گندم اقلیم‌های معتدل و سرد کشور بر اساس خصوصیات مختلف غیر از ژنوتیپ گلوتنین‌های سنگین به ۱۷ گروه تقسیم شده‌اند، نتایج این تحقیق تعدادی ژنوتیپ برتر از نظر امتیاز زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا را در هر گروه مشخص کرد که می‌توان با استفاده از این ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های دورگ گیری احتمال تولید ژنوتیپ‌ها و نتایج با کیفیت نانوائی مطلوب را افزایش داد.

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

## 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، همولوژی ژنوم و ساختمان ژنتیکی مواد ژرم‌پلاسم استفاده می‌شود (Lafiandra *et al.*, 1993؛ Ciaffi *et al.*, 1992؛ Levy *et al.*, 1988؛ Patnak and Khurana, 2001).

در میان نشانگرهای پروتئینی، پروتئین‌های ذخیره بذر با سطح بالای تنوع در گونه‌های مختلف گندم کاربرد وسیعی در ارزیابی‌های مختلف ژنتیکی گندم پیدا کرده‌اند. پروتئین‌های ذخیره بذر شامل دو گروه از پروتئین‌ها شامل گلیادین‌ها و گلوتنین‌ها هستند. گلیادین‌ها مخلوط پیچیده‌ای از پلی‌پپتیدهای مونومر هستند. این پروتئین‌ها در pH اسیدی براساس تحرک الکتروفورزی خود به گلیادین‌های  $\alpha$ ،  $\beta$ ،  $\gamma$  و  $\omega$  تقسیم می‌شوند (Bushuk and Zilman, 1978). هر یک از این گروه‌ها خود شامل چندین جزء هستند که توسط ژن‌هایی که روی بازوی کوتاه گروه‌های ۱ و ۶ کروموزوم‌های همیولوگ (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 آلی این بلوک‌ها توسط محققین مختلف تعیین شده است (Metakovsky *et al.*, 1984؛ Sozinov and Poperelya, 1982).

گلوتنین‌ها یک گروه ناهمگون از پروتئین‌های ذخیره بذر هستند. آن‌ها چند زنجیره‌ای بوده و به زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی سنگین (High Molecular Weight: HMW) و زیرواحدهای گلوتوتین 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 هگزاپلوئید، و بر روی 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* هیچ‌گاه

شاخص کلیدی و ارزشمند استفاده می‌شود. ارتباط زیرواحدهای گلوٲین‌های سنگین با خواص تکنولوژیک آرد و پخت نان در گندم‌های هگزاپلوئید (*Triticum aestivum* L.) توسط محققین زیادی گزارش شده است (Morris, 1998؛ Ahmad *et al.*, 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 آلی این زیرواحدها فراهم شده است. این روش امتیازدهی بر اساس تاثیر هر آلل / ترکیب آلی در ارتفاع حجم رسوب SDS (که یک شاخص مناسب ارزیابی کیفیت و قدرت گلوٲن 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 ذخیره بذریه به عنوان شاخص‌های ژنتیکی کیفیت آرد و پخت نان و ماکارونی در ارقام گندم تجارتي پیشنهاد و معمول شده است (Najafian and Abde-Mishani, 1995؛ Tohid-Far, 1996؛ Aghae, 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

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 باندي در ژل الکتروفورز مشاهده نمی‌شود. در مکان ژنی *Glu-B1* ژن هر دو زیرواحد و یا فقط زیرواحد X بیان می‌شود. در مکان ژنی *Glu-D1* ژن هر دو زیرواحد X و Y بیان می‌شوند (Payne *et al.*, 1981). گلوٲین‌های سبک توسط مکان‌های ژنی که بر روی 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 آلی در هر مکان ژنی منجر به ایجاد روش نامگذاری برای تشخیص آلل‌های مختلف در مکان‌های ژنی گلایدین‌ها و گلوٲین‌ها شده است (Metakovsky *et al.*, 1984؛ Payne and Lawrence, 1983؛ Ruiz and Carrillo, 1993).

یکی از ویژگی‌های مهم پروتئین‌های ذخیره بذریه، نقش آن‌ها در تعیین کیفیت آرد و پخت نان و ماکارونی در ارقام گندم تجارتي است. امروزه به خوبی مشخص شده است که تنوع در میزان و نوع پروتئین‌های ذخیره بذریه مسئول تفاوت‌های موجود در ارقام مختلف گندم‌های تجارتي از نظر کیفیت و خواص غذایی آرد است، بنابراین در برنامه‌های به‌نژادی کیفیت گندم، از پروتئین‌های ذخیره بذریه به عنوان یک

*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 ژنوتیپ های برتر برای استفاده به عنوان والد های با کیفیت مناسب می باشد.

#### مواد و روش ها

در این تحقیق ۱۸۳ لاین و رقم گندم مربوط به خزانه مورد استفاده در دورگ گیری در برنامه های به نژادی اقلیم های سرد و معتدل بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در سال زراعی ۸۶-۱۳۸۵ مورد بررسی الکتروفورزی با روش SDS-PAGE قرار گرفتند. در این تحقیق تنوع آللی در مکان های 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 گلو تین ها برای الکتروفورز مورد استفاده قرار گرفتند. مطابق با روش نامگذاری ارائه شده توسط پاین و لاورنس (Payne and Lawrence, 1983) ژنوتیپ زیر واحدهای گلو تین سنگین (HMW) و امتیاز کیفیت هر لاین بر اساس مجموع امتیازات مکان های ژنی سه گانه 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 زیر واحد \*۲ که از

کیفیت نانوائی (کیفیت تکنولوژیک) در گندم های نان و نیز کیفیت محصولات حاصل از گندم های دوروم به صورت صددرصد با استفاده از تنوع ژنتیکی پروتئین های ذخیره ای دانه قابل توجه و توصیف نیست، اما با توجه به رابطه قوی برخی از ترکیبات آللی، به خصوص در زیر واحدهای گلو تین دارای وزن مولکولی بالا، با صفات مهم کیفی می توان با انتخاب والدین دارای این ترکیبات با امتیاز کیفیت بالا در برنامه های دورگ گیری و به نژادی احتمال ایجاد نتاج با کیفیت نهایی مطلوب را افزایش داد. از این ابزار کمکی هم اکنون در برنامه های به نژادی گندم داخل کشور استفاده می شود (Najafian et al., 2008). در یک بررسی با مطالعه تعداد ۳۰۱ لاین به نژادی متعلق به برنامه های به نژادی بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، در اقلیم های معتدل، سرد، گرم شمال و گرم جنوب و نیز برنامه تولید لاین های دابل هاپلوئید بخش، ژنوتیپ زیر واحدهای گلو تین با وزن مولکولی بالا مشخص شده و فراوانی آلل های مطلوب و غیر مطلوب مورد تحلیل قرار گرفت (نجفیان، گزارش منتشر نشده). فراوانی های مشخص شده امکان تحلیل روند اصلاح کیفیت نانوائی را در ژرم پلاسما مورد بررسی در برنامه های به نژادی مربوطه فراهم می کند.

هدف از اجرای این تحقیق تعیین ژنوتیپ های الکتروفورزی زیر واحدهای گلو تین سنگین در سه مکان ژنی *Glu-A1*،

۷+۸، ۷+۹ و ۱۷+۱۸ 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 هاپلوئید 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 می‌شود

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 ۲+۱۲ 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 پلی‌آکریلاماید در حضور اوره است (Bushuk and Zilman, 1978). برای ارزیابی وضعیت کلی آلل‌های زیرواحد‌های گلوٲتین 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 دورگ گیری بر اساس خصوصیات مختلف در هفده گروه دسته‌بندی شده‌اند (جدول ۱).

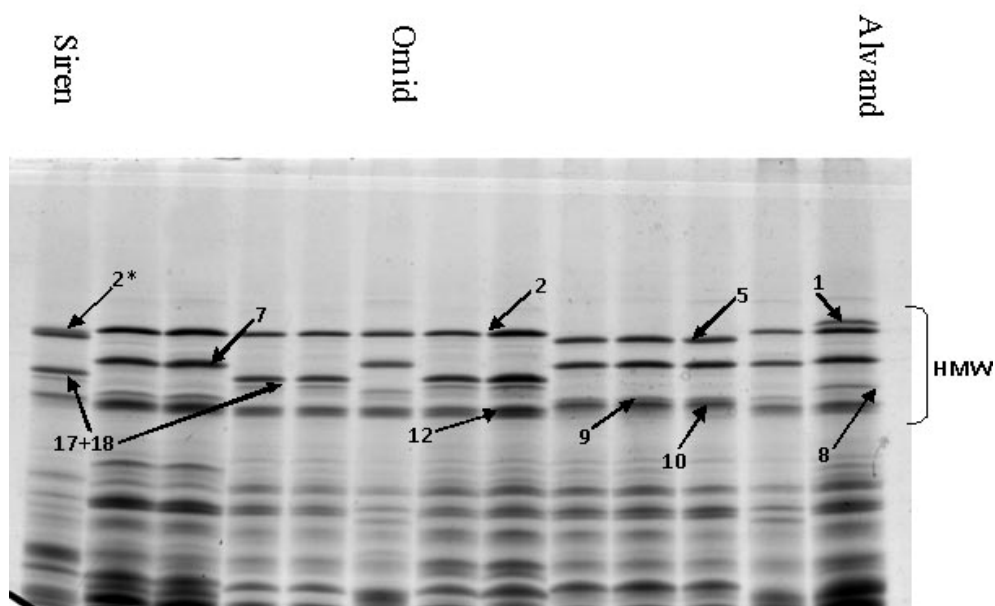
تصویر یک نمونه ژل پلی‌آکریلاماید ۱۰٪ حاصل از روش SDS-PAGE در شکل ۱ نشان داده شده است. در این تحقیق سه رقم شاهد الوند، امید و Siren برای افزایش دقت در شناسایی باندهای گلوٲتین دارای وزن مولکولی بالا مورد استفاده قرار گرفتند. در این شکل تنوع آللی موجود در مکان‌های ژنی سه گانه به خوبی مشخص است و باندهای ۱، \*۲، ۵+۱۰، ۲+۱۲،

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 تجاری 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	ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری زنگ قهوه ای	98-102
8	Genotypes with resistance to barley yellow dwarf virus	ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری ویروسی کوتولگی زرد جو	103-105
9	Drought tolerant Genotypes	ژنوتیپ‌های متحمل به خشکی	106-117
10	Salt tolerant Genotypes	ژنوتیپ‌های متحمل به شوری	118-129
11	Genotypes with good grain quality	ژنوتیپ‌های با کیفیت نانوايي خوب	130-132
12	Genotypes with large heads	ژنوتیپ‌های با سنبله بلند	133-137
13	Genotypes with good tillering capacity	ژنوتیپ‌های پر پنجه	138-144
14	Shattering resistant Genotypes	ژنوتیپ‌های متحمل به ریزش دانه	145-147
15	Genotypes with good combining ability	ژنوتیپ‌های با ترکیب پذیری خوب	148-155
16	High yielding Genotypes/varieties	ژنوتیپ‌های با پتانسیل عملکرد بالا	156-177
17	Local land races tolerant to drought	ژنوتیپ‌های بومی متحمل به خشکی	178-182

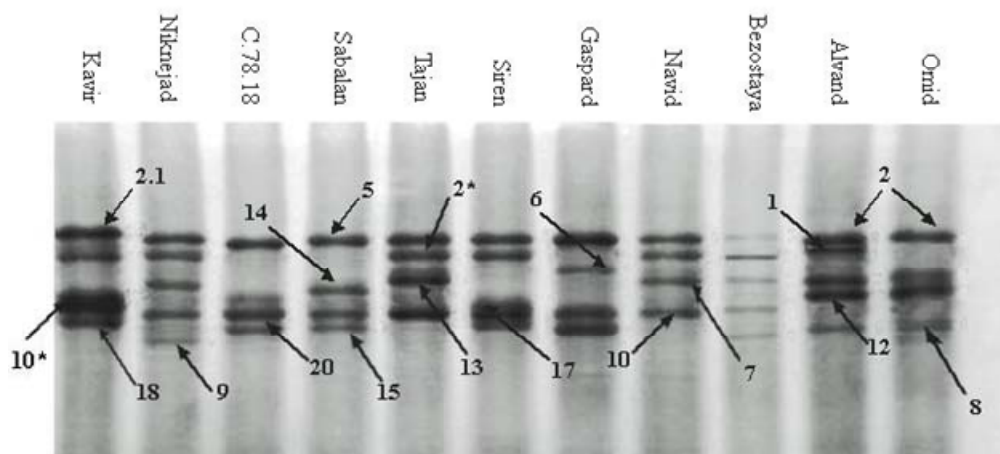
مطلوب و ضعیف برای این نسبت‌ها از مواد بررسی شده از نظر ژنوتیپ زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا است. تعداد و فراوانی ترکیبات آللی زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا در لاین‌ها و

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



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

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

توصیه می‌شود، در صورت وجود ژنوتیپ جایگزین برای صفات دیگر، برای دورگ گیری از آن‌ها استفاده نشود. در ۱ درصد از ژنوتیپ‌ها (دو مورد) آلل ۱۴+۱۵ مشاهده شد (جدول ۳). برتری ترکیبات ۱۷+۱۸، ۱۳+۱۶ و ۷+۸ 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؛ Haghparast et al., 2009؛ Najafian et al., 1997؛ Nikooseresht et al., 2009).

در مکان ژنی *Glu-D1* دو ترکیب آللی ۵+۱۰ و ۲+۱۲ 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 ۴+۱۲ و ۲+۱۰ هر کدام به ترتیب در یک و ۳ مورد مشاهده شدند البته ترکیب ۲+۱۰\* 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 ۵+۱۰ نسبت به ۲+۱۲ گزارش‌های زیادی وجود دارد. متأسفانه در ژنوتیپ‌های مورد بررسی همان‌طوری

ارقام مورد بررسی در جدول ۳ ارائه شده‌اند. همان‌طوری که جدول ۳ نشان می‌دهد، در مکان ژنی *Glu-A1* آلل‌های نول، ۲\* و ۱ به ترتیب دارای فراوانی‌های 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 دورگ گیری‌ها به این موضوع توجه شود. برتری آلل‌های ۱ و ۲\* نسبت به آلل نول در تحقیقات زیادی گزارش شده است (Payne et al., 1984؛ Najafian et al., 1997؛ 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 ۱۷+۱۸، ۱۳+۱۶ و ۷+۸ 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 ۷+۹ 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 ۶+۸ 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 ۶+۸) در ژنوم B نشان دادند که



جدول ۲- ژنوتیپ زیرواحدهای گلوٹنین سنگین، امتیازهای آلی 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 آلی	امتیاز ژنوم
		<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>	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

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

No.	Name/Parentage	Gene locus مکان ژنی			امتیاز آلی Allelic score	امتیاز ژنوم Genome score
		<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>		
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

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

No.	Name/Parentage	مکان ژنی Gene locus			امتیاز آلی	امتیاز ژنوم
		<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>	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

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

No.	Name/Parentage	Gene locus مکان ژنی			امتیاز آللی	امتیاز ژنوم
		<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>	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

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

No.	Name/Parentage	Gene locus مکان ژنی			امتیاز آلی	امتیاز ژنوم
		<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>	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 نشان دهنده 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*.

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

بررسی شده

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

	Gene locus													
	<i>Glu-A1</i>			<i>Glu-B1</i>						<i>Glu-D1</i>				
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

نیک نژاد، اترک و تعجن 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.

از گروه هفتم (لاین‌های متحمل به بیماری زنگ قهوه‌ای) ژنوتیپ‌های شماره ۹۹ و ۱۰۰ ارجحیت دارند.

از گروه هشتم (لاین‌های متحمل به بیماری

که ملاحظه شد فراوانی ترکیب ۲+۱۲ 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 ۵+۱۰ است و با در نظر گرفتن نقش بیشتر و مشخص تر این ژنوم در کیفیت نانوایی بایستی در انتخاب لاین‌های والدینی برای ایجاد جوامع اصلاحی دقت کرد و حتی الامکان ژنوتیپ‌هایی را که دارای ترکیب ۵+۱۰ هستند برگزید.

جدول ۱ لاین‌ها و ارقام خزانه دورگ گیری 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 گلو تین دارای وزن مولکولی بالا به منظور استفاده در دورگ گیری می‌توان به صورت زیر پیشنهاداتی انجام داد:

از گروه ۱ (ارقام تجارتي) اگر چه تعداد قابل توجهی دارای امتیاز ژنوم ۸ هستند ولی ارقام بزوستایا، برکت، رسول، مارون، چناب، فلات،

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 میثانی (Najafian and Abde-Mishani, 1995) در رقم سرخ تخم مشاهده و در بررسی موضوع با مشخص کردن آن با نام \*۱۰+۱/۲ همانند آللی قلمداد شد که لاگودا و همکاران (Laguda et al., 1987) در گندم‌های افغانستان مشاهده کرده بودند. در این جا 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 12\*\*\*+2 گزارش شده است. به دلیل عدم مطالعه این

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 و بزرگ) 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 شماره‌های ۱۴۹، ۱۵۱، ۱۵۲، ۱۵۳ و ۱۵۵ امتیاز ژنوم بیشتری داشتند.

از گروه شانزدهم (ژنوتیپ‌های با پتانسیل

برای اقلیم‌های معتدل و سرد 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.

باند برای تأثیر آن در ارتقاء کیفیت امتیاز آلی 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

## 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 9<sup>th</sup> 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 2<sup>nd</sup> 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 6<sup>th</sup> Iranian 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.
- Haghparsat, 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).



- 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 Afghanistan. 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 9<sup>th</sup> 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 commercial cultivars of wheat and their HMW glutenin subunits composition. Proceedings of the 11<sup>th</sup> 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).

- 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 Popereleya, 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.