



ارزیابی لاین‌های اوتایپ جدید چغندرقد مقاوم به بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی ریشه و طوقه در شرایط آلودگی مصنوعی میکروپلات

Evaluation of new O-type lines of sugar beet resistant to root and crown rhizoctonia rot in the conditions of microplot artificial contamination

حمزه حمزه^{۱*}، حامد منصوری^۱، مهدی حسنی^۲ و سعید صادق‌زاده حمایتی^۳

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۱۱/۳۰ : تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۲/۲۴

نوع مقاله: پژوهشی

DOI:10.22092/jsb.2024.365029.1347

ح. حمزه، ح. منصوری، م. حسنی و س. صادق‌زاده حمایتی. ۱۴۰۲. ارزیابی لاین‌های اوتایپ جدید چغندرقد مقاوم به بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی ریشه و طوقه در شرایط آلودگی مصنوعی میکروپلات. چغندرقد، ۳۹(۲): ۱۳۸-۱۲۵.

چکیده

پوسیدگی طوقه و ریشه چغندرقد تهدیدی جدی برای تولید و صنعت چغندرقد است. مهم‌ترین راهکار مقابله با آن، استفاده از ارقام مقاوم است. به‌منظور شناسایی و گروه‌بندی لاین‌های اوتایپ جدید مقاوم به قارچ عامل بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی ریشه و طوقه چغندرقد (*Rhizoctoniasolani*)، تعداد ۸۳ لاین اوتایپ جدید به همراه سه ژنوتیپ شاهد مقاوم (Novodro و SB-709) و حساس (191) در محیط میکروپلات در همدان و در سال ۱۴۰۲ مورد ارزیابی قرار گرفتند. دو ماه پس از کشت از جدایه *Rh133* با گروه آناستوموزی AG2-2 تکثیر شده بر روی دانه‌های ذرت، برای آلوده‌سازی مصنوعی بوته‌ها استفاده شد. در انتهای فصل رشد، ریشه‌ها برداشت و بر اساس مقیاس یک تا نه نمرده‌دهی انجام و شاخص‌های بیماری و برداشت بر مبنای آن محاسبه شدند. در این تحقیق میانگین تعداد ریشه، شاخص بیماری و شاخص برداشت برای توده ژنتیکی مورد بررسی به ترتیب برابر ۱۷/۱۶، ۴/۰۵ و ۱۷/۱۸ بود، اوتایپ‌های ۵ (OT010245)، ۳۲ (OT010277)، ۸۰ (OTHSF-010041) در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌ها تعداد ریشه و شاخص برداشت بالاتر و شاخص بیماری پایین‌تری را کسب کردند، از نظر شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده آل مشخص شد اوتایپ‌های شماره ۳۶ (OT010282)، ۳۲ (OT010277)، ۵ (OT010245)، ۸۰ (OTHSF-010041)، ۲۸ (OT010273) و ۱ (OT010240) نزدیک‌ترین اوتایپ به اوتایپ ایده‌آل از نظر تعداد ریشه، شاخص بیماری و شاخص برداشت بودند. اوتایپ‌های شماره ۵ (OT010245)، ۸۰ (OTHSF-010041)، ۳۲ (OT010277) و ۳۶ (OT010282) در کلاستری قرار گرفتند که در مقایسه با سه گروه دیگر به‌صورت معنی‌داری از شاخص بیماری کمتر و شاخص برداشت بالاتر و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده آل نزدیک‌تر به (یک) برخوردار بودند. همچنین تجزیه بای‌پلات بر اساس دو مؤلفه اول نشان داد که اوتایپ‌های ۸۰ (OTHSF-010041)، ۱ (OT010240)، ۲۸ (OT010273)، ۵ (OT010245)، ۳۲ (OT010277) و ۳۶ (OT010282) در موقعیت مناسبی از بای‌پلات از نظر شاخص‌های مقاومت قرار گرفتند. در نهایت اوتایپ‌های شماره ۵ (OT010245)، ۸۰ (OTHSF-010041) و ۳۲ (OT010277) به‌عنوان پایه‌های مادری مقاوم برای برنامه‌های آتی به‌نژادی شناسایی شدند.

واژه‌های کلیدی: اوتایپ، شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده آل، شاخص بیماری، میکروپلات

†- این مقاله مستخرج از پروژه تحقیقاتی به شماره مصوب « ۲-۶۳-۰۲-۰۰۴-۰۲۰۱۰۰ » است.

۱- استادیار بخش تحقیقات چغندرقد، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان همدان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، همدان، ایران.

*- نویسنده مسئول hamze_606@yahoo.com



۲- استادیار مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندرقد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

۳- دانشیار مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندرقد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

مقدمه

چغندر قند (*Beta vulgaris* L.)، متعلق به خانواده Amaranthaceae، یک محصول دو ساله است، این محصول پس از نیشکر (*Saccharum of Ficinorum*) مهم‌ترین گیاهی است که قند از ریشه یک ساله آن استخراج می‌شود (Mall et al. 2021). چغندر قند حساسیت بالایی به بیمارهای مختلف دارد، این بیماری‌ها می‌توانند به گیاه آسیب وارد آورده و پتانسیل عملکرد این محصول را به صورت قابل توجهی کاهش دهند (Misra et al. 1991; Cattanaach et al. 2022). چغندر قند به بیش از ۲۰ عامل بیماری‌زای قارچی و ۱۰ عامل بیماری‌زای باکتریایی حساس است که اغلب از طریق علائم برگ‌ها ظاهر می‌شوند (Harveson et al. 2009). در میان این عوامل بیماری‌زا، ریزوکتونیا (*Rhizoctonia* spp.) یک قارچ خاک‌زاد است که در بسیاری از مناطق چغندرکاری دنیا شایع است، این بیمارگر باعث بیماری‌های پوسیدگی ریشه و طوقه و کاهش عملکرد اقتصادی محصول می‌شود (Inokuti et al. 2019; Mall et al. 2020).

بیماری‌های پوسیدگی ریشه یک عامل محدودکننده در تولید چغندر قند با استانداردهای کیفی مطلوب است (Bruhns et al. 2004). این بیماری موجب کاهش وزن ریشه، کاهش درصد استحصال قند و همچنین کاهش کیفیت محصول طی دوره انبارمانی این محصول می‌شود (Hofmann 2010). میزان خسارت این قارچ به محصول با توجه به شرایط آب و هوایی منطقه متغیر است (Jacobsen 2006). تلفات محصول از صفر تا ۵۰ درصد یا حتی ۵۰ تا ۶۰ درصد و گاهی اوقات از بین بردن کامل محصول با توجه به شدت عفونت قارچی برآورد شده است (Buhre et al. 2009; Büttner et al. 2002). علاوه بر این کاهش ۵ تا ۱۰ درصدی شکر قابل استحصال در ریشه‌های آلوده شده به این قارچ گزارش شده است (Büttner et al. 2003).

به‌نژادی و توسعه هیبریدهای مقاوم، یکی از مؤثرترین راهکارها جهت مقابله با این بیماری است. ارقام تجاری چغندر قند هیبرید سه جانبه (تری وی کراس) هستند، بنابراین

دستیابی به گیاهان نرعیقیم شرط اصلی در برنامه‌های تولید هیبرید است (Biancardi 2005). در تحقیق یویگ و گلدمن (Wigg and Goldman 2020) ۹۴ ژنوتیپ مختلف چغندر قند را در شرایط محیطی کنترل شده مورد ارزیابی قرار دادند و دریافتند در مقایسه با تیمار شاهد (آلوده نشده) اغلب ژنوتیپ‌های مورد بررسی، آلودگی در طیفی بین ۲۰ تا ۶۰ درصد را نشان دادند. در مطالعه آنها ژنوتیپ‌های Badger Flame و FC709-2 به ترتیب با درصد‌های آلودگی ۲۹ و ۳۲ درصد به عنوان مقاوم‌ترین و ژنوتیپ‌های W411B و KDH13 به ترتیب با درصد آلودگی ۵۴ و ۵۵ درصد به عنوان حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند (Wigg and Goldman 2020). لیو و همکاران، (Liu et al. 2019) در تحقیق دیگر نتیجه گرفتند که صرف‌نظر از ژرم‌پلاسم مقاوم یا حساس نسبت به ریزوکتونیا، ژنوتیپ‌های چغندر قند تا مرحله شش تا هشت برگ‌ها حساسیت بالایی نسبت به ریزوکتونیا دارند (Liu et al. 2019). در مطالعه ابراهیمی کولایی و همکاران (Ebrahimi Koulaee et al. 2010)، ۱۱ لاین چغندر قند از نظر شاخص برداشت نسبت به شاهد مقاوم به ریزوکتونیا (SB19) برتر تشخیص داده شدند. بقیه لاین‌ها با شاهد مقاوم، در یک گروه آماری قرار داشتند، گرچه شاخص بیماری یکی از رگه‌ها نسبت به شاهد مقاوم بالاتر بود، از نتایج کار آنها رقم اکباتان به عنوان نخستین رقم مقاوم به ریزوکتونیا معرفی شد. در مطالعه حمزه و همکاران (Hamze et al. 2022) اوتایپ‌های شماره ۱۹ (FCOT 990094) و ۹ (FCOT 990084)، بر اساس شاخص بیماری، شاخص برداشت و شاخص گزینش انتخاب ژنوتیپ ایده آل به عنوان لاین‌های مقاوم به ریزوکتونیا جهت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی معرفی شدند.

با توجه به موارد ذکر شده تحقیق حاضر با هدف ارزیابی میزان مقاومت لاین‌های اوتایپ جدید چغندر قند به بیماری ریزوکتونیا جهت تهیه سینگل کراس‌ها و هیبریدهای مقاوم به این بیماری در برنامه‌های آتی به‌نژادی انجام شد.

مواد و روش‌ها

دارای بیشترین قدرت بیماری‌زایی است (Bolton *et al.* 2010)، انجام شد، به طوری که در کنار هر بوته (در عمق پنج سانتی‌متری)، پنج عدد بذر ذرت آلوده قرار داده و پای بوته‌ها خاک‌دهی شد. جهت شیوع بهتر عامل بیماری بلافاصله کرت‌ها آبیاری و تا دو هفته خاک مرطوب نگاه داشته شدند.

برای تهیه مایه تلقیح، دانه‌های ذرت ۱۲ ساعت در آب خیس‌انده شدند و دو روز متوالی به مدت یک ساعت سترون گردیدند. پس از سترون شدن، چند دیسک از محیط کشت پنج‌روزه قارچ، روی دانه‌های ذرت قرار گرفته و به مدت ۲۱ روز در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد در دستگاه ژرمیناتور نگاه‌داری شدند.

یک ماه پس از آلودگی مصنوعی، ریشه‌ها برداشت و شدت آلودگی بر اساس مقیاس یک (ریشه سالم) تا نه (ریشه کاملاً پوسیده و مرده) محاسبه شد (جدول ۱، شکل ۲) (Büttner *et al.* 2004).

در این تحقیق ۸۳ لاین اوتایپ جدید چغندر قند از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند، همراه با سه شاهد مقاوم (Novodro و لاین SB-709) و حساس (توده 191) (Ebrahimi koulai *et al.* 2010)، از نظر مقاومت به قارچ عامل بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی، مورد ارزیابی قرار گرفتند. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار تحت شرایط آلودگی مصنوعی در میکروپلات‌های ایستگاه اکباتان مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی همدان (شکل ۱) اجرا شد.

بدین منظور بذر هر لاین در یک خط دو متری در تاریخ ۱۰ اردیبهشت‌ماه سال ۱۴۰۲ کشت شد. بعد از یک ماه بوته‌ها با فاصله ۱۰ تا ۱۲ سانتی‌متر تنک شدند. آبیاری میکروپلات‌ها هر هفته یک‌بار و با استفاده از سیستم آبیاری قطره‌ای انجام شد. پس از گذشت ۶۹ روز از رشد بوته‌ها، آلودگی مصنوعی توسط جدایه *Rh133* از قارچ *R. Solani* که

جدول ۱ مقیاس شدت آلودگی ریشه‌های ارزیابی‌شده بر اساس مقیاس باتنر و همکاران (Büttner *et al.* 2004)

نمره	مقیاس
نمره (۱):	ریشه‌های سالم
نمره (۲):	حدود یک درصد سطح ریشه دارای زخم سطحی ناشی از ریزوکتونیا
نمره (۳):	یک تا پنج درصد سطح ریشه دارای زخم سطحی ناشی از ریزوکتونیا
نمره (۴):	پنج تا ۱۰ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر خشک ناشی از ریزوکتونیا
نمره (۵):	۱۰ تا ۲۵ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر خشک ناشی از ریزوکتونیا
نمره (۶):	۲۵ تا ۵۰ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر خشک ناشی از ریزوکتونیا
نمره (۷):	۵۰ تا ۷۵ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر خشک ناشی از ریزوکتونیا
نمره (۸):	بیش از ۷۵ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر خشک ناشی از ریزوکتونیا
نمره (۹):	گیاهان مرده، ریشه کاملاً پوسیده

شاخص برداشت (Harvesting Index, HI)، از

تقسیم تعداد ریشه‌های با نمره یک تا سه بر تعداد کل ریشه‌های آن کرت (تعداد ریشه‌های با نمره سه و کمتر و نسبت آنها به تعداد کل ریشه‌های هر کرت) به دست آمد (Büttner *et al.* 2004).

لازم به ذکر است که تعداد شش ژنوتیپ در یک یا هر

دو تکرار، سبز نشدند، ژنوتیپ‌های مذکور از محاسبات آماری

تجزیه آماری

پس از اتمام یادداشت‌برداری‌های مربوط به شدت

بیماری بر اساس مقیاس یک تا نه، شاخص بیماری (Disease Index, DI) هر لاین از تقسیم حاصل ضرب هر نمره در تعداد ریشه با آن نمره بر تعداد کل ریشه‌های آن کرت محاسبه شد (زابطه ۱) (Büttner *et al.* 2004).

(۱)

$$DI = \frac{\sum(\text{Scale} * \text{Number of Roots})}{\text{Total Number of Roots}}$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_i^-)^2} \quad (۶)$$

در این رابطه d_i^+ بیانگر فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و d_i^- بیانگر فاصله از ژنوتیپ ضعیف است، r_{ij} مقدار نرمال شده شاخص (صفت) i ام در رابطه با ژنوتیپ j ام و r_j^+ مقدار نرمال شده ژنوتیپ ایده‌آل و r_i^- مقدار نرمال شده ژنوتیپ ضعیف برای هر صفت i ام است.

مرحله پنجم: محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل است (رابطه ۷):

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad (۷)$$

مقدار شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) بین صفر و یک تغییر کرده و هر چه گزینه مورد نظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد، مقدار انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش، بهترین لاین، نزدیک‌ترین لاین به لاین‌های ایده‌آل و دورترین از لاین‌های ضعیف است (Zali *et al.* 2015; Zali *et al.* 2016). در اینجا، لاین ایده‌آل از مجموع مقادیر ایده‌آل هریک از صفات مورد مطالعه به دست می‌آید، در حالی که لاین ضعیف از مجموع مقادیر ضعیف هریک از صفات مورد نظر حاصل می‌گردد. به عنوان مثال در مورد شاخص برداشت و تعداد ریشه مقادیر بالا یک لاین، مقدار ایده‌آل در نظر گرفته می‌شود. همچنین در مورد شاخص بیماری؛ مقادیر کم این شاخص به عنوان ایده‌آل در نظر گرفته می‌شود.

نتایج

در این بررسی بر اساس نتایج جدول تجزیه واریانس داده‌ها اختلاف بین ژنوتیپ‌های اوتایپ از نظر تعداد ریشه و شاخص بیماری ($p < 0.01$) و شاخص برداشت ($p < 0.05$)، معنی‌دار بود (جدول ۲).

حذف شده و آنالیزهای آماری بر اساس ۸۰ اوتایپ باقی مانده انجام شد.

بعد از جمع‌آوری داده‌ها و آنالیز واریانس مقایسه میانگین تیمارها به روش حداقل اختلاف معنی‌دار انداز (LSD) انجام شد. جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه کلاستر (بر اساس روش WARD) تجزیه به عامل‌ها (بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی) و بای‌پلات با استفاده از نرم‌افزار R در پکیج (Metan) استفاده شد (Olivoto *et al.* 2019). به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ادغام صفات تعداد ریشه، شاخص بیماری و شاخص برداشت، از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل استفاده شد (Zali *et al.* 2015)، نحوه محاسبه شاخص مذکور به صورت ذیل (روابط ۲ تا ۷) است.

مرحله اول: تشکیل ماتریس داده‌ها بر اساس تعداد شاخص مورد بررسی و تعداد ژنوتیپ‌ها:

$$D = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{nm} \end{bmatrix} \quad (۲)$$

در این ماتریس x_{ij} مقدار متغیر i ام در رابطه با ژنوتیپ j ام ($i = 1.2 \dots n$) ($j = 1.2 \dots m$) است.

مرحله دوم: نرمال کردن داده‌ها و تبدیل ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال با استفاده از رابطه‌های ۳ و ۴:

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_{ij}^2}} \quad (۳)$$

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad (۴)$$

در مرحله سوم که پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و غیرایده‌آل است، برای هر صفت یا شاخص به طور جداگانه برترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب می‌شود.

مرحله چهارم: محاسبه فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف (رابطه ۵ و ۶):

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad (۵)$$



شکل ۲ الگوی شدت بیماری و نمره مربوط به آن بر اساس مقیاس یک (ریشه سالم) تا نه (ریشه کاملاً پوسیده و مرده)



شکل ۱ نمای کلی از میکروپلاتها و عملیات آلودگی مصنوعی توسط جدایه *Rh133* از قارچ *Rhizoctoniasolani*

تعداد ریشه

در این تحقیق حداقل، حداکثر و میانگین کل تعداد ریشه ثبت شده در هر کرت به ترتیب برابر ۳/۵، ۲۳/۵ و ۱۷/۱۶ ریشه بود. در میان لاین‌های مورد بررسی سه لاین ۱۵ (OT010257)، ۵۷ (OTHSF-010014) و ۷۷ (OTHSF-010038) با متوسط ۲۳/۵ بوته؛ حداکثر و اوتایپ‌های ۸۱ (OTHSF-010043) و ۷۲ (OTHSF-010033) به ترتیب با تعداد بوته ۳/۵ و ۴ بوته؛ کمترین میانگین تعداد ریشه را به دست آوردند (جدول ۳).

شاخص بیماری

در این بررسی دامنه تغییرات شاخص بیماری برای توده اوتایپ مورد بررسی ۴/۰۵ و میانگین شاخص بیماری توده، مورد بررسی ۵/۲۷ بود. در میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی پایین‌ترین شاخص بیماری به ترتیب با متوسط ۳/۳۱، ۳/۵۰، ۳/۵۲، ۳/۶۷ و ۳/۸۸ برای اوتایپ‌های شماره ۳۶ (OT010282)، ۵ (OT010245)، ۳۲ (OT010277)، ۸۰

(OTHSF-010041) و ۸۱ (OTHSF-010042) ثبت شد. تعداد ریشه امتیاز داده شده برای هر یک از اوتایپ‌های مذکور به ترتیب برابر ۵/۵، ۱۵، ۱۱، ۱۹ و ۳/۵ ریشه بود، بنابراین با توجه به تعداد ریشه و امتیاز شاخص بیماری ثبت شده اوتایپ‌های ۵ (OT010245)، ۳۲ (OT010277) و ۸۰ (OTHSF-010041) به عنوان اوتایپ‌های مقاوم به ریزوکتونیا از نظر شاخص بیماری شناخته شدند. اختلاف میان اوتایپ‌های مذکور با ژنوتیپ‌های Check2 (Novodro) (۴/۰۳) و (SB-) و Check 3 (709) (۴/۴) از نظر آماری معنی‌دار نبود. در این آزمایش اوتایپ‌های ۱۴ (OT010256)، ۲۴ (OT010268) و ۴۹ (OTHSF-010004) به ترتیب با متوسط ۶/۸۱، ۷/۳۴ و ۷/۳۵ بالاترین شاخص بیماری را به خود اختصاص دادند و به عنوان حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها به عامل بیماری در میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی شناخته شدند، اختلاف بین ژنوتیپ‌های مذکور با ژنوتیپ Check1 (توده ۱۹۱) (۵/۹۲) با متوسط، معنی‌دار نبود (جدول ۴).

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد بررسی در اوتایپ های چغندرقد

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات		
		تعداد ریشه	شاخص بیماری	شاخص برداشت
تکرار	۱	۳/۳۰	۰/۲۷	۶۷۱/۵
ژنوتیپ	۷۹	۶۱/۶۱**	۱/۶۰**	۳۴۳/۲۵*
خطای آزمایشی	۷۹	۲/۶۹	۰/۷۵	۲۲۵/۷۷
ضرب تغییرات	-	۹/۵۷	۱۶/۵۰	۱۷/۴۷

* و ** به ترتیب عدم معنی‌داری و معنی‌داری در سطح احتمال پنج و یک درصد

جدول ۳ رتبه‌بندی و مقایسه میانگین اوتایپ‌های مورد بررسی از لحاظ تعداد ریشه بعد از آلودگی بر اساس آزمون حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD)

ردیف	اورژن	تعداد ریشه	ردیف	اورژن	تعداد ریشه	ردیف	اورژن	تعداد ریشه	ردیف	اورژن	تعداد ریشه
۱	OT010257	۲۳/۵	۲۳	OTHSF-010029	۲۱	۴۵	OT010284	۱۹	۶۷	OT010266	۱۰
۲	OTHSF-010014	۲۳/۵	۲۴	OT HSF-010031	۲۱	۴۶	OT HSF-010041	۱۹	۶۸	OTHSF-010011	۱۰
۳	OTHSF-010038	۲۳/۵	۲۵	OT010258	۲۰/۵	۴۷	check 2	۱۹	۶۹	OTHSF-010020	۱۰
۴	OT 010283	۲۳	۲۶	OT 010272	۲۰/۵	۴۸	OT 010250	۱۸/۵	۷۰	OT HSF-010026	۸/۵
۵	OT 010267	۲۲/۵	۲۷	OT 010287	۲۱/۵	۴۹	OT 010269	۱۸	۷۱	OT HSF-010040	۸/۵
۶	OT 010273	۲۲/۵	۲۸	OT HSF-010016	۲۰/۵	۵۰	OT 010289	۱۸	۷۲	OT 010271	۷
۷	OT HSF-010002	۲۲/۵	۲۹	OT 010242	۲۰	۵۱	OT HSF-010003	۱۸	۷۳	OTHSF-010043	۷
۸	OT 010256	۲۲	۳۰	OT 010249	۲۰	۵۲	OT 010251	۱۷/۵	۷۴	OTHSF-010028	۶/۵
۹	OT HSF-010006	۲۲	۳۱	OT 010268	۲۰	۵۳	OT 010264	۱۷/۵	۷۵	OT010282	۵/۵
۱۰	OT HSF-010023	۲۲	۳۲	OT 010290	۲۰	۵۴	OT HSF-010039	۱۷	۷۶	OT010288	۴/۵
۱۱	OT HSF-010035	۲۲	۳۳	OT HSF-010010	۲۰	۵۵	OT 010248	۱۶/۵	۷۷	OTHSF-010019	۴/۵
۱۲	check3	۲۲	۳۴	OT HSF-010017	۲۰	۵۶	OT 010280	۱۶/۵	۷۸	OTHSF-010021	۴/۵
۱۳	OT 010246	۲۱/۵	۳۵	OT HSF-010022	۲۰	۵۷	OT HSF-010034	۱۶/۵	۷۹	OTHSF-010033	۴
۱۴	OT 010286	۲۱/۵	۳۶	OT 010240	۱۹/۵	۵۸	OT HSF-010024	۱۶	۸۰	OTHSF-010042	۸/۵
۱۵	OT HSF-010001	۲۱/۵	۳۷	OT 010252	۱۹/۵	۵۹	OT 010259	۱۵/۵		MAX	۲۳/۵
۱۶	OT HSF-010005	۲۱/۵	۳۸	OT 010262	۱۹/۵	۶۰	OT 010245	۱۵		MIN	۳/۵
۱۷	OT HSF-010009	۲۱/۵	۳۹	OT HSF-010004	۱۹/۵	۶۱	OT 010291	۱۵		Mean	۱۷/۱۶
۱۸	OT HSF-010036	۲۱/۵	۴۰	OT HSF-010007	۱۹/۵	۶۲	OT 010261	۱۴/۵		LSD = 0.05	۳/۲۷
۱۹	OT HSF-010037	۲۱/۵	۴۱	check 1	۱۹/۵	۶۳	OT HSF-010025	۱۳/۵			
۲۰	OT 010243	۲۱	۴۲	OT 010253	۱۹	۶۴	OT HSF-010013	۱۳			
۲۱	OT 010281	۲۱	۴۳	OT 010260	۱۹	۶۵	OT010254	۱۲/۵			
۲۲	OT HSF-010018	۲۱	۴۴	OT 010274	۱۹	۶۶	OT010277	۱۱			

جدول ۴ رتبه‌بندی و مقایسه میانگین اوتایپ‌های مورد بررسی از لحاظ شاخص بیماری بر اساس آزمون حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD)

ردیف	اورژن	شاخص بیماری	ردیف	اورژن	شاخص بیماری	ردیف	اورژن	شاخص بیماری	ردیف	اورژن	شاخص بیماری
۱	OT 010282	۳/۳۱	۲۳	OT 010289	۴/۶۱	۴۵	OT 010261	۵/۲۲	۶۷	OTHSF-010029	۶/۲۱
۲	OT 010245	۳/۵	۲۴	OT 010262	۴/۶۶	۴۶	OT HSF-010038	۵/۳۱	۶۸	OT010266	۶/۴
۳	OT 010277	۳/۵۲	۲۵	OT 010291	۴/۶۶	۴۷	OT 010242	۵/۳۹	۶۹	OT HSF-010021	۶/۳۲
۴	OT HSF-010041	۳/۶۷	۲۶	OT HSF-010016	۴/۷۶	۴۸	OT 010248	۵/۴۴	۷۰	OT HSF-010043	۶/۴۴
۵	OT HSF-010042	۳/۸۸	۲۷	OT HSF-010033	۴/۷۹	۴۹	OT 010243	۵/۳۹	۷۱	OT 010249	۶/۳۵
۶	check 3	۴/۰۳	۲۸	OT HSF-010001	۴/۸۲	۵۰	OT 010271	۵/۵۷	۷۲	OT 010257	۶/۵۲
۷	OT 010273	۴/۲۳	۲۹	OT 010286	۴/۸۵	۵۱	OT 010259	۵/۶	۷۳	OT HSF-010037	۶/۵۲
۸	OT 010269	۴/۳۷	۳۰	OT HSF-010031	۴/۸۸	۵۲	OT 010287	۵/۶۱	۷۴	OT 010264	۶/۵۴
۹	OT HSF-010039	۴/۳۵	۳۱	OT HSF-010028	۴/۹	۵۳	OT HSF-010006	۵/۶۲	۷۵	OT 010252	۶/۶۲
۱۰	OT HSF-010034	۴/۳۷	۳۲	OT HSF-010005	۴/۹۱	۵۴	OT 010254	۵/۶۸	۷۶	OT 010251	۶/۶۳
۱۱	OT 010240	۴/۳۸	۳۳	OT 010246	۴/۹۹	۵۵	OT HSF-010023	۵/۷	۷۷	OT HSF-010024	۶/۶۸
۱۲	OT 010274	۴/۴۵	۳۴	OT 010288	۵	۵۶	OT 010260	۵/۸۲	۷۸	OT 010256	۶/۸۲
۱۳	OT HSF-010007	۴/۴۵	۳۵	OT HSF-010010	۵/۰۳	۵۷	OT 010284	۵/۸۲	۷۹	OT 010268	۷/۳۵
۱۴	OT HSF-010040	۴/۴۸	۳۶	OT HSF-010011	۵/۰۳	۵۸	OT 010280	۵/۸۳	۸۰	OT HSF-010004	۷/۳۶
۱۵	check2	۴/۴۹	۳۷	OT HSF-010009	۵/۰۵	۵۹	OT 010258	۵/۸۴		MAX	۷/۳۶
۱۶	OT HSF-010003	۴/۵	۳۸	OT 010253	۵/۰۸	۶۰	OT 010290	۵/۸۴		MIN	۳/۳۱
۱۷	OT HSF-010002	۴/۵۳	۳۹	OT HSF-010020	۵/۱۳	۶۱	OT 010267	۵/۹۳		Mean	۵/۲۷
۱۸	OT HSF-010026	۴/۵۳	۴۰	OT 010283	۵/۱۴	۶۲	check1	۵/۹۳		LSD = 0.05	۱/۷۲
۱۹	OT HSF-010022	۴/۵۵	۴۱	OT HSF-010036	۵/۱۵	۶۳	OT HSF-010035	۶/۰۵			
۲۰	OT HSF-010019	۴/۵۷	۴۲	OT HSF-010018	۵/۱۸	۶۴	OT HSF-010025	۶/۰۸			
۲۱	OT HSF-010014	۴/۶	۴۳	OT HSF-010017	۵/۱۹	۶۵	OT HSF-010013	۶/۰۹			
۲۲	OT 010281	۴/۶۱	۴۴	OT 010250	۵/۲۱	۶۶	OT 010272	۶/۱۷			

شاخص برداشت

(OTHSF-010041) به ترتیب با متوسط ۶۶/۶۷، ۵۴/۱۶، ۵۰/۰ و ۴۷/۳۳ درصد حداکثر شاخص برداشت را کسب کردند، اختلاف میان اوتایپ‌های مذکور با ژنوتیپ‌های Check2(Novodro) (با متوسط ۲۵/۳۹ درصد) و (SB-709) Check3 (با متوسط ۲۶/۸۱ درصد) از نظر آماری معنی‌دار نبود. شاخص برداشت ثبت شده برای دو اوتایپ ۲۴ (OT010268) و ۴۹ (OTHSF-010004) برابر صفر بود (جدول ۵).

در مطالعه حاضر حداقل و حداکثر شاخص برداشت برای جمعیت اوتایپ مورد بررسی به ترتیب برابر ۰/۰ و ۶۶/۶۷ درصد بود، میانگین شاخص برداشت اوتایپ‌های مورد مطالعه برابر ۱۷/۱۸ درصد بود. مقایسه میانگین اوتایپ‌های مورد بررسی از نظر شاخص برداشت نشان داد که اوتایپ‌های ۵ (OT010245)، ۳۲ (OT010277)، ۳۶ (OT010282) و ۸۰

جدول ۵ مقایسه میانگین اوتایپ‌های مورد بررسی از لحاظ شاخص برداشت بر اساس آزمون حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD)

شاخص برداشت	اورژن	ردیف	شاخص برداشت	اورژن	ردیف	شاخص برداشت	اورژن	ردیف	شاخص برداشت	اورژن	ردیف
۶/۲۵	OT HSF-010028	۶۷	۲۲/۹۲	OT HSF-010040	۲۳	۴۵	OT 010253	۱۲/۵۳	۶۷	۶۶/۶۷	۱
۶/۰۷	check1	۶۸	۲۲/۷۳	OT 010248	۲۴	۴۶	OT 010290	۱۰/۸۳	۶۸	۵۴/۱۷	۲
۶	OT010257	۶۹	۲۱/۴۳	OT 010271	۲۵	۴۷	OT HSF-010020	۱۰	۶۹	۵۰	۳
۵/۸۸	OT 010251	۷۰	۲۱/۰۵	OT 010274	۲۶	۴۸	OT HSF-010033	۱۰	۷۰	۴۷/۳۳	۴
۵/۵۶	OT HSF-010043	۷۱	۲۱/۰۳	OT HSF-010031	۲۷	۴۹	OT 010246	۹/۹	۷۱	۴۱/۰۷	۵
۵/۲۶	OT 010267	۷۲	۲۰	OT 010261	۲۸	۵۰	OT HSF-010018	۹/۹	۷۲	۳۸/۱۶	۶
۴/۵۵	OT 010256	۷۳	۱۹/۹۳	OT HSF-010003	۲۹	۵۱	OT HSF-010005	۹/۸۸	۷۳	۳۷/۵	۷
۴/۵۵	OT 010287	۷۴	۱۹/۲۹	OT 010254	۳۰	۵۲	OT 010243	۹/۶۴	۷۴	۳۶/۳۲	۸
۳/۸۵	OT HSF-010025	۷۵	۱۹/۱۷	OT HSF-010001	۳۱	۵۳	OT HSF-010038	۸/۵۱	۷۵	۳۳/۶۳	۹
۳/۱۳	OT 010280	۷۶	۱۹/۰۵	OT HSF-010010	۳۲	۵۴	OT 010266	۸/۳۳	۷۶	۳۲/۴۴	۱۰
۲/۶۳	OT 010252	۷۷	۱۸/۶۱	OT HSF-010016	۳۳	۵۵	OT HSF-010021	۸/۳۳	۷۷	۳۲/۷۲	۱۱
۲/۳۸	OT 010249	۷۸	۱۷/۸۳	OT HSF-010007	۳۴	۵۶	OT 010260	۸/۱	۷۸	۲۸/۳۷	۱۲
.	OT 010268	۷۹	۱۷/۲۶	OT HSF-010039	۳۵	۵۷	OT HSF-010037	۸/۰۶	۷۹	۲۸/۳۳	۱۳
.	OT HSF-010004	۸۰	۱۶/۶۷	OT HSF-010019	۳۶	۵۸	OT HSF-010013	۷/۹۴	۸۰	۲۶/۸۲	۱۴
۶۶/۶۷	MAX		۱۵/۳۴	OT 010291	۳۷	۵۹	OT 010284	۷/۵		۲۵/۴	۱۵
۰/۰۰	MIN		۱۴/۱۴	OT HSF-010022	۳۸	۶۰	OT HSF-010023	۷/۲۷		۲۵	۱۶
۱۷/۱۸	Mean		۱۴/۰۴	OT HSF-010009	۳۹	۶۱	OT 010272	۷/۲۶		۲۴/۶۸	۱۷
۳۹/۹۰	LSD = 0.05		۱۳/۹۶	OT HSF-010036	۴۰	۶۲	OT 010264	۷/۱۴		۲۴/۲۸	۱۸
			۱۳/۱۶	OT HSF-010017	۴۱	۶۳	OT HSF-010029	۷/۱۴		۲۴/۳۲	۱۹
			۱۲/۵	OT 010242	۴۲	۶۴	OT HSF-010024	۸/۶		۲۳/۸۱	۲۰
			۱۲/۵	OT HSF-010006	۴۳	۶۵	OT 010258	۶/۶۷		۲۳/۳۸	۲۱
			۱۲/۰۸	OTHSF-010035	۴۴	۶۶	OT010259	۶/۶۷		۲۲/۹۲	۲۲

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل

۲۸ (OT010273) و ۱ (OT010240) به ترتیب با مقادیر ۰/۷۶، ۰/۷۴، ۰/۷۳، ۰/۷۲، ۰/۶۵ و ۰/۶۰ نزدیک‌ترین اوتایپ به اوتایپ ایده‌آل بودند. در این تحقیق مقدار شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل برآورد شده برای Check3 (SB-709) و Check2 (Novodro) به ترتیب برابر ۰/۴۸ و ۰/۴۴ بود. کمترین شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل نیز به ترتیب با

در این تحقیق میانگین، حداقل و حداکثر شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل برآورد شده برای اوتایپ‌های مورد بررسی در محیط میکروپلات به ترتیب برابر ۰/۳۴، ۰/۷۶ و ۰/۱۰ بود. اوتایپ‌های شماره ۳۶ (OT010282)، ۳۲ (OT010277)، ۵ (OT010245)، ۸۰ (OTHSF-010041)

مقادیر ۰/۱۰، ۰/۱۲، ۰/۱۶ و ۰/۱۶ برای اوتایپ‌های ۸۲ (OTHSF-010028) و ۲۲ (OT010266) ثبت شد (جدول ۶).
 (OTHSF-010043)، ۶۳ (OTHSF-010021)، ۶۹، ۶۴.

جدول ۶ مقادیر شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل) و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها

رتبه ف	اوربژن	d ⁺	d ⁻	انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل	رتبه ف	اوربژن	d ⁺	d ⁻	انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل	رتبه ف	اوربژن	d ⁺	d ⁻	انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل
۱	OT 010282	/۳۶	/۳۶	۰/۷۶	۲۸	OT HSF-010007	/۲۵	/۱۵	-۰/۳۷	۵۵	OT HSF-010029	/۳۱	/۱۲	-۰/۲۷
۲	OT 010277	/۱۰	/۳۰	۰/۷۵	۲۹	OT HSF-010011	/۲۴	/۱۴	-۰/۳۷	۵۶	OT HSF-010019	/۳۹	/۱۰	-۰/۲۷
۳	OT 010245	/۱۰	/۲۸	۰/۷۴	۳۰	OT 010288	/۲۵	/۱۴	-۰/۳۶	۵۷	OT 010258	/۳۲	/۱۲	-۰/۲۷
۴	OT HSF-010041	/۱۰	/۲۷	۰/۷۳	۳۱	OT HSF-010040	/۲۵	/۱۴	-۰/۳۶	۵۸	OT 010272	/۳۱	/۱۱	-۰/۲۷
۵	OT 010273	/۱۳	/۲۵	۰/۶۵	۳۲	OT HSF-010039	/۲۶	/۱۴	-۰/۳۵	۵۹	OT 010256	/۳۳	/۱۲	-۰/۲۶
۶	OT 010240	/۱۵	/۲۳	۰/۶۰	۳۳	OT 010261	/۲۵	/۱۳	-۰/۳۴	۶۰	OT 010260	/۳۱	/۱۱	-۰/۲۶
۷	OT 010262	/۱۶	/۲۲	۰/۵۸	۳۴	OT HSF-010009	/۲۷	/۱۴	-۰/۳۴	۶۱	OT 010287	/۳۳	/۱۱	-۰/۲۶
۸	OT HSF-010014	/۱۷	/۲۲	۰/۵۶	۳۵	OT HSF-010036	/۲۸	/۱۴	-۰/۳۴	۶۲	OT 010284	/۳۱	/۱۱	-۰/۲۶
۹	OT 010281	/۱۸	/۲۱	۰/۵۴	۳۶	OT HSF-010022	/۲۷	/۱۴	-۰/۳۴	۶۳	check 1	/۳۲	/۱۱	-۰/۲۵
۱۰	OT 010269	/۱۸	/۲۰	۰/۵۳	۳۷	OT HSF-010006	/۲۸	/۱۴	-۰/۳۳	۶۴	OT 010249	/۳۴	/۱۰	-۰/۲۴
۱۱	OT HSF-010042	/۱۹	/۲۱	۰/۵۲	۳۸	OT HSF-010017	/۲۸	/۱۳	-۰/۳۳	۶۵	OT 010264	/۳۲	/۱۰	-۰/۲۳
۱۲	OT 010286	/۲۰	/۱۹	۰/۴۹	۳۹	OT HSF-010035	/۲۹	/۱۳	-۰/۳۳	۶۶	OT 010252	/۳۴	/۱۰	-۰/۲۳
۱۳	check 3	/۲۱	/۱۹	۰/۴۸	۴۰	OT 010254	/۲۶	/۱۲	-۰/۳۳	۶۷	OT 010251	/۳۲	/۰۹	-۰/۲۲
۱۴	OT HSF-010002	/۲۲	/۱۸	۰/۴۶	۴۱	OT 010271	/۲۶	/۱۲	-۰/۳۱	۶۸	OT 010268	/۳۶	/۱۰	-۰/۲۲
۱۵	OT 010283	/۲۲	/۱۸	۰/۴۵	۴۲	OT HSF-010038	/۳۰	/۱۴	-۰/۳۱	۶۹	OT 010259	/۳۲	/۰۹	-۰/۲۲
۱۶	check 2	/۲۲	/۱۷	۰/۴۵	۴۳	OT 010242	/۲۸	/۱۳	-۰/۳۱	۷۰	OT HSF-010004	/۳۶	/۱۰	-۰/۲۲
۱۷	OT 010289	/۲۲	/۱۷	۰/۴۳	۴۴	OT HSF-010005	/۳۰	/۱۳	-۰/۳۱	۷۱	OT HSF-010024	/۳۲	/۰۹	-۰/۲۱
۱۸	OT HSF-010026	/۲۲	/۱۶	۰/۴۲	۴۵	OT 010246	/۳۰	/۱۳	-۰/۳۱	۷۲	OT 010280	/۳۴	/۰۹	-۰/۲۱
۱۹	OT 010250	/۲۳	/۱۶	۰/۴۰	۴۶	OT 010291	/۲۷	/۱۲	-۰/۳۱	۷۳	OT HSF-010020	/۳۱	/۰۸	-۰/۲۱
۲۰	OT HSF-010031	/۲۴	/۱۶	۰/۴۰	۴۷	OT HSF-010018	/۳۰	/۱۳	-۰/۳۰	۷۴	OT HSF-010013	/۳۲	/۰۸	-۰/۱۹
۲۱	OT HSF-010034	/۲۳	/۱۶	۰/۴۰	۴۸	OT 010243	/۳۰	/۱۳	-۰/۳۰	۷۵	OT HSF-010033	/۳۲	/۰۷	-۰/۱۹
۲۲	OT 010274	/۲۴	/۱۶	۰/۴۰	۴۹	OT 010253	/۲۹	/۱۲	-۰/۲۹	۷۶	OT HSF-010025	/۳۴	/۰۷	-۰/۱۷
۲۳	OT HSF-010001	/۲۵	/۱۶	۰/۳۹	۵۰	OT HSF-010023	/۳۱	/۱۳	-۰/۲۹	۷۷	OT 010266	/۳۲	/۰۶	-۰/۱۶
۲۴	OT 010248	/۲۴	/۱۵	۰/۳۹	۵۱	OT 010257	/۳۲	/۱۳	-۰/۲۹	۷۸	OT HSF-010028	/۳۳	/۰۶	-۰/۱۶
۲۵	OT HSF-010003	/۲۵	/۱۵	۰/۳۸	۵۲	OT 010290	/۳۰	/۱۲	-۰/۲۹	۷۹	OT HSF-010021	/۳۳	/۰۵	-۰/۱۳
۲۶	OT HSF-010016	/۲۵	/۱۵	۰/۳۸	۵۳	OT HSF-010037	/۳۱	/۱۲	-۰/۲۸	۸۰	OT HSF-010043	/۳۴	/۰۴	-۰/۱۱
۲۷	OT HSF-010010	/۲۵	/۱۵	۰/۳۸	۵۴	OT 010267	/۳۲	/۱۲	-۰/۲۸					

d⁺، فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل d⁻ فاصله از ژنوتیپ ضعیف، انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل، شاخص انتخاب

تجزیه‌ی خوشه‌ای

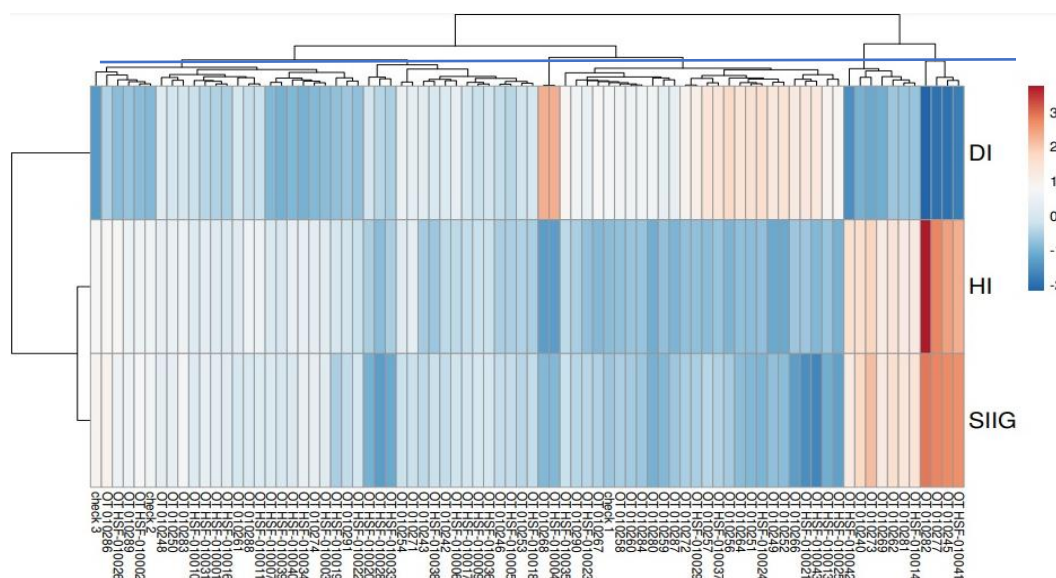
دندروگرام حرارتی ژنوتیپ‌ها و سه شاخص مورد بررسی در ژنوتیپ‌های اوتایپ چغندر قند تحت شرایط آلودگی میکروپلات در شکل ۳ آمده است. در این بررسی، ژنوتیپ‌های مورد بررسی به چهار گروه مجزا دسته‌بندی شدند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد میان این گروه‌ها از لحاظ شاخص بیماری، شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل، اختلاف معناداری در سطح یک درصد وجود دارد (جدول ۷). کلاستر (خوشه‌ی) شماره یک که دربرگیرنده‌ی پنج درصد از کل توده ژنتیکی مورد بررسی بود شامل اوتایپ‌های شماره ۵ (OT010245)، ۸۰ (OTHSF-010041)، ۳۲ (OT010277) و ۳۶ (OT010282) بود، اوتایپ‌های قرارگرفته در این گروه در مقایسه با سه گروه دیگر به‌صورت معنی‌داری از شاخص بیماری کمتر و شاخص برداشت بالاتر و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر به یک برخوردار بودند و به‌عنوان مقاوم‌ترین اوتایپ‌ها در توده ژنتیکی مورد مطالعه شناخته شدند. خوشه دوم که شامل اوتایپ‌های شماره ۱ (OT010240)، ۳۵ (OT010281)، ۲۰ (OT010262)، ۲۵ (OT010269)، ۲۸ (OT010273)، ۵۷ (OTHSF-010014) و ۸۱ (OTHSF-010042) بود، ۸/۷۵ درصد از کل توده ژنتیکی مورد مطالعه را شامل شد، ژنوتیپ‌های قرارگرفته در این گروه از شاخص

برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل بالاتر از میانگین کل کلاسترها و از شاخص بیماری کمتر از میانگین کل کلاسترها برخوردار بود، در مقایسه با دو کلاستر شماره یک و دو مشخص شد که شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل کلاستر دوم به‌صورت معنی‌داری پایین‌تر از کلاستر اول بود اما از نظر شاخص بیماری، اختلاف میان دو کلاستر، معنادار نبود. در بررسی حاضر ۲۷/۵ و ۵۸/۷۵ درصد از توده ژنتیکی مورد بررسی (در مجموع ۸۶/۲۵ درصد) در دو کلاستر شماره سه و چهار قرار گرفتند، ژنوتیپ‌های قرارگرفته در این گروه از شاخص بیماری بالاتر و شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل پایین‌تر از میانگین کل خوشه‌ها برخوردار بودند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های حساس به ریزوکتونیا شناخته شدند. اوریزن اوتایپ‌های قرارگرفته در کلاستر شماره سه و چهار قرار دارد.

گروه‌بندی سه شاخص مورد ارزیابی بر اساس دندروگرام حرارتی نشان داد دو شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل در یک خوشه و شاخص بیماری به‌تنهایی در یک خوشه دیگر قرار گرفت که بیانگر ارتباط و همبستگی مثبت دو شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل است (شکل ۳).

جدول ۷ تجزیه واریانس و مقایسه میانگین خوشه‌ها از لحاظ مورد بررسی در شرایط آلودگی میکروپلات

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل	شاخص بیماری	شاخص برداشت	درجه آزادی	منابع تغییر
۰/۴۳**	۱۲/۱۸**	۳۶۰۳/۶۲**	۳	بین گروه‌ها
۰/۰۰۴	۰/۳۲	۳۶/۱۹	۷۶	درون گروه‌ها
۰/۷۷a	۳/۵۰c	۵۴/۵۴a	-	خوشه ۱
0.65b	۴/۳۷c	۳۶/۰۲b	-	خوشه ۲
0.25d	۶/۲a	۶/۰۸d	-	خوشه ۳
0.43c	۵/۱۱b	۱۶/۳۸c	-	خوشه ۴
۰/۵۲	۴/۷۷	۲۸/۲۵	-	میانگین



شکل ۳ نمودار دندروگرام هیت مپ حاصل از تجزیه خوشه ایبه روش WARD لاین‌های اوتایپ و ژنوتیپ‌های مورد بررسی و صفات شاخص بیماری، شاخص برداشت و انتخاب ژنوتیپ ایده آل تحت شرایط آلودگی میکرو پلات

تحلیل عاملی و بای پلات

صرف‌نظر از علامت مربوطه به‌عنوان ضرایب معنادار در نظر گرفته شدند.

تحلیل عاملی بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد عامل اول با ضریب مشخصه ۲/۷۱ که بیشترین مقدار (۶۸/۰۰ درصد) از تغییرات داده‌ها را تبیین کرد، دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل و ضرایب منفی و معنادار با شاخص بیماری بود (جدول ۸). عامل دوم با تبیین ۲۶/۰۱ درصدی تغییرات و ریشه مشخصه ۱/۰۴، دارای ضریب مثبت با تعداد ریشه بود.

در این تحقیق مقدار KMO (Kaiser Meyer Olkin)

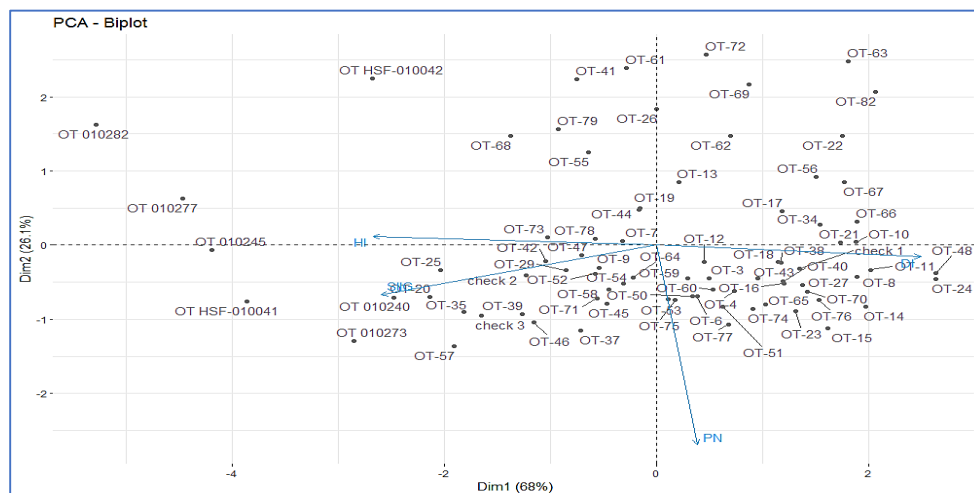
برابر ۰/۵۸ و آزمون بارتلت معنادار شد که بیان‌گر کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای تجزیه به عامل‌ها است (جدول ۸). در تجزیه به عامل‌ها در شرایط آلودگی ریزوکتونیا دو عامل با مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک انتخاب شدند. این عوامل ۹۴/۰۱ درصد از کل تغییرات داده‌ها را تبیین نمودند. همچنین، اختصاص صفات به عوامل مختلف براساس مقادیر ضرایب عاملی بعد از انجام چرخش واریماکس عامل‌ها صورت گرفت. به این ترتیب که ضرایب عاملی بزرگ‌تر از ۰/۵

جدول ۸ نتایج مربوط به تجزیه به عامل‌ها بعد از چرخش واریماکس

صفات	عامل		واریماکس	واریماکس عمومی
	عامل اول	عامل دوم		
شاخص بیماری	-۰/۹۱	۰/۰۵	-۰/۸۴	۰/۱۶
شاخص برداشت	۰/۹۷	-۰/۰۴	۰/۹۶	۰/۰۴
تعداد ریشه	-۰/۱۴	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۰۱
انتخاب ژنوتیپ ایده آل شاخص	۰/۹۵	۰/۲۴	۰/۹۶	۰/۰۴
ریشه مشخصه	۲/۷۱	۱/۰۴		
درصد واریانس	۶۸/۰۰	۲۶/۰۱		
درصد واریانس تجمعی	۶۸/۰۰	۹۴/۰۱		

OT010240 مشاهده شد، همچنین اوتایپ‌های مذکور در جهت خلاف بردار شاخص بیماری قرار گرفتند که نشان‌دهنده مقدار کم شاخص بیماری برای این اوتایپ‌ها بود. درحالی‌که اوتایپ‌های OT010240، OT010256، OT010268 و OT010251 در جهت بردار شاخص بیماری و خلاف جهت بردارهای شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل قرار گرفتند که نشان‌دهنده بالا بودن شاخص بیماری و پایین بودن شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل در این اوتایپ‌ها بود.

تجزیه بای‌پلات بر اساس شاخص‌های مورد بررسی و اوتایپ‌ها در شکل ۴ قرار دارد، بر این اساس شاخص برداشت (HI) و شاخص بیماری (DI) توسط دو بردار با جهت کاملاً مخالف قرار گرفتند که بیان‌گر وجود ارتباط منفی میان این دو شاخص است، همچنین زاویه بین دو بردار شاخص برداشت با شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل کم بود که بیان‌گر ارتباط و همبستگی مثبت دو صفت مذکور است. در این آزمایش ارتباط نزدیک بین بردار شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل و اوتایپ‌های OT010277، OT010282، OT010245، OTHSF-010041، OT010273



شکل ۴ نمودار بای پلات حاصل از دو مؤلفه اول معنی‌دار لاین‌های اوتایپ مورد بررسی از نظر تعداد ریشه (PN)، شاخص بیماری (DI)، شاخص برداشت (HI) و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل

بحث

مقاومت به پوسیدگی ریزوکتونیایی برای به حداقل رساندن سطح بروز بیماری توسعه یافته‌اند اما ارقام حساس به واسطه پتانسیل عملکرد بالا توسط کشاورزان ترجیح داده می‌شوند (Brantner and Windels 2009; Behn *et al.* 2012). مقاومت ارقام به *R. solani* با امتیازدهی واکنش‌های بیماری در طوقه و ریشه نهایی ارزیابی می‌شود و مقاومت در طول جوانه‌زنی بذر در نظر گرفته نمی‌شود (Haque and Parvin 2021).

نتایج این تحقیق نشان داد اختلاف میان اوتایپ‌های مورد بررسی از نظر چهار شاخص تعداد ریشه،

یکی از مؤثرترین راهکارها برای مقابله با بیماری‌های خاک‌زاد مانند *R. solani* بهبود مقاومت ژنتیکی در ارقام است، این راهکار رویکردی کم‌هزینه، مؤثر، پایدار و سازگار با محیط‌زیست است. با این وجود، ۸-۱۰ سال زمان لازم است تا یک رقم مقاوم ایجاد اصلاح شود (Sherf *et al.* 1986; McGrath *et al.* 2015). ارقام چغندرقد دارای مقاومت متوسطی به پوسیدگی ریزوکتونیایی هستند که شامل ژن‌های متعددی است که پدیده مقاومت کمی را تنظیم می‌کنند (Panella 1996). اگرچه ارقام مختلفی با درجات مختلفی از

میان این گروه‌ها از لحاظ شاخص بیماری، شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل معنادار بود، کلاستر شماره یک شامل اوتایپ‌های شماره ۵ (OT010245)، ۸۰ (OTHSF-010041)، ۳۲ (OT010277) و ۳۶ (OT010282) بود که در مقایسه با سه گروه دیگر به صورت معناداری از شاخص بیماری کمتر و شاخص برداشت بالاتر و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل بالاتری برخوردار بودند. در مطالعه‌ای اوتایپ‌های شماره ۱۹ (FCOT 990094) و ۹ (FCOT 990084)، بر اساس شاخص بیماری، شاخص برداشت و شاخص گزینش انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل، به عنوان لاین‌های مقاوم به ریزوکتونیا شناسایی شدند (Hamze *et al.* 2022). در مطالعه ابراهیمی کولایی و همکاران (Ebrahimi *et al.* 2010) سه لاین جدید اصلاحی چغندر قند از نظر مقاومت به عامل بیماری و ۱۱ لاین از نظر شاخص برداشت شناسایی شدند. در تحقیقی دیگر ابراهیمی کولایی و همکاران (Ebrahimi *et al.* 2019) نشان دادند پنج هیبرید (با شماره‌های ۹، ۱۳، ۱۶، ۴ و ۱۸) نسبت به بیماری ریزوکتونیا مقاوم‌تر از رقم اکباتان بودند. فتاحی و همکاران (Fattahi *et al.* 2011) در ارزیابی مقاومت ژنوتیپ‌های چغندر قند نسبت به (AG 2-2) *R. solani* نشان دادند سه ژنوتیپ اصلاحی SB19-P.16، SB19-P.44 و SB19-P.78 با شاهد متحمل به ریزوکتونیا (Dorotea) در یک سطح بودند و میان آنها اختلاف معنی‌دار وجود نداشت. محمودی و قشقایی (Mahmoudi and Ghashghaie 2012) ۱۷ لاین چغندر قند را به لحاظ مقاومت به ریزوکتونیا و بیماری پوسیدگی ریشه، مورد ارزیابی قرار داده و دریافتند لاین B8618 نسبت به هر دو عامل بیماری‌زا مقاومت نشان داد، علاوه بر این، لاین‌های متحمل به خشکی چغندر قند (M293، M362 و M345) به جدایه‌های *M.*

شاخص بیماری، شاخص برداشت و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل معنادار بود، وجود اختلاف میان اوتایپ‌های مورد بررسی نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی مناسب میان مواد ژنتیکی مورد بررسی و مؤثر بودن گزینش ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص‌های مورد بررسی است. در میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی، پایین‌ترین شاخص بیماری و بالاترین شاخص برداشت برای اوتایپ‌های ۵ (OT010245)، ۳۲ (OT010277)، ۸۰ (OTHSF-010041) ثبت شد، اختلاف میان ژنوتیپ‌های مذکور با دو ژنوتیپ Check2 و Check3 از نظر شاخص بیماری و شاخص برداشت، معنادار نبود. به نظر می‌رسد اوتایپ‌های مذکور از زمینه ژنتیکی مناسبی در زمینه مقاومت به ریزوکتونیا برخوردار هستند. اوتایپ ۳۶ (OT010282) اگرچه از نظر شاخص بیماری پایین ولی از شاخص برداشت بالایی برخوردار بود. تعداد ریشه‌های ثبت شده برای ژنوتیپ مذکور در مقایسه با میانگین کل توده ژنتیکی (۱۷/۱۶ بونه) بسیار پایین بود که بیان‌گر پایین بودن قدرت جوانه‌زنی این ژنوتیپ یا دیگر عوامل محیطی است. نتایج نشان دهنده آن بود که اوتایپ‌های شماره ۳۶ (OT010282)، ۳۲ (OT010277)، ۵ (OT010245)، ۸۰ (OTHSF-010041)، ۲۸ (OT010273) و ۱ (OT010240) به ترتیب با مقادیر ۰/۷۶، ۰/۷۴، ۰/۷۳، ۰/۷۲، ۰/۶۵ و ۰/۶۰ نزدیک‌ترین اوتایپ به اوتایپ ایده‌آل بودند. در تحقیقی ژنوتیپ‌های Badger Flame و FC709-2 به ترتیب با درصد‌های آلودگی ۲۹ و ۳۲ درصد به عنوان مقاوم‌ترین و ژنوتیپ‌های W411B و KDH13 به ترتیب با درصد آلودگی ۵۴ و ۵۵ درصد به عنوان حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها به ریزوکتونیا شناخته شدند (Wigg and Goldman 2020). بر اساس نتایج تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های مورد بررسی به چهار گروه مجزا دسته‌بندی شدند. اختلاف

(Katharina *et al.* 2020)، لاین اصلاحی PI بیشترین مقاومت را به ریزوکتونیا نشان داد. در مطالعه استراوسباگ و همکاران (Strausbaugh *et al.* 2013) لاین FC709-2 بالاترین درجه مقاومت را به سویه‌های مختلف این عامل بیماری‌زا نشان داد.

نتیجه‌گیری

از آزمایش‌ها و همچنین کلیه تجزیه و تحلیل‌های انجام‌شده؛ اوتایپ‌های شماره ۵ (OT010245)، ۸۰ (OTHSF-010041) و ۳۲ (OT010277) به‌عنوان لاین‌های مقاوم به ریزوکتونیا شناسایی شدند. پس از آزمایش‌های تکمیلی و ارزیابی‌های ملکولی و تأیید حضور ژن‌های مقاوم می‌توان از این اوتایپ‌ها در برنامه‌های آتی به‌نژادی در زمینه تولید پایه‌های مادری سینگل‌کراس و همچنین هیبریدهای مقاوم به بیماری ریزوکتونیا بهره جست.

R. Solani و *phaseolina* حساس بودند. در این مطالعه چهار شاخص مورد بررسی به دو عامل خلاصه شدند که ۹۴/۰۰ درصد از کل تغییرات داده‌ها را تبیین کردند که سهم عامل اول و دوم به‌ترتیب ۶۷/۹۴ و ۲۶/۰۶ درصد بود، تقسیم‌بندی اوتایپ‌های مورد بررسی بر اساس دو عامل مذکور، ژنوتیپ‌ها را در چهار ناحیه دسته‌بندی کرد، اوتایپ‌های ۸۰ (OTHSF-010041)، ۱ (OT010240) و ۲۸ (OT010273) دارای ضرایب بالایی درونی مثبت و معنادار برای هر دو عامل بودند (ناحیه ۱) درحالی‌که اوتایپ‌های ۵ (OT010245)، ۳۲ (OT010277) و ۳۶ (OT010282) دارای ضرایب بالایی مثبت با عامل اول و ضرایب همبستگی درونی منفی با عامل دوم بودند (ناحیه ۲). اوتایپ‌های مذکور در ناحیه‌ای قرار گرفتند که از شاخص‌های بیماری، برداشت و انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل بالاتری در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند. در مطالعه کاترینا و همکاران

منابع مورد استفاده:

References:

- Biancardi E. History of sugar beet breeding. In genetics and breeding of sugar beet, ed. Biancardi E, Campbell LG, Skaracis GN, De Biaggi M, Enfield: Science Publishers, 2005; pp. 38–40.
- Bruhns M, Lemmes R, Schick R. Jr Verarbeitungseigenschaften von Rhizoctonia- geschädigten Rüben, Zuckerindustrie, 2004; 129: 105-111.
- Buhre C, Kluth C, Burcky K, Marlander, Varrelmann M. Integrated control of root and crown rot in sugar beet: combined effects of cultivar, crop rotation, and soil tillage. Plant Diseases, 2009; 93 (2): 155–161. doi.org/10.1094/PDIS-93-2-0155.
- Büttner G, Führer Ithurrart ME, Buddemeyer J. Späte Rübenfäule Rhizoctonia solani– Verbreitung, wirtschaftliche Bedeutung und integrierte Bekämpfungskonzepte. Zuckerindustrie, 2002; 127: 856-866.
- Büttner G, Pfähler B, Märlander, B. Greenhouse and field techniques for testing sugar beet for resistance to Rhizoctonia root and crown rot. Plant Breeding. 2004; 123: 158-166.
- Büttner G, Pfähler B, Petersen J. Rhizoctonia root rot in Europe—incidence, economic importance and concept for integrated control. 2023. pp. 897–901 In: Proc. 66th IIRB-ASSBT Congr. San Antonio, TX.

- Cattanach AW, Dexter AG, Oplinger ES. Sugar beets. In WC Agronomy: Alternative fields crop manual. University of Wicons in cooperative extension service, the University of Minessota Extension Service and the Center for Alternative Plant and Animal Products. 1991.
- Ebrahimi Koulaee H, Mahmoudi SB, Hasani M. Evaluation of the resistance of sugar beet breeding lines to *Rhizoctonia* root and crown rot. *Journal of Sugar Beet*. 2010; 26(1): 42-31. **doi:10.22092/JSB.2010.758**. [In Persian]
- Ebrahimi Koulaee H, Mansouri H, Aghaezadeh M, Mohammadian R, Soltani J, Fotouhi K. Evaluation of yield potential and resistance to rhizoctonia (*Rhizoctonia solani*) disease of new sugar beet (*Beta vulgaris* L.) hybrids. *Iranian Journal of Crop Science*. 2019; 21(2): 173-187. **doi:10.29252/abj.21.2.173**. [In Persian]
- Fattahi SH, Zafari D, Mahmoudi SB. Evaluation of superior sugar beet genotypes for resistance to important root rot pathogens in the greenhouse. *Journal of Sugar Beet*. 2011; 27(1): 25-38. **doi:10.22092/JSB.2011.682**. [In Persian]
- Hamze H, Hassani M, Mansouri H. Screening O-type lines of sugar beet in terms of resistance to rhizoctonia root rot. *Journal of Sugar Beet*. 2022; 37(2): 153-165. **doi:10.22092/JSB.2022.357181.1296**. [In Persian]
- Harveson RM, Hanson LE, Hein GL. Compendium of beet diseases and pests. St. Paul: American Phytopathological Society Press. 2009; pp 12-21. **doi.org/10.1094/9780890546598.fm**.
- Hofmann CM. Root Quality of Sugarbeet. *Sugar Tech*. 2010; 12(3-4): 276-287. **doi:10.1007/s12355-010-0040-6**.
- Inokuti EM, Thiery- Lanfranchi D, Edelann V, Gauthero N, Fayollo L, Michereff SJ, Steinberg C. Genetic and pathogenic variability of *Rhizoctonia solani* causing crown and root rot on sugar beet in France. *Journal of Plant Pathology*. 2019; 101: 907-916. **doi:10.1007/s42161-019-00289-4**.
- Jacobsen BJ. Root rot diseases of sugar beet *Zbornik Matice srpske za prirodne nauke*. 2006a. 110: 9-19.
- Katharina S, Wigg F, Goldman L. Variability in reaction to root and crown rot caused by *rhizoctonia solani* among table beet cultivars, breeding lines, and plant introductions in controlled environment conditions. *Hort Science*, 2020; 55(9):1482– 1494. **doi:10.21273/HORTSCI15011-20**.
- Liu YX, Qi AM, Khan FR. Age- dependent resistance to *rhizoctonia solani* in sugar beet. *Plant Diseases*. 2019; 103(9): 2322-2329. **doi:10.1094/PDIS-11-18-2001-RE**.
- Mahmoudi SB, Ghashghaie S. Reaction of sugar beet S1 lines and cultivars to different isolates of macro phominaphaseolina and *Rhizoctonia solani* AG-2-2IIIB. *Euphytica*. 2012; 190: 439– 445. **doi:10.1007/s10681-012-0832-8**.
- Mall AK, Misra V, Lal RJ, Kumar M, Santeshwari A, Kumar Pathak AD. *Rhizoctonia* root rot: A threatening disease of sugar beet incited by *Rhizoctonia species*. *Indian Journal of Sugarcane Technology*. 2020; 35(02): 1-4.
- Mall AK, Mall V, Misra, SanteshwariAD, Pathak S. Srivastava Sugar beet cultivation in India: Prospects for bioethanol production and value added co-products. *Sugar Tech*. 2021; 23:1218- 1234. **doi:10.1007/s12355-021-01007-0**.

- McGrath JM, Hanson LE, Panella L. Registration of SR98 sugar beet Germplasm with resistances to *Rhizoctonia* seedling and crown and root rot diseases. *Journal of Plant Registrations*. 2015; 9 (2): 227–231. **doi:10.3198/jpr2013.08.0052crg.**
- Misra V, Srivastava S, Mall AK. (Eds.), *Sugar beet cultivation, management, and processing*. Springer Publisher. Singapore, 2022; pp. 607-619.
- Olivoto T, Lúcio AD, da Silva JA, Sari BG, Diel M. Mean performance and stability in multi- environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy J*, 2019; 111:2961– 2969. **doi:10.2134/agronj2019.03.0221.**
- Strausbaugh CA, Eujayl IA, Panella LW. Interaction of sugar beet host resistance and *Rhizoctonia solani* AG-2-2 IIIB strains. *Plant Diseases*. 2013; 97:1175-1180. **doi:10.1094/PDIS-11-12-1078-RE.**
- Wigg KS, Goldman IL. Variability in reaction to root and crown rot caused by *rhizoctonia solani* among table beet cultivars, breeding lines, and plant introductions in controlled environment conditions. *Hort Science*, 2020; 5(9): 1482–1494. **doi:10.21273/HORTSCI15011-20.**
- Windels CE, Panella L, Ruppel EG. Sugar beet germplasm resistant to *Rhizoctonia* root and crown rot with stands disease caused by several pathogenic isolates of *Rhizoctonia solani* AG2-2. *Sugar Beet Research and Extension Report*, 1995; 26: 179-185.
- Zali H, Sofalian O, Hasanloo T, Asghari A, Hoseini SM. Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum*, 2015; 7(2): 703-711.
- Zali H, Sofalian O, Hasanloo T, Asghari A, Zeinalabedini M. Appropriate strategies for selection of drought tolerant genotypes in canola. *Journal of Crop Breeding*. 2106; 78(20):77- 90. **doi:20.1001.1.22286128.1395.8.20.7.4.** [In Persian]

Evaluation of new O-type lines of sugar beet resistant to root and crown rhizoctonia rot in the conditions of microplot artificial contamination

H. Hamzeh¹*, H. Mansouri, M. Hasani² and S. Sadeghzadeh Hemayati³

(Received 19 Feb. 2024 ; Accepted 14 Mar. 2024)

H. Hamzeh, H. Mansouri, M. Hasani, and S. Sadeghzadeh Hemayati. 2024. Evaluation of new O-type lines of sugar beet resistant to root and crown rhizoctonia rot in the conditions of microplot artificial contamination. **J. Sugar Beet. 39(2): 125- 138 (in Persian).**

Abstract

Root rot is a serious threat for sugar beet production and consequently sugar industry. The most important way to deal with it is to use resistant cultivars. In order to identify and grouping new O-type lines resistant the fungus that causes rhizoctonia and crown rot root in sugar beet, 83 O-type lines along with three resistant control (Novodro and line SB-709) and a susceptible (bulk 191) lines were evaluated in microplot in Hamedan in 2023. Artificial inoculation was performed by propagating the Rh133 isolate with AG2-2 anastomosing group on corn seeds and placing next to two months sugar beet seedlings. At the end of the growing season, roots were harvested and evaluated using 1-9 scale, and the disease and harvest indices were calculated accordingly. In the present study, the average number of roots, disease index, and harvest index for the evaluated genetic mass were 17.16, 4.05 and 17.18, respectively. O-types 5 (OT 010245), 32 (OT 010277) and 80 (OT HSF-010041) obtained the highest number of roots and harvest index and lower disease index compared with other genotypes. Based on the SIIG index, it was found that O-types 36 (OT 010282), 32 (OT 010277), 5 (OT 010245), 80 (OT HSF-010041), 28 (OT 010273), and 1 (OT 010240) were adjacent to the ideal O-types in terms of the number of roots, disease index, and harvest index. Results of the cluster analysis classified the evaluated O-types into four groups. O-types 5 (OT 010245), 80 (OT HSF-010041), 32 (OT 010277) and 36 (OT 010282) were placed in a cluster that had significantly lower disease index and higher harvest index as well as SIIG index closer to 1 compared with other three groups. Also, the biplot analysis based on the first two components showed that O-types 80 (OT HSF-010041), 1 (OT 010240), 28 (OT 010273), 5 (OT 010245), 32 (OT 010277) and 36 (OT 010282) were placed in a suitable position of the biplot in terms of resistance indicators. Finally, O-types 5 (OT 010245), 80 (OT HSF-010041), and 32 (OT 010277) were identified as resistant maternal lines for future breeding programs.

Keyword: Disease index, microplot, O-type, SIIG index

1 Assistant professor of Sugar Beet Research Department, Hamedan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center (AREEO), Hamedan, Iran. * -Corresponding author contact information email:

hamze_606@yahoo.com

2. Associate professor of Sugar Beet Seed Institute (SBSI), Agricultural Research, Education, and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

3. Associate professor of Sugar Beet Seed Institute (SBSI), Agricultural Research, Education, and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.