بررسی تنوع ژنتیکی گندم دیپلوئید وحشی *Triticum tauschii* با استفاده از الکتروفورز پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه

ولی‌اله محمدی، پریچهره احمدیان تهرانی، سیروس عبد میشانی و محمدرضا قنادها

دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، استاد، دانشیار و استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات

دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران

تاریخ پذیرش مقاله ۷۷/۱۱/۱۴

خلاصه

تنوع زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا در تعداد ۱۱۶ نمونهٔ *Triticum tauschii* (۲n=۲x=۱۴) با روش SDS - PAGE مورد مطالعه قرار گرفت. نمونه‌ها به ویژه نمونه‌های جمع آوری شده از ایران، تنوع وسیعی برای گلوتنین‌های با وزن مولکولی بالا نشان دادند. چهارده واریانت آللی مختلف در مکان ژنی Glu - D^t1 مشاهده شد که از میان آنها دو واریانت ۱۰/۳ + ۲ و ۱۱ + ۵/۱ قبلا گزارش نشده بودند. حداکثر فراوانی نسبی مربوط به واریانت آللی ۱۰ + ۲ با فراوانی ۳۳/۶ درصد و حداقل آن مربوط به واریانت ۱۱ + ۵/۱ با فراوانی ۰/۹ درصد بود. بعلاوه نتایج پژوهش وجود سازگاری آللی در مناطق مختلف جغرافیایی را تأیید نکرد. وجود تنوع بالا در نمونه‌های T. tauschii و مشاهده زیرواحدهایی که در گندم‌های هگزاپلوئید دیده نمی‌شوند حاکی از آنست که این گونه می‌تواند به عنوان یک منبع غنی برای افزایش تنوع ژنتیکی گندم مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: گندم دیپلوئید وحشی، تنوع و HMW - گلوتنین.

مقدمه

گونه *Triticum tauschii* (۲n=۲x=۱۴) از سوی دانشمندان بدون تردید به عنوان منشاء ژنوم D گندم پذیرفته شده است (۸ و ۱۷). مرکز تنوع[1] و به احتمال قوی مرکز پیدایش[2] این گونه سواحل جنوبی دریای خزر می‌باشد. تلاقی گونه T. tauschii (DD) با گندم تتراپلوئید T.turgidum (AABB) تقریباً ۸۰۰۰ سال پیش در همین ناحیه صورت گرفته و گندم هگزاپلوئید (AABBDD) را بوجود آورده است (۵ و ۱۲). گونه مذکور پراکنش وسیعی دارد. بطوریکه در ۱۸ کشور جهان شامل ایران، ترکیه، عراق، پاکستان، افغانستان، هندوستان، چین، اکراین، سوریه، روسیه و کلیه کشورهای آسیای میانه یافت می‌شود (۸ و ۱۷).

همولوژی کامل با ژنوم D گندم، وضعیت گیاهشناسی و تکاملی کاملا" مشخص، سازگاری اکولوژیکی وسیع، وجود اطلاعات ژنتیکی از قبیل نقشه‌های لینکاژی، حداقل اثر متقابل نامطلوب با ژنومهای گندم، تنوع ژنتیکی بالا در صفات اصلاحی و بالاخره سهولت تلاقی، گونه *T. tauschii* را به یک منبع بسیار باارزش در اصلاح گندم تبدیل نموده است (۱۴).

پژوهش‌های مختلف نشان داده‌اند که فقط تعداد محدودی از ژنوتیپهای این گونه در پیدایش و تکامل گندم نقش داشته‌اند. بنابراین از تنوع ژنتیکی سایر ژنوتیپ‌های موجود می‌توان برای اصلاح گندم استفاده نمود (۱۲، ۱۸ و ۱۹). بسیاری از صفات مطلوب مانند

1 - center of diversity 2 - center of origin

مقاومت به بیماریها و آفات، تحمل به تنش‌های محیطی و... در *T. tauschii* کشف شده و بعضی از آنها بطور موفقیت‌آمیزی به گندم منتقل شده‌اند (۶، ۷، ۱۴ و ۱۶).

گلوتنین‌های با وزن ملکولی بالا (HMW) باوجود اینکه تنها ده درصد از مجموع پروتئینهای دانه را تشکیل می‌دهند، تأثیر بسیار زیادی روی کیفیت نانوایی و خواص پروتئینی گندم دارند (۱۵). ژنهایی که زیرواحدهای HMW - گلوتنین راکد می‌کنند در سه مکان ژنی به نام Glu-A1، Glu-Bl و Glu-D1 (Glu-1) روی بازوی بلند کروموزومهای همیولوگ گروه یک و در نزدیکی سانترومر قرار دارند. هر مکان ژنی شامل دو ژن با پیوستگی[1] شدید است که یکی زیرواحد نوع سنگینتر (X) و دیگری زیرواحد سبکتر (Y) راکد می‌کند و مجموعاً به صورت یک آلل توارث می‌یابند. تحقیقات نشان داده است زیرواحدهایی که توسط مکان ژنی Glu-D1 کد می‌شوند نسبت به سایر زیرواحدها تأثیر بیشتری روی خواص کیفی آرد و خمیر دارند (۱، ۲، ۱۵ و ۱۶).

لاگوداه و هالورن تنوع HMW - گلوتنین‌ها را در ۷۹ نمونه *T. tauschii* که از کشورهای ایران، ترکیه، روسیه، افغانستان و پاکستان جمع‌آوری شده بودند بررسی کرده و ۱۴ ترکیب مختلف از زیر واحدهای Glu-D1 را مشاهده نمودند. آنها نتیجه گرفتند که اولاً تنوع آللی مکان ژنی Glu-D1 در گونه *T. tauschii* وسیعتر از گندم است، ثانیاً برای اولین بار یک ترکیب سه واحدی T۱ + T۲ + ۲ در نمونه‌های *T. tauschii* مشاهده نمودند که قبلاً در گندم و سایر گونه‌ها گزارش نشده بود (۱۰).

در پژوهشی دیگر لاگوداه و هالورن وراثت و نقشه کروموزومی زیرواحدهای HMW - گلوتنین را مورد مطالعه قرار داده و به این نتیجه رسیدند که محل ژنهای کد کننده زیرواحدهای HMW - گلوتنین در *T. tauschii* و توارث آنها عیناً مشابه گندم است. این ژنها روی بازوی بلند کروموزوم D1 و در فاصله ۹/۷ - ۷/۷ سانتی مورگارن از سانترومر قرار گرفته‌اند. زیرواحدهای مختلف با یکدیگر رابطه آللی دارند و اجزاء 1DX و 1DY زیرواحدها در کنار یکدیگر بطور پیوسته توارث می‌یابند (۱۱).

مطالعه تنوع گلوتنینها و همچنین گلایدین‌ها و ایزوزایم‌ها.

لاگوداه و همکاران را متقاعد نمود که از میان ۷۹ نمونه *T. tauschii* مورد مطالعه تنها ۳ نمونه از نظر مارکرهای بررسی شده مشابه با گندمهای هگزاپلوئید بوده و می‌توانستند به عنوان دهنده اصلی ژنوم D به گندم مطرح شوند. جالب توجه آنکه یکی از این نمونه‌ها از نواحی غرب گرگان - که به عنوان مرکز پیدایش گندم پیشنهاد شده است - جمع‌آوری شده بود (۱۲).

ویلیام و همکاران تنوع پروتئینهای ذخیره‌ای نمونه های *T. tauschii* را در مرکز بین‌المللی سیمیت مورد مطالعه قرار دادند. این محققین چهارده زیرواحد مختلف مشاهده نمودند که برخی از آنها مانند ۱/۵ قبلاً گزارش نشده بود. آنها همچنین نتیجه گرفتند که زیرواحدهای HMW - گلوتنین موجود در نمونه‌های *T. tauschii* در گندمهای هگزاپلوئید مصنوعی تهیه شده از آنها نیز کاملاً بروز می‌یابند (۱۹). پنا و همکاران نیز تنوع آللی نمونه‌های *T. tauschii* را در گندمهای هگزاپلوئید مصنوعی مشاهده نموده و تأثیر آنها روی خواص نانوایی را بررسی نمودند. این پژوهشگران اظهار داشتند که برخی از زیرواحدهای جدید مانند ۱۲ + ۵ و ۱۰ + ۱/۵ نسبت به سایر واریانت‌های Glu - Dl کیفیت و حجم نان بالاتری بوجود می آورند (۱۶).

از آنجا که پیش شرط استفاده از منابع ژنتیکی وحشی اطلاع از میزان و نحوه پراکنش تنوع ژنتیکی و مطالعه صفات مختلف در آنهاست (۳) و با توجه به اهمیت و کاربرد *T. tauschii* در اصلاح نباتات و همچنین محاسن بررسی الکتروفورز پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه و با عنایت به اینکه کشور ما از مراکز مهم تنوع این گونه به شمار می‌رود پژوهش حاضر برای اولین بار در کشور طراحی و اجرا گردید که اهداف عمدهٔ آن عبارت بودند از:

الف - ارزیابی وسعت تنوع آللی در مکان ژنی $Glu\text{-}D^{t}1$[2]

ب - مطالعه ارتباط تنوع جغرافیایی و تنوع ژنتیکی

بعلاوه نتایج این پژوهش می‌تواند در انتخاب نمونه‌های مطلوب *T. tauschii* از نظر زیرواحدهای HMW - گلوتنین جهت تلاقی با گندم و یا تهیه گندمهای هگزاپلوئید مصنوعی نیز مفید واقع شود.

---

1 - linkage

۲ - مطابق سایر مطالعات گزارش شده جهت تشخیص ژنوم D گندم از ژنوم T.tauschii حرف "t" بالای ژنوم D این گونه قرار داده می‌شود (۱۰ و ۱۹).

مواد و روشها

مواد گیاهی: مواد گیاهی شامل ۱۱۶ نمونه[1] *T. tauschii* بود که ۱۵ نمونه از آنها در بانک ژن گیاهی ملی ایران و بقیه در کلکسیون دانشکده کشاورزی کرج نگهداری می‌شوند. کلیه نمونه‌های بانک ژن از ایران جمع‌آوری شده بودند در حالیکه نمونه‌های کلکسیون دانشکده کشاورزی متعلق به کشورهای مختلف شامل ایران (۳۴ نمونه)، آذربایجان (۹ نمونه)، افغانستان (۶ نمونه)، تاجیکستان (۴ نمونه)، ترکمنستان (۳ نمونه)، ارمنستان (۲ نمونه)، شوروی سابق (۲ نمونه) و ترکیه (۱ نمونه) بودند. لازم به ذکر است که مبدأ ۴۲ شماره از نمونه‌های کلکسیون دانشکده کشاورزی مشخص نبود و برخی نیز از کشورهای ژاپن (۵ نمونه)، بلژیک (۱ نمونه) و سوئد (۱ نمونه) دریافت شده بودند که مبدأ اصلی و محل جمع‌آوری آنها معلوم نبود.

روش الکتروفورز: جهت تجزیه گلوتنین‌ها از ژل اکریل آمید ۱۰٪ و روش SDS - PAGE لایملی (۹) که توسط فولینگتن و همکاران (۴) اصلاح گردیده است استفاده شد. آزمایش در محل آزمایشگاه بیوتکنولوژی دانشکده کشاورزی کرج و با استفاده از دستگاه الکتروفورز Protean -IIXi Slab Cell Bio-Rad انجام گرفت.

تشخیص زیرواحدهای HMW - گلوتنین و نامگذاری آنها بر اساس مقالات لاگوداه و هالورن (۱۰) و همچنین ویلیام و همکاران (۱۹) صورت پذیرفت.

روش آماری: برای دسته‌بندی نمونه‌ها و مطالعه ارتباط تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی از تجزیه کلاستر به روش UPGMA[2] استفاده شد که بوسیله گزینه cluster نرم‌افزار SPSSWIN انجام گرفت. برای این منظور ۶۱ نمونه‌ایکه محل جمع‌آوری آنها مشخص بود بکار رفتند. در این تجزیه نمونه‌ها به عنوان تیمار و آللها به عنوان متغیر فرض شده و در مورد هر نمونه برای داشتن یا نداشتن هر یک از آللها به ترتیب اعداد یک و صفر منظور شد.

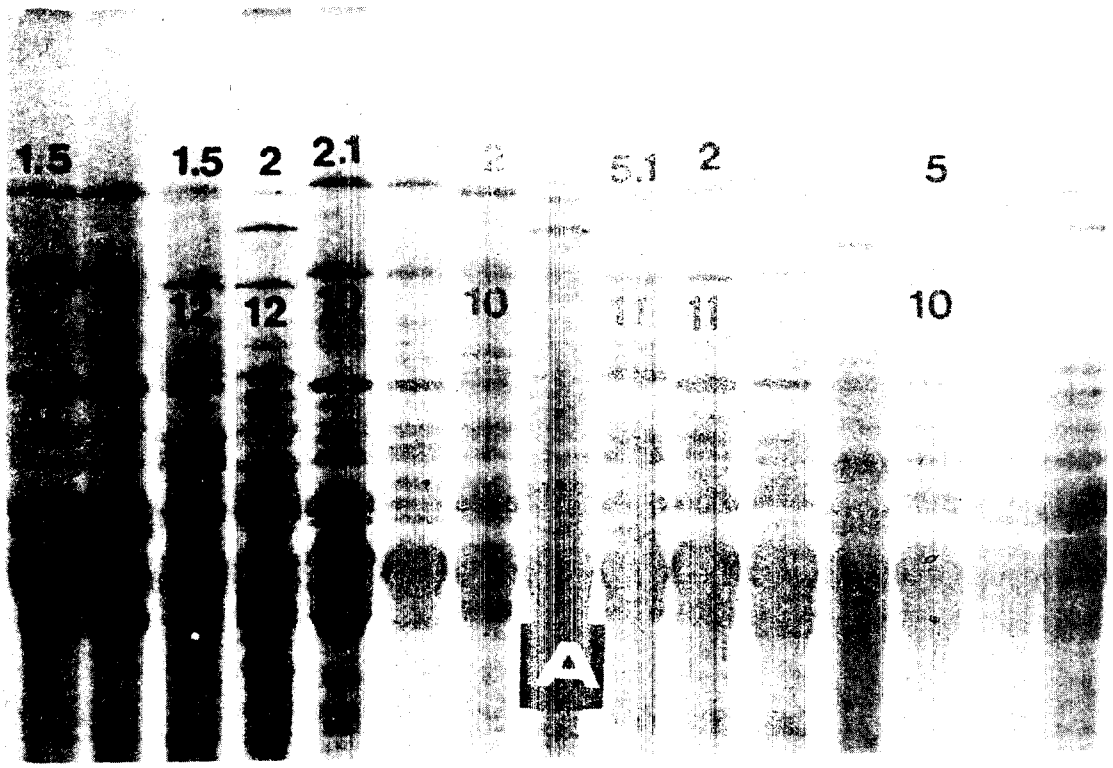
نتایج و بحث

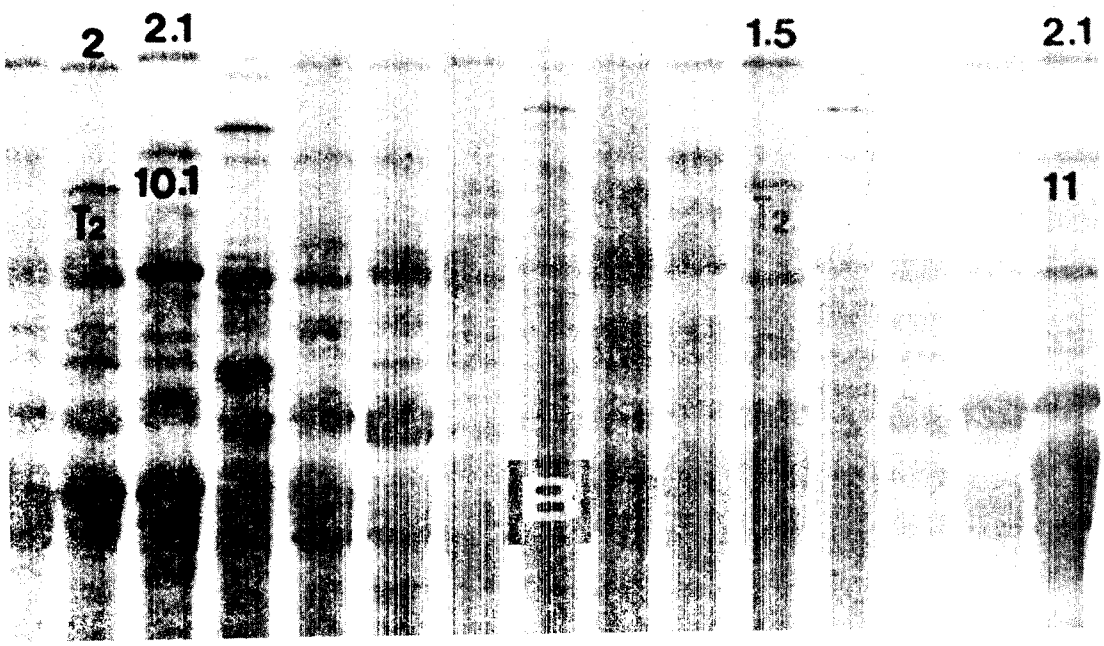
نمونه‌های *T.tauschii* تنوع زیادی برای گلوتنین‌های با وزن ملکولی بالا نشان دادند. بطوریکه ۱۴ ترکیب آللی درمکان ژنی $Glu - D^{t}1$ مشاهده شد (شکلهای ۱ و ۲).

تمامی واریانت‌های[3] آللی ترکیبی از یک جفت زیرواحد بودند و حالت نادر عدم بروز یکی از زیرواحدهای X و Y که در گندم هگزاپلوئید دیده می‌شود، در نمونه‌های مورد مطالعه مشاهده نشد. گروه زیرواحدهای کندتر X از ۲/۱ تا ۵ در گروه زیرواحدهای سریعتر Y از ۱۰/۳ تا T۲ نامگذاری شدند. و نوار[4] با تحرک کمتر از ۲ ظاهر شدند که به ترتیب افزایش تحرک ۲/۱ و ۱/۵ نامیده شدند. در نزدیکی نوار ۵ نواری مشاهده شد که تحرک کمتری نسبت به آن داشت و به عنوان نوار ۵/۱ تعیین گردید. بر اساس مقاله لاگوداه و هالورن نواری که تحرک آن بین ۱۰ و ۱۲ بود نوار ۱۱ نامگذاری شد (۱۰). شایان ذکر است که این نوار را ویلیام وهمکاران با نام ۱۰/۵ گزارش نموده‌اند (۱۹). لاگوداه و هالورن سه نوار را تشخیص دادند که در مقایسه با نوار ۱۰ تحرک پائین‌تری داشتند و به ترتیب افزایش تحرک ۱۰/۳، ۱۰/۲ و ۱۰/۱ نامیدند. از سه نوار نامبرده نوارهای ۱۰/۳ و ۱۰/۱ در نمونه‌های بررسی شده مشاهده گردید.

لاگوداه و هالورن برای *T. tauschii* نوار منحصر به فردی به نام T۲ گزارش کرده‌اند که خارج از محدودهٔ HMW - گلوتنین‌ها قرار می‌گیرد و تحرک آن از سریعترین زیر واحد گندم یعنی نوار ۱۲ نیز بیشتر است (۱۰). در نمونه‌های مورد مطالعه نیز این نوار در ترکیبات T۲ + ۲ و T۲ + ۱/۵ ظهور یافت. در بررسی مذکور و همچنین بررسی انجام شده توسط ویلیام و همکاران نوار ضعیف دیگری با عنوان T۱ در محل نوار ۱۱ معرفی شده است که اغلب به همراه T۲ در ترکیبات سه واحدی مانند T۲ + T۱ + ۲، T۲ + T۱ + ۳ و T۲ + T۱ + ۱/۵ مشاهده گردیده‌اند (۱۰ و ۱۹). در پژوهش حاضر نمونه‌های تحت بررسی این نوار را نشان ندادند. گرچه لاگوداه و هالورن در مقاله دیگری اعلام کرده بودند نوار T۱ و T۲ به صورت توأم توارث می‌یابند (۱۱)، مکی و همکاران پس از مطالعات مختلف به این نتیجه رسیدند که توارث دو نوار مذکور مستقل از یکدیگر صورت می‌گیرد. بعلاوه این محققین با انجام آزمایشات بیوشیمیایی و ملکولی مانند Urea SDS -PAGE

1 - accession
2 - unweighted paired group method using arithmetic average (UPGMA)
3 - variants
4 - band





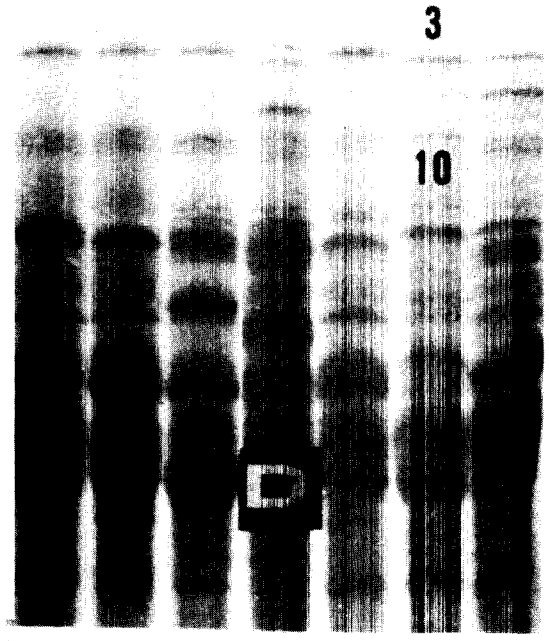
شکل ۱ - انواع زیر واحدهای مشاهده شده در نمونه های *T. touschii* ستونهای ۴ و ۸ و ۱۲ ارقام گندم امید، فلات ویکورا هستند که به عنوان شاهد بکار رفته اند.

و RP - HPLC[1] و آزمایش حلالیت دریافتند که زیرواحد T۱ جزو پروتئین‌های ذخیره‌ای گروه HMW - گلوتنین محسوب نمی‌شود. نتایج بررسی آنها همچنین نشان داد که زیرواحدهای ۱۰ و ۱۲ گندم در Urea SDS - PAGE و RP - HPLC متفاوت از بندهای ۱۰ و ۱۲ گیاه *T. tauschii* عمل می‌کنند (۱۳).

در مجموع می‌توان گفت نوع تک زیرواحدها در نمونه‌های مورد مطالعه همانند تحقیقات گذشته بود اما در این پژوهش ترکیبات جدیدی مانند ۱۰/۳ + ۲ و ۱۱ + ۵/۱ مشاهده گردیدند که قبلاً در گندم و *T.tauschii* گزارش نشده بودند. دلیل مشاهده ترکیبات جدید آنست که علیرغم طبیعت آللی زیر واحدها، بین دو مکان ژنی بهم پیوسته Glu - D1 کوسینگ‌اورهای نادر به وقوع می‌پیوندد. بطور کلی تفاوت‌هایی که در نوع و تعداد واریانتهای آللی مکان ژنی Glu - D1 گندم هگزاپلوئید و *T. tauschii* دیده می‌شود بدان علت است که تنوع ژنتیکی در آنها بطور موازی رخ نداده است (۱۲).

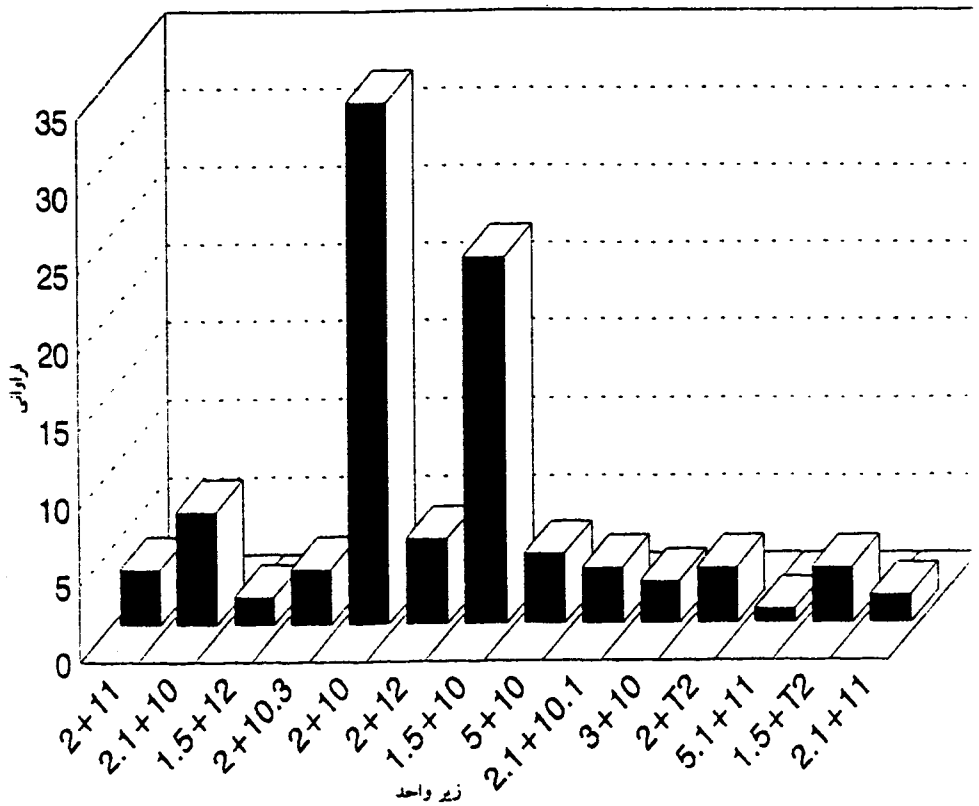
فراوانی نسبی آلل‌ها (شکل ۳) نشان می‌دهد که آللهای ۱۰ + ۲ و ۱۰ + ۱/۵ به ترتیب با فراوانی ۳۳/۶ و ۲۳/۶ درصد دارای بالاترین فراوانی و آلل ۱۱ + ۵/۱ با فراوانی ۰/۹ و آللهای ۱۱ + ۲/۱ و ۱۲ + ۱/۵ هر یک بافراوانی ۱/۸ درصد حائز پائین‌ترین فراوانی در میان نمونه‌های مورد مطالعه بوده‌اند. نمونه‌های جمع‌آوری شده از ایران با داشتن ۱۲ آلل مختلف در مکان ژنی $Glu - D^t1$ و در داخل کشور نیز استان مازندران با ۸ واریانت آللی بیشترین تنوع را در میان نمونه‌های مورد مطالعه نشان دادند که این موضوع با نتایج تحقیقات لاگوداه و هالورن مطابقت می‌نماید (۱۰). گو اینکه بنظر می‌رسد دلایل این وضعیت را باید در تعداد بالای نمونه‌های ایران جستجو نمود.

جهت بررسی ارتباط تنوع پروتئین‌های با وزن ملکولی بالا و تنوع جغرافیایی تجزیه کلاستر بر روی ۶۱ نمونه که محل جمع‌آوری آنها مشخص بود صورت گرفت. دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر (شکل ۴) بسیار جالب توجه است، چرا که تجزیه کلاستر حالت ایده‌آل بخود گرفته و نمونه‌ها را در ۱۲ گروه قرار می‌دهد که دقیقاً برابر با تعداد واریانت‌های آللی مشاهده شده در ۶۱



شکل ۲ - انواع دیگری از زیر واحدهای مشاهده شده در نمونه های *T. tauschii*

1 - reverse phase - high performance liquid chromatography

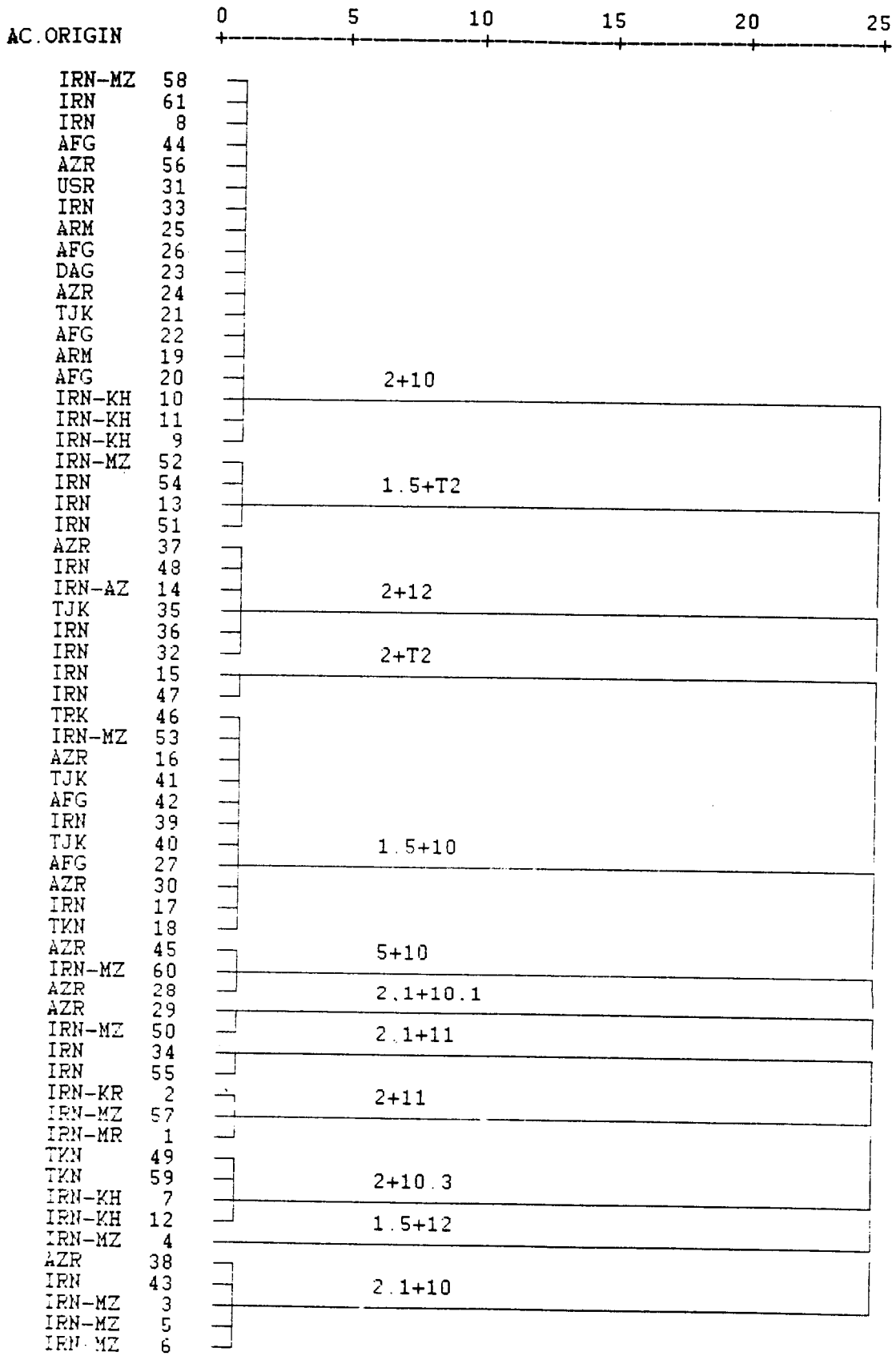


شکل ۳ - نمودار ستونی فراوانی نسبی آللها در نمونه های *T. tauschii*

نمونه است. دلیل این امر نیز روشن است؛ هر یک از نمونه‌ها تنها می‌توانند یکی از واریانتها را داشته باشند. به عبارت دیگر وجه اشتراک نمونه‌ها را فقط یک صفت تشکیل می‌دهد. بنابراین تجزیه کلاستر در نهایت نمونه‌های دارای هر یک از واریانت‌ها را در یک گروه قرار داده است. در کلاستر اول نمونه‌هایی که دارای واریانت ۱۰ + ۲ هستند، قرار گرفته‌اند و نمونه‌های دارای واریانت‌های آللی T۲ + ۱/۵، ۱۲ + ۲، T۲ + ۲، ۱۰ + ۱/۵، ۱۰ + ۵، ۱۰/۱ + ۲/۱، ۱۱ + ۲/۱، ۱۱ + ۲، ۱۰/۳ + ۲، ۱۲ + ۱/۵ و ۱۰ + ۲/۱ به ترتیب سایر کلاسترها راتشکیل داده‌اند.

در این حالت بررسی رابطه تنوع ژنتیکی و جغرافیایی بسیار مشکل می‌باشد. اما مسلم است که در صورت وجود چنین رابطه‌ای می‌بایست در هر منطقه جغرافیایی نوع یا انواع خاصی از آللها مشاهده شود (سازگاری آللی)، که در پژوهش حاضر این وضعیت واقع نگردید. همانطور که در شکل ۴ نیز مشخص است، اغلب دیده می‌شود که نمونه‌های چند کشور مختلف در یک واریانت آللی مشترک بوده و در یک کلاستر قرار گرفته‌اند که این موضوع بیانگر عدم وجود یک رابطه قابل قبول بین تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی است. بعلاوه با کمی دقت بیشتر معلوم می‌گردد که نمونه‌های مختلف یک استان - که ویژگیهای جغرافیایی تقریباً یکسانی دارد - واریانتهای مختلفی داشته و در چند کلاستر قرار گرفته‌اند و از طرف دیگر، نمونه‌های چند استان مختلف در یک کلاستر جای دارند. به عنوان مثال نمونه‌های استان مازندران در کلاسترهای یک، دو، پنج، شش، هفت، نه، یازده و دوازده دیده می‌شوند. و از سویی در کلاستر نهم نمونه‌های کرمانشاه، مازندران و استان مرکزی کنار یکدیگر قرار گرفته‌اند.

یادآور می‌شود که مطالعه رابطه تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی از آن نظر حائز اهمیت است که در صورت وجود چنین رابطه‌ای، استفاده از تنوع می‌تواند به سودمندی برنامه‌های اصلاحی کمک نموده و همچنین استراتژی جمع‌آوری و نمونه‌برداری بانک ژن را مشخص نماید. به عنوان مثال اگر همبستگی معنی‌داری بین تنوع ژنتیکی یک گونه و ارتفاع برقرار باشد، استراتژی بانک ژن می‌تواند بر جمع‌آوری نمونه از مناطق مختلف الارتفاع استوار گردد.



شکل ۴ - دندروگرام تجزیه کلاستر روی شصت و یک نمونه *T. tauschii* بجای شماره نمونه ها محل جمع آوری آنهانوشته شده است.

مراجع مورد استفاده

REFERENCES

۱ - بابایی، ح. ۱۳۷۵. بررسی تنوع ژنتیکی گندمهای بومی ایران با استفاده از الکتروفورز پروتئین‌های ذخیره آندوسپرم. پایان‌نامه فوق لیسانس، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران.

۲ - نجفیان، گ. ۱۳۷۳. تعیین رابطه زیرواحدهای گلوتنین دارای وزن ملکولی بالا با کیفیت نانوایی گندمهای نان کشت شده در ایران از طریق تکنیک الکتروفورز. پایان‌نامه فوق لیسانس، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران.

3 - Ciaffi, M., D. Lanfiandra, E. Porceddu, & S. Benedettelli. 1993. Storage - Protein variation in wild emmer(Triticum turgidum SSP. dicoccoides) from Jordan and Turkey. 2. Patterns of allele distribution. Theor. Appl. Genet. 86:518-525.

4 - Fullington, J. C., E. W. Cole, & D. D. Kassarda. 1983. Quantitative SDS - PAGE of total proteins from different wheat varieties: effect of protein content. Cereal Chem.60:65-71.

5 - Gaines, R. L., D. B. Bechtel, & Y. Pomeranz. 1985. Endosperm structural and biochemical differences between a high - protein amphiploid wheat and its progenitors. Cereal Chem. 62:25-31.

6 - Gill, B. S., & W. J. Raupp. 1987. Direct genetic transfers from Aegilops squarrosa L. to hexaploid wheat. Crop Sci. 27:445-450.

7 - Gill, B. S., W. J. Raupp, H. C. Sharma, & L. B. Browder. 1986. Resistance in Aegilops squarrosa to wheat leaf rust, wheat powdery mildew, greenbug and Hessian fly. plant disease 70 (6):553-555.

8 - Kimber, G. & M. Feldman. 1987. Wild Wheat: An Introduction, Special Report 353. College of Agriculture. University of Missouri. Columbia. USA.

9 - Laemmli, U. K. 1970. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of the bacteriophage T4. Nature (London) 227:680-685

10 - Lagudah, E. S. & G.M. Halloran. 1988. Phylogenetic relationships of Triticum tauschii the D genome donor to hexaploid wheat. 1. variation in HMW subunits of glutenin and gliadins. Theor. Appl. Genet. 75:592-598.

11 - Lagudah, E. S. & G. M. Halloran. 1988. Phylogenetic relationships of Triricum tauschii the D genome donor to hexaploid wheat. 2. Inheritance and chromosomal mapping of the HMW subunits of glutenin and gliadin gene loci of T. tauschii. Theor Appl. Genet. 75:599-605.

12 - Lagudah, E. S. & G. M. Halloran. 1989. Phylogenetic relationships of Triticum tauschii the D - genome donor to hexaploid wheat. 3. Variation in, and the genetics of seed esterases(EST-5). Theor. Appl. Genet. 77:851-856.

13 - Mackie, A. M., E. S. Lagudah, P. J. Sharp, & D. Lafiandra. 1996. Molecular and biochemical characterisation of HMW glutenin subunits from T. tauschii and the D genome of hexaploid wheat. J. Cer. Sci. 23:213-225.

14 - Mujeeb - Kazi, A. & G. P. Hettel. 1995. Utilizing wild grass biodiversity in wheat improvement. CIMMYT Research Report2.

15 - Payne, P. I, L. M. Holt, R. D. Thompson, D. Bartels, N. P. Harberd, P. A. Harris, & C. N. Law. 1983. The high molecular weight subunits of glutenin: classical genetics, molecular genetics and relationship to bread - making quality. Proc. 6th Int. Wheat Genet. Symp. Kyoto, Japan, PP. 827-834.

16 - Pena, R. J., J. Zarco - Hernandez, & A. Mujeeb - Kazi. 1995. Glutenin subunit compositions and bread - making quality characteristics of synthetic hexaploid wheats derived from Triticum turgidum Triticum tauschii (coss.) Crosses. J. Cer. Sci. 21:15-23.

17 - Slageren, M. W. Van. 1994. Wild Wheats: A monograph of Aegilops L. and Amblypyrum (Jaub. & Spach.) Eig. (Poaceae). Wageningen Agr. Univ. ICARDA.

18 - William, M. D. H. M. & A. Mujeeb - Kazi. 1995. Application of biochemical markers in wheat wide crosses. CIMMYT. Research Report 2.

19 - William, M. D. H. M., R. J. Pena, & A. Mujeeb - Kazi. 1993. Seed storage protein and isozyme variations in Triticum tauschii (Aegilops squarrosa). Theor. Appl. Genet. 87:257-263.

Study on Genetic Diversity in Wild Diploid Wheat (*Triticum tauschii*) Using Seed Storage Proteins Electrophoresis

V. MOHAMMADI, P. AHMADIAN - TEHRANI, S. ABD - MISHANI AND M. R. GHANNADHA

Former Graduate Student, Professor, Associate Professor & Assistant Professor, Respectively. Department of Agronomy, College of Agriculture, University of Tehran, Karaj, Iran.

Accepted 3 Feb. 1999

SUMMARY

Variation of HMW - glutenin subunits was studied in 116 accessions of *Triticum tauschii* (2n=2X=14) from different countries using SDS - PAGE. A wide variability for HMW glutenins was observed and fourteen Glu-D^t1 subunit combinations were found among differernt accessions. Possessing 12 allelic variants, the accessions from Iran showed the highest polymorphysm. Two new allelic variants (2 + 10.3 and 5.1 + 11) were recognized. 2 + 10 and 5.1 + 11 with 33.6 and 0.9 percent had the highest and the lowest relative frequency, respectively. The results provided no proof for the allelic adaptiveness of seed storage proteins. High variability and having subunits which do not exist in hexaploid wheat indicates that *T. tauschii* accessions can be used for enhancing the genetic variaion of bread wheat.

Keywords: *Triticum tauschii*, HMW-Glutenin & Variation.