مجله علوم کشاورزی ایران
جلد ۳۱، شماره ۴، سال ۱۳۷۹ (۸۶۹-۸۶۳)

بررسی تنوع ژنتیکی و تعیین رابطه زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا با کیفیت نانوایی در توده‌های بومی گندم ایران

حمید رضا بابایی، بهمن یزدی صمدی و سیروس عبدمیشانی
به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و استادان گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران
تاریخ پذیرش مقاله ۷۹/۵/۵

خلاصه

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی زیر واحدهای گلوتنین با وزن ملکولی بالاو تعیین رابطه آنها با کیفیت نانوایی، تعداد ۷۸ مرفوتیپ گندم نان استان خوزستان متعلق به کلکسیون غلات دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران از نظر زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-GS) با استفاده از روش SDS- PAGE مورد بررسی قرار گرفتند. در این بررسی برای مکان ژنی GLU-B1 چهار واریانت شامل : *۷، **۷، **۸، ۸ و برای مکان ژنی GLU-D1دو واریانت **۲ و ۱۲ مشاهده گردید. نتایج این بررسی نشان داد که مکان ژنی GLU-D1 بیش از سایر مکانهای ژنی در کیفیت نانوایی موثر است. عدم ظهور زیر واحد ۲*1DX باعث افت قابل ملاحظه‌ای در کیفیت نانوایی گردید. تأثیر واریانت های مکان ژنی GLU-B1 نیز در کیفیت نانوایی نا مشخص ومبهم بود . همچنین برای گروه‌بندی شهرهای مبدأ مرفوتیپ‌ها از حیث زیر واحدهای گلوتنین از تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA استفاده و مشخص گردید رابطه دقیقی بین تنوع ژنتیکی و پراکنش جغرافیایی وجود ندارد.

واژه‌های کلیدی : گندم نان، کیفیت نانوایی ، تنوع ژنتیکی ، زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا . واریانت .

مقدمه

تجزیه الکتروفورزی توده‌های بومی گندم برای اجزای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-GS) تاکنون به دو منظور زیر صورت گرفته است :

۱ - بررسی پولی مورفیسم و پراکندگی جهانی آللهای GLU-1

۲- بررسی رابطه بین اجزای گلوتنین با وزن مولکولی بالا با کیفیت نانوایی (۱).

در سالهای اخیر الکتروفورز ژل پلی اکریل آمید (PAGE) پروتئینهای ذخیره‌ای غلات روش معتبری برای ارزیابی تنوع شیمیایی در ارقام و در بعضی از جوامع بومی گندم بوده است . این روش ممکن است به منظور جمع آوری ژرم‌پلاسم در جاهایی که تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای دارند یا در مناطقی که تنوع پذیری زیادی در آنجا انتظار میرودمورد استفاده قرار می گیرد. دومینی سی‌وگروتانلی (۲) در مرکز تحقیقات ایکاردا تنوع الکتروفورزی گندمهای بومی‌اتیوپی را بررسی و نتیجه گرفتند بعضی از توده‌های گندم دوروم با گندمهای هگزاپلوئید این کشور مخلوط شده‌اند. آنها در گزارش خود با اشاره به نتایج کار محققین دیگر اظهار نموده اند که اتیوپی منبع ژنی مناسبی برای ژرم‌پلاسم گندمهای با کیفیت بالا است . مورگانوف و پینا (۴) انتشار آللهای GLU-1 گندم نان را در سطح جهانی بررسی واز تجزیه خوشه‌ای به منظور شناسایی شباهتها در پراکندگی آلل های GLU-1 استفاده کردند تجزیه خوشه‌ای نشان داد که آلل‌های GLU-1 با پارامترهای

جغرافیایی در سطح جهانی مرتبط نمی‌باشد و اجزای گلوتنین در ارقام کشورهای بااقالیم مختلف همچون فنلاند، یوگسلاوی، ایتالیا و چین مشابه هستند. آنها نتیجه گیری نمودند که در این کشورها ارزیابی کیفیت نانوایی با روشهای مشابه‌ای انجام می‌شود و گزینش مصنوعی در جهت کیفیت مطلوب در یک دوره زمانی نسبتا"طولانی بر روی فراوانی آللهای GLU-1 تأثیر زیادی گذاشته که نهایتا منجر به کاهش تنوع مکان ژنی GLU-1 شده است .

مارچی‌لو و همکاران (۳) با روش SDS-PAGE شیب‌دار بعضی از گندمهای کانادا را مورد تجزیه الکتروفورزی قرار دادند. آنها واریانتی از نوار ۷ مشاهده کردند که از نظر تحرک نسبی کمی پایین‌تر از نوار ۷ قرار می گرفت و آنرا* ۷ نامیدند. در بعضی ارقام همچنین واریانتی از نوار ۸ به نام* ۸ مشاهده شد که از نظر تحرک نسبی کمی پایین‌تر از نوار ۸ ظاهر می شد.

راجرز و پاین (۵) در دانشگاه کمبریج لاینهای ایزوژنی ایجاد کردند که یک زیر واحد از GLU-B1 یا GLU-D1 راداشتند و برای زیر واحدX-Type یا Y-Type ناقص بودند. آنها لاینهای ایزوژن ناقص را با لاینهای ایزوژن شاهد مقایسه و تأثیر هر زیر واحد را بر روی کیفیت تعیین نمودند. نتایج این آزمایش نشان داد که آللهای GLU-D1 تأثیر بیشتری نسبت به GLU-B1 بر روی کیفیت دارند. همچنین 1DX اثر کمتری نسبت به 1DY بر کیفیت میگذارد. در حالی‌که برخی از بررسیهاتأثیر1DX را بر روی کیفیت معادل 1DY گزارش نموده اند.

مواد و روشها

تعداد ۷۸ مرفوتیپ گندم نان از توده‌های بومی استان خوزستان متعلق به کلکسیون غلات دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران در سال ۱۳۷۳ به منظور بررسی کیفیت نانوایی و الکتروفورزی در مزرعه کشت و تکثیر گردید.

پس از برداشت محصول با در نظر گرفتن فراوانی مرفوتیپ‌ها در توده بومی جهت بررسی الکتروفورزی نمونه برداری انجام گردید. الکتروفورز با استفاده‌از SDS و ژل اکریل‌آمید (۱۰% و۷%) با SDS-PAGE موسوم به روش الکتروفورز "لایملی"(۱۹۷۰) انجام شد. برای اینکار پس از تهیه محلولهای مورد نیاز، ابتدا یک دانه گندم مربوط به هر نمونه را با انبر دستی خرد نموده در تیوپ پلاستیکی ریخته و بافر استخراج پروتئین به آن اضافه شد. پس از استخراج پروتئین ها، محلول ژل تحتانی را آماده و در قالب مخصوص آن ریختیم پس از پلیمریزه شدن ژل، محلول ژل فوقانی را آماده روی ژل تحتانی ریخته و بلافاصله شانهٔ مخصوص چاهک ها را روی ژل فوقانی قرار دادیم، پس از پلیمریزه شدن ژل، شانه را از ژل خارج نموده، نمونه عصاره پروتئین را در محل چاهکها تزریق نمودیم. در هر ژل دو نمونه استاندارد شاهد از ارقام امید وآزادی برای کمک به تشخیص زیر واحدهای گلوتنین استفاده شد. قالب ژل را روی سیستم سردکننده دستگاه الکتروفورز سوار نموده و پس از تنظیم ولتاژ و شدت جریان دستگاه را روشن نمودیم تا عمل الکتروفورز انجام شود. بعد از حدود ۷ ساعت دستگاه را خاموش نموده، قالب های ژل را خارج نموده و ژل را از قالب مخصوص آن جدا نموده در محلول رنگ قرار دادیم تا ژل و نوارهای پروتئین آن رنگ آمیزی شود. پس از پایان رنگ‌آمیزی (حدود ۴۰ - ۶۰ساعت) ژل را در محلول رنگ‌بر قرار دادیم تا رنگهای اضافی از ژل خارج وتشخیص نوارهای پروتئین امکان پذیر باشد. در این تحقیق ابتدا از ژل پلی‌اکریل‌آمید ۱۰ درصد برای شناسایی نوارهای پروتئینی استفاده شد اما برای اطمینان در تشخیص زیر واحدهای ۲ و*۲ که به وفور در نمونه‌ها وجود داشت از ژل رقیق‌تر ۷/۵ درصد نیز استفاده شد(۱).

برای بررسی کیفیت نانوایی مقدار یک گرم آرد از هر مرفوتیپ تهیه نموده و آزمایش رسوب SDS را مشابه روش‌ارائه شده "کوئیک و دانلی "با تغییرات جزئی برای نمونه‌ها انجام دادیم. میزان پروتئین نمونه‌ها نیز با استفاده ازدستگاه NIRاندازه گیری شد وبرای اطمینان با روش کلدال کنترل گردید(۱).

پس از جمع‌آوری داده‌ها تجزیه واریانس اثر مکانهای ژنی سه‌گانه GLU-1 برای ارتفاع رسوب SDS در دو نوع گروه‌بندی پروتئین شامل : الف) دو سطح پروتئینی :کمتر از ۱۵% وبیشتر از ۱۵% . ب) سه سطح پروتئین : ۱) ۱۴/۵-۱۲/۴ درصد ۲) ۱۶/۶-۱۴/۵ درصد ۳) ۱۸/۷-۱۶/۶ و مقایسه میانگین زیر واحدها برای ارتفاع رسوب SDS با آزمون دانکن در سطح ۵% با استفاده از برنامه GLM نرم افزار آماری SAS انجام شد . از تجزیه رگرسیونی قدم به قدم نیز برای تعیین نقش مکانهای ژنی در ارتفاع رسوب SDS با استفاده از برنامه PROG-REG،گزینه رگرسیون

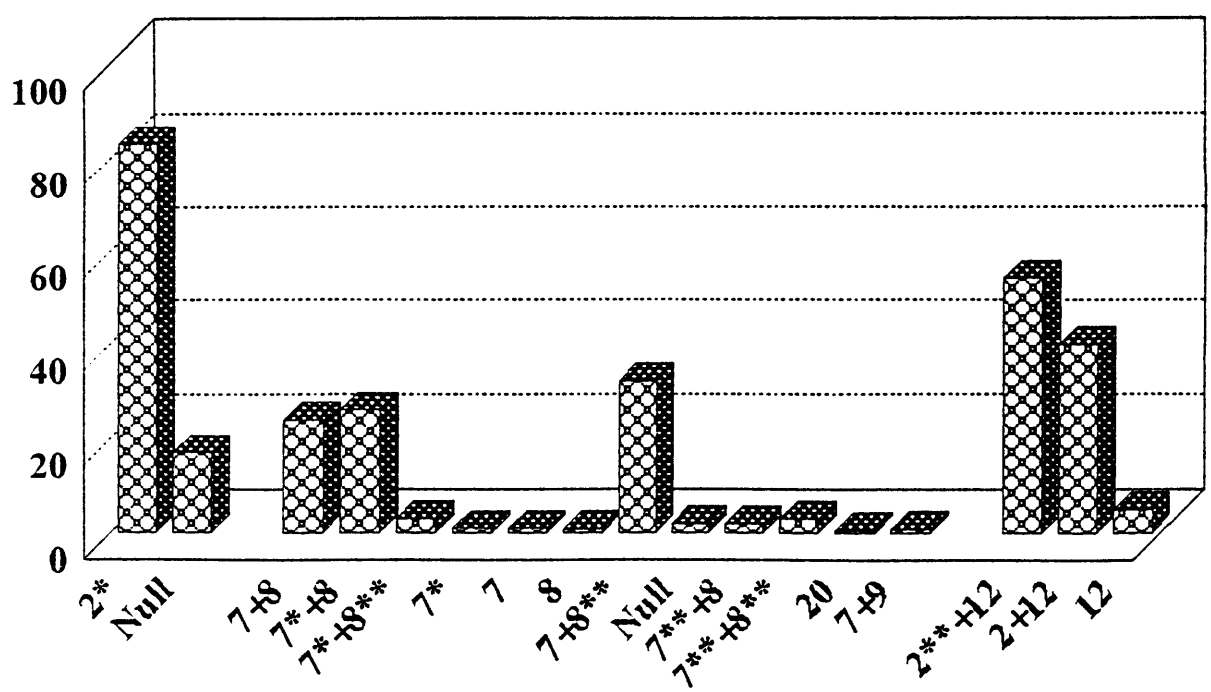
قدم‌به قدم نرم‌افزار SAS استفاده شد. برای تعیین تنوع ژنتیکی شهرهای مبدأ مرفوتیپها از حیث زیر واحدهای مکان ژنی GLU-1 تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA با استفاده از گزینه CLUSTER نرم افزار آماری SPSS انجام گردید.

نتایج و بحث

نوع و فراوانی زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا در مرفوتیپ های مورد بررسی در نمودار ۱ آمده است .

با مراجعه به این نمودار ملاحظه می گردد که برای مکان ژنی GLU-A1 دو زیر واحد* ۲ و نول وبرای مکان ژنی GLU-B1 ، زیر واحد ۸+۷ ،دو واریانت از ۷ به‌نامهای * ۷ و** ۷ ،واریانت **۸ ، زیر واحد ۸(بدون زیر واحد ۷) ترکیبی از واریانتهای ۷ و ۸ و نول (عدم ظهور هر نوع زیر واحد) مشاهده گردید برای مکان ژنیGLU-D1نیز زیر واحد ۱۲+۲ زیر واحد ۱۲ همراه با واریانتی از زیر واحد ۲ به نام *۲ (مشابه زیرواحد ۲/۱ که قبلا توسط لاگوداگزارش شده است) و زیر واحد ۱۲ بدون زیر واحد ۲ (1DX=null) مشاهده گردید (شکل ۱).

نتایج تجزیه واریانس برای تاثیر مکانهای ژنی سه گانه و میزان پروتئین در ارتفاع رسوب SDS برای دو نوع گروهبندی پروتئین در جدول ۱ و مقایسه میانگین زیر واحدهای GLU-1 برای هر دونوع گروه بندی در جدول ۲ آمده است. با مراجعه به جدول ۱ ملاحظه می‌گردد که تاثیر مکان ژنی GLU-A1 در ارتفاع رسوب SDS در دو نوع گروهبندی پروتئین معنی‌داراست. میانگین ارتفاع رسوب SDS برای آلل ۲ نسبت به آلل نول بیشتر و در سطح ۱% معنی‌دار بود. تأثیر مکان ژنی GLU-B1 برای ارتفاع رسوب SDS غیر معنی‌دار بود. زیر واحدهای این مکان ژنی از نظر ارتفاع رسوب SDS با سه سطح پروتئینی در دو گروه قرار می گیرند. زیر واحد ۹ و زیر واحد ۹+۷ در یک گروه مجزا وسایر زیر واحدها در گروه دیگر قرار می‌گیرند. برای‌دو سطح پروتئینی هم نتایج مشابه بود با این‌تفاوت که زیر واحد ۸+۷ تفاوت معنی‌داری با دو گروه نشان نداد. پایین بودن ارتفاع رسوب SDS برای زیر واحد ۹+۷ می‌تواند بدلیل همبستگی مثبت وبالای (۰/۳۹) این زیر واحد بازیر واحد ۱۲ از مکان ژنی GLU-D1 باشد که با ارتفاع پایین رسوب SDS همراه است . علاوه براین نتایج بسیاری از محققین نشان می‌دهد که زیر واحد ۹ نسبت به زیر واحد ۸ از امتیاز کیفی پایین‌تری برخوردار است (٦).



نمودار ۱ - فراوانی زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا در مرفوتیپهای مورد بررسی

جدول ۱ - تجزیه واریانس خصوصیات کیفی گندم نان

منابع تغییر	دوسطح پروتئین			سه سطح پروتئین		
	df	درصدپروتئین	ارتفاع‌رسوب SDS	df	درصدپروتئین	ارتفاع‌رسوب SDS
پروتئین	۱	۳۹/۹۸**	۱۸/۳۱	۲	۲۷/۷۱**	۱۳/۵۹
Glu-A1	۱	۰/۳۹	۳۴۶۲/۲۴**	۱	۰/۷۸	۳۶۵۰/۲۹**
Glu-B1	۱۱	۱/۴۴*	۴۳۸/۲۷	۱۰	۱/۷۰**	۴۴۷/۳۰
Glu-D1	۲	۲/۳۲*	۳۴۸۱/۰۸**	۲	۰/۹۰	۴۲۵۴/۹۳**
Glu-A1× پروتئین	۱	۰/۳۶	۲۰۹/۲۰	۲	۰/۰۱	۲۸۴/۰۸
Glu-B1× پروتئین	۴	۱/۶۸*	۲۰۷/۳۹	۷	۲/۴۹**	۸۱۴/۹۱**
Glu-D1× پروتئین	۲	۱/۹	۲۰۱/۳۱	۳	۲/۳۹**	۴۲۶/۰۳
Glu-A1×Glu-B1	۴	۱/۵۲	۱۹۰/۶۳	۴	۱/۴۱*	۲۳۶/۰۵
Glu-A1×Glu-D1	۱	۳/۵۲*	۰/۴۸	۱	۴/۳۸**	۱۹/۰۹
Glu-B1×Glu-D1	۴	۱/۷۸*	۴۳۸/۵۶	۴	۴/۵۶**	۲۵۶/۵۶
R^2		۰/۶۷	۰/۴۶		۰/۷۵	۰/۵۲

** و * به ترتیب معنی دار در سطوح ۱٪ و ۵٪

پایین بودن ارتفاع رسوب SDS برای زیر واحد۸ ممکن است به‌دلیل کاهش تعداد زیر واحدها که منجر به کاهش مقدار کلی پروتئین می‌شود، یابه دلیل تعداد تکرار کم برای این زیر واحد(۳ نمونه)که قضاوت صحیح درباره آنرا دشوار می سازد، و نهایتا" اینکه امتیاز کیفی زیر واحد ۸ نسبت به زیر واحد ۷ کمتر است(٦) باشد.

نتایج تجزیه واریانس در دو نوع گروهبندی پروتئین نقش مثبت ومعنی‌دار مکانی ژنی GLU-D1 را نشان می‌دهد. زیر واحدهای این مکان ژنی از نظر ارتفاع رسوب SDS از سه گروه مجزا شامل زیر واحد ۲+۱۲ بابیشترین میانگین، پس از آن زیر واحد ۲ **+۱۲ و بالاخره زیر واحد ۱۲ باکمترین میانگین ارتفاع رسوب SDS قرار می‌گیرند. این‌نتیجه بیانگر ارزش بالای زیر واحد DX=2 است که عدم ظهور یا تغییر در ساختمان این زیر واحد باعث افت ارتفاع رسوب SDS شد.

از بین اثر متقابل ها فقط اثر متقابل مکان ژنی GLU-B1 در میزان پروتئین با سه گروه پروتئین برای ارتفاع رسوب SDS معنی‌دار شد. چون اثر مکان ژنی GLU-B1 برای ارتفاع رسوب SDS معنی دار نشده است، معنی دار شدن اثر متقابل می‌تواند به‌دلیل معنی‌دار شدن تفاوت در میزان پروتئین بین زیر واحدهای این مکان ژنی باشد (جدول ۱).

معنی‌دار نشدن اثر متقابل مکانهای GLU-A1, GLU-D1 در میزان پروتئین را می‌توان به تنوع کم زیر واحدها در نمونه‌های مورد بررسی مربوط دانست .به عبارت دیگر تعداد زیر واحدها در حدی نیست که بتوان برآورد صحیحی از اثر متقابل بدست آورد.

نتایج تجزیه واریانس همچنین نشان داد که ارتفاع رسوب SDS بستگی به میزان پروتئین ندارد و با تغییر آن ارتفاع رسوب SDS تغییر معنی‌داری پیدا نمی‌کند. بنابراین آزمایش رسوب SDS بدون تأثیرپذیری از مقدار پروتئین روش دقیقی برای برآورد کیفیت نانوایی محسوب می‌گردد.

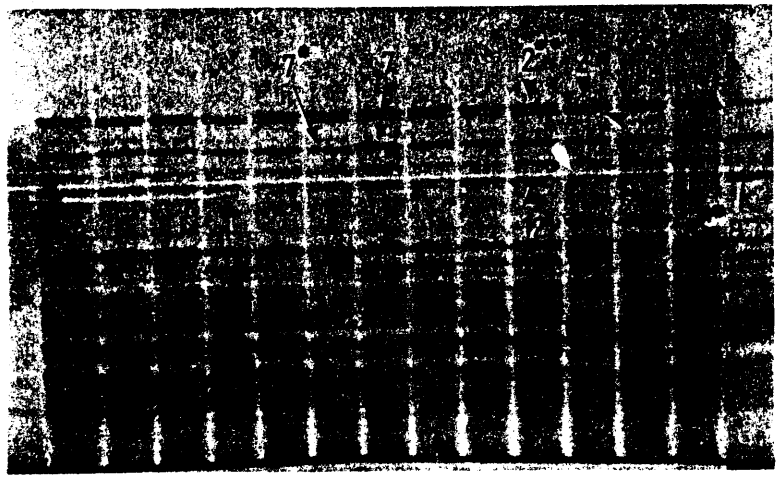
تجزیه رگرسیون

برای برآورد نقش هر مکان ژنی در ارتفاع رسوب SDS از تجزیه رگرسیونی به روش گام به گام استفاه شد:

۱ - معادله رگرسیونی برای مکان ژنی GLU-A1:

$Y = ۳۵/۸٦+۱۲/۴۹X$

$Y=SDS \quad X=۲^* \quad (R^۲=۰/۰۵ ، P= \%۵)$



شکل ۱ - موقعیت نوارهای ۷، *۷، بندهای ۸، **۸ مکان ژنی GLu-B1 در ژل ۷/۵ درصد.

جدول ۲ - مقایسه میانگین زیر واحدهای مکان ژنی GLU-1 برای هر دو نوع گروه بندی پروتئینی +.

مکان ژنی	زیر واحد	ارتفاع رسوب SDS
Glu-A1		
	۲*	۴۸/۳۶ a
	نول	۳۵/۸۷ b
Glu-B1		
	۷**+۸**	۶۰/۷۵ a
	۷+۸**	۵۱/۷۴ a
	۷+۸	۴۷/۹۸ a
	نول	۴۶/۵۰ a
	۷**+۸	۴۳/۲۵ a
	۷*	۴۳ a
	۷	۴۳ a
	۷*+۸**	۴۱/۳۳ a
	۷*+۸	۳۹/۶۱ a
	۸	۱۵ b
	۷+۹	۱۴ b
Glu-D1		
	۲+۱۲	۵۴/۶۶ a
	۲*+۱۲	۴۳/۳۳ b
	۱۲	۱۳/۰۸ c

+ مقایسه میانگین باسه‌سطح پروتئین جزبرای زیرواحد ۷*+۸ که‌رتبه ab گرفت برای سایر زیر واحد ها مشابه بود

۲ - معادله رگرسیونی برای مکان ژنی GLU= B1 :

$(R^2 = ۰/۰۷ ، P = ٪۵)$

$Y = ۳۹/۶۷ + ۸/۳ X_1 + ۱۱/۸۲ X_2 + ۲۱/۰۷ X_3$

$Y=SDS, X_1=۷+۸ \quad , X_2=۷+۸^* \quad , X_3=۷^*+۸^*$

۳ - معادله رگرسیونی برای مکان ژنی GLU- D1

$(R^2 = ۰/۲۱ ، P = ٪۵$

$Y = ۱۳/۰۸ + ۳۰/۲۴ X_1 + ۴۱/۵۷ X_2$

$Y=SDS, X_1=۲^*+۱۲ \quad , X_2=۲+۱۲$

۴ - معادله رگرسیونی وقتی که هر سه مکان ژنی برای مدل رگرسیونی در نظر گرفته شدند :

$+ ۱۷/۱۵ X_1 - ۳۰/۳۴ X_2 + ۲۹/۳۹ X_3 + ۴۳/۴۲ X_4$

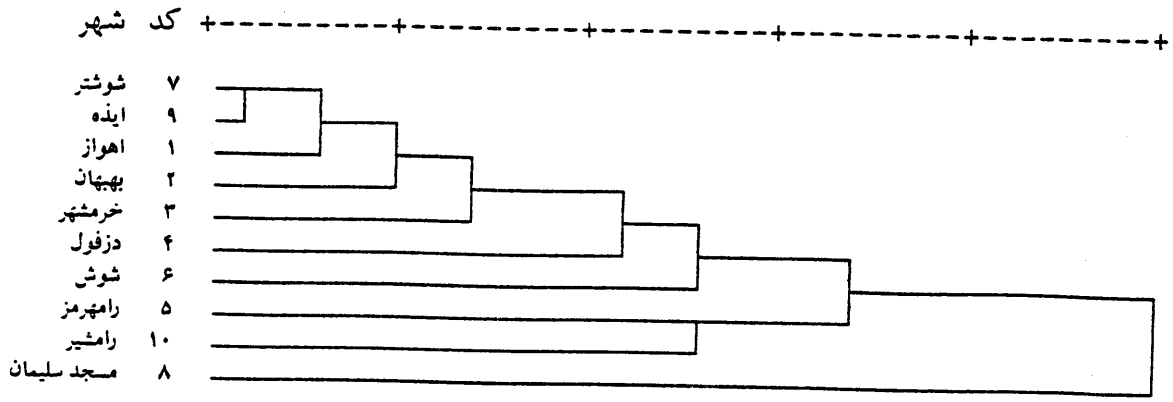
$Y = ۱/۱۲$

$(R^2 = ۰/۳۱ ، P = ٪۵)$

$X_1 = ۲^* \quad X_2 = ۸ \quad X_3 = ۲^{**} + ۱۲ \quad X_4 = ۲ + ۱۲$

$Y = SDS$

مقادیر R^2 معادلات رگرسیونی نشان میدهد که مکان ژنی GLU-D1 به تنهایی بیش از دو سوم کل تغییرات را توجیه می‌کند. این نتیجه با نتایج جدول تجزیه واریانس نیز مطابقت دارد.



نمودار ۲ - دندروگرام تعیین فاصله بین شهرها بر اساس آلل های مکان ژنی GLU-1

بررسی تنوع ژنتیکی برای زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-GS) :

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا پس از انجام الکتروفورز و تهیه الگوی نواربندی نمونه‌ها ،آللهای موجود شناسایی و فراوانی نسبی آللها برای شهرهای مبدأ مرفوتیپ ها بدست آمد. حضور وعدم حضور هر آلل به ترتیب با اعداد یک و صفر برای هر نمونه مشخص شد و برای تعیین فاصله ژنتیکی ازتجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA استفاده شد. نمودار ۲ - دندروگرام تعیین فاصله بین شهرها را بر اساس زیر واحدهای مکان ژنی GLU-1 نشان می‌دهد. با مشاهده نمودار ملاحظه می‌گردد که رابطه منطقی مشخصی بین تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی وجود ندارد. احتمالا این موضوع به دلیل امکان تبادل بذر بین شهرهای مجاور که در یک منطقه (به وسعت استان خوزستان) واقع شده اند و یابه دلیل تعدادکم نمونه در شهرهای مبدأ مرفوتیپ‌هاست.

مراجع مورد استفاده

REFERENCES

۱. بابایی، ح. ۱۳۷۵. بررسی تنوع ژنتیکی گندمهای بومی ایران با استفاده از الکتروفوز پروتئینهای ذخیره‌ایی آندوسپرم .پایانامه فوق لیسانس، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران .

2. Dominici,L.A., & C.Grottanelli.1984. ElectroPhoretic Variability In landraces Of durum Wheat from Ethiopia .J. Of Rachis .7:34-35.

3. Marchylo,B.A;O.M.Lukow, & J.E.Eruger.1992.Quantitative Variation in high molecular Weight glutenin subunit 7 in some Canadian Wheats,J. of cereal sci.15(1)29-37.

4. Morganov,A. L; & R.J.Pena1993.World wide distribution of Glu-1 alleles in bread wheat.J.of Genetics and plant Breeding 47(1) 53-60

5. Rogers,W. J;& P.I. Payne1991.Effect on bread making quality of X-Type and Y-Type high molecular weight subunits of glutenin. J.of cereal sci. 14 (3) 209-221.

6. Shewry, P.R ;N.G. Halford, & A.statham.1991.High molecular weight subunits of wheat glutenin. J. of cèreal sci. 15:105-120.

Studies on Genetic Diversity and Ralationships Between Subunits of High Molecular weight Glutenin (HMW-GS) and Bread - Making Quality of Bread wheat Lanlraces.

H. R. BABAEE,B. YAZDI-SAMADI AND C. ABD-MISHANI

Former Graduate Student and Professor Faculty of Agriculture University of Tehran Karaj, Iran.

Accepted June, 25, 2000

SUMMARY

In order to investigate the genetic diversity of high molecular weight glutenin subunits and relationships between the subunits and bread making quality of wheat,seventy eight morphotypes of bread wheat of khuzestan provience from cereal collections of Tehran Agricultural College were studied, using SDS-PAGE technique. The results showed four variants in GLU-B1 locus including: 7*,7**,8**, subunit 8 and null (1BY=null ,1BX=null) and two variants in GLU-D1 locus including: 2**and subunit 12. It was found that GLU-D1 locus has significant and more favorable effects on bread quality,compared to other loci,and the absence of subunit 2 considerablly reduces the bread-making quality.The effects of subunits of GLU-B1 locus on bread-making quality is not well understood.Cluster analysis was performed to group locations (cities), and the results showed no relations between genetic and geographical diversity, concerning high molecular weight glutenin subunits.

Key words: bread-making quality,genetic diversity,high molecalar weight glutenin subunits,variants.