



Resistance evaluation and identification of new sugar beet pollinator lines resistant to rhizoctonia root and crown rot

Hamed Mansouri^{1*}, Hamze Hamze¹, Mahdi Hassani¹, Akbar Aliverdi²

(Received: 20 July. 2024 ; Accepted: 22 Dec. 2024)

How to cite this article:

Mansouri H, Hamze H, Hassani M, Aliverdi A. Resistance evaluation and identification of new sugar beet pollinator lines resistant to rhizoctonia root and crown rot. 2024; (40)1. 31-46. (In Persian with English abstract). Doi: <https://doi.org/10.22092/JSB.2024.366460.1364>

Extended Abstract

Introduction

Rhizoctonia root and crown rot of sugar beet is one of the most important diseases of sugar beet, which is present in most beet growing regions of the country. The soil-borne fungus *Rhizoctonia solani* causes root and crown rot, significantly reducing the economic yield of sugar beet. Control of rhizoctonia root and crown rot in sugar beet using crop rotation and fungicide application has reduced the disease damage, however, an unacceptable and significant amount of rot still occurs in the fields. The development of rhizoctonia-resistant cultivars has been identified as the most practical and economical approach, and in some cases, recommended as the only effective way against this disease. On the other hand, the presence of resistance in the sugar beet pollinator plays a significant role in the development of resistant hybrids. One of the steps in the development of a rhizoctonia-resistant hybrid is to identify the source of resistance in the genetic material.

Materials and Methods

In order to evaluate the resistant pollinator lines, 27 pollinator lines along with two resistant checks (FC 709-2 and Novodoro) and one susceptible check (191) were evaluated for rhizoctonia resistance under artificial inoculation with Rh133 isolate based on randomized complete block design with three replications under micro-plot condition in Hamedan in 2022. Eighty-five days after planting, artificial infection of sugar beet plants with rhizoctonia fungus was carried out. For this

purpose, five corn seeds infected with Rh133 isolate of *rhizoctonia solani* AG 2-2 were placed nearby crown area of the roots in 5 cm depth, and plants were immediately covered with soil and irrigated. To ensure adequate spreading of the inoculum, plants were irrigated every 3-days for two weeks and then once a week to maintain moisture.

Roots were harvested 22 days after the artificial inoculation, and the root disease index was assessed using 1 to 9 scale. The disease index for each line was calculated by multiplying the score and the number of roots associated with that score, then dividing it by the total number of roots in that plot. The harvest index was obtained by dividing the number of roots with 1-3 score by the number of roots with 1-9 score in each plot. To ensure accurate test results, several random samples of infected root tissue were selected to isolate and identify the fungus causing the rot. The Selection Index of Ideal Genotype (SIIG) method was utilized to examine genetic diversity while integrating traits such as root number, disease index, and harvest index. To classify genotypes, cluster analysis (using Euclidean distance by Single method and considering 95% similarity) was used based on the disease index, harvest index and SIIG index of each line and rhizoctonia resistant lines were identified. Factor analysis was also performed based on principal component analysis. SAS v.9.1, R v.4.2.2 and Minitab v.16 software were used to analyze the data and drawing graphs.

Results and Discussion

1. Sugar Beet Research Department, Hamedan Agricultural and Natural Resources Research and Education center, Agricultural Research, Education, and Extension Organization (AREEO), Hamedan, Iran.

*corresponding author: h.mansori@areeo.ac.ir

2. Production Engineering and Plant Genetics Department, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran.



The culture results obtained from the laboratory indicated that the disease's causative agent was the *rhizoctonia solani* fungus in tested samples. Based on the results of the analysis of variance, the differences between the sugar beet pollinator lines were significant in terms of root number ($df=23$, $F=2.51$, $p=0.0039$), disease index ($df=23$, $F=2.69$, $p=0.0021$), and harvest index ($df=23$, $F=2.29$, $p=0.0082$). In this experiment, the average number of roots evaluated for each genotype (roots with 1-9 scores) was 15.88 roots. Therefore, the number of roots required to evaluate and estimate the disease index and harvest index was sufficient and appropriate. The lowest and the highest number of roots was observed in line No.7 (S1-140292) with 9 roots and line No.11 (S1-140302) with 22 roots, respectively. The average disease index of the pollinator lines was 5.03, which indicated the effectiveness of the pathogen inoculation, as well as soil contamination in the experimental environment, along with the favorable environmental conditions (temperature and humidity) for the development of the pathogen. The disease index of resistant controls in this experiment was 3.78 and 3.35 for FC 709-2 and Novodoro, respectively, and 5.91 for the susceptible control. Among the lines studied, the lowest disease index (3.53) was observed in pollinator line No.1 (S1-140279), which was identified as the most resistant line among the pollinator lines. The results of the experiment showed that line No.1 (S1-140279) had the highest harvest index (59.02%) among the studied lines. Lines No.21 (S1-140321) and No.2 (S1-140282) were ranked in one group with harvest indices of 53.43 and 53.29%, respectively.

In this study, the minimum and maximum SIIG values estimated for the studied pollinator lines were 0.914 for the resistant control Novodoro and 0.187 for pollinator lines No.8 (S1-140293) and No.13 (S1-140306), respectively. Lines No.2 (S1-140282), No.21 (S1-140321), No.1 (S1-140279), No.20 (S1-140316), No.5 (S1-140287) and No.10 (S1-140296) were the closest pollinators to the ideal pollinator line with values of 0.812, 0.760, 0.755, 0.732, 0.709 and 0.704, respectively. Cluster analysis classified the studied lines into six groups, with the lines in the first cluster (lines No.1, No.2, and No.20) and the fourth cluster (lines No.5, No.9, No.10, and No.20) identified as the most resistant lines.

In factor analysis to evaluate the resistance of pollinated lines to *rhizoctonia* rot under micro-plot, two factors with eigenvalues greater than one were selected. The first factor explained 72.05% and the second factor explained 26.05%, and in total, 98.10% of the total data variation. Factor analysis based on principal component analysis showed that the first factor explained the largest amount of data variation (72.05%) and had large and positive coefficients for the traits of harvest index and

SIIG index and a negative and significant coefficient with the disease index. The second factor also explained 26.05% of the variation and had a positive and significant coefficient with the trait of number of roots. The results of the biplot graph, considering the first two components, showed that six pollinators, including lines No.1, No.2, No.20, No.21, No.10 and No.5, were in a suitable position in the biplot graph in terms of resistance indices. Results also showed that the six pollinators did not have a significant difference in terms of disease index compared with the resistant controls Novodoro and FC 709-2, and they can be introduced as resistant lines.

Conclusion

In general, the pollinator lines No.1 (S1 - 140279), No.2 (S1 - 140282), No.5 (S1 - 140287), No.10 (S1 - 140296), No.20 (S1 - 140316) and No.21 (S1 - 140321), which were recognized as resistant lines can be suggested for future breeding programs.

Keywords: Artificial inoculation, Disease index, Pollinator, Rot disease.

References

- Colquhoun J.B, Chapman SA, Gevens AJ, Groves RL, Heider DJ, Jensen BM, Nice GR.W, Ruark MD, Wang Y. Commercial vegetable production in Wisconsin. Madison: University of Wisconsin Extension. 2020. (Available at <https://cdn.shopify.com/s/files/1/0145/8808/4272/files/A3422-2021.pdf>. Accessed 13 April, 2020).
- Mall A, Misra K, 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.
- McGrath JM, Panella L. Sugar beet breeding. 167-218. In: Panella L. (Ed.). *Plant Breeding Reviews*. Somerset, New Jersey: John Wiley and Sons, Inc. 2019.
- Pethybridge SJ, Kikkert JR, Hanson LE, Nelson SC. Challenges and prospects for building resilient disease management strategies and tactics for the New York table beet industry. *Agronomy*. 2018; 8: 112 :1-17. Doi: <https://doi.org/10.3390/agronomy8070112>.

ارزیابی مقاومت و شناسایی لاین‌های گرده‌افشان جدید چغندرقد مقاوم به پوسیدگی ریزوکتونیایی ریشه و طوقه[†]

Resistance evaluation and identification of new sugar beet pollinator lines resistant to *Rhizoctonia* root and crown rot

حامد منصوری*؛ حمزه حمزه^۱؛ مهدی حسنی^۱؛ اکبر علی‌وردی^۲

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۴/۳۰ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۰/۲

نوع مقاله: پژوهشی

DOI: 10.22092/JSB.2024.366460.1364

ح. منصوری، ح. حمزه، م. حسنی و ا. علی‌وردی. ارزیابی مقاومت و شناسایی لاین‌های گرده‌افشان جدید چغندرقد مقاوم به پوسیدگی ریزوکتونیایی ریشه و طوقه. چغندرقد ۴۰(۱): ۳۱-۴۶

چکیده

پوسیدگی ریزوکتونیایی چغندرقد که توسط قارچ *Rhizoctonia solani* ایجاد می‌شود، یکی از مهم‌ترین بیماری‌های مزارع چغندرکاری کشور محسوب می‌شود. کاهش هزینه‌های تولید به‌ویژه کاهش مصرف قارچ‌کش‌ها و افزایش کنترل بیماری با استفاده از ارقام مقاوم امکان‌پذیر است. بنابراین تهیه مداوم هیبریدهای جدید مقاوم ضروری بوده و نقش پایه پدیری در تهیه رقم هیبرید چغندرقد بسیار مهم است. بر این اساس به‌منظور ارزیابی لاین‌های گرده‌افشان مقاوم به ریزوکتونیا، در سال ۱۴۰۱ تعداد ۲۷ لاین گرده‌افشان به‌همراه دو شاهد مقاوم (FC 709-2 و نوودورو) و یک شاهد حساس (توده ۱۹۱) از نظر مقاومت به پوسیدگی ریزوکتونیایی در میکروپلات‌های بخش تحقیقات چغندرقد مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان همدان، در شرایط آلودگی مصنوعی با جدایه Rh133 در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار ارزیابی شدند. روش‌های ارزیابی لاین‌ها شامل استفاده از شاخص SIIG، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه بای‌پلات بود. بر اساس شاخص SIIG، لاین‌های شماره ۲، ۲۱، ۱، ۲۰، ۵ و ۱۰ نزدیک‌ترین گرده‌افشان‌ها به لاین گرده‌افشان ایده‌آل بودند. تجزیه خوشه‌ای، لاین‌های مورد بررسی را به شش گروه دسته‌بندی کرد. بر این اساس در گروه اول، سه لاین گرده‌افشان ۱، ۲ و ۲۱ با شاهد مقاوم نوودورو و در گروه چهارم نیز چهار لاین ۵، ۹، ۱۰ و ۲۰ با شاهد مقاوم FC 709-2 در یک گروه قرار گرفتند و به‌عنوان لاین‌های مقاوم شناسایی شدند. همچنین تجزیه بای‌پلات بر اساس دو مؤلفه اول نشان داد گرده‌افشان‌های شماره ۱، ۲، ۲۰، ۲۱، ۱۰ و ۵ در موقعیت مناسبی از بای‌پلات از نظر شاخص‌های مقاومت قرار گرفتند. به‌طور کلی با توجه به نتایج، شش لاین ۱ (S1-140279)، ۲ (S1-140282)، ۵ (S1-140287)، ۱۰ (S1-140296)، ۲۰ (S1-140316) و ۲۱ (S1-140321) به‌عنوان لاین‌های گرده‌افشان مقاوم شناسایی و برای برنامه‌های آتی به‌نژادی توصیه می‌شوند. واژه‌های کلیدی: آلودگی مصنوعی، بیماری پوسیدگی، پایه گرده‌افشان، شاخص بیماری

†- این مقاله برگرفته از طرح تحقیقاتی به شماره مصوب ۰۰۲-۰۰۲-۰۰۲-۰۰۲-۰۰۲ 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: h.mansori@areeo.ac.ir

۲. گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران.



مقدمه

می‌نماید (Strausbaugh *et al.* 2011; Buttner *et al.* 2004).

روش‌های زراعی، مدیریت شیمیایی و مقاومت ژنتیکی از اصلی‌ترین استراتژی‌های کنترل پوسیدگی ریشه ناشی از قارچ *R. solani* به شمار می‌رود (Haque and Parvin 2021). کنترل پوسیدگی ریزوکتونیایی ریشه و طوقه چغندرقد با استفاده از تناوب زراعی (Kluth and Verrelmann 2010; Pethybridge *et al.* 2018) و مصرف قارچ‌کش‌ها (Colquhoun *et al.* 2020) منجر به کاهش خسارت بیماری می‌گردد ولی با این وجود، مقدار غیرقابل قبول و چشمگیری از پوسیدگی در مزارع اتفاق می‌افتد (Bolton *et al.* 2010). مقاومت گیاه میزبان به دلیل کاهش هزینه تولید و عدم آلودگی‌های زیست محیطی ناشی از مصرف سموم به‌عنوان یک ابزار مؤثر و مفید در کنترل این بیماری مطرح است (McGrath *et al.* 2015). توسعه ارقام مقاوم به ریزوکتونیا به‌عنوان عملی‌ترین و اقتصادی‌ترین رویکرد معرفی شده و در بعضی موارد به‌عنوان تنها راه مؤثر برای مبارزه با این بیماری توصیه شده است (McGrath and Panella 2019). استفاده از ارقام مقاوم به‌دلیل این‌که نسبت به سایر روش‌های کنترل، کم‌هزینه‌تر بوده و کارایی بالاتری نیز دارد، به‌عنوان یک راهکار مطلوب برای کنترل بیماری شناخته شده است (Panella 2005). از طرف دیگر وجود مقاومت در پایه گرده‌افشان چغندرقد، نقش به‌سزایی در تهیه و اصلاح هیبریدهای مقاوم دارد. یکی از مراحل تهیه هیبرید مقاوم به ریزوکتونیا، شناسایی منابع مقاومت در این مواد ژنتیکی و انتقال آن به نتاج است (Vahedi *et al.* 2016; Basati *et al.* 2013). ارزیابی مقاومت لاین‌های چغندرقد از طریق ایجاد آلودگی مصنوعی در شرایط میکروپلات به‌عنوان یک روش کارآمد در این راستا مطرح شده است (Mahmoudi *et al.* 2003).

پروژه حاضر با هدف ارزیابی لاین‌های گرده‌افشان به‌منظور شناسایی منابع جدید ژنتیکی مقاوم به بیماری ریزوکتونیا در شرایط آلودگی مصنوعی میکروپلات انجام شد.

یکی از مهم‌ترین بیماری‌های چغندرقد (*Beta vulgaris*)، بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی ریشه و طوقه چغندرقد است که در اکثر مناطق چغندرکاری کشور وجود دارد (Ebrahimi *et al.* 2019). عامل این بیماری قارچ خاکزاد *Rhizoctonia solani* است که باعث پوسیدگی ریشه و طوقه و کاهش عملکرد اقتصادی محصول چغندرقد می‌شود (Mall *et al.* 2020). نشانه‌های بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی در دو نوع متفاوت از آلودگی گزارش شده است که ناشی از گروه‌های آناستوموزی مختلف است. در نوع اول، آلودگی از طوقه شروع شده و با سیاه شدن انتهای دم برگ همراه است (Harveson 2006) که این نشانه‌ها بیشتر در گروه‌های آناستوموزی AG-3 و AG-5 گزارش شده است (Windels *et al.* 1997). نوع دوم که به پوسیدگی ریشه معروف است، از قسمت سر ریشه یا دم ریشه شروع شده و به سمت طوقه پیشرفت می‌کند (Harveson and Russ 2002) که بیشتر متعلق به گروه آناستوموزی AG 2-2 بوده و عامل اصلی پوسیدگی ریشه و طوقه ریزوکتونیایی در چغندرقد است (Stojsin *et al.* 2011).

میزان خسارت بیماری با توجه به شرایط آب و هوایی منطقه متغیر است. صدمه به محصول از صفر تا ۵۰ درصد یا حتی ۵۰ تا ۶۰ درصد و گاهی اوقات از بین بردن کامل محصول با توجه به شدت آلودگی قارچی برآورد شده است (Buhre *et al.* 2009). استراسباگ و همکاران (Strausbaugh *et al.* 2011)، کاهش عملکرد ریشه توسط این بیماری را تا بیش از ۵۰ درصد گزارش نموده‌اند. میزان کاهش عملکرد چغندرقد بر اثر پوسیدگی ریزوکتونیایی از مزرعه‌ای به مزرعه دیگر متفاوت بوده و در آلودگی‌های شدید منجر به کاهش چشمگیری در عملکرد این محصول می‌گردد (Strausbaugh 2016). افتادگی ناگهانی برگ‌ها، پوسیدگی کامل ریشه و مرگ گیاهچه از علائم این بیماری در شرایط آلودگی شدید در مزارع چغندرقد است (Strausbaugh *et al.* 2011; Harveson *et al.* 2009). این قارچ منجر به کاهش ساکاروز ذخیره شده در ریشه چغندرقد شده و مشکلاتی را در فرایند استحصال شکر در کارخانه ایجاد

مواد و روش‌ها

شد. آبیاری میکروپلات‌ها هر هفته یک‌بار و با استفاده از سیستم بابلر انجام شد.

برای تهیه مایه تلقیح، دانه‌های ذرت ۱۲ ساعت در آب خیس‌انده شد و دو روز متوالی به مدت یک ساعت ضدعفونی گردید. پس از ضدعفونی 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 نگهداری شد. ۸۵ روز پس از کشت و در اول مرداد ماه، آلودگی مصنوعی بوته‌های چغندرقد به قارچ ریزوکتونیا انجام گرفت. برای این منظور، پنج عدد بذر ذرت آلوده به جدایه Rh133 از قارچ *Rhizoctonia solani* AG 2-2 (دارای بیش‌ترین قدرت بیماری‌زایی، Bolton et al. 2010)، در پای هر بوته در عمق ۵ سانتی‌متر قرار گرفت (Windels et al. 1997) و بلافاصله پای بوته‌ها خاک‌دهی و آبیاری شد. به‌منظور گسترش قارچ عامل بیماری، آبیاری میکروپلات‌ها تا دو هفته هر سه روز یک‌بار و سپس هفته‌ای یک‌بار انجام گرفت. لازم به ذکر است که کرت‌های آزمایشی، سابقه آلودگی به قارچ عامل بیماری را نیز دارا بودند.

به منظور ارزیابی و گزینش لاین‌های گرده‌افشان مقاوم

به بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی چغندرقد، بذر ۲۷ والد گرده‌افشان (جدول ۱) به‌همراه دو شاهد مقاوم شامل FC-709-2 و نوودورو (Novodoro) و یک شاهد حساس (توده ۱۹۱) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار تحت شرایط آلودگی مصنوعی در میکروپلات‌های مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان همدان (ایستگاه اکباتان) ارزیابی شدند. به این منظور بذر هر لاین در تاریخ پنج اردیبهشت‌ماه سال ۱۴۰۱ در یک خط دو متری با سه تکرار کشت و آبیاری بلافاصله بعد از کشت انجام شد. عملیات تنک بوته‌ها به فاصله ۴۳ روز پس از کشت انجام و بوته‌ها با فاصله ۸ تا ۱۰ سانتی‌متر تنک شد که ۲۰ تا ۲۵ بوته در هر خط کاشت باقی ماند. برای مبارزه با آفت کک از حشره‌کش دیازینون، کرم برگ‌خوار (کارادرینا) از ایندوکساکارب و برای آفات شته‌سیاه و زنجربک از ترکیب ایمیداکلوپرید طبق دستورالعمل توصیه شده توسط شرکت‌های تولیدکننده آنها استفاده شدند. برای کنترل بیماری‌های قارچی مبارزه انجام نشد. علف‌های هرز نیز به‌صورت مکانیکی کنترل

جدول ۱ اریژین لاین‌های گرده‌افشان مورد استفاده در آزمایش

Table 1. Origin of the studied pollinator lines.

شماره No.	اریژین Origin	شماره No.	اریژین Origin	شماره No.	اریژین Origin
1	S1 - 140279	11	S1 - 140296	21	S1 - 140312
2	S1 - 140282	12	S1 - 140298	22	S1 - 140315
3	S1 - 140284	13	S1 - 140299	23	S1 - 140316
4	S1 - 140285	14	S1 - 140302	24	S1 - 140318
5	S1 - 140287	15	S1 - 140304	25	S1 - 140319
6	S1 - 140289	16	S1 - 140306	26	S1 - 140321
7	S1 - 140292	17	S1 - 140308	27	S1 - 140322
8	S1 - 140293	18	S1 - 140309	28	Check 1 (FC 709-2)
9	S1 - 140294	19	S1 - 140310	29	Check 2 (Novodoro)
10	S1 - 140295	20	S1 - 140311	30	check 3 (Mass-191)

بیماری ریشه‌ها براساس مقیاس ۱ تا ۹ (شکل ۱ و جدول ۲) مورد ارزیابی قرار گرفت (Buttner et al. 2004).

ریشه‌ها ۲۲ روز بعد از آلودگی مصنوعی و در ۲۳ مرداد ماه (با دریافت ۴۶۶ درجه روز رشد بعد از آلودگی)، برداشت و شاخص



شکل ۱ الگوی شدت بیماری در ریشه‌های چغندرقد و نمره مربوط به آنها

Fig. 1. The pattern of the disease severity in sugar beet roots and their related score

آب‌گیری شدند. سپس قطعات در شرایط استریل به محیط کشت PDA (Potato Dextrose Agar) انتقال یافته و برای رشد بهتر در انکوباتور با دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد با دوره نوری ۸ ساعت روشنایی و ۱۶ ساعت تاریکی قرار گرفتند. سه روز پس از رشد ریشه‌های قارچ از قطعات کشت‌شده در روی محیط کشت، نسبت به جداسازی، خالص‌سازی و در نهایت شناسایی قارچ عامل بیماری با روش مرفولوژیکی بر اساس رنگ و قطر کلنی، شکل و تشکیل اسکروت‌ها اقدام گردید (Parmeter and Whitney (1970). لازم به ذکر است که به منظور اطمینان از نتایج آزمایش، به ریشه‌هایی که کوچک بوده و رشد کمی داشتند و عامل بیماری در آنها مشاهده نشد، نمره صفر داده شد و در ارزیابی مقاومت، ریشه‌های با نمره صفر در محاسبات وارد نشدند زیرا بوته‌ها باید قبل از آلوده‌سازی به اندازه کافی رشد کرده باشند (Buttner *et al.* 2004).

شاخص بیماری (DI= Disease Index) هر لاین از تقسیم حاصل ضرب نمره در تعداد ریشه با آن نمره بر تعداد کل ریشه‌های آن کرت محاسبه شد (Buttner *et al.* 2004). شاخص برداشت (HI= Harvesting Index) نیز، از تقسیم تعداد ریشه‌های با نمره ۱ تا ۳ بر تعداد ریشه‌های با نمره ۱ تا ۹ هر کرت به دست آمد. به منظور اطمینان از نتایج آزمایش، چند نمونه تصادفی از بافت ریشه‌های آلوده انتخاب شد تا قارچ عامل پوسیدگی جداسازی و شناسایی گردد. برای این منظور ابتدا ریشه‌های آلوده در زیر جریان ملایم آب به مدت ۱۰ دقیقه شسته شد تا اجزای خاک چسبیده به ریشه از آن جدا شود. سپس در داخل محفظه هود استریل با برداشتن قسمت کوچکی از بافت ریشه حد فاصل بین بافت سالم و قسمت پوسیده به ابعاد حدود پنج میلی‌متر داخل محلول هیپوکلریت سدیم پنج درصد به مدت یک دقیقه ضدعفونی شده و پس از آن سه بار در آب مقطر استریل شستشو و در نهایت بر روی کاغذ صافی استریل

جدول ۲ مقیاس شدت بیماری ریشه‌های ارزیابی شده (Buttner *et al.* 2004)

Table 2. The scale of disease severity in evaluated roots (Buttner *et al.* 2004)

نمره Score	توضیحات Description
1	ریشه سالم Healthy root
2	حدود یک درصد سطح ریشه دارای زخم سطحی Lesion on about 1% of root area
3	یک تا پنج درصد سطح ریشه دارای زخم سطحی Lesion on 1-5% of root area
4	پنج تا ۱۰ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر Lesion or canker on 5-10% of root area
5	۱۰ تا ۲۵ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر Lesion or canker on 10-25% of root area
6	۲۵ تا ۵۰ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر Lesion or canker on 25-50% of root area
7	۵۰ تا ۷۵ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر Lesion or canker on 50-75% of root area
8	بیش از ۷۵ درصد سطح ریشه دارای زخم و یا شانکر Lesion or canker on > 75% of root area
9	گیاهان مرده، ریشه کاملاً پوسیده Dead plants, complete rotting of the root

$$SIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-}$$

مقدار شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل بین صفر و یک تغییر کرده و هر چه گزینه موردنظر به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر باشد، مقدار SIIG آن به یک نزدیک‌تر خواهد بود. بر اساس این روش، بهترین لاین، نزدیک‌ترین لاین به لاین ایده‌آل و دورترین از لاین ضعیف است (Zali et al. 2015). لاین ایده‌آل از مجموع مقادیر ایده‌آل هر یک از صفات مورد مطالعه به دست می‌آید، درحالی‌که لاین ضعیف از مجموع مقادیر ضعیف هر یک از صفات موردنظر حاصل می‌گردد.

جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه کلاستر داده‌ها (با استفاده از فاصله اقلیدسی به روش Single و با در نظر گرفتن شباهت ۹۵ درصد) بر اساس صفات شاخص بیماری، شاخص برداشت و شاخص SIIG هر لاین استفاده و لاین‌های مقاوم به ریزوکتونیا شناسایی شدند. تجزیه به عامل‌ها نیز بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام شد. به منظور تجزیه و تحلیل داده‌ها و ترسیم نمودارها از نرم‌افزارهای SAS v. 9.1، R v.4.2.2 و Minitab v.16 استفاده شد.

نتایج و بحث

به‌منظور اطمینان از نتایج آزمایش، چند نمونه تصادفی از بافت ریشه‌های آلوده انتخاب شد تا قارچ عامل پوسیدگی جداسازی و شناسایی گردد. نتایج کشت نمونه‌های انتخاب شده در آزمایشگاه نشان داد که عامل ایجاد بیماری در نمونه‌های کشت شده، قارچ *Rhizoctonia solani* بود؛ به نحوی که هنگام برداشت ریشه‌ها، قارچ عامل بیماری تقریباً تمام ریشه‌ها را تحت تأثیر قرار داده و بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی در تمام سطوح ریشه‌های حساس منتشر شده بود.

تعداد ریشه

از ۲۷ لاین گرده‌افشان کشت شده در میکروپلات ۲ لاین گرده‌افشان شامل S1-140319 و S1-140322 در هیچ

به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ادغام صفات تعداد ریشه،

شاخص بیماری و شاخص برداشت از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (Selection Index of Ideal Genotype, SIIG) استفاده شد (Zali et al. 2015). به منظور محاسبه شاخص SIIG ابتدا ماتریس داده‌ها بر اساس تعداد شاخص موردبررسی و تعداد ژنوتیپ‌ها تشکیل شد.

$$D = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \cdots & x_{nm} \end{bmatrix}$$

در این ماتریس x_{ij} مقدار شاخص i ام در رابطه با ژنوتیپ j ام می‌باشد ($i = 1.2 \dots n$) ($j = 1.2 \dots m$). در مرحله بعد داده‌ها با استفاده از رابطه زیر نرمال شده و ماتریس داده‌ها به یک ماتریس نرمال تبدیل گردید.

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

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \cdots & r_{1m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \cdots & r_{nm} \end{bmatrix}$$

به منظور پیدا کردن ژنوتیپ ایده‌آل و غیر ایده‌آل، برای هر صفت یا شاخص به‌طور جداگانه برترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ انتخاب شد. سپس فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و ژنوتیپ ضعیف به صورت زیر محاسبه گردید.

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

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

در این رابطه d_i^+ بیانگر فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل و d_i^- بیانگر فاصله از ژنوتیپ ضعیف می‌باشد، 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 صفت i ام می‌باشد. در نهایت شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد.

ریشه بود (جدول ۳). منصورى (Mansouri 2021) در مطالعه مشابهی به منظور ارزیابی لاین‌های چغندرقد از لحاظ مقاومت به پوسیدگی ریزکتونیایی ریشه و طوقه در شرایط میکروپلات، میانگین تعداد ریشه ارزیابی شده در هر لاین را ۱۵/۷۲ ریشه گزارش کرده و بیان نمودند که این تعداد ریشه برای ارزیابی مقاومت قابل قبول و کافی می‌باشد. حمزه و همکاران (Hamzeh *et al.* 2024) نیز در ارزیابی لاین‌های اتایپ چغندرقد در شرایط میکروپلات میانگین تعداد ریشه را برابر با ۱۶/۱۷ ریشه گزارش کردند که مشابه مقادیر به دست آمده در این مطالعه بود.

یک از تکرارها سبز نشدند و همچنین ۴ لاین گرده‌افشان شامل S1-140318 و S1-140299، S1-140298، S1-140294 به دلیل اینکه تعداد ریشه‌های ارزیابی شده آنها خیلی کم بوده و نتایج آنها قابل اعتماد نبود از تیمارهای آزمایشی حذف و در محاسبات از آنها صرف‌نظر گردید. بنابراین در نهایت ۲۱ لاین گرده‌افشان به همراه سه شاهد مقاوم و حساس و در مجموع ۲۴ لاین مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول ۳). در این آزمایش به‌طور میانگین برای هر ژنوتیپ تعداد ریشه‌های مورد ارزیابی (ریشه‌های با نمره ۱ تا ۹) برابر با ۱۵/۸۸ ریشه بود که کمترین تعداد ریشه مربوط به لاین ۷ (S1-140292) با ۹ ریشه و بیشترین تعداد ریشه مربوط به لاین ۱۱ (S1-140302) با ۲۲

جدول ۳ مقایسه میانگین لاین‌های گرده‌افشان برای صفات تعداد ریشه، شاخص بیماری و شاخص برداشت
Table 3. Mean comparison of pollinator lines for root number, disease index and harvest index

تیمار Treatment	ارژین Origin	تعداد ریشه Root number	شاخص بیماری Disease index	شاخص برداشت Harvest index
1	S1 - 140279	13.33	3.53	59.02
2	S1 - 140282	17.00	3.80	53.29
3	S1 - 140284	10.67	5.22	23.69
4	S1 - 140285	15.33	4.16	40.08
5	S1 - 140287	17.00	4.23	44.55
6	S1 - 140289	21.00	5.55	12.71
7	S1 - 140292	9.00	4.72	37.12
8	S1 - 140293	15.00	6.78	7.33
9	S1 - 140295	12.33	4.52	45.50
10	S1 - 140296	16.33	3.94	44.31
11	S1 - 140302	22.00	5.79	15.24
12	S1 - 140304	20.00	5.95	15.96
13	S1 - 140306	14.67	7.11	10.62
14	S1 - 140308	17.00	6.08	10.74
15	S1 - 140309	20.00	4.17	29.76
16	S1 - 140310	17.00	7.19	6.53
17	S1 - 140311	17.67	4.86	33.93
18	S1 - 140312	11.33	6.04	14.84
19	S1 - 140315	11.00	5.69	30.48
20	S1 - 140316	17.00	3.90	45.60
21	S1 - 140321	15.67	4.39	53.43
22	Check 1 (FC 709)	15.00	3.78	43.59
23	Check 2 (Novodoro)	19.67	3.35	56.36
24	Check 3 (191)	16.00	5.91	24.68
LSD 5%		6.07	2.00	21.93
Average میانگین		15.88	5.03	31.64
Minimum حداقل		9.00	3.35	6.53
Maximum حداکثر		22.00	7.19	59.02
Standard error انحراف معیار		0.690	0.236	3.47

شاخص بیماری

حساس (توده ۱۹۱) نیز برابر با ۲۴/۶۸ درصد برآورد شد. از ۲۱ لاین مورد بررسی ۹ لاین شامل لاین های ۳، ۶، ۸، ۱۱، ۱۲، ۱۳، ۱۴، ۱۶ و ۱۸ (۴۳ درصد از کل لاین ها) شاخص برداشت کمتر از شاهد حساس داشتند (جدول ۳).

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده آل (SIIG)

در این تحقیق مقدار حداقل و حداکثر SIIG برآورد شده برای لاین های گرده افشان مورد مطالعه در شرایط میکروپلات به ترتیب با ۰/۹۱۴ برای شاهد مقاوم نوودورو و ۰/۱۸۷ برای گرده افشان های شمار ۸ (S1-140293) و ۱۳ (S1-140306) بود. لاین های شماره ۲ (S1-140282)، ۲۱ (S1-140321)، ۱ (S1-140279)، ۲۰ (S1-140316)، ۵ (S1-140287) و ۱۰ (S1-140296) به ترتیب با مقادیر ۰/۸۱۲، ۰/۷۶۰، ۰/۷۵۵، ۰/۷۳۲ و ۰/۷۰۴ نزدیک ترین گرده افشان ها به لاین گرده افشان ایده آل بودند. در این تحقیق مقدار SIIG برآورد شده برای شاهد مقاوم FC 709-2 و شاهد حساس به ترتیب برابر ۰/۶۷۶ و ۰/۳۸۳ بود. هشت گرده افشان شامل لاین های شماره ۶ (S1-140289)، ۱۲ (S1-140304)، ۳ (S1-140284)، ۱۴ (S1-140308)، ۱۶ (S1-140310)، ۱۸ (S1-140312)، ۸ (S1-140293) و ۱۳ (S1-140306) از SIIG پایبندی نسبت به شاهد حساس برخوردار بودند و بنابراین از لحاظ SIIG به عنوان لاین های حساس به بیماری شناخته شدند (جدول ۴). حمزه و همکاران (Hamze et al. 2022) در بررسی مقاومت لاین های اتایپ چغندر قند نسبت به بیماری ریزوکتونیا، با استفاده از روش SIIG چهار لاین اتایپ شامل FCOT-990094، FCOT-990079 و FCOT-990122 را که دارای بیشترین مقدار این شاخص بودند را به عنوان نزدیکترین ژنوتیپ های چغندر قند به ژنوتیپ ایده آل در بین لاین های مورد بررسی معرفی نمودند. در مطالعه مشابهی با استفاده از روش SIIG سه گرده افشان چغندر قند شامل S1-980022، S1-980004 و S1-980002 بالاترین مقدار این شاخص را داشته و به عنوان لاین های گرده افشان مقاوم معرفی شدند (Mansouri et al. 2024).

شاخص بیماری شاهد های مقاوم در این آزمایش ۳/۷۸ و ۳/۳۵ به ترتیب برای FC 709-2 و نوودورو و ۵/۹۱ برای شاهد حساس بود (جدول ۳). در بین لاین های مورد بررسی، کمترین مقدار شاخص بیماری (۳/۵۳) در لاین گرده افشان شماره ۱ (S1-140279) مشاهده شد که به عنوان مقاوم ترین لاین در بین لاین های گرده افشان شناخته شد. بیشترین شاخص بیماری نیز مربوط به لاین ۱۶ (S1-140310) با مقدار ۷/۱۹ بود که حدود ۲۱ درصد شاخص آلودگی بالاتری نسبت به شاهد حساس (۵/۹۱) داشت. در بین ۲۱ لاین گرده افشان مورد مطالعه، ۶ لاین و به عبارتی ۲۸ درصد از جمعیت مورد بررسی شامل لاین های شماره ۸ (S1-140293)، ۱۲ (S1-140304)، ۱۳ (S1-140306)، ۱۴ (S1-140308)، ۱۶ (S1-140310) و ۱۸ (S1-140312) از شاخص آلودگی بالاتری نسبت به شاهد حساس (با شاخص آلودگی ۵/۹۱) برخوردار بودند (جدول ۳).

شاخص برداشت (HI)

نتایج آزمایش نشان داد که لاین شماره ۱ (S1-140279) با ۵۹/۰۲ درصد بالاترین شاخص برداشت را در بین لاین های مورد بررسی به خود اختصاص داد. لاین های ۲۱ (S1-140321) و ۲ (S1-140282) به ترتیب با شاخص برداشت ۵۳/۴۳ و ۵۳/۲۹ درصد در رتبه های بعدی قرار گرفتند. میانگین شاخص برداشت کل لاین های مورد بررسی برابر با ۳۱/۶۴ درصد بود. شاخص برداشت شاهد های مقاوم FC 709-2 و نوودورو به ترتیب معادل ۴۳/۵۹ و ۵۶/۳۶ درصد به دست آمد. تقریباً ۳۳ درصد از جمعیت لاین های گرده افشان (تعداد ۷ لاین) از شاخص برداشت بالاتری نسبت به شاهد مقاوم FC 709-2 برخوردار بودند، در صورتی که به غیر از لاین شماره ۱ (S1-140279) تمامی لاین های گرده افشان از شاخص برداشت پایبندی نسبت به شاهد مقاوم نوودورو برخوردار بودند. در بین ژنوتیپ های مورد بررسی، لاین های شماره ۱۶ (S1-140310) و ۸ (S1-140293) به ترتیب با ۶/۵۳ و ۷/۳۳ کمترین شاخص برداشت را به خود اختصاص دادند. مقدار شاخص برداشت برای شاهد

جدول ۴ مقادیر آماره d^+ (فاصله از ژنوتیپ ایده آل)، d^- (فاصله از ژنوتیپ غیرایده آل) و SIIG (شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده آل) و رتبه‌بندی لاین‌های گرده‌افشان چغندر قند

Table 4. The values of d^+ (distance from ideal genotype), d^- (distance from non-ideal genotype) and SIIG (Selection Index of Ideal Genotype) and ranking of sugar beet pollinator lines

رتبه Rank	تیمار Treatment	اریزین Origin	d^+	d^-	SIIG
1	23	Check 2 (Novodoro)	0.033	0.349	0.914
2	2	S1 - 140282	0.073	0.315	0.812
3	21	S1 - 140321	0.095	0.302	0.760
4	1	S1 - 140279	0.109	0.337	0.755
5	20	S1 - 140316	0.102	0.277	0.732
6	5	S1 - 140287	0.110	0.267	0.709
7	10	S1 - 140296	0.113	0.268	0.704
8	22	Check 1 (FC 709-2)	0.126	0.262	0.676
9	4	S1 - 140285	0.141	0.240	0.630
10	9	S1 - 140295	0.151	0.250	0.623
11	15	S1 - 140309	0.172	0.226	0.568
12	17	S1 - 140311	0.165	0.212	0.563
13	7	S1 - 140292	0.213	0.200	0.485
14	11	S1 - 140302	0.268	0.180	0.401
15	19	S1 - 140315	0.233	0.151	0.393
16	24	Check 3 (Mass-191)	0.233	0.145	0.383
17	6	S1 - 140289	0.279	0.168	0.376
18	12	S1 - 140304	0.268	0.156	0.369
19	3	S1 - 140284	0.258	0.127	0.330
20	14	S1 - 140308	0.303	0.112	0.271
21	16	S1 - 140310	0.342	0.101	0.227
22	18	S1 - 140312	0.305	0.072	0.191
23	8	S1 - 140293	0.337	0.077	0.187
24	13	S1 - 140306	0.327	0.075	0.187

گرده‌افشان شامل لاین‌های ۱ (S1-140279)، ۲ (S1-140282) و ۲۱ (S1-140321) در این خوشه قرار گرفتند (شکل ۲). لاین‌های دسته‌بندی شده در این خوشه از کمترین شاخص آلودگی (۳/۷۷) و بیشترین شاخص برداشت (۵۵/۵۲ درصد) و SIIG (۰/۸۱۰) در بین سایر خوشه‌ها و میانگین کل خوشه‌ها برخوردار بودند (جدول ۵) و می‌توان هر سه لاین موجود در این گروه را به‌عنوان مقاوم‌ترین لاین‌ها معرفی نمود. در تحقیقی ۴۷ لاین گرده‌افشان چغندر قند با استفاده از تجزیه کلاستر به روش Single به سه خوشه مجزا از لحاظ صفات شاخص بیماری، شاخص برداشت و تعداد ریشه دسته‌بندی شدند و لاین‌های خوشه اول که شامل ۲۳ لاین گرده‌افشان به همراه شاهد‌های مقاوم بودند، به‌عنوان لاین‌های گرده‌افشان مقاوم شناسایی شدند (Mansouri 2021). در تحقیقی فتاحی و

تجزیه خوشه‌ای و گروه‌بندی میانگین‌ها

تجزیه خوشه‌ای ۲۱ لاین گرده‌افشان چغندر قند به همراه شاهد‌های مقاوم و حساس تحت شرایط آلودگی میکروپلات به صورت دندروگرام در شکل ۲ نشان داده شده است. تجزیه خوشه‌ای داده‌ها با استفاده از فاصله اقلیدسی به روش Single (با در نظر گرفتن شباهت ۹۵ درصد) بر اساس شاخص بیماری، شاخص برداشت و SIIG انجام شد. بر این اساس لاین‌های مورد بررسی در شش خوشه یا گروه دسته‌بندی شدند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد بین این گروه‌ها از لحاظ صفات شاخص بیماری، شاخص برداشت و SIIG اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود دارد (جدول ۵). گروه یک که شاهد مقاوم نوودور نیز در آن دسته‌بندی شده بود به همراه سه لاین

ژنوتیپ‌های مقاوم به ریزوکتونیا معرفی نمودند. در مطالعه دیگری (Katharina *et al.* 2020) لاین چغندر قند PI بالاترین درجه مقاومت به پوسیدگی ریزوکتونیایی را نشان داده و به عنوان لاین مقاوم به بیماری برای برنامه‌های بعدی اصلاحی چغندر قند شناسایی شد.

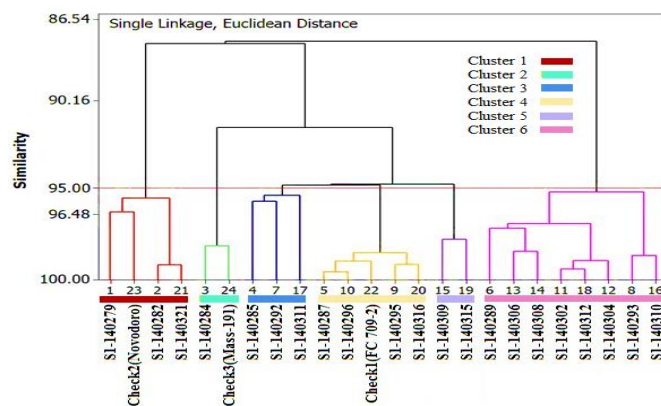
همکاران (Fattahi *et al.* 2011) نیز در ارزیابی مقاومت لاین‌های چغندر قند نسبت به پوسیدگی ریزوکتونیا به این نتیجه رسیدند که سه لاین اصلاحی چغندر قند SB19-P.16، SB19-P.16 و P.16 با شاهد مقاوم دوروتی در یک سطح از لحاظ مقاومت قرار داشته و لاین‌های مذکور را به عنوان

جدول ۵ تجزیه واریانس (میانگین مربعات) و مقایسه میانگین خوشه‌ها از لحاظ صفات مورد بررسی

منابع تغییر S.O.V	درجه آزادی df	شاخص بیماری Disease index	شاخص برداشت Harvest index	SIIG
Inter groups بین گروه‌ها	5	5.05**	1301**	0.201**
Intra groups درون گروه‌ها	18	0.299	7.46	0.006
Cluster 1 خوشه اول	-	3.77 c	55.52 a	0.810 a
Cluster 2 خوشه دوم	-	5.56 ab	24.18 d	0.355 de
Cluster 3 خوشه سوم	-	4.58 bc	37.04 c	0.557 bc
Cluster 4 خوشه چهارم	-	4.07 c	44.71 b	0.688 ab
Cluster 5 خوشه پنجم	-	4.93 bc	30.12 d	0.480 cd
Cluster 6 خوشه ششم	-	6.31 a	11.75 e	0.277 e
Clusters mean میانگین خوشه‌ها	-	5.03	31.64	0.510

گروه دوم نیز که توده ۱۹۱ (لاین شماره ۲۴) به عنوان لاین حساس در آن دسته‌بندی شده بود، به همراه لاین گرده‌افشان ۳ (S1-140284) و در مجموع دو لاین را شامل شد (شکل ۲). میانگین شاخص بیماری، شاخص برداشت و SIIG لاین‌های قرار گرفته در این خوشه به ترتیب برابر با

گروه دوم نیز که توده ۱۹۱ (لاین شماره ۲۴) به عنوان لاین حساس در آن دسته‌بندی شده بود، به همراه لاین گرده‌افشان ۳ (S1-140284) و در مجموع دو لاین را شامل شد (شکل ۲). میانگین شاخص بیماری، شاخص برداشت و SIIG لاین‌های قرار گرفته در این خوشه به ترتیب برابر با



شکل ۲ دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر به روش Single برای گروه‌بندی لاین‌های گرده‌افشان

Fig. 2. Derived dendrogram from cluster analysis by single method for grouping of pollinator lines

با میانگین شاخص بیماری ۴/۵۸، شاخص برداشت ۳۷/۰۴ درصد و SIIG برابر ۰/۵۵۷ از شاخص بیماری کمتر و شاخص برداشت و SIIG بالاتری نسبت به میانگین کل گروه‌ها برخوردار بودند (جدول ۵). در خوشه چهارم نیز چهار لاین گرده‌افشان شامل لاین‌های پنج (S1-140287)، ۹ (S1-

سه لاین گرده‌افشان شامل لاین‌های شماره ۴- S1-140285)، ۷ (S1-140292) و ۱۷ (S1-140311) که ۱۲/۵ درصد از کل جمعیت مورد بررسی را تشکیل می‌دادند در خوشه سوم طبقه‌بندی شدند (شکل ۲). لاین‌های موجود در این گروه

های ۱، ۲ و ۲۱) و کلاستر چهارم (لاین‌های ۵، ۹، ۱۰ و ۲۰) را می‌توان به عنوان لاین‌های مقاوم نسبت به بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی معرفی نمود.

تجزیه به عامل‌ها و بای‌پلات

در تجزیه به عامل‌ها در ارزیابی مقاومت لاین‌های گرده‌افشان نسبت به پوسیدگی ریزوکتونیایی در میکروپلات دو عامل با مقادیر ویژه بزرگ‌تر از یک انتخاب شدند. عامل اول ۷۲/۰۵ درصد و عامل دوم ۲۶/۰۵ درصد و در مجموع ۹۸/۱۰ درصد از کل تغییرات داده‌ها را تبیین نمودند (جدول ۶). تخصیص صفات مورد مطالعه به عامل‌های مختلف براساس مقادیر ضرایب عاملی بعد از انجام چرخش واریماکس عامل‌ها صورت گرفت. به این ترتیب که ضرایب عاملی بزرگ‌تر از ۰/۵ صرف‌نظر از علامت مربوطه به‌عنوان ضرایب معنی‌دار در نظر گرفته شدند. تجزیه عاملی بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد عامل اول با ضریب مشخصه ۲/۸۸، بیشترین مقدار از تغییرات داده‌ها را تبیین کرده (۷۲/۰۵ درصد) و دارای ضرایب بزرگ و مثبت برای صفات شاخص برداشت و SIIG و ضریب منفی و معنی‌دار با شاخص بیماری بود. عامل دوم نیز با تبیین ۲۶/۰۵ درصدی تغییرات و ریشه مشخصه ۱/۰۴، دارای ضریب مثبت و معنی‌دار با صفت تعداد ریشه بود (جدول ۶).

۱۴۰۲۹۵)، ۱۰ (S1-140296) و ۲۰ (S1-140316) به همراه شاهد مقاوم FC 709-2 و در مجموع پنج لاین (۲۰/۸ درصد از کل جمعیت) قرار داشتند (شکل ۲). لاین‌های خوشه چهارم نیز با میانگین شاخص بیماری ۴/۰۷ و شاخص برداشت ۴۴/۷۱ درصد و همچنین شاخص SIIG برابر با ۰/۶۸۸ از شاخص بیماری کمتر و شاخص برداشت و SIIG بالاتری نسبت به میانگین کل گروه‌ها برخوردار بودند و می‌توان لاین‌های موجود در گروه چهارم را به‌عنوان لاین‌های مقاوم معرفی نمود.

در کلاستر پنجم فقط دو لاین گرده‌افشان ۱۵ (S1-140309) و ۱۹ (S1-140315) قرار گرفتند. لاین‌های موجود در این گروه از شاخص بیماری و شاخص برداشت و SIIG کمتری نسبت به میانگین کل گروه‌ها برخوردار بودند. در نهایت در کلاستر ششم که بیشترین تعداد لاین با هشت لاین و ۳۳ درصد از کل جمعیت را به خود اختصاص داد، لاین‌های شماره ۶، ۸، ۱۱، ۱۲، ۱۳، ۱۴، ۱۶ و ۱۸ قرار داشتند که با میانگین شاخص آلودگی ۶/۳۱، شاخص برداشت ۱۱/۷۴ و SIIG برابر ۰/۲۷۷ از بالاترین شاخص بیماری و کمترین شاخص برداشت و SIIG نسبت به سایر گروه‌ها برخوردار بودند و به‌عنوان حساس‌ترین لاین‌ها نسبت به پوسیدگی ریزوکتونیایی ریشه چغندر قند شناسایی شدند. به طور کلی نتایج تجزیه کلاستر نشان داد که لاین‌های گرده‌افشان موجود در کلاستر اول (لاین

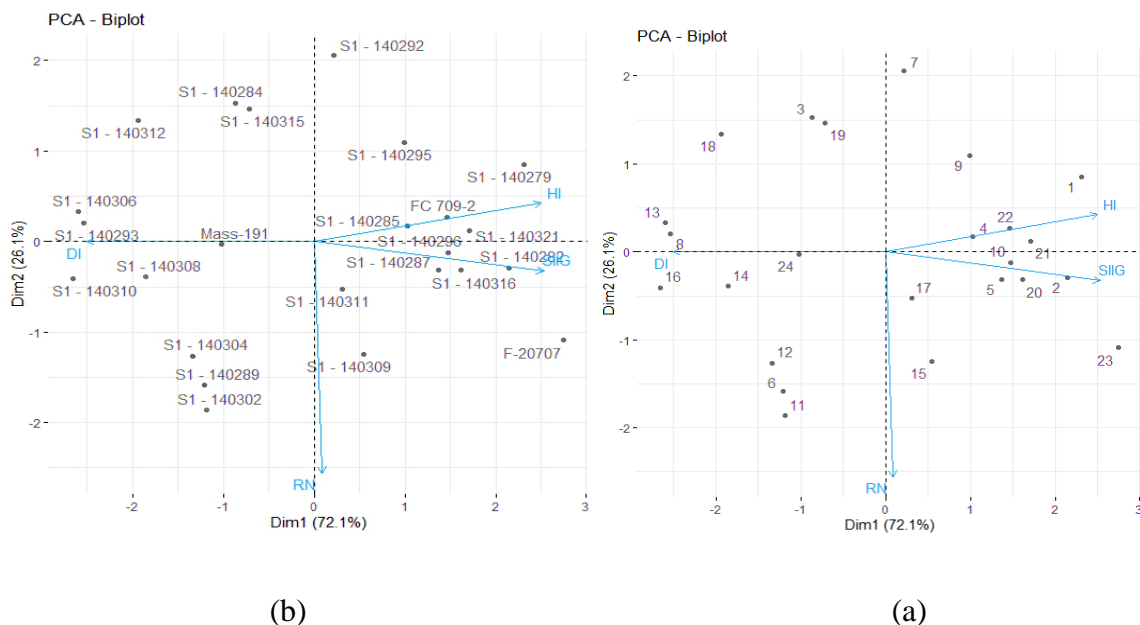
جدول ۶ ضرایب تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورد بررسی بعد از چرخش واریماکس

Table 6. The coefficients of factor analysis for studied traits after varimax rotation

صفات Traits	عامل‌ها Factors			
	عامل اول PC1	عامل دوم PC2	عامل سوم PC3	عامل چهارم PC4
تعداد ریشه Plant number	0.011	<u>1.00</u>	-0.004	-0.004
شاخص بیماری Disease index	<u>-0.970</u>	-0.020	0.242	-0.001
شاخص برداشت Harvest index	<u>0.983</u>	-0.139	0.108	0.048
شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل SIIG	<u>0.985</u>	0.152	0.060	-0.047
ریشه مشخصه Eigenvalue	2.88	1.04	0.074	0.004
واریانس Variance (%)	72.05	26.05	0.793	0.103
واریانس تجمعی Cumulative variance (%)	72.05	98.10	99.89	100.00

مذکور در جهت خلاف بردار شاخص بیماری قرار گرفتند که نشان‌دهنده مقدار کم شاخص بیماری برای این لاین‌های گرده‌افشان بوده و به‌عنوان لاین‌های مقاوم به بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی در آنالیز بای پلات مشخص شدند. همچنین لاین‌های شماره ۲۴ (شاهد حساس)، ۱۴ (S1-140308)، ۱۳ (S1-140293)، ۱۶ (S1-140310) و ۱۸ (S1-140312) در جهت بردار شاخص بیماری و خلاف جهت بردارهای شاخص برداشت و شاخص SIIG قرار گرفتند که بیانگر بالا بودن شاخص بیماری و پایین بودن شاخص برداشت و SIIG در این لاین‌ها بوده و به‌عنوان لاین‌های حساس به بیماری در آنالیز بای پلات شناسایی شدند (شکل ۳).

آنالیز بای پلات بر اساس صفات مورد بررسی و لاین‌های گرده‌افشان در شکل ۳ نشان داده شده است. بر این اساس شاخص برداشت (HI) و شاخص بیماری (DI) توسط دو بردار با جهت کاملاً مخالف قرار گرفتند که بیانگر وجود ارتباط منفی بین این دو شاخص است، همچنین زاویه بین دو بردار شاخص برداشت و SIIG کم بود که بیانگر ارتباط و همبستگی مثبت دو صفت مذکور است. در این آزمایش ارتباط نزدیک بین بردار شاخص برداشت و SIIG و لاین‌های شماره ۲۳ (شاهد مقاوم نوودورو)، ۱ (S1-140279)، ۲ (S1-140282)، ۲۰ (S1-140316)، ۲۱ (S1-140321)، ۲۲ (شاهد مقاوم FC 709-2)، ۱۰ (S1-140296) و ۵ (S1-140287) مشاهده شد. لاین‌های



شکل ۳ نمودار بای پلات حاصل از دو مؤلفه اول معنی‌دار برای لاین‌های گرده‌افشان مورد بررسی (a) بر اساس آرژین لاین‌ها؛ b) بر اساس شماره لاین‌ها) از لحاظ صفات تعداد ریشه (RN)، شاخص بیماری (DI)، شاخص برداشت (HI) و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG)

Fig. 3. Biplot dendrogram from significant first two-component for the studied pollinator lines (a: based on origin; b: based on number of lines) in terms of root number (RN), disease index (DI), harvest index (HI) and selection index of ideal genotype (SIIG)

نتیجه‌گیری

میانگین شاخص بیماری لاین‌های گرده‌افشان برابر ۵/۰۳ واحد بود که بیانگر مؤثر بودن تلقیح عامل بیماری‌زا و همچنین آلوده بودن خاک محیط آزمایش و مساعد بودن شرایط محیطی (دما و رطوبت) برای توسعه عامل بیماری‌زا بود.

لاین‌های گرده‌افشان شماره ۲، ۲۱، ۱، ۲۰، ۵ و ۱۰ که بالاترین مقادیر SIIG را در بین سایر لاین‌ها به خود اختصاص دادند به‌عنوان نزدیک‌ترین گرده‌افشان‌ها به لاین ایده‌آل از نظر

در این تحقیق ۲۴ لاین گرده‌افشان جدید چغندرقد از لحاظ مقاومت به بیماری پوسیدگی ریزوکتونیایی در شرایط آلودگی مصنوعی در محیط میکروپلات مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج آزمایش نشان داد که میانگین تعداد ریشه در هر کرت آزمایشی ۱۵/۸۸ ریشه بود؛ بنابراین تعداد ریشه لازم برای ارزیابی و برآورد شاخص بیماری و شاخص برداشت، کافی و مناسب بود.

مقاوم شناسایی شدند را می‌توان برای برنامه‌های آتی به‌نژادی به عنوان منابع ژنتیکی جدید در تهیه ارقام مقاوم به ریزوکتونیا توصیه نمود.

تعارض منافع

هیچ گونه تعارض منافع توسط نویسندگان بیان نشده است.

سپاسگزاری

بدین وسیله از همکاران محترم مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند و همچنین مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی همدان که در فراهم آوردن امکانات و اعتبارات لازم جهت اجرای پروژه تحقیقاتی مساعدت نمودند، صمیمانه تشکر و قدردانی می‌گردد.

تعداد ریشه، شاخص بیماری و شاخص برداشت انتخاب شدند. تجزیه کلاستر لاین‌های مورد مطالعه را در شش گروه دسته‌بندی کرد که لاین‌های خوشه اول (لاین‌های شماره ۱، ۲ و ۲۰) و خوشه چهارم (لاین‌های شماره ۵، ۹، ۱۰ و ۲۰) به‌عنوان مقاوم‌ترین لاین‌ها شناسایی شدند. نتایج نمودار بای‌پلات با توجه به دو مؤلفه اول نشان داد که شش گرده‌افشان شامل لاین‌های شماره ۱، ۲، ۲۰، ۲۱، ۱۰ و ۵ از لحاظ شاخص‌های مقاومت در موقعیت مناسبی از نمودار بای‌پلات قرار گرفتند. نتایج همچنین نشان داد که شش گرده‌افشان مذکور در مقایسه با شاهد‌های مقاوم نوودورو و FC 709-2 از لحاظ شاخص بیماری اختلاف معنی‌دار نداشته و می‌توان آنها را به‌عنوان لاین‌های مقاوم معرفی نمود. با توجه به نتایج مطالعه، شش لاین ۱ (S1-140279)، ۲ (S1-140282)، ۵ (S1-140287)، ۱۰ (S1-140296)، ۲۰ (S1-140316) و ۲۱ (S1-140321) که به‌عنوان لاین‌های

References

منابع مورد استفاده

- Basati J, Sheikholeslami M, Jalilian A, Neamati A, Habib khodaie A. Development of diploid pollinator for resistance to powdery mildew disease in sugar beet. *Journal of Sugar Beet*. 2013; 29 (1): 1-13. (In Persian). Doi:<https://doi.org/10.22092/jsb.2013.2939>
- Bolton M. D, Panella L, Campbell L, Khan M. Temperature, moisture, and fungicide effects in managing *Rhizoctonia* root and crown rot of sugar beet. *Phytopathology*. 2010; 100: 689-697. Doi:<https://doi.org/10.1094/PHTO-100-7-0689>
- Buhre C, Kluth C, Burcky K, Marlander B, Varrelmann M. Integrated control of root and crown rot in sugar beet: combined effects of cultivar, crop rotation, and soil tillage. *Plant Disease*. 2009; 93: 155-161. Doi:<https://doi.org/10.1094/PDIS-93-2-0155>
- Buttner G, Pfahler B, Marlander B. Greenhouse and field techniques for testing sugar beet for resistance to *Rhizoctonia* root and crown rot. *Plant Breeding*. 2004; 123: 158-166. Doi: <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2003.00967.x>
- Colquhoun J.B, Chapman SA, Gevens AJ, Groves RL, Heider DJ, Jensen BM, Nice GR.W, Ruark MD, Wang Y. Commercial vegetable production in Wisconsin. Madison: University of Wisconsin Extension. 2020. (Available at <https://cdn.shopify.com/s/files/1/0145/8808/4272/files/A3422-2021.pdf>. Accessed 13 April, 2020).
- Ebrahimi Koulaei H, Mansouri H, Aghaezadeh M, Mohammadian R, Soltani J, Fotouhi K, Sharifi M. Evaluation of yield potential and resistance to *Rhizoctonia* (*Rhizoctonia solani*) disease of new sugar beet (*Beta vulgaris L.*) hybrids. *Iranian Journal Crop Science*. 2019; 21(2): 173-187. (In Persian). Doi: <http://doi.org/10.29252/abj.21.2.173>
- 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. (In Persian). Doi: <http://doi.org/10.22092/jsb.2011.682>
- 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. (In Persian). Doi:<https://doi.org/10.22092/jsb.2022.357181.1296>
- Hamze H, Mansouri H, Hasani M, Sadeghzadeh Hemayati S. Evaluation of new O-type lines of sugar beet resistant to root and crown rhizoctonia rot in the conditions of microplot artificial contamination. *Journal of Sugar Beet*. 2024; 39 (2): 125-138. (In Persian). Doi: <http://doi.org/10.22092/jsb.2024.365029.1347>
- Haque ME, Parvin MS. Sugar beet, it's disease rhizoctonia root rot, and potential biological agents. *Agricultural and Biological Research*. 2021; 37 (1): 96-101. Doi: <http://doi.org/10.35248/0970-1907.21.37.96-101>
- Harveson R M, Rush CM. The influence of irrigation frequency and cultivar blends on the severity of multiple root diseases in sugar beets. *Plant Disease*. 2002; 86: 901-908. Doi: <http://doi:10.1094/PDIS.2002.86.8.901>
- Harveson RM. Identifying and distinguishing seedling and root rot diseases of sugar beets. *Plant Health Progress*. 2006; 7 (1). Doi: <http://doi.org/10.1094/PHP-2006-0915-01-DG>.
- Harveson RM, Hanson LE, Hein GL. Compendium of beet diseases and pests, 2nd Edition. The American Phytopathological Society, APS Press, St Paul, MN, USA, 2009 pp. 140. Doi: <https://doi.org/10.1094/9780890546598>.
- 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. *Horticultural Science*. 2020; 55(9):148-1494. Doi: <https://doi.org/10.21273/HORTSCI15011-20>.
- Kluth C, Verrelmann M. Maize genotype susceptibility to *Rhizoctonia solani* and its effect on sugar beet crop rotations. *Crop Protection*. 2010; 29: 230-238. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2009.12.002>.

- Mahmoudi SB, Mesbah M, Azizollah A, Ebrahimi Koulaei H. Comparison of different methods for evaluation of the resistance to *Rhizoctonia* root and crown rot in selected genotypes of sugar beet. *Journal of Sugar Beet*. 2003; 19: 1-22. (In Persian). Doi: <http://doi.org/10.22092/jsb.2003.7149>
- Mall A, Misra K, 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.
- Mansouri H. Screening of sugar beet full-sib lines for resistance to *Rhizoctonia* root rot under artificial inoculation. 2021. Final report of sugar beet seed institute, Karaj, Iran. (In Persian).
- Mansouri H, Hamze H, Hassani M. Identification of Resistant Pollinator Lines to Soil-Borne *Rhizoctonia solani* J.G. Kühn, 1858 in Sugar Beet Using SIIG Technique. *Agriculturae Conspectus Scientificus*. 2024; 89 (3): 199-208.
- McGrath JM, Panella L. Sugar beet breeding. 167-218. In: Panella L. (Ed.). *Plant Breeding Reviews*. Somerset, New Jersey: John Wiley and Sons, Inc. 2019
- 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: 227–231. Doi: <https://doi.org/10.3198/jpr2013.08.0052crg>
- Panella L. Root rots. pp. 95-100. In: Biancardi E, Campbell LG, Skaracis GN.(Eds.). de Biaggi M. eds. *Genetics and Breeding of Sugar Beet*. Science Publishers, Enfield, NH. 2005.
- Parmeter JRJ, Whitney HS. Taxonomy and nomenclature of the imperfect state. pp. 7-19. In Parmeter J. (Ed.). *Biology and Pathology of Rhizoctonia solani*. University of California Press, Berkeley. 1970. Doi: <https://doi.org/10.1525/9780520318243-004>
- Pethybridge SJ, Kikkert JR, Hanson LE, Nelson SC. Challenges and prospects for building resilient disease management strategies and tactics for the New York table beet industry. *Agronomy*. 2018; 8: 112 :1-17. Doi: <https://doi.org/10.3390/agronomy8070112>
- Strausbaugh CA, Eujayl IA, Panella LW, Hanson LE. Virulence, distribution, and diversity of *Rhizoctonia solani* from sugar beet in Idaho and Oregon. *Canadian Journal of Plant Pathology*. 2011; 33: 210-226. Doi: <https://doi.org/10.1080/07060661.2011.558523>
- Strausbaugh CA. *Leuconostoc* spp. associated with root rot in sugar beet and their interaction with *Rhizoctonia solani*. *Journal of Phytopathology*. 2016; 106: 432-441. Doi: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-12-15-0325-R>
- Stojšin V, Budakov D, Jacobsen B, Bagi F, Grimme E, Neher O. Analysis of *Rhizoctonia solani* isolates associated with sugar beet crown and root rot from Serbia. *African Journal of Biotechnology*. 2011; 10(82):19049-55. Doi: <http://doi:10.5897/AJB11.2708>
- Vahedi S, Fotouhi K, Bazrafshan M, Soltani J, Orazizadeh M, Sadeghzadeh Hemayati S. Evaluation of diploid sugar beet pollinators resistant to rhizomania disease. *Proceedings of 22nd Iranian Plant Protection Congress, 27-30 August, 2016. Karaj, Iran. (In Persian)*.
- Windels C. E, Kuznia R.A, Call J. Characterization and pathogenicity of *Thanatephorus cucumeris* from sugar beet in Minnesota. *Plant Disease*. 1997; 81: 245-249. Doi: <http://doi.org/10.1094/PDIS.1997.81.3.245>
- Zali H, Sofalian O, Hasanloo T, Asgharii A, Hoseini S.M. 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.