دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

ارزیابی کیفیت نانوایی ارقام گندم نان ایرانی با استفاده از زیرواحدهای سنگین گلوتنین

مریم شاداده[۱]، محمدهادی پهلوانی[۲]، خلیل زینلی‌نژاد[۳]، محسن اسماعیل‌زاده مقدم [۴] و سعید باقری‌کیا[۵]

۱، ۲ و ۳- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، دانشیار و استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ایران
۴- دانشیار مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۵- استادیار بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران.
(نویسنده مسوول: s.bagherikia@gmail.com)

تاریخ دریافت: ۹۹/۱/۱۵ تاریخ پذیرش: ۹۹/۵/۱۱
صفحه: ۱۵۱ تا ۱۶۰

چکیده

بهبود کیفیت نانوایی یکی از مهم‌ترین اهداف اصلاحی گندم نان است و ترکیبات زیرواحدهای سنگین گلوتنین نقش کلیدی در ارزش نانوایی دارند. در تحقیق حاضر ترکیب زیرواحدهای سنگین گلوتنین و امتیاز کیفی تعداد ٤١ رقم گندم نان تجاری ایران با استفاده از نه جفت نشانگر اختصاصی STS تعیین شد. بر اساس نتایج به استثنای دو رقم اروند و روشن که ارزش نانوایی متوسطی داشتند (امتیاز کیفی ٦)، ارزش نانوایی سایر ارقام، مطلوب ارزیابی شد (امتیاز کیفی بین ۸ تا ۱۰). در مکان‌های ژنی مختلف ۱۱ آلل شناسایی شدند که سه آلل مربوط به *Glu-A1*، شش آلل مربوط به *Glu-B1* و دو آلل مربوط به *Glu-D1* بود. بالاترین فراوانی در مکان ژنی *Glu-A1* مربوط به آلل *۲ (۷۰/۷۳ درصد)، در مکان ژنی *Glu-B1* مربوط به آلل ۸+۷ (٥٣/٦٦ درصد) و در مکان ژنی *Glu-D1* مربوط به آلل ۱۲+۲ (۵۱/۲۲ درصد) بود. از میان ۱۵ ترکیب منحصر به فرد به‌دست‌آمده ترکیب ۱۲+۲، ۸+۷، *۲ (٢٦/٨٣ درصد) با امتیاز کیفی ۸ رایج‌ترین ترکیب زیرواحدهای سنگین گلوتنین بود. مجموعه نشانگرهای استفاده‌شده در این پژوهش امکان شناسایی تمامی زیرواحدهای معمول سنگین گلوتنین در ارقام گندم ایرانی را فراهم آورد و به‌عنوان روشی دقیق و مطمئن برای جایگزینی تکنیک SDS-PAGE قابل استفاده می‌باشند.

واژه‌های کلیدی: ارزش نانوایی، گلوتنین، گندم نان، نشانگر STS

مقدمه

حدود ۹۵ درصد گندم تولیدشده در جهان از نوع نان (*Triticum aestivum* L.) بوده و تنها ۵ درصد گندم دوروم است (۲۸). در ایران گندم مهم‌ترین ماده غذایی روزانه مردم است و نقش عمده‌ای در تأمین انرژی و پروتئین مورد نیاز مردم به عهده دارد (۱۶). در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶، سطح زیرکشت گندم در کل کشور حدود ۵/۴ میلیون هکتار برآورد شده که معادل ۷۱ درصد از کل سطح غلات کشور بوده است. همچنین میزان تولید گندم کشور حدود ۱۳/۳ میلیون تن برآورد شده که معادل ۶۵ درصد از کل تولید غلات کشور بوده است (۲). تحقیقات مربوط به کیفیت نانوایی گندم از آنجایی اهمیت می‌یابد که بهبود کیفیت نانوایی خود یکی از روش‌های افزایش بهره‌وری در تولید گندم است (۲۵). گلوتنین‌ها به‌وسیله ژن‌های کروموزوم‌های همیولوگ گروه یک کد می‌شوند. گلوتنین به‌لحاظ وزن مولکولی به دو دسته زیرواحدهای سنگین (HMW-GS) و زیرواحدهای سبک (LMW-GS) تقسیم می‌شوند (۱۵). اگرچه زیرواحدهای سنگین گلوتنین سهم کمتری از پروتئین‌های ذخیره‌ای را تشکیل می‌دهند با این حال، این زیرواحدهای سنگین تأثیر بیشتری روی کیفیت نانوایی می‌گذارند (۳۶). زیرواحدهای گلوتنین سنگین گندم نان توسط ژن‌های مستقر در مکان‌های ژنی *Glu-A1*، *Glu-B1* و *Glu-D1*، کنترل می‌شوند که به‌ترتیب روی بازوی بلند کروموزوم‌های 1A، 1B و 1D مستقر هستند (۱۲،۱۳،۲۶). تنوع آللی در این مکان‌های ژنی، مسئول اختلافات ارقام مختلف از لحاظ خواص کیفی آرد و پخت نان می‌باشد (۵،۴۰). هر مکان ژنی شامل دو آلل است، یک آلل (X) زیرواحد با حرکت کندتر را کنترل می‌کند و آلل دیگر (Y) زیرواحدی که حرکت سریع‌تری دارد را کنترل می‌کند (۲۶).

با ایجاد روش ارزیابی کیفیت بر اساس تعیین امتیاز هر یک از آلل‌ها در مکان‌های ژنی، امکان تعیین ارزش کیفی هر رقم بر اساس ترکیبات آللی این زیرواحدها فراهم شده است. این روش امتیازدهی بر اساس تأثیر هر آلل بر ترکیب آللی در لاین‌های ایزوژن ابداع شده است و به‌دلیل اثر افزایشی آلل‌ها می‌توان مجموع امتیازات را برای ارزیابی امتیاز کیفیت یک ژنوتیپ محاسبه نمود (۲۷). نشانگر STS، توالی منحصربه‌فرد و کوتاهی است که مکان ویژه‌ای را مشخص می نماید. هر جایگاه STS با یک جفت نشانگر PCR تکثیر می‌شود. نشانگرهای STS بر اساس جایگاه‌های توالی‌یابی شده طراحی می‌شوند و ابزار مناسبی در اصلاح مولکولی گندم به شمار می‌آیند (۳۴). تنوع آللی و ترکیب زیرواحدهای سنگین گلوتنین برای تعیین ارزش نانوایی ارقام گندم با استفاده از

تکنیک SDS-PAGE و پس از استخراج پروتئین‌های ذخیره‌ای آندوسپرم انجام گرفته است. از مزایای کاربرد نشانگرهای اختصاصی STS نسبت به تکنیک SDS-PAGE، تعیین ارزش کیفی ژنوتیپ‌ها در مرحله گیاهچه‌ای، بدون نیاز به بذر است که موجب پرهیز از اتلاف وقت و تسریع در برنامه‌های اصلاحی گندم می‌شود. همچنین با توجه به تولید باندهای محدود، تفسیر نتایج حاصل از نشانگرهای اختصاصی STS بسیار آسان‌تر است و دیگر خطاهای موجود در تشخیص آلل‌ها از روی الگوی باندهای پروتئینی مطرح نیست (۳۵،۲۲). در همین راستا در مطالعه احمد (۲۰۰۰) ارتباط بین زیرواحدهای سنگین گلوتنین و کیفیت نانوایی با استفاده از سه جفت نشانگر STS مشخص گردید که زیرواحدهای سنگین گلوتنین با قدرت گلوتن در ارتباط است و بخشی از تنوع بین ارقام را می‌توان به ترکیب‌بندی زیرواحدهای گلوتنین نسبت داد (۱). در مطالعه‌ای دیگر به‌منظور غربالگری ۴۰ نتاج نسل F2 حاصل از تلاقی‌های انجام‌شده در برنامه اصلاحی اقلیم معتدل کشور جهت شناسایی یکی از ترکیب‌های آللی که حداکثر امتیاز کیفی را دارد (*۲، ۱۸+۱۷ و ۱۰+۵)، از نشانگرهای STS استفاده شد که ۱۲ نتاج ترکیب مذکور را داشتند (۲۳). در مطالعه زمانی و همکاران (۳۹) نیز به‌منظور شناسایی لاین‌های موتانت دارای کیفیت برتر از والد، دو جفت نشانگر STS مرتبط با زیرواحدهای ۱۰+۵ و ۱۲+۲ در مکان ژنی *Glu-D1* مورد استفاده قرار گرفت. هر چند تنوع آللی و ترکیب زیرواحدهای سنگین گلوتنین در برخی ارقام گندم نان ایرانی در سطح پروتئین مشخص شده است (۳۲،۲۴،۱۰،۱۲). اما گزارشات کمتری در مورد تنوع و ترکیب آللی ارقام در سطح DNA با استفاده نشانگرهای اختصاصی وجود دارد (۱۴،۲۲). از این رو هدف از این پژوهش آنالیز ارزش نانوایی و تعیین ترکیب آللی گلوتنین سنگین در ارقام گندم نان تجاری ایران با استفاده از نشانگرهای اختصاصی STS و شناسایی ارقامی با کیفیت بالا بود.

مواد و روش‌ها

موادگیاهی و کشت گیاهان

بذور مورد استفاده در این پژوهش شامل دو دسته از مواد ژنتیکی گندم نان، شامل ۴۱ رقم تجاری گندم نان ایران به‌همراه شش رقم شاهد بودند که از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شدند (جدول ۱). شش رقم شاهد شامل بهاره چینی (۱۲+۲؛ ۸+۷؛ N)، تجن (۱۰+۵؛ ۱۶+۱۳؛ *۲)، داراب ۲ (۱۲+۲؛ ۱۸+۱۷؛ *۲)، بزوستایا (۱۰+۵؛ ۹+۷؛ *۲)، مارون (۱۰+۵؛ ۸+۷؛ ۱) و گاسپارد (۱۰+۵؛ ۸+۶؛ N) بودند که ترکیبات آللی آن‌ها شناخته شده‌اند. این ارقام دارای آلل‌های غالب و موجود در ارقام گندم ایرانی هستند و با استفاده از آن‌ها باندهای مربوط به هریک از آلل‌ها به‌راحتی قابل تشخیص است (۲۴،۶).

استخراج DNA و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)

بررسی‌های مولکولی در آزمایشگاه ژنومیکس گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان انجام شد. استخراج DNA ژنومی از برگ‌های سبز و جوان گیاه (در مرحله چهاربرگی) با استفاده از روش CTAB با اندکی تغییر انجام شد (۸). نشانگرهای مورد استفاده در این پژوهش شامل نه جفت نشانگر STS بود که مشخصات آن‌ها در جدول ۲ آمده است. نشانگرها توسط شرکت Metabion آلمان سنتز و تهیه گردید. به‌منظور تمایز زیرواحدهای ۸+۷ و ۸+۶ برخی واکنش‌های PCR شامل نشانگرهای bx7-f/r با ZSBy8F5/R5 و نیز ZSBy8F5/R5 با P5/P6 به‌صورت چندگانه (Multiplex PCR) انجام شد (شکل‌های ۱ و ۲). از آن‌جایی‌که تنها حالت ترکیب آلل ۱۷ با آلل ۱۸ (۱۸+۱۷) و تنها حالت ترکیب آلل ۱۶ با آلل ۱۳ (۱۶+۱۳) می‌باشد، تأیید هریک از آلل‌های ۱۷ و ۱۶ به‌ترتیب به منزله وجود ترکیب ۱۸+۱۷ و ۱۶+۱۳ در نظر گرفته شد. واکنش‌های PCR در دستگاه ترموسایکلر دارای شیب دمایی و ساخت شرکت Labcycler (آلمان)، انجام گرفت. هر واکنش در حجم ۱۵ میکرولیتر، شامل ۷/۵ میکرولیتر مسترمیکس، ۱ میکرولیتر از هر نشانگر (با غلظت ۱۰ پیکومول) به‌همراه ۵۰ نانوگرم از DNA ژنومی تهیه شد. مسترمیکس استفاده شده با نام تجاری *Taq* DNA Polymerase Master Mix Red|Ampliqon از شرکت پیشگام تهیه شده بود و حاوی کلرید منیزیم ۳ میلی‌مولار، مخلوط نوکلئوتیدی ۰/۴ میلی‌مولار و ۰/۲ واحد بر میکرولیتر آنزیم *Taq* پلیمراز بود. واکنش‌های PCR تحت شرایط دمایی ۹۵ درجه سلسیوس برای واسرشت‌سازی ابتدایی به‌مدت ۵ دقیقه و به‌دنبال آن ۳۵ چرخه شاملِ واسرشت‌سازی در ۹۴ درجه سلسیوس به‌مدت یک دقیقه، اتصال نشانگرها در دامنه دمایی ۵۵ تا ۶۴ درجه سلسیوس (بسته به نشانگر، جدول ۲) به‌مدت ۴۵ ثانیه، بسط نشانگرها در ۷۲ درجه سلسیوس در مدت ۳۰ ثانیه تا دو دقیقه (بسته به طول تکثیری) انجام شد و در نهایت بسط نهایی در ۷۲ درجه سلسیوس به‌مدت پنج دقیقه انجام گرفت. محصولات PCR روی ژل آگارز ۱/۴ درصد در بافر TAE و در ولتاژ ۸۰ الکتروفورز شدند و سپس با اشعه UV در دستگاه ژل داک قابل رویت شدند.

تجزیه و تحلیل داده‌ها

ارزش کیفی هر رقم بر اساس ترکیبات آللی زیرواحدها بر اساس روش پاین و همکاران (۲۷) تعیین شد (جدول ۳) و آمار توصیفی با استفاه از نرم‌افزار SAS 9.3 (۲۹) انجام شد.

جدول ۱- مشخصات ارقام گندم نان ایرانی مورد استفاده در این پژوهش

Table 1. Information of Iranian bread wheat cultivars used in this study

شماره	رقم	سال معرفی	شجره
۱	نیشابور	۱۹۹۹	Tob//Cno/Sx/12300/3/31-1-63
۲	شیرودی	۱۹۹۷	Attila, CM85836-4Y-OM-OY-8M-OY-OPZ
۳	پیشتاز	۲۰۰۲	Alvand//Aldan/Ias58
۴	افلاک	۲۰۱۰	HD160/5/Tob/ Cno / 23854 /3/ Nai60//Tit/ Son64 /4/LR/ Son64
۵	رسول	۱۹۹۲	Veery"s"=Kvz/Buho"s"//Kal/Bb
۶	اروند	۱۹۷۳	Rsh(Mt-Ky*My48)
۷	اترک	۱۹۹۵	Kauz"s"-CIMMYT, Mexico
۸	آزادی	۱۹۷۹	Mexp*(4820*1-32-15409)
۹	هیرمند	۱۹۹۱	Tar//Cfn//4/Byt"jup"s/3/Sr70
۱۰	گلستان	۱۹۸۶	Alondra "s", Mexico
۱۱	چمران ۲	۲۰۱۳	Attila50y// Attila/ra
۱۲	البرز	۱۹۷۸	Fn-Md*K117A/Cofn2(Son64-K1.Rend/Cno"s"LR642-Son64)CM-2182
۱۳	دز	۲۰۰۲	Kauz*2/Opata//Kauz
۱۴	مغان ۳	۲۰۰۶	Luan/3/V763.23/V879.C8//Pvn/4/Picus Opata/5/
۱۵	سیوند	۲۰۰۹	Kauz "s"*Azd
۱۶	شیراز	۲۰۰۲	Azd/3/"Ald"s//Gv/D630
۱۷	مروارید	۲۰۰۹	Milan/ Sha7
۱۸	بم	۲۰۰۶	Vee"s"/Nac//1-66-22
۱۹	روشن	۱۹۵۸	Landrace from Isfahan, Iran
۲۰	دریا	۲۰۰۶	CHIL/SHA 4
۲۱	افق	۲۰۱۲	Attila/ GF-gy54
۲۲	بهار	۲۰۰۷	M-79-7= Bloyka (ICW84-0008-013AP-300L-3AP-300L)
۲۳	سیروان	۲۰۱۱	PRL/2*PASTOR
۲۴	چمران	۱۹۹۷	Attila, CM85836-50Y-OM-OY-3M-OY
۲۵	فلات	۱۹۹۰	KVZ/Buho"s"//Kal/Bb=seri82

ادامه جدول ۱- مشخصات ارقام گندم نان ایرانی مورد استفاده در این پژوهش

Continued Table 1. Information of Iranian bread wheat cultivars used in this study

شماره	رقم	سال معرفی	شجره
۲۶	ارگ	۲۰۰۹	1-66-22/ Inia
۲۷	مغان ۲	۱۹۷۴	Choti Lerma, landrace from India
۲۸	کویر	۱۹۹۷	Jit716/Kall//V534/3/Stm
۲۹	استار	۱۹۹۵	Mexico (LFN/SDY//PVN"S")
۳۰	پارسی	۲۰۰۹	Dove"S"/Buc"S"
۳۱	گنبد	۲۰۱۳	ATRAK/WANG-SHUI-BAI
۳۲	مغان ۱	۱۹۷۳	LR-N10B*An3E
۳۳	سپاهان	۲۰۰۶	(Azd/5/L2453/1347/4/KaI//Bb/KaI/3/Au//Y50E/KaI*3)
۳۴	نیک نژاد	۱۹۹۵	"Crow/"S/-71 F134
۳۵	ویری‌ناک	۱۹۹۵	Veery/Nacozari
۳۶	اینیا	۱۹۶۸	LR64/SN64
۳۷	مرودشت	۱۹۹۹	Bloudan//Azadi/HD2172
۳۸	کاوه	۱۹۸۰	Fta-P1
۳۹	آرتا	۲۰۰۶	CIMMYT
۴۰	قدس	۱۹۸۹	Omid//Kal/Bb/6/Ptr/3/Fn//2*k54/Nor10/4/Wt/5/Rsh
۴۱	سیستان	۲۰۰۶	"Bank"s"/Vee"s
۴۲	تجن	۱۹۹۵	Bow"s"/Nkt"s"(CM67428-GM-LR-5M-3R-LB-Y), CIMMYT, Mexico
۴۳	داراب ۲	۱۹۹۵	Maya"S"/Nac
۴۴	بزوستایا	۱۹۶۹	Introduction cultivar, Russia
۴۵	مارون	۱۹۹۱	Avd*Pchu((28mt54A*N10-Brv21-1c/Kt54B) Nar59,1093))7c
۴۶	گاسپارد	۱۹۹۴	Introduction Cultivar, France
۴۷	بهاره چینی	بسیار قدیمی	A standard cultivar for wheat genetic research

جدول ۲- مشخصات نشانگرهای STS مورد استفاده در این پژوهش

Table 2.Characteristics of STS markers used in this study

نام نشانگر	توالی (۵' → ۳')	طول باند و آلل تکثیر شده	دمای اتصال (°C)	منبع
UMN19	**F:** CGAGACAATATGAGCAGCAAG **R:** CTGCCATGGAGAAGTTGGA	Ax1 (362 bp) Ax2 (344 bp) Ax-null (Null)	۵۹/۵	۱۹
Bx	**F:** CGCAACAGCCAGGACAATT **R:** AGAGTTCTATCACTGCCTGGT	Bx17 (669 bp) nonBx17 (Null)	۵۸	۲۰
ZSBy9aF1/R3	**F:** TTCTCTGCATCAGTCAGGA R: AGAGAAGCTGTGTAATGCC	By9 (662 bp) nonBx9 (707 bp)	۵۵/۲	۱۸
bx7-f/r	**F:** CACTGAGATGGCTAAGCGCC **R:** GCCTTGGACGGCACCACAAGG	Bx6 (321 bp) nonBx6 (Null)	۶۴	۳۰
ZSBy8F5/R5	**R:** TTAGCGCTAAGTGCCGTCT **R:** TTGTCCTATTTGCTGCCCTT	By8 (527 bp) non By8 (Null)	۶۴	۱۸
ZSBy9F2/R2	**F:** GCAGTACCCAGCTTCTCAA **R:** CCTTGTCTTGTTTGTTGCC	By16 (3 fragment) non By16 (Null)	۶۲	۱۸
P5/P6	**F:** ATGGCTAAGCGCCTGGTCCT **R:**TGCCTGGTCGACAATGCGTCGCTG	Bx7 (2373 bp) non Bx7 (Null)	۶۴	۳
P3/P4	**F:** GTTGGCCGGTCGGCTGCCATG **R:** TGGAGAAGTTGGATAGTACC	Dy10 (576 bp) Dy12 (612)	۶۳/۵	۳۳
P1/P2	**F:** GCCTAGCAACCTTCACAATC **R:** GAAACCTGCTGCGGACAAG	Dx5 (450 bp) Dx2 (Null)	۶۳	۴

Null: عدم تکثیر باند

جدول ۳- امتیازهای کیفی مربوط به زیرواحدهای سنگین گلوتنین در هر مکان ژنی[≠]

Table 3. Quality scores related to high molecular weight glutenin subunits at each locus[≠]

مکان ژنی	زیرواحد	امتیاز کیفی
Glu-A1	2	3
	2*	3
	Null (N)	1
Glu-B1	7+8	3
	17+18	3
	13+16	3
	7+9	2
	6+8	1
	7	1
Glu-D1	5+10	4
	2+12	2

≠Payne *et al.*, 1987

نتایج و بحث

نتایج حاصل از الکتروفورز واکنش زنجیره‌ای پلیمراز برای نه جفت نشانگر STS مورد بررسی در این تحقیق، به‌منظور تشخیص زیرواحدهای مختلف گلوتنین سنگین در ارقام گندم نان تجاری ایران در جدول ۴ تنظیم شده است. به‌منظور تمایز زیرواحدهای ۸+۷ و ۸+۶ واکنش‌های PCR چندگانه برای نشانگرهای bx7-f/r با ZSBy8F5/R5 و نشانگرهای ZSBy8F5/R5 با P5/P6 انجام شد که الگوی نواری آن‌ها در شکل‌های ۱ و ۲ به نمایش در آمده است.

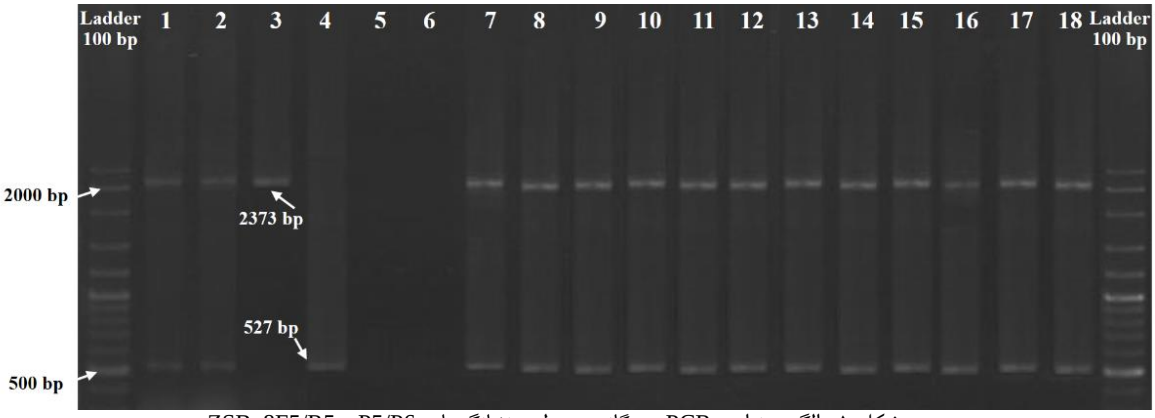
این نتایج نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی ارقام مورد مطالعه برای آلل‌های مرتبط با کیفیت نانوایی است. امتیاز کیفی ارقام بین ۶ تا ۱۰ محاسبه شد (جدول ۴).

بر اساس نتایج بدست آمده مشاهده گردید که به استثنای دو رقم اروند و روشن که ارزش نانوایی متوسطی داشتند (امتیاز کیفی ۶)، ارزش نانوایی سایر ارقام مطلوب ارزیابی شد (امتیاز کیفی بین ۸ تا ۱۰). بیش از نیمی از ارقام (۵۶ درصد) امتیاز کیفی ۸ و ۱۲ درصد ارقام دارای امتیاز کیفی ۹ را داشتند (شکل ۳). حداکثر امتیاز کیفی (۱۰) نیز در ۲۷ درصد ارقام مشاهده شد، این ارقام شامل آرتا، پارسی، چمران ۲، کاوه، مغان ۳، سیستان، اینیا، سیروان، گنبد، مروارید و نیشابور بودند (شکل ۳ و جدول ۴). از آن‌جایی‌که ارقام مورد مطالعه از ارقام تجاری ایران بودند و در معرفی ارقام اصلاح‌شده، کیفیت نانوایی به‌عنوان یکی از پارامترهای مهم لحاظ می‌گردد مشاهده این امتیاز بالا و ارزش مطلوب نانوایی، دور از انتظار نبود. در ارقام گندم رومانیایی نیز ۳۰ درصد ارقام حداکثر امتیاز را داشته‌اند (۷). وجود امتیاز کیفی ۸ در اکثر ارقام ایرانی در سایر مطالعات نیز تأیید شده است (۱۰،۶،۲۴). همچنین مهرآذر و همکاران (۲۲) با بررسی برخی ارقام گندم نان ایرانی نیز امتیاز کیفی ارقام را بین ۶ تا ۱۰ گزارش کردند. در مجموع ارقام ارزیابی‌شده در این پژوهش، تعداد ۱۱ رقم (شامل هیرمند، قدس، نیک‌نژاد، کویر، روشن، رسول، پیشتاز، استار، ویری‌ناک، اترک و شیراز) با مطالعه ایزانلو و همکاران (۱۴) اشتراک داشت که تنوع آللی در هشت رقم به صورت کامل مشابهت داشت و تنها سه رقم کویر، رسول و استار در برخی زیرواحدها با هم اختلاف داشتند.

جدول ۴- زیرواحدهای گلوتنین سنگین و امتیازهای کیفی ارقام گندم نان ایرانی

Table 4. High molecular weight glutenin subunits and quality scores in Iranian bread wheat cultivars

رقم	مکان ژنی					امتیاز کیفی (1A+1B+1D)	امتیاز کیفی کل
	1Ax	1Bx	1By	1Dx	1Dy		
آرتا	2*	7	8	5	10	3+3+4	10
پارسی	2*	7	8	5	10	3+3+4	10
چمران ۲	2*	7	8	5	10	3+3+4	10
کاوه	2*	7	8	5	10	3+3+4	10
مغان ۳	2*	7	8	5	10	3+3+4	10
سیستان	2*	17	18	5	10	3+3+4	10
اینیا	2*	13	16	5	10	3+3+4	10
سیروان	1	7	8	5	10	3+3+4	10
گنبد	1	7	8	5	10	3+3+4	10
مروارید	1	7	8	5	10	3+3+4	10
نیشابور	1	7	8	5	10	3+3+4	10
اترک	2*	7	9	5	10	3+2+4	9
نیک‌نژاد	2*	7	9	5	10	3+2+4	9
دریا	2*	7	9	5	10	3+2+4	9
رسول	1	7	9	5	10	3+2+4	9
فلات	1	7	9	5	10	3+2+4	9
ارگ	2*	6	8	5	10	3+1+4	8
افق	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
آزادی	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
بهار	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
پیشتاز	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
سیوند	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
شیراز	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
قدس	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
کویر	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
مرودشت	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
مغان ۱	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
استار	2*	7	8	2	12	3+3+2	8
بم	1	7	8	2	12	3+3+2	8
افلاک	1	17	18	2	12	3+3+2	8
البرز	2*	17	18	2	12	3+3+2	8
دز	2*	17	18	2	12	3+3+2	8
سپاهان	2*	17	18	2	12	3+3+2	8
مغان ۲	2*	17	18	2	12	3+3+2	8
هیرمند	2*	17	18	2	12	3+3+2	8
ویری‌ناک	2*	17	18	2	12	3+3+2	8
چمران	2*	7	-	5	10	3+1+4	8
شیروی	1	7	-	5	10	3+1+4	8
گلستان	N	17	18	5	10	1+3+4	8
اروند	N	7	8	2	12	1+3+2	6
روشن	N	7	8	2	12	1+3+2	6

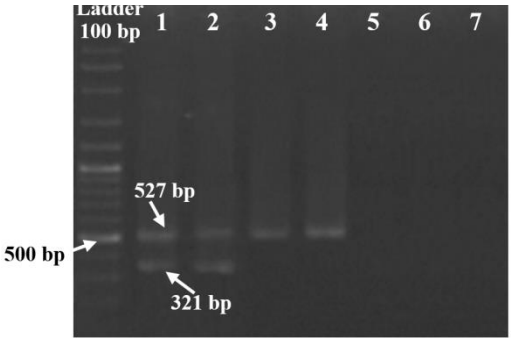


شکل ۱- الگوی نواری PCR چندگانه مربوط به نشانگرهای P5/P6 و ZSBy8F5/R5

۱- بهاره چینی، ۲- مارون، ۳- بزوستایا، ۴- گاسپارد، ۵- تجن، ۶- داراب۲ ، ۷- افق، ۸- آزادی، ۹- بهار، ۱۰- پیشتاز، ۱۱- سیوند، ۱۲- شیراز، ۱۳- قدس، ۱۴- کویر، ۱۵- مرودشت، ۱۶-مغان۱، ۱۷- استار، ۱۸- بم.

Figure 1. The band pattern of multiplex PCR related to P5 / P6 and ZSBy8F5/R5 markers

1- Chinese Spring, 2- Maroon, 3- Bezostaya, 4- Gaspard, 5- Tajan, 6- Darab 2, 7- Ofogh, 8- Azadi, 9- Bahar, 10- Pishtaz, 11- Sivand, 12- Shiraz, 13 - Quds, 14- Kavir, 15- Marvdasht, 16-Moghan 1, 17- Star, 18- Bam.

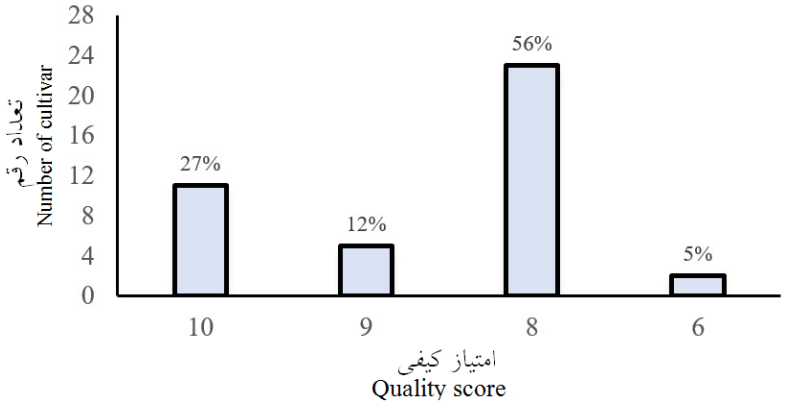


شکل ۲- الگوی نواری PCR چندگانه مربوط به نشانگرهای bx7-f/r و ZSBy8F5/R5

۱- گاسپارد، ۲- ارگ، ۳- بهاره چینی، ۴- مارون، ۵- تجن، ۶- چمران، ۷- شیرودی.

Figure 2. The band pattern of multiplex PCR related to bx7-f/r and ZSBy8F5/R5 markers

1- Gaspard, 2- Arg, 3- Chinese spring, 4- Maroon, 5- Tajan, 6- Chamran, 7- Shiroodi.



شکل ۳- توزیع فراوانی امتیاز کیفی در ارقام گندم نان ایرانی

Figure 3. Frequency distribution of quality score in Iranian bread wheat cultivars

جدول ۵- فراوانی آللی زیرواحدهای گلوتنین سنگین در هر یک از مکان‌های ژنی *Glu-1*

Table 5. Allelic frequency of high molecular weight glutenin subunits at each locus of *Glu-1*

مکان ژنی	زیرواحدها	فراوانی	درصد فراوانی نسبی
Glu-A1	۲	۹	۲۱/۹۵
	۲*	۲۹	۷۰/۷۳
	Null	۳	۷/۳۲
Glu-B1	۷+۸	۲۲	۵۳/۶۶
	۱۷+۱۸	۹	۲۱/۹۵
	۱۳+۱۶	۱	۲/۴۴
	۷+۹	۶	۱۴/۶۳
	۶+۸	۱	۲/۴۴
	۷	۲	۴/۸۸
Glu-D1	۵+۱۰	۲۰	۴۸/۷۸
	۲+۱۲	۲۱	۵۱/۲۲

در ارقام مورد مطالعه با استفاده نشانگرهای اختصاصی STS، ۱۱ آلل مختلف شناسایی شدند که سه آلل مربوط به مکان ژنی *Glu-A1*، شش آلل مربوط به مکان ژنی *Glu-B1* و دو آلل مربوط به مکان ژنی *Glu-D1* بود (جدول ۵). در مکان ژنی *Glu-A1* درصد فراوانی نسبی آللهای ۱، *۲ و نول به‌ترتیب معادل ۲۱/۹۵، ۷۰/۷۳ و ۷/۳۲ درصد بود (جدول ۵). با توجه به تجاری‌بودن ارقام مورد مطالعه فراوانی بیشتر آللهای با ارزشی مانند آللهای ۱، *۲ قابل انتظار بود زیرا آلل نول ارزش کیفی کمتری دارد و بیشتر در ژنوتیپ‌های بومی مشاهده می‌شود (۹). آلل *۲ باعث قدرت و ارتجاعیت بالای گلوتن و آلل ۱ نیز با قابلیت توسعه خمیر ارتباط مثبت دارد همچنین آلل نول در مکان ژنی *Glu-A1* اثر منفی و معنی‌داری روی کیفیت آرد دارد (۳۶). در مکان ژنی *Glu-B1* بیشترین درصد فراوانی در آللهای ۷+۸ (۵۳/۶۶ درصد) و ۱۸+ ۱۷ (۲۱/۹۵ درصد) مشاهده شد (جدول ۵). نتایج پژوهش حاضر با نتایج صیفی و همکاران (۳۱) که به مطالعه ۳۳ رقم و لاین گندم نان ایرانی پرداختند مطابقت داشت، آن‌ها گزارش کردند که بیشترین فراوانی در مکان ژنی *Glu-B1* مربوط به دو زیرواحد ۷+۸ (۴۸/۴ درصد) و ۱۸+ ۱۷ (۱۹ درصد) می‌باشد. همچنین در مطالعات دیگری نیز فراوانی بالای زیرواحد ۷+۸ در مکان ژنی *Glu-B1* در گندم‌های ایرانی تأیید شده است (۱۲،۱۰). در مکان ژنی *Glu-D1* درصد فراونی نسبی آللهای ۱۰+۵ (۴۸/۷۸) و ۱۲+۲ (۵۱/۲۲) تقریباً برابر بود (جدول ۵). در مطالعه دیگری قریشی و همکاران (۱۱) با بررسی ۲۵ رقم گندم نان، درصد فراونی نسبی آللهای ۱۰+۵ و ۱۲+۲ را به‌ترتیب ۴۰ و ۶۰ درصد گزارش کردند. زیرواحد ۱۰+۵ دارای بالاترین امتیاز کیفی در بین تمام زیرواحدهای سنگین گلوتنین شناسایی شده است و بالاترین تأثیر را در قدرت بالای خمیر و کیفیت خوب نانوایی دارد، در حالی‌که زیرواحد ۱۲+۲ با خواص بد و ضعیف نانوایی مرتبط است (۳۶،۲۱). فراوانی نسبی زیرواحد ۱۰+۵ در ارقام گندم نان کانادا و آمریکا به‌ترتیب ۱۰۰ و ۸۵ درصد گزارش شده است، اما در کشورهای اروپای شرقی تقریباً فراونی نسبی زیرواحدهای ۱۰+۵ و ۱۲+۲ برابر است (۳۸). با توجه به ارزش بالای زیرواحد ۱۰+۵ انتظار این است در برنامه‌های اصلاحی گندم به حضور این زیرواحد به‌صورت جدی توجه شود. عدم مشاهده فراوانی بالای زیرواحد ۱۰+۵ می‌تواند ناشی از دو عامل باشد. اول اینکه در برنامه‌های اصلاحی این زیرواحد به‌عنوان معیار گزینش ژنوتیپ‌ها مورد توجه قرار نگرفته است و عامل دوم را می‌توان به اثر جبرانی زیرواحدهای مطلوب مکان‌های ژنی *Glu-A1* (۱ و *۲) و *Glu-B1* (۷+۸، ۱۷+۱۸ و ۱۶+۱۳) مرتبط دانست به نحوی که برخی ارقام حتی با نداشتن زیرواحد ۱۰+۵ دارای کیفیت مطلوبی هستند (۱۴).

ترکیب زیرواحدهای به‌دست‌آمده شامل ۱۵ ترکیب منحصربه‌فرد بودند که از میان آن‌ها ترکیب‌های ۱۲+۲، ۸+۷، *۲ (۲۶/۸۳) و ۱۲+۲، ۱۸+۱۷، *۲ (۱۴/۶۳) با امتیاز کیفی ۸ و ترکیب ۱۰+۵، ۸+۷، *۲ (۱۲/۲۰) با امتیاز کیفی ۱۰ به‌ترتیب رایج‌ترین ترکیبات آللی بودند (جدول ۶). در مطالعه فاتحی و همکاران (۱۰) نیز ترکیب ۱۰+۵، ۸+۷، *۲ به‌عنوان یکی از ترکیب‌های رایج در گندم‌های نان ایرانی گزارش شد.

جدول ۶- انواع ترکیبات آللی زیرواحدهای گلوتنین سنگین در ارقام گندم نان ایرانی

Table 6. Types of allelic compounds of high molecular weight glutenin subunits in Iranian bread wheat cultivars

ترکیب آللی	ترکیب زیرواحدها			فراوانی	فراوانی نسبی (٪)	امتیاز کیفی
	1A	1B	1D			
۱	۲*	۷+۸	۵+۱۰	۵	۱۲/۲۰	۱۰
۲	۲*	۱۷+۱۸	۵+۱۰	۱	۲/۴۴	۱۰
۳	۲*	۱۳+۱۶	۵+۱۰	۱	۲/۴۴	۱۰
۴	۱	۷+۸	۵+۱۰	۴	۹/۷۶	۱۰
۵	۲*	۷+۹	۵+۱۰	۳	۷/۳۲	۹
۶	۱	۷+۹	۵+۱۰	۲	۴/۸۸	۹
۷	۲*	۶+۸	۵+۱۰	۱	۲/۴۴	۸
۸	۲*	۷+۸	۲+۱۲	۱۱	۲۶/۸۳	۸
۹	۱	۷+۸	۲+۱۲	۱	۲/۴۴	۸
۱۰	۱	۱۷+۱۸	۲+۱۲	۱	۲/۴۴	۸
۱۱	۲*	۱۷+۱۸	۲+۱۲	۶	۱۴/۶۳	۸
۱۲	۲*	۷	۵+۱۰	۱	۲/۴۴	۸
۱۳	۱	۷	۵+۱۰	۱	۲/۴۴	۸
۱۴	N	۱۷+۱۸	۵+۱۰	۱	۲/۴۴	۸
۱۵	N	۷+۸	۲+۱۲	۲	۴/۸۸	۶

با افزایش دسترسی به نشانگرهای مولکولی گزینش با کمک نشانگر توجه تعداد زیادی به‌نژادگران را به‌خود معطوف کرده است (۳۷). انتخاب به کمک نشانگرهای مبتنی‌بر PCR برای زیرواحدهای سنگین گلوتنین ابزار ارزشمندی محسوب می‌شود، زیرا که اطلاعات در مورد کیفیت تهیه نان در اولین مراحل اصلاح به‌دست‌آمده و مانع از گزینش و تولید لاین‌هایی با کیفیت ضعیف می‌شود و می‌توان در جهت اصلاح و تولید ارقام دارای خواص مطلوب کیفیت نانوایی گام برداشت (۱۷). امکان استفاده از نشانگرهای اختصاصی STS به‌جای تکنیک SDS-PAGE به‌منظور غربالگری ارقام گندم تأیید شده است (۱،۲۳). مجموعه نشانگرهای استفاده‌شده در این پژوهش امکان شناسایی تمامی زیرواحدهای معمول در ارقام گندم ایرانی را فراهم آورد و به‌عنوان روشی دقیق و مطمئن برای جایگزینی تکنیک SDS-PAGE قابل استفاده می‌باشند.

تشکر و قدردانی

از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج به جهت تامین مواد گیاهی مورد نیاز این پژوهش تشکر می‌شود.

منابع

1. Ahmad, M. 2000. Molecular marker-assisted selection of HMW Glutenin alleles related to wheat bread quality by PCR-generated DNA markers TAG. Theoretical and Applied Genetics, 101: 892-896.
2. Ahmadi, K., H. Gholipour, H.R. Ebadzadeh, F. Hatami, H. Abdolshah, A. Kazemian and M. Rafiei. 2019. Agricultural Statistics. https://www.maj.ir/Dorsapax/userfiles/Sub65/Amarnamehj1-96-97-site.pdf.
3. Anderson, O. and F. Greene. 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.
4. Anderson, O.D., F.C. Greene, R.E. Yip, N.G. Halford, P.R. Shewry and J.M. Malpica-Romero. 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.
5. Anjum, F.M., M.R. Khan, A. Din, M. Saeed, I. Pasha and M.U. Arshad. 2007. Wheat *Glu*ten: high molecular weight Glutenin subunits—structure, genetics, and relation to dough elasticity. Journal of Food Science, 72: 56-63.
6. Bahraei, S., A. Saidi and D. Alizadeh. 2004. High molecular weight Glutenin subunits of current bread wheats grown in Iran. Euphytica, 137: 173-179.
7. Belderok, B., J. Mesdag and D.A. Donner. 2000. Bread-Making Quality of Wheat: A Century of Breeding in Europe. Kluwer Academic Publishers, Netherlands, 399 pp.
8. Doyle, J.J. and J.L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical bulletin, 19: 11-15.
9. Esmaeilzadeh Moghaddam, M., M. Jalal-Kamali, S. Kazemi, A. Amini, R. Bozorghipour, G. Najafian, and N. Baghaei. 2011. Assessment of high molecular weight Glutenin sub-units and baking quality related traits in some of the Iranian bread wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces. Crop Breeding Journal, 1: 29-40.
10. Fatehi, F., M. Maleki, A. Salavati, M.R. Bihamta, A.A. Zali, A. Hossein and H. Zadeh. 2008. The relationship between Glutenin subunit of high molecular weight and baking quality of wheat bread. Iranian Journal of Agricultural Sciences, 39: 43-52 (In Persian).
11. Ghoreishi, S., A. Izanloo, S. Parsa and M.G. Ghaderi. 2014. Associations between high molecular weight Glutenin subunits with bread quality traits of some bread wheat cultivars. Cereal Research, 4: 199-209 (In Persian).
12. Izadi–Darbandi, A., B. Yazdi Samadi, A.A. Shanejat Boushehri and M. Mohammadi. 2010. Allelic variations in *Glu*-1 and *Glu*-3 loci of historical and modern Iranian bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. Journal of genetics, 89: 193-199.
13. Izadi–Darbandi, A. and B. Yazdi Samadi. 2012. Marker-assisted selection of high molecular weight Glutenin alleles related to bread-making quality in Iranian common wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of genetics, 193-198.
14. Izanloo, A., S. Parsa, M.G. Ghaderi and S. Pahlavani. 2016. Allelic Variation of High Molecular Weight Glutenin Subunits in Bread Wheat Cultivars Using Allele Specific Markers. Agricultural Biotechnology, 7: 105-116 (In Persian).
15. Jin, H., Y. Zhang, G. Li, P. Mu, Z. Fan, X. Xia and Z. He. 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.
16. Karimi, H. 1991. Wheat. Iran University Press, Tehran, Iran 612 pp (In Persian).
17. Kuchel, H., R. Fox, J. Reinheimer, L. Mosionek, N. Willey, H. Bariana and S. Jefferies. 2007. The successful application of a marker-assisted wheat breeding strategy. Molecular Breeding, 20: 295-308.

18. Lei, Z.S., K.R. Gale, Z.H. He, C. Gianibelli, O. Larroque, X.C. Xia, B.J. Butow and W. Ma. 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.
19. Liu, S., S. Chao and J.A. Anderson. 2008. New DNA markers for high molecular weight glutenin subunits in wheat. Theoretical and Applied Genetics, 181: 177-183.
20. Ma, W., W. Zhang and K.R. Gale. 2003. Multiplex-PCR typing of high molecular weight glutenin alleles in wheat. Euphytica, 134: 51-60.
21. Mackie, A.M., E.S. Lagudah, P.J. Sharp and D. Lafiandra. 1996. Molecular and Biochemical Characterisation of HMW Glutenin Subunits fromT. tauschiiand the D Genome of Hexaploid Wheat. Journal of Cereal Science, 23: 213-225.
22. Mehrazar, E., A. Izadi-Darbandi, M. Mohammadi and G. Najafian. 2013. Validation of common wheat genotypes for bread making quality using STS-PCR markers. Journal of Applied Crop Breeding, 2: 101-110 (In Persian).
23. Mehrazar, E., A. Izadi-Darbandi, M. Mohammadi and G. Najafian. 2014. Marker assisted selection (MAS) for bread making quality in segregating generations of common wheat. Journal of Crop Breeding, 14: 84-95 (In Persian).
24. Najafian, G. and N. Baghaie. 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 Persian).
25. Nikooseresht, R., G. Najafian, R.G.H. Mirfakhrai and H. Dehghani. 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 Persian).
26. 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.
27. Payne, P.I., M.A. Nightingale, A.F. Krattiger and L.M. Holt. 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.
28. Peng, J.H., D. Sun and E. Nevo. 2011. Domestication evolution, genetics and genomics in wheat. Molecular Breeding, 28(3): 281.
29. SAS Institute. 2011. STAT 9.3 User's guide. SAS Inst., Cary, NC. USA.
30. Schwarz, G., F.G. Felsenstein and G. Wenzel. 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.
31. Seyfi, M., J. Ahmadi and M.H. Fotukian. 2015. Polymorphism of high molecular glutenin subunits and seed micronutrients in bread wheat cultivars. Journal of crop breeding, 7: 96-104 (In Persian).
32. Shahnejat-Bushehri, A.A., M. Gomarian and B. Yazdi-Samadi. 2006. The high molecular weight glutenin subunit composition in old and modern bread wheats cultivated in Iran. Crop and Pasture Science, 57: 1109-1114.
33. Smith, R.L., M.E. Schweder and R.D. Barnett. 1994. Identification of glutenin alleles in wheat and triticale using PCR-generated DNA markers. Crop Science, 34: 1373-1378.
34. Talbert, L.E., N.K. Blake, P.W. Chee, T.K. Blake and G.M. Magyar. 1994. Evaluation of "sequence-tagged-site" PCR products as molecular markers in wheat. TAG Theoretical and Applied Genetics, 87: 789-794.
35. Tanhaiyan, A., F. Shahriari, S.H. Marashi and E. Dehghan. 2009. Study of allelic variation at *Glu*-b3 locus of the Iranian bread wheat cultivars by using ALP molecular marker. Iranian Journal of Field Crops Research, 7: 367-374 (In Persian).
36. 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.
37. Weng, Y., P. Azhaguvel, R.N. Devkota and J.C. Rudd. 2007. PCR based markers for detection of different sources of 1AL. 1RS and 1BL. 1RS wheat–rye translocations in wheat background. Plant Breeding, 126: 482-486.
38. Zaitseva, O.I., A.A. Burakova, A.T. Babkenov, S.A. Babkenova, M.U. Utebayev and V.A. Lemesh. 2017. Allelic variation of high-molecular-weight glutenin genes in bread wheat. Cytology and genetics, 51: 432-440.
39. Zamani, M.J., M.R. Bihamta, B. Naserian Khiabani and M.T. Hallajian. 2007. Selection of bread wheat mutant genotypes carrying HMW Glutenin alleles related to baking quality through sequence tagged site. Iranian Journal of Agronomy and Plant Breeding, 3: 63-67 (In Persian).
40. Zhang, P., T.O. Jondiko, M. Tilley and J.M. Awika. 2014. Effect of high molecular weight Glutenin subunit composition in common wheat on dough properties and steamed bread quality. Journal of the Science of Food and Agriculture, 94: 2801-2806.

Evaluation of Baking Quality in Iranian Bread Wheat Cultivars using High Molecular Weight Glutenin Subunits

Maryam Shadadeh[1], Mohammad Hadi Pahlevani[2], Khalil Zenalinezhad[3], Mohsen Esmaeilzadeh Moghaddam[4] and Saeed Bagherikia[5]

1, 2 and 3- Graduated M.Sc., Associate Professor and Assistant Professor, Plant Breeding and Biotechnology Department, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

4- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

5- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran, (Corresponding author: s.bagherikia@gmail.com)

Received: April 3, 2020 Accepted: April 3, 2020

Abstract

Improving the baking quality is one of the main goals in bread wheat breeding and high molecular weight (HMW) glutenin subunits compositions has a key role in bread-making quality. In the current study, HMW glutenin subunit composition and quality scores were determined in 41 Iranian commercial breed wheat cultivars using nine STS specific markers. Based on the results, the exception of two cultivars, Arvand and Roshan that had a moderate bread-making quality (quality score 6), in other cultivars bread-making quality were evaluated as desirable (quality score between 8 to 10). Eleven alleles were identified at different loci. Three alleles were on the *Glu-A1*, six alleles on the *Glu-B1* and two alleles on the *Glu-D1*. The highest frequency was at *Glu-A1* locus related to 2* allele (70.73%), at *Glu-B1* locus related to 7+8 allele (53.66%) and *Glu-D1* locus on 2+12 allele (51.22%). Among the 15 unique combinations obtained, the combination of 2*, 7+8, 2+12 (26.83%) with quality score of 8 was the most common combination of HMW glutenin subunits. The set of markers used in this study provided the ability to identify the all common HMW subunits in Iranian wheat cultivars and as accurate and confident way to replace the SDS-PAGE technique can be used.

Keywords: Bread-making quality, Bread wheat, Glutenin, STS marker