Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 18, Issue 2, 2026 p: 92-102

OPEN ACCESS

Research Paper

Localization of QTLs Related to Phonological Traits in a Population Derived from a Cross between Wheat Cultivars "Norstar" × "Marvdasht"

Behnaz Seifolahpour[1], Sohbat Bahraminejad[2], Kianoosh Cheghamirza[3], Shahryar Sasani[4] and Seyed Abolghasem Mohammadi[5]

1- Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Engineering, Razi University, Kermanshah, Iran
2- Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Engineering, Razi University, Kermanshah, Iran, (Corresponding author: bahraminejad@razi.ac.ir)
3- Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Engineering, Razi University, Kermanshah, Iran
4- Department of Crop and Horticultural Science Research, Kermanshah Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Kermanshah, Iran
5- Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

Received: 05 October, 2025 Revised: 10 January, 2026 Accepted: 12 February, 2026

Extended Abstract

Background: Wheat (*Triticum aestivum* L.) is a staple food crop, and the main focus of agricultural and biological research is on its evolution, genetics, biodiversity, and ecology. Among various wheat species, bread wheat is particularly noteworthy for its high nutritional value and widespread cultivation. This crop is a source of nutrients for approximately 40% of the world's population. Recently, climate change and global warming have directly affected the quantity and quality of agricultural products, with great intensity and the extent of numerous stresses. Therefore, increasing wheat yield is an essential requirement for achieving global food and nutritional security. Due to the wide genetic diversity of this crop, wheat breeders select the optimal maturity date to match the climatic conditions in their target environments. Adaptable plants to climate change could survive adverse stress factors, such as frost, heat, and drought, by adjusting their flowering time to seasonal conditions to protect floral organs. Variation in phenotypic traits indicates genetic diversity and allows the identification of genotypes with desirable characteristics for breeding programs. QTL mapping plays an important role in reducing the growth period and increasing grain yield by providing an alternative approach to improve conventional breeding methods using molecular markers that are closely related to phenological traits. The present study aimed to identify early maturing lines, locate QTLs for wheat phenological traits in an inbred population of recombinant lines, and identify markers linked to the phenological traits for use in marker-assisted selection.

Methods: To facilitate the breeding of important traits in wheat, 131 lines of the F_6 generation population of bread wheat were cultivated with their parents in an alpha lattice design with two replications in the 2019-2020 crop year at the Research Farm of Razi University. The total rainfall was 409.9 mm during this period. Seeds were manually sown in plots comprising three rows, each 1 meter in length, with a row spacing of 0.22 m and a planting density of 400 seeds per square meter. The recorded phenological data included days to booting, days to heading, days to anthesis, duration of kernel filling period, and days to physiological maturity. Analysis of variance and the comparison of means with the LSD method were carried out after examining the normality of the data using SAS 9.1 software. The cluster analysis was performed using JMP 13 software. A linkage map was drawn with 55 SSR markers and eight retrotransposon markers (IRAP) using JoinMap® 4 software with a LOD of at least three runs, and the recombination rate was converted to map distance using Haldane's function. Then, QTLswere identified on linkage groups with the Composite Interval Locating (CIM) and the at least two LOD method using WinQTL Cartographer ver.2.5 software.

Results: According to the results of analysis of variance, the studied lines were significantly different in all traits under consideration, indicating sufficient diversity between them. Lines 16, 23, 69, 81, and 101 showed the lowest average length of the grain filling period. The range of broad heritability for phonological traits (99.05-99.82%), showing the high attribution of genetics in the control of the traits. Based on cluster analysis, the lines along with their parents were

Copyright ©2026. Seifolahpour et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non-Commercial 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.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

divided into four groups, with the third group being the earliest with an average days to physiological maturity of 194 days, and the fourth group including the latest lines with an average days to physiological maturity of 203 days. Based on QTL analysis, four loci were identified for the days to physiological maturity and kernel filling period. For days to physiological maturity, two QTL on an unknown first linkage group and Chromosome 1B were identified with a coefficient of determination of 19.08% for the maternal Marvdasht parent, and two QTL on chromosomes 1B and 3B with 22.48% for the kernel filling period with paternal Norstar parent effectiveness.

Conclusion: In this study, higher or lower values were observed for the studied phonological traits in some lines than in their parents, which indicates invasive segregation for these traits. The high general heritability range for these traits may indicate a high contribution of genetic factors in controlling these traits. A number of lines with early maturity were identified. Preserving and studying this unique diversity is essential for developing high-quality species that can withstand biotic and abiotic stressors, which are becoming increasingly important in the face of climate change and environmental degradation. The identified QTLs were located on linkage groups 1B, 3B, and the first unknown group. For days to physiological maturity, a QTL was identified on linkage group 1B, which showed strong linkage with the marker GWM11. This study provides valuable information on their genetic loci underlying traits, such as days to physiological maturity and the length of the kernel filling period, which are considered important factors in increasing grain yield. According to the results of this study, ideal genotypes with high stability are expected to have an average spike emergence stage and days to maturity in environments where rainfall fluctuates from year to year due to climate change.

Keywords: Cluster analysis, Linkage map, Quantitative trait loci

How to Cite This Article: Seifolahpour, B., Bahraminejad, S., Cheghamirza, K., Sasani, Sh., & Mohammadi, S. A. (2026). Localization of QTLs Related to Phonological Traits in a Population Derived from a Cross between Wheat Cultivars “Norstar” × “Marvdasht”. *J Crop Breed,* 18(2), 92-102. DOI: 10.61882/jcb.2026.1635

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی کنترل کننده (QTL) صفات فنولوژیک در جمعیت حاصل از تلاقی ارقام گندم نورستار × مرودشت

بهناز سیف‌اله پور[۱]، صحبت بهرامی‌نژاد[۲]، کیانوش چقامیرزا[۳]، شهریار ساسانی[۴] و سید ابوالقاسم محمدی[۵]

۱- دانش‌آموخته دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران
۲- گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران، (نویسنده مسوول: bahraminejad@razi.ac.ir)
۳- گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران
۴- مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران
۵- گروه به نژادی و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۷/۱۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۰/۲۰ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۱۱/۲۳
صفحه ۹۲ تا ۱۰۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: گندم نان (*Triticum aestivum* L.) به‌عنوان یک محصول غذایی اصلی محور اصلی تحقیقات کشاورزی و بیولوژیکی است. بنابر این، توجه ویژه‌ای به تکامل، ژنتیک، تنوع زیستی و بوم‌شناسی آن معطوف شده است. در میان گونه‌های مختلف گندم، گندم نان به‌دلیل ارزش غذایی بالا و کشت گسترده آن، بیشتر مورد تحقیق و مطالعه قرار گرفته است. این محصول منبع مواد مغذی برای حدود ۴۰ درصد از جمعیت جهان است. اخیراً، تغییرات اقلیمی و گرمایش جهانی با شدت فراوان و وسعت تنش‌های متعدد، مستقیماً بر عملکرد و کیفیت محصولات کشاورزی تأثیر گذاشته‌اند. بنابر این، افزایش عملکرد گندم یک نیاز ضروری برای تحقق امنیت غذایی و تغذیه‌ای جهانی است. به‌نژادگران گندم به‌دلیل تنوع ژنتیکی گسترده این محصول، تاریخ رسیدگی مطلوب را برای مطابقت با شرایط اقلیمی در محیط‌های هدف خود انتخاب می‌کنند. ژنوتیپ‌هایی که قادر به سازگاری با آب و هوای متغیر هستند، می‌توانند با تنظیم زمان گلدهی خود با شرایط فصلی برای محافظت از اندام‌های گل، از عوامل تنش نامناسب مانند یخبندان، گرما و خشکی عبور کنند. تنوع در صفات فنوتیپی نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی است و امکان شناسایی ژنوتیپ‌ها با ویژگی‌های مطلوب را برای برنامه‌های اصلاحی فراهم می‌کند. نقشه‌برداری QTL با ارائه یک رویکرد جایگزین برای بهبود روش‌های اصلاحی مرسوم با استفاده از نشانگرهای مولکولی که ارتباط تنگاتنگی با صفات فنولوژی دارند، نقش مهمی را درکاهش طول دوره رشد و افزایش عملکرد دانه ایفا می‌کند. هدف مطالعه حاضر، شناسایی لاین‌های زودرس، مکان QTLهای صفات فنولوژیک گندم در یک جمعیت اینبرد لاین‌های نوترکیب، و شناسایی نشانگرهای پیوسته با صفات فنولوژیک جهت استفاده در گزینش به کمک نشانگر بود.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش، برای تسهیل اصلاح صفات مهم در گندم، ۱۳۱ لاین F_6 حاصل از تلاقی ارقام گندم نورستار و مرودشت به‌همراه والدین در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار در سال زراعی ۹۹-۱۳۹۸ در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کشت شدند. در طول این دوره، کل بارندگی ۴۰۹/۹ میلی‌متر بود. بذرها به‌صورت دستی در کرت‌هایی شامل سه ردیف، هرکدام به طول یک متر، با فاصله ردیف ۰/۲۲ متر و تراکم کاشت ۴۰۰ بذر در متر مربع کاشته شدند. صفات فنولوژیک شامل روز تا آبستنی، روز تا ظهور سنبله، روز تا گرده افشانی، طول دوره پرشدن دانه و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک ثبت شد. پس از بررسی نرمال بودن، داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SAS 9.1، تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها به‌روش LSD انجام شدند. تجزیه کلاستر نیز با استفاده نرم‌افزار JMP 13 انجام گرفت. نقشه پیوستگی با ۵۵ نشانگر SSR و هشت نشانگر رتروترانسپوزون IRAP با استفاده از نرم‌افزار JoinMap® 4 با LOD حداقل سه انجام و میزان نوترکیبی از تابع هالدن به فاصله نقشه تبدیل شد. جایگاه‌های کنترل کننده صفات مورد مطالعه با روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) و LOD حداقل دو با نرم‌افزار WinQTL Cartographer ver.2.5 شناسایی گردید.

یافته‌ها: نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها نشان دادند که بین لاین‌ها از نظر کلیه صفات مورد بررسی تفاوت معنی‌داری وجود داشت که حاکی از وجود تنوع کافی بین آنها بود. لاین‌های ۱۶، ۲۳، ۶۹، ۸۱ و ۱۰۱ کمترین میانگین برای طول دوره پر شدن دانه را داشتند. دامنه وراثت‌پذیری عمومی بالایی (۹۹/۰۵ تا ۹۹/۸۲ درصد) برای این صفات مشاهده شد که نشان‌دهنده سهم بالای ژنتیک در کنترل این صفات است. براساس تجزیه خوشه‌ای، لاین‌ها به‌همراه والدین به چهار گروه تقسیم شدند که گروه سوم با میانگین روز تا رسیدگی فیزیولوژیک ۱۹۴ روز زودرس‌ترین و گروه چهارم شامل دیررس‌ترین لاین‌ها با میانگین روز تا رسیدگی فیزیولوژیک ۲۰۳ روز بودند. براساس تجزیه QTL برای صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و طول دوره پر شدن دانه، چهار QTL شناسایی شد. برای روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، دو QTL روی گروه پیوستگی ناشناخته اول و گروه پیوستگی 1B برای والد مادری مرودشت ضریب تبیین ۱۹/۰۸ درصد و برای طول دوره پر شدن دانه دو QTL روی کروموزوم‌های 1B و 3B با اثر بخشی والد پدری نورستار و ضریب تبیین ۲۲/۴۸ درصد برآورد شد.

نتیجه‌گیری: برای صفات فنولوژیک مورد مطالعه تفکیک متجاوز مشاهده شد. دامنه وراثت‌پذیری عمومی بالا برای این صفات می‌تواند نشان‌دهنده سهم بالای عوامل ژنتیکی در کنترل این صفات باشد. تعدادی لاین با طول دوره رسیدگی کوتاه یا زودرس شناسایی شدند. حفظ و مطالعه این تنوع منحصر به فرد برای توسعه گونه‌هایی با کیفیت بالا که بتوانند در برابر عوامل تنش‌زای زیستی و غیر زیستی مقاومت کنند، ضروری هستند. این عوامل در مواجهه با تغییرات اقلیمی و تخریب محیط زیست به‌طور فزاینده‌ای اهمیت پیدا می‌کنند. QTLهای شناسایی شده روی گروه‌های پیوستگی 1B، 3B و ناشناخته اول قرار داشتند. برای روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، یک QTL روی گروه پیوستگی 1B شناسایی شد که با نشانگر GWM11 پیوستگی شدید نشان داد. این مطالعه اطلاعات ارزشمندی را از جایگاه‌های ژنتیکی آنها که زیر بنای صفاتی مانند روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و طول دوره پرشدن دانه هستند، ارائه می‌دهد که به‌عنوان عوامل مهم در افزایش عملکرد در نظر گرفته می‌شوند. طبق نتایج این مطالعه، انتظار می‌رود که ژنوتیپ‌های ایده‌آل با پایداری بالا، در محیط‌هایی که میزان بارندگی به‌دلیل تغییرات اقلیمی از سالی به سال دیگر نوسان دارد، مرحله ظهور سنبله و روز تا رسیدگی متوسطی داشته باشند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، جایگاه‌های صفات کمی، نقشه پیوستگی

مقدمه

گندم نان (*Triticum aestivum* L.) یک محصول غذایی مهم است که به‌طور گسترده در سطح جهان کشت می‌شود و برای اقتصاد ملی و توسعه اجتماعی اهمیت زیادی دارد (Ma *et al.*, 2023). گندم یکی از منابع غذایی مهمی است که تقریباً ۲۰٪ از کل کالری و پروتئین‌های رژیم غذایی مصرفی انسان را تامین می‌کند (Erenstein *et al.*, 2022). به‌نژادگران ارقام بهبود یافته با حداکثر پتانسیل عملکرد برای کاهش شکاف بین عرضه و تقاضا را معرفی می‌کنند. توسعه کشاورزی و افزایش تولید، به‌دلیل کشت ارقام پر محصول و اصلاح شده که غالبا ساختار ژنتیکی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

مشـــابهی دارند در بیشتر محصولات زراعی از جمله گندم باعث توســعه کشـــاورزی و افزایش تولید خواهند شد (Tian *et al.,* 2021; Haghnazar *et al.,* 2025).

با این‌حال، تغییرات آب و هوایی تهدیدی جدی برای تولید و بهره‌وری گندم در سطح جهان هستند (EL Sabagh *et al.,* 2021). در پاسخ به این تهدید، اولویت دادن به سازگاری گونه‌های گندم با اقلیم‌های آینده در استراتژی‌های اصلاحی ضروری است (Aleliunas *et al.,* 2024). مطالعه شیونگ و همکاران (Xiong *et al.,* 2021) شواهدی را ارائه می‌دهد که تغییرات آب و هوایی بر اصلاح گندم تأثیر میگذارند و ممکن است اثر متقابل ژنوتیپ در محیط را افزایش دهند (Xiong *et al.,* 2021). با این‌حال، اجرای استراتژی‌های اصلاحی تحمل به تنش، به سازگاری گندم با آب و هوای گرم‌تر کمک کرده، فرصت‌هایی را برای دستاوردهای ژنتیکی بیشتر تحت شرایط تغییر اقلیم و پدیده گرمایش جهانی ایجاد می‌کنند (Siti Athirah & Kalaivani, 2024). پیش‌بینی می‌شود که تولید گندم به‌دلیل افزایش دما و کاهش بارندگی در طول فصل زمستان و بهار به عرض‌های جغرافیایی شمالی‌تر محدود شود (Pinke *et al.,* 2022). دمای بالاتر تابستان، دوره پر شدن دانه را کوتاه می‌کند و سبب بروز محدودیت در عملکرد دانه می‌شود (Schittenhelm *et al.,* 2020). عملکرد و کیفیت دانه گندم تحت تأثیر عوامل ژنتیکی و محیطی متعددی تغییر می‌کنند و برای تولید پایدار، ضرورت دارد که محصول بتواند در برابر عوامل استرس‌زای مختلف مقاومت کند (Ayik *et al.,* 2024). صفات مهم اجزای عملکرد از جمله صفات فنولوژیک مانند روز تا ظهور سنبله و روزتا رسیدگی فیزیولوژیک نقش کلیدی در تعیین سازگاری محصول با مناطق مختلف اکولوژیک و ثبات عملکرد دارند (Muhleisen *et al.,* 2014).

این صفات در برنامه‌های اصلاح نباتات کلاسیک به‌عنوان راهکاری مؤثر برای رهایی از تنش خشکی در انتهای فصل استفاده می‌شود. همچنین، روز تا ظهور سنبله گندم از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار است که انتخاب بر اساس این صفت را متمایز می‌نماید (Rathan *et al.,* 2023). ادغام ابزارهای به‌نژادی در روش‌های اصلاحی مرسوم برای تسریع افزایش تاثیر ژنتیکی این صفات در گندم مهم است (Krishnappa *et al.,* 2021; Naseri *et al.,* 2023). این ابزارها برای اصلاح مولکولی شامل شناسایی جایگاه‌های صفات کمی (QTL) برای این صفات مهم در محیط‌های هدف، نقشه‌یابی دقیق QTL و یافتن نشانگرهای مولکولی پیوسته با صفت مطلوب هستند (Soriano *et al.,* 2017). تجزیه و تحلیل QTL در بهبود درک ژنتیکی و تعیین عوامل ژنتیکی کنترل کننده مراحل فنولوژیک در گندم مفید است (Chowdhury *et al.,* 2021). سانا و همکاران (Sanna *et al.,* 2014) QTLهای مختلف مربوط به مدت زمان فنولوژیک را در شرایط مختلف برای گندم در کروموزوم‌های 1B، 2A، 2B، 3B، 4B، 5A، 6A و 7B گزارش کردند. در این راستا، براجه‌فرد و همکاران (Brajeh Fard *et al.,* 2023) جمعیت اینبرد لاین‌های نوترکیب برای نقشه‌یابی QTLهای مرتبط با مدت زمان فنولوژیک در شرایط نرمال و گرمایی طی دو سال مورد استفاده قرار دادند. در مجموع، ۹۳ QTL را در ژنوم گندم شناسایی نمودند که برخی از آن‌ها در دو سال پایدار بودند و برخی دیگر تنها در یک سال اثرات جزئی یا عمده داشتند. آنها بیان کردند که این نتایج، اطلاعات ارزشمندی را درباره ژن‌های کنترل‌کننده مراحل فنولوژیک در گندم نان را فراهم می‌کند و می‌تواند در برنامه‌های اصلاح نبات برای بهبود سازگاری و عملکرد گندم در شرایط گرمایی مورد استفاده قرار گیرد. اطلاعات اندکی در مورد عوامل ژنتیکی مرتبط با مراحل فنولوژیک قبل از مرحله زایش و وابستگی آنها به عملکرد گندم وجود دارد. با این حال، هدف مطالعه حاضر شناسایی لاین‌های زودرس، مکان QTLهای صفات فنولوژیک گندم در یک جمعیت اینبرد لاین‌های نوترکیب، و شناسایی نشانگرهای پیوسته با صفات فنولوژیک جهت استفاده در گزینش به کمک نشانگر بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی: در این مطالعه، ۱۳۱ لاین اینبرد نوترکیب نسل F_6 حاصل از تلاقی ارقام مرودشت (ایرانی، بهاره با ارتفاع بوته متوسط و زودرس به‌عنوان والد مادری) و نورستار (کانادایی، زمستانه، دیررس و پا بلند به‌عنوان والد پدری) مورد استفاده قرار گرفت. لاین‌های اینبرد نوترکیب به‌همراه والدین با استفاده از طرح آلفا لاتیس در پنج بلوک ناقص با دو تکرار در سال زراعی ۱۳۹۸–۹۹ در مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی ارزیابی شدند. هر کرت آزمایشی متشکل از سه خط کاشت به طول ۱ متر و فاصله خطوط کشت ۲۵ سانتی‌متر با تراکم کاشت ۴۰۰ بذر در متر مربع بود. موقعیت جغرافیایی و شرایط آب و هوایی مزرعه تحقیقاتی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی در سال اجرای آزمایش در جدول شماره ۱ نشان داده شده‌اند.

صفات فنولوژیک شامل روز تا آبستنی، روز تا گرده افشانی، روز تا ظهور سنبله، روز تا رسیدگی فیزیولوژیک (فاصلهٔ زمانی کاشت تا زمان رسیدن ۵۰ درصد از هرکرت) و طول دوره پرشدن دانه (تفاضل روز تا رسیدگی فیزیولوژیک از روز تا گرده افشانی) اندازه‌گیری شدند. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین با استفاده از نرم افزار SAS 9.1 و تجزیه کلاستر با استفاده نرم‌افزار JMP 13 انجام شد.

برای تهیه نقشه پیوستگی، در ابتدا چندشکلی والدین با استفاده از ۲۵۶ جفت آغازگر SSR (توالی‌های تکرار ساده) و ۱۰ آغازگر رتروترانسپوزونی IRAP بررسی شد. تعداد ۵۵ جفت آغازگر SSR و هشت آغازگر رتروترانسپوزون چند شکل بین والدین برای غربال جمعیت استفاده گردید. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در دستگاه ترمال‌سایکلر CG-Palm Cycler مدل CG-9600-000 در چهار مرحله انجام شد. مرحله اول شامل یک مرحله واسرشت‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۵ دقیقه، مرحله دوم ۳۵ چرخه شامل واسرشت‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۴۵ ثانیه، اتصال آغازگر در دمای بهینه به‌مدت ۴۵ ثانیه و مرحله آخر توسعه آغازگر به‌مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد انجام شد. مرحله پایانی یا بسط نهایی به‌مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد بود. تجزیه پیوستگی با استفاده از نرم‌افزار JoinMap® 4 با LOD حداقل سه انجام و میزان نوترکیبی با استفاده از تابع هالدن (Haldane, 1994) به فاصله نقشه تبدیل شد. نقشه پیوستگی شامل ۴۷ نشانگر رتروترانسپوزونی و ۵۵ نشانگر SSR با ۲۳ گروه پیوستگی، ۲۱۲۵/۷ سانتی مورگان از ژنوم گندم را پوشش داد. به‌دلیل وجود نشانگرهای لنگر نشانگرهای (SSR)، ۲۱ گروه پیوستگی به کروموزوم‌های 1A تا 7A، 1B تا

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

7B و 1D تا 7D منتسب شد. دو گروه پیوستگی به‌دلیل فقدان نشانگر لنگر با نام گروه‌های پیوستگی ناشناخته ۱ و ۲ (Unknown 1, Unknown 2) معرفی شدند. میانگین فاصله بین نشانگرها روی نقشه پیوستگی ۲۱/۰۴ سانتی‌مورگان بود. مکان‌یابی QTL با روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب (CIM) (Jansen & Stam, 1994) و LOD حداقل دو در نرم‌افزار WinQTL Cartographer ver.2.5 انجام گرفت. رسم گروه‌های پیوستگی همراه با QTLهای شناسایی شده در وب سرور MG2C ver.2.1 به آدرس (http://mg2c.iask.in/mg2c_v2.1) انجام شد (Chao *et al.,* 2021).

جدول ۱- موقعیت جغرافیایی و شرایط آب هوایی مکان آزمایشی در محیط مورد مطالعه
Table 1. The geographical location and weather conditions of the experimental site in the studied environment

ارتفاع از سطح دریا به متر Elevation above sea level (m)	موقعیت جغرافیایی Geographical location	متوسط درجه حرارت سالیانه به سانتی‌گراد Average annual temperature (°C)	متوسط بارندگی سالیانه به میلی‌متر Average annual precipitation (mm)
1319	E:47 07, N:34 30	17.7	409.9

نتایج و بحث

بررسی تنوع در لاین‌ها بر اساس صفات مورد بررسی: تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که بین لاین‌ها از نظر کلیه صفات مورد مطالعه تفاوت معنی‌دار وجود داشت (جدول ۲) که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بین لاین‌ها برای صفات مورد مطالعه بود. تنوع ژنتیکی کمک می‌کند تا جمعیت‌ها با تغییر شرایط اکولوژیکی آشنا شوند. افزایش تنوع احتمال این که افراد مشخصی در یک گروه، آلل‌هایی را که با محیط اطراف خود بهتر سازگار شده‌اند، حفظ کنند، افزایش می‌دهد (Mujtaba *et al.,* 2024). از نظر چهار صفت نیز تفاوت معنی‌دار بین والدین مشاهده شد. نورستار دارای تعداد روز تا آبستنی، روز تا ظهور سنبله، روز تا گرده افشانی و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک بیشتری نسبت به مرودشت بود. لاین‌های۱۰۰، ۱۹، ۸، ۱۱، ۴، ۸۵، ۳۵ و ۱۱۶، با ۱۸۴ تا ۱۹۰ روز در دسته زودرس‌ترین قرار گرفتند. مولوگتا و همکاران (Mulugeta *et al.,* 2023) در بررسی ارقام گندم (در کشور اتیوپی) دریافتند که روز تا رسیدگی فیزیولوژیک گندم بین ۱۲۷-۱۵۳ روز در ۵ محیط با میانگین ۱۳۶ روز متفاوت بود. توسعه ارقام بهبودیافته برای آگرواکولوژی‌های مختلف نیاز به دانش تنوع در روز تا رسیدگی فیزیولوژیک دارد. این دانش نشان می‌دهد که چنین ژنوتیپ‌هایی می‌توانند به‌عنوان پایه‌ای برای توسعه ارقام زودرس مناسب برای کشت در مناطقی که کمبود رطوبت و فصل‌های کوتاه بارانی برای تولید گندم دارند تأثیرگذار باشند. با نگاهی به محدوده صفات در جمعیت اینبرد لاین‌های نوترکیب مشاهده می‌شود که در همه صفات، برخی از لاین‌ها نسبت به والدین ارزش بیشتر یا کمتری داشتند که بیانگر تفکیک متجاوز برای این صفات است.

دامنه وراثت‌پذیری عمومی بالایی (۹۹/۰۵ تا ۹۹/۸۲ درصد) برای این صفات مشاهده شد که نشان‌دهنده سهم بالای ژنتیک در کنترل این صفات است. به طور کلی، صفات با وراثت‌پذیری بالا کمتر تحت تأثیر عوامل محیطی قرار می‌گیرند و بنابراین می‌توانند از طریق انتخاب بر اساس فنوتیپ برای بهبود محصول مورد هدف قرار گیرند. براجه‌فرد و همکاران (Brajeh Fard *et al.,* 2023) نیز در بررسی لاین‌های نوترکیب گندم برای این صفات، دامنه وراثت‌پذیری عمومی بین ۵۵ تا ۹۰ درصد را ثبت کردند. در به‌نژادی گیاهی، با در نظر گرفتن برآوردهای پیشرفت ژنتیکی و وراثت‌پذیری به طور مشترک می‌توان پیشرفت ژنتیکی حاصل از انتخاب افراد مطلوب را به طور موثر تخمین زد (Ararsa *et al.,* 2025). این مطالعه نشان می‌دهد که لاین‌های زودرس و پرمحصول، مناسب کشت در مناطق کم باران در زمان رسیدگی گندم هستند و می‌توانند برای توسعه ارقام زودرس مورد استفاده قرار گیرند.

جدول ۲- خلاصه تجزیه واریانس و مقایسه میانگین در ۱۳۳ ژنوتیپ گندم
Table 2. A summary of the analysis of variance and mean comparisons in the 133 wheat genotypes

طول دوره پر شدن دانه Kernel Filling Period (day)	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک Days To Physiological Maturity (day)	روز تا گرده افشانی Day To Anthesis (day)	روز تا ظهور سنبله Day To Heading (day)	روز تا آبستنی Day To Booting (day)	
47,58,111,29,110	153,74,83,156,96	81,150,69,153,59	81,141,153,61,71	153,147,137,6, 25	شماره ژنوتیپ Genotypes No[a].
23,16,81,69,101	100,19,155,8,114	155,8,47,114,115	155,85,8,144,107	155,8,53,114, 115	شماره ژنوتیپ Genotypes No[b]
24.22	199.29	175.07	167.82	159.98	میانگین (n = 133) Mean
14.94	184.98	166.55	157.01	150.56	کمترین (Minimum)
31.98	210.23	186.99	176.99	171.54	بیشترین (Maximum)
**	**	**	**	**	F test
1.76	0.30	0.20	0.26	0.21	ضریب تغییرات (C.V٪)
0.84	1.20	0.86	0.73	0.67	LSD 5%
99.33	99.05	99.82	99.54	99.71	وراثت‌پذیری عمومی Broad-sense heritability (h_b^2)

F test: ** Significant at the 1% probability level

آزمون F برای لاین‌ها: ** معنی‌دار در سطح یک درصد.

a, b: This row shows the lines with following property: (Mean ± 1.5 STDEV)

a، b: این ردیف‌ها ژنوتیپ‌هایی با ویژگی میانگین کمتر و بیشتر از خطای استاندارد را نشان می‌دهد.

The maternal parent of Marvdasht is coded 155, and the paternal parent of Norstar is coded 156.

والد مادری مرودشت با کد ۱۵۵ و والد پدری نورستار با کد ۱۵۶ نام‌گذاری شده‌اند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

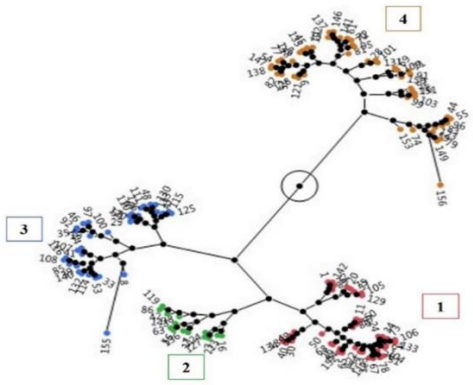
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

تجزیه خوشه‌ای: گروه‌بندی لاین‌ها و والدین با استفاده از میانگین صفات مورد مطالعه و براساس F کاذب برآوردشده، ۱۳۱ لاین و دو والد مرودشت و نورستار را به چهار گروه منتسب کرد (شکل ۱). گروه سوم شامل ۳۲ لاین به‌همراه والد مرودشت (کد ۱۵۵) زودرس‌ترین و گروه چهارم مشتمل بر والد پدری نورستار (کد ۱۵۶) به‌همراه ۴۶ لاین، دیررس‌ترین گروه‌ها بودند. فنولوژی ارقام گندم (به‌ویژه چرخه زراعی) نقش مهمی را ایفا می‌کند و تحمل آن‌ها را نسبت به تغییرات آب و هوایی در رابطه با حفظ عملکرد تعدیل می‌کند. بنابر این، روز تا گلدهی یا روز تا رسیدن رابطه مهمی با عملکرد گندم دارند و به‌شدت تحت تاثیر دما هستند (Gomes *et al.*, 2025). با این‌حال، مهم است که توجه داشت که تغییر آب و هوا با افزایش دما، روز تا رسیدگی به‌طور جدی‌تری نسبت به روز تا گلدهی تحت تأثیر قرار می‌گیرد، دوره پرشدن دانه را به‌میزان قابل‌توجهی کاهش می‌دهد و لذا عملکرد دانه را تا حد زیادی کوتاه می‌کند (Zeleke, 2021). گیاهان با کمک یک دوره کاشت ایده‌آل می‌توانند به عملکرد مطلوب دست یابند. گندمی که به موقع کاشته می‌شود می‌تواند تعداد پنجه، تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله و وزن دانه بیشتری تولید کند که همه اینها به افزایش عملکرد کمک می‌کنند (Younus *et al.*, 2024). به‌طور کلی، شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و اثرگزار با رسیدگی سریع تر در شرایط گرما، راهبردی مؤثر برای مقابله با تبعات منفی گرمایش جهانی بر تولید گندم است.

جدول ۳- میانگین ارزش صفات ژنوتیپ‌های گندم در چهار خوشه

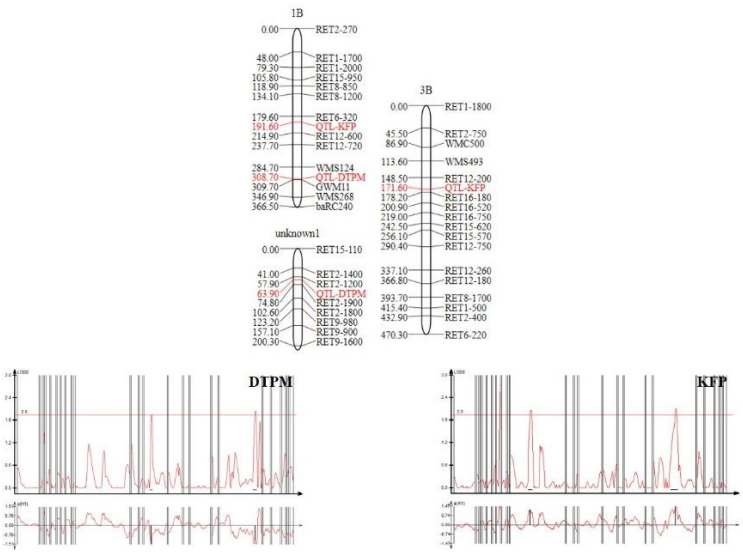
Table 3. Mean values of the traits in the four clusters of wheat genotypes

خوشه Cluster	تعداد Number	روز تا آبستنی Day To Booting (day)	روز تا ظهور سنبله Day To Heading (day)	روز تا گرده افشانی Day To Anthesis (day)	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک Days To Physiological Maturity (day)
1	39	159.154	165.770	172.640	197.326
2	14	158.643	169.642	178.103	201.160
3	33	154.318	160.982	167.188	194.700
4	47	165.053	173.712	181.727	203.613



شکل ۱- نمودار تجزیه خوشه‌ای لاین‌های F_6 گندم نان (مرودشت × نورستار) بر اساس صفات مورد بررسی با استفاده از روش Ward

Figure 1. The cluster dendrogram of the beard wheat F_6 lines (Marvdasht × Nurstar) based on the recorded traits using the Ward method



شکل ۲- تجزیه QTL برای صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و طول دوره پر شدن دانه به روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب با استفاده از نرم‌افزار WinQTLCartographer 2.5.

Figure 2. QTL analysis for days to physiological maturity and the kernel filling period by compound distance mapping using WinQTLCartographer 2.5 software.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

برای تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، دو QTL روی گروه پیوستگی ناشناخته اول به فاصله ۶ سانتی‌مورگان از نشانگر *RET2-1200* و گروه پیوستگی 1B به فاصله یک سانتی‌مورگان از نشانگر *GWM11* به ترتیب با ضریب تبیین ۱۱/۵۸ و ۷/۵۰ درصد موقعیت‌یابی شد. در این جایگاه‌ها، والد مرودشت حامل آلل زودرسی بود. برای طول دوره پرشدن دانه، دو QTL روی کروموزوم‌های 1B و 3B ردیابی شدند که ۲۲/۴۸ درصد تغییرات این صفت را تبیین کردند (جدول ۴ و شکل ۲). لاین‌های حامل آلل از والد نورستار دارای طول دوره پرشدن دانه طولانی‌تر در مقایسه با لاین‌های حامل آلل مرودشت بودند.

بوراس گلونچ و همکاران (Borras Gelonch *et al.,* 2012) مراحل فنولوژیک را بررسی و گزارش کردند که کروموزوم 2D حامل QTLهای مهم مراحل فنولوژیک بود. شارما و همکاران (Sharma *et al.,* 2016) QTLهای روز تا رسیدگی را در کروموزوم‌های 1B و 5A در شرایط گرمایی گزارش کردند. یونس و همکاران (Younus *et al.,* 2024) در مجموع شش QTL برای روز تا ظهور سنبله در کروموزوم‌های 2B، 5A، 5B و 7D شناسایی کردند. همچنین، گزارش‌های قبلی برخی از QTLهای مربوط به روز تا رسیدگی را در کروموزوم‌های (Ain et al, 2015؛ Ren *et*)، 5A (Gahlaut *et al.,* 2019)، 2B (Li *et al.,* 2019 *al.,* 2021) 5B، و (Chen *et al.,* 2020) 7D گزارش کردند (Isham *et al.,* 2021; Alemu *et al.,* 2021). چن و همکاران (Chen *et al.,* 2015)، در بررسی ۱۸۷ اینبرد لاین نوترکیب طی سه سال، صفات فنولوژی و مورفولوژی را بررسی کردند. در مجموع، ۲۱ QTL برای تمام صفات ثبت شده شناسایی شدند. دو QTL برای زودرسی بر روی کروموزوم‌های 1A(-QEps.dms) 1A و 4A(-QEps.dms) 4A در هر سه فصل رشد نقشه‌یابی شدند که به‌ترتیب ۲۷–۱۵ و ۱۰–۸ درصد از کل تنوع ژنتیکی برای صفت روز تا رسیدگی نقش داشتند. دو QTL اولیه و آلل غالب Vrn-B1 برای تعداد روزها تا ظهور سنبله، گلدهی و رسیدگی اثر افزایشی را نشان دادند. لاین‌های حامل آلل‌های غالب در این سه جایگاه، به‌ترتیب ۱/۷، ۱/۹ و ۴ روز زودتر گل دادند و به مرحله رسیدگی رسیدند، اما ۰/۴۳ تن در هکتار کمتر از لاین با آلل‌های مغلوب عملکرد داشتند (Chen *et al.,* 2015).

راتاهان و همکاران (Rathan *et al.,* 2023)۱۹۰ اینبرد لاین نوترکیب را با استفاده از ۹۰۹ نشانگر *DArT* مورد بررسی قرار دادند. در مجموع، ۳۷ مکان صفت کمی جدید (QTL) به‌دست آمدند که پنج مکان برای روز تا رسیدگی فیزیولوژی در کروموزوم‌های 2B، 5A، 5B، 6A و 7D شناسایی شدند. گزارش‌های قبلی برخی از QTLهای مرتبط با صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیکی را در موقعیت‌های مختلف روی کروموزوم‌های 2B، 5A، 6A و 7D شناسایی کردند (Gahlaut *et al.,* 2019; Sheoran *et al.,* 2019). کین و همکاران (Qin *et al.,* 2024) یک QTL بزرگ اثر پایدار را برای طول دوره پرشدن دانه روی کروموزوم 1BL با واریانس ۴/۷۶ تا ۲۱/۱۵ درصد شناسایی کردند. در ارتباط با صفات فنولوژیک، فوکیوت و همکاران (Fourquet *et al.,* 2024) روی کروموزوم‌های 4A، 1B، 4B و 1D، هفده QTL را شناسایی کردند. بنابر این، شناسایی جایگاه‌های ژنتیکی یا ژن‌هایی که طول دوره پر شدن دانه را کنترل می‌کنند می‌تواند به اصلاح مؤثر ارقام گندم پرمحصول و زودرس کمک کند (Haixia *et al.,* 2022).

QTL شناسایی شده برای روز تا رسیدگی فیزیولوژیک در این پژوهش روی گروه پیوستگی 1B در فاصله کمتر از ۵ سانتی‌مورگان از نشانگر مجاور *GWM11* قرار داشت. هرچه فاصله نشانگر از یک QTL کمتر باشد پیوستگی شدیدتر است، لذا این دو با هم در نتاج به ارث می‌رسند. با افزایش فاصله، احتمال وقوع نوترکیبی بیشتر می‌شود و ممکن است نشانگر و QTL به‌صورت مستقل تفکیک شوند. نشانگر با پیوستگی شدید با QTL می‌تواند به‌عنوان معیارهای انتخاب غیرمستقیم برای گزینش ژنوتیپ‌ها و وارد کردن آلل‌های برتر برای توسعه ارقام مطلوب از طریق فرآیند انتخاب به‌کمک نشانگر (Marker-Assisted Selection) (MAS) استفاده شود (Yadava *et al.,* 2023). هرچند که استفاده از MAS برای بهبود صفات پیچیده و چندژنی نسبت به دستکاری صفات ساده و کیفی پیچیده‌تر و کمتر مؤثر است، اما با پیشرفت‌های اخیر در فنآوری مانند ژنوتیپ‌یابی با توان عملیاتی بالا، همراه با توسعه جمعیت‌های نقشه‌یابی انتظار می‌رود کاربرد آن برای به‌نژادی صفات چندژنی افزایش یابد (Yadava *et al.,* 2023; Ashraf *et al.,* 2012). برخی جایگاه‌های کمی شناسایی شده در این تحقیق در موقعیت‌های متفاوتی نسبت به سایر تحقیقات قرار داشتند. این تفاوت در شناسایی QTLها می‌تواند ناشی از تعداد ژن‌های کنترل کننده صفت هدف و موقعیت آن‌ها، وراثت‌پذیری ژن‌های تفکیک شده در جمعیت نقشه‌یابی، نوع و اندازه جمعیت نقشه‌یابی، نوع و تعداد نشانگرهای وارد شده به نقشه پیوستگی، فنوتیپ جمعیت نقشه‌یابی و حجم نمونه، عوامل محیطی و خطاهای آزمایشی در ارزیابی فنوتیپی و ژنوتیپی جمعیت باشد. این نتایج اطلاعات ارزشمندی را در باره ژن‌های کنترل‌کننده مراحل فنولوژیک در گندم نان فراهم می‌کنند و می‌توانند در برنامه‌های اصلاح نژاد برای بهبود سازگاری و عملکرد گندم در شرایط گرمایی مورد استفاده قرار گیرند. به طور کلی، شناسایی و استفاده از QTLهای پایدار و اثرگذار در شرایط گرما، راهکاری مؤثر برای مقابله با تنش گرمایی بر تولید گندم است (Brajeh Fard *et al.,* 2023).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

جدول ۴- QTLهای اصلی شناسایی شده به‌روش مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب برای صفات مورد بررسی در لاین‌های جمعیت F_6 حاصل از تلاقی مرودشت و نورستار با استفاده از نرم‌افزار WinQTLCartographer 2.5

Table 4. Main QTLs identified by the Composite Interval Mapping method for the studied traits in F_6 population lines resulting from the cross of Marvdasht and Norstar using WinQTLCartographer 2.5 software

R^2	والد اثربخش Effective parent	اثر افزایشی Additive effect	LOD	فاصله از نزدیکترین نشانگر (cM) Distance from the nearest marker	نشانگرهای مجاور Adjacent markers		موقعیت Position (cM)	گروه پیوستگی Linkage group	نام QTL QTL Name	صفت Trait	شماره Number
11.58	مرودشت Marvdasht	-1.49	2.02	6.00	RET2-1900	RET2-1200	63.90	Unknown1	qDTPM-Un1	DTPM	1
7.50	مرودشت Marvdasht	-1.21	2.04	1.00	GWM11	WMS124	308.70	1B	qDTPM-1B		2
8.63	نورستار Norstar	1.13	2.07	6.70	RET16-180	RET12-200	171.50	3B	qKFP-3B	KFP	3
13.85	نورستار Norstar	1.43	2.11	12.00	RET12-600	RET6-320	191.60	1B	qKFP-1B		4

R^2 یا ضریب تبیین (درصد) بخشی از واریانس فنوتیپی است که توسط QTL توجیه می‌شود. زیر نشانگری که فاصله کمتری با QTL دارد خط کشیده شده است. DTPM: روز تا رسیدگی فیزیولوژیک؛ KFP: طول دوره پر شدن دانه.

R^2 The coefficient of explanation (%) is the portion of phenotypic variance explained by the QTL. The marker with the lowest subsequence with the QTL is underlined. DTPM: Days To Physiological Maturity; KFP: Kernel Filling Period.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

نتیجه‌گیری کلی

در این مطالعه، بین لاین‌های جمعیت F_6 تنوع فنوتیپی بالایی برای صفات فنولوژیک مشاهده شد. تعدادی لاین با میانگین بیشتر و کمتر نسبت به والدین برای این صفات شناسایی شدند. لاین‌های زودرس می‌توانند برای انتخاب در مناطقی با گرمای شدید و یا بارش ناکافی در انتهای فصل گزینش شوند. این صفات وراثت‌پذیری بالایی را نشان دادند؛ بنابر این، انتخاب می‌تواند در اصلاح و گزینش لاین‌های برتر موثر باشد. برای روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، دو QTL با اثر بخشی والد مادری شناسایی شدند. برای اثر والد پدری در ارتباط با طول دوره پر شدن دانه، دو QTL مشاهده شدند. گروه پیوستگی 1B دارای دو QTL مربوط به روزتا رسیدگی فیزیولوژیک و طول دوره پر شدن دانه بود. این جایگاه در پژوهش‌های متعددی تأیید شد که می‌تواند بیانگر مناطق ژنومی موثر این صفات در محیط‌های مختلف باشد و با توجه به ارتباط و همبستگی بالای این صفات می‌تواند منجر به جابه‌جایی همزمان این صفات از والدین به نتاج شود. برای روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، یک QTL روی گروه پیوستگی 1B شناسایی شد که با نشانگر GWM11 پیوستگی شدید داشت. ژرم‌پلاسم گندم دارای آلل‌های ارزشمندی است و ارتباطات شناسایی‌شده ممکن است در بهبود ژرم‌پلاسم گندم تحت شرایط گرمایی مفید باشند.

References

Ain, Q. U., Rasheed, A., Anwar, A., Mahmood, T., Imtiaz, M., Xia, X., He, Z., & Quraishi, U. M. (2015). Genome-wide association for grain yield under rainfed conditions in historical wheat cultivars from Pakistan. *Frontiers in Plant Science*, 6, 743. https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00743

Aleliunas, A., Gorash, A., Armoniene, R., Tamm, I., Ingver, A., Bleidere, M., Fetere, V., Kollist, H., Mroz, T., Lillemo, M., & Brazauskas, G. (2024). Genome-wide association study reveals 18 QTL for major agronomic traits in a Nordic–Baltic spring wheat germplasm. *Plant Science*, 15, 1393170. https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2023.1393170

Alemu, A., Suliman, S., Hagras, A., Thabet, S., Al-Abdallat, A., Abdelmula, A. A., & Tadesse, W. (2021). Multi-model genome-wide association and genomic prediction analysis of 16 agronomic, physiological and quality-related traits in ICARDA spring wheat. *Euphytica*, 217, 205. https://doi.org/10.1007/s10681-021-02904-8

Ararsa, L., Mulugeta, B., Geleta, N., Nigusse, M., Bekele, E., & Geleta, M. (2025). Phenological, physiological, and agronomic trait variation and heritability in durum wheat (*Triticum turgidum* L. ssp. durum Desf.) genotypes. *African Journal of Agricultural Research*, 21(2), 87–101.

Ashraf, M., Akram, N. A., Mehboob-ur-Rahman, & Foolad, M. R. (2012). Marker-assisted selection in plant breeding for salinity tolerance. In S. Shabala & T. A. Cuin (Eds.), Plant salt tolerance: Methods and protocols (305–332). *Springer*. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-986-0_19

Ayik, B., Güleç, T., Aydın, N., Türkoglu, A., & Bocianowski, J. (2024). Pre-harvest sprouting resistance in bread wheat: A speed breeding approach to assess dormancy QTL in backcross lines. *Plants*, 13, 3437. https://doi.org/10.3390/13243437

Borras Gelonch, G., Rebetzke, G. J., Richards, R. A., & Romagosa, I. (2012). Genetic control of duration of pre-anthesis phases in wheat (*Triticum aestivum* L.) and relationships to leaf appearance, tillering, and dry matter accumulation. *Journal of Experimental Botany*, 63, 69–89. https://doi.org/10.1093/jxb/err258

Brajeh Fard, M., Siahpoosh, M. R., & Modarresi, M. (2023). Mapping the QTLs associated with pre- and post-anthesis developmental stages of wheat under normal and heat conditions. *Research Square*, 1–9. https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-1234567/v1

Chao, J., Li, Z., Sun, Y., Aluko, O. O., Wu, X., Wang, Q., & Liu, G. (2021). MG2C: A user-friendly online tool for drawing genetic maps. *Molecular Horticulture*, 1, 16. https://doi.org/10.1186/s43897-021-00016-2

Chen, H., Bemister, D. H., Iqbal, M., Strelko, S. E., & Spaner, D. M. (2020). Mapping genomic regions controlling agronomic traits in spring wheat under conventional and organic managements. *Crop Science*, 60, 2038–2052. https://doi.org/10.1002/csc2.20183

Chen, H., Iqbal, M., Perez-Lara, E., Yang, R., Pozniak, C., & Spaner, D. (2015). Earliness per se quantitative trait loci and their interaction with Vrn-B1 locus in a spring wheat population. *Molecular Breeding*, 35, 182. https://doi.org/10.1007/s11032-015-0232-4

Chowdhury, M. K., Hasan, M. A., Bahadur, M. M., Islam, M. R., Hakim, M. A., Iqbal, M. A., Javed, T., Raza, A., Shabbir, R., Sorour, S., Norhan, E. M., Anwar, S., Alamri, S., El Sabagh, A., & Islam, M. S. (2021). Evaluation of drought tolerance of some wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes through phenology, growth, and physiological indices. *Agronomy*, 11, 1792. https://doi.org/10.3390/agronomy11091792

EL Sabagh, A., Islam, M.S., Skalicky, M., Raza, M.A., Singh, K., Anwar Hossain, M., Hossain, A., Mahboob, W., Iqbal, M.A., & Ratnasekaera, D. (2021). Salinity Stress in Wheat (Triticum aestivum L.) in the Changing Climate: Adaptation and Management Strategies. *Frontiers in Agronomy*, 3, 661932. https://doi.org/10.3389/fagro.2021.661932

Erenstein, O., Jaleta, M., Mottaleb, K.A., Sonder, K., Donovan, J., & Braun, H. J. (2022). Global trends in wheat production, consumption and trade. In Wheat Improvement: Food Security in a Changing Climate; Springer International Publishing: Cham, Switzerland. 47–66. https://doi.org/10.1007/978-3-030-90673-3_4

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

Fourquet, L., Barber, T., Campos-Mantello, C., Howell, P., Orman-Ligeza, B., Percival-Alwyn, L., Rose, G.A., Sheehan, H., Wright, T.I.C., Longin, F., Wurschum, T., Novoselovic, D., Greenland, A.J., Mackay, I.J., Cockram, J. & Bentley, A.R. (2024). An eight-founder wheat MAGIC population allows fine-mapping of flowering time loci and provides novel insights into the genetic control of flowering time. *Theoretical and Applied Genetics*, 137(12):277. https://doi.org/10.1007/s00122-024-04787-7

Gahlaut, V., Jaiswal, V., Singh, S., Balyan, H.S., & Gupta, P.K. (2019). Multi-locus genome wide association mapping for yield and its contributing traits in hexaploid wheat under diferent water regimes. *Scientific Reports*, 9, 19486. https://doi.org/s41598-019-55520-0

Gomes, M. C., Costa, R. Rodrigo, S. Rolo, V. Pinheiro, N. Bagulho, A. S. Costa, A., & Maças, B. (2025). Wheat Phenology and Yield in a Mediterranean Scenario of Climate Change. Triticum - The Pillar of Global Food Security. https://doi.org/10.5772/intechopen.1009841

Haghnazar, M., Fazeli, A., & Arminian, A. . (2025). Evaluation of cultivar diversity and correlation analysis of some agronomic characteristics in bread wheat. *Crop Production Journal*, 17, 41-66. https://doi.org/10.22069/EJCP.2025.22414.2625

Haixia, Y., Xi-xian, D., Ai-qing, S., Xiao-xiao, S., Jing-juan, Z., Hua-qing, S., Yan-yan, S., Tang-yuan, N., Ji-chun, T., Dong-xue, W., Hao, L., Ke-xin, F., Ai-ping, W., Wu-jun, M. & Jian-sheng, C. (2022). Genetic dissection of the grain-filling rate and related traits through linkage analysis and genome-wide association study in bread wheat. *Journal of Integrative Agriculture,* 21(10), 2805-2817. https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.07.032

Haldane, J. (1919). The mapping function. *Journal of Genetics*, 8. https://doi.org/10.1007/s10709-008-9287-1

Isham, K., Wang, R., Zhao, W., Wheeler, J., Klassen, N., Akhunov, E., & Chen, J. (2021). QTL mapping for grain yield and three yield components in a population derived from two high-yielding spring wheat cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 134, 2079–2095. https://doi.org/10.1007/s00122-021-03806-1

Jansen, R. C., & Stam, P. (1994). High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping. *Genetics*, 136(4), 1447-55. https://doi.org/10.1093/genetics/136.4.1447

Krishnappa, G., Savadi, S., Tyagi, B.S., Singh, S.K., Mamrutha, H.M., Kumar, S., Mishra, C.N., Khan, H., Gangadhara, K., & Uday, G. (2021). Integrated genomic selection for rapid improvement of crops. *Genomics*, 113(3), 1070-1086. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.02.007

Li, F., Wen, W., Liu, J., Zhang, Y., Cao, S., He, Z., Rasheed, A., Jin, H., Zhang, C., & Yan, J. (2019). Genetic architecture of grain yield in bread wheat based on genome-wide association studies. *BMC Plant Biology*, 19, 168. https://doi.org/10.1186/s12870-019-1781-3

Ma, J., Liu, Y., Zhang, P., Chen, T., Tian, T., Wang, P., Che, Z., Shahinnia, F., & Yang, D. (2023). Identification of quantitative trait loci (QTL) and meta-QTL analysis for kernel size-related traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Plant Biology*, 22, 607. https://doi.org/10.1186/s12870-022-03989-9

Muhleisen, J., Piepho, H.P., Maurer, H.P., Longin, C.F.H., & Reif, J.C. (2014). Yield stability of hybrids versus lines in wheat, barley, and triticale. *Theoretical and Applied Genetics*, 127(2), 309-16. doi: 10.1007/s00122-013-2219-1

Mujtaba, H., Jabeen, N., Younis, M.A., Iqbal, A., Saeed, W., Shahzad, Z., Faisal, M.K., Sidduqe, U., Khan, B., Khan, M.S., & Khizar, N.Z. (2024). Exploring the Genetic Variability and Traits Interaction to Enhance Wheat Yield. *Planta Animalia*, 3(1), 93-99. https://doi.org/10.71454/PA.003.01.0042

Mulugeta, B., Tesfaye, K., Ortiz, R., Johansson, E., Hailesilassie, T., Hammenhag, C., Hailu, F., & Geleta, M. (2023). Marker-trait association analyses revealed major novel QTLs for GYD and related traits in durum wheat. *Frontiers in Plant Science*, 13. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1009244

Naseri, R., Cheghamirza, K., Mohammadi, R., Zarei, L., & Beheshti Aleagha, A. (2023). Localization of QTLs controlling flagleaf and peduncle related traits in durum wheat. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 2(1), 42-63. https://doi.org/10.22126/cbb.2023.8638.1030 [In Persian]

Pinke, Z., Decsi, B., Jambor, A., Kardos, M. K., Kern, Z., & Kozma, Z. (2022). Climate change and modernization drive structural realignments in European grain production. *Scientific Reports*, 12, 7374. https://doi.org/10.1038/s41598-022-10670-6

Qin, R., Cao, M., Dong, J., Chen, L., Guo, H., Guo, Q., Cai, Y., Han, L., Huang, Z., Xu, N., Yang, A., Xu, H., Wu, Y., Sun, H., Liu, X., Ling, H., Zhao, C., Li, J., & Cui, F. (2024). Fine mapping of a major QTL, qKl-1BL controlling kernel length in common wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 137, 4037–4062. https://doi.org/10.1007/s11426-024-2179-6

Rathan, N. D., Krishnappa, G., Singh, A.M., & Govindan, V. (2023). Mapping QTL for Phenological and Grain-Related Traits in a Mapping Population Derived from High-Zinc-Biofortified Wheat. *Plants*, 12(1), 220. https://doi.org/10.3390/plants12010220

Ren, T., Fan, T., Chen, S., Li, C., Chen, Y., Ou, X., Jiang, Q., Ren, Z., Tan, F., & Luo, P. (2021). Utilization of a Wheat 55K SNP array-derived high-density genetic map for high-resolution mapping of quantitative trait loci for important kernel-related traits in common wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 134(3), 807-821. https://doi.org/10.1007/s00122-020-03732-8

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]

Sanna, G., Giunta, F., Motzo, R., Mastrangelo, A.M., & De, V.P. (2014). Genetic variation for the duration of pre-anthesis development in durum wheat and its interaction with vernalization treatment and photoperiod. *Journal of Experimental Botany*, 65(12), 3177-88. https://doi.org/10.1093/jxb/eru170

Schittenhelm, S., Langkamp-Wedde, T., Kraft, M., Kottmann, L., & Matschiner, K. (2020). Effect of two-week heat stress during grain filling on stem reserves, senescence, and grain yield of European winter wheat cultivars. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 206, 722-733. https://doi.org/10.1111/jac.12410

Sharma, D.S.R., Rane J, Gupta, V.K., Mamrutha, H.M., & Tiwari, R. (2016). Mapping quantitative trait loci associated with grain lling duration and grain number under terminal heat stress in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Breeding*, 35(5), 538-545, https://doi.org/10.1111/pbr.12405

Sheoran, S., Jaiswal, S., Kumar, D., Raghav, N., Sharma, R., Pawar, S., Paul, S., Iquebal, M.A., Jaiswar, A., & Sharma, P. (2019). Uncovering genomic regions associated with 36 agro-morphological traits in Indian spring wheat using GWAS. *Front Plant Science*, 10, 527. https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00527

Siti Athirah, B. I., & Kalaivani, K.N. (2024). Meta-Analysis of Quantitative Trait Loci (QTL) for Growth and Yield Related Traits under Drought Stress in Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Advanced Research in Computing and Applications*, 37(1), 1-20. https://doi.org/10.37934/arca.37.1.120

Soriano, J. M., Malosetti, M., Roselló, M., Sorrells, M.E., & Royo, C. (2017). Dissecting the old Mediterranean durum wheat genetic architec- ture for phenology, biomass and yield formation by association mapping and QTL meta-analysis. *PLoS ONE*, 12. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0178290

Tian, Z., Wang, J. W., Li, J., & Han, B. (2021). Designing future crops: challenges and strategies for sustainable agriculture. *Plant Journal*, 105. 1165-1178. https://doi.org/10.1111/tpj.15107

Xiong, W., Reynolds, M. P., Crossa, J., Schulthess, U., Sonder, K., & Montes, C. (2021). Increased ranking change in wheat breeding under climate change. *Nature Plants*, 7(9), 1207-1212. https://doi.org/10.1038/s41477-021-00988-w

Yadava, Y. K., Chaudhary, P., Yadav, S., Rizvi, A.H., Kumar, T., Srivastava, R., Soren, K.R., Bharadwaj, C., Srinivasan, R., Singh, N.K., & Jain, P.K. (2023). Genetic mapping of quantitative trait loci associated with drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Scientific Reports*, 13(1), 17623. doi: 10.1038/s41598-023-44990-y

Younus, S., Saeed, M.U., & Sajid, M. (2024). Assessment of Phenological and Physiological Traits in Wheat under Normal and Delayed Sowing Conditions. *Journal of Biological and Agricultural Advancements*, 7(12), 464-469. https://doi.org/10.33545/2618060X.2024.v7.i12f.2197

Zeleke, K. (2021). Simulating agronomic adaptation strategies to mitigate the impacts of climate change on wheat yield in South-Eastern Australia. *Agronomy*, 11(2), 337. https://doi.org/10.3390/agronomy11020337

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1635]