بررسی زیر واحدهای با وزن مولکولی بالا (گلوتنین) و چند صفت کیفی مهم دانه گندم و روابط آنها از طریق روشهای آماری چند متغیره

قنبر توحید فر و سیروس عبدمیشانی
دانشجوی دوره دکترا و استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران

تاریخ پذیرش مقاله ۷۸/۴/۳۰

خلاصه

به منظور بررسی رابطه زیر واحدهای گلوتنین دارای وزن مولکولی بالا و ارزش نانوائی گندم نان، تعداد ۴۵ لاین پیشرفته گندم مورد بررسی قرار گرفت. برای تفکیک زیر واحدهای گلوتنین از روش SDS - PAGE استفاده شد. ارزش نانوائی لاین‌ها نیز با استفاده از آزمایش‌های فارینوگراف، ارتفاع رسوب SDS، درصد پروتئین، حجم نان، عدد زلنی و سختی دانه تعیین گردید. جهت گروه بندی ژنو تیپ هااز تجزیه خوشه ای در ۲ حالت یعنی استفاده از صفات کیفی دانه گندم و زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا استفاده شد. الگو پذیری ضعیفی بین تنوع نوارهای زیر واحدهای گلوتنین باوزن مولکولی بالا و تنوع صفات کیفی وجود داشت ، بطوریکه زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا نتوانستند بخوبی ژنوتیپ‌ها را از نقطه نظر صفات کیفی اندازه‌گیری شده توجیه نمایند. در تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی براساس نوارهای گلوتنین‌های با وزن مولکولی بالا ۴ مؤلفه اصلی مجموعاً ۷۸ درصد اطلاعات داده‌ها را توجیه کردند. از مقادیرمربوط به این مؤلفه‌ها جهت گروه بندی ژنو تیپ ها استفاده شد. نتایج بدست آمده از تجزیه به مولفه های اصلی مشابه با تجزیه خوشه‌ای بود. برای بررسی ارتباط بین صفات کیفی دانه گندم و زیر واحدهای گلوتنین از تجزیه همبستگی کانونیک استفاده شد. بین مجموع صفات کیفی گندم و زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا ارتباط وجود داشت. بطوریکه وجود زیر واحدهای ۲، ۸ + ۷ و ۱۰ + ۵ و عدم وجود زیر واحدهای ۷، ۹ + ۷ ، ۱ و ۱۲ + ۲ در گندمهای نان باعث افزایش ارزش والریمتری، ارتفاع رسوب SDS، پایداری خمیر، درصد جذب آب و کاهش شل شدن خمیر شدند.

واژه های کلیدی : گلو تنین ،گندم ،آمار چند متغیره،صفات کیفی

مقدمه

مصرف سرانه بالای نان از یک طرف و افزایش سریع جمعّیت از طرف دیگر موجب نیاز روز افزون به گندم است. رفع نیاز کشور از نظر گندم، منوط به افزایش بازده بهره‌برداری و کاهش ضایعات قبل و بعد از برداشت و حتی در پخت نان است و با توجه به اهمیت نان باید در تهیه و مصرف آن و همچنین نسبت به بهبود کیفیت گندم و آرد آن توجه خاصی قائل شد (۲).

مطلوبیّت آرد برای تهیه نان بستگی به کیفیّت و کمیّت گلوتن و اجزاء مهم تشکیل دهنده آن یعنی پروتئین‌های ذخیره‌ای عمده دانه گندم (گلوتنین، گلیادین) دارد. گلیادین‌ها بوسیله پیوندهای هیدروژنی و آثار متقابل آبگریزی بهم متصل هستند و بعلت آثار متقابل با چربیها باعث نگهداری گاز Co_2 در موقع تخمیر می‌شوند و هنگام جذب آب حالت چسبندگی و قابلیت کشش به گلوتن می‌دهند. نتایج آزمایشات(۴، ۱۷ و ۱۸)، حاکی از وجود رابطه بین سطح آب گریزی گلیادین و کیفیت نانوائی است و آب گریزی در آثار متقابل گلیادین با چربی نقش مهّمی دارد.

گلوتنین‌ها شامل پیوندهای دی سولفیدی بین و داخل مولکولی، مشتمل بر گلوتنین I و گلوتنین II می‌باشند. گلوتنین I باعث لزجی و گلوتنین II باعث حالت ارتجاعی می شود (۱۱). تحقیقات نشان داده که خاصیت نانوائی گندم با قسمتی از گلوتنین‌ها که گلوتنین‌های با وزن مولکولی بالا خوانده می‌شود رابطه دارد. مشخص شده‌است که لزجی گلوتنین‌ها با از بین رفتن پیوندهای دی‌سولفیدی کاهش می‌یابد (۱۳). آللهای ژنتیکی کد کننده گلوتنین‌های با وزن مولکولی بالا در سه مکان ژنی (GLU -A_1 -GLU - B_1-GLU-D_1) روی بازوی بلند کروموزوم‌های نیمه مشابه گروه ۱ قرار دارند (۴). پاین ولارنس (۱۹) برای مکان ژنی GLU - A_1 سه آلل، مکان ژنی Glu - B_1 یازده آلل و مکان ژنی Glu - D_1 بیش از شش آلل گزارش کرده‌اند، در ژل پلی اکریل آمید هر آلل بوسیله یک یا چند نوار نمایان می‌گردد. متاکوویسکی و همکاران (۱۶) در مطالعه‌ای برروی ۲۸ رقم گندم استرالیائی مشخص نمودند که نه تنها گلوتنین‌های با وزن مولکولی بالا بر روی کیفیت تاثیر دارند، بلکه گلوتنین‌های با وزن مولکولی پایین که روی بازوی کوتاه کروموزومهای گروه یک قرار دارند نیز همبستگی قوی با کیفیت خمیر دارند. مشخص شده‌است که گلوتنین‌های با وزن مولکولی پایین آثار معنی‌داری بر روی مقاومت و قابلیت کشش خمیر دارند (۹).

گوپتا و همکاران (۱۰) گزارش نموده‌اند خمیر حاصل از ژنوتیپ های ۱۰+۵ و ۱۸+۱۷ مقاومت بیشتری نسبت به ژنوتیپ های با زیر واحدهای ۱۲ + ۲، ۱۵ + ۱۴ دارد. طی همین تحقیقات مشخص شد که خمیر حاصل از ژنوتیپ های دارای زیر واحد های ۹+۷ در مقایسه با زیر واحدهای ۸ + ۷ مقاومت کمتری دارد. لافیندرا و همکاران (۱۲) با تهیه لاین های اینبرد نوترکیب از واریته فیرولو[1] نشان دادند که هیچگونه اختلاف معنی داری از نظر ارتفاع رسوب بین زیر واحدهای ۱۲ + ۵ و ۱۲ + ۲ وجود ندارد، در حالیکه بین زیر واحدهای ۱۲ + ۵ و ۱۰ + ۵ اختلاف معنی داری بدست آمد. ظاهراً زیر واحد ۱۰ عامل اصلی‌این اختلاف می باشد. برانلارد وداردیوت (۶) با مقایسه برخی از واریته‌ها، دو تیپ از زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی زیاد را تشخیص دادند. گروه اول با قدرت وقابلیت ارتجاعی گلوتن همبستگی مثبت داشته (*۲ و ۱۰ + ۵ و ۹ + ۷) وگروه دیگر با قابلیت توسعه خمیر همبستگی مثبت نشان داد (۱ و ۱۶ + ۱۳ و ۱۸ + ۱۷). لی و همکاران (۱۵) گزارش نموده‌اند که برتریودن زیر واحد های ۱۰ + ۳، ۱۰ + ۱/۵ و ۱۰ + ۵ نسبت به ۱۲ + ۲ و بقیه زیر واحدها بخاطر محل قرار گیری اسید آمینه سیستئین می باشد که باعث می‌شود زیرواحد ۱۰ توانایی بیشتری برای تشکیل پیوند دی سولفیدی بین مولکولی داشته باشد. در یک بررسی توسط پاین و همکاران (۲۱) برروی جمعیت F_5 مشخص شدکه آللهای مکان ژنی GLU-A_3 مربوط به گلوتنین‌های با وزن مولکولی پایین و GLU - A_1 باعث افزایش ارتفاع رسوب می‌شوند.

هدف از انجام این مطالعه بررسی رابطه بین زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا با ارزش نانوائی از طریق روشهای آماری چند متغیره‌می باشد تا در نهایت همبستگی بین چند صفت کیفی مهم و زیر واحدهای گلوتنین تعیین شده و همچنین میزان توجیه ژنو تیپ های گندم از لحاظ صفات کیفی توسط زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا مشخص گردد. در نهایت مقایسه بین تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در راستای گروه‌بندی‌ارقام انجام شد.

مواد و روشها

در این تحقیق ۴۵ لاین پیشرفته گندم (نسل‌های F_8 و F_9 گندم‌بدست آمده در بخش به نژادی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال بذر) که محصول سال ۱۳۷۴ بودند، در آزمایشگاه بیوتکنولوژی گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی مورد ارزیابی قرار گرفتند. از هر لاین ۵ عدد بذربرای الکتروفورز مورد استفاده قرارگرفت. برای بررسی گلوتنین‌ها از ژل اکریل آمید ۱۰ درصد از طریق روش SDS-PAGE[2] که توسط فولینگتن و همکاران (۸) تعدیل شده‌است استفاده شد. تشخیص زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا طبق روش پاین و همکاران (۱۹) انجام گرفت. آزمون فارینوگراف و تفسیر فارینوگرامها طبق کاتولوگ مربوط صورت گرفت (۵). بعلاوه اطلاعات مربوط به خواص خمیر مانند میزان جذب آب ،مدت زمان اختلاط خمیر، پایداری خمیر، میزان شل شدن و درنهایت ارزش والریمتری بدست آمد. آزمون حجم رسوب SDS طبق روش دیک‌وکوئیک (۷) برروی کلیه لاین‌ها در ۳ تکرار انجام شد و میانگین ۳ تکرار به عنوان شاخص

1 - Firollo

2- Sodium dodecyl sulphate polyacrylamide gel electrophoreses

رسوبی SDS در نظر گرفته شد. درصد پروتئین، حجم نان و سختی دانه با استفاده از دستگاه NIR[1] تعیین گردید.

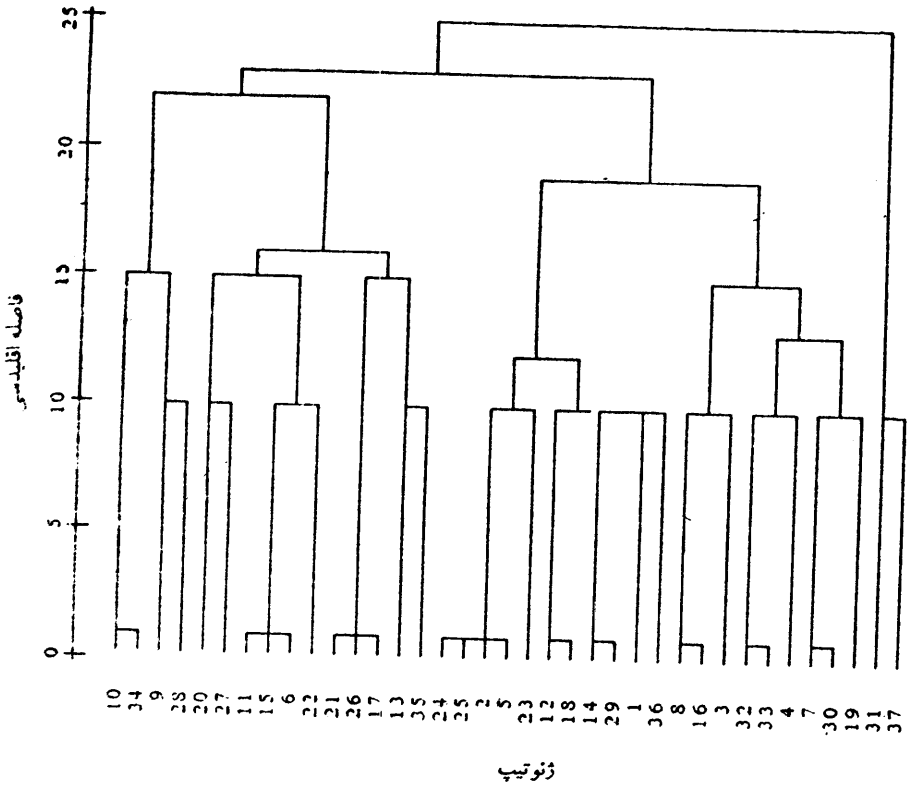
به منظور تعیین الگو پذیری بین زیر واحدهای با وزن مولکولی بالا و خواص کیفی مورد اندازه‌گیری، تجزیه خوشه‌ای در دو حالت صورت گرفت. در حالت اول تجزیه خوشه‌ای بر روی خواص کیفی اندازه گیری شده و در حالت دوم برروی زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا انجام شد. با استفاده از ماتریس تشابه بدست آمده تجزیه کلاستر به روش UPGMA[2] با استفاده از گزینه cluster نرم افزار SPSS انجام شد.

برای انجام تجزیه به مولفه‌های اصلی[3] از متغیرهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا استفاده شد. سپس مقادیر مربوط به این مولفه‌ها جهت گروه بندی بر آورد شد. این آزمون با استفاده از برنامه Prin Comp در نرم افزار SAS انجام شد.

به منظور بررسی ارتباط بین دو گروه‌از متغیرهایعنی صفات کیفی اندازه‌گیری شده و زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا از تجزیه همبستگی کانونیک استفاده شد. این آزمون بوسیله برنامه Proc concorr در نرم افزار SAS انجام شد.

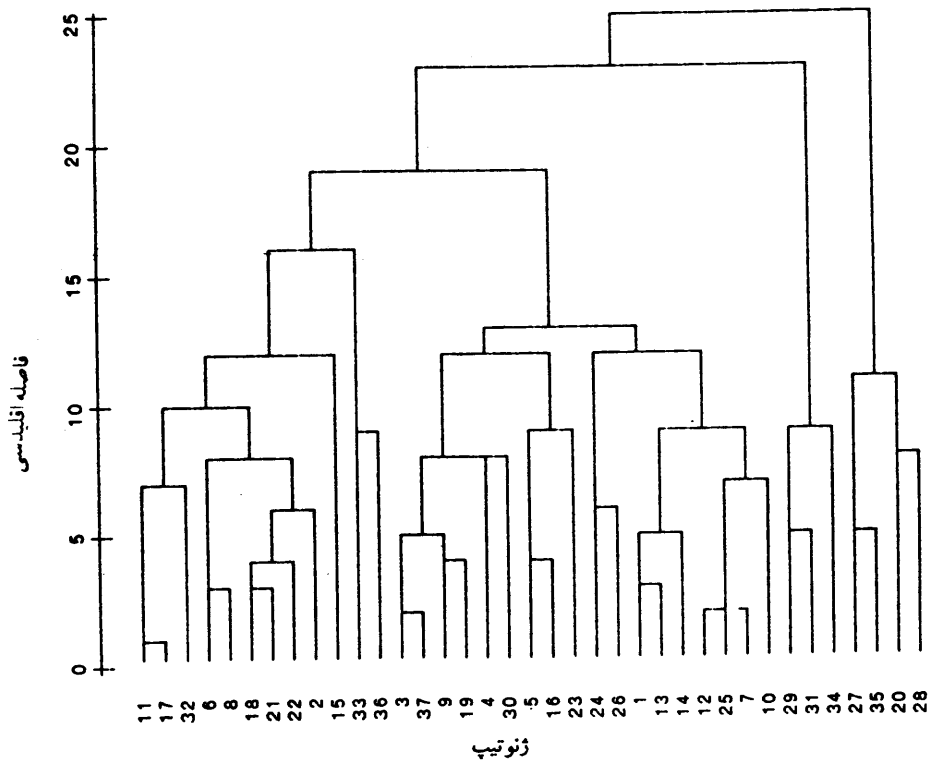
نتایج و بحث

دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای از نقطه نظر GS-HMW در شکل ۱ دیده می‌شود. بهترین برش در ناحیه فاصله اقلیدسی ۱۸ تشخیص داده شد و بنابراین ۵ کلاستر بدست آمد. تجزیه خوشه‌ای از نقطه نظر HMW - GS بخوبی قادر بود ارقام مختلف را از همدیگر تشخیص دهد. به عنوان مثال ژنوتیپ ها در کلاستر اول دارای زیرواحدهای ۹ + ۷ و نول بودند. در کلاستر سوم همه ژنوتیپ‌ها دارای زیرواحدهای ۱ و ۱۰ + ۵ و درکلاستر دوم تقریبا" همه ژنوتیپ ها دارای زیر واحدهای ۹+۷ و ۱۲+۲ می‌باشند.دندروگرام حاصل ازتجزیه خوشه‌ای از نقطه نظر ۱۰ صفت کیفی اندازه گیری شده در شکل ۲ دیده می‌شود. به منظور مقایسه دو شکل و میزان تشابه آنها جهت بررسی الگو پذیری، عمل برش در ناحیه فاصله اقلیدسی ۱۸ همانند شکل ۱ انجام شد که ۴ کلاستر بدست آمد.ژنوتیپ هائی که از نظر ارزش والریمتری،که یک شاخص کلی از صفات کیفی‌می باشد،بهم نزدیک هستند در یک کلاستر واقع شدند.به عنوان مثال در کلاستر اول ژنوتیپ‌های ۱۱ ، ۱۷ ، ۳۲ و۳۳ همه دارای ارزش والریمتری بالاتر از ۴۰ بودند.با



شکل ۱ - دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه ای ژنوتیپ ها به روش UPGMA از نقطه نظر HMW-GS

1 - Near infarete
2- Unweighted Paired Group Method using Arithmetic Average.
3- Principal component



شکل ۲ - دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه ای ژنوتیپ ها به روش UPGMA از نقطه نظر صفات کیفی

وجود این با مراجعه به شکل ۱ مشاهده می‌شود که دو ژنوتیپ (۳۲ و ۳۳) در یک کلاستروژنوتیپ های ۱۱ و ۱۷ در کلاستر دیگر و بقیه در کلاستر جداگانه قرار دارند. در کلاستر سوم ژنوتیپ‌های ۳۴، ۳۱ و ۲۹ با ارزش متوسط والریمتری ۲۵ واقع شده‌اند (شکل ۲). با توجه به شکل ۱ مشاهده می‌شود که این ژنوتیپ ها در کلاسترهای مختلف قرار دارند. با وجود این در برخی موارد مشابهت‌هائی بین دو شکل دیده شد.به عنوان مثال در کلاستر ۲ (شکل ۲) ژنوتیپ‌های ۲۳، ۲۵، ۱۲، ۱۴، ۱، ۲۴ و ۵ دارای ارزش والریمتری بین ۳۵ - ۲۵ می باشند. در شکل ۱ نیز ملاحظه می‌گردد که این ژنوتیپ ها در یک کلاستر قرار دارند.بطورکلی می‌توان نتیجه‌گیری کرد که الگو پذیری ضعیفی بین تنوع نوارهای HMW - GS و تنوع صفات کیفی اندازه‌گیری شده وجود دارد و زیر واحدهای HMW - G بخوبی نمی‌توانند وضعیت ژنوتیپ‌ها را از نقطه نظر صفات کیفی اندازه گیری شده توجیه نمایند.بنابراین می توان اظهار داشت که علاوه بر زیر واحدهای HMW -G ،زیر واحدهای LMW-G نیزاحتمالا نقش مثبتی بر روی ارزش نانوائی دارند. برخی از آزمایشات (۳) نشان دادند که زیر واحدهای LMW-G در رابطه با ارزش نانوایی و کمیت پروتئین‌های دخیل در آن نقش تقویتی برای زیر واحدهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا را به عهده دارند.بطور مثال دو رقم سرخ تخم و امید دارای ژنوتیپ‌های یکسان از نظر زیر واحدهای HMW بودند ولی ارزش رسوب SDS در آنها به ترتیب معادل ۴۸ و ۳۰ بدست آمد که به تفاوت زیر واحدهای LMW آنها (به ترتیب ۲۹ و ۲۳) مربوط می‌شود (۳).

در تجزیه به مولفه‌های اصلی برای متغیرهای گلوتنین با وزن مولکولی بالا بعد از استاندارد کردن داده‌ها چهار مولفه اصلی مجموعاً ۷۸ درصد واریانس داده‌ها را توجیه کردند. با استفاده از امتیازات چهار مولفه، تجزیه خوشه‌ای انجام شد(شکل ۳) .نتایج این بخش از بررسی (شکل های ۱ و ۳) حاکی از تائید گروه بندی درتجزیه خوشه‌ای است. روش تجزیه به مولفه اصلی می تواند به عنوان روش مکمل برای تجزیه خوشه‌ای بکار گرفته شود. آنچه در اینجا مهم به نظر می‌رسد این است که به جای دخالت دادن کلیه زیر واحدها در گروه بندی، تنها از وجود چهار مؤلفه اصلی استفاده شده واین امر کاهش حجم زیادی از داده‌ها را به همراه دارد.

در تجزیه همبستگی کانونیک متغیرهای x_1، x_2 ..... و x_p برای

معرفی زیر واحدها و متغیرهای y_1 ، y_2 .....و y_7 برای معرفی صفات کیفی دانه در نظر گرفته شدند. نتایج این بخش بررسی و مقایسه $\varnothing^2_0$(یکنوع آزمون تقریبی‌است که برای مشخص نمودن تعداد روابط معنی دار استفاده می شود) با توزیع کای اسکوئر (x^2) مشاهده می شود که حداقل یک همبستگی کانونیک معنی دار وجود دارد. بنابراین بنظر می‌رسد که دلیلی برای نشان دادن ارتباط بین متغیرهای x و y وجود دارد.در گام بعدی تک تک همبستگی های کانونیک مورد آزمون قرارگرفتند و حداقل دو همبستگی کانونیک معنی دار بدست آمد.

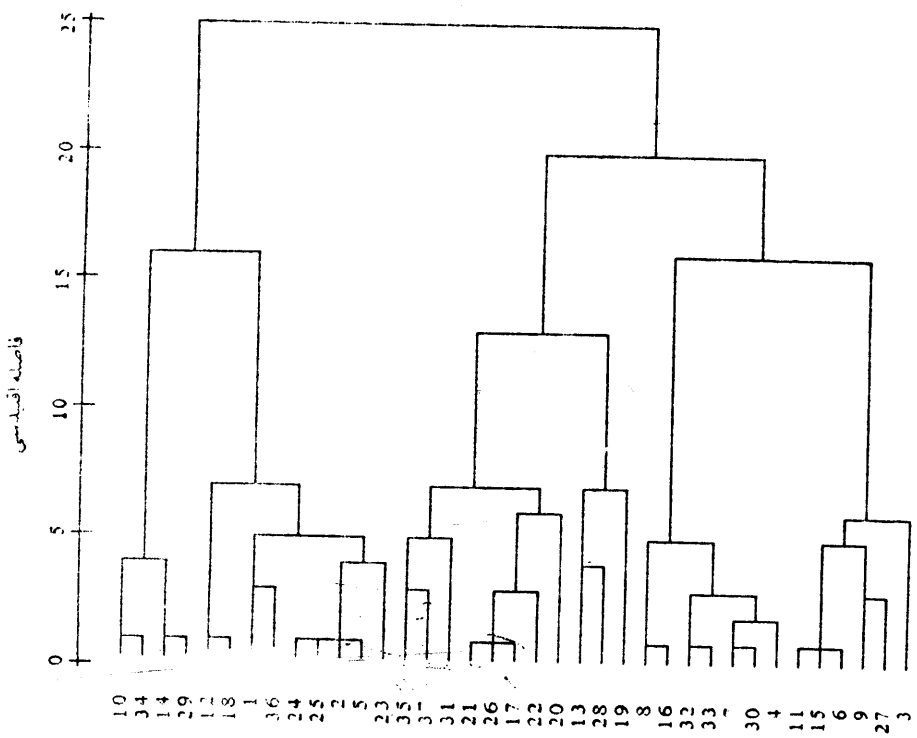
معادلات ذیل برای متغیرهای کانونیک بدست آمده‌اند.

$$U_1 = ۰/۳۶x_1 + ۰/۲۹x_2 + ۰/۱۸x_3 + ۰/۲۱x_4 - ۰/۳۳x_5 + ۰/۶۵x_6 - ۰/۲۷x_7 + ۰/۲x_8 - ۰/۰۸x_9$$

$$V_1 = ۰/۱۶y_1 - ۰/۱۳y_2 - ۰/۱۲y_3 - ۰/۱۱y_4 + ۰/۶۴y_5 + ۰/۸۳y_6 - ۰/۱۷y_7$$

جدول ۱ - مقادیر ویژه (λ) و ضرایب همبستگی کانونیک

مقادیر ویژه (λ_i)	ضریب همبستگی کانونیک	dF	$\varnothing^2$
$\lambda_1 = ۰/۶۱$	۰/۷۸	۶۳	$\varnothing_0^2 = ۸۶^*$
$\lambda_2 = ۰/۵۶$	۰/۷۵	۴۸	$\varnothing_1^2 = ۵۶^*$
$\lambda_3 = ۰/۲۶$	۰/۵۱	۳۵	$\varnothing_2^2 = ۳۰$
$\lambda_4 = ۰/۲۴$	۰/۴۸	۲۴	$\varnothing_3^2 = ۲۰/۳$
$\lambda_5 = ۰/۱۸$	۰/۴۲	۱۵	$\varnothing_4^2 = ۱۱/۶$
$\lambda_6 = ۰/۱۲$	۰/۳۵	۸	$\varnothing_5^2 = ۵/۴$
$\lambda_7 = ۰/۰۴$	۰/۲	۳	$\varnothing_6^2 = ۱/۳$



ژنوتیپ

شکل ۳ - دندروگرام بر اساس چهار مؤلفه اصلی حاصل از روش تجزیه به مولفه های اصلی

جدول ۲- ضرایب همبستگی بین متغیرهای x و متغیرهای کانونیک مربوط

صفات	u_1	u_2
x_1= زیر واحد ۱	۰/۱۱	۰/۴۷
x_2= زیر واحد ۲	۰/۲۱	-۰/۰۵
x_3= زیر واحد ۱۶+۱۳	۰/۱۷	۰/۳۹
x_4= زیر واحد ۱۸+۱۷	۰/۳	۰/۴۳
x_5= زیر واحد ۹+۷	-۰/۵۷	-۰/۱۸
x_6= زیر واحد ۸+۷	۰/۶۵	-۰/۵۷
x_7= زیر واحد۷	-۰/۴۳	-۰/۱۷
x_8= زیر واحد ۱۰+۵	۰/۲۷	-۰/۱۴
x_9= زیر واحد ۱۲+۲	-۰/۱۴	۰/۲۷

جدول ۳- ضرایب همبستگی بین متغیرهای y و متغیرهای کانونیک مربوط

صفات	V_1	V_2
y_1= درصد جذب آب	۰/۱۵	-۰/۵۷
y_2= تکامل خمیر	۰/۵	۰/۱۵
y_3= پایداری خمیر	۰/۷	۰/۱۹
y_4= درجه شل شدن خمیر	-۰/۹	۰/۱۶
y_5= ارزش والریمتری	۰/۹۱	-۰/۱۱
y_5= ارتفاع رسوب	۰/۹۴	۰/۲۲
y_6=درصد پروتئین	۰/۳۵	-۰/۱۲

$$U_2 = ۰/۶۴x_1 + ۰/۵۳x_2 - ۰/۲۸x_3 - ۰/۲۴x_4 - ۰/۶x_5 - ۱/۰۳x_6 - ۰/۶۳x_7 + ۰/۱۵x_8 + ۰/۴۷x_9$$

$$V_2 = - ۰/۲۴y_1 - ۱/۰۲y_2 - ۱/۱۳y_3 - ۰/۸۹y_4 - ۳/۱y_5 + ۰/۹۳y_6 - ۰/۳۶y_7$$

چون برخی از متغیرها همبستگی قوی با یک یا چند متغیر دیگر دارند در این صورت توصیف متغیرهای کانونیک از طریق همبستگی آنها با متغیرهای x و y بهتر از پرداختن به ضرایب a_{ij}(ضریب متغیرهای x) و b_{ij} (ضریب متغیرهای y)است(جداول ۲و۳).

متغیر کانونیک U_1 بیشترین همبستگی را در جهت مثبت با زیر واحدهای ۸+۷ و بیشترین همبستگی منفی رابا زیرواحدهای ۹+۷ و ۷ در جهت منفی دارد (جدول ۲). بدیهی است این متغیر کانونیک عمدتا بیانگر زیر واحد ۸+۷ از مکان ژنی $CLU - B_1$ می‌باشد. متغیر کانونیک U_2 بیشترین همبستگی را در جهت منفی با زیر واحد ۸+۷ و در جهت مثبت با زیرواحد ۱ و زیر واحد ۱۸+۱۷ دارد.

مطابق جدول ۳ متغیر کانونیک V_1 با صفت ارزش والریمتری و ارتفاع رسوب رابطه مثبت قوی و با درجه شل شدن خمیر رابطه منفی قوی دارد. بدیهی است که این متغیر کانونیک یک حالت از خواص کیفی دانه را بیان می‌کند که با افزایش ارتفاع رسوب و ارزش والریمتری و کاهش شل شدن خمیر همراه است. متغیر کانونیک V_2 بیشترین همبستگی را در جهت منفی با صفت درصد جذب آب و در جهت مثبت با صفت ارتفاع رسوب دارد و بیانگر کاهش درصد جذب آب می‌باشد.

می‌توان نتیجه‌گیری کرد که با توجه به ضرایب همبستگی(ستون های اول جداول ۲ و ۳) وجود زیر واحدهای ۲ ، ۸+۷ و ۱۰+۵ و عدم وجود زیر واحدهای ۷ ، ۹+۷ و ۱۲+۲ در گندمهای نان باعث افزایش ارزش والریمتری، ارتفاع رسوب SDS، پایداری خمیر، درصد جذب آب و کاهش شل شدن خمیر می‌گردد. همبستگی منفی بین صفت شل شدن خمیر و ارزش والریمتری و همبستگی مثبت زیر واحد ۸+۷ و ۱۰+۵ با صفات ارزش والریمتری و ارتفاع رسوب (۱) تائید کننده این نتایج است.

ستون دوم جداول ۲ و ۳ نشان می‌دهد که وجود زیر واحد ۱ از مکان ژنی $CLU - A_1$ و زیر واحدهای ۱۶+۱۳، ۱۸+۱۷ از مکان ژنی $CLU - B_1$ در ژنوتیپ‌های مورد بررسی با کاهش درصد جذب آب همراه است. این یافته با نتایج پاین و همکاران (۲۰)نیز مطابقت دارد.

مراجع مورد استفاده

REFERENCES

۱- توحید فر، ق . ۱۳۷۴. تعیین رابطه پروتئین‌های ذخیره‌ای دانه (گلوتنین) با ارزش نانوائی لاینهای پیشرفته گندم، پایان نامه کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران

۲ـ سپهوند، ن. ۱۳۷۳. بررسی الکتروفورتیکی گندمهای ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس
۳ـ مسعودی نژاد، ع. ۱۳۷۵. مقایسه پروتئین‌های با وزن مولکولی بالا و پایین در گندمهای ایران و بررسی نقش آنها در ارزش نانوائی، چهارمین کنگره علوم زراعت واصلاح نباتات ایران ۴ تا ۷ شهریور دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان.

4 . Beitz, J.A., K.W. Shepherd and J.S. Wall. 1975. Single kernel analysis of glutenin: use in wheat genetic and breeding. Cerreal Chem. 5:513 - 532

5 . Brabender, C.O.1983. Testing method with farinograph. Duisbury, West Germany

6 Branlard, G., and M. Dardivet. 1985. Diversity of grain protein and bread wheat quality. II. Correlation between high molecular weight subunits of glutenin and flour quality characteristics. J. Cereal Science 3:345 - 354.

7 . Dick , J. A.and J.S. Quick. 1983. A modified screening test for rapid estimation of gluten strength in early generation durum wheat breeding lines. Cereal Chem. 60:315 - 318

8 . Fulington, J.G., E.W. Cole and D.D. Kasarda. 1983. Quantitative SDS - PAGE of total proteins from different wheat varieties: Effects of protein content. Cereal Chem. 60:65-70

9 . Gupta, R. B., F.Bekes and L.W. Wrigley. 1991. Prediction of physical dough properties from glutenin subunit composition in bread wheats correlation studies. Cereal Chem. 68(4):328 - 333

10 . Gupta, R.B., Y. Popineaut, G. Lefevret, M. Cornect, G.J. Lawrence and F.Macritechie. 1995. Biochemical basis of flour properties in bread wheat. J. Cereal Sci. 21:103 - 116

11 . Khan, K. and W. Bushuk. 1979. Studies of glutenin II. Comparison by sodium dodecyl sulphate - polyacrylamide gel electrophoresis of unreduced and reduced glutenin from various isolation and purification procedure. Cereal Chem. 56,63

12 . Lafiandra , D,. R.D. Procedu, E. Marglotta and G. Colapric. 1993. New data supporting high mr glutenin subunit 5, the determinant of quality differences among the pairs 5 +10 Vs. 2+12 .J. Cereal Sci. 18: 196 - 205.

13.Laszity,R.L.1986.The chemistry of cereal protein.CRC press Inc.Boca Roton Florida. P.93-101.

14 . Lawereance, G.J. 1986. The high molecular weight glutenin subunits composition of Australin wheat cultivar. Aus. J. Agric. Res. 37:125 - 133.

15 . Lee, H. S., C. H. Cho, H. S. Song and H. G. Ghany. 1983. Studies on the variation of quality traits and its selection efficiency in *Triticum asetivum* proc. 6th International Wheat Genetic Symposium, Kyoto Japan.P. 835 - 841.

16 . Metakowsky, E. V., C. W. Wrigley, F. Bekes and R. Gupta. 1990. Gluten polypeptides and useful genetic markers of dough quality in Australian wheats. Aus. J. Agric. Res. 41:289-297.

17 . Moohen, H. E., S.cheepstra and A.Graveland. 1983. Biochemical properties of some high molecular weight subunits of wheat glutenin. J. Cereal Sci. 17 - 27

18 . Nierle, W. 1987. The influence of lipid complexes on the baking potential of wheats P. 349 In: Proc

Int. Workshop Gluten Proteins 3rd World Scientific Publishing Co: Teaneek. NG.

19 . Payne, P.I. and G. J. Lawrece. 1983. Catalogue of alleles for the complex gen loci Glu - B_1 and Glu - D_1 which code for high molecular weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. Cereal Res. Com. 11 (1):24 - 35

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

21 . Payne, P. I., S. J. A. Seeking, AG. Worland, MG. Garvis and L.M. Holt. 1987. Allelic variation of glutenin subunits and gliadin and its effect on bread making quality in wheat analysis of F_5 progeny from Chinese spring $_x$ Chinese spring. J. Cereal Sci. 4: 103-111

Association of High Molecular Weight Glutenin Subunits of Wheat with some Impotant Quality Traits, Using Multivariate Analysis.

GH. TOHIDFAR AND C. ABD-MISHANI

Ph.D. Student and Professor, Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Karaj, Iran.

Accepted June 20, 1999

SUMMARY

In order to find a relationship between the high molecular weight-glutenin subunits and breadmaking quality of wheat, 45 advanced-breeding lines of wheat were studied using SDS-PAGE procedure. Breadmaking quality of the lines was determined indirectly by farinograph test, protein content, loaf volume, seed hardiness, Zeleny, and SDS-sedimentation tests. In order to attribute quality traits to HMW-G subunits diversity, the cluster analysis was used to investigate the coincidence of clustering by two groups of variables. Results showed that the HMW-G subunits based-clustering did not coincide well with quality traits based-clustering and HMW-G subunits had somewhat different dendrogram than that of quality characters.Therefore the HMW-G subunits may not account for the total variation in quality attributes. The principal component analysis was used for grouping The genotypes. the results indicated that this is a useful tool for grouping and can serve as a complementary procedure for cluster analysis. Canonical correlation analysis was used to determine the relationship between the quality traits of wheat kernel and HMW-G subunits. The results of this analysis reveald that the presence of 2, 7+8 and 5+10 subunits and the absence of 7, 7+9, 1, and 2+12 subunits in bread wheat could increase valorimeter value, SDS-sedimentation value,dough stability, dough water absorption and decrease the degree of softening.

Key Words: Glutenin, Wheat, Multivariate analysis, Quality triats