بسم الله الرحمن الرحيم

تحصیلات تکمیلی دانشگاه
دانشکده کشاورزی
گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی

پایان نامه جهت اخذ درجه کارشناسی ارشد در رشته بیوتکنولوژی گیاهی

بررسی تنوع ژنتیکی ارقام گندم دوروم بر اساس ژن گلوتنین با استفاده از نشانگر مولکولی STS

استادان راهنما:
دکتر محمود سلوکی
دکتر مسیح فروتن

استاد مشاور:
دکتر سید کاظم صباغ

تهیه و تدوین:
الهام صبوری رباط

خرداد ۱۳۹۱

تقدیم به:

پدر مهربانم

که با تلاش بی وقفه آنچه در توان داشت در راه تحصیل و موفقیتم بذل نمود و همواره امید بخش

راه زندگی ام بوده و هست.

تقدیم به مادر عزیزم

تقدیم به چشمان نگران او، تقدیم به مهربانی و مهرش، تقدیم به دلداریهایش در روزهای سخت

زندگی ام. باشد که پاسخگوی قطره ای از دریای محبت بی کرانش باشم.

تقدیم به برادران و خواهرانم

آنان که همواره در هر شرایطی مرا مورد لطف بی منتهای خود قرار دادند.

سپاسگزاری

الهی مرادیده‌ای ده که ازهر نظر بهشتی سازم. الهی دلی ده که درکار تو جان بازیم و جانی ده که کار آن جهان سازیم. اهی دانایی ده که در راه نیقتیم و بینایی ده که در چاه نیقتیم. الهی عنایت توکوه است و فضل تو دریا، کوه کی فرسود و دریا کی کاست؟عنایت توکی جست و فضل توکی واخواست، پس شادی یکی است که دوست یکتاست. الهی تا آموختن را آموختم، آموخته را جمله بسوختم و اندوخته را بیندوختم، نیست را بفروختم تا هست بیفروختم.

اینک که به یاری خدا و الطاف بیکرانش توانایی این را یافتم که این پژوهش را به پایان برسانم جای آن دارد از خانواده ام و تمامی استادان و دوستان که در این مسیر یاری ام کردند و قطعا بدون یاری و همکاری ایشان این کار میسر نمی شده است سپاسگذاری کنم.

از جناب آقای دکتر محمد سلوکی استاد راهنمای اول که این تحقیق به خاطر مساعدت ها و راهنمائی هایشان به انجام رسید، کمال قدردانی را دارم.

از جناب آقای دکتر مسیح فروتن استاد راهنمای دوم پایان نامه، که راهنمایی ها و ارشاد ایشان از ابتدای این دوره شامل حال من بوده و در تمام مراحل از حمایت های ایشان بهره مند بودم صمیمانه سپاسگزارم.

از جناب آقای دکتر براتعلی سیاه سر ریاست محترم دانشکده کشاورزی و همچنین مشاور عزیزم جناب آقای دکتر سید کاظم صباغ که در اجرای این پایان نامه مرا مساعدت نمودند، کمال تشکر و قدردانی را دارم.

از کارشناس محترم پژوهشکده زیست فناوری سرکار خانم ناهید خواجه و همکلاسی های محترم آقایان یعقوب شیری و احسان محرابی نژاد برای تمام روزهایی که گذشت و برای تحمل تمام دغدغه ها و نگرانی هایم از صمیم قلب سپاسگذارم.

از دوستان جناب آقای مهندس رئیسی عزیزی، جناب آقای مهندس خالق بابکی و جناب آقای مهندس گزمه و همچنین سرکار خانم مهندس خسروی و سرکار خانم خون رز که در مراحل مختلف این تحقیق یاری رسان بنده بودند کمال سپاس و قدردانی را دارم.

از دوستان عزیز خانم ها سمیرا سادات فاطمی، کبری زرین، معصومه ملانوروزی، نازنین نعیم آبادی، فاطمه مشایخی و سهیلا رضازاده و سعیده سعیدی برای تمام زحمت هایم حلالیت طلبیده و امیدوارم در تمام مراحل زندگی موفق و مؤید باشند.

الهام صبوری ۱۳۹۱

چکیده

تنوع آللی در بلوک‌های ژنی کد کننده پروتئین‌های ذخیره‌ای گندم دوروم زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-Gs) بین ۳۰ ژنوتیپ از گندم‌های دوروم *(Triticum turgidum var durum)* ، با استفاده از روش STS-PCR مورد بررسی قرار گرفت. چهار جفت آغازگر اختصاصی برای بلوک‌های ژنی-GLU A1 و GLU-B1 برای واکنش زنجیره‌ای پلیمراز بکارگرفته شد. نتایج حاصل از الکتروفورز محصولات PCR در روی ژل آگارز نشان داد که تنوع قابل ملاحظه‌ای بین ژنوتیپ‌های گندم دوروم به خصوص توده‌های بومی وجود دارد. چندشکلی‌های مشاهده شده با استفاده از روش‌های چند متغیره تجزیه شدند. در تجزیه‌ی مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اول در مجموع ۶۶/۹۰ درصد از کل تغییرات را توجیه کرد. سهم مؤلفه اول در میزان تنوع مشاهده شده ۴۱/۳۸ درصد بود. مؤلفه دوم ۲۵/۵۲ درصد از کل تغییرات را توجیه کرد. تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA انجام شد و در ضریب تشابه ۰/۶۲ بر اساس روش جاکارد، ارقام به هشت گروه اصلی تفکیک شدند.نتایج تحقیق نشان داد که جایگاه ژنی GLU-B1 تنوع قابل ملاحظه‌ای را نشان می‌دهد. همچنین در برخی موارد مشاهده شد که بین منطقه مورد کشت و شباهت ژنتیکی توده‌های بومی همبستگی وجود دارد.

واژه‌های کلیدی: نشانگر مولکولی، فاصله ژنتیکی، گلوتنین، پروتئین،STS

فصل اول

مقدمه..... ۲

فصل دوم: کلیات و مروری بر مطالعات انجام شده

۲- مروری بر تحقیقات انجام شده..... ۷

۲-۱- کلیات..... ۷

۲-۱-۱- اهمیت گندم دوروم..... ۷

۲-۱-۲- گیاه شناسی گندم..... ۸

۲-۱-۳- تکامل ژنوم گندم..... ۸

۲-۱-۴- پروتئین های دانه گندم..... ۹

۲-۱-۴-۱- پروتئین‌های گلوتنی..... ۱۰

۲-۱-۴-۱-۱- گلیادین‌ها..... ۱۰

۲-۱-۴-۱-۲- زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی پایین LMW-Gs..... ۱۱

۲-۱-۴-۱-۳- زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا HMW-Gs..... ۱۱

۲-۱-۴-۱-۳-۱- موقعیت کروموزومی ژن‌های کدکننده HMW-Gs..... ۱۳

۲-۱-۴-۱-۳-۲- ساختار و سازمان دهی ژن‌های HMW-Gs..... ۱۴

۲-۱-۵- تنوع ژنتیکی..... ۱۵

۲-۱-۵-۱- نشانگر های مورفولوژیکی..... ۱۶

۲-۱-۵-۲- نشانگر های پروتئینی..... ۱۷

۲-۱-۵-۳- نشانگرهای DNA..... ۱۸

۲-۱-۵-۳-۱- واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)..... ۱۸

۲-۳-۵-۱-۲- نشانگرهای مولکولی غیر مبتنی برPCR ۱۹
۳-۳-۵-۱-۲- نشانگرهای مولکولی مبتنی بر PCR ۲۰
۴-۳-۵-۱-۲- خصوصیات مناسب یک نشانگر مولکولی ۲۰
۵-۳-۵-۱-۲- نشانگر STS ۲۱
۳-۲- مروری بر تحقیقات انجام شده ۲۲

فصل سوم: مواد و روش‌ها

۱-۳- مواد گیاهی ۲۸
۲-۳- استخراج DNA ۳۰
۱-۲-۳ تعیین کمیت و کیفیت DNA ۳۱
۳-۳ تهیه آغازگرها ۳۲
۴-۳- انجام واکنش PCR ۳۳
۵-۳- الکتروفروز فرآورده‌های تکثیرشده ۳۵
۶-۳- تجزیه و تحلیل داده‌ها ۳۵
۱-۶-۳- تجزیه خوشه‌ای ۳۶
۲-۶-۳- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ۳۶

فصل چهارم: نتایج و بحث

۱-۴- نتایج حاصل از استخراج DNA ۳۹
۲-۴- آزمون اختصاصی بودن آغازگرها ۴۰
۳-۴- نتایج بررسی‌های مولکولی ۴۱
۱-۳-۴- آغازگر GLU-A1. 1 ۴۱
۲-۳-۴- آغازگر GLU-B1. 1 ۴۲

۳-۳-۴- آغازگر GLU-B1. 2 ..... ۴۴
۴-۳-۴- آغازگر GLU-B1. 3 ..... ۴۵
۴-۴ تجزیه و تحلیل آماری ۴۷
۱-۴-۴- نتایج مربوط به PIC ۴۷
۲-۴-۴ تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ۴۸
۳-۴-۴- تجزیه‌ی خوشه‌ای ۵۱
۱-۳-۴-۴ شرح گروه‌ها و زیرگروه‌های نمودار تجزیه‌ی خوشه‌ای ۵۳
۵-۴ نتیجه‌گیری کلی ۵۷
۶-۴ پیشنهادات ۵۸
منابع و مآخذ ۵۹

فهرست جداول

عنوان صفحه

جدول۱-۲ فهرست آلل‌های کنترل‌کننده HMW(Payne and Lawrence, 1983) ۱۱

جدول۱-۳ ژنوتیپ‌های استفاده شده در این پژوهش ۲۸

جدول۲-۳ ژنوتیپ‌های دیپلوئید و هگزاپلوئید مورد استفاده در این پژوهش ۲۹

جدول ۳-۳ مواد تشکیل دهنده ۱۰۰۰ میلی‌لیتر بافر استخراج ۳۰

جدول ۴-۳ مواد تشکیل دهنده یک لیتر بافر(۱X) TAE ۳۱

جدول ۵-۳ مشخصات آغازگرها ۳۲

جدول ۶-۳ برنامه تکثیر آغازگرها با دمای اتصال مختلف ۳۳

جدول ۷-۳ غلظت مواد استفاده شده در PCR ۳۳

جدول ۱-۴ مقادیر ویژه، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر مؤلفه و واریانس تجمعی حاصل از تجزیه مؤلفه‌های اصلی ۳۸

جدول ۲-۴ بردار ویژه حاصل از تجزیه‌ی مؤلفه‌ی اول و دوم ۴۹

فهرست اشکال

عنوان صفحه

شکل۲-۲ موقعیت‌های مکان ژن‌های کنترل‌کننده پروتئین‌های ذخیره‌ای گندم..... ۱۳

شکل ۱-۴ ژل الکتروفورز استخراج DNA تعدادی از ژنوتیپ‌های گندم دوروم..... ۳۸

شکل ۲-۴ تصویر ژل الکتروفورز برای تعدادی از ژنوتیپ‌ها در آزمون اختصاصی بودن آغازگرها..... ۳۹

شکل ۴-۴ تنوع طولی ژن‌های کنترل کننده HMW-GS در نمونه‌های گندم دوروم که بوسیله‌ی آغازگر .GLU-B1 1 شناسایی شده‌اند..... ۴۲

شکل ۵-۴ تنوع طولی ژن‌های کنترل کننده HMW-GS در نمونه‌های گندم دوروم که بوسیله‌ی آغازگر .GLU-B1 2 شناسایی شده‌اند..... ۴۲

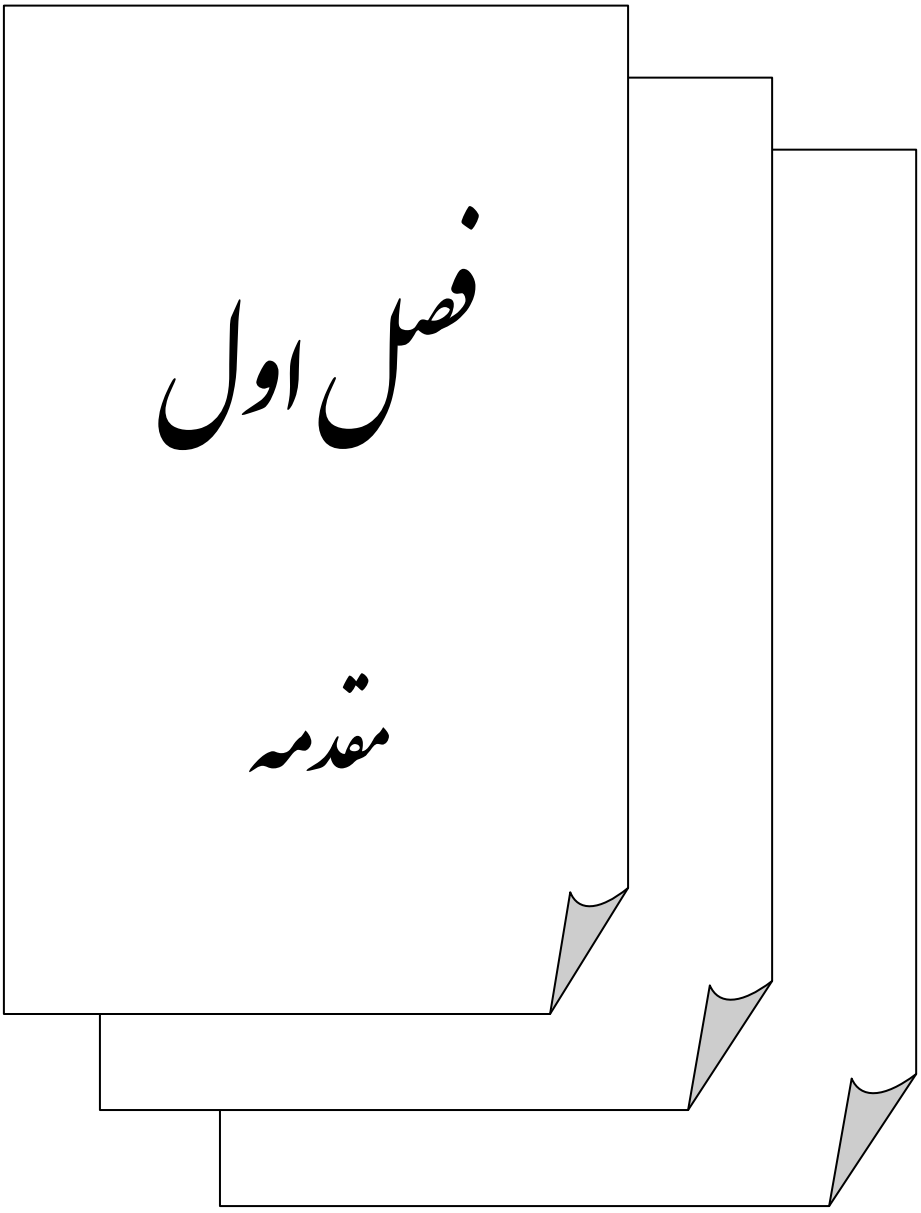
شکل ۶-۴ تنوع طولی ژن‌های کنترل کننده HMW-GS در نمونه‌های گندم دوروم که بوسیله‌ی آغازگر .GLU-B1 3 شناسایی شده‌اند..... ۴۵

نمودار ۱-۴ فراوانی نسبی آللهای بررسی شده در ژنوتیپ های مورد بررسی..... ۴۶

شکل ۷-۴ نمایش دو بعدی ژنوتیپ های مورد مطالعه بر اساس مؤلفه‌های اول و دوم تجزیه مؤلفه‌های اصلی..... ۴۹

شکل ۹-۴ نمودار خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد بررسی در این پژوهش بر مبنای روش دسته بندی UPGMA براساس ضریب تشابه جاکارد..... ۵۱

شکل ۱۰-۴ پراکنش جغرافیایی توده‌های بومی گندم دوروم مورد بررسی در این پژوهش..... ۵۵


فصل اول
مقدمه

مقدمه

گندم دوروم (*Triticum turgidum var. durum*) از نظر اقتصادی مهمترین گونه گندم بعد از گندم معمولی است. تولید کنندگان عمده آن در جهان عبارتند از کانادا، ایالات متحده، اروپا، ترکیه، و سوریه (FAOSTAT, 2012). این گیاه ماده اولیه اصلی تولید پاستا (انواع محصولات ماکارونی، اسپاگتی، ورمیشل، و غیره) است. ارزش این محصول به کیفیت و کمیت پروتئین ها و اسیدهای آمینه آن بستگی دارد.

پروتئین های ذخیره ای گندم دوروم از دسته پرولامین ها بوده که اهدا کننده شرایط الاستیکی، کشسانی و چسبندگی خاصی به خمیر در حال توسعه می‌باشد. این پروتئین‌ها به دو دسته گلوتن و غیر گلوتن تقسیم می‌شوند. مطلوبیت آرد برای تولید خمیر بستگی به کمیت و کیفیت گلوتن گندم دارد. پروتئین‌های گلوتنی گندم به دو دسته گلیادین‌ها (یک زنجیره‌ای) و گلوتنین‌ها (چند زنجیره‌ای) تقسیم می‌شوند. که به‌عنوان عوامل تعیین کننده، ارزش نانوایی و ارزش محصولات دیگر حاصل از گندم شناخته شده‌است(Shewry *et al* ., 1992). این دو گروه مواد مجموعاً ۸۵ درصد از کل پروتئین ذخیره‌ای در گندم را تشکیل می‌دهند (Pectti *et al*., 1992). گلوتنین گندم به لحاظ وزن مولکولی به دو گروه، زیر واحد گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-Gs) و زیر واحد گلوتنین با وزن مولکولی پایین (LMW-Gs) تقسیم می‌شوند. پروتئین-های گلوتنین در خمیر در حال توسعه بوسیله باندهای کوولانسی که بین اسید آمینه‌های سیستئین موجود در زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا و پایین تشکیل می‌شوند، خواص کیفی خمیر را سبب می‌شوند. (HMW-Gs)ها توسط ژنهای GLU-1 یا مکان‌های GLU-A1,

GLU-B1, GLU-D1 که بر روی بازوی بلند کروموزوم‌های 1D , 1B , 1A قرار دارند کد می‌شوند هر مکان ژنی شامل دو ژن است، یکی یک زیرواحد با حرکت کندتر را کنترل می‌کند که تیپ X نامیده می‌شود و دیگری زیرواحد Y را که حرکت سریع تری دارد، را کنترل می‌کند. زیر واحد های گلوتنین با وزن مولکولی پایین (LMW-Gs) توسط ژنهای GLU-3 شامل (GLU-A3 , GLU-B3 , GLU-D3) که به صورت بلوک ژنی هستند و بر روی بازوی کوتاه کروموزوم‌های 1A, 1B, 1D قرار دارند کد می‌شوند. HMW-Gs ها تنوع آللی زیادی دارند اما بدلیل همپوشانی آنها با گلیادین ها در ژل SDS-PAGE امکان شناسایی آلل های بیشتر را با مشکل مواجه کرده است (Roder *et al*., 1998) اگرچه زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا تنها ۱۰ درصد پروتئین های ذخیره‌ای کل را در مقایسه با زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی پایین (۴۰ درصد) تشکیل می‌دهند با این حال این زیر واحدها نقش بیشتری در کیفیت خمیر دارند. اما عملاً تا سال ۱۹۸۲ اطلاعات کمی در مورد کنترل ژنتیکی واحدهای فرعی آن وجود داشت. در سال‌های اخیر بیشتر مطالعات بر روی HMW-Gs در سطح مولکولی متمرکز شده‌است به‌طوریکه طی چند سال اخیر تعداد زیادی کلون cDNA و DNA ژنومی از ژنهای HMW-Gs تهیه شده‌است. تا کنون تعداد زیادی از ژنهای کنترل کننده HMW-Gs ها شناسایی شده که در بانک اطلاعاتی NCBI موجود می‌باشد. بین زیرواحدهای سنگین و سبک از نظر توانایی طبیعی برای پلیمریزه‌شدن و کشسانی ذاتی آنها تفاوت وجود دارد بطوری‌که تمامی زیرواحدهای سنگین در هر دو انتهای خود دارای اسیدآمینه سیستئین هستند، درحالی‌که تنها بعضی از زیرواحدهای سبک یک بنیان سیستئین در پایانه آمینو خود دارند که این مسأله می‌تواند شکل‌گیری پلیمرها را از نظر شکل و اندازه خطی تحت تأثیر قرار دهد (Gupta *et al*., 1995).

به دلیل رابطه نزدیک و معنی‌دار تنوع آللی HMW-Gs با کیفیت خمیر در گندم دوروم، در سال‌های اخیر مطالعات گسترده‌ای در سطح پروتئین در گندم نان و خویشاوندان نزدیک آن

صورت گرفته است. اما تنوع ژنتیکی در سطح DNA برای HMW-Gs هنوز به طور کامل شناخته نشده است. و تنوع طولی[۱] ژنهای کدکننده HMW-Gs بوسیله نشانگرهای اختصاصی[۲] کمتر صورت مورد مطالعه قرار گرفته است. با استفاده از نشانگر های اختصاصی امکان شناسایی آلل‌هایی که بدلیل همپوشانی با پروتئین‌های گلیادین با زیرواحدهای HMW-Gs ناشناخته مانده‌اند، فراهم می‌شود. و همچنین بوسیله این نشانگرها امکان انتخاب ژنوتیپ‌های حاوی آلل‌های پر کیفیت در مرحله نهالچه[۳] فراهم می‌شود.

تا کنون چندین آغازگر اختصاصی بر مبنای انتهای کربوکسیل و انتهای‌آمینه که نواحی حفاظت شده‌اند برای هر یک از مکان‌های ژنی کدکننده زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا کد-کننده[۴]HMW-Gs، (GLU-1) طراحی شده است. این پرایمرها می‌توانند برای بدست آوردن اطلاعات در زمینه تنوع آلل، تکامل خانواده ژنی HMW-Gs و مطالعه ایجاد ژن‌های دروغی[۵] در ژنوم گندم، بکار گرفته شوند. بررسی تنوع ژن‌های کدکننده HMW-Gs توسط پرایمرهای اختصاصی در گندم دوروم و خویشاوندان آن با توجه به پتانسیل‌شان ممکن است اطلاعات بسیار با ارزشی را برای فرآیندهای اصلاحی فراهم آورد. از تنوع موجود در پروژه‌های اصلاحی به عنوان انتخاب بر اساس نشانگر[۶] می‌توان سود جست و تنوع آللی در صنایع نهایی خمیر ماکارونی، نودل، رشته و غیره می‌تواند به کار گرفته شود.

در این تحقیق به منظور بررسی و شناسایی تنوع آللی در ژنهای کدکننده HMW-Gs ارقام زراعی گندم دوروم مورد آزمایش قرار گرفتند. همچنین در این پژوهش روابط فیلوژنتیکی بین ژنهای کد کننده HMW-Gs نیز مورد مطالعه قرار گرفته است.

1- Length variation
2- Specific primers
3- Seedling
4- High Weight Glutenin Subunits: HMW-GS
5- Pseudogens
6- Marker Assisted Selection (MAS)

فصل دوم

کلیات و

مروری بر مطالعات

انجام شده

۲- مروری بر تحقیقات انجام شده

۲-۱- کلیات

۲-۱-۱- اهمیت گندم دوروم

گندم *(Triticum spp)* از مهم‌ترین گیاهان مزروعی ایران به شمار می‌رود. بعد از گندم معمولی گندم دوروم *(Triticum turgidum L. Subsp. Durum Desf)* دارای بیشترین اهمیت در بین گونه‌های گندم است. سطح زیر کشت این گندم به‌طور متوسط در جهان حدود حدود ۱۷ میلیون هکتار است که متوسط ۲۵ میلیون تن محصول از آن بدست می‌آید (Bushuk, 1994). این گندم بیشتر برای تهیه ماکارونی، شیرینی‌پزی و صنعتی مورد استفاده قرار می‌گیرد. و عمدتا در برخی از کشورهای مدیترانه، ایران، عراق، روسیه، پاکستان، چین، امریکا، کانادا و آرژانتین کشت می‌گردد. گندم دوروم گندم منطقه استپی و دارای فرم‌های بهاره و پاییزه می‌باشد. طبق آمارنامه کشاورزی، سطح زیر کشت گندم در ایران حدود ۵/۲۵ میلیون هکتار برآورد شده است که ۴۳/۴۲ ٪ کشت آبی و ۵۶/۷۶ ٪ به صورت دیم است. در مقایسه با گندم نان سازگاری مطلوب‌تری نسبت به شرایط اقلیمی نیمه‌خشک از خود نشان می‌دهد. گندم دوروم یا گندم ماکارونی *(Triticum turgidum L. Subsp. Durum Desf)* محصول غله‌ای اصلی در چندین کشور دنیا است. تعکه هر کدام به تنهایی حدود ۵ میلیون تن گندم دوروم در سال تولید می‌کنند (Motzo and giuta 2007).

گندم دوروم به مناطق کم باران دارای تنش خشکی و تغییرات شرایط آب و هوایی بهتر از ارقام گندم نان سازگاری دارد و در شرایط مطلوب محصول آن با گندم نان قابل رویت است. اکثر منابع از گندم دوروم به عنوان یک گندم مقاوم به خشکی یاد می‌کنند(Heyne, 1981). این نوع گندم در کشور ما با وجود کمبود آب و دوره‌های خشکی طولانی در بخش عمده‌ای از اراضی گندم و

همچنین نیاز مبرم صنایع ماکارونی سازی به سمولینای گندم دوروم جایگاه قابل توجهی در زراعت کشور نداشته و ناشناخته است.

۲-۱-۲- گیاه شناسی گندم

گندم گیاهی یکساله بوده که از لحاظ واکنش به فتوپریود از دسته گیاهان روز بلند است. ریشه‌ای گیاه افشان و سطحی است و عمل فعالیت آن در خاک معمولا ۳۰ سانتی متر و گاه ۹۰-۶۰ سانتی‌متر و حتی گاهی به ۱/۵ متر هم می‌رسد. ساقه آن راست استوانه‌ای و بند بند است، گلوم‌های آن ضخیم و به رنگ زرد، قرمز و سیاه یافت می‌شود. محور خوشه غیرشکننده و هر سنبلچه آن دارای ۷-۵ گل است. دانه‌های آن طویل تر از گندم معمولی است. دانه‌ها شیشه‌ای‌تر (غنی از مواد پروتئینی) و به رنگ سفید، خاکستری یا قرمز دیده می‌شود. گندم‌ها بر اساس رنگ ریشک و دانه قابل تشخیص می‌باشد. ساقه این گندم در بخش بالایی توپر می‌باشد و سنبله‌های آن تقریبا کوتاه و همیشه ریشک‌دار است. ریشک‌ها طویل‌تر از سنبله و تقریبا موازی آن است. گندم گیاهی صد در صد خود گشن نیست و در این گیاه یک تا چهار درصد دگرگشنی انجام می‌شود. زیرا در مواقع گل کردن، گلوم‌ها باز و مقداری گرده به خارج آزاد می‌شود (دشتی، ۱۳۷۹).

۳-۱-۲- تکامل ژنوم گندم

مطالعات باستان‌شناسی نشان می‌دهد که در حدود ۱۰۰۰۰ سال قبل از میلاد گندم‌های اینکورن وحشی در خاورمیانه کشت می‌شده‌اند. این گندم‌ها دارای ساقه نازکتر و بسیار ظریف‌تری بودند و بذور و ساقه‌های آنها در شمال سوریه پیدا شده‌اند. از تلاقی این گندم‌ها با هم اشکال تتراپلوئید امر وحشی بوجود آمدند که از نظر کشت قدمتی در حدود گونه‌های دیپلوئید دارند. در اثر گزینش و انتخاب توسط بشر گندم‌های امر اهلی از فرم‌های وحشی بوجود آمدند که بذور درشتی دارند و در هنگام برداشت ریزش نمی‌کردند. از تلاقی گندم‌های تتراپلوئید امر و فرم‌های

دیپلوئید گونه‌های هگزاپلوئید گندم بوجود آمدند که فرم‌های اولیه آنها گندم هگزاپلوئید اسپلتا است و در اثر گزینش گندم‌های نان امروزی بوجود آمدند (کریمی، ۱۳۷۱).

گندم یک آلوپلوئید قطعه‌ای است که شامل ۳ ژنوم A و B و D است که از لحاظ ژنتیکی همولوگ[1] هستند DNA هاپلوئید گندم تقریبا شامل $۱/۷\times ۱۰^{۱۰}$ جفت باز است. دلیل بزرگ بودن ژنوم گندم پلی‌پلوئیدی و مضاعف شدن‌های زیادی است. بیش از هشتاد درصد ژنوم گندم شامل توالی‌های تکراری است. این مشخصات گندم را برای مطالعات سیتوژنتیکی مناسب کرده‌است. ولی تهیه نقشه‌های مولکولی و استفاده از نشانگرهای مولکولی را در آن مساله ساز کرده است، یعنی بسیاری از نشانگرهای مولکولی قادر به کشف چند شکلی کافی در گندم نیستند (دشتی، ۱۳۷۹).

۴-۱-۲- پروتئین های دانه گندم

پروتئین در دانه گندم تمامی غلات یافت می‌شود مقدار پروتئین دانه گندم بین ۶ تا ۲۰ درصد متفاوت است که بسته به عوامل ژنتیکی و محیطی است (رجب زاده، ۱۳۸۳). مقدار پروتئین در جنین ،اسکوتلوم و لایه آلوون بیشتر از آندسپرم نشاسته ای فرابر و غشا خارجی دانه است .در خود آندسپرم نیز مقدار پروتئین از مرکز به طرف پیرامون افزایش می‌یابد .به دلیل داشتن اسیدآمینه-های ضروری ارزش بیولوژیکی پروتئین جنین و آلوون بیشتر از پروتئین های ذخیره‌ای است (آراسته، ۱۳۷۰).

پروتئین‌ها بخشی از ترکیب دانه و آرد است و کیفیت نان به مقدار و نوع آن‌ها بستگی دارد .پروتئین‌های گندم از ترکیبات آمینواسیدی ممتازی برخوردار بوده، که امکان تشکیل گلوتن الاستیک را در هنگام تهیه خمیر به آن می‌دهد. پروتئین آرد گندم بر اساس قابلیت حل در حلالهای مختلف به بخش آلومین‌ها، گلبولین‌ها، گلیادین‌ها و گلوتنین‌های محلول و غیرمحلول تقسیم می‌شوند (Kuktaite, 2004).

1- Homologous