Plant Prod., 2022, 45(3), 385-396
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2022.39915.2012
Received: 1 February 2022
Accepted: 10 September 2022

Plant Productions
Research Article

Investigation of Seed Storage Proteins Diversity in Some Durum Wheat Landraces and Cultivars

Fatemeh Soorninia[1], Abdollah Najaphy[2]*, Danial Kahrizi[3], Ali Mostafaie[4], Ali Ashraf Mehrabi[5]

1- Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Engineering, Razi University, Kermanshah, Iran
2- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Engineering, Razi University, Kermanshah, Iran
3- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Engineering, Razi University, Kermanshah, Iran
4- Professor, School of Medicine, Medical Biology Research Center, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran
5- Biotechnology Research Division, Associate Professor, Research Institute of Forests and Rangelands, Iran

Citation: Soorninia, F., Najaphy, A., Kahrizi, D., Mostafaie, A., & Ashraf Mehrabi, A (2022). Investigation of seed storage proteins diversity in some durum wheat landraces and cultivars. *Plant Productions,* 45(3), 385-396.

Abstract

Introduction

Reducing the genetic diversity of crops as a result of the use of breeding processes leads to the loss of a large number of useful genes and thus reduces the diversity of genetic resources, which is one of the undeniable tools of breeding programs. Therefore, researches aimed at studying the genetic diversity of crops can be an effective aid in preserving genetic resources and identifying superior genotypes. Electrophoresis of seed storage proteins is a useful tool to study the characteristics of wheat genotypes in terms of storage proteins diversity.

Materials and Methods

In the present study, the diversity of seed storage proteins of 25 durum wheat genotypes obtained from different regions of Iran, including some landraces and commercial cultivars, was investigated using SDS-PAGE electrophoresis. Storage proteins of the studied genotypes were

* **Corresponding Author:** Abdollah Najaphy
E-mail: anajaphy@razi.ac.ir

© 2022 The Author(s). Published by Shahid Chamran University of Ahvaz. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

scored and analyzed after extraction and electrophoresis. Grain protein content and total gluten were measured by NIR and glutomatic gluten washer machines, respectively.

Results and Discussion

The Electrophoresis identified 14 polymorphic bands. Molecular analysis of variance between landraces and commercial cultivars showed 100% intragroup diversity. Cluster analysis using Jaccard's coefficients by UPGMA method divided the studied genotypes into 4 groups. Genotypes No. 9 (Land race of Mashhad), 18 (Land race of Ahar) and 24 (Landrace of Islamabad Gharb) were placed each in a separate group and the rest of the genotypes formed another group. The two-dimensional graph resulting from principal component analysis also confirmed these four groups. Based on Jaccard's similarity matrix, the lowest similarity and highest genetic distance were determined between genotypes No. 24 (Land race of Islamabad Gharb) with genotypes No. 21 (Dehdasht cultivar), 22 (Land race of Khorramabad), 23 (Dena cultivar) and 25 (Land race of Khorramabad) with a similarity coefficient of 0.41. By comparing the mean of genotypes for qualitative traits of grain protein content and total gluten, the highest amount of these two traits was recorded for genotypes No. 3 (Landrace of Kermanshah), 4 (Landrace of unknown-Iran), 1 (Landrace of Khoram Abad) and 2 (Landrace of Khoramabad) and the lowest values of both traits were obtained for genotype No. 24 (Landrace of Islamabad-West). Genotype No. 18 (Landrace of Ahar) was also one of the genotypes with high amount of gluten.

Conclusion

The electrophoretic pattern of seed storage proteins can determine genetic diversity based on the presence or absence of protein bands. Therefore it can be a useful tool to identify the genetic diversity of different plants. It is also possible for genotypes that have the greatest genetic distance and at the same time have good quantitative and qualitative traits to participate in breeding programs as parents. In the present study, according to the study of genotypes by analyzing the variance of qualitative traits of grain protein content and total gluten and comparing the mean and grouping them using the information obtained by electrophoresis, a cross can be done between genotypes No. 3 (Landrace of Kermanshah), 4 (Landrace of unknown-Iran), 1 (Landrace of Khoram Abad) and 2 (Landrace of Khoramabad) due to their high content of gluten and protein with genotype No. 18 (Landrace of Ahar) due to its high content of gluten and acceptable genetic distance with the mentioned genotypes

Keywords: Cluster analysis, Electrophoresis, Genetic diversity, Principal component analysis

تولیدات گیاهی، ۱۴۰۱، ۴۵(۳)، ۳۹۶-۳۸۵
https://plantproduction.scu.ac.ir/
ISSN (P): 2588-543X; **ISSN (E):** 2588-5979
Doi: 10.22055/ppd.2022.39915.2012
تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۱/۱۲
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۶/۱۹

تولیدات گیاهی
مقاله پژوهشی

مطالعه تنوع پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه در برخی ارقام محلی و تجاری گندم دوروم

فاطمه سورنی‌نیا[۱]، عبداله نجفی[۲]*، دانیال کهریزی[۳]، علی مصطفایی[۴]، علی اشرف مهرابی[۵]

۱- دانشجو دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران
۲- دانشیار گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران
۳- استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران
۴- استاد، مرکز تحقیقات بیولوژی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، ایران
۵- دانشیار، بخش تحقیقات زیست‌فناوری، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، ایران

چکیده

کاهش تنوع ژنتیکی گیاهان زراعی درنتیجه به‌کارگیری فرایندهای اصلاحی، منجر به از دست رفتن تعداد زیادی از ژن‌های مفید می‌شود. از این‌رو مطالعه تنوع ژنتیکی گیاهان زراعی با استفاده از الکتروفورز پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه می‌تواند ابزاری سودمند درجهت بررسی خصوصیات آن‌ها از نظر پروتئین‌های ذخیره‌ای و در نتیجه تنوع باشد. در مطالعه حاضر، تنوع پروتئین‌های دانه ۲۵ ژنوتیپ گندم دوروم به‌دست آمده از نواحی مختلف ایران که شامل برخی ارقام محلی و ارقام تجاری هستند با استفاده از روش الکتروفورز SDS-PAGE بررسی شدند. پروتئین‌های ذخیره‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بعد از استخراج و پس از الکتروفورز، نمره‌دهی و مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. صفات محتوای پروتئین دانه، از بذور برداشت شده با استفاده از دستگاه NIR و محتوای گلوتن کل با استفاده از دستگاه گلوتن‌شوی اندازه‌گیری شدند.این مطالعه در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ در مزرعه و آزمایشگاه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه رازی انجام پذیرفت. الکتروفورز منجر به شناسایی ۱۴ نوار چندشکل گردید. تجزیه خوشه‌ای با استفاده از ضرایب جاکارد و به روش UPGMA ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به ۴ گروه تقسیم کرد. نمودار دوبعدی حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز این ۴ گروه را تایید کرد. بر اساس ماتریس تشابه جاکارد کمترین تشابه و بیشترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های شماره ۲۴ (رقم محلی اسلام آباد غرب) با ژنوتیپ‌های شماره ۲۱ (رقم دهدشت)، ۲۲ (رقم محلی خرم‌آباد) ، ۲۳ (رقم دنا) و ۲۵ (رقم محلی خرم آباد) با ضریب تشابه ۰/۴۱ به‌دست آمد. از طرفی مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها برای صفات کیفی محتوای پروتئین دانه و گلوتن کل بیشترین میزان این دو صفت را برای ژنوتیپ‌های شماره ۳ (رقم محلی کرمانشاه)، ۴ (رقم محلی ایرانی با منشاء نامشخص)، ۱ (رقم محلی خرم‌آباد) و ۲ (رقم محلی خرم‌آباد) نشان داد و کمترین میزان هردو صفت نیز برای ژنوتیپ شماره ۲۴ (رقم محلی اسلام‌آباد غرب) به‌دست آمد. ژنوتیپ شماره ۱۸ (رقم محلی اهر) نیز جزو ژنوتیپ‌های با مقادیر بالای گلوتن می‌باشد. با توجه به بررسی ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه واریانس صفات کیفی محتوای پروتئین دانه و گلوتن کل و مقایسه میانگین و نیز گروه‌بندی آن‌ها با استفاده از اطلاعات حاصل از الکتروفورز، می‌توان تلاقی بین ژنوتیپ‌های شماره۳ (رقم محلی کرمانشاه) ،۴ (رقم محلی ایرانی با منشاء ناشناخته)، ۱ (رقم محلی خرم‌آباد) و ۲ (رقم محلی خرم‌آباد) را به دلیل دارا بودن مقادیر بالای گلوتن و پروتئین با ژنوتیپ شماره ۱۸ (رقم محلی اهر) به دلیل داشتن مقادیر بالای گلوتن و نیز فاصله ژنتیکی قابل قبول با ژنوتیپ‌های ذکر شده را پیشنهاد داد.

کلیدواژه‌ها: الکتروفورز، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه خوشه‌ای، تنوع ژنتیکی

* **نویسنده مسئول:** عبداله نجفی
رایانامه: anajaphy@razi.ac.ir

© 2022 The Author(s). Published by Shahid Chamran University of Ahvaz. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

مقدمه

گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. ssp. *Durum*) تنها گندم تتراپلوئیدی (2n = 4x = 28, genomes AABB) است که به دلیل ویژگی‌های منحصربه‌فرد دانه و مصارف نهایی متنوع، به‌طور تجاری در سراسر جهان کشت می‌شود (Sissons, 2008). گندم دوروم که یکی از ضروری‌ترین گونه‌های غلات است در وسعتی بیش از ۱۷ میلیون هکتار در سراسر جهان کشت می‌شود و تولید جهانی آن در سال ۲۰۱۹ بالغ بر ۳۸/۱ میلیون تن گزارش گردیده است (Canada, 2019). مناطق تولید و کشت گندم دوروم عمدتاً در نواحی مدیترانه متمرکز شده‌اند و کشورهای حوضه مدیترانه بزرگترین واردکنندگان و بزرگترین مصرف‌کنندگان محصولات گندم دوروم هستند (Xynias et al., 2020). در ایران استان‌های گلستان، لرستان، کهگیلویه و بویراحمد، خوزستان، فارس، ایلام، اردبیل، کرمانشاه و برخی مناطق دیگر که البته کشت درآن نواحی بیشتر به‌صورت پراکنده می‌باشد، سالانه سطحی بالغ بر ۳۰۰ تا ۴۰۰ هزارهکتار را به کشت گندم دوروم اختصاص می‌دهند (Mohammadi et al., 2016).

کمیت و کیفیت پروتئین دانه بستگی زیادی به مقدار و نوع گلوتنین و گلیادین دارد، پروتئین‌هایی که اجزای اصلی گلوتن هستند و به‌ترتیب مسئول خاصیت ویسکوالاستیک و قابلیت انبساط خمیر می‌باشند(José & Carrillo, 2005). ارقام گندمی که ساختار گلوتن آن‌ها قوی‌تر است نسبت به آنهایی که ساختار گلوتن آن‌ها ضعیف‌تر است، حساسیت کمتری به تغییرات محیطی از خود نشان می‌دهند (Vida et al., 2014). پیشرفت در کیفیت دانه ناشی از فعالیت‌های اصلاحی انجام شده در طول قرن بیستم منجر به از دست دادن تنوع ژنتیکی شده است که این موضوع می‌تواند اصلاح‌نژاد را برای کیفیت در آینده محدود کند (Subira et al., Nazco et al., 2014 ; 2014).

Bhandari et al., 2017 کاهش تنوع ژنتیکی را به دلایلی چون شیوه‌های اصلاحی نامناسب با تمرکز بر بهبود تنها چند صفت همچون عملکرد و اجزای عملکرد، استفاده مکرر از تعداد اندکی از ژنوتیپ‌های منتخب به‌عنوان والدین در برنامه‌های اصلاحی تولید واریته و نیز معرفی چند لاین منتخب به بسیاری از کشورها می‌دانند، که مجموع این موارد در نهایت منجر به افزایش شباهت ژنتیکی بین ارقام مدرن زراعی می‌گردد. با کاهش تنوع ژنتیکی دست‌یابی به پیشرفت در برنامه‌های اصلاحی مربوط به تولید واریته‌های جدید در جهت شکستن موانع رسیدن به عملکرد دلخواه دشوار خواهد شد و اصلاحگران نمی‌توانند نیازهای ناشی از تقاضای روزافزون جمعیت درحال رشد را براورده کنند. از طرفی تنوع ژنتیکی در زمینه‌ی تغییرات اقلیمی و رویدادهای پیش‌بینی نشده مرتبط اهمیت بیشتری پیدا می‌کند، زیرا ممکن است به‌عنوان مخزن بسیاری از صفات جدید که تحمل به تنش‌های مختلف زیستی و غیرزیستی را ایجاد می‌کنند عمل کند (Bhandari et al., 2017). از مهمترین خصوصیات ویژه یک برنامه اصلاح نباتات در درون جامعه گیاهی فراهم بودن نوع و میزان تنوع ژنتیکی است (Fathalipoor et al., 2015). از این‌رو درک تنوع ژنتیکی ارقام زراعی و نیز آگاهی از روابط خویشاوندی آن‌ها ارزشمند است و موجبات انتخاب نوع رقم و نیز انتقال ژن‌های مفید را در میان ارقام کشت‌شده فراهم می‌کند (Razavizadeh & Ehsanpour, 2013).

تجزیه و تحلیل پروتئین ذخیره‌ای دانه با استفاده از SDS-PAGE یک روش قابل اعتماد است زیرا این پروتئین‌ها به ندرت تحت تأثیر شرایط محیطی قرار می‌گیرند از این رو دانشمندان این روش را که دارای قدرت تشخیص و تمایز خوبی می‌باشد به عنوان جایگزینی برای روش‌های قبلی ارایه داده‌اند (Zhu et al., 2021). تنوع در نوع و میزان پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه مسئول تفاوت‌های موجود در ارقام مختلف گندم‌های تجاری ازنظر کیفیت و خواص غذایی آرد است، بنابراین در برنامه‌های به‌نژادی کیفیت گندم، از پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه به‌عنوان یک شاخص کلیدی و ارزشمند استفاده می‌شود (Najafian & Baghaie, 2011).

Rajabi Hashtjin et al., 2014دربررسی تنوع آللی و کیفیت پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه در ۱۱۶ لاین گندم دوروم از روش SDS-PAGE بهره گرفتند و درنهایت تجزیه کلاستر لاین‌ها را به ۹ گروه تقسیم کرد. هم‌چنین تنوع ژنتیکی اکوتیپ‌های مختلف گونه Aeigilos biuncialis که از اجداد وحشی گندم می‌باشند از لحاظ پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه با استفاده از الکتروفورز توسط (Ahmadpoor et al, 2015) مورد مطالعه قرار گرفت که در نهایت گروه‌بندی اکوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه کلاستر آنها را به ۳ گروه تقسیم کرد و نیز میزان تنوع در پروتئین‌های با وزن مولکولی کمتر (LMW) را بیشتر از پروتئین‌های با وزن مولکولی بالاتر (HMW) گزارش کردند.

مطالعه تنوع ژنتیکی با روش SDS-PAGE پروتئین‌های ذخیره‌ای به منظور برآورد تنوع و فاصله ژنتیکی در گیاهان

مختلف موضوع بسیاری از مطالعات کشاورزی مانند تحقیقات (Alvarez Guzmán, 2019; Sihmar et al., 2020) بر روی گندم نان (Chacon et al., 2020) بر روی گندم دوروم و (Chňapek et al., 2021) بر روی گندم، چاودار و تریتیکاله بوده است.

تحقیقاتی که بر روی ژرم‌پلاسم گندم دوروم صورت می‌گیرد می‌تواند فراورده نهایی این گیاه را از نظر کیفیت پروتئین بهبود بخشد. این ماده غذایی که ماده اولیه صنایع ماکارونی سازی است و به دلایلی چون قیمت نسبتا ارزان و پخت آسان آن وارد فرهنگ غذایی جامعه ما شده است و تقاضا برای آن روز به روز بیشتر می‌شود، از این‌رو به‌نظر می‌رسد مطالعاتی این چنین، با هدف بررسی تنوع ژنتیکی و نیز گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم دوروم که با تاکید بر روی ژنوتیپ‌های بومی ایران به قصد حفظ ذخایر ژنتیکی مطلوب و نیز شناسایی ژنوتیپ‌های برتر به عنوان والدین در جهت پیشبرد هر چه بیشتر اهداف اصلاحی مربوط به این گیاه استراتژیک صورت می‌گیرد، لازم و ضروری باشند.

مواد و روش‌ها

موادگیاهی

مواد گیاهی در این تحقیق شامل ۲۵ ژنوتیپ گندم دوروم، ۲۱ رقم محلی و چهار رقم جدید، است (جدول ۱). که با همکاری معاونت موسسه تحقیقات کشاورزی دیم (سرارود، کرمانشاه) از مناطق مختلف ایران تهیه شده است، و در غالب یک طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار تحت شرایط آبیاری تکمیلی در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه رازی کرمانشاه کشت گردید.

استخراج پروتئین‌های ذخیره‌ای

به‌منظور استخراج پروتئین جهت بررسی الگوی پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه، به میزان ۲۰ گرم دانه از هر ژنوتیپ (مخلوطی از سه تکرار) انتخاب شد که پس از پوست‌گیری و پودر شدن با آسیاب چکشی، از آرد حاصل به میزان ۰/۲ گرم با ۱/۵ میلی‌لیتر از بافر استخراج (۲/۹ گرم گلیسیرین، ۵/۶ گرم تریس و ۱۰ میلی‌لیتر گلیسرول با pH= ۳/۸) مخلوط و کاملاً حل شد. محلول به‌دست آمده به میکروتیوپ ۲ میلی‌لیتری منتقل شد و سانترفیوژ به مدت ۱۵ دقیقه در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد و ۱۲۰۰۰ دور انجام گردید. فاز شفاف رویی به میکروتیوپ جدید منتقل و سانترفیوژ برای بار دوم انجام گرفت. مایع رویی برای بررسی‌های بعدی در یخچال نگهداری شد (Kakaei & Kahrizi, 2011).

الکتروفورز پروتئین‌های ذخیره‌ای

در زمان بارگذاری هم حجم نمونه بافر بارگذاری (۱۰ میلی‌لیتر بافر ژل بالا، ۵ میلی‌لیتر گلیسرول، ۱ گرم SDS، ۰/۲ میلی‌لیتر بوموفنول بلو و ۱ میلی لیتر بتا مرکاپتواتانول) اضافه شد و به مدت ۵ دقیقه در دمای ۱۰۰ درجه سانتی‌گراد جوشانده شد (Kakaei & Kahrizi, 2011). الکتروفورز پروتئین‌های ذخیره‌ای ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد مطالعه با استفاده از ژل‌های پلی‌اکریل‌آمید ۱۲/۵ درصد و با ولتاژ ۵۰ ولت درژل متراکم کننده به مدت ۳۰ دقیقه و ولتاژ ۱۵۰ ولت در ژل جداکننده تا زمان رسیدن نمونه‌ها به انتهای ژل، انجام پذیرفت. رنگ‌آمیزی با استفاده از محلول رنگ‌آمیزی (۰/۲۵ گرم کوماسی بریلیانت بلو، ۲۵ میلی‌لیتر استیک‌اسید ۱۰ درصد و ۱۰۰ میلی‌لیتر آب دوبار تقطیر که همگی در در ۱۲۵ میلی‌لیتر متانول حل شده‌اند) انجام گرفت. بعد از چند ساعت با محلول رنگ‌بر (۲۰ میلی‌لیتر متانول، ۱۰۰ میلی‌لیتر استیک اسید و ۷۰۰ میلی‌لیتر آب دوبار تقطیر) عملیات رنگ‌بری تا زمان روشن‌شدن زمینه ژل ادامه یافت. نامگذاری نوارهای پروتئینی به این صورت بود که نوار شماره ۱ در بالای ژل (انتهای کاتدی) و نوار شماره ۳۶ در پایین ژل (انتهای آندی) قرار داشت.

امتیازدهی الگوی نواری و تجزیه آماری داده‌ها

نوارها بر اساس حضور و عدم حضور در هر نمونه امتیازدهی شدند. ماتریس دوطرفه ژنوتیپ‌ها و متغیرها بر اساس صفر و یک تشکیل گردید. صفات کیفی از بدور برداشت شده دو تکرار به‌دست آمدند.

اندازه‌گیری صفات کیفی

محتوای پروتئین دانه از بذور برداشت شده با استفاده از دستگاه NIR (Near-Infrared Reflectance spectrometer) که اساس کار این دستگاه اشعه مادون قرمز است، به‌دست آمد و برحسب درصد می‌باشد.

برای تعیین صفات کیفی مربوط به گلوتن حدود ۲۰گرم از هر ژنوتیپ هر تکرار با استفاده از آسیاب چکشی آسیاب شدند. ۱۰ گرم از آرد حاصل از هر ژنوتیپ توسط ترازو وزن و داخل دستگاه گلوتن شوی قرار گرفت. این دستگاه با استفاده از محلول آب‌نمک دو درصد، آرد گندم را می‌شوید تا نشاسته و بخش‌های محلول در آب حذف شوند و آنچه باقی می‌ماند گلوتن مرطوب می‌باشد که با قرار دادن این گلوتن در سانترفیوژ و گرفتن آب اضافی آن آنچه باقی می‌ماند گلوتن کل است که با توزین آن با ترازو به‌دست آمد.

سپس تجزیه داده‌ها شامل تجزیه کلاستر بر اساس روش UPGMA با استفاده از ضرایب تشابه جاکارد و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به کمک نرم‌افزار Past، تجزیه واریانس مولکولی و محاسبه شاخص‌های ژنتیکی با کمک نرم‌افزارهای GenALEx 6.41 انجام گرفت. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین به روش LSD با کمک نرم افزار SAS انجام شد. برخی از نتایج به دلیل محدودیت صفحات چاپ شده، در متن مقاله نشان داده نشده است.

نتایج و بحث

شکل‌های ۱، ۲ و ۳ به‌ترتیب الگوی الکتروفورزی پروتئین‌های ذخیره‌ای را در ژنوتیپ‌های ۱تا۱۰، ۱۱تا۲۰ و ۲۱ تا ۲۵ نشان می‌دهند. بر اساس شکل‌های ۱، ۲ و ۳ الگوی نوارهای حاصل در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بسیار شبیه همدیگر هستند، اما برخی از نوارها اختلافاتی را با یکدیگر نشان دادند. در جریان الکتروفورز پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه ۲۵ ژنوتیپ مورد مطالعه، در مجموع ۳۶ نوار پروتئینی ظاهر گردید که از این میزان ۱۴ نوار چند شکل (پلی مورف) و ۲۲ نوار تک شکل (مونومورف) بودند. بیشترین تعداد نوار در ژنوتیپ شماره ۹ با ۳۳ نوار و کمترین تعداد در ژنوتیپ‌های شماره ۲۱، ۲۲، ۲۳ و ۲۵ با ۲۹ نوار دیده شد. بیشترین تمرکز نوارهای پروتئینی در محدوده وزنی ۳۰ تا ۶۶ کیلو دالتون و کمترین تعداد نوارها در محدوده وزنی ۶۶ تا ۷۷ و پایین ۱۴/۴ کیلو دالتون بودند. در عین حال چون کمترین وزن پروتئین‌های موجود در نشانگر وزنی مورد استفاده ۱۴/۴ کیلو دالتون بوده لذا حد پایینی وزن مولکولی پروتئین‌های این نوارها تعیین نشد هرچند که هیچکدام از نوارهای مربوط به این ناحیه وزنی چندشکل نبودند (تصاویر شماره ۱،۲ و۳).

نوارهای چندشکل شامل نوارهای شماره ۱، ۲، ۳، ۴ و ۵ با وزن مولکولی بالای ۷۷ کیلو دالتون و نوار شماره ۶ با محدوده وزنی ۷۷ تا ۶۶ کیلو دالتون، نوارهای شماره ۹، ۱۱، ۱۲، ۱۳، ۱۴ و ۱۵ با محدوده وزنی ۴۵ تا ۶۶ کیلو دالتون و نوارهای شماره ۱۷ و ۱۸ با محدوده وزنی ۳۰ تا ۴۵ کیلودالتون می‌باشند. بیشترین تعداد نوار پلی‌مورف مربوط به ژنوتیپ شماره ۹ و کمترین تعداد نوار پلی‌مورف مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۲۱،۲۲،۲۳ و ۲۵ بود که به‌ترتیب ۱۱ و ۷ نوار داشتند. بیشتر نوارهای چند شکل مربوط به پروتئین‌های با وزن مولکولی بیش از ۴۵ کیلو دالتون بودندکه در قسمت بالایی ژل قرار می‌گیرند و در انتهای ژل که پروتئین‌های با وزن مولکولی پایین‌تر قرار دارند تفاوت‌ها کمتر و تعداد نوارهای پلی‌مورف بسیار ناچیز می‌شود. با وجود اینکه میزان پروتئین‌های بارگذاری شده به داخل همه‌ی چاهک‌ها یکسان بودند اما

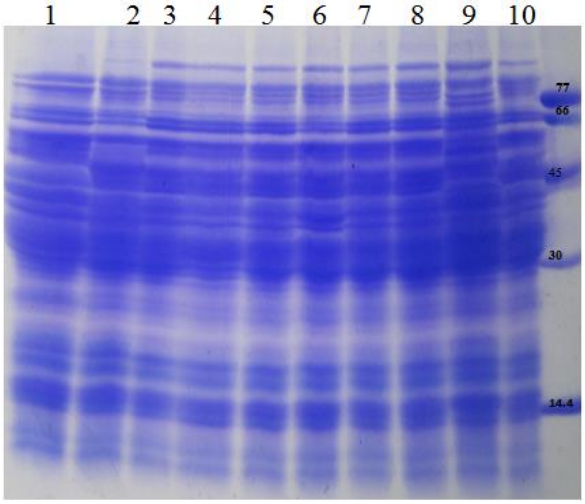

Figure 1 - Protein bands formed by electrophoresis of seed storage proteins of durum wheat genotypes 1-10

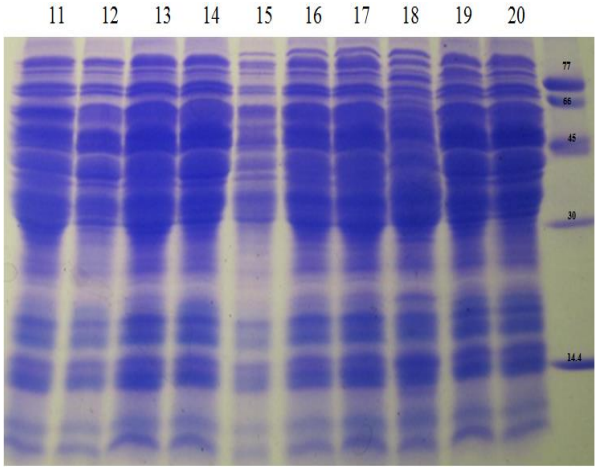

Figure 2. Protein bands formed by electrophoresis of seed storage proteins of durum wheat genotypes 10-20

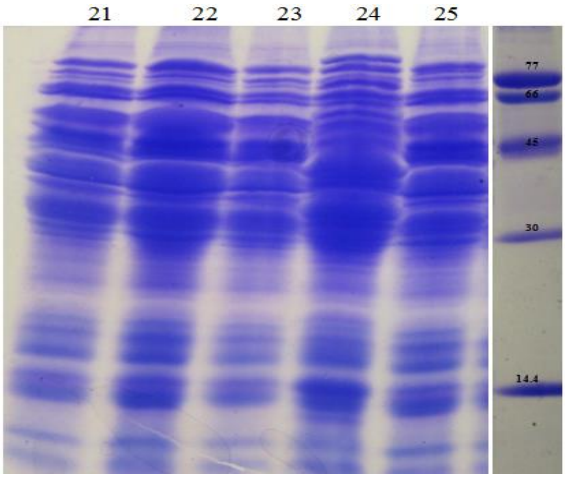

Figure 3 .Protein bands formed by electrophoresis of seed storage proteins of durum wheat genotypes 21-25

تعدادی از نوارها از لحاظ تراکم و شدت، اختلاف نشان دادند که درواقع می‌توان دلیل ضخامت بیشتر نوارها را تمرکز رشته‌های پپتیدی در آن محل ذکر کرد (Seyedi et al., 2011).

به منظور بررسی بهتر، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به دو گروه ارقام محلی (Landrace) و ارقام تجاری (New cultivar) تقسیم شدند (جدول ۱). هر چند بیشتر نوارها بین دو جمعیت مشترک بودند اما تعدادی نیز اختصاصی بودند. بطوریکه گروه ارقام تجاری که شامل چهار ژنوتیپ شماره ۱۹، ۲۰، ۲۱ و ۲۳ می‌باشد فاقد نوارهای پلی‌مورف شماره ۲، ۶، ۷ و ۱۱ هستند، در صورتی که کلیه‌ی نوارهای پلی مورف درگروه ارقام محلی وجود داشتند.

پرولامین‌ها که جزءپروتئین‌های ذخیره‌ای بذر هستند ۸۰ درصد از پروتئین‌های دانه‌ی گندم را تشکیل می‌دهند و جزء اصلی گلوتن و مسئول کیفیت خمیر می‌باشند. آن‌ها به‌طور معمول به ۲ گروه تقسیم می‌شوند: گلیادین‌های منومر و پلیمرهای گلوتنین‌ها (زیرواحدهای با وزن مولکولی کم LMW-GS و زیاد HMW-GS) که با هم تعیین کننده کیفیت پخت ماکارونی، چسبندگی خمیر و قابلیت ارتجاعی آن هستند (Weising et al.,2005).

Nadeem et al. (2016) در مطالعه خود در رابطه با بررسی الگوی الکتروفورزی پروتئین‌های گلوتن وزن مولکولی زیرواحدهای گلیادین را بین ۳۰ تا ۹۰ کیلودالتون و وزن مولکولی زیرواحدهای گلوتنین را بین ۲۸ تا ۱۱۴ کیلو دالتون گزارش کردند و اعلام نمودند که پلی‌پپتیدهای با وزن مولکولی بین ۳۱ تا ۵۵ کیلودالتون متعلق به زیرواحدهای α، β و γ گلیادین هستند و هم‌چنین پلی‌پپتیدهای با وزن مولکولی ۵۵ تا ۹۲ کیلودالتون مربوط به زیرواحدهای ω گلیادین هستند.گلوتنین‌ها که حدود ۳۰ تا ۴۵ درصد از کل پروتئین‌های آرد گندم را تشکیل می‌دهند دارای زیرواحدهایی با دامنه‌ی وزنی ۴۰ تا میلیون‌ها کیلودالتون هستند. آندوسپرم گندم از گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW) (۱۴۰-۸۰ کیلودالتون) و گلوتنین با وزن مولکولی کم (LMW) (۷۰-۱۰ کیلودالتون) تشکیل شده است. زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا (HMW-GS) نقش اصلی را در تعیین کیفیت نان بازی می‌کنند، در حالی‌که زیرواحدهای گلوتنین با وزن مولکولی پایین (LMW-GS) عمدتا باعث چسبندگی و انعطاف خمیر می‌شود (Cornish et al., 2001; Khan et al., 2012). با توجه به توضیحات بالا می‌توان نتیجه گرفت از آنجا که الگوهای نواری الکتروفورزی مشاهده شده در مطالعه حاظر در محدوده وزنی حدودا ۱۴ تا ۷۷ کیلو دالتون هستند میتوان این نوارها را با احتمال بسیار بالامتعلق به زیرواحدهای α، β و γ گلیادین (محدوده وزنی ۳۰ تا ۴۵ کیلودالتون) و گلوتنین‌های با وزن مولکولی کم (محدوده وزنی ۷۰-۱۰ کیلودالتون) دانست.

شاخص‌های ژنتیکی شامل میزان نوارهای چندشکل، شاخص تصحیح شده هتروزنی و شاخص اطلاعات شانون برای هر دو گروه و میانگین کل آن‌ها به‌دست آمد (داده ها نشان¬داده نشده) (جدول ۱).

Table 1. List of studied durum wheat genotypes

No.	Name and genotype pedigree	Origin	Genotype type
1	KC-643	Khoramabad	Landrace
2	KC-659	Khoramabad	Landrace
3	KC-911	Kermanshah	Landrace
4	KC-981	Unknown-Iran	Landrace
5	KC-1033	Unknown-Iran	Landrace
6	KC-1047	Unknown-Iran	Landrace
7	KC-2887	Unknown-Iran	Landrace
8	KC-3296	Mashhad	Landrace
9	KC-3399	Mashhad	Landrace
10	KC_3632	Unknown-Iran	Landrace
11	TN_12598	Kermanshah	Landrace
12	KC-678	Khoramabad	Landrace
13	KC-874	Kermanshah	Landrace
14	KC-963	Khoramabad	Landrace
15	KC-1298	Unknown-Iran	Landrace
16	KC-1548	Kermanshah	Landrace
17	KC-3296	Mashhad	Landrace

18	TN-12736	Ahar	Landrace
19	Shabrang	Iran	New cultivar
20	Behrang	Iran	New cultivar
21	Dehdasht	Iran	New cultivar
22	KC-656	Khoramabad	Landrace
23	Dena	Iran	New cultivar
24	KC-591	Islamabad Gharb	Landrace
25	KC-647	Khoramabad	Landrace

درصد نوارهای پلی‌مورف یا چندشکل برای گروه ارقام محلی ۸۵/۷۱ و برای گروه ارقام تجاری ۲۸/۵۷ به‌دست آمد. هم‌چنین میزان شاخص تصحیح شده هتروزنی و شاخص اطلاعات شانون نیز در گروه ارقام محلی نسبت به گروه ارقام تجاری بالاتر بودند.

نتایج تجزیه واریانس مولکولی نشان می‌دهد که اختلافی بین دو گروه ارقام تجاری و محلی وجود ندارد و درواقع واریانس صفر بین گروهی مؤید یکسان بودن الگوهای نواری الکتروفورزی بین این دو گروه است، و ۱۰۰ درصد تنوع کل مربوط به تنوع درون‌گروهی است (داده ها نشان¬داده نشده) (جدول ۲). Mehrabi et al. (2015) در مطالعه‌ی خود بر روی تنوع آللی لوکوس‌های ریز ماهواره ژنومی گندم نان ۱۰۰ درصد تنوع کل را مربوط به تنوع درون‌گروهی گزارش کردند.

Fathi et al. (2014) نیز در بررسی خود بر روی تنوع ژنتیکی شش جمعیت گندم وحشی ضمن گزارش سهم ۹۱ درصدی واریانس درون‌گروهی از تنوع کل، از جمله دلایل زیاد بودن واریانس درون‌گروه‌ها را امکان وجود جمعیت‌های با فاصله ژنتیکی زیاد در گروه‌های بررسی شده دانست.

در مطالعه‌ی انجام شده توسط Abebe et al. (2013) که به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۱۱۹ ژنوتیپ بومی جو به‌دست آمده از مناطق مختلف جغرافیایی اتیوپی انجام شد، واریانس درون-گروهی را عامل اصلی تنوع کل گزارش کردند. آن‌ها عواملی از جمله تنوع در تغییرات بارندگی و خاک، تنوع اکولوژیکی و دمایی را دلیل اصلی تنوع بالای درون گروهی دانستند. در مطالعه حاضر نیز تنوع ۱۰۰ درصدی درون گروهی را می‌توان ناشی از عوامل فوق و نیز احتمال حضور ارقام محلی در برنامه‌های تلاقی منجر به تولید ارقام تجاری دانست. از این رو این عوامل می‌تواند دلیلی مبنی بر ایجاد مشترکاتی در الگوی الکتروفورزی ژنوتیپ‌های هر دو گروه و در نتیجه عدم معنی‌داری واریانس بین‌گروهی باشد. با توجه به این‌که نتایج حاصل از تجزیه مولکولی ۱۰۰ درصد تنوع را نتیجه تفاوت درون‌گروهی نشان داد از این رو برای بررسی میزان شباهت بین ژنوتیپ‌های مختلف مورد مطالعه و گروهبندی آن‌ها، با استفاده از داده‌های حاصل از ماتریس تشابه جاکارد و الگوریتم UPGMA ، دندروگرام ژنوتیپ‌های مختلف ترسیم شد. دندروگرام به‌دست آمده (شکل ۴) ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به ۴ گروه تقسیم کرد به طوریکه گروه‌های اول، سوم و چهارم به‌ترتیب شامل تک ژنوتیپ‌های شماره ۹، ۱۸ و ۲۴ هستند که این سه ژنوتیپ به ترتیب رقم‌های محلی متعلق به نواحی مشهد، اهر و اسلام‌آباد غرب می‌باشند. گروه دوم نیز شامل سایر ژنوتیپ‌ها می-باشند که ترکیبی از رقم‌های محلی و ارقام جدید هستند.

Table 2. Results related to the principal components analysis of durum wheat genotype

Component	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Eigenvalues	3.62	2.58	1.85	1.49	1.21	1.04
Cumulative Variance (%)	25.89	44.36	57.59	68.28	76.94	84.38

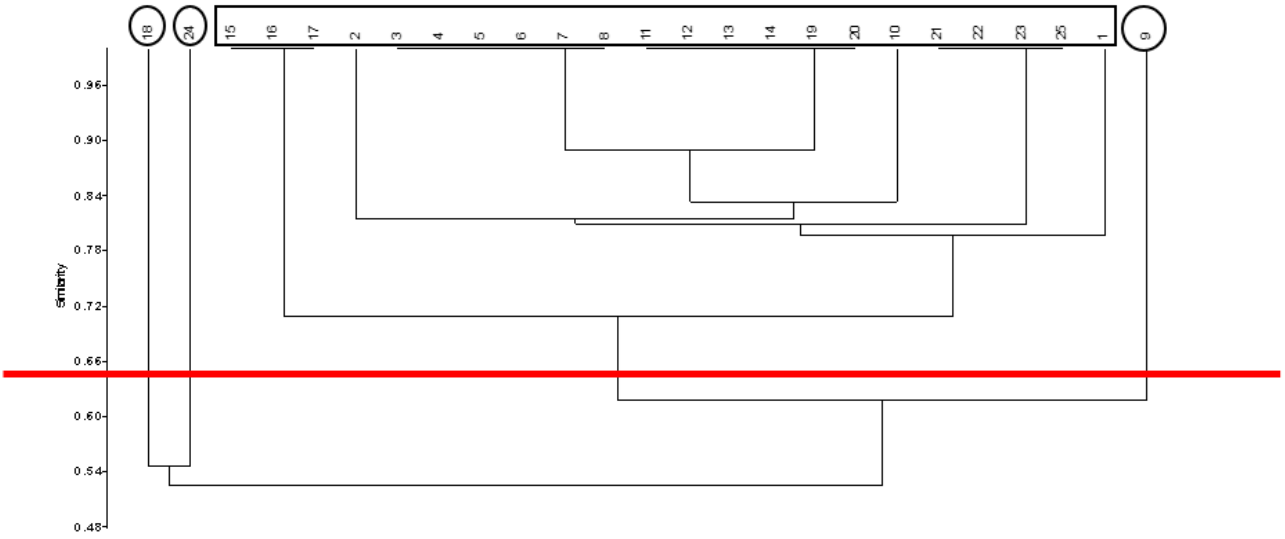

Figure 4. Dendrogram obtained from cluster analysis of electrophoresis data of seed storage proteins of the durum wheat genotypes

نتایج به‌دست آمده از تجزیه کلاستر به نوعی مؤید نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی مبنی بر تنوع بالای درون گروهی می‌باشد. به‌طوری‌که ارقام محلی در۴ گروه حاصل از تجزیه کلاستر پراکنده شده‌اند که این موضوع نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بسیار بالای ارقام محلی مورد مطالعه می‌باشد. تمرکز مجدد بر روی رقم‌های محلی غلات در واقع پاسخی به برخی پیامدهای منفی کشاورزی مدرن و برنامه‌های به‌نژادی کشاورزی است که منجر به کاهش تنوع ژنتیکی شده است. ارقام بومی غلات که به دلیل سازگاری آن‌ها با شرایط نامساعد هنوز هم در مزارع حاشیه‌ای کشت می‌شوند منبع مهمی از تنوع ژنتیکی قابل استفاده در برنامه‌های اصلاحی مدرن به منظور سازگاری غلات با تنش‌های زیستی و غیرزیستی، افزایش عملکرد و بهبود صفات کیفی را تشکیل می‌دهند (Marone et al., 2021).

Shayan et al. (2020) در بررسی تنوع ژنتیکی ۲۸ ژنوتیپ جو با استفاده از نشانگرهای ISSR جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای استفاده کردند و قرار گرفتن ژنوتیپ‌ها در یک گروه را به دلیل شباهت ژنوتیپ‌ها از نظر الگوهای نواری حاصل از نشانگرها دانستند و عنوان کردند که از این طریق می‌توان ژنوتیپ‌هایی را که در گروه‌های دور از هم قرار گرفته‌اند به‌دلیل وجود فاصله ژنتیکی بین آن‌ها به‌عنوان والدین در تلاقی‌ها مورد استفاده قرار داد تا تفکیک متجاوز و تولید نتاج برتر از والدین فراهم شود.

بر اساس ماتریس تشابه جاکارد (داده ها نشان داده نشده) (جدول ۳)، کمترین تشابه و بیش‌ترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های شماره ۲۴ (رقم محلی اسلام‌آباد غرب) با ژنوتیپ‌های شماره ۲۱ (رقم جدید ایرانی)، ۲۲ (رقم محلی خرم‌آباد)، ۲۳ (رقم جدید ایرانی) و ۲۵ (رقم محلی خرم‌آباد) با ضریب تشابه ۰/۴۱ و هم‌چنین بین ژنوتیپ‌های شماره ۹ (رقم محلی مشهد) با ژنوتیپ شماره ۱۸ (رقم محلی اهر) با ضریب تشابه ۰/۴۲ به‌دست آمد. که در واقع ژنوتیپ‌های شماره ۹، ۱۸ و ۲۴ همان ژنوتیپ‌هایی هستند که در گروه‌بندی حاصل از تجزیه کلاستر در گروه‌های مجزا قرار گرفتند. از این ژنوتیپ‌ها می‌توان جهت انتخاب والدین و تلاقی آن‌ها در صورت وجود دیگر صفات زراعی مطلوب و قابل ترکیب در آن‌ها بهره برد، چرا که در حال حاضر روش‌های گزینش بعد از دورگ‌گیری عمده‌ترین روش‌های اصلاح گیاهان خودبارور را تشکیل می‌دهند و می‌توان از تفکیک متجاوز در برنامه‌های به‌نژادی استفاده کرد (Kakaei et al., 2016). در واقع هرچه فاصله ژنتیکی جمعیت‌ها و والدین بیشتر باشد هتروزیس بیشتری می‌توان مشاهده کرد، هم‌چنین برای کاهش تعداد داده‌ها افراد مشابه در گروه‌های مختلف دسته‌بندی می‌شوند و این مسئله از ضروریات مطالعات در کشاورزی است (Osmani & Siosemardeh, 2009).

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در جداول ۲ و ۳ آمده است. در این تجزیه شش مؤلفه با مقادیر ویژه بالاتر از ۱ مشخص شدند که مؤلفه اول و دوم در مجموع ۴۴/۳۶ درصد واریانس را به خود اختصاص دادند. در تشکیل مؤلفه اول در مرتبه اول نوار شماره ۹ باضریب ۰/۸۵، که در واقع بیشترین میزان پلی‌مورفیسم نیز مربوط به این نوار می‌باشد، و در مراتب بعد نوارهای شماره ۶ و ۱۴ با ضریب ۰/۷۲ از اهمیت بیشتری برخوردارند. در مؤلفه دوم نیز نوارهای ۶ و۱۱ با ضریب ۰/۶۴

بیشترین تاثیر را داشتند. این موضوع نشان می‌دهد این نوارها که در محدوده وزنی ۴۵ تا ۶۶ کیلو دالتون قرار دارند، بیشترین نقش را در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها ایفا کرده‌اند. نوارهای ۷، ۸، ۱۰ و ۱۶ تا ۳۶ که در همه ژنوتیپ‌ها مشترک بودند نقشی در ایجاد گروه‌های متفاوت نداشتند.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی از جمله روش‌های آماری چندمتغیره برای گروه‌بندی است. این تجزیه درواقع به تقسیم‌بندی افراد در نمودار پراکنش دو یا سه‌بعدی کمک می‌کند. در این مطالعه این روش به عنوان روش مکمل تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی استفاده شد. نمودار بای پلات که بر اساس مولفه اول و دوم ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به چهار گروه اصلی تقسیم‌بندی نمود (شکل ۵) در تطابق کامل با نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای می‌باشد. در گروه ۲ مشخص‌شده در نمودار دو بعدی تعدادی از ژنوتیپ‌ها که ضریب تشابه یک داشتند کاملا بر هم منطبق می‌باشند که ناشی از شباهت ژنتیکی بالای این ژنوتیپ‌ها از لحاظ الگوی نواربندی پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه می‌باشد. El-Beltagi et al. (2021) در مطالعه پروتئین‌های دانه گندم نان از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه PCA در راستای بررسی تنوع ژنتیکی استفاده کردند.

Table 3- Eigen vectors of the first and second components in principal components analysis based on the seed storage proteins bands of the studied durum wheat genotypes

Band	1	2	3	4	5	6	9
PC1	-0.13	0.40	0.34	-0.32	-0.49	0.72	0.85
PC2	0.55	-0.60	0.07	-0.75	0.25	0.64	-0.27
Band	11	12	13	14	15	17	18
PC1	0.07	0.07	-0.85	0.72	0.09	-0.51	0.41
PC2	0.03	0.03	0.27	0.64	-0.12	-0.52	-0.005

به منظور بررسی دقیق‌تر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و نیز تشخیص بهترین ژنوتیپ‌ها جهت معرفی آن‌ها به‌عنوان کاندیداهای برتر به‌منظور شرکت در برنامه‌های اصلاحی و تلاقی‌های آینده، تجزیه واریانس و مقایسه میانگین صفات کیفی محتوای پروتئین دانه و گلوتن کل که از جمله مهم‌ترین صفات تعیین‌کننده کیفیت گندم دوروم برای تولید محصول نهایی (پاستا و ماکارونی) هستند انجام شد (جدول ۴). نتایج تجزیه واریانس ساده نشان داد که اثر ژنوتیپ برای صفات کیفی اندازه‌گیری شده معنی‌دار بودند. که این معنی‌دار بودن صفات مورد بررسی حکایت از تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد بررسی دارد. نتایج مقایسه میانگین نشان می‌دهد که بیشترین محتوای گلوتن برای ژنوتیپ‌های ۳، ۴، ۱، ۲ و ۱۸ وکمترین میزان نیز برای ژنوتیپ‌های ۲۴، ۶، ۱۹، ۲۱ و ۲۰ به‌دست‌آمده است. بیشترین محتوای پروتئین دانه مربوط به ژنوتیپ‌های ۳، ۱، ۴، ۲ و ۷ و کمترین مقدار نیز متعلق به ژنوتیپ‌های ۲۴، ۲۰، ۱۳، ۲۱ و ۹ هستند. ژنوتیپ ۲۴ که رقم محلی اسلام‌آباد غرب می‌باشد و دارای کمترین مقادیر محتوای پروتئین دانه و نیز گلوتن کل است، در بررسی‌های مربوط به تنوع ژنوتیپ‌ها با استفاده از الگوهای نواری الکتروفورز نیز به تنهایی در یک گروه قرار گرفت که حاکی از تفاوت بالای این ژنوتیپ با سایر ژنوتیپ‌ها می‌باشد. از طرفی ژنوتیپ‌های ۳، ۴، ۱ و ۲ که به‌ترتیب رقم‌های محلی کرمانشاه، ایران با منشاء محلی نامشخص و محلی خرم‌آباد هستند نیز به لحاظ هر دو صفت محتوای پروتئین دانه و گلوتن کل، بیشترین مقادیر را دارا هستند و همگی با هم در یک گروه به لحاظ الگوهای نواری الکتروفورزی گروه‌بندی شدند. ژنوتیپ شماره ۱۸ نیز جزو ژنوتیپ‌های با مقادیر بالای گلوتن که رقم محلی اهر است نیز به تنهای در یک گروه قرار دارد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها به لحاظ الگوهای نواری با نتایج حاصل از تجزیه واریانس و مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها در تطابق بالایی هست.

در مجموع می‌توان گفت که اطلاعات حاصل از تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دوروم با استفاده از الکتروفورز پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه، به همراه آزمایش‌های سنجش صفات کمی و کیفی کاربردی می‌تواند در گزینش ژنوتیپ‌های برتر کمک کند تا این ژنوتیپ‌ها به‌عنوان والدین برنامه‌های اصلاحی انتخاب‌شده و در غنی‌سازی ژرم‌پلاسم گندم دوروم به‌کار گرفته شوند پیشنهاد می‌شود بر روی ژنوتیپ‌هایی که الگوی الکتروفورزی پروتئین‌های دخیره‌ای دانه آن‌ها یکسان است، آنالیزهای بیوشیمیایی کاملتری همچون الکتروفورز دو بعدی انجام گیرد تا در صورت وجود اختلاف بین ژنوتیپ‌ها، تفاوت‌ها نمایان شوند و بتوان مدیریت بهتری را در رابطه با این منابع تنوع ژنتیکی اتخاذ نمود.

Table 4. Analysis of variance and mean comparison for the 25 durum wheat genotypes

	TG (g)	GPC (%)
Genotypes No[a].	3,4,1,2,18	3,1,4,2,7
Genotypes No[b].	24,6,19,21,20	24,20,13,21,9
Mean	5.41	15.89
Minimum	3.5	13.38
Maximum	6.45	18.15
F test	**	**

a This row shows the genotypes with following property: (5 genotypes contain the highest amount, In order from highest to lowest)
b This row shows the genotypes with following property: (5 genotypes contain the lowest value, In order from lowest to highest)

C.V.%	5.95	5.50
LSD 5%	0.66	1.80

F test: ** Significant at 1% probability level, * Significant at 5% probability level, ns = not significant
TG: Total gluten; GPC: Grain protein content

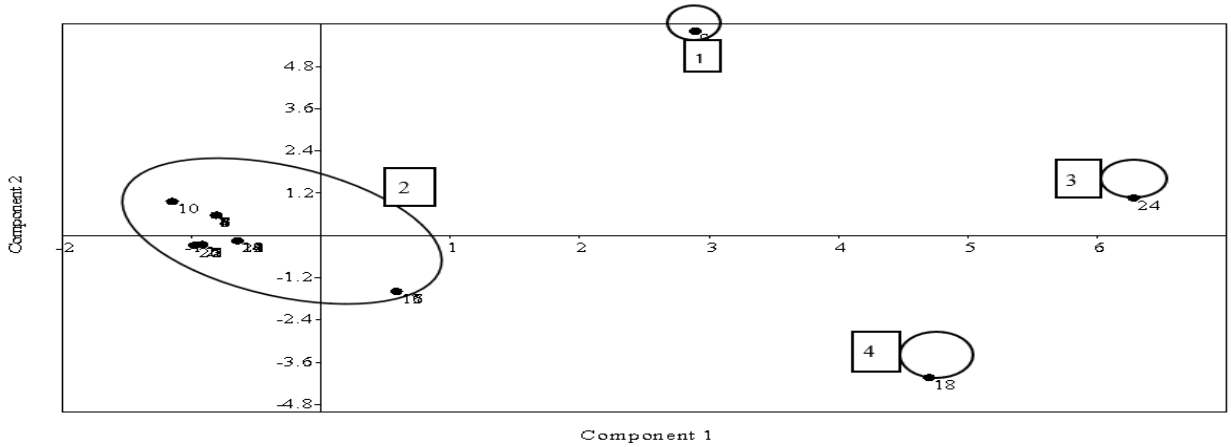

Figure 5. Two-dimensional diagram obtained from the principal components analysis

نتیجه‌گیری

الگوی نوارهای پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه در ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد مطالعه تا حدود زیادی به‌یکدیگر شباهت دارند. اما تعدادی از نوارها که بیشترین پلی‌مورفیسم را به خود اختصاص دادند دارای وزن مولکولی بیش از ۳۰ کیلو دالتون هستند. در این میان نوار شماره ۹ بیشترین نقش را در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها داشت که درنهایت این الگوهای نواربندی متفاوت ۴ گروه را ایجاد کرد که میتوان از ژنوتیپ‌های این گروه‌ها در برنامه‌های اصلاحی جهت ایجاد ارقام جدید تجاری و نیز به‌عنوان منابع تنوع ژنتیکی در جهت پیشبرد اهداف به‌نژادی بهره گرفت.با توجه به بررسی ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه واریانس صفات کیفی محتوای پروتئین دانه و گلوتن کل و مقایسه میانگین و نیز گروه‌بندی آن‌ها با استفاده از اطلاعات حاصل از الکتروفورز می‌توان تلاقی بین ژنوتیپ‌های شماره۳ (رقم محلی کرمانشاه)، ۴ (رقم محلی ایرانی با منشاء ناشناخته)، ۱ (رقم محلی خرم‌آباد) و ۲ (رقم محلی خرم‌آباد) را به دلیل دارا بودن مقادیر بالای گلوتن و پروتئین با ژنوتیپ شماره ۱۸ (رقم محلی اهر) به دلیل داشتن مقادیر بالای گلوتن و نیز فاصله ژنتیکی قابل قبول با ژنوتیپ‌های ذکرشده را پیشنهاد داد.

سپاس‌گزاری

این پژوهش با حمایت مالی دانشگاه رازی، کرمانشاه انجام پذیرفت.

References

Abebe, T. D., Mathew, B., & Léon, J. (2013). Barrier analysis detected genetic discontinuity among Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces due to landscape and human mobility on gene flow. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 60, 297-309.

Ahmadpoor, F., Asghari-Zakaria, R., Firoozi, B., Shahbazi, H., & Sofalian, O. (2015). Genetic diversity in ecotypes of Aegilops biuncialis for seed storage proteins. *Modern Genetic Journal*, 10(2), 239-250. [In Persian]

Alvarez, J. B., & Guzmán, C. (2019). Recovery of wheat heritage for traditional food: Genetic variation for high molecular weight glutenin subunits in neglected/underutilized wheat. *Agronomy*, 9(11), 755.

Bhandari, H., Bhanu, A. N., Srivastava, K., Singh, M., & Shreya, H. A. (2017). Assessment of genetic diversity in crop plants-an overview. *Advances in Plants & Agriculture Research*, 7(3), 279-286.

Canada, A. A. F. (2019). *Canada: Outlook for principal field crops. 19 July 2019.* Available online: http://www.agr.gc.ca/eng/industry-markets-and-trade/canadian-agri-food-sector-intelligence/crops/reports-and-statistics-data-for-canadian-principal-field-crops/.1378743094676 (accessed on 26 September 2019).

Chacón, E. A., Vázquez, F. J., Giraldo, P., Carrillo, J. M., Benavente, E., & Rodriguez-Quijano, M. (2020). Allelic variation for prolamins in Spanish durum wheat landraces and its relationship with quality traits. *Agronomy*, 10(1), 136.

Chňapek, M., Tomka, M., Gálová, Z., & Balážová, Ž. (2021). Utilization of storage proteins polymorphism for differentiation of wheat, rye and triticale genotypes. *Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences,* 2(1), 2087-2098.

Cornish, G., Bekes, F., Allen, H., & Martin, D. (2001). Flour proteins linked to quality traits in an Australian doubled haploid wheat population. *Australian Journal of Agricultural Research*, 52(12), 1339-1348.

El-Beltagi, H. S., Basit, A ,.Ullah, I. Z., Ullah, In., Mohamed, H. I., & Alqurashi, R. M. (2021). Assessment of biochemical diversity, estimation of mineral composition and nutritional status in different wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Fresenius Environmental Bulletin,* 30(7), 9490-9507.

Fathalipoor, Z., Nabati Ahmadi, D., Rajabi Memari, H., Siahpoosh, A., &Sedighi Dehkordi, F. (2015). Determination of plant diversity using morphological characters and path analysis in dill germplasms. *Plant Productions*, 37(4), 57-67 .[In Persian]

Fathi, T., Souhani, M. M., Lahiji, H., & Mehrabi, A. A. (2014). Genetic diversity among accessions of Aegilops triunsialis L. from west of Iran using ISSR molecular markers. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 45(1), 85- 93 .[In Persian]

José, M. R. J. F. V., & Carrillo, M. (2005). Genetic bases of grain quality. In *Durum wheat breeding* (pp. 381-408). Boca Raton, Florida: CRC Press.

Kakaei, M., & Kahrizi, D. (2011). Evaluation of seed storage protein patterns of ten wheat varieties using SDS-PAGE. *Biharean Biologist*, 5(2), 116-118.

Kakaei, M., Mordi, F., & Shararbar, H. (2016). Study of Endosperm Protein Banding Pattern Variation in some of Wheat (Triticum aestivum L.) Genotypes by SDS-PAGE Method. *Agricultural Biotechnology*, 7(2),77-83. [In Persian]

Khan, M. R., Anjum, F. M., Pasha, I., Shabbir, M. A., Hussain, S., & Nadeem, M. (2012). Application of enzyme-linked immunosorbent assay for the assessment of spring wheat quality. *Food and Agricultural Immunology*, 23(1), 1-15.

Marone, D., Russo, M. A., Mores, A., Ficco, D. B., Laidò, G., Mastrangelo, A. M., & Borrelli, G. M. (2021). Importance of landraces in cereal breeding for stress tolerance. *Plants*, 10(7), 1267.

Mehrabi, A., Mohammadi, S., Valian, S., & Khosroshahly, M. (2015). Genetic diversity of Aegilops triuncialis L. accessions of Iran revealed by microsatellite markers. *Iranian Journal of Field Crop Scence*, 46(2), 237-245. [In Persian]

Mohammadi, R., Abdolahi, A., Mohammadi, M., Elahi, K., & Yari, S. (2016). Evaluation of yield gap of durum wheat genotypes under research and farmers' fields conditions. *Research Achievements for Field and Horticulture Crops*, 5(2), 133-141. [In Persian]

Nadeem, M., Anjum, F.M., Khan, M.R., Sajjad, M., Hussain, S., & Arshad, M. S. (2016). Electrophoretic characteristics of gluten proteins as influenced by crop year and variety. *International Journal of Food Properties*, 19(4), 897-910.

Najafian, G., & Baghaie, N. (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(3), 305-322. [In Persian]

Nazco, R., Peña, R., Ammar, K., Villegas, D., Crossa, J., Moragues, M., & Royo, C. (2014). Variability in glutenin subunit composition of Mediterranean durum wheat germplasm and its relationship with gluten strength. *The Journal of Agricultural Science*, 152(3), 379-393.

Osmani, Z., & Siosemardeh, A. (2009). A study of genetic diversity in Sardari wheat ecotypes using AFLP markers and agronomic traits. *Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources*, 13(47), 301-320. [In Persian]

Rajabi Hashtjin, M., Fotukian, M. H., Aqaei, M., & Mohammadi, M. (2014). Evaluation of allelic variation and assessment of quality of seed storage proteins in durum wheats. *Agricultural Biotechnology Journal*, 5(4), 17-36. [In Persian]

Razavizadeh, R., & Ehsanpour, A. (2013). Application of seed storage protein marker for identification of seven soybean (*Glycine max*) cultivars. *Journal of Cell & Tissue*, 3(4), 319-326. [In Persian]

Seyedi, N., Jalali, S. G. A., Moghaddam, M., Tabari, M., &Mohammadi, S. A. (2011). Application of seed storage protein in intra-specific variation in three population of Pistacia atlantica Desf. *Iranian Journal of Plant Biology*, 2(6), 1-14. [In Persian]

Shayan, S., Moghaddam Vahed, M., Mohammadi, S. A., Ghassemi Golezani, K., Sadeghpour, F., & Youssefi, A. (2020). Genetic Diversity and Grouping of Winter Barley Genotypes for Root Characteristics and ISSR Markers. *Plant Productions*, 43(3), 323-336. [In Persian]

Sihmar, M., Sharma, J. K., Santal, A. R., & Singh, N. (2020). Seed storage protein phylogenetics of Indian wheat genotypes belong to Triticum aestivum, T. dicoccum and T. durum. *Indian Journal of Biotechnology*, 19, 17-27.

Sissons, M. (2008). Role of durum wheat composition on the quality of pasta and bread. *Food*, 2(2), 75-90.

Subira, J., Peña, R.J., Álvaro, F., Ammar, K., Ramdani, A., & Royo, C. (2014). Breeding progress in the pasta-making quality of durum wheat cultivars released in Italy and Spain during the 20th Century. *Crop Pasture Sciences*, 65(1), 16–26.

Vida, G., Szunics, L., Veisz, O., Bedo, Z., Láng, L., Arendas, T., Bónis, P., & Rakszegi, M. (2014). Effect of genotypic, meteorological and agronomic factors on the gluten index of winter durum wheat. *Euphytica*, 197(1), 61-71.

Weising, K., Nybom, H., Wolff, K., & Kahl, G. (2005). *DNA fingerprinting in plants principles, methods, and applications second edition.* Boca Raton, Florida: CRC Press.

Xynias, I. N., Mylonas, I., Korpetis, E. G., Ninou, E., Tsaballa, A., Avdikos, I. D., & Mavromatis, A.G. (2020). Durum wheat breeding in the Mediterranean region: Current status and future prospects. *Agronomy*, 10(3), 432.

Zhu, P., Saadati, H., & Khayatnezhad, M. (2021). Application of probability decision system and particle swarm optimization for improving soil moisture content. *Water Supply*, 21(8), 4145-4152.