



Assessment of biochemical diversity, oil content, and SDS-PAGE in different cultivars and ecotypes of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.)

Zeinab Chaghakaboodi¹ , Mahmoud Bagheri²  & Hussein Mostafaei³ 

¹ Department of Plant Production and Genetics, Campus of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran.

² Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

³ Department of Plant Production and Genetics, Ilam University, Ilam, Iran.

 Corresponding author. E-mail: z.chaghakaboodi@razi.ac.ir

ABSTRACT

Introduction: Quinoa (*Chenopodium quinoa* willd.) is widely recognized as a nutrient-rich crop with exceptional nutritional value. Given its importance, it is crucial to assess the phytochemical diversity and oil content among different cultivars and genotypes to enhance our understanding of its nutritional and health-related properties.

Materials and methods: A completely randomised design (CRD) experiment was conducted on commercial cultivars (Atlas, Giza1, Red Carina) and various quinoa ecotypes (Q4, Q29, Q2, Q12, Q3, Q1) with three replications at Razi University during the 2023-2024 growing season. The evaluated traits included oil percentage, total soluble sugar content, total phenol content, total flavonoid content, and SDS-PAGE analysis.

Results: The analysis of variance for quinoa genotypes regarding the studied traits revealed a highly significant difference (at the 1% probability level) among different quinoa cultivars and ecotypes. Additionally, mean comparison results showed that ecotype Q4 had the highest total soluble sugar content (404.773 mg/L) and total flavonoid content (0.825 µg/L). Heatmap analysis categorized the cultivars and ecotypes into two distinct groups. The first group (Q1, Giza1, Red Carina, Q12) had the lowest values, while the second group (Q4, Q29, Atlas, Q2) exhibited the highest values for total soluble sugar, total phenol, and total flavonoid content. Correlation analysis showed a strong and highly significant positive correlation between total soluble sugar content and total phenol content (0.60**) as well as between total phenol content and total flavonoid content (0.60**).

Conclusion: Principal component analysis (PCA) indicated that the first two components accounted for 79.3% of the observed variations, suggesting that these two components explain a significant portion of the diversity among quinoa cultivars and ecotypes. This analysis highlighted the significant importance of total soluble sugar, total phenol, and total flavonoid content in this study. SDS-PAGE analysis of seed storage proteins revealed seven distinct protein bands within a molecular weight range of 20 to 70 kDa across the six ecotypes and three commercial cultivars. A single protein band with an approximate molecular weight of 40 kDa, constituting about 11% of the total bands, could serve as a stable genetic marker for quinoa.

Keywords: Heatmap Analysis, Principal Component Analysis, Total soluble sugar, and Total phenol.

Article Type: Research Article

Article history: Received: 17 Aug 2024, Revised: 04 Feb 2025, Accepted: 10 Mar 2025, Published online: 28 Mar 2025

Cite this article: Chaghakaboodi, Z., Bagheri, M. & Mostafaei, H. (2025). Assessment of biochemical diversity, oil content, and SDS-PAGE in different cultivars and ecotypes of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 4(1), 92-114. DOI: [10.22126/cbb.2025.10999.1079](https://doi.org/10.22126/cbb.2025.10999.1079)



© The Author(s).
[10.22126/cbb.2025.10999.1079](https://doi.org/10.22126/cbb.2025.10999.1079)

Publisher: Razi University



بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات



شاپا الکترونیکی: ۵۱۷۰-۲۷۸۳

بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات

Homepage: <https://cbb.razi.ac.ir>

ارزیابی تنوع بیوشیمیایی، محتوای روغن و SDS-PAGE در ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا (*Chenopodium quinoa* Willd.)

زینب چقاکبودی^۱✉، محمود باقری^۲، و حسین مصطفایی^۳

^۱ گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران.

^۲ موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

^۳ گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشگاه ایلام، ایلام، ایران.

✉ نویسنده مسئول. رایانامه: z.chaghakaboodi@razi.ac.ir

چکیده

مقدمه: کینوا (*Chenopodium quinoa* Willd.) به‌عنوان یکی از منابع غنی و متنوع در تغذیه انسان شناخته شده است و ارزش غذایی بالایی دارد. با توجه به اهمیت این گیاه، ارزیابی تنوع فیتوشیمیایی و محتوای روغن آن در ارقام و ژنوتیپ‌های مختلف، امری اساسی است که به درک بهتر از خصوصیات تغذیه‌ای و سلامتی این محصول کمک می‌کند.

مواد و روش‌ها: آزمایشی به صورت طرح کاملاً تصادفی روی ارقام تجاری (Atlas، Giza1، Red Carina) و اکوتیپ‌های مختلف کینوا (Q3، Q12، Q2، Q29، Q4) با سه تکرار در سال ۱۴۰۳-۱۴۰۴ انجام شد. صفات مورد ارزیابی شامل درصد روغن، محتوای قند محلول کل، محتوای فنل کل، فلاوونوئید کل و SDS-PAGE بود.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس ژنوتیپ‌های کینوا از نظر صفات مورد بررسی نشان داد که بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا اختلاف بسیار معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. همچنین مقایسه میانگین صفات نشان داد که اکوتیپ Q4 دارای بیشترین مقدار محتوای قند محلول کل (۴۰۴/۷۷۳ میلی گرم بر لیتر) و فلاوونوئید کل (۰/۸۲۵ میکروگرم بر لیتر) بود. آنالیز نقشه حرارتی، ارقام و اکوتیپ‌ها را دو گروه مجزا قرار داد. گروه اول (Q1، Giza1، Red Carina، Q12) دارای کمترین مقدار و گروه دوم (Q2، Atlas، Q29، Q4) دارای بیشترین مقدار از نظر صفات محتوای قند محلول کل، فنل کل و فلاوونوئید کل بودند. تجزیه همبستگی بین صفات نیز نشان داد که بین صفات محتوای قند محلول کل و فنل کل (۰/۶۰**) و همچنین بین فنل کل و محتوای کل فلاوونوئید (۰/۶۰**) همبستگی مثبت و بسیار معنی‌داری وجود داشت.

نتیجه‌گیری: تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو مؤلفه اول ۷۹/۳ درصد از تغییرات و تنوع موجود را توجیه می‌کنند. این امر نشان دهنده این موضوع می‌باشد که بخش عمده‌ای از تنوع مشاهده شده در ارقام و اکوتیپ‌های کینوا توسط این دو مؤلفه کنترل می‌شود. بر این اساس مشخص شده است که صفات محتوای قند محلول کل، فنل کل و فلاوونوئید کل از اهمیت بیشتری در این بررسی برخوردار بودند. بر اساس نتایج SDS-PAGE پروتئین‌های ذخیره‌ای بذر، نیم‌رخ پروتئینی بذر شش اکوتیپ و سه رقم تجاری، هفت باند پروتئینی مشخص را در محدوده وزن مولکولی ۲۰ تا ۷۰ کیلودالتون نشان داد. تک باند پروتئینی با وزن مولکولی حدود ۴۰ کیلو دالتون که تقریباً ۱۱ درصد از باندها را تشکیل داد، می‌تواند به عنوان یک نشانگر ژنتیکی ثابت در کینوا مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: آنالیز نقشه حرارتی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، قند محلول کل، فنل کل.

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

نوع مقاله: دریافت: ۱۴۰۳/۰۵/۲۷ **اصلاح:** ۱۴۰۳/۱۱/۱۶ **پذیرش:** ۱۴۰۳/۱۲/۲۰ **انتشار آنلاین:** ۱۴۰۴/۰۱/۰۸

استناد: چقاکبودی، ز.، باقری، م. و مصطفایی، ح. (۱۴۰۴). ارزیابی تنوع بیوشیمیایی، محتوای روغن و SDS-PAGE در ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا

(*Chenopodium quinoa* Willd.). *بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات*، ۱(۴)، ۹۲-۱۱۴. DOI: [10.22126/cbb.2025.10999.1079](https://doi.org/10.22126/cbb.2025.10999.1079)



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه رازی

مقدمه

تغییرپذیری در میزان پروتئین، ترکیب روغن و سایر جنبه‌های تغذیه‌ای می‌شود. نتایج مطالعه روی کشت ژنوتیپ‌های مختلف کینوا در جمهوری چک نشان داد که میزان پروتئین دانه آن بین ۱۳/۴۴ تا ۲۰/۰۱ درصد متغیر است که نشان‌دهنده تأثیر قابل توجه عوامل ژنتیکی می‌باشد (Dostalíková et al., 2023). مطالعات نشان داده‌اند که ژنوتیپ‌های کینوا دارای تنوع قابل توجهی در میزان و کیفیت پروتئین هستند. به‌عنوان مثال، پژوهش‌هایی که به بررسی پروفایل پروتئین در ژنوتیپ‌های مختلف کینوا پرداخته‌اند، تفاوت‌هایی را در تعداد و وزن مولکولی باندهای پروتئینی شناسایی کرده‌اند که نقش تنوع ژنتیکی را در ترکیب پروتئین نشان می‌دهد (Abd El-Moneim et al., 2021). پروتئین کینوا به عنوان یک پروتئین ذخیره بذر، عمدتاً از آلبومین‌های ۲S و گلوبولین‌های ۱S تشکیل شده است. آلبومین‌های ۲S حدود ۳۵ درصد از کل پروتئین را تشکیل می‌دهند که شامل دایمرهای کوچک (۳-۴ کیلو دالتون) و یک زیر واحد بزرگ (۸-۹ کیلو دالتون) است که از طریق یک پل دی‌سولفیدی به هم متصل شده‌اند (Brinegar et al., 1996). گلوبولین‌های ۷S پروتئین‌های ذخیره‌ای هستند که در دانه‌های کینوا یافت می‌شوند، اما در مقایسه با انواع دیگر پروتئین‌ها مانند گلوبولین‌های ۱S، کمتر هستند. این پروتئین‌ها معمولاً دارای ساختار تریمر هستند، به این معنی که از سه زیرواحد تشکیل شده‌اند. این زیرواحدها به‌طور غیر کووالانسی به هم متصل هستند و اندازه آن‌ها

پروتئین به‌عنوان یک درشت‌مغذی، نقش کلیدی در حفظ سلامت انسان ایفا می‌کند. در حال حاضر، در جهان روند رو به افزایشی به سمت غذاهای گیاهی به‌عنوان منابع پروتئینی وجود دارد. گیاهان دارای اثرات زیست‌محیطی و هزینه‌های تولید کمتری نسبت به حیوانات هستند (Deprá et al., 2022; Tarahi and Ahmed, 2023). گیاه کینوا با نام علمی *Chenopodium quinoa* Willd. دانه خوراکی است که از خانواده آمارانتاسه^۱ به شمار می‌آید. این گیاه بومی مناطق آمریکا است و امروزه در سراسر جهان به‌عنوان یک منبع غنی و متنوع از مواد غذایی شناخته می‌شود (Angeli et al., 2020). دانه‌های کینوا حاوی ۴/۴ تا ۸/۸ درصد روغن هستند که این میزان بیشتر از غلات سنتی مانند ذرت، برنج و ارزن است. این روغن سرشار از اسیدهای چرب تک غیراشباع (اولئیک) و چند غیراشباع (لینولئیک و لینولنیک) است. عوامل محیطی، از جمله نوع خاک، اقلیم و روش‌های کشاورزی، می‌توانند بر محتوای لیپید و ترکیب اسیدهای چرب دانه‌های کینوا تأثیر بگذارند (Xi et al., 2024). یکی از ویژگی‌های منحصر به فرد کینوا، محتوای غنی از پروتئین آن است که حاوی انواع اسیدهای آمینه اساسی می‌باشد. بنابراین، اهمیت کینوا به دلیل محتوای پروتئین بالا (۱۲-۱۷ درصد) و کیفیت غذایی برتر (به عنوان مثال، ترکیب اسید آمینه متعادل) آن است (Stikic et al., 2012; Wang et al., 2020). تنوع ژنتیکی کینوا منجر به

¹ Amaranthaceae

معمولاً بین ۵۰ تا ۷۶ کیلو دالتون است (Burrieza et al., 2020 al., 2019; Van de Vondel et al.,).

تنوع ژنتیکی کینوا به آن امکان می‌دهد در محیط‌های متنوع، از سطح دریا تا ارتفاعات بالا، رشد کند. این سازگاری منجر به تغییراتی در ترکیب بیوشیمیایی آن، از جمله محتوای پروتئین، کربوهیدرات و لیپید می‌شود. مطالعات نشان داده‌اند که ژنوتیپ‌های کینوا کشت شده در شرایط خشک با مواد آلی کمتر در خاک و دمای متوسط حدود ۱۸ درجه سانتی‌گراد در طول فصل رشد، دارای محتوای کربوهیدرات بیشتری هستند (Hlásná, 2022). همچنین مطالعات قبادی و نورزوی (Ghobadi and Norouzi, 2024) نشان داد که اثر تاریخ کشت روی صفات عملکرد دانه و کربوهیدرات محلول کینوا، معنی‌دار است. شرایط محیطی، به‌ویژه دما، می‌تواند بر محتوای روغن و ترکیب آن در کینوا تأثیر بگذارد. مطالعات نشان داده‌اند که دوره‌های تنش گرمایی منجر به کاهش محتوای روغن و تغییر در پروفایل اسید-های چرب، مانند کاهش اسید اولئیک و افزایش نسبت اسید لینولئیک می‌شوند که این تغییرات می‌توانند بر کیفیت تغذیه‌ای دانه‌های کینوا تأثیر بگذارند (Matías et al., 2022). کینوا دارای ویژگی‌های بیوشیمیایی خاص و متنوعی است که آن را به یک منبع غنی از تغذیه و سلامتی تبدیل می‌کند. هم عوامل ژنتیکی و هم محیطی نقش‌های حیاتی در شکل‌گیری خصوصیات بیوشیمیایی و محتوای روغن کینوا دارند. درک این تأثیرات برای برنامه‌های اصلاح نژادی که هدف آن‌ها افزایش ارزش تغذیه‌ای

کینوا و سازگاری آن با شرایط مختلف کشت است، ضروری می‌باشد. در یک مطالعه، چندین پارامتر مرتبط با تغذیه دانه‌ها در ۱۵ رقم کینوا که در یک محیط خاص کشت شده بودند، مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. تفاوت‌های مهم زراعی و تغذیه‌ای مانند تغییرات در محتویات مواد معدنی یا پروتئین و قابلیت جوانه‌زنی دانه‌ها در میان ارقام یافت شد (Granado-Rodríguez et al., 2021). این نتایج بر اهمیت در نظر گرفتن تنوع ژنتیکی کینوا هنگام انتخاب ارقام بهبود یافته کینوا با بهترین ویژگی‌های تغذیه‌ای برای محیط‌های کشت جدید تأکید می‌کنند (Granado-Rodríguez et al., 2021). تنوع در منابع ژنتیکی کینوا شامل حضور ترکیبات زیست‌فعال مانند ساپونین‌ها، فلاونوئیدها و سایر متابولیت‌های ثانویه نیز می‌شود. این ترکیبات به فواید سلامتی و تحمل کینوا در برابر تنش‌ها کمک می‌کنند. تجزیه و تحلیل جامع متابولوم بذر از ۴۷۱ رقم کینوا تنوع قابل توجهی را در تجمع این ترکیبات نشان داده است که بر اهمیت عوامل ژنتیکی در تعیین خصوصیات بیوشیمیایی تأکید دارد (Tabatabaei et al., 2022). در آزمایشات محققان دیگری نشان داده شده است که رقم‌های مختلف کینوا به دلیل تنوع ژنتیکی و اثرات محیطی تفاوت‌هایی را در کیفیت بذر نشان می‌دهند (Reguera et al., 2018). مطالعات نشان داده‌اند که تنوع قابل توجهی در متابولیت-های اولیه و ثانویه در میان ژنوتیپ‌های مختلف کینوا وجود دارد. به عنوان مثال، پژوهشی روی ژرم‌پلاسماهای کینوا معرفی‌شده در مصر، تفاوت‌های معنی‌داری را در

مواد و روش‌ها

بذور مورد استفاده در آزمایش:

بذرهای مورد استفاده شامل بذور شش اکوتیپ (Q1، Q2، Q3، Q4، Q12 و Q29) و سه رقم تجاری (Giza1، Atlas و Red Carina) کینوا بودند که از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شدند. مشخصات و ویژگی‌های ارقام واکوتیپ‌های مورد مطالعه در جدول ۱ آمده است.

مواد شیمیایی مورد استفاده:

مواد شیمیایی مورد استفاده شامل گلیسین، آکریل آمید، متیلن بیس آکریل آمید، NaCl، رنگ کوماسی بریلیانت بلو، و سدیم دودسیل سولفات (SDS)، اتانول مطلق، اسیدسولفوریک ۹۸ درصد، معرف فولین، کربنات سدیم، استات پتاسیم و کلرید آلومینوم از شرکت مرک آلمان خریداری شدند. مارکر پروتئینی رنگ‌آمیزی شده (۱۰-۱۰۰ کیلو دالتون) از شرکت Thermo Fisher Scientific کشور آمریکا خریداری شد.

محل انجام تحقیق:

این پژوهش در آزمایشگاه فیزیولوژی و بیوتکنولوژی دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار در سال ۱۴۰۳-۱۴۰۴ انجام شد. تیمارهای مورد استفاده (بذور شش اکوتیپ و سه رقم تجاری) در موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج (طول جغرافیایی ۵۰ درجه و ۴۵ دقیقه شرقی و ۳۵ درجه ۵۵ دقیقه

ویژگی‌های فیتوشیمیایی، از جمله مولکول‌های آنتی-اکسیدان، قندها، اسیدهای آلی و اسیدهای چرب نشان داده است که این تنوع ژنتیکی برای برنامه‌های اصلاح نژاد با هدف بهبود کیفیت بذر بسیار حائز اهمیت است (Saad-Allah et al., 2018). یک مطالعه روی کنسانتره‌های پروتئینی کینوا از الکتروفورز ژل پلی‌آکریل-آمید دودسیل سولفات سدیم (SDS-PAGE) برای تجزیه و تحلیل باندهای پروتئینی استفاده کرده است که نشان می‌دهد پروتئین‌های کینوا تقریباً به طور کامل توسط پپسین هیدرولیز می‌شوند، که نشان‌دهنده قابلیت هضم آن‌ها است (Vilcacundo et al., 2017). نتایج مطالعه راسخی کازرونی و همکاران (Rasekhi Kazeruni et al., 2021) نشان داد که از لحاظ صفات مولکولی و بیوشیمیایی تفاوت معنی‌داری در واریته‌های کینوا وجود دارد و همچنین SDS-PAGE پروتئین نشان داد که باندهای پروتئینی از ۲۵ تا ۱۷۰ کیلودالتون مشاهده شد. مطالعه روی الکتروفورز پروتئین‌های بذر کینوا نشان داد که تکنیک‌های مولکولی و بیوشیمیایی ابزار قدرتمندی در ارزیابی ارتباط‌های ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های کینوا هستند (Mortada et al., 2023). انجام بررسی‌های بیوشیمیایی، سلولی و مولکولی واریته‌های مختلف کینوا با هدف پی بردن به گزینش واریته‌های مناسب با توجه به اهداف مختلف، ضروری است. لذا هدف از این مطالعه معرفی بهترین اکوتیپ یا رقم از نظر صفات بیوشیمیایی، محتوای روغن و محتوای پروتئینی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه کینوا می‌باشد.

شمالی با ارتفاع ۵/۱۳۱۲ متر از سطح دریا) کشت شدند و در پایان فصل رشد در اواخر آبان ۱۴۰۳، از هر تیمار به طور مجزا برداشت شدند. بذرها پس از برداشت، تا زمان انجام آزمایش در داخل پاکت‌های زیپ‌دار در سردخانه با دمای چهار درجه سلسیوس نگهداری شدند.

اندازه‌گیری صفات بیوشیمیایی:

میزان قند محلول کل:

ابتدا ۵۰ میلی گرم از بذور پودر شده با ۵۰۰ میکرولیتر اتانول مطلق مخلوط شده و به مدت یک شبانه‌روز در یخچال با دمای چهار درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. روز بعد چند بار تکان داده و سپس یک دقیقه سانتریفیوژ شد. از عصاره به دست آمده ۱۰ میکرولیتر برداشته شد و به مخلوط واکنش ۲۵۰ میکرولیتر فنول نیم درصد و ۱۲۵۰ میکرولیتر اسیدسولفوریک ۹۸ درصد اضافه شد. سپس ۱۵ دقیقه در دمای اتاق انکوبه شد. بعد از این مدت، جذب با استفاده از اسپکتوفتومتر در طول موج ۴۸۸ نانومتر قرائت شد. با استفاده از منحنی استاندارد قند که از غلظت‌های مختلف گلوکز به دست آمده بود، اعداد قرائت شده کمی سازی شدند (Sheligl, 1986).

محتوای فنول کل: تعیین محتوای کل فنلی با استفاده از معرف فولین-سیوکالتو:

ابتدا ۵۰ میلی گرم بذر کینوا پودر شده و به منظور همگن‌سازی آن و استخراج ترکیبات فنلی با استفاده از ۵۰۰ میکرولیتر اتانول مطلق مخلوط شد. پس به مدت یک شبانه‌روز در یخچال با دمای چهار درجه سانتی‌گراد

قرار داده شد و روز بعد چند بار تکان داده شد و سپس به مدت یک دقیقه سانتریفیوژ شد. حجم مشخصی از عصاره (۱۲۵ میکرولیتر) با ۱۲۵ میکرولیتر معرف فولین-سیوکالتو مخلوط شد. معرف فولین-سیوکالتو یک ترکیب از فسفومولیدات و فسفوتنگستات است که با ترکیبات فنلی موجود در عصاره واکنش می‌دهد. این معرف معمولاً قبل از استفاده با آب مقطر به نسبت ۱ به ۱۰ رقیق می‌شود. پس از یک دوره کوتاه انکوباسیون (حدود ۱ دقیقه)، یک میلی‌لیتر محلول قلیایی از کربنات سدیم (Na_2CO_3) به مخلوط واکنش اضافه شد. این مرحله اسیدها را خنثی می‌کند و به توسعه رنگ آبی کمک می‌کند. سپس مخلوط واکنش به مدت ۱۵ دقیقه در دمای اتاق انکوبه شد. این مدت، ترکیبات فنلی معرف فولین-سیوکالتو را کاهش می‌دهند و منجر به تشکیل یک کمپلکس آبی می‌شوند. پس از انکوباسیون، جذب مخلوط واکنش با استفاده از اسپکتروفتومتر در طول موج مشخص، ۷۶۵ نانومتر، اندازه‌گیری شد. شدت رنگ آبی با غلظت ترکیبات فنلی در نمونه همبستگی دارد. به منظور کمی‌سازی داده‌ها یک منحنی استاندارد با استفاده از غلظت‌های مشخصی از یک ترکیب فنلی استاندارد، معمولاً اسید گالیک، تهیه شد. قرائت‌های جذب نمونه‌ها با منحنی استاندارد مقایسه شده و محتوای کل فنلی به صورت میلی گرم معادل اسید گالیک (GAE^1) به ازای هر گرم وزن خشک نمونه بیان شد (Pandjaitan et al., 2005).

میزان فلاونوئید کل:

¹ Gallic Acid Equivalent

ابتدا ۵۰ میلی‌گرم از بذور کینوا پودر شده با ۵۰۰ میکرولیتر اتانول مخلوط شد. سپس ۲۴ ساعت در یخچال با دمای چهار درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. روز بعد چند بار تکان داده و سپس به مدت یک دقیقه سانتریفیوژ شد. سپس ۲۵ میکرولیتر از عصاره به‌همراه ۷۵۰ میکرولیتر متانول ۹۸ درصد با ۵۰ میکرولیتر محلول کلرید آلومینیوم یک درصد (AlCl_3) مخلوط شد. به حجم به‌دست آمده، ۵۰ میکرولیتر استات پتاسیم ($\text{CH}_3\text{CO}_2\text{K}$) یک مولار و یک میلی‌لیتر آب مقطر اضافه و به مدت ۱۵ دقیقه در دمای اتاق انکوبه شد. جذب کمپلکس زرد رنگ ایجاد شده با استفاده از اسپکتروفتومتر در طول موج مشخص (۴۱۵ نانومتر) اندازه‌گیری شد. به منظور کمی‌سازی اعداد به دست آمده، جذب با یک منحنی استاندارد که با استفاده از غلظت‌های شناخته شده یک استاندارد فلاونوئید (معمولاً روتین) تهیه شده بود، مقایسه شد. سپس محتوای فلاونوئید در نمونه به صورت میلی‌گرم معادل روتین به ازای هر گرم نمونه بیان شد (Chang et al., 2002).

اندازه‌گیری درصد روغن:

ابتدا ۲۰ گرم بذر بوجاری شده از تمام ژنوتیپ‌ها توسط ترازوی دقیق دیجیتالی وزن شد. سپس خوانش درصد روغن توسط دستگاه NMR مدل Oxford با سه تکرار انجام شد.

استخراج پروتئین بذر کینوا:

ابتدا جهت حذف گرد و غبار و ساپونین، بذور کینوا با آب مقطر شسته شده و سپس در دمای ۴۰ درجه سانتی‌گراد خشک شدند (رطوبت کمتر از $9/5 \pm 5$ درصد). دانه‌های خشک شده با استفاده از آسیاب پودر شد. میزان یک گرم از نمونه‌ها وزن شد. سپس یک گرم پودر را با ده میلی لیتر هگزان (وزن به حجم) مخلوط کرده و به مدت یک شبانه‌روز روی دستگاه تکان دهنده (شیکر) قرار داده شد. بعد از ۲۴ ساعت حلال هگزان خارج و مجدداً ۱۰ میلی لیتر هگزان (وزن به حجم) اضافه و حدود دو ساعت روی دستگاه تکان دهنده (شیکر) قرار داده شد. سپس حلال هگزان خارج شد و نمونه‌ها روی فویل آلومینیومی خشک شدند. از پودر خشک شده ۳۰۰ میلی گرم برداشته و بافر تریس باز^۱ ده میلی‌مولار اضافه و به حجم سه میلی لیتر رسانده و به مدت یک ساعت روی دستگاه تکان دهنده (شیکر) قرار داده شد. سپس سانتریفیوژ نمونه‌ها به مدت ۲۵ دقیقه در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد و نیروی گریز از مرکز ۴۰۰۰ g انجام شد. محلول رویی برداشته شد و تعیین غلظت با استفاده از روش برادفورد $\text{OD}^2 = 595$ (Bradford, 1976) انجام و بررسی پروتئین‌ها با استفاده از SDS-PAGE انجام شد (Liu et al., 2023).

انجام SDS-PAGE:

الکتروفورز ژل پلی‌آکریل‌آمید دودسیل سولفات سدیم یک بعدی (SDS-PAGE) طبق روش (Laemmli, 1970)

¹ Tris Base

² Optical Density

تجزیه و تحلیل داده‌ها:

نتایج به صورت میانگین $\pm$ تغییرات انحراف استاندارد بیان واریانس، مقایسه میانگین اثرات متقابل و تجزیه همبستگی صفات با استفاده از نرم افزار R انجام شد. جهت تهیه نقشه حرارتی و گروه‌بندی لاین‌های انتخابی بر اساس صفات مورد مطالعه و همچنین تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، از نرم افزار Clustvis استفاده شد.

انجام شد. پروتئین‌های محلول بذر از دانه‌های بالغ و سالم هر ژنوتیپ با استفاده از بافر استخراج Tris-Cl 20 میلی‌مولار (pH=8.0) حاوی دو میلی‌مولار ¹ EDTA و یک میلی‌مولار ² PMSF استخراج شدند. غلظت پروتئین (۷/۵ میلی‌گرم بر میلی‌لیتر) در هر نمونه بر اساس روش بردفورد (Bradford, 1976) تعیین شد. SDS-PAGE پروتئین استخراج‌شده دانه روی ژل پلی‌اکریل‌آمید ۱۵ درصد انجام شد. باندهای پروتئینی با رنگ آمیزی کوماسی بلو 250 ظاهر شدند. نیمرخ الکتروفورزی پروتئین‌های دانه هر ژنوتیپ به صورت حضور (۱) یا عدم حضور (۰) یک باند با وزن مولکولی خاص ثبت شد.

¹ Ethylenediaminetetraacetic acid

² Phenylmethylsulfonyl fluoride

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های مورد مطالعه کینوا

Table1- Characteristics of the studied quinoa genotypes

ژنوتیپ Genotype	منشا Origion	رنگ بوته Plant color	نوع گل‌آذین Inflorescence type	محتوای ساپونین Saponin Content	رسیدگی Maturity	مناسب کشت suitable for cultivation	حساسیت به طول روز Photoperiod Sensitivity
Q1	ICBA	سبز Green	باز Open	نیمه تلخ semi-bitter	متوسط‌رس mid-maturing	دانه‌ای Grain	روزخنثی Day-neutral
Q2	ICBA	سبز Green	باز Open	نیمه تلخ semi-bitter	متوسط‌رس mid-maturing	دو منظوره dual-purpose	روزخنثی Day-neutral
Q3	ICBA	سبز Green	نیمه فشرده Semi-dense	نیمه تلخ semi-bitter	متوسط‌رس mid-maturing	دو منظوره dual-purpose	روزخنثی Day-neutral
Q4	ICBA	سبز Green	باز Open	نیمه تلخ semi-bitter	متوسط‌رس mid-maturing	دو منظوره dual-purpose	روزخنثی Day-neutral
Q12	Chile	سبز Green	نیمه فشرده Semi-dense	نیمه تلخ semi-bitter	زودرس early-maturing	دانه‌ای Grain	روزخنثی Day-neutral
Q29	Chile	سبز Green	نیمه فشرده Semi-dense	نیمه تلخ semi-bitter	متوسط‌رس mid-maturing	دانه‌ای Grain	روزخنثی Day-neutral
Giza1	Egypt	سبز Green	نیمه فشرده Semi-dense	نیمه تلخ semi-bitter	زودرس early-maturing	دانه‌ای Grain	روزخنثی Day-neutral
Atlas	Netherland	سبز Green	فشرده Dense	نیمه تلخ semi-bitter	دیررس late-maturing	دانه‌ای Grain	روزخنثی Day-neutral
Red Carina	Netherland	سبز Green	نیمه فشرده Semi-dense	نیمه تلخ semi-bitter	متوسط‌رس mid-maturing	دانه‌ای Grain	روزخنثی Day-neutral

ICBA: International Center for Biosaline Agriculture, UAE

نتایج و بحث:

پایه اساسی برای انتخاب و توسعه ارقام جدید با صفات بهبود یافته، می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد (El-Harty *et al.*, 2021; Tabatabaei *et al.*, 2022). از سوی دیگر، این نتایج همچنین نشان می‌دهند که هر یک از صفات مورد مطالعه نقش مهمی در تعیین تفاوت‌های ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها ایفا می‌کنند. به این ترتیب، اختلافات مشاهده شده نمی‌توانند به تصادف نسبت داده شوند و احتمالاً ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی واقعی بین اکوتیپ‌ها و ارقام است.

نتایج تجزیه واریانس ارقام و اکوتیپ‌های کینوا (جدول ۲) نشان‌دهنده وجود اختلاف بسیار معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی است. این اختلافات معنی‌دار، حاکی از وجود تنوع ژنتیکی قابل توجه در بین اکوتیپ‌ها و ارقام مورد مطالعه است که می‌تواند به عنوان یک منبع ارزشمند برای برنامه‌های اصلاحی و به‌نژادی در آینده استفاده شود. تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها به محققان امکان می‌دهد تا انتخاب‌های دقیق‌تری برای بهبود صفات مطلوب در گیاه کینوا انجام دهند. این تنوع به عنوان یک

جدول ۲- تجزیه واریانس ارقام و اکوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر صفات مورد بررسی

Table 2- Analysis of variance of the studied cultivars and ecotypes in terms of the traits

میانگین مربعات	Mean Squares	درجه آزادی	df	منابع تغییرات	Source of Variation
محتوای فنل کل	محتوای قند محلول کل	محتوای روغن	محتوای فلاوونوئید کل		
Total phenol content	Total soluble sugar content	Oil content	Total flavonoid content		
0.001**	27064.125**	17.522**	0.039**	ژنوتیپ	Genotype
6.68 × 10 ⁻⁵	1320.743	0.003	0.001	اشتباه	Error
				کل	Total
				27	
				-	ضریب تغییرات (%)
					Coefficient of Variation
					31.85
					8.78
					53.49
					37.82

**Significant at the 1% probability level

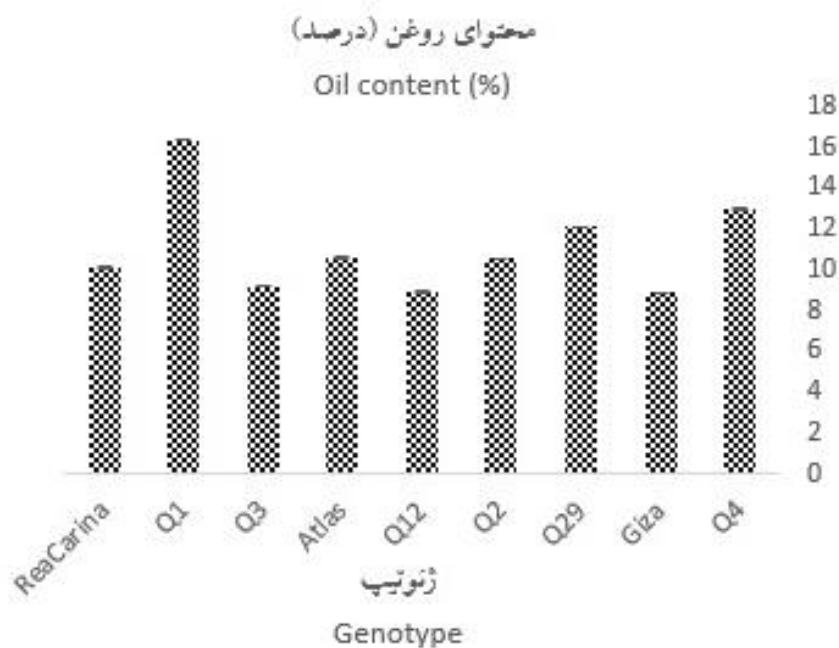
** معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد

وجود ویژگی‌های ژنتیکی خاص در این اکوتیپ باشد. به طور کلی، این نتایج نشان می‌دهد که تنوع ژنتیکی می‌تواند بر صفات مختلف کینوا، از جمله محتوای درصد روغن، تأثیرگذار باشند. تنوع ژنتیکی نقش اساسی در تعیین میزان روغن موجود در کینوا دارد. مطالعات نشان داده‌اند که ژنوتیپ‌های مختلف کینوا تنوع قابل ملاحظه‌ای در میزان روغن بذر، که بین ۳/۵۴ تا ۸/۴۶ درصد متغیر

نتایج مقایسه میانگین بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا برای تمامی صفات مورد بررسی در شکل ۲ (الف، ب، ج، د) ارائه شده است. برای صفت محتوای درصد روغن (شکل ۲-الف)، اکوتیپ Q1 دارای بیشترین (۱۶/۳۳۰ درصد) و اکوتیپ‌های Q12 (۸/۹۲۰ درصد) و رقم تجاری Giza1 (۸/۸۷۳ درصد) دارای کمترین محتوای روغن بودند. این میزان بالا ممکن است به دلیل

انتخاب و توسعه ارقام با غلظت‌های مطلوب روغن استفاده می‌کنند و فرصت‌هایی برای بهبود ویژگی‌های تغذیه‌ای و عملکردی فراهم می‌سازند (Bhardwaj *et al.*, 2023).

است، نشان می‌دهند. این تنوع به تفاوت‌های موجود در ترکیب ژنتیکی نسبت داده می‌شود که مسیرهای متابولیکی مسئول سنتز لیپیدها را تحت تأثیر قرار می‌دهد. برنامه‌های اصلاح نژاد از این تنوع ژنتیکی برای

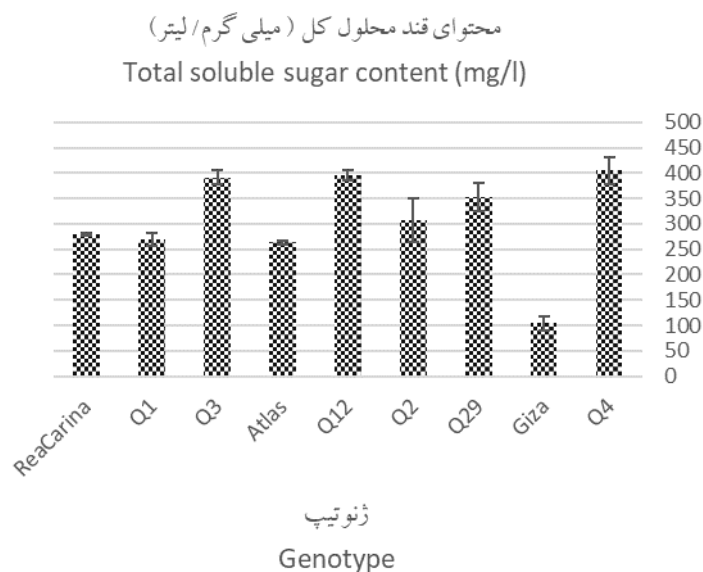


شکل ۲- الف - مقایسه میانگین بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف از نظر درصد روغن

Figure 2-a- Means comparison among different cultivars and ecotypes in terms of oil percentage

(۱۰۳/۹۴۰ میلی گرم بر لیتر) دارای کمترین مقدار قند محلول کل بود. این نتایج می‌تواند ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی یا شرایط محیطی مختلف باشد که بر میزان قند محلول کل در دانه‌های کینوا تأثیر می‌گذارند (Tabatabaei *et al.*, 2022).

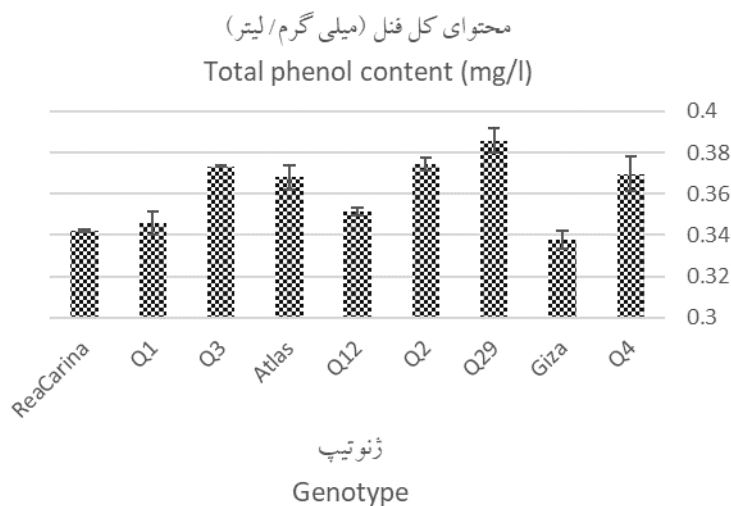
مقایسه میانگین بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا برای صفت محتوای قند محلول کل (شکل ۲- ب) نشان داد که اکوتیپ‌های Q4 (۴۰۴/۷۷۳ میلی گرم بر لیتر)، Q12 (۳۹۶/۱۷۳ میلی گرم بر لیتر) و Q3 (۳۹۱/۹۶۰ میلی گرم بر لیتر) دارای بیشترین و رقم تجاری Giza1



شکل ۲-ب- مقایسه میانگین بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف از نظر محتوای قند محلول کل
Figure 2-b- Mean comparison among cultivars and ecotypes in terms of total soluble sugar content

در میان ارقام و اکوتیپ‌های مورد مطالعه کینوا ناشی از تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد که اصلاح گران و پژوهشگران می‌توانند با توجه به اهداف خاص اصلاحی از تنوع ژنتیکی موجود و با در نظر گرفتن شرایط محیطی اقدام به انتخاب نمایند (Rahimi et al., 2020).

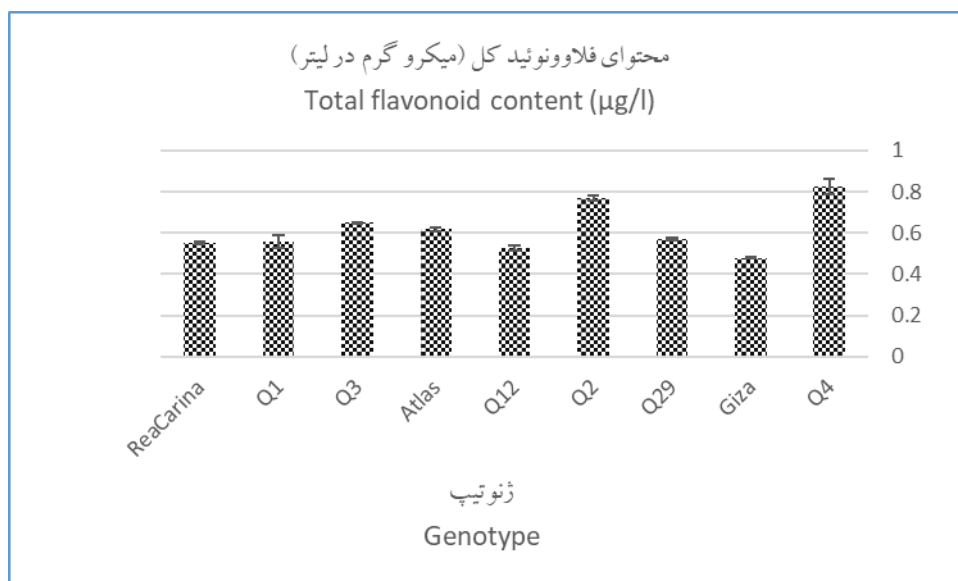
مقایسه میانگین بین ارقام و اکوتیپ‌های کینوا از نظر میزان فنل کل (شکل ۲-ج) نشان داد که اکوتیپ Q29 (۰/۳۸۶ میلی گرم بر لیتر) دارای بیشترین و اکوتیپ‌های Q1 (۰/۳۴۶ میلی گرم بر لیتر)، Q12 (۰/۳۵۲ میلی گرم بر لیتر) و ارقام Giza1 (۰/۳۳۸ میلی گرم بر لیتر) و Red Carina (۰/۳۴۲ میلی گرم بر لیتر) کمترین میزان فنل کل را داشتند. مقادیر بالا و پایین محتوای کل فنل



شکل ۲-ج- مقایسه میانگین بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف از نظر محتوای کل فنل
Figure 2-c- Mean comparison among cultivars and ecotypes in terms of total phenol content

ارقام مختلف کینوا، تأثیر تاریخ کاشت و تراکم بوته بر عملکرد و کیفیت دانه مورد بررسی قرار گرفت و نتایج نشان داد که انتخاب رقم مناسب و مدیریت شرایط کاشت، می‌تواند در بهبود محتوای فلاوونوئید و سایر ترکیبات مفید در کینوا مؤثر باشد (Najafi Nejad *et al.*, 2022).

مقایسه میانگین بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا (شکل ۲-د) برای صفت محتوای فلاوونوئید کل نشان داد که اکوتیپ Q4 (۰/۸۲۵ میکرو گرم در لیتر) دارای بیشترین و رقم Red Carina (۰/۵۵۲ میکرو گرم در لیتر) دارای کمترین میزان فلاوونوئید کل بود. در تحقیقی روی



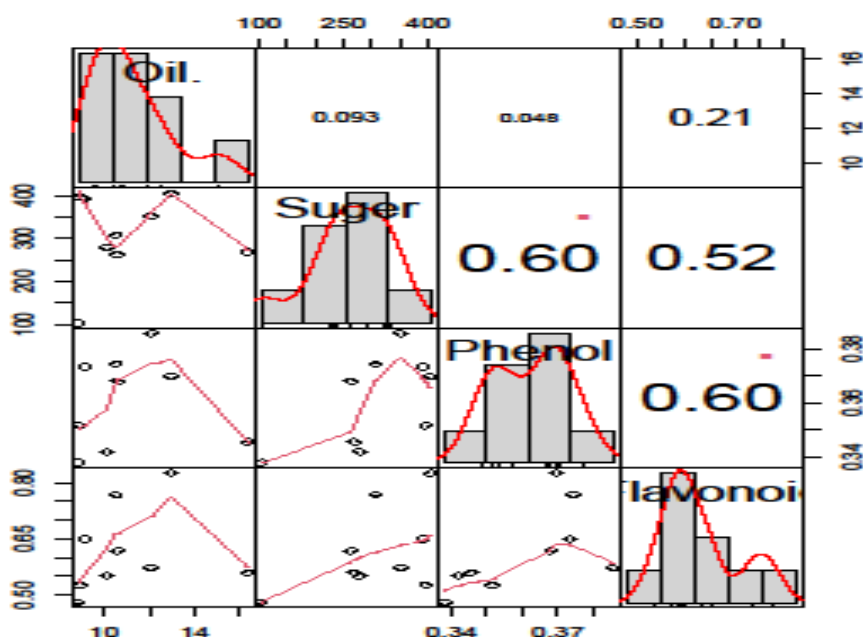
شکل ۲-د- مقایسه میانگین ارقام ارقام و اکوتیپ‌های کینوا از نظر محتوای فلاوونوئید کل
Figure 2-d- Mean comparison among quinoa cultivars and ecotypes in terms of total flavonoid content

با توجه به اینکه این صفات مرتبط با ویژگی‌های کیفی مهم در گیاه کینوا هستند، این نتایج می‌تواند به کشاورزان و محققان کمک کند تا بهترین ارقام و اکوتیپ‌ها را برای بهبود یا افزایش محتوای صفت مورد نظر انتخاب کنند. به عنوان مثال، اگر تمایل به افزایش محتوای قند محلول کل و فنل کل وجود داشته باشد، ممکن است ارقامی که همبستگی مثبت بالایی با یکدیگر دارند، برای تولید مناسب‌ترین باشند تا بتوانند به بهبود کیفیت و ارزش غذایی محصول کمک کنند. علاوه بر این، این همبستگی‌ها می‌توانند به عنوان شاخصی برای پیش‌بینی پاسخ گیاه به شرایط محیطی و مدیریتی مختلف مورد استفاده قرار گیرند. همبستگی‌های مثبت مشاهده شده بین محتوای کل قند محلول، فنول و فلاوونوئیدها در کینوا، نشان‌دهنده یک رابطه پیچیده و

محاسبه ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه (شکل ۳) نشان‌دهنده همبستگی مثبت و معنی‌دار بین صفات محتوای قند محلول کل با فنل کل ($0/60^{**}$) و بین صفات محتوای فنل کل با فلاوونوئید کل ($0/60^{**}$) است. همبستگی مثبت بین محتوای قند محلول کل و فنل کل به معنای این است که افزایش یکی از این صفات، ممکن است با افزایش یا کاهش دیگری همراه باشد. این مسئله می‌تواند ناشی از مسیرهای بیوشیمیایی مشترک یا تنظیمات ژنتیکی مشابه باشد که این صفات را کنترل می‌کنند. به طور مشابه، همبستگی مثبت بین فنل کل و فلاوونوئید کل نشان می‌دهد که این دو صفت نیز می‌توانند تحت تأثیر عوامل مشابه قرار گیرند و تغییر در یکی ممکن است به تغییر مشابه در دیگری منجر شود. این نتایج از دیدگاه کشاورزی و به‌نژادی اهمیت زیادی دارند.

این روابط متمرکز هستند، می‌توانند دیدگاه‌های عمیق‌تری در مورد چگونگی مدیریت بهتر این ترکیبات فیتوشیمیایی برای حداکثر کردن فواید سلامتی در مصرف کینوا ارائه دهند (Cao et al., 2024).

وابسته متقابل بین این ترکیبات فیتوشیمیایی کلیدی است. این اطلاعات می‌تواند برای بهینه‌سازی شیوه‌های کشت کینوا و راهبردهای پرورشی که هدف آن‌ها ارتقای کیفیت تغذیه‌ای دانه‌های کینوا است، مفید باشد. مطالعات آینده که بر مکانیزم‌های بیوشیمیایی و ژنتیکی حاکم بر



شکل ۳- همبستگی بین صفات مورد بررسی در بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا

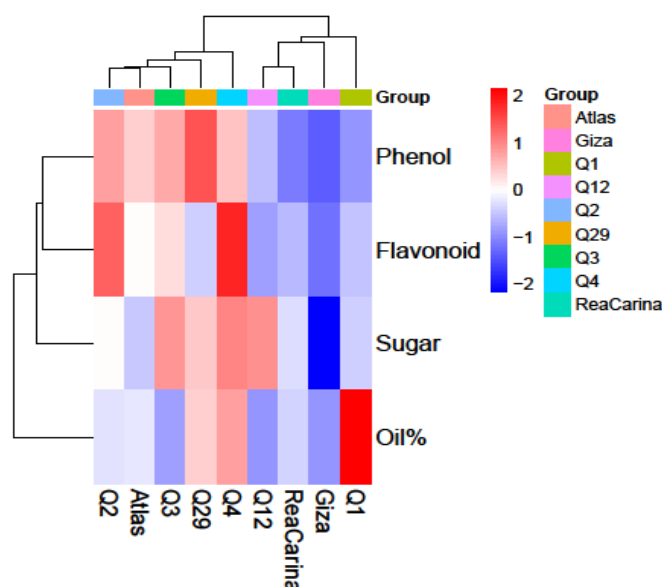
Figure 3- Correlation among the investigated traits in different quinoa cultivars and ecotypes

های مختلف گیاهان، از جمله کینوا، کاربرد دارد. در این مطالعه، نقشه حرارتی به‌طور موثری اکوتیپ‌ها و ارقام مختلف کینوا را بر اساس صفات محتوای فنل کل، فلاونوئید کل و قند محلول کل دسته‌بندی کرده است. این آنالیز (شکل ۴) نشان داد که اکوتیپ‌ها و ارقام در دو

در مطالعات کشاورزی و ژنتیکی، آنالیز نقشه حرارتی به- عنوان ابزاری مؤثر برای تجزیه و تحلیل داده‌های پیچیده و شناسایی الگوهای همبستگی بین صفات مختلف گیاهان مورد استفاده قرار می‌گیرد. این روش به‌ویژه در دسته- بندی و ارزیابی تنوع ژنتیکی و متابولیکی ارقام و اکوتیپ-

گروه مجزا قرار گرفتند. گروه اول شامل اکوتیپ‌ها و ارقامی مانند Q1، Red Carina، Giza1 و Q12 بود که همگی دارای کمترین مقادیر از نظر فنل کل، فلاوونوئید کل و محتوای قند محلول کل بودند. در مقابل، گروه دوم شامل اکوتیپ‌ها و ارقامی مانند Q2، Q3، Q29، Q4 و Atlas بود که بیشترین مقادیر این صفات را داشتند. این تمایز واضح بین دو گروه نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی و متابولیکی قابل توجهی در بین اکوتیپ‌ها و ارقام مورد بررسی است. مطالعه‌ای دیگر با استفاده از آنالیز نقشه حرارتی، همبستگی بین صفات مورفولوژیک و وزن سنبله در ژنوتیپ‌های گندم نان را بررسی کرده و نشان داد که نقشه حرارتی می‌تواند به‌عنوان ابزاری مؤثر برای شناسایی روابط بین صفات مختلف و کمک به انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در برنامه‌های اصلاح نباتات مورد استفاده قرار گیرد (Majidi-Mehr et al., 2023). همچنین، در مطالعه‌ای دیگر، از آنالیز نقشه حرارتی برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط بر پایداری عملکرد دانه در لاین‌های امیدبخش کنگد استفاده شده و نتایج نشان داد که این روش می‌تواند به‌عنوان ابزاری مؤثر برای ارزیابی پایداری صفات مختلف در شرایط محیطی متفاوت به‌کار رود (Zeinalzadeh-Tabrizi et al., 2021).

استفاده از نقشه حرارتی برای تجزیه و تحلیل این صفات، انتخاب سریع و دقیق اکوتیپ‌ها و ارقام مناسب برای اهداف خاص به‌نژادی و بهبود محصول را ممکن می‌سازد. به عنوان مثال، اگر هدف افزایش محتوای قند محلول کل، فنل کل یا فلاوونوئید کل باشد، گروه دوم که دارای بالاترین مقادیر این صفات است، می‌تواند منبع مناسبی برای انتخاب و توسعه ارقام جدید باشد. از سوی دیگر، اگر هدف انتخاب رقم یا اکوتیپی با درصد پایین‌تر از این ترکیبات باشد، می‌توان از گروه اول که دارای مقادیر کمتر این صفات هستند استفاده کرد. نقشه حرارتی با تجسم شدت رنگ مرتبط با مقادیر صفات، به محققان این امکان را می‌دهد که به سرعت و با دقت اکوتیپ‌ها و ارقامی را که مناسب‌ترین ویژگی‌ها را دارند، شناسایی کنند. آنالیز نقشه حرارتی نه تنها به‌عنوان ابزاری برای شناسایی و گروه‌بندی ارقام و اکوتیپ‌ها بر اساس صفات مهم کشاورزی عمل می‌کند، بلکه فرآیند انتخاب و توسعه ارقام مناسب را نیز تسهیل می‌کند و می‌تواند به‌عنوان راهنمایی برای بهبود کیفیت و عملکرد محصول در برنامه‌های به‌نژادی استفاده شود.

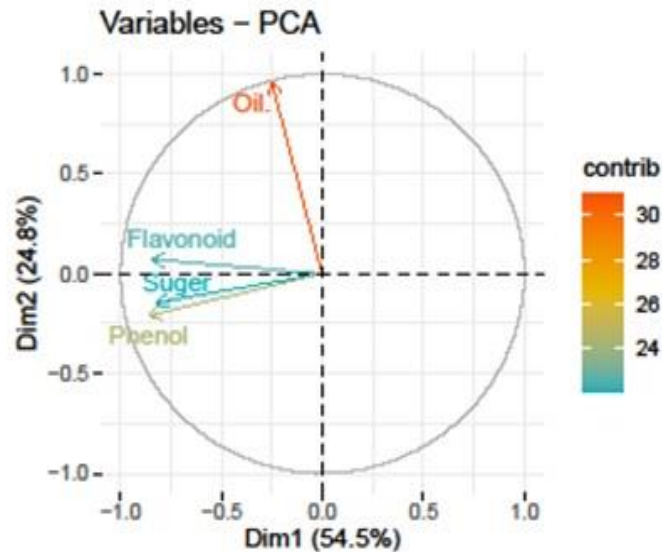


شکل ۴- آنالیز نقشه حرارتی اکوتیپ‌ها و ارقام کینوا براساس صفات مورد مطالعه

Figure 4- Heat map analysis of quinoa ecotypes and cultivars based on the studied traits

محیطی و همچنین در بیان ویژگی‌های ژنتیکی‌شان نشان می‌دهد. بنابراین، استفاده از این صفات می‌تواند درک بهتری از رفتار بیوشیمیایی گیاهان کینوا ارائه دهد و در برنامه‌های اصلاحی و به‌نژادی نیز بسیار مؤثر باشد. با تمرکز بر این صفات می‌توان به انتخاب ژنوتیپ‌هایی پرداخت که از نظر محتوای قند محلول، فنل کل و فلاوونوئید کل دارای ویژگی‌های برتر هستند. این امر می‌تواند به توسعه ارقام جدید و بهبود یافته‌ای منجر شود که از نظر ویژگی‌های کیفی و کمی برجسته‌تر باشند. به طور کلی، نتایج این تجزیه مولفه‌های اصلی نه تنها به تشخیص صفات مهم در تنوع ژنتیکی کینوا کمک می‌کند، بلکه به کاربرد آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی آینده نیز جهت می‌دهد (Arguello-Hernández et al., 2024).

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (شکل ۵) نشان داد که دو مؤلفه اول ۷۹/۳ درصد از تغییرات و تنوع موجود را توجیه می‌کنند. این موضوع نشان می‌دهد که بخش عمده‌ای از تنوع مشاهده شده در ارقام و اکوتیپ‌های کینوا توسط این دو مولفه کنترل می‌شود. بر این اساس مشخص شده است که صفات محتوای قند محلول کل، فنل کل و فلاوونوئید کل از اهمیت بیشتری در این بررسی برخوردار بودند؛ به طوری که این صفات دارای بیشترین سهم در توضیح تنوع و اثر معنی‌دار در این بررسی بودند. همچنین این صفات از نظر بیوشیمیایی به‌طور قابل توجهی بر تفاوت‌های مشاهده شده بین اکوتیپ‌ها و ارقام کینوا تأثیرگذار بودند و نقش کلیدی در تبیین تنوع ژنتیکی دارند. این نتایج اهمیت ویژه این صفات را در پاسخ گیاهان کینوا به شرایط

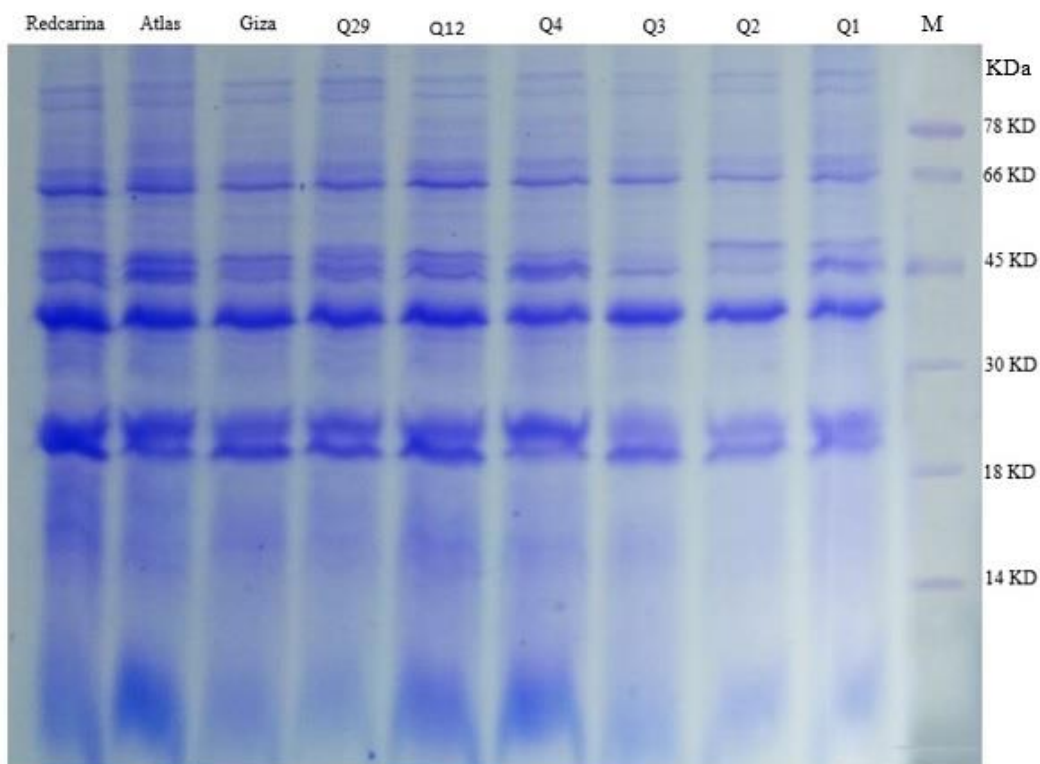


شکل ۵- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای صفات مختلف کینوا
Figure 5- Principal component analysis for various traits of quinoa

۱۱۵ تعلق دارند که به عنوان لگومین شناخته می‌شوند. این دسته از پروتئین‌ها به دلیل ویژگی‌های تغذیه‌ای و عملکردی‌شان، از اهمیت زیادی برخوردار هستند. یکی از نتایج قابل توجه این تحقیق، مشاهده یک باند پروتئینی تک در همه ارقام و اکوتیپ‌ها با وزن مولکولی حدود ۴۰ کیلو دالتون بود که تقریباً ۱۱ درصد از باندها را تشکیل می‌داد. این باند می‌تواند به‌عنوان یک نشانگر ژنتیکی ثابت در کینوا مورد استفاده قرار گیرد. از سوی دیگر، باقی باند-های پروتئینی به صورت پلی‌مورفیسم بودند که حدود ۸۵ درصد از کل باندها را تشکیل می‌دادند. این تنوع در باند-های پروتئینی نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی و احتمالاً تنوع در محتوای پروتئینی بین ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا است. این پلی‌مورفیسم می‌تواند به‌عنوان معیاری برای انتخاب و بهبود ارقام مورد استفاده در برنامه‌های اصلاحی و به‌نژادی به‌کار رود. در مجموع، این

نتایج الگوی الکتروفورزی SDS-PAGE پروتئین‌های ذخیره‌ای بذر کینوا (شکل ۶) نشان داد که در همه ژنوتیپ‌های مورد بررسی، هفت باند پروتئینی با وزن مولکولی بین ۲۰ تا ۷۰ کیلو دالتون مشاهده شد. این یافته‌ها نشان‌دهنده تنوع پروتئینی در بذرهای کینوا است و اهمیت این پروتئین‌ها در فرآیند رشد و توسعه گیاهچه پس از جوانه‌زنی را برجسته می‌کند. این پروتئین‌ها برای رشد و توسعه گیاهچه پس از جوانه‌زنی ضروری هستند، زیرا منبعی از نیتروژن و اسیدهای آمینه فراهم می‌کنند. پروتئین‌های ذخیره‌ای غالب در بذرهای کینوا، گلوبولین‌ها و آلبومین‌ها هستند که گلوبولین‌ها فراوان‌ترین نوع آن‌ها محسوب می‌شوند. این پروتئین‌ها با فراهم کردن نیتروژن و اسیدهای آمینه، نقشی حیاتی در تغذیه و رشد اولیه گیاهچه دارند. بر اساس اندازه باندهای پروتئینی مشاهده شده در این مطالعه، این پروتئین‌ها به گروه گلوبولین‌های

مطالعه با تحلیل الگوی الکتروفورزی پروتئین‌های ذخیره- ارقام جدید کینوا فراهم می‌کند (Mortada *et al.*, 2023; Rasekhi Kazerouni *et al.*, 2021).
ای بذر کینوا، به شناسایی و درک بهتر تنوع پروتئینی کمک کرده و اطلاعات ارزشمندی برای بهبود و توسعه



شکل ۶- الگوی الکتروفورزی SDS-PAGE پروتئین‌های ذخیره بذر ارقام و اکوتیپ‌های مختلف کینوا. چاهک ۱:

نشان‌گر مولکولی چاهک ۲: اکوتیپ Q1، چاهک ۳: اکوتیپ Q2، چاهک ۴: اکوتیپ Q3، چاهک ۵: اکوتیپ Q4،

چاهک ۶: اکوتیپ Q12، چاهک ۷: اکوتیپ Q29، چاهک ۸: رقم Giza، چاهک ۹: رقم Atlas، چاهک ۱۰: رقم Red

Carina.

Figure 6- SDS-PAGE electrophoresis pattern of storage seed proteins from different quinoa cultivars and ecotypes. Well 1: Molecular marker, Well 2: Ecotype Q1, Well 3: Ecotype Q2, Well 4: Ecotype Q3, Well 5: Ecotype Q4, Well 6: Ecotype Q12, Well 7: Ecotype Q29, Well 8: Cultivar Giza, Well 9: Cultivar Atlas, Well 10: Cultivar Red Carina.

تکنیک‌های مولکولی و بیوشیمیایی می‌تواند به شناخت بهتر ساختار پروتئین‌ها و نقش آن‌ها در تنظیم خصوصیات متابولیکی در کینوا منجر شود.

نتیجه‌گیری

تجزیه واریانس نشان داد که اختلاف‌های معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی وجود دارد، که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالا است. همچنین مقایسه‌ی میانگین‌ها نشان داد که اکوتیپ Q1 بالاترین میزان محتوای روغن را داشته، در حالی که Q12 و Giza1 کمترین مقدار را دارا بودند. تحلیل نقشه‌ی حرارتی نشان داد که اکوتیپ‌ها و ارقام در دو گروه متمایز از نظر فنل کل، فلاوونوئید کل و قند محلول کل قرار گرفتند. همچنین، نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو مؤلفه‌ی اول ۷۹/۳ درصد از تغییرات موجود را توجیه می‌کنند و صفات بیوشیمیایی همچون قند محلول کل، فنل کل و فلاوونوئید کل نقش مهمی در توضیح این تنوع ایفا می‌کنند. علاوه بر این، شناسایی یک باند پروتئینی ۴۰ کیلو دالتونی در تمامی ارقام و اکوتیپ‌ها به عنوان یک نشانگر ژنتیکی ثابت پیشنهاد می‌شود. این یافته‌ها می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی و به‌نژادی کینوا مورد استفاده قرار گیرند.

مطالعات انجام‌شده نشان می‌دهند که استفاده از تکنیک SDS-PAGE به‌عنوان ابزاری مؤثر برای بررسی ساختار پروتئینی کینوا، قادر است تفاوت‌های ژنتیکی میان ارقام و اکوتیپ‌های مختلف این گیاه را آشکار سازد. این روش می‌تواند به شناسایی نشانگرهای پروتئینی مرتبط با ویژگی‌های بیوشیمیایی و محتوای روغن در کینوا کمک کند. با توجه به اهمیت پروتئین‌ها و نقش آن‌ها در تنظیم فرایندهای متابولیکی، بررسی دقیق ساختار آن‌ها می‌تواند اطلاعات ارزشمندی در مورد عملکرد ژنتیکی و متابولیکی این گیاه ارائه دهد. مطالعات اولیه نشان داده‌اند که وجود باندهای پروتئینی خاص می‌تواند به‌عنوان شاخص‌هایی برای محتوای روغن بالا و کیفیت تغذیه‌ای برتر در نظر گرفته شود. با این حال، تحقیقات بیشتری برای روشن ساختن روابط دقیق بین ساختار پروتئین‌ها و ویژگی‌های متابولیکی، از جمله ترکیبات چربی و اسیدهای آمینه ضروری، مورد نیاز است. چنین پژوهش‌هایی می‌توانند به توسعه ارقام بهبود یافته کینوا با محتوای روغن بالا و کیفیت تغذیه‌ای مطلوب کمک کنند. این اطلاعات همچنین برای برنامه‌های اصلاح نباتات و انتخاب ارقام برتر از نظر ارزش غذایی بسیار مفید خواهند بود. در نهایت، استفاده از روش SDS-PAGE در کنار سایر

References

- Abd El-Moneim, D., ELSarag, E. I., Aloufi, S., El-Azraq, A. M., ALshamrani, S. M., Safhi, F. A. A., & Ibrahim, A. A. 2021. Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.): genetic diversity according to ISSR and SCoT markers, relative gene expression, and morpho-physiological variation under salinity stress. *Plants*, 10(12), 2802.

- Angeli, V., Miguel Silva, P., Crispim Massuela, D., Khan, M.W., Hamar, A., Khajehei, F., Graeff-Höninger, S., & Piatti, C. 2020. Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.): An overview of the potentials of the “golden grain” and socio-economic and environmental aspects of its cultivation and marketization. *Foods*, 9(2), <https://doi.org/10.3390/foods9020216>
- Arguello-Hernández, P., Samaniego, I., Leguizamo, A., Bernalte-García, M.J., & Ayuso-Yuste, M.C. 2024. Nutritional and Functional Properties of Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) Chimborazo Ecotype: Insights into Chemical Composition. *Agriculture*, 14(3), 396. <https://doi.org/10.3390/agriculture14030396>
- Bhardwaj, R., Yadav, R., Vishwakarma, H., Sharma, K., Chandora, R., Rana, J. C., & Riar, A. 2023. Agro-morphological and nutritional assessment of chenopod and quinoa germplasm—Highly adaptable potential crops. *Food Science & Nutrition*, 11(9), 5446-5459. <https://doi.org/10.1002/fsn3.3502>
- Bradford, M.M. 1976. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Analytical Biochemistry*, 72(1-2), 248-254. [https://doi.org/10.1016/0003-2697\(76\)90527-3](https://doi.org/10.1016/0003-2697(76)90527-3)
- Brinegar, C., Sine, B., & Nwokocha, L. 1996. High-cysteine 2S seed storage proteins from quinoa (*Chenopodium quinoa*). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 44(7), 1621-1623. <https://doi.org/10.1021/jf950830+>
- Burrieza, H.P., Rizzo, A.J., Vale, E.M., Silveira, V., & Maldonado, S., 2019. Shotgun proteomic analysis of quinoa seeds reveals novel lysine-rich seed storage globulins. *Food Chemistry*, (293), 299-306. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.04.098>
- Cao, B., Bao, C., Zhu, Z., Gong, Y., Wei, J., Shen, Z., & Su, N. 2024. Comparative evaluation of chemical composition and nutritional characteristics in various quinoa sprout varieties: The superiority of 24-hour germination. *Foods*, 13(16), 2513. <https://doi.org/10.3390/foods13162513>
- Chang, C.C., Yang, M.H., Wen, H.M., & Chern, J.C. 2002. Estimation of total flavonoid content in propolis by two complementary colorimetric methods. *Journal of Food and Drug Analysis*, 10(3), 3. <https://doi.org/10.38212/2224-6614.2748>
- Deprá, M.C., Dias, R.R., Sartori, R.B., de Menezes, C.R., Zepka, L.Q., & Jacob-Lopes, E. 2022. Nexus on animal proteins and the climate change: The plant-based proteins are part of the solution? *Food and Bioproducts Processing*, (133), 19-131. <https://doi.org/10.1016/j.fbp.2022.03.006>
- Dostalíková, L., Hlásná Čepková, P., Janovská, D., Svoboda, P., Jágr, M., Dvořáček, V., & Viehmannová, I. 2023. Nutritional evaluation of quinoa genetic resources growing in the climatic conditions of central Europe. *Foods*, 12(7), 1440. [10.3390/foods12071440](https://doi.org/10.3390/foods12071440)
- El-Harty, E. H., Ghazy, A., Alateeq, T. K., Al-Faifi, S. A., Khan, M. A., Afzal, M., & Migdadi, H. M. 2021. Morphological and molecular characterization of quinoa genotypes. *Agriculture*, 11(4), 286.
- Ghobadi, M. & Norouzi, Y. 2024. Investigation the effects of planting dates on agro-physiological characteristics of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) as a second crop in the climatic conditions of Kermanshah. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 3(1), 74-94. <https://doi.org/10.22126/cbb.2024.10354.1067>. (In Persian)
- Granado-Rodríguez, S., Vilariño-Rodríguez, S., Maestro-Gaitán, I., Matías, J., Rodríguez, M. J., Calvo, P., Cruz, V., Bolaños, L., & Reguera, M. 2021. Genotype-dependent variation of nutritional quality-related traits in quinoa seeds. *Plants*, 10(10), 2128.

- Hlásná Cepková, P., Dostálíková, L., Viehmannová, I., Jágr, M., & Janovská, D. 2022. Diversity of quinoa genetic resources for sustainable production: A survey on nutritive characteristics as influenced by environmental conditions. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 6,960159. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2022.960159>
- Laemmli, U.K. 1970. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*, 227(5259), 680-685.
- Liu, S., Xie, Y., Li, B., Li, S., Yu, W., Ye, A. & Guo, Q. 2023. Structural properties of quinoa protein isolate: impact of neutral to high alkaline extraction pH. *Foods*, 12(13), 2589. <https://doi.org/10.3390/foods12132589>
- Majidi-Mehr, A., Pahlavani, M., Zaynali-Nezhad, K., Karimizadeh, R., & Börner, A. (2023). Studying the population structure of spring wheat genotypes and analysis of marker-trait association under water deficit conditions. *Journal of Crop Breeding*, 15(48), 164-177. (In-Persian).
- Matías, J., Rodríguez, M. J., Granado-Rodríguez, S., Cruz, V., Calvo, P., & Reguera, M. 2022. Changes in quinoa seed fatty acid profile under heat stress field conditions. *Frontiers in Nutrition*, 9, 820010. <https://doi.org/10.3389/fnut.2022.820010>.
- Najafinezhad, H., Koohi, N., & Darvishi, D. 2022. Evaluation of grain yield and quality of quinoa cultivars as affected by planting date and plant density in Jupar region of Kerman. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(1), 113-129. (In-Persian).
- Pandjaitan, N., Howard, L.R., Morelock, T., & Gil, M.I., 2005. Antioxidant capacity and phenolic content of spinach as affected by genetics and maturation. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 53(22), 8618-8623. <https://doi.org/10.1021/jf052077i>.
- Mortada, K.S., Ahmed, K.Z., Gehan, M.A., Abdelkader, E., & Ragab, R. A. 2023. SRAP and ISSR genetic markers and seed protein electrophoresis of some quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) genotypes. *Journal of Modern Research*, 5(2),24-30. [10.21608/jmr.2023.175868.1097](https://doi.org/10.21608/jmr.2023.175868.1097).
- Rahimi, E., & Bagheri, M. 2020. Chemical, antioxidant, total phenolic and flavonoid components and antimicrobial effects of different species of quinoa seeds. *Egyptian Journal of Veterinary Sciences*, 51(1), 43-54. <https://doi.org/10.21608/ejvs.2019.17122.1098>.
- Rasekhi Kazeruni, A., Zamani, M.R., Heidaryan Naeini, F., Rasekhi Kazeruni, A., Mansoorian, A.R., and & Salami, S. 2021. Evaluation of molecular and biochemical properties in quinoa varieties. *Cellular and Molecular Research (Iranian Journal of Biology)*, 34(3),299-312. [20.1001.1.23832738.1400.34.3.7.8](https://doi.org/10.1001.1.23832738.1400.34.3.7.8)
- Reguera, M., Conesa, C.M., Gil-Gómez, A., Haros, C.M., Pérez-Casas, M.Á., Briones-Labarca, V., Bolaños, L., Bonilla, I., Álvarez,
- R., Pinto, K., & Mujica, Á. 2018. The impact of different agroecological conditions on the nutritional composition of quinoa seeds. *PeerJ*, 6, e4442. <https://doi.org/10.7717/peerj.4442>.
- Saad-Allah, K.M., & Youssef, M.S. 2018. Phytochemical and genetic characterization of five quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) genotypes introduced to Egypt. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 24(4), 617-629. <https://doi.org/10.1007/s12298-018-0541-4>.
- Sheligl, H.Q. 1986. Die verwertung orgngischer souren durch chlorella lincht. *Planta Journal*, 47, 510-526. <https://doi.org/10.1007/BF01935418>.
- Stikic, R., Glamoclija, D., Demin, M., Vucelic-Radovic, B., Jovanovic, Z., Milojkovic-Opсениca, D., Jacobsen, S.E., & Milovanovic, M. 2012. Agronomical and nutritional evaluation of quinoa seeds (*Chenopodium quinoa* Willd.) as an ingredient in bread

- formulations. Journal of Cereal Science, 55(2), 132-138. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2011.10.010>
- Tabatabaei, I., Alseekh, S., Shahid, M., Leniak, E., Wagner, M., Mahmoudi, H., & Balazadeh, S. 2022. The diversity of quinoa morphological traits and seed metabolic composition. Scientific Data, 9(1), 323. <https://doi.org/10.1038/s41597-022-01399-y>.
- Tarahi, M., & Ahmed, J. 2023. Recent advances in legume protein-based colloidal systems. Legume Science, 5(4), e185. <https://doi.org/10.1002/leg3.185>.
- Van de Vondel, J., Lambrecht, M.A., & Delcour, J.A., 2020. Osborne extractability and chromatographic separation of protein from quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) wholemeal. Lwt- Food Science and Technology, 126, 109321. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2020.109321>.
- Vilcacundo, R., Barrio, D., Carpio, C., García-Ruiz, A., Rúaless, J., Hernández-Ledesma, B., & Carrillo, W. 2017. Digestibility of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) protein concentrate and its potential to inhibit lipid peroxidation in the Zebrafish larvae model. Plant Foods for Human Nutrition, 72(3), 294-300. <https://doi.org/10.1007/s11130-017-0626-1>.
- Wang, X., Zhao, R., & Yuan, W. 2020. Composition and secondary structure of proteins isolated from six different quinoa varieties from China. Journal of Cereal Science, 95, 103036. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2020.103036>.
- Xi, X., Fan, G., Xue, H., Peng, S., Huang, W., & Zhan, J. 2024. Harnessing the potential of quinoa: Nutritional profiling, bioactive components, and implications for health promotion. Antioxidants, 13(7), 829. <https://doi.org/10.3390/antiox13070829>.
- Zeinalzadeh-Tabrizi, H., Mansouri, S., & Fallah-Toosi, A. 2021. Evaluation of seed yield stability of promising sesame lines using different parametric and nonparametric methods. Plant Genetic Researches, 8(1), 43-60. (In Persian).