تاثیر تنوع آللی زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی زیاد درارزش نانوائی لاینهای بهنژادی گندم نان

گودرز نجفیان ، دکتر سیروس عبدمیشانی و دکتر بهمن یزدی صمدی

بترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و استادان گروه زراعت و اصلاح نباتات

دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران

تاریخ پذیرش مقاله ۷۵/۱۲/۸

خلاصه

به منظور بررسی رابطه بین زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی زیاد و ارزش نانوائی گندم نان ، ۱۵۴ لاین بهنژادی گندم که برای ارزش نانوائی انتخاب نشده بودند با استفاده از روش SDS-PAGE مورد الکتروفورز قرار گرفتند. سپس ارزش نانوائی این لاینها با استفاده از آزمایشهای فارینوگراف، حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS تعیین گردید. با تفسیر منحنی های فارینوگراف، مدت زمان تکامل ،پایداری و میزان شل شدن خمیر و ارزش والوریمتری تعیین گردید. با تجزیه های آماری اثر مکانهای ژنی سه گانه (Glu-A1 ، Glu-B1 ، Glu-D1) در تغییرات حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS از نظر آماری معنی دار شد. برای این دو صفت زیر واحدهای ۱ و *۲ بهتر از نول و زیر واحدهای ۱۰+۵ بهتر از ۱۲+۲ بودند. زیر واحدهای ۱۸+۱۷ فقط در حجم رسوب SDS بهتر از دو ترکیب ۸+۷ و ۹+۷ بود. اثر مکان ژنی Glu-D1 بیشتر مشخص بود ،طوریکه برای آنان علاوه بر صفات فوق، ارزش والوریمتری ،مدت زمان تکامل و پایداری خمیر نیز معنی دار گردید. اثر متقابل درصد پروتئین و Glu-A1 برای ارزش والوریمتری و حجم رسوب SDS و درصد پروتئین با Glu-B1 برای حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS معنی دار گردید. بعضی همبستگی های بین اثرات متقابل دوگانه زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی زیاد و ارزش نانوائی ، از جمله (۱۰+۵) × (۱) و (۱۰+ ۵) × (۱۷ +۱۸) برای ارزش والوریمتری، مدت زمان تکامل خمیر ،حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS مثبت و معنی دار گردید. بنظر می رسد نقش درصد پروتئین در ظهور خواص مفید زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی زیاد ، مهم است . بطور کلی تجزیه داده ها به روشهای مختلف و مقایسه میانگین های آللی نشان داد که زیر واحدهای ۱۰+۵ ، ۱ ، *۲ و ۱۸+۱۷ نقش مهمی در ارزش نانوائی گندم دارند.

واژه های کلیدی : زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی زیاد ، لاینهای بهنژادی گندم، کیفیت نانوایی

مقدمه

تعیین ارزش نانوائی گندم نان در برنامه های بهنژادی و آزمایشگاههای ارزیابی کیفیت آرد همواره با مشکلاتی روبرو بوده است زیرا کیفیت صفت پیچیده ای است و آزمایش هایی که برای ارزیابی کیفیت تا به امروز متداول بوده اند نتیجه ای بدست می دهند که حاصل عمل فاکتورهای مختلف از جمله کمیت و کیفیت پروتئین است. لذا ساده کردن صفات پیچیده کیفیت در معیارهایی که بتوان با اطمینان کامل و دقت بالا نمونه های با کیفیت‌های مختلف را جدا و

شناسائی نمودویااز روی کیفیت والدین یک تلاقی خاص کیفیت نتاج راپیش بینی‌کرد،برای اصلاح نباتات ضروریست. تحقیقات نشان داده که‌صفات‌وخصوصیات گلوتن است که تنوع و تغییرات ارزش نانوایی ارقام گندم را تعیین می کند. هشتاد درصد گلوتن از پروتئین، ۸ درصد آن از چربی و بقیه آن از مواد معدنی و کربوهیدارتها تشکیل شده است . از این اجزاء پروتئین ها عامل ایجاد خاصیت منحصر بفرد چسبندگی و کشسانی گلوتن می باشند (۱۲ ،۱۵ و ۳۵).

ازچهاردسته‌پروتئین‌های مشخص شده در دانه گندم (آلبومین ، گلوبولین ، گلوتنین و گلایدین) دو دسته گلوتنین و گلایدین پروتئین های ذخیره ای دانه بشمار می روند که هر کدام حدودا" ۴۰ درصد کل پروتئین آرد را تشکیل می دهند و تنها حدود ۱۰ درصد از کل پروتئین آرد مربوط به آلبومین و گلوبولین است (۲۷ و ۳۳).

احیاء و شکستن پیوندهای دی سولفید بین زنجیره ای توده های گلوتنین باعث می گردد که این توده ها به زیر واحدها یا رشته های پلی پپتید اولیه تفکیک شوند که از لحاظ وزن مولکولی به دو دسته گلوتنین های با وزن مولکولی زیاد و گلوتنین های با وزن مولکولی کم تقسیم شده‌اند.

آللهای ژنتیکی کدکننده گلوتنین های با وزن مولکولی زیاد در سه جایگاه ژنی مرکب (Glu-B1,Glu-A1 و Glu-D1) روی بازوی بلند کروموزومهای همیولوگ گروه ۱ قرار دارند (۲ و ۲۳). پاین و لاورنس (۲۹) برای مکان ژنی Glu-A1 سه آلل، مکان ژنی Glu-B1 یازده آلل و مکان ژنی Glu-D1 شش آلل گزارش کرده اند . زیر واحدهای پروتئینی که توسط این آللها کد می گردند اغلب به صورت ترکیبات دو گانه (باندهای x و y) در الکتروفورز ظاهر می گردند . عقیده بر این است که ایجاد پیوندهای دی سولفید بین اجزاء گلوتنین که منجر به تشکیل پلیمرهای بزرگ گلوتنین می گردد باعث ایجاد خاصیت الاستیسیته و ارتجاعی گلوتن می شود. علاوه بر خاصیت ارتجاعی این گلوتنین ها ، اثرات متقابل پروتئین های گلوتن با سایر اجزاء آن نظیر چربیها و کربوهیدراتها از طریق پیوندهای هیدروفوبیک (آبگریزی)[1] و یونی نیز عامل موثر در خواص چسبندگی و الاستیسیته خمیر ذکر شده است (۶، ۹، ۱۰و ۳۴). در هر لاین یا رقم گندمی که برای مکانهای ژنی سه گانه که به آنها اشاره گردید خالص باشد از ۳ تا ۵ زیر واحد گلوتنین با وزن مولکولی زیاد کد می گردد که بسته به نوع و ترکیب آنها ممکن است تاثیرات متفاوت در ارزش نانوائی آن رقم یا لاین بجا بگذارند. تحقیقات بسیاری به منظور بررسی نقش آللهای مختلفی که در این سه مکان ژنی وجود دارند با استفاده از آزمایش های مختلف کیفی روی گندم انجام گرفته است .

پاین و همکاران (۲۸) با استفاده از نتاج کراسهای مختلف و آزمایش رسوب SDS[2] نشان داده اند که زیر واحدهای ۱۰+۵ در مکان ژنی Glu-D1 و زیر واحد ۱ در مکان ژنی Glu-A1 حجم رسوب بالاتری نسبت به آللهای مقابل خود ۱۲+۲ و نول داشته اند و نقش مکان ژنی Glu-B1 را نامشخص دانسته و ترتیب تاثیر مکانهای ژنی سه گانه را در ارزش نانوائی به صورت 1D>1A>1B ذکر کرده اند. با استفاده از آزمایش رسوب SDS و بررسی‌نقش گلوتنین های باوزن مولکولی زیادکرسی و همکاران (۱۰) وکمپ بل و همکاران (۷) با استفاده از لاینهای پیشرفته، کاریلو و همکاران (۸) با استفاده از لاین های هموزیگوت نوترکیب، پاین و همکاران (۳۰)، راجرز و همکاران (۳۲) با استفاده از لاینهای آنیوپلوئید و گرامی و کوآلست (۱) با استفاده از نتاج F3 حاصل از تلاقی ارقام قوی و ضعیف نتایجی مشابه فوق برای آللهای مکان های ژنی (Glu-A1 و Glu-D1) ارائه نموده اند و بیشتر تفاوت نتایج در مورد آللهای مکان ژنی Glu-B1 بوده است .

سایر محققین بااستفاده‌ازآزمایشهای‌مختلف،رابطه گلوتنین های‌باوزن مولکولی زیادرابا‌ارزش نانوائی نشان داده اند (۵، ۱۱، ۱۴ و ۲۴). در برخی از این تحقیقات به اثرات متقابل بین ژنومی و یا بین زیر واحدهای گلوتنین و درصد پروتئین اشاره شده است .

هدف‌ازاین تحقیق‌کسب‌اطلاع‌برای‌توجیه‌تنوع موجوددر ارزش نانوائی گندمهای نان از طریق بررسی رابطه گلوتنین های دارای وزن مولکولی زیادباارزش نانوائی لاینهای تصادفی گندم ایران بوده است .

مواد و روشها

مواد گیاهی :

مواد گیاهی این تحقیق متشکل از ۱۵۴ لاین بهنژادی گندم

1 - Hydrophobicity

2- Sodium dodecyl sulfate

نان (T.aestivum L.) بود. این لاینها تنها برای عملکرد و صفات زراعی مورد انتخاب و اصلاح قرار گرفته اند و از لحاظ کیفیت نانوائی لاینهای تصادفی محسوب می گردند. مزیت استفاده از این لاینها این است که فاکتورهایی غیر از گلوتنین های با وزن مولکولی زیاد که در کیفیت موثرند و ممکن است در اثر گزینش فنوتیپی برای کیفیت در ارقام تجارتی گندم جمع شده باشند ، در اینجا توزیع تصادفی دارند و بواسطه عدم اطلاع از چگونگی آنها بر کلیه روابط به صورت تصادفی تاثیر می گذارند.

برای انجام الکتروفورز و کلیه آزمایش ها از بذر مربوط به یکسال زراعی (۷۱-۱۳۷۰) استفاده شد .

الکتروفورز:

برای تعیین نوع گلوتنین های با وزن مولکولی زیاد در لاین های مورد ارزیابی، پروتئین با استفاده از SDS و مرکاپتواتانل [1] استخراج و الکتروفورز با استفاده از ژل ۱۰ درصد پلی آکریلامید (SDS-PAGE) طبق روش لایملی (۲۰) که توسط فولینگتن و همکاران (۱۳) تعدیل شده است ،انجام گرفت . در موارد لازم برای تفکیک باندهای ۲ و *۲ از ژل ۷/۵ درصد استفاده شد. تشخیص و نامگذاری زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی زیاد طبق کاتالوگ پاین و همکاران (۲۹) صورت گرفت. امتیاز هر ژنوتیپ نیز طبق روش پاین و همکاران (۳۰) برای کلیه لاینها تعیین گردید.

آزمایشهای تعیین ارزش نانوائی :

آزمایش فارینوگراف :

آزمایش فارینوگراف با استفاده از دستگاه فارینوگراف / رزیستوگراف برابندر [2] با محفظه مخلوط کن ۵۰ گرمی طبق دستور العمل ارائه شده در کاتالوگ آن انجام گرفت (۳). درصد رطوبت بذرهای مورد بررسی کنترل گردید و به حدود ۱۴ درصد رسانیده شد. نمونه های گندم با استفاده از آسیاب کوادرومات - جونیور [3] برابندر آرد شدند. برای هر نمونه یک منحنی جذب آب و یک منحنی نرمال بدست آمد و سپس با تفسیر منحنی های فارینوگراف طبق کاتالوگ فوق الذکر، صفات مدت زمان تکامل خمیر (به دقیقه) ، مدت زمان پایداری خمیر (به دقیقه) و میزان شل شدن خمیر (به واحد فارینوگراف) تعیین گردیدندوسپس صفات فوق الذکر مربوط به منحنی فارینوگراف به ارزش والوریمتری [4] یا عیار سنجی که یک عدد لگاریتمی است و نشان دهنده ارزش نانوائی است تبدیل گردیدند.

آزمایش رسوب زلنی :

آزمایش رسوب زلنی طبق استاندارد شماره ۱۱۶ انجمن بین المللی شیمی غلات [5] (۱۷) انجام شد. آسیاب سدیمات برابندربرای آرد کردن نمونه ها بکار رفت که مناسب روش زلنی است .

آزمایش رسوب SDS :

آزمایش رسوب SDS طبق روش ارائه شده کوئیک و دانلی (۳۱) با تغییرات جزئی برای نمونه ها انجام شد. از سیلندرهای درب دار ۱۰۰ میلی لیتری و بورت های اتوماتیک زلنی استفاده شد. حدود ۱۰ گرم از هر نمونه ۲۴ساعت قبل از انجام آزمایش با آسیاب Udy که آرد کامل بدست می دهد ، آرد شده و در قوطی های درب دار پلاستیکی کوچک نگهداری شدند. برای انجام آزمایش ۶ گرم آرد را در یک سیلندر زلنی درب دار ریخته و ۵۰ میلی لیتر آب مقطر به دمای اتاق رسیده را اضافه نموده و ۱۵ ثانیه با شیکر لوله یا ورتکس [6] به سرعت بهم زده شد. سپس ، بعد از ۲و ۴ دقیقه ، تکان دادن سریع با دست ، بمدت ۱۵ ثانیه تکرار گردید. بعد از دومین مرحله تکان دادن با دست (اتمام ۴ دقیقه) ۵۰ میلی لیتر از محلول سولفات دو دسیل سدیم (SDS) ۲ درصد که به آن به ازای هر ۵۰میلی لیتر ، ۱ میلی لیتر از محلول اسید لاکتیک ۸۵ درصد - آب مقطر (به نسبت ۱ به ۸) اضافه گردیده بود، به سیلندر اضافه نموده و باگذاشتن درب آن محتوی سیلندر بوسیله سرو ته کردن چهار بار بهم زده شد و در یک سطح قرار داده شد و بعد از ۲،۴،و ۶ دقیقه تکان دادن تکرار گردید. پس از اتمام ۶ دقیقه (که طی آن چهار نوبت: دقایق ۰،۲،۴و۶ ودر هر نوبت چهار بار سیلندرها تکان داده شده اند) سیلندرها دریک سطح صاف قرارگرفتندتارسوب تشکیل شود. ۱۰ دقیقه بعد از قرار دادن ، حجم رسوب به میلی لیتر قرائت گردید.

تعیین درصد پروتئین :

درصد پروتئین نمونه های گندم با استفاده از دستگاه NIR تعیین گردید و دقت دستگاه با استفاده از روش کجلدال کنترل گردید.

---

1 - Mercaptoethanol
2 - Brabender Farinograph/Resistograph
3- Brabender Quadrumat-Junior
4 - Valorimetery
5 - IACC
6 - Vortex

روشهای آماری :

برای تعیین نقش مکانهای ژنی سه گانه (Glu-B1,Glu-A1 و Glu-D1) و درصد پروتئین و نیز اثرات متقابل در ارزش نانوائی از برنامه آماری GLM [1] در نرم افزار کامپیوتری SAS استفاده شد. بدلیل تکرارهای نامساوی برای ترکیبات مختلف گلوتنین ها این برنامه مناسب بوده و قادر به برازش مدل خطی است. مقایسه میانگین ها با استفاده از روش دانکن صورت گرفت. برای انجام تجزیه همبستگی ورگرسیون گام به گام، زیر واحدهای گلوتنین بزرگ به صورت متغیر اندیکاتور [2] (۲۲) در نظر گرفته شدند (متغیرهای اندیکاتور برای تبدیل صفات کیفی دو حالته ، حصور و عدم حضور، در نمونه های مورد بررسی به کمیت که بترتیب بصورت یک و صفر مشخص می شوند ، بکار می روند .) حضور و عدم حضور هر آلل به ترتیب با اعداد ۱ و ۰ برای هر نمونه گندم مشخص شد و همبستگی بین آللها و صفات کیفی ، آللها با هم، صفات کیفی با هم ، و همچنین بین اثرات متقابل دو گانه آللها و صفات کیفی با استفاده از برنامه CORR در نرم افزار SAS بدست آمد. همچنین با قرار دادن کلیه آللها و اثرات متقابل دو گانه آنها و امتیاز ژنوتیپ (۳۰) به عنوان متغیرهای مستقل در مقابل خصوصیات کیفی با استفاده از برنامه REG در نرم افزار SAS تجزیه رگرسیون گام به گام انجام شد از لاینهای مورد بررسی حدود ۲۷ نمونه دارای آللهای با فراوانی کم یا مخلوط (بیوتیپ آللی) بودند و در تجزیه هاوارد نگردیدند.

نتایج و بحث

یک نمونه تصویر ژل ۱۰٪ انجام شده برای لاینهای مورد ارزیابی در شکل ۱ نشان داده شده است. در جدول ۱ نوع ، تعداد ، و فراوانی زیر واحدهای مشاهده شده دراین لاینها آورده شده است. زیر واحدهای ۷، ۱۵+۱۴، ۱۶+۱۳ و ۱۹+۱۳ که توسط آللهای مکان ژنی Glu-B1 کد می گردند دارای فراوانی کم بودند و از محاسبات حذف شدند،(جدول ۱ و شکل ۱).

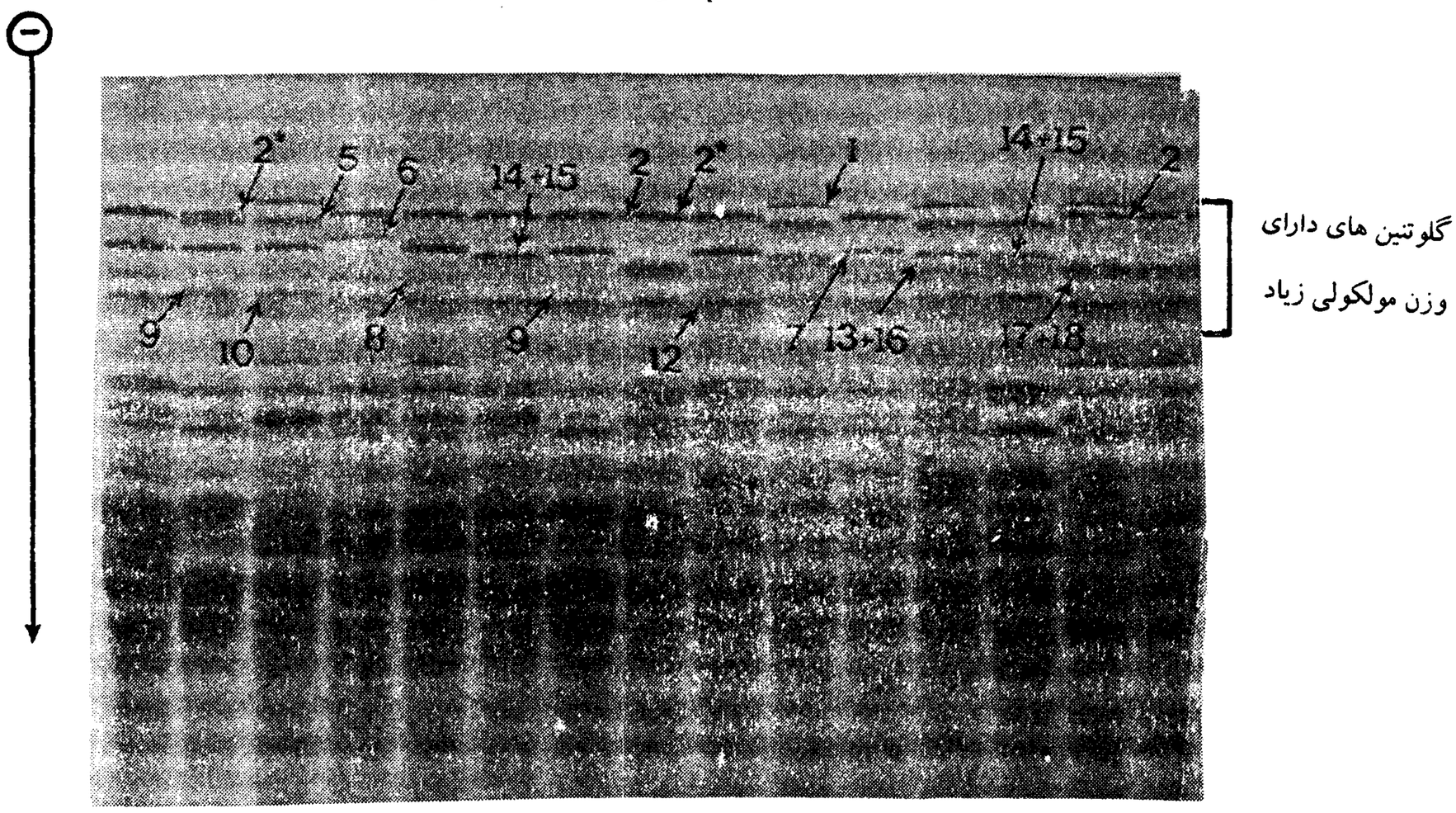
نقش مکان ژنی Glu-A1 و تنوع آللی آن در ارزش نانوائی :

تنوع آللی در مکان ژنی Glu-A1 درتغییرات سه صفت میزان پروتئین، حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS تاثیر داشته ونقش این مکان ژنی برای صفات فوق معنی دارشده است (جدول ۲).مطالعاتی که روی کمیت زیرواحدهای گلوتنین باوزن موکلولی زیاد صورت گرفته همواره نشان داده‌اندکه زیرواحد ۱ دراین مکان ژنی باعث ارتقاءمحسوس درصد پروتئین می گردد. در این تحقیق نیز لاینهایی که زیر واحد ۱ را داشتند با درصد پروتئین ۱۱/۳ اختلاف معنی داری با لاینهای دارای زیر واحدهای دیگر *۲ ونول داشتند. برای حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS دو زیر واحد ۱ و *۲

جدول ۱ - تعداد و فراوانی زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی زیاد در لاینهای گندم مورد ارزیابی .

	مکان ژنی و زیر واحدهای مربوط به آن											
	Glu-A1			Glu-B1						Glu-D1		
	نول	*۲	۱	۷	۷+۸	۷+۹	۱۷+۱۸	۱۴+۱۵	۱۳+۱۶	۱۳+۱۹	۲+۱۲	۵+۱۰
تعداد	۲۵	۵۸	۵۳	۳	۳۴	۵۱	۴۲	۱	۴	۱	۶۰	۷۶
فراوانی (درصد)	۱۸	۴۳	۳۹	۲	۲۵	۳۸	۳۱	۱	۳	۱	۴۴	۵۶

1 - General Linear Model 2 - Indicator



شکل ۱ - نمونه تصویر ژل ۱۰ درصد انجام شده به روش SDS-PAGE برای لاینهای گندم مورد بررسی .

هر دو در یک گروه قرار گرفتند و اختلاف معنی داری با آلل نول نشان دادند که با نتایج پاین و همکاران (۳۰)،ادنباچ و محجوب (۲۶) و گرامی و کوآلست (۱) مطابقت دارد (جدول ۳). همبستگی های مثبت و معنی دار زیر واحد ۱ با صفات درصد پروتئین و حجم رسوب زلنی و همبستگی های منفی و بسیار معنی دار آلل نول با صفات حجم رسوب زلنی و SDS تائید کننده این نتایج است .

اگر چه نقش این مکان ژنی در دو صفت ارزش والوریمتری و مدت زمان تکامل خمیر معنی دار نشده ولی مقایسه میانگین ها نشان داد که دو زیر واحد ۱ و *۲ در هر دوصفت در یک گروه با میانگین بیشتر قرار گرفتند. البته اختلاف *۲ با نول معنی دار نشد. دلیل معنی دار نشدن نقش این مکان ژنی می تواند پائین بودن کلی درصد پروتئین در لاینهای مورد ارزیابی باشد. زیرا در آزمایش فارینوگراف بایستی به اندازه ای درصد پروتئین خمیر بالا باشد که فاز پیوسته پروتئین بتواند تحت تاثیر خواص زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی زیاد قرار گیرد و قدرت خمیر را نشان دهد. در حالیکه برای دو آزمایش ضریب رسوب مقدار کم این زیر واحدها توانسته است اثرات متقابل خود را در فاز مایع نشان داده و باعث تغییر در حجم رسوب گردد. معنی دار شدن اثر متقابل پروتئین و مکان ژنی Glu-A1 برای صفت ارزش والوریمتری نشان می دهد که با افزایش درصد پروتئین ،لاینهای دارای آللهای سه گانه این مکان ژنی در صفت فوق افزایش نشان داده اند و این خود اهمیت درصد پروتئین و اثر متقابل آنرا با عملکرد این زیر واحد ها نشان می دهد . کالستر و وریژکن (۱۹) نشان داده اند که مقدار و کمیت زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی زیاد با کیفیت نانوائی همبستگی دارد. گوپتا و همکاران (۱۴) نیز به این موضوع اشاره نموده اند.

نقش تنوع آللی مکان ژنی Glu-B1 در ارزش نانوائی :

نقش مکان ژنی Glu-B1 در حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS معنی دار شد. مقایسه میانگین های آللی این مکان ژنی نشان داد که برای صفت حجم رسوب زلنی تنها با روش LSD زیر واحد ۱۸+۱۷ میانگین بیشتری از دو آلل دیگر داشت.

برای حجم رسوب SDS طبق روش دانکن (مطابق با LSD) دو زیر واحد ۱۸+۱۷ و ۸+۷ با میانگین بیشتری در یک گروه قرار گرفتند.

زیر واحدهای ۸+۷ با ۹+۷ نیز در یک گروه قرار گرفتند (جدولهای ۲و۳).درتجزیه همبستگی ترکیب ۱۸+۱۷باحجم رسوب SDS همبستگی مثبت و معنی دار وزیر واحدهای ۹+۷ همبستگی منفی ومعنی دارنشان دادندکه تائید کننده این نتایج هستند (جدول ۴). برتری دو ترکیب ۱۸+۱۷ و ۸+۷ در حجم رسوب SDS توسط

جدول ۲ - مقایر MS و R^2 مدل تجزیه واریانس خطی برای خصوصیات ارزش نانوایی .

منابع تغییر	ارزش والوریمتری	تکامل خمیر	پایداری خمیر	شل شدن خمیر	میزان پروتئین	حجم رسوب زلنی	درصد جذب آب	حجم رسوب SDS
Glu-A1	۳۲۴/۳۹	۸/۰۹	۸/۴۹	۲۵۳/۱۲	۴/۴۸**	۹۲/٦۰**	۲۱/۷۲	۷۴۳/۰۷**
Glu-B1	۱۷۲/۱۳	۴/۳٦	۱۵/۵۹	۸۰۷۹/۰٦	۰/۰۴	۲۴/٦٦*	۵/۴۳	٦۵۵/۹۱**
Glu-D1	۲۷۵/۴۲**	۵٦/۴۵**	٦۰/۹۱*	۱۲۱۷۴/۰۵	۲/۲۱**	۸٦/۲٦**	۱۵/۵۲	۸۹۲/۵۲**
پروتئین	۱۰۹۲/٦۰**	۳۳/۵۱**	۳۲/۲۷	۲۵۰۷۸/۹۴**	۸۹/۴۹**	۱۰۵/۷۹**	۱٦۷/۴۱	۵۹۲/۲۷**
Glu-A1xGlu-B1	۷۲/۲۹	۲/۵٦	٦/۵۹	۳٦٦۰/۱۰	۰/۰۷	۳/۷٦	۵/٦۰	۵۰/۷۰
Glu-A1xGlu-D1	۵۵/۲۳	۱/٦۲	۲/۷۱	۲٦۰۱/۰٦	۰/۴۹	۸/۰۳	۱۸/۱۳	۱٦/۳۷
Glu-B1xGlu-D1	۸۳/٦۱	۰/۲۱	۱۳/۸۹	۳۲٦۰/۸۴	۰/۳۷	۲/٦۲	۲۸/۹۵	۴٦/۱۵
پروتئین xGlu-A1	۴۳۷/۷۱*	٦/۲۵	۱۳/٦۷	٦۵۳۲/٦۷	۰/۲۷	۱۲/۳۱	۲۴/۵۳	۲۲۹/۹۰*
پروتئین xGlu-B1	۲۳۵/۳۸	۱/۸۹	۲۵/۴۹	۸۲۵۱/٦۴	۰/۳۰	۲۲/۳۰*	٦/۳۲	۲۳۸/٦۸*
پروتئین xGlu-D1	۱۰/۵۴	۲/۹٦	۱/۸۳	۲۵۱/۰۲	۰/۰۹	۱/٦۴	۱٦/٦۴	۱۷۸/۷۹
R^2 مدل	۰/۳۷	۰/۳۵	۰/۲۵	۰/۲۹	۰/۸۵	۰/۴۹	۰/۲٦	۰/۴٦

* و **: بترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

پاین و همکاران (۳۰) و لاورنس (۲۴) گزارش شده است که نتایج حاضر مطابق با آنها است . در کل نقش مکان ژنی Glu-B1 و تنوع آللی آن توسط محققین زیادی نامشخص ذکر شده است . پاین و همکاران (۲۸) ،کرسی و همکاران (۱۰) و کمپ بل و همکاران (۷) از آن جمله اند.

نقش تنوع آللی مکان ژنی Glu-D1 در ارزش نانوائی :

جدول ۲ نقش بسیار معنی دار مکان ژنی Glu-D1 را در صفات ارزش والوریمتری ، تکامل خمیر ،پایداری خمیر ، میزان پروتئین ، حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS نشان می دهد. معنی دار شدن نقش این مکان ژنی در بیشتر صفات نشان می دهد که در ارزش نانوائی نقش این مکان ژنی بیشتر از دومکان ژنی دیگراست که توسط محققین زیادی ازجمله پاین و همکاران (۲۸) کاریلو و همکاران (۸) و راجرز و همکاران (۳۲)برآن صحه گذارده شده‌است.

مقایسه میانگین های دو زیر واحد مشاهده شده برای این مکان ژنی نشان می دهد که در کلیه صفات فوق الذکر بجز درصد پروتئین ترکیب ۱۰+۵ دارای میانگین بیشتری از زیر واحدهای ۱۲+۲ است که در همه این صفات نشانه قدرت بیشتر گلوتن است که تحت تاثیر این زیر واحد قرار می گیرد (جدول ۳). در تائید این مطلب کمتر تحقیقی می توان ذکر کرد که به مطلوبیت زیر واحد

جدول ۳ - مقایسه میانگین های آللی مکانهای ژنی سه گانه و گروههای پروتئین برای خصوصیات ارزش نانوائی

مکان ژنی	ارزش والوریمتری	تکامل خمیر (دقیقه)	پایداری خمیر (دقیقه)	شل شدن خمیر (BU)	میزان پروتئین %	حجم رسوب زلنی (ml)	میزان جذب آب %	حجم رسوب SDS (ml)
Glu-A1								
۱	۴۹/۴^{a}	۳/۵^{a}	۵/۲^{a}	۱۳۲/۱^{a}	۱۱/۳^{a}	۲۲/۸^{a}	۶۴/۷^{a}	۶۴/۰^{a}
۲*	۴۷/۵^{ab}	۳/۰^{ab}	۵/۱^{a}	۱۳۲/۲^{a}	۱۰/۸^{b}	۲۲/۲^{a}	۶۴/۸^{a}	۶۳/۲^{a}
نول	۴۲/۹^{b}	۲/۵^{b}	۴/۲^{a}	۱۳۷/۴^{a}	۱۰/۶^{b}	۱۹/۴^{b}	۶۳/۲^{a}	۵۴/۷^{b}
Glu-B1								
۱۷+۱۸	۴۹/۵^{a}	۳/۴^{a}	۵/۶^{a}	۱۲۳/۲^{a}	۱۰/۹^{a}	۲۲/۷^{a}	۶۴/۱^{a}	۶۵/۶^{a}
۷+۸	۴۶/۹^{a}	۲/۷^{a}	۵/۰^{a}	۱۲۵/۲^{a}	۱۰/۹^{a}	۲۱/۵^{a}	۶۴/۸^{a}	۶۲/۴^{ab}
۷+۹	۴۶/۰^{a}	۳/۱^{a}	۴/۵^{a}	۱۴۶/۶^{a}	۱۰/۹^{a}	۲۱/۶^{a}	۶۴/۶^{a}	۵۸/۸^{b}
Glu-D1								
۵+۱۰	۵۱/۴^{a}	۳/۷^{a}	۵/۶^{a}	۱۲۴/۶^{a}	۱۱/۰^{a}	۲۲/۷^{a}	۶۴/۱^{a}	۶۴/۵^{a}
۲+۱۲	۴۲/۵^{b}	۲/۴^{b}	۴/۲^{b}	۱۴۳/۶^{a}	۱۰/۹^{a}	۲۱/۰^{b}	۶۴/۹^{a}	۵۸/۵^{b}
گروههای پروتئین								
۱:کمتراز ۱۰%	۴۰/۸^{b}	۱/۷^{b}	۴/۰^{b}	۱۳۳/۱^{b}	۹/۱^{c}	۱۹/۳^{b}	۶۳/۲^{b}	۵۷/۹^{b}
۲:۱۰-۱۲%	۵۱/۵^{a}	۳/۶^{a}	۵/۷^{a}	۱۱۷/۷^{b}	۱۱/۰^{b}	۲۲/۹^{a}	۶۳/۷^{b}	۶۵/۴^{a}
۳:بیشتراز ۱۲%	۴۵/۰^{b}	۳/۵^{a}	۴/۳^{ab}	۱۶۸/۷^{a}	۱۲/۶^{a}	۲۲/۶^{a}	۶۷/۵^{a}	۵۸/۵^{b}

۱ - در یک ستون برای هر مکان ژنی میانگین هایی که حداقل دارای یک حرف یکسان هستند از نظر آماری (روش مقایسه دانکن)اختلاف معنی دار ندارند.

BU : واحد فارینوگراف

۱۰+۵ اشاره نکرده باشد. بعنوان نمونه می توان پاین و همکاران (۲۸) ،کرسی و همکاران (۱۰)، کمپ بل و همکاران (۷) لاگودا و همکاران (۲۱)، پاین و همکاران (۳۰)، کالستر و همکاران (۱۸)، دانگ و همکاران (۱۱) مسلت واهلن (۲۵) و گرامی و کوآلست (۱) را نام برد .

همبستگی های بین زیر واحدهای ۱۰+۵ و ۱۲+۲ با کلیه صفات فوق الذکر که مطابق با مقایسه میانگین هاست بترتیب مثبت و معنی دار و منفی و معنی دار شده اند (جدول ۴).

در تجزیه همبستگی، امتیاز ژنوتیپ که طبق روش پیشنهاد شده پاین و همکاران (۳۰) با توجه به نوع آللهای گلوتنین موجود در مکانهای ژنی سه گانه تعیین می گردد،با صفات ارزش والوریمتری ،تکامل خمیر ، پایداری خمیر ،حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS همبستگی مثبت و بسیار معنی دار و با صفت میزان شل شدن خمیر همبستگی منفی و معنی دار نشان داد که نمایانگر تاثیر انواع

گلوتنین ها در ارزش نانوائی است و زیر واحدهایی مانند ۱ و *۲ در مکان ژنی Glu-A1 و ۱۸+۱۷ و ۸+۷ در مکان ژنی Glu-B1 و ۱۰+۵ در مکان ژنی Glu-D1 که بیشترین امتیازها را دارند، در عمل و طبق نتایج تفسیر شده در قسمت های قبل عملکرد مطلوبی درخصوصیات ارزش نانوائی مورد ارزیابی داشتند (جدول ۴).

از لحاظ میزان پروتئین لاینهای مورد ارزیابی به سه گروه پروتئین ۱ ، ۲ و ۳ بترتیب برای میزان پروتئین کمتر از ۱۰ درصد ، ۱۲-۱۰ درصد و بیشتر از ۱۲ درصد دسته بندی شدند. نقش این گروهها در صفات ارزش والوریمتری ، تکامل خمیر ، میزان شل شدن خمیر ، حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS معنی دار شد (جدول ۲). مقایسه میانگینهای این سه گروه پروتئین برای صفات فوق نشان داد که در صفات ارزش والوریمتری ، پایداری خمیر و حجم رسوب SDS گروه پروتئین ۲ میانگین بیشتری از دو گروه دیگر داشت و در یک گروه جدا قرار گرفت .

جدول ۴ - ضرایب همبستگی خصوصیات ارزش نانوائی و گلوتنین های دارای وزن مولکولی زیاد

خصوصیات کیفی مورد بررسی و گلوتنین ها	ارزش والوریمتری خمیر	تکامل خمیر	پایداری خمیر	شل شدن خمیر	درصد پروتئین	حجم رسوب زلنی	درصد جذب آب	حجم رسوب SDS
تکامل خمیر	۰/۷۶**	۱						
پایداری خمیر	۰/۸۰**	۰/۶۶**	۱					
شل شدن خمیر	-۰/۷۵**	-۰/۲۰*	-۰/۶۲**	۱				
درصد پروتئین	۰/۱۷*	۰/۳۸**	۰/۰۹	۰/۱۵	۱			
حجم رسوب زلنی	۰/۶۸**	۰/۴۸**	۰/۴۶**	-۰/۵۰**	۰/۴۰**	۱		
درصدجذب آب	-۰/۰۹	۰/۰۱	-۰/۱۵	۰/۱۸*	۰/۳۶**	۰/۱۴	۱	
حجم رسوب SDS	۰/۷۳**	۰/۳۹*	۰/۶۲**	-۰/۷۰**	۰/۰۵	۰/۷۲**	-۰/۰۱	۱
۱	۰/۱۱	۰/۱۴	۰/۰۵	-۰/۰۱	۰/۲۰*	۰/۲۱*	۰/۰۴	۰/۱۴
*۲	۰/۰۱	-۰/۰۳	۰/۰۳	-۰/۰۱	-۰/۱۱	۰/۰۷	۰/۰۶	۰/۱۰
نول	-۰/۱۵	-۰/۱۴	-۰/۱۰	۰/۰۳	-۰/۱۰	-۰/۳۵**	-۰/۱۳	-/۳۰**
۷+۸	-۰/۰۲	-۰/۱۲	۰/۰۰	-۰/۰۷	۰/۰۰	-۰/۰۸	۰/۰۵	۰/۰۲
۷+۹	-۰/۰۸	۰/۰۱	-۰/۱۲	۰/۱۷	۰/۰۰	-۰/۰۹	۰/۰۲	-۰/۲۳**
۱۷+۱۸	۰/۱۱	۰/۱۰	۰/۱۲	-۰/۱۰	۰/۰۰	۰/۱۷	-۰/۰۷	۰/۲۲**
۲+۱۲	-۰/۳۱**	-۰/۳۰**	-۰/۲۰*	۰/۱۴	-۰/۰۵	-۰/۲۵**	۰/۰۸	-۰/۲۵**
۵+۱۰	۰/۳۱**	۰/۳۰**	۰/۲۰*	-۰/۱۴	۰/۰۵	۰/۲۵**	-۰/۰۸	۰/۲۵**
امتیاز ژنوتیپ	۰/۳۵**	۰/۳۰**	۰/۲۵**	-۰/۱۸*	۰/۱۰	۰/۴۲**	۰/۰۰	۰/۴۴**

* و ** :بترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد .

اگر چه افزایش میزان پروتئین در ارتقاء کیفیت نانوائی موثراست ولی بنظر می رسد که گروه پروتئین ۲ بدلیل قرار گرفتن بیشتر از نصف لاین ها در آن (۶۷ لاین از ۱۲۷ لاین تجزیه شده)و با در نظر گرفتن این موضوع که ژنوتیپ های مطلوب بیشتری در این گروه قرار دارند در صفات ارزش والوریمتری ،پایداری خمیر و حجم رسوب SDS میانگین بیشتری از دو گروه دیگر داشت ضمن اینکه در سایر صفات مانند تکامل خمیر و حجم رسوب زلنی با گروه پروتئین ۳ در یک گروه قرار گرفتند و میانگین بیشتری نسبت به گروه ۱ نشان دادند (جدول ۳).

توجیه این مطلب همان است که در قبل به آن اشاره شد و آن نقش درصد پروتئین و اثر متقابل آن با زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی زیاد است . که با افزایش درصد پروتئین از گروه ۱ (کمتر از ۱۰٪) به گروه ۲ و۳ (۱۲-۱۰ و بیشتر از ۱۲٪) خصوصیات ارزش نانوائی افزایش نشان داده اند. برای صفت میزان شل شدن خمیر، گروه پروتئین ۳مقدار بیشتری نسبت به گروه دیگر نشان داد . با نظری اجمالی به زیر واحدهای گلوتنین مشخص می شود که ۵۰ درصد لاین هایی که در گروه پروتئین ۳ قرار گرفتند زیر واحدهای ۹+۷ در مکان ژنی Glu-B1 را داشتند که میتواند علت میزان بیشتر شل شدن خمیر در گروه پروتئین ۳ باشد. معنی دار شدن همبستگی مثبت بین اثر متقابل دو ترکیب ۹+۷ و ۱۲+۲ برای میزان شل شدن خمیردلیلی براین ادعااست(جدول مربوطه نشان داده نشده است). برای صفت درصدجذب آب،گروه پروتئین ۳،میانگین بیشتری ازدو گروه دیگر نشان دادکه بدلیل افزایش میزان گلوتن درواحدحجم خمیراست .

اثرات متقابل :

از بین اثرات متقابل تنها اثر متقابل بین مکان ژنی Glu-A1 با گروههای پروتئین برای ارزش والوریمتری و حجم رسوب SDS و نیز اثر متقابل بین مکان ژنی Glu-B1 و گروههای پروتئین برای حجم رسوب زلنی وحجم رسوب SDS معنی دار گردید (جدول ۲).

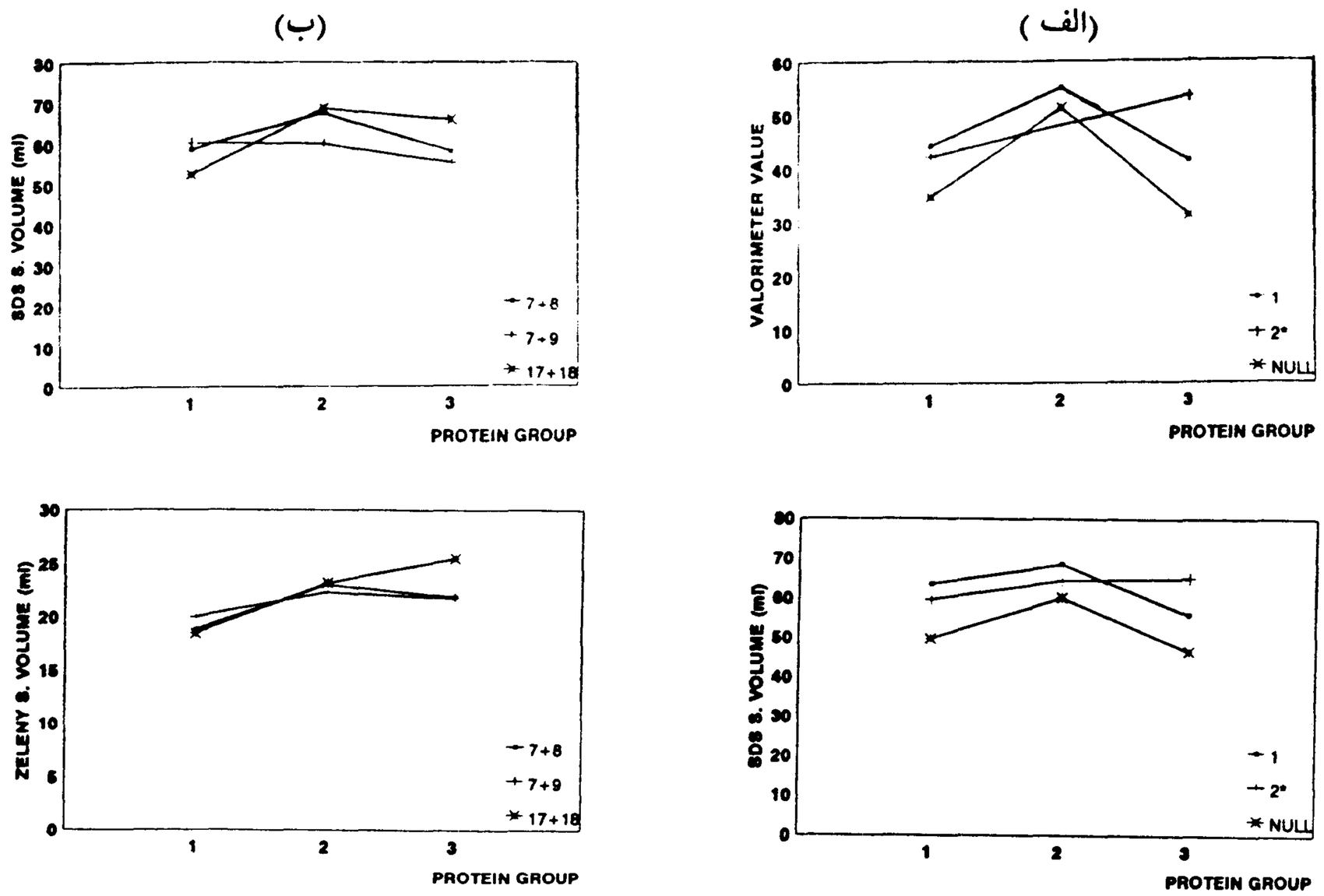
شکل ۲ - الف نشان می دهد که با افزایش درصد پروتئین از گروه ۱ به ۲ برای هرسه زیر واحد مربوط به مکان ربی Glu-A1، دو صفت ارزش والوریمتری و حجم رسوب SDS افزایش حاصل کرده اند اما از گروه پروتئین ۲ به گروه ۳مجددا" در صفات فوق برای دو زیر واحد ۱ ونول کاهش حاصل شده است ، در حالیکه زیر واحد *۲ همچنان افزایش صفات فوق را نشان داده است . علت این امر شاید این باشد که در گروه پروتئین ۲ بدلیل فراوانی بیشتر لاینها برای آن (بیش از ۵۰ درصد) احتمالا" اثر متقابل سایر زیر واحدها نیز در این افزایش کلی صفات فوق موثر بوده است و دلیل دیگر در همین زمینه همبستگی مثبت و معنی دار زیر واحد *۲ و زیر واحد ۱۰+۵ است (جدول مربوطه نشان داده نشده است). که بدلیل ارزش مطلوب هر دو زیر واحد در گروه پروتئین ۳ نیز،زیر واحد *۲ همچنان برای صفات فوق الذکر افزایش نشان داده است یعنی با افزایش مقدار پروتئین اثر متقابل و ارزش مطلوب زیر واحدهای مفید بروز می کند و باعث ارتقاء قدرت گلوتن و ارزش نانوایی می گردد.

در مکان ژنی Glu-B1 برای حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS دو زیر واحد ۷+۸ و ۱۸+۱۷ از گروه پروتئین ۱ به ۲ افزایش نشان داده اند. این روند در مورد زیر واحد ۹+۷ تنها برای صفت حجم رسوب زلنی صادق است افزایش حجم رسوب زلنی برای هر سه ترکیب در گروه ۳ نیز نسبت به گروه پروتئین ۱ حفظ شده است و کاهش کمی که از گروه ۲ به گروه ۳ برای دو ترکیب ۸+۷ و ۹+۷ مشاهده می گردد می تواند بدلیل ذکر شده برای مکان ژنی Glu-A1 در قسمت فوق باشد . اما زیر واحدهای ۱۸+۱۷ در هر دو گروه ۲ و۳ برای صفات حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS افزایش نشان دادند. در مورد حجم رسوب زلنی باید گفت که این صفت تا حدودی تابع درصد پروتئین است (جدول ۴ و مرجع ۴) و به همین دلیل برای هر سه زیر واحد در گروه پروتئین ۳ نیز افزایش حجم رسوب نسبت به گروه پروتئین ۱ حفظ شده است . در این میان مطلوبیت زیر واحد ۱۸+۱۷ باعث شده است تا با افزایش میزان پروتئین از گروه ۲ به ۳ نیز صفت حجم رسوب زلنی افزایش نشان دهد (شکل ۲ - ب).

برای حجم رسوب SDS که مستقل از درصد پروتئین است (جدول ۴ و مراجع ۳۱و ۳۲)، ماهیت زیر واحد ۹+۷ بهتر آشکار گشته است ، بطوریکه از گروه پروتئین ۱ به۲ و ۳ کاهش حجم رسوب SDS مشاهده گردید (شکل ۲ -ب).

نتایج تجزیه رگرسیون :

نتایج تجزیه رگرسیون برای لاین های مورد ارزیابی زیاد قابل توجه نبود و دلیل آن کمتر آشکار شدن نقش ژنومهای A و B



شکل ۲ - اثرات متقابل بین میزان پروتئین و آللهای مکان های ژنی Glu-A1 (الف) برای ارزش والوریمتری و حجم رسوب SDS , Glu-B1 (ب) برای حجم رسوب زلنی و حجم رسوب SDS.
(گروه پروتئین ۱ :کمتر از ۱۰ درصد ۲:۱۲ - ۱۰ درصد ۳ : بیشتر از ۱۲ درصد)

در این ارزیابی بود که علت آن پائین بودن درصد پروتئین لاین ها ذکر شد.

برای صفت ارزش والوریمتری دو متغیر امتیاز ژنوتیپ و اثر متقابل دو زیر واحد ۱ و ۱۰+۵ در مدل رگرسیون معنی دار شدند اما بدلیل کم بودن مقدار R^2 مدل قابل ذکر نیست.

برای صفت مدت زمان تکامل خمیر متغیرهای درصد پروتئین با تاثیر مثبت، زیر واحد ۱۲+۲ باتاثیر منفی و اثر متقابل دو زیر واحد ۱ و ۱۰+۵ با تاثیر مثبت در مدل معنی دار شدند. R^2 مدل۰/۲۶ شد و مدل در سطح ۰/۰۰۰۱ معنی دار شد.

برای برآورد مدت زمان تکامل خمیر با استفاده از این متغیر ها مدل زیر بدست آمد که بایستی برای واریته ای که زیر واحد ۱۲+۲ و یا دو زیر واحد ۱ و ۱۰+۵ را داشته باشد عدد ۱را در پرانتز هاقرار داد، در غیر اینصورت عدد صفر جایگزین آنها خواهد شد.

مدت زمان تکامل خمیر = ۰/۵۴ X۱ - ۰/۹ X۲ + ۰/۹۶ X۳

X۱ = درصدپروتئین

X۲ = حضور یا عدم حضور ۱۲+۲

X۳ = حضور یا عدم حضور دو ترکیب ۱ و ۱۰+۵

در موردمیزان شل شدن خمیر اثر متقابل دو زیر واحد ۹+۷ و ۱۲+۲ با تاثیر مثبت در افزایش آن معنی دار شد اما مدل رگرسیون به دلیل پائین بودن R^2 قابل توجه نیست . در مورد صفت حجم رسوب زلنی دو متغیر امتیاز ژنوتیپ و درصد پروتئین در مدل رگرسیون با مقدار R^2 معادل ۰/۳۰ در سطح ۰/۰۰۰۱ معنی دارشدند. برای برآورد حجم رسوب زلنی از طریق این متغیر ها مدل رگرسیون به صورت زیر است :

حجم رسوب زلنی = ۰/۹۶ X۱ + ۰/۹۱X۲

X۱ = امتیاز ژنوتیپ ، X۲ = درصد پروتئین

در مورد صفت حجم رسوب SDS دو متغیر امتیاز ژنوتیپ و اثر متقابل *۲ و ۱۰+۵ در مدل رگرسیون معنی دار شدند،اما بدلیل R^2 پایین مدل ،قابل توجه نیستند.

به طور کلی پائین بودن میانگین درصد پروتئین ۱۲۷ لاین وارد شده در تجزیه های آماری (۱۰/۹ درصد) ممکن است باعث کمتر آشکار شدن نقش زیر واحدهای مطلوب گلوتنین با وزن مولکولی زیاد و اثرات متقابل و افزایشی آنها در صفات مربوط به ارزش نانوائی مورد ارزیابی بخصوص اجزاء منحنی فارینوگراف شده باشد ، اگرچه در این تحقیق نقش ژنومهای سه گانه به ترتیب 1D>1A>1B با توجه به معنی دار شدن تنوع آللی مکانهای ژنی مربوط به آنها در صفات مختلف مشخص گشت که در تحقیقات بسیاری برآن صحه گذارده شده است (۸و ۲۸).

در نهایت برتری زیر واحدهای ۱۰+۵ بر ۱۲+۲ در مکان ژنی Glu-D1 و زیر واحدهای ۱ و *۲ بر نول در مکان ژنی Glu-A1 می تواند در اصلاح کیفیت مورد توجه قرار گیرد. در مورد آللهای مکان ژنی Glu-B1 اگر چه زیر واحدهای ۱۸+۱۷ و ۸+۷ به ترتیب بهتر از زیر واحدهای ۹+۷ بنظر می رسند ، اما مطالعات بیشتری با تاکید بیشتر بر میزان پروتئین و اثرات متقابل لازم است تا بتوان در مورد این زیر واحدها دقیق تر قضاوت نمود. مطالعه گلوتنین های با وزن مولکولی کم که نسبت بیشتری از گلوتنین آرد را تشکیل می دهند بهمراه گلوتنین های با وزن مولکولی زیاد در بهتر شناختن علل تنوع ارزش نانوائی ارقام گندم موثر است .

سپاسگزاری

بدینوسیله از سازمان تحقیقات ،آموزش و ترویج کشاورزی بخاطر تامین هزینه این تحقیق و نیز بخش تحقیقات غلات موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج بخاطر در اختیار گذاردن بذر مورد نیاز ازلاینهای مورد ارزیابی،تشکر و سپاسگزاری می شود.

مراجع مورد استفاده

REFERENCES

۱ - گرامی ، ب . و کالوین کوالست .۱۳۷۲ . استفاده از الکتروفورز در اصلاح گندم . مجموعه مقالات کلیدی اولین کنگره زراعت و اصلاح نباتات ایران ، انتشارات دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران ، کرج ، صفحات ۲۶۹-۲۴۳.

2 - Bietz , J.A. , K.W. Shepherd , & J.S. Wall. 1975. Single kernel analysis of glutenin: use in wheat genetic and breeding .Cereal Chem .52:513-532.

3 - Brabender co.Testing method with Farinograph .Duisburg, West GER.

4 - Branlard , G., M. Rousset, P. Villemont , & C.Mousset .1984. Prediction of the technological quality of bread wheat from the gliadin and glutenin polymorphism .pp 195-205 in: Graveland A.& J.H.E. Moonen , (eds.) Gluten Proteins .Proc.of 2nd international workshop on gluten proteins. wageningen , the netherlands.

5 - Brunori , A. G. Galterio , C. Zannettino , & N.E. Pogna .1984.·Bread making quality indices in Triticum aestivum progenies. Implication in breeding for better bread wheat .Plant Breeding 102:222-231.

6 - Bushuk , W., & F.Bekes. 1984. Carbohydrate and lipid complexes with gliadin and glutenin .pp 101-109 in :Graveland , A. & J.H.E. Moonen ,(eds.) Gluten Proteins. Proc . of 2nd international workshop on gluten proteins. Wageningen , the Netherlands.

7 - Campbell, W.P. , C.W. Wrigley , P.J. Cressey , & C.R. Slack. 1987. Statistical correlations between quality attributes and grain protein composition for 71 hexaploid wheats used as breeding parents. Cereal Chem .64(4): 293-299.

.pp 484-496.

23 - Lawrence , G.J. K.W. Shepherd .1981. Chromosomal location of genes controlling seed protein in species related to wheat . Theor .Appl. Genet .59:25-31.

24 - Lawrence , G.J. , F. Macritchie & C.W. Wrigley .1988. Dough and baking quality of wheat lines deficient in glutenin subunits controlled by the Glu-A1, Glu-B1 and Glu-D1 loci. J. Cereal Sci.7:109-112.

25 - Mosleth , E, & A.K. Uhlen .1990. Association between the composition of gliadins and HMW glutenin subunits and the gluten quality in wheat (T.Aestivum L.) . pp 112-127 in : Bushuk , W. and R. Tkachuk ,(eds.) Gluten protein .AACC, St.Paul. MN,(1991).

26 - Odenbach ,W.& E.L. S. Mahgoub .1988. Relationship between HMW glutenin subunit composition and the sedimentation value in reciprocal sets of inbred backcross line derived from two winter wheat crosses .pp 987-991 in: Proc.7th Int. Wheat Genet. Symp. , Cambridge , England

27 - Osborne , T.B. 1907. The proteins of wheat kernel. Cargenie Inst. Washington ,Pub 1 No.84.

28 - Payne , P.I. , K.G. Corfield , L.M. Holt , and J.A. Blackman .1981. Correlations between inheritance of certain high molecular weight subunits of glutenin and breadmaking quality in progenies of six crosses of bread wheat .J.Sci. Food Agric .32:51-60.

29 - Payne , P.I. & G.J. Lawrence .1983. Catalogue of alleles for the complex gen loci, Glu-A1 , Glu-B1 and Glu-D1 which code for high molecular weight subunits of glutenin in hexaploid wheat . Cereal Research communications 11(1):29-35.

30 - Payne , P.I. , L.M. Holt , E.A. Jackson , & C.N. Law .1984. Wheat storage proteins their genetics and thier potential for manipulation by plant breeding .philos .Trans . R. Soc. London ser B, 304:359-371.

31 - Quick , J.S. & B.J. Donnelly .1980. A rapid test for estimating durum wheat gluten quality .Crop Sci. 20:816-818.

32 - Rogers ,W.J., J.M. Rickatson ,E.J. Sayers , and C.N. Law .1990. Dosage effect of chromosomes of homoelogous groups 1 and 6 upon bread making quality in hexaploid wheat. Theor.Appl.Genet .80:281-287.

33 - Schofield , J.D. & M.R. Booth .1983. Wheat proteins and their technological significance. in : B.J.F. Hudson , (ed.) Developments in food proteins .Vol2 , Applied Science publishers .London.

34 - Simmods , D.H. , & C.W. Wrigley .1972. The effect of lipid on the solubility and molecular weight range of wheat and storage proteins. Cereal Chem . 49:317-323.

35 - Wall , J.S. 1979. The role of wheat proteins in determining baking quality .pp275-311 in :Lidman , D.L. & R.G. Wynjones , (eds.) Recent advances in the biochemistry of cereals . Academic Press, London.

Effect of Allelic Variation For High Molecular Weight Glutenin Subunits on Bread -Making Quality of Breeding Lines of Wheat

G.NAJAFIAN , C.ABD-MISHANI AND B.YAZDI-SAMADI

Former Graduate Student and Professors , College of Agriculture , University of Tehran . Karaj,Iran.

Accepted 26, Feb.1997.

SUMMARY

In order to study the relationship between high molecular weight glutenin subunits (HMW-GS) and bread - making quality of wheat (T.aestivum L.) , 154 advanced breeding lines of wheat which have not been selected for baking quality , assayed by SDS-PAGE and their HMW-GS were determined . Bread-making quality of the lines was revealed indirectly by Farinography ,Zeleny and SDS Sedimention tests. Farinogram traits including dough stability (DS), dough weakening (DW) and valorimeter value (VAL) were measured.Statistical analysis showed that the effects of Glu-1 loci (Glu-A1, Glu-B1 and Glu-D1) were significant for variation in Zeleny and SDS sedimentation volume. For these two traits , subunits 1 and 2^* and 5+10 were superior to 7+8 and 7+9 for SDS sedimentation volume. Effect of locus Glu-D1 in addition to the mentioned traits , was significant for VAL , DDT and DS .Glu-A1 and protein content interaction effect was significant for VAL and SDS sedimentation volume .Glu-B1 and protein content interaction effect was significant for Zeleny and SDS sedimenation volume. Correlation coefficients between HMW-GS interactions were significant for some baking quality characteristics, For example (1) x (5+10) effect was correlated positively with VAL ,DDT, Zeleny and SDS sedimentation volume. It seems that the protein content is important for the expression of HMW -GS effects. The results of this research showed that the subunits 5+10 , $1,2^*$ and 17+18 had more positive effects on baking quality than the other subunits.