Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 18, Issue 3, 2026 p: 186-196 OPEN ACCESS

Research Paper

Identification of Genomic Regions Related to Salt Stress Tolerance Using a Genome-Wide Association Study in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.)

Mitra Shahidi-Zandi[1], Ghasem Mohammadi-Nejad[2], Somayeh Sardouei-Nasab[3], Maryam Dorrani-Nejad[4], Shokoofeh Khandani[5] and Malihe Rahimi-Sadegh[6]

1- M.Sc. in Genetics and Plant Breeding, Department of Plant Production and Genetics, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman
2- Professor of Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran, (Corresponding author: mohammadinejad@uk.ac.ir)
3- Assistant Professor of Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
4- Ph.D. in Genetics and Plant Breeding, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
5- Ph.D. in Genetics and Plant Breeding, Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
6- M.Sc. in Genetics and Plant Breeding, Department of Plant Production and Genetics, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran

Received: 30 January, 2026 Revised: 05 June, 2026 Accepted: 15 June, 2026

Extended Abstract

Background: The ever-increasing growth of the world's population and the location of many parts of wheat cultivation areas in adverse and harsh climates have increased the need to improve production and cultivate high-yielding, resistant cultivars. Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the most important crops in the world and in Iran. It serves as the primary source of carbohydrates for approximately half of the global population and is cultivated in many countries. Around 20% of irrigated lands in dry and semi-dry regions of the world face salinity problems, which are worsening due to climate change and reduced precipitation. In Iran, approximately 24 million hectares of land are affected by varying degrees of salinity. Salt stress reduces vegetative and reproductive growth, which decreases wheat yield. Developing and improving salt-tolerant wheat varieties for different climatic regions of the country are the main solution to overcome the issue of salinity and prevent yield losses and significant damage to farmers in affected areas. Identifying chromosomal regions related to agronomic traits under salt stress is crucial for improving salt tolerance in wheat. In this context, research utilizing molecular markers to precisely identify the mechanisms involved in salt tolerance in crops is of great importance. This study aimed to assess the population structure and identify genomic regions controlling agronomic and morpho-physiological traits under salt stress using 17,093 SNP markers and 274 wheat genotypes.

Methods: In total, 268 international bread wheat genotypes, obtained from the Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) in Germany, along with six control varieties (both salt-tolerant and salt-sensitive), including Tritipyrum, Superhead, Kavir, Sabalan, Karchia, and Gaspard, were evaluated during the 2020-2021 growing season in an augmented design with three blocks at the research farm of the Plant Production Technology Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman. To apply salt stress, irrigation with saline water began at the tillering stage with a salinity level of 8 dS/m. It was progressively increased by 1 dS/m with each irrigation cycle until it reached 12 dS/m, continuing until the physiological maturity of the plants. Physiological traits measured included carbon dioxide, stomatal conductance, and photosynthesis rate (measured using a photosynthesis meter: ADC Bio Scientific Limited, UK). Measured morphological and agronomic traits were days to heading, days to maturity, flag leaf width, plant height, the number of the fertile spike, grain weight per plant, the number of grains per plant, the number of grains per unit area, thousand-grain weight, biological yield, and grain yield during the entire growth period. Genotyping was performed using a 9K single nucleotide polymorphism (SNP) array at TraitGenetics GmbH, Germany. SNP markers were filtered based on an allele frequency threshold of 0.01 and a missing genotype rate higher than 0.05 to reduce the likelihood of false positives. Population structure analysis and precise categorization of the

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

Copyright ©2026. Shahidi Zandi et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License, which allows users to read, copy, distribute, and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

genotypes into appropriate subpopulations were carried out using the LEA package in R. The optimal number of subpopulations (K) was determined to be 5, after testing a range of 1 to 10. Marker-trait association (MTAs) analysis between the phenotypic data and SNP markers was performed using the TASSEL software and the General Linear Model (GLM) method. The significance threshold was determined by utilizing Ji and Li's method, where the error rate was calculated based on the formula for effective independent tests (n). A logarithm of odds (LOD) score of 3.6 was used as the significance threshold. A total of 17,093 SNP markers were used for population structure analysis and the comprehensive genome-wide association study (GWAS).
Results: The number of subpopulations (K) was tested from 1 to 10, with an optimal K value of 5 determined for this dataset. According to the GWAS results, a total of 104 marker-trait associations (MTAs) were identified for various traits. The number of MTAs identified in the D genome was much lower than in the A and B genomes. Specifically, the A genome contained 39 MTAs, the B genome contained 49 MTAs, and the D genome contained only 16 MTAs. This discrepancy is likely due to relatively low genetic diversity and limited gene flow in the D genome. Among the traits studied, the number of days to spike emergence showed the highest number of MTAs, with 21 MTAs identified. In contrast, traits such as photosynthesis rate,
carbon dioxide, and flag leaf width were each found to have only one MTA, the lowest number of MTAs among all the traits studied. The markers Jagger_c4412_265, BobWhite_c5694_120, and BS00088733_51 were associated with more than one phenotypic trait, suggesting the potential presence of pleiotropic effects or linkage between loci controlling multiple traits. These markers can be used to simultaneously improve several traits and thus enhance wheat performance under salt stress conditions.
Conclusions: The significant loci and SNP markers identified in this study can be utilized for the pyramiding of favorable alleles and the development of high-yielding cultivars. The results demonstrate that both the GWAS approach and the use of high-density genetic markers are reliable tools for identifying genomic regions associated with important agronomic traits and provide valuable insights into the genetic architecture of these traits.

Keywords: Bread wheat, Genome-wide study, Salinity stress, SNP markers

How to Cite This Article: Shahidi-Zandi, M., Mohammadi-Nejad, Gh., Sardouei-Nasab, S., Dorrani-Nejad, M., Khandani, Sh., & Rahimi-Sadegh, M. (2026). Identification of Genomic Regions Related to Salt Stress Tolerance Using a Genome-Wide Association Study in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). *J Crop Breed*, 18(3), 186-196. DOI: 10.66224/jcb.2026.1584

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با تحمل به تنش شوری با استفاده از پویش جامع ژنومی در گندم نان (*Triticum aestivum* L.)

میترا شهیدی زندی[۱]، قاسم محمدی‌نژاد[۲]، سمیه ساردویی نسب[۳]، مریم درانی‌نژاد[۴]، شکوفه خاندانی[۵] و ملیحه رحیمی صادق[۶]

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران
۲- استاد ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، پژوهشگاه افضلی پور، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران، (نویسنده مسوول: mohammadinejad@uk.ac.ir)
۳- استادیار ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، پژوهشگاه افضلی پور، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران
۴- دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه ژنتیک و به‌نژادی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران
۵- دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی، پژوهشگاه افضلی پور، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران
۶- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۱۱/۱۰ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۵/۰۳/۱۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۳/۲۵
صفحه ۱۸۶ تا ۱۹۶

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: رشد روزافزون جمعیت جهان و قرار داشتن بخش‌های زیادی از نواحی کشت گندم در اقلیم‌های نامساعد و پرتنش، لزوم بهبود تولید و کشت ارقام پرمحصول مقاوم را بیشتر کرده‌اند. گندم نان (*Triticum aestivum* L.) از مهم‌ترین گیاهان زراعی در جهان و ایران است، به‌عنوان مهم‌ترین منبع تأمین کربوهیدرات انسان غذای حدود نیمی از مردم دنیا را تشکیل می‌دهد و در اغلب کشورهای جهان کشت می‌شود. حدود ۲۰ درصد از اراضی تحت آبیاری در مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان با مشکل شوری مواجه هستند که بر اثر تغییرات آب و هوایی و کاهش نزولات آسمانی شوری در این مناطق در حال گسترش است. در کشور ایران حدود ۲۴ میلیون هکتار از اراضی با درجات مختلفی تحت تاثیر شوری قرار دارند. تنش شوری باعث کاهش رشد رویشی و زایشی و در نتیجه عملکرد گندم می‌گردد. تولید و اصلاح ارقام متحمل به شوری گندم در اقلیم‌های مختلف کشور، راهکار اصلی برای غلبه بر مشکل شوری و جلوگیری از کاهش عملکرد و خسارات هنگفت کشاورزان در مناطق متأثر از شوری هستند. شناسایی مناطق کروموزومی مرتبط با صفات زراعی تحت تنش شوری برای بهبود تحمل به شوری در گندم بسیار مهم است. در همین راستا، انجام تحقیقات با بهره‌گیری از تکنولوژی نشانگرهای مولکولی جهت شناسایی دقیق مکانیسم‌های دخیل در تحمل به شوری در گیاهان زراعی با هدف یافتن مکان‌های ژنی مؤثر و ژن‌های کاندید برای شوری، از اهمیت به‌سزایی برخوردار است. پژوهش حاضر با هدف تعیین ساختار جمعیت و شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات زراعی و مورفوفیزیولوژیک در شرایط تنش شوری با استفاده از ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP و ۲۷۴ ژنوتیپ گندم نان انجام شد.

مواد و روش‌ها: تعداد ۲۶۸ رقم بین‌المللی گندم نان، تهیه شده از موسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی (IPK) آلمان، به‌همراه شش رقم شاهد متشکل از ارقام متحمل و حساس به شوری، شامل تریتی‌پایروم، سوپرهد،کویر، سبلان، کارچیا و گاسپارد، در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ در قالب طرح آگمنت با سه بلوک در مزرعه تحقیقاتی پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی واقع در دانشگاه شهید باهنر کرمان مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای اعمال تنش شوری، آبیاری با آب شور از مرحله پنجه‌روی با شوری ۸ دسی زیمنس آغاز شد و در هر مرحله آبیاری با افزایش یک واحد شوری با شوری ۱۲ دسی زیمنس تا پایان رسیدن فیزیولوژی ادامه یافت. صفات فیزیولوژیک شامل، کربن دی اکسید، هدایت روزنه‌ای، و سرعت فتوسنتز با استفاده از دستگاه فتوسنتزمتر (ADC Bio Scientific Limited,UK) و صفات موروفولوژیک و زراعی، شامل روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی، عرض برگ پرچم، ارتفاع بوته، تعداد سنبله بارور، وزن دانه در بوته، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در واحد سطح، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک، و عملکرد دانه در طول دوره رشد اندازه‌گیری شدند. ژنوتیپ‌یابی با استفاده از آرایه چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP) با تراکم 90K در شرکت TraitGenetic کشور آلمان انجام شد. برای کاهش خطاهای مثبت، نشانگرهای SNP بر اساس فراوانی آللی کمتر از ۰/۰۱ و ژنوتیپ‌های گمشده بیش از ۰/۰۵ فیلتر شدند. تجزیه ساختار جمعیت و دسته‌بندی دقیق نمونه‌ها به زیرجمعیت‌های مناسب، با استفاده از بسته نرم‌افزاری LEA در محیط R صورت گرفت. تعداد بهینه زیرجمعیت‌ها (K) در بازه ۱ تا ۱۰ بررسی شد و مقدار بهینه K = 5 تعیین گردید. تجزیه ارتباط نشانگر-صفت بین داده‌های فنوتیپی و نشانگرهای SNP با استفاده از نرم‌افزار TASSEL و روش مدل خطی عمومی (GLM) انجام شد. برای تعیین خط آستانه معنی‌داری از روش ji و Li استفاده شد و در آن میزان خطا محاسبه گردید که در آن، n تعداد آزمون‌های مستقل مؤثر را نشان می‌دهد. در نتیجه، از مقدار LOD برابر با ۳/۶ برای معنی‌داری استفاده شد. از تعداد ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP برای تجزیه ساختار جمعیت و پویش جامع ژنومی (GWAS) استفاده شد.

یافته‌ها: تعداد زیرجمعیت‌ها (K) برای بازه از ۱ تا ۱۰ مورد آزمایش قرار گرفت که منجر به K بهینه (K=۵) برای این مجموعه داده شد. بر اساس نتایج GWAS، تعداد ۱۰۴ ارتباط نشانگر-صفت (MTA) برای صفات مختلف شناسایی شدند. تعداد MTA شناسایی‌شده در ژنوم D بسیار کمتر از ژنوم A و B بود. ژنوم A تعداد ۳۹ MTA، ژنوم B تعداد ۴۹ MTA و ژنوم D تعداد MTA۱۶ را در برداشتند. این امر به‌دلیل تنوع ژنتیکی نسبتاً پایین و جریان ژنی محدود در این ژنوم است. در بین صفات مورد بررسی، صفت روز تا سنبله دهی با تعداد ۲۱ MTA بیشترین تعداد MTA را در بر داشت. در مقابل، سرعت فتوسنتز، کربن دی‌اکسید و عرض برگ پرچم هرکدام با در بر داشتن یک MTA کمترین تعداد ارتباط نشانگر-صفت را داشتند. نشانگرهای Jagger_c4412_265، BobWhite_c5694_120 و BS00088733_51 با بیش از یک صفت فنوتیپی ارتباط داشتند، که بیانگر حضور احتمالی اثرات پلیوتروپیک یا پیوستگی مکان‌های کنترل‌کننده صفات است. از این نشانگرها می‌توان برای بهبود همزمان چند صفت و در نتیجه بهبود عملکرد گندم در شرایط تنش شوری استفاده کرد.

نتیجه‌گیری: جایگاه‌ها و نشانگرهای SNP مهم شناسایی شده در این مطالعه می‌توانند در هرمی‌سازی آلل‌های مطلوب و توسعه ارقام پرمحصول مورد استفاده قرار گیرند. نتایج این پژوهش نشان می‌دهند که هر دو رویکرد پویش جامع ژنومی و استفاده از نشانگرهای ژنتیکی با تراکم بالا ابزارهایی قابل اعتماد برای شناسایی جایگاه‌های ژنی مرتبط با صفات زراعی مهم هستند و بینش‌های ارزشمندی را در مورد معماری ژنتیکی این صفات ارائه می‌دهند.

واژه‌های کلیدی: پویش ژنومی، تنش شوری، گندم نان، نشانگر SNP

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

مقدمه

رشد روز افزون جمعیت جهان و قرار داشتن بخش‌های زیادی از نواحی کشت گندم در اقلیم‌های نامساعد و پرتنش، لزوم بهبود تولید و کشت ارقام پرمحصول مقاوم را بیشتر کرده‌اند. تنش شوری یکی از فاکتورهای محدودکننده رشد و عملکرد گیاهان در مناطق مختلف جهان محسوب می‌شود (Chaves *et al*., 2020). گندم نان (*Triticum aestivum* L.) از مهم‌ترین گیاهان زراعی در جهان و ایران است، به‌عنوان مهم‌ترین منبع تأمین کربوهیدرات انسان، غذای حدود نیمی از مردم دنیا را تشکیل می‌دهد و در اغلب کشورهای جهان کشت می‌شود. حدود ۲۰ درصد از اراضی تحت آبیاری در مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان با مشکل شوری مواجه هستند که بر اثر تغییرات آب و هوایی و کاهش نزولات آسمانی شوری در این مناطق در حال گسترش است (Tammam *et al*., 2008). تنش شوری از مهم‌ترین تنش‌های غیر زیستی است که بر رشد، توسعه، بهره‌وری و کیفیت گونه‌های زراعی، به‌ویژه در مناطق خشک و نیمه‌خشک، تأثیر منفی می‌گذارد (Alotaibi *et al*., 2020). در این مناطق، اغلب مقدار بارندگی به اندازه‌ای نیست که بتواند نمک‌های خاک را بشوید و از دسترس ریشه خارج کند. برآوردها حاکی از این هستند که بیش از ۸۰۰ میلیون هکتار (معادل بیش از ۶ درصد زمین‌های جهان) تحت تاثیر سطوح مختلف شوری هستند (FAO، 2011). در کشور ایران، حدود ۲۴ میلیون هکتار از اراضی با درجات مختلفی تحت تاثیر شوری قرار دارند که در اقلیم‌های مختلف کشور پراکنده شده‌اند (Pazira *et al*., 2017). تولید و اصلاح ارقام متحمل به شوری گندم در اقلیم‌های مختلف کشور، راهکار اصلی برای غلبه بر مشکل شوری و جلوگیری از کاهش عملکرد و خسارات هنگفت کشاورزان در مناطق متأثر از شوری هستند. در این میان، شناخت ویژگی‌های زراعی و فیزیولوژیکی مرتبط با تحمل و فهم و درک بهتر اساس مولکولی فیزیولوژیکی تحمل به تنش شوری در گیاهان، برای بهبود کارایی گزینش، اصلاح و معرفی ارقام جدید متحمل به شوری و توسعه گزینه‌های جدید، ضروری به‌نظر می‌رسند. شناسایی مناطق کروموزومی مرتبط با صفات زراعی تحت تنش شوری برای بهبود تحمل به شوری در گندم بسیار مهم است. در همین راستا، انجام تحقیقات با بهره‌گیری از تکنولوژی نشانگرهای مولکولی جهت شناسایی دقیق مکانیسم‌های دخیل در تحمل به شوری در گیاهان زراعی با هدف یافتن مکان‌های ژنی موثر و ژن‌های کاندید برای شوری، از اهمیت به‌سزایی برخوردار است. کوان و همکاران (Quan *et al*., 2021) با استفاده از آرایه ۶۰K و ۳۱۷ ژنوتیپ گندم، هشت صفت مربوط به تحمل به شوری را در مرحله گیاهچه ای مورد ارزیابی قرار دادند و ۳۷ مکان ژنی کنترل‌کننده تحمل به تنش شوری را با GWAS مشخص کردند. چاآوراسیا و همکاران (Chaurasia *et al*., 2021) با استفاده از آرایه چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP) با تراکم 35K، در مجموع ۲۹۳ MTA برای ۱۴ صفت مورفوفیزیولوژیکی در گندم نان تحت شرایط تنش شوری شناسایی کردند. روی و همکاران (Roy *et al*., 2011) در مطالعه تجزیه ارتباط برای ۱۴ صفت موفولوژیکی گندم نان به‌روش رگرسیون گام‌به‌گام به‌وسیله نشانگرهای SSR، AFLP و SAMPL، ۵۱ نشانگر را که با حداقل یکی از صفات ارتباط داشتند شناسایی کردند. سینگ و همکاران (Singh *et al*., 2002) ۱۶۱ نشانگر SSR با ژن‌های کاندید تحمل به شوری را شناسایی کردند و این نشانگرها را منابع ارزشمند ژنتیکی جهت ارزیابی تحمل به تنش شوری دانستند. آگاهی از تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت برای به‌نژادی گیاهان زراعی بسیار مهم است و ارزیابی تنوع و ژرم‌پلاسم به‌منظور استفاده مؤثر از منابع ژنتیکی در برنامه‌های به‌نژادی ضروری است (Nielsen *et al*., 2014). نشانگرهای SNP برای ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت‌ها بسیار مفید هستند زیرا فراوانی این نوع نشانگر نسبت به نشانگرهای دیگر بسیار زیاد است و ارزیابی افراد جمعیت با این نوع نشانگر به زمان کمتری نیاز دارد. به‌علاوه، به‌دلیل نرخ پایین جهش نسبت به نشانگرهای ریزماهواره، نشانگرهای SNP برای مطالعه و بررسی چگونگی تکامل ژنوم بسیار مفیدتر است (Varshney *et al*., 2007). یکی از کاربردهای این نشانگر، استفاده از آن‌ها در تعیین ساختار جمعیت است که با تعداد نشانگر به‌کار رفته ارتباط مستقیم دارد. از طرفی، قدرت تشخیص هر ۱۰۰ نشانگر SNP برابر با ۱۰–۲۰ نشانگر SSR است (Kalinowski, 2002). شناسایی مداوم SNP و توسعه پلت‌فرم‌های تعیین ژنوتیپ SNP باعث شده‌اند که نشانگرهای SNP مورد توجه روز افزون باشند (Edwards *et al*., 2012). امروزه، آرایه‌های تعیین ژنوتیپ SNP با تراکم بالا، به‌طور گسترده‌ای برای مطالعه الگوی ژنومی تنوع و استنتاج روابط خویشاوندی و شناسایی روابط نشانگر–صفت در ژرم‌پلاسم استفاده می‌شوند (Wang *et al*., 2014).

پژوهش حاضر با هدف تعیین ساختار جمعیت و شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات زراعی و مورفوفیزیولوژیک در شرایط تنش شوری با استفاده از ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP و ۲۷۴ ژنوتیپ گندم نان انجام شد.

مواد و روش‌ها

تعداد ۲۶۸ رقم بین‌المللی گندم نان که از مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی (IPK) آلمان تهیه شده بودند، به‌همراه شش رقم شاهد متشکل از ارقام متحمل و حساس به شوری، شامل تریتی‌پایروم، سوپرهد، کویر، سبلان، کارچیا و گاسپارد، در سال زراعی ۱۴۰۰–۱۳۹۹ در قالب طرح آگمنت با ۳ بلوک در مزرعه تحقیقاتی پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی واقع در دانشگاه شهید باهنر کرمان (طول جغرافیایی ۵۷ درجه، عرض جغرافیایی ۳۰ درجه و ارتفاع از سطح دریا ۱۷۵۶متر) مورد ارزیابی قرار گرفتند. ارقام مورد بررسی در کرت‌های آزمایشی یک متر مربع شامل چهار خط کشت (چهار ژنوتیپ) به طول یک متر و فاصله بین خطوط ۲۵ سانتی‌متر از یکدیگر کشت شدند. بافت خاک در زمین مورد نظر لومی شنی با اسیدیته ۷/۹ و هدایت الکتریکی ۳/۷ دسی‌زیمنس بر متر بود. مراقبت‌های لازم در طول رشد، مانند

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

کوددهی و وجین علف هرز، با دست صورت گرفتند. برای اعمال تنش شوری، آبیاری با آب شور از مرحله پنجه‌روی با شوری ۸ دسی‌زیمنس آغاز شد و در هر مرحله آبیاری با افزایش یک واحد شوری با شوری ۱۲ دسی‌زیمنس تا پایان رسیدن فیزیولوژی ادامه یافت. دور آبیاری هر ۷ روز یکبار انجام شد. صفات فیزیولوژیک، شامل کربن دی‌اکسید، هدایت روزنه‌ای، و سرعت فتوسنتز با استفاده از دستگاه فتوسنتزمتر (ADC Bio Scientific Limited,UK) و صفات موروفولوژیک و زراعی، شامل روز تا سنبله‌دهی، روز تا رسیدگی، عرض برگ پرچم، ارتفاع بوته، تعداد سنبله بارور، وزن دانه در بوته، تعداد دانه در بوته، تعداد دانه در واحد سطح، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک، و عملکرد دانه، در طول دوره رشد اندازه‌گیری شدند. ژنوتیپ با استفاده از آرایه چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP) با تراکم ۹۰k در شرکت TraitGenetic کشور آلمان تعیین شد. برای کاهش خطاهای مثبت، نشانگرهای SNP بر اساس فراوانی آللی کمتر از ۰/۰۱ و ژنوتیپ‌های گمشده بیش از ۰/۰۵ فیلتر شدند. تجزیه ساختار جمعیت و دسته‌بندی دقیق نمونه‌ها به زیرجمعیت‌های مناسب، با استفاده از بسته نرم‌افزاری LEA در محیط R صورت گرفت (Frichot & François, 2015). تعداد بهینه زیرجمعیت‌ها (K) در بازه ۱ تا ۱۰ بررسی شد و مقدار بهینه K = 5 تعیین گردید. تجزیه ارتباط نشانگر–صفت بین داده‌های فنوتیپی و نشانگرهای SNP با استفاده از نرم‌افزار TASSEL و روش مدل خطی عمومی (General Linear Model) (GLM) انجام شد. برای تعیین خط آستانه معنی‌داری از روش ji و Li استفاده شد و در آن میزان خطا با استفاده از فرمول $\alpha = 1 - (1 - 0.05)^{1/n}$ محاسبه گردید که در آن n، تعداد آزمون‌های مستقل مؤثر را نشان می‌دهد (Li & Ji, 2005). در نتیجه، از مقدار LOD برابر با ۳/۶ برای معنی‌داری استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه ساختارجمعیت

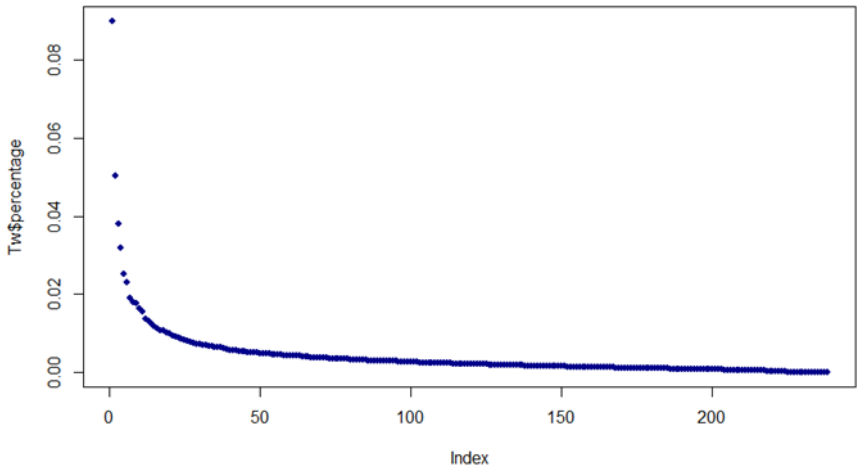
تاریخ پیچیده اصلاح بسیاری از گیاهان مهم و جریان ژنی محدود در بیشتر گیاهان وحشی، ساختارهای پیچیده‌ای را در ژرم‌پلاسم ایجاد کرده‌اند که باید در مطالعات تجزیه ارتباط مورد توجه قرار گیرند. روش‌هایی که ساختار جمعیت (Q) را در تجزیه ارتباط در نظر می‌گیرند، می‌توانند نتایج مثبت کاذب، یعنی کشف ارتباط نادرست بین نشانگر و عوامل کنترل‌کننده صفت را کاهش دهند (Zhang *et al*., 2016). تعداد زیرجمعیت‌ها با استفاده از معیار آنتروپی متقابل (Cross entropy) که مبتنی‌بر رویکرد اعتبارسنجی متقابل است، تعیین شد. مقادیر کوچک‌تر این معیار معمولاً عملکرد بهتر را نشان می‌دهند (François, 2016) (شکل ۱). تعداد زیرجمعیت‌ها (K) در بازه ۱ تا ۱۰ آزمایش شد و K بهینه برابر با ۵ برای این مجموعه داده تعیین گردید (شکل ۲). نتایج حاصل از تجزیه ساختار جمعیت نشان دادند ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در ۵ گروه از یکدیگر متمایز شدند. به‌عبارت دیگر، مقدار K در حالت بهینه برابر با ۵ برآورد شد. مجیدی‌مهر و همکاران (Majidi-Mehr *et al.*, 2023) در مطالعه نقشه‌یابی ارتباطی گندم نان بهاره تحت تنش شوری، با استفاده از ۱۴۷ نشانگر SNP، ساختار ژنتیکی جمعیت را به ۲ زیرجمعیت تقسیم کردند.

تجزیه ارتباط نشانگر–صفات

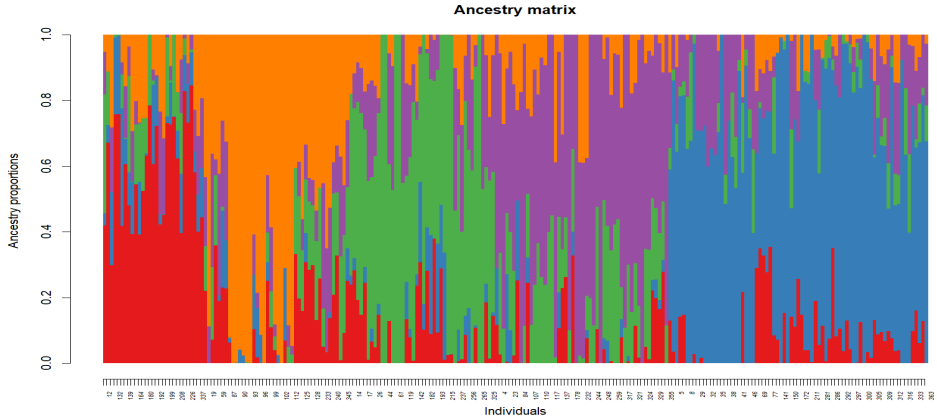
پویش کل ژنوم به‌منظور شناسایی محتمل‌ترین نواحی ژنومی که صفات کمی را کنترل می‌کنند، یکی از استراتژی‌های مؤثر در تحلیل مولکولی صفاتی با وراثت پیچیده به‌شمار می‌رود. نتایج مربوط به نقشه‌یابی ارتباطی درجدول ۱ ارائه شده‌اند. با استفاده از مدل GLM، در مجموع ۱۰۴ ارتباط نشانگر–صفت (MTA) (Marker-trait associations) در شرایط تنش شوری برای صفات مختلف شناسایی شدند. تعداد MTA شناسایی شده در ژنوم D بسیار کمتر از ژنوم A و B بود، به‌طوری‌که ژنوم A شامل MTA۳۹، ژنوم B شامل MTA ۴ و ژنوم D شامل ۱۶ MTA بودند (شکل ۳). این امر می‌تواند به‌دلیل تنوع ژنتیکی نسبتاً پایین و جریان ژنی محدود در این ژنوم باشد که توسط چو و همکاران نیز تأیید شده است (Chao *et al*. 2009). همچنین، کاواناق و همکاران (Cavanagh *et al*., 2013) گزارش کردند که تعداد نشانگرهای ژنوم D معمولاً سه تا پنج برابر کمتر از ژنوم‌های A و B است. خبیری و همکاران (Khabiri *et al.*,2023) نیز گزارش کرده‌اند که اکثر QTLها برای صفات مورد بررسی در شرایط تنش شوری روی ژنوم Aقرار داشته‌اند.

برای صفت کربن دی‌اکسید، یک MTA بر روی کروموزوم 5B شناسایی شد که ۱۱ درصد از تغییرات مربوط به این صفت را توجیه کرد. برای هدایت روزنه‌ای، MTA۵ مشاهده گردید که MTA۳ برروی کروموزوم 4A و MTA۲ بر روی کروموزوم 7A قرار داشتند. ضریب تبیین این نشانگرها بین ۰/۱۱ و ۰/۱۳ متغیر بود. برای سرعت فتوسنتز، یک MTA بر روی کروموزم 2B شناسایی شد. برای تعداد روز تا سنبله‌دهی، MTA۲۱ بر روی کروموزوم‌های 2B، 2D، 3D،4A،5B،6A،5A و 7A شناسایی شد و مقدار R^2 از ۰/۰–۰۴/۱۲ متغیر بود. بیشترین R^2 مربوط به نشانگر Excalibur_rep_c102657_575 بود. خاندانی و همکاران (Khandani *et al*., 2013) نیز برای تعداد روز تا سنبله‌دهی ۱ QTL را بر روی کروموزوم 2B شناسایی کرده بودند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]



شکل ۱- نمودار انتروپی رسم‌شده توسط نرم‌افزار R برای تعیین تعداد مناسب زیرجمعیت در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس شاخص k
Figure 1. The entropy diagram drawn by R software to determine the appropriate number of subpopulations in the studied genotypes based on the k index



شکل ۲- بای‌پلات رسم‌شده توسط نرم‌افزار R بر اساس ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP. هر رنگ نشان‌دهنده یک زیرجمعیت است. محور افقی شماره ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و محور عمودی سهم تعلق هر فرد به زیرجمعیت‌ها را نشان می‌دهند.
Figure 2. The biplot drawn by R software based on 17093 SNP markers. Each color represents a subpopulation. The horizontal axis shows the number of studied genotypes, and the vertical axis shows the contribution of each individual to the subpopulations.

برای صفت تعداد روز تا رسیدگی بر اساس مدل مذکور، ۱۰ MTA شناسایی شدند که بروی کروموزوم های 2B، 2D و 6A قرار داشتند و بیشترین R^2 آن مربوط به نشانگر JD_c63957_1176 بود. دیاز د- لئون و همکاران (Díaz de León *et al*., 2011) در مطالعه‌ای بر روی مکان‌یابی صفات کمی مرتبط با تحمل به شوری در گندم نان که شامل ۱۱۴ اینبردنوترکیب بود، ۳۶ QTL تحت شرایط شور و ۲۲ QTL تحت شرایط کنترل شناسایی کردند و گزارش کردند که QTL کنترل‌کننده صفت زمان رسیدگی بر روی کروموزوم 2A قرار داشت.

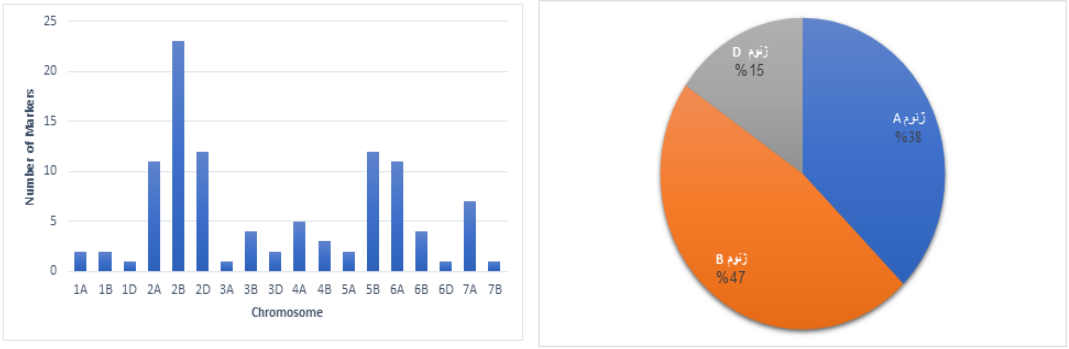
طبق نتایج حاصل برای صفت عرض برگ پرچم، یک MTA بر روی کروموزوم 1B شناسایی شد که مقدار R^2 آن برابر با ۰/۰۶۲ بود. در مطالعه انجام‌شده توسط خاندانی و همکاران (Khandani *et al*., 2013)، از تلاقی دو رقم روشن و سبلان برای عرض برگ پرچم ۱ QTL بر روی کروموزوم 4A شناسایی شد. تعداد MTA مشاهده‌شده برای صفت تعداد سنبله بارور MTA۱۳ بود که بر روی کروموزوم‌های 2A، 2B، 3B و 7A قرار دارند. ضریب تبیین این نشانگرها از ۰/۰۸ – ۰/۰۶ متغیر بود که بیشترین آن مربوط به نشانگر RAC875_c79857_301 و کم‌ترین آن مربوط به نشانگر 605 بودند. هو و همکاران (Hu *et al*., 2021) با استفاده از ۳۸۹ نشانگر، ۱۱ MTA برای صفات ارتفاع بوته، تعداد سنبله، طول سنبله، تعداد دانه، وزن هزار دانه، عملکرد بیولوژیک و تعداد ۶۸ MTA برای تعداد سنبله بارور بر روی کروموزوم‌های 1A، 1B، 2B، 5A, 2A، 5B، 5D، 7B و 6D شناسایی کردند.

در مطالعه حاضر، برای صفت وزن دانه در بوته ۳ MTA مشاهده شد که بر روی کروموزم‌های 3B و 5B واقع شده‌اند. در صفت تعداد دانه در بوته، تعداد MTA شناسایی‌شده شش عدد بودند که بر روی کروموزوم های1D، 2A و 5B قرار داشتند و بیشترین ضریب تبیین به نشانگر CAP12_c575_105 و کم‌ترین به نشانگرهای

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

Excalibur_c11437_75 و RAC875_c18698_550 تعلق داشتند. میر و همکاران (Mir *et al.*, 2012) ۱۰ عدد QTL مرتبط با وزن دانه را بر روی کروموزوم‌های 7A، 6B، 6A، 5A، 2B، 1B، 1A و 7D با مطالعه مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی مرتبط با وزن دانه در گندم گزارش کردند. همچنین، برای وزن دانه یک QTL روی هر کدام از بازوهای کروموزوم های BS2، AS1 و AS7 توسط کومار و همکاران (Kumar *et al.*, 2006) گزارش شد. در این مطالعه، تعداد پنج MTA برای ارتفاع بوته شناسایی گردیدند که همگی بر روی کروموزوم 2B قرار داشتند. این نشانگرها در مجموع ۳۱ درصد از تغییرات فنوتیپی مربوط به ارتفاع را توجیه کردند. همچنین، برای صفت تعداد دانه در واحد سطح تعداد ۱۲ MTA مشاهده شدند که بر روی کروموزوم‌های 1A، 2A، 3B، 4B، 5A، 5B، 6A و 7A قرار داشتند و مقدار R^2 از ۰/۰۷ – ۰/۰۶ متغیر بود. هو و همکاران (Hu *et al.*, 2021) ۱۴۱ SNP مهم مرتبط با ارتفاع گیاه را شناسایی کردند که بر روی کروموزوم‌های 2B، 2D، 3D، 4A، 4D، 5A، 6B، 7B و 7D توزیع شده بودند. پوشپندرا و همکاران (Pushpendra *et al.*, 2007) ۴ QTL را برای تعداد دانه در بوته بر روی کروموزوم‌های 2A، 4B و 7A در گندم نان گزارش کردند.

با توجه به نتایج مشاهده‌شده، شش MTA برای صفت وزن هزار دانه برروی کروموزوم های 2B و 6B شناسایی شدند. کومار و همکاران (Kumar *et al.*, 2006) در یک جمعیت ۱۰۰ تایی لاین اینبرد نوترکیب با استفاده از ۴۴۹ نشانگر SSR و AFLP، سه QTL برای وزن هزار دانه بر روی کروموزوم‌های 1A، 2B و 7A معرفی نمودند. همچنین طبق گزارشات خاندانی و همکاران (Khandani *et al.*, 2013)، برای وزن هزار دانه ۱ QTL بر روی کروموزوم 6D معرفی شد. ۱۱ MTA برای صفت عملکرد بیولوژیک بر روی ۹ کروموزوم مشاهده شدند که میزان R^2 از ۰/۰۸–۰/۰۵ متغیر بود. بیشترین R^2 مربوط به نشانگرهای Excalibur_c5033_587 و GENE-2559_63 بود. امینی و همکاران (Amini *et al.*, 2019) با استفاده از ۲۷ نشانگر SSR و ۴۰ ژنوتیپ گندم نان MAT۴ برای عملکرد بیولوژیک تحت شرایط تنش شوری گزارش کردند که سه نشانگر S12-1،S16-12 و S16 با این صفت در شرایط تنش شوری ارتباط معنی‌دار داشتند. در مطالعه حاضر، برای صفت عملکرد دانه شش MTA شناسایی شدند که بر روی کروموزوم‌های مختلفی با مقدار R^2 ۰/۰۶ قرار داشتند. در مطالعه امینی و همکاران (Amini *et al.*, 2019)، نشانگرهای S12-1 و S6-3 با عملکرد دانه در تنش شوری ارتباط معنی‌دار داشتند. شناسایی نشانگرهای مشترک اهمیت زیادی در به‌نژادی دارد، زیرا گزینش/اصلاح همزمان مقاومت به چندین صفت را امکان‌پذیر می‌سازد. در این مطالعه، برخی از نشانگرها با بیش از یک صفت همبستگی داشتند که می‌تواند ناشی از اثرات پلیوتروپی و یا پیوستگی QTLهای مرتبط با هم در صفات مختلف باشد. نشانگر Jagger_c4412_265 در فاصله ۱۳۶/۴۳مگا جفت‌باز بر روی کروموزوم 2B به‌طور مشترک با هر دو صفت روز تا سنبله‌دهی و روز تا رسیدگی همبستگی داشت. نشانگر BobWhite_c5694_120 واقع بر روی کروموزوم 4B (در موقعیت ۵۵۵/۹۳۳ مگا جفت‌باز) با صفات عملکرد بیولوژیک و تعداد دانه در واحد سطح دارای همبستگی بود. نشانگر BS00088733_51 در موقعیت‌های ۶۶۹/۴۸ مگا جفت‌باز از کروموزوم 5B با صفات عملکرد بیولوژیک و تعداد دانه در واحد سطح همبستگی داشت. این نتیجه نشان‌دهنده اهمیت این ناحیه از کروموزوم 5B جهت شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با عملکرد و تعداد دانه در واحد سطح است. با توجه به نتایج مطالعه حاضر، می‌توان نتیجه گرفت که نشانگرهای مرتبط شناسایی‌شده می‌توانند راهنمای خوبی برای شناسایی ژنوتیپ‌های پر عملکرد در گندم نان، به‌خصوص وقتی که اطلاعاتی از پایه ژنتیکی آن‌ها مانند نقشه لینکاژی در دسترس نیست، باشند.



شکل ۳- هیستوگرام توزیع MTAهای (ارتباط‌های نشانگر–صفت) شناسایی‌شده بر روی کروموزوم‌های مختلف و نمودار دایره‌ای توزیع کلی MTAها در سطح ژنوم در جمعیت گندم مورد مطالعه.

Figure 3. Distribution of MTAs (marker-trait association) identified on different chromosomes in the studied wheat population

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

جدول ۱- ارتباط صفت–نشانگر شناسایی‌شده برای صفات مورد مطالعه با استفاده از مدل GLM

Table 1. Marker-trait associations identified for traits using the GLM model

P value	R^2	موقعیت (Mbp)	کروموزوم (Chromosome)	نشانگر (Marker)	صفت (Trait)
0.0001688	0.11	10.52	5B	wsnp_Ex_c831_1625061	کربن دی‌اکسید CO_2
6.09E-05	0.12	103.07	4A	wsnp_Ex_c12818_20334933	هدایت روزنه‌ای
1.80E-05	0.132	105.24	4A	wsnp_Ex_rep_c69890_68851948	Stomatal conductance
3.08E-05	0.122	119.93	4A	RFL_Contig1320_726	
0.0001446	0.102	701.62	7A	Kukri_c57593_79	
5.19E-05	0.122	701.68	7A	tplb0032g12_1241	
0.0001336		554.29	2B	Tdurum_contig26542_281	سرعت فتوسنتز Rate of photosynthesis
0.0001336	0.12	136.15	2B	Excalibur_rep_c102657_575	تعداد روز تا سنبله‌دهی
6.93E-05	0.04	136.17	2B	RAC875_c14362_529	Days to heading
0.0001748	0.04	136.43	2B	Jagger_c4412_265	
1.16E-05	0.05	136.43	2B	RAC875_rep_c72435_90	
0.0001331	0.04	20.76	2D	JD_c63957_1176	
1.23E-05	0.05	22.44	2D	tplb0053n05_793	
2.91E-06	0.06	22.45	2D	tplb0057n10_689	
0.0001275	0.04	76.76	2D	RAC875_c31560_141	
5.22E-05	0.04	76.76	2D	IAAV1002	
3.44E-05	0.05	76.86	2D	RAC875_rep_c103893_601	
1.79E-06	0.06	76.89	2D	Kukri_rep_c72558_961	
3.44E-05	0.05	78.37	2D	Kukri_c11935_65	
6.82E-05	0.04	86.35	3D	IAAV2729	
0.0001341	0.04	604.35	3D	RAC875_rep_c106170_204	
0.0001544	0.04	3.11	4A	D_GDRF1KQ02JZS7N_128	
0.0001246	0.04	732.51	4A	Kukri_c19883_365	
1.57E-05	0.05	573.3	5A	Ex_c4208_839	
0.0001657	0.04	316.15	5B	IAAV1427	
0.0001856	0.04	3.74	6A	Kukri_c39873_66	
0.0001872	0.04	73.72	6A	wsnp_CAP11_c2817_1415793	
0.000204	0.05	52.96	7A	Excalibur_rep_c68004_182	
9.88E-05	0.043	136.43	2B	Jagger_c4412_265	تعداد روز تا رسیدگی
5.40E-05	0.046	20.76	2D	JD_c63957_1176	Days to maturity
0.0001455	0.041	22.44	2D	tplb0053n05_793	
8.86E-05	0.044	22.45	2D	tplb0057n10_689	
0.0001786	0.04	617.40	2D	RFL_Contig855_544	
0.0001249	0.042	12.38	6A	Kukri_c102502_261	
0.0001414	0.041	12.38	6A	RAC875_c106584_747	
0.0001249	0.042	12.38	6A	wsnp_Ku_c16572_25480808	
0.0001249	0.042	12.39	6A	BobWhite_c15802_720	
0.0001249	0.042	12.39	6A	BobWhite_c15802_72	
0.0001642	0.062	543.47	1B	Tdurum_contig83770_218	عرض برگ پرچم Flag leaf width (cm)
0.0001447	0.06	69.41	2B	Tdurum_contig45255_3473	ارتفاع بوته
0.0001447	0.06	69.41	2B	RAC875_c62278_69	Plant height (cm)
0.0001447	0.06	69.41	2B	Kukri_rep_c69803_82	
0.0001447	0.06	69.41	2B	Kukri_c12368_82	
0.0001447	0.06	69.41	2B	RAC875_c22429_249	
9.62E-05	0.06	735.56	2A	BS00065808_51	تعداد سنبله بارور
0.000191	0.06	755.78	2A	BS00096927_51	Number of fertile spikes
7.54E-05	0.07	755.79	2A	CAP12_c575_105	
0.00014	0.06	758.51	2A	Tdurum_contig56321_232	
0.000159	0.06	128.94	2B	BobWhite_c6166_319	
0.000155	0.06	133	2B	wsnp_Ex_c7246_12443506	
0.000162	0.06	133	2B	Ku_c23446_2209	
2.75E-05	0.07	134.09	2B	BobWhite_c22503_605	
0.000162	0.06	134.09	2B	wsnp_Ex_c57_116914	
9.07E-05	0.08	134.99	2B	Excalibur_c13239_85	
0.000139	0.06	135	2B	BS00088575_51	
6.73E-05	0.07	488.87	3B	wsnp_Ex_c7172_12318529	
0.000123	0.06	692.88	7A	Kukri_c31449_620	
5.34E-05	0.09	487.88	3B	BobWhite_c35249_110	
5.34E-05	0.07	488.87	3B	wsnp_Ex_c7172_12318529	وزن دانه در بوته
0.0001006	0.06	685.06	5B	BS00069417_51	Grain weight per plant (g)
0.0001243	0.06	356.15	1D	BS00038418_51	تعداد دانه در بوته
0.0001914	0.06	275.92	2A	Excalibur_c11437_75	Number of grains per plant
0.0001914	0.06	341.62	2A	RAC875_c18698_550	
5.02E-05	0.07	755.78	2A	BS00096927_51	
6.94E-06	0.09	755.79	2A	CAP12_c575_105	
0.0001603	0.06	685.06	5B	BS00069417_51	
0.000151	0.06	504.24	1A	wsnp_Ra_c11877_19161832	تعداد دانه در واحد سطح
0.0007	0.07	755.79	2A	CAP12_c575_105	Number of grains per unit area (m2)
0.00016	0.06	755.92	2A	wsnp_Ra_c6586_11477949	
0.00015	0.06	9.09	3B	BS00105741_51	
0.00012	0.06	13.97	4B	RAC875_c10850_316	
0.00018	0.06	555.93	4B	BobWhite_c5694_1201	

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

0.000095	0.06	708.41	5A	wsnp_Ex_c20899_30011827	
0.000076	0.07	669.48	5B	Kukri_c40099_249	
0.000058	0.07	669.67	5B	GENE-2559_63	
0.00015	0.06	669.89	5B	BS00088733_51	
0.0002	0.06	614.44	6A	Jagger_rep_c10284_74	
0.000066	0.07	22.96	7A	CAP7_c1706_56	
0.00019	0.06	724.13	7A	wsnp_CAP11_c639_424134	
0.00006	0.06	232.34	2B	RAC875_c4203_382	وزن هزار دانه
0.00012	0.06	236.319	2B	Kukri_c9507_95	Thousand-grain weight
0.00016	0.06	593.66	2B	BS00091068_51	
0.00011	0.06	715.70	6B	Tdurum_contig12648_389	
0.00011	0.06	715.75	6B	Tdurum_contig59339_540	
0.00011	0.06	715.75	6B	Tdurum_contig59339_428	
0.000063	0.06	232.34	2B	RAC875_c4203_382	
0.00016	0.06	593.65	2B	BS00091068_51	
2.24E-06	0.08	520.33	1A	Excalibur_c5033_587	عملکرد بیولوژیک
0.00017	0.05	738.98	2A	BS00011478_51	Biological yield (t ha^{-1})
0.00013	0.06	555.93	4B	BobWhite_c5694_1201	
0.00008	0.06	668.47	5B	RAC875_c45135_184	
0.00016	0.05	667.67	5B	Kukri_c32825_95	
0.0001	0.06	52.39	6A	wsnp_BE490604A_Ta_2_1	
0.000006	0.06	193.89	6B	Kukri_c36620_1336	
0.00011	0.06	157.32	6D	wsnp_Ex_c23383_32628864	
0.00008	0.06	724.13	7A	wsnp_CAP11_c639_424134	
0.00002	0.07	713.29	7B	Excalibur_c24485_353	
0.00013	0.06	14.84	1B	CAP7_c3299_316	
0.00015	0.06	593.34	3A	wsnp_Ex_c13949_21828493	عملکرد دانه
0.0002	0.06	663.13	5B	RAC875_c24226_1356	Grain yield (t ha^{-1})
0.00018	0.06	700.23	5B	Jagger_c8121_167	
0.00008	0.06	85.74	6A	wsnp_Ex_rep_c67878_66584488	
0.00011	0.06	87.65	6A	Kukri_c50910_866	
0.00007	0.06	669.89	5B	BS00088733_51	

نتیجه‌گیری کلی

در این تحقیق، ارتباط بین ۱۷۰۹۳ نشانگر SNP با برخی از صفات مهم زراعی و فیزیولوژی در ۲۷۴ ژنوتیپ گندم نان از طریق تجزیه ارتباطی مورد بررسی قرار گرفت. با مطالعه ساختار جمعیت در ژرم‌پلاسم گندم مورد مطالعه، پنج زیرجمعیت شناسایی شدند. در تجزیه ارتباطی، در مجموع ۱۲۱ ارتباط نشانگر–صفت در شرایط تنش شوری برای صفات مختلف شناسایی شدند. ژنوم A تعداد ۳۹ MTA، ژنوم B تعداد ۴۹ MTA و ژنوم D تعداد ۱۶MTA را دربر داشتند. در بین صفات مورد مطالعه صفت روز تا سنبله‌دهی با ۲۱ MTA بیشترین تعداد ارتباط نشانگر–صفت را نشان داد. در مقابل، سرعت فتوسنتز، کربن دی‌اکسید و عرض برگ پرچم هر کدام با دربر داشتن یک MTA کمترین تعداد ارتباط نشانگر–صفت را داشتند.

برای صفت عملکرد دانه، شش MTA (wsnp_Ex_c13949_21828493، RAC875_c24226_1356، Jagger_c8121_167، wsnp_Ex_rep_c67878_66584488، Kukri_c50910_866 و BS00088733_51) شناسایی شدند که بر روی کروموزوم‌های 3A، 6A و 5B قرار داشتند. نشانگرهای Jagger_c4412_265، BobWhite_c5694_120 و BS00088733_51 با بیش از یک صفت فنوتیپی ارتباط داشتند، که بیانگر حضور احتمالی اثرات پلیوتروپیک یا پیوستگی مکان‌های کنترل‌کننده صفات است. از این نشانگرها می‌توان برای بهبود همزمان چند صفت و در نتیجه بهبود عملکرد گندم درشرایط تنش شوری استفاده کرد. البته صفات کمی توسط تعداد زیادی ژن با تأثیرپذیری زیاد از محیط کنترل می‌شوند. لذا پیشنهاد می‌شود که نشانگرهای شناسایی‌شده در جمعیت‌های بزرگ و همچنین در جمعیت‌های در حال تفرق آزمون شوند تا از پیوستگی آنها با صفات مربوطه اطمینان حاصل شود و به این ترتیب کارایی استفاده از این نشانگرها در برنامه‌های اصلاحی افزایش یابد. همچنین، جهت افزایش دقت در مکان‌یابی ارتباطی، پیشنهاد می‌شود که آزمایش در چند سال و چند مکان انجام شود.

تشکر و قدردانی

از پژوهشکده فناوری تولیدات گیاهی پژوهشگاه افضلی‌پور دانشگاه شهید باهنر کرمان بابت حمایت، مساعدت و تامین مالی این پروژه نهایت تشکر و سپاسگزاری را داریم.

References

Alotaibi, F. S., Al-Qthanin, R. N., Aljabri, M., Shehzad, T., Albaqami, M., & Abou-Elwafa, S. F. (2022). Identification of genomic regions associated with agronomical traits of bread wheat under two levels of salinity using GWAS. *Plant Molecular Biology Reporter*, 40(3), 595-609. doi: https://doi.org/10.1007/s11105-022-01341-x

Amini, A., Khadam Kheir, S., & Bernousi, I. (2020). Phenotypic diversity and association analysis for traits related to salt tolerance in wheat. *Crop Biotechnology*, 10(1), 81-99. doi: 10.30473/cb.2021.54403.1817 [In Persian]

Cavanagh, C. R., Chao, S., Wang, S., Huang, B. E., Stephen, S., Kiani, S., & Akhunov, E. (2013). Genome-wide comparative diversity uncovers multiple targets of selection for improvement in hexaploid wheat landraces and cultivars. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(20), 8057-8062. doi: https://doi.org/10.1073/pnas.1217133110

Chao, S., Zhang, W., Akhunov, E., Sherman, J., Ma, Y., Luo, M. C., & Dubcovsky, J. (2009). Analysis of gene-derived SNP marker polymorphism in US wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. *Molecular Breeding*, 23, 23-33. doi: 10.1007/s11032-008-9210-6

Chaurasia, S., Singh, A. K., Kumar, A., Songachan, L. S., Yadav, M. C., Kumar, S., ... & Singh, K. (2021). Genome-wide association mapping reveals key genomic regions for physiological and yield-related

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

traits under salinity stress in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Genomics*, 113(5), 3198-3215. doi: https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.07.014

Chaves, M. M., Costa, J. M., & Saibo, N. J. M. (2011). Recent advances in photosynthesis under drought and salinity. *Advances in Botanical Research*, 57, 49-104. doi: https://doi.org/10.1016/B978-0-12-387692-8.00003-5

Díaz De León, J. L., Escoppinichi, R., Geraldo, N., Castellanos, T., Mujeeb-Kazi, A., & Röder, M. S. (2011). Quantitative trait loci associated with salinity tolerance in field grown bread wheat. *Euphytica*, 181, 371-383. doi: 10.1007/s10681-011-0463-5

Edwards, D., Batley, J., & Snowdon, R. J. (2013). Accessing complex crop genomes with next-generation sequencing. *Theoretical and Applied Genetics*, 126, 1-11. doi: 10.1007/s00122-012-1964-x

FAO. (2011). Food and agricultural commodities production. Available at http://faostat.fao.org. Accessed 17 October 2011.

François, O. (2016). Running structure-like population genetic analyses with R. *R Tutorials in Population Genetics, U. Grenoble-Alpes*, 1, 1-9.

Frichot, E., & François, O. (2015). LEA: An R package for landscape and ecological association studies. *Methods in Ecology and Evolution*, 6, 925–929. doi: 10.1111/2041-210X.12382

Hu, P., Zheng, Q., Luo, Q., Teng, W., Li, H., Li, B., & Li, Z. (2021). Genome-wide association study of yield and related traits in common wheat under salt-stress conditions. *BMC Plant Biology*, 21, 1-20. doi: https://doi.org/10.1186/s12870-020-02799-1

Kalinowski, S. T. (2002). How many alleles per locus should be used to estimate genetic distances? *Heredity*, 88, 62–65. doi: https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800009.

Khabiri, E., Asghari, A., Mohammadi, S., Rasolzadeh, A., & Nouraein, M. (2023). QTL Mapping for Some Morphological Traits under Salt Stress Condition in Recombinant Inbred Lines of Bread Wheat. *Journal of Crop Breeding*, 15(46), 104-114. doi:http://dx.doi.org/10.61186/jcb.15.46.104 [In Persian]

Khandani, S., Mahmadinejad, G., &Nakhoda, B. (2013). Identification of quantitative genes controlling agricultural traits of bread wheat (*Triticum Aestivum* L.). Master's thesis. 95 p [In Persian]

Kumar, N., Kulwal, P. L., Gaur, A., Tyagi, A. K., Khurana, J. P., Khurana, P., ... & Gupta, P. K. (2006). QTL analysis for grain weight in common wheat. *Euphytica*, 151, 135-144. doi: 10.1007/s10681-006-9133-4.

Li, J., & Ji, L. (2005). Adjusting multiple testing in multilocus analyses using the eigenvalues of a correlation matrix. *Heredity*, 95(3), 221-227. doi: https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800717.

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] doi:http://dx.doi.org/10.61186/jcb.15.48.164

Mir, R. R., Kumar, N., Jaiswal, V., Girdharwal, N., Prasad, M., Balyan, H. S., & Gupta, P. K. (2012). Genetic dissection of grain weight in bread wheat through quantitative trait locus interval and association mapping. *Molecular Breeding*, 29, 963-972. doi: 10.1007/s11032-011-9693-4

Nielsen, N. H., Backes, G., Stougaard, J., Andersen, S. U., & Jahoor, A. (2014). Genetic diversity and population structure analysis of European hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties. *PLoS One*, 9(4), e94000. doi:https://doi.org/10.1371/journal.pone.0094000.

Pazira, E., & Sadeghzadeh, K. (1998, April). National review document on optimizing soil and water use in Iran. In *Workshop of ICISAT, Sahelian Center* (pp. 13-18).

Pushpendra, K. G., Harindra, S. B., Pawan, L. K., Neeraj, K., Ajay, K., Reyazul, R. M., ... & Jitendra, K. (2007). QTL analysis for some quantitative traits in bread wheat. *Journal of Zhejiang University Science B*, 8(11), 807-814. doi:10.1631/jzus.2007.B0807

Quan, X., Liu, J., Zhang, N., Xie, C., Li, H., Xia, X., ... & Qin, Y. (2021). Genome-wide association study uncover the genetic architecture of salt tolerance-related traits in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Frontiers in Genetics*, 12, 663941. doi: 10.3389/fgene.2021.663941

Roy, S. J., Tucker, E. J., & Tester, M. (2011). Genetic analysis of abiotic stress tolerance in crops. *Current Opinion in Plant Biology*, 14(3), 232-239. doi: https://doi.org/10.1016/j.pbi.2011.03.002

Singh, S. P., & Diwivedi, V. K. (2002). Character association and path analysis in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agricultural Science Digest*, *22*(4), 255-257. doi: https://doi.org/10.18805/asd.v35i1.9305 .

Tammam, A. A. E., Alhamd, M. F. A., & Hemeda, M. M. (2008). Study of salt tolerance in wheat (*Triticum aestium* L.) cultivar Banysoif 1. *Australian Journal of Crop Science*, 1(3), 115-125.

Varshney, R. K., Chabane, K., Hendre, P. S., Aggarwal, R. K., & Graner, A. (2007). Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP, and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated, and elite barleys. *Plant Science*, 173(6), 638-649. doi: 10.1016/j.plantsci.2007.08.010

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]

Wang, S., Wong, D., Forrest, K., Allen, A., Chao, S., Huang, B. E., ... & Akhunov, E. (2014). Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90 000 single nucleotide polymorphism array. *Plant Biotechnology Journal*, 12(6), 787-796. doi: 10.1111/pbi.12183

Zhang, X., Zhang, H., Li, L., Lan, H., Ren, Z., Liu, D., ... & Gao, S. (2016). Characterizing the population structure and genetic diversity of maize breeding germplasm in Southwest China using genome-wide SNP markers. *BMC Genomics*, 17, 1-16. doi: 10.1186/s12864-016-3041-3

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1584]