Plant Genetic Research
ISSN: 2676-7309
Lorestan University

Comparative Multivariate Evaluation of Autumn Sugar Beet Genotypes across two Climatic Regions

Hamed Mansouri[1] | Mehrdad Hanifei[1,*] | Hamze Hamze[1] | Saeed Yarahmadi[2] | Mahmoud Bahador[3]

1- Sugar Beet Research Department, Hamedan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Hamedan, Iran
2- Horticulture-Crops Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Gorgan, Iran
3- Sugar Beet Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Shiraz, Iran

Corresponding author ✉: mehrdad.hanifei@uwa.edu.au

Article Info

Article type:
Research Article

Article history:
Received: September 03, 2025;
Received in revised form: November 17, 2025;
Accepted: November 25, 2025;
Available online: December 30, 2025

Keywords:
Multi-trait selection,
Genotype × trait biplot,
Physiochemical traits,
Heritability,
Genotypic-phenotypic correlation

ABSTRACT

This aimed to assess genetic diversity, evaluate quantitative and qualitative traits, and identify superior sugar beet genotypes in two different climatic environments (Fasa and Gonbad). A set of yield, and industrial quality-related traits, including root yield, white sugar yield, molasses sugar percentage, root alkalinity, α-amino nitrogen, sodium content, and potassium content, were measured and analyzed. The results of this study showed that most traits exhibited high heritability and substantial genetic advance, enabling effective selection at early stages of breeding. Multivariate analyses, including genotype × trait biplot and cluster analysis, revealed the genetic structure of the population. In the biplot diagram, yield and quality traits such as root yield, white sugar yield, and white sugar content showed positive and significant correlations, and genotypes 6, 7, 14, and 19 were positioned along these vectors and were identified as superior genotypes. In contrast, traits such as root alkalinity, sodium content, and molasses sugar percentage showed negative correlations with desirable sugar traits, and genotypes located near these vectors were evaluated as undesirable. Cluster analysis in both environments resulted in the formation of three distinct clusters. Genotypes in the third cluster in Fasa and the first cluster in Gonbad exhibited higher mean values for yield and quality traits and were identified as valuable genetic resources. These findings indicate that multi-trait approaches and targeted genotype selection across diverse climatic conditions can effectively enhance sugar beet improvement.

Cite this article: Mansouri1, H., Hanifei, M., Hamze, H., Yarahmadi, S. and Bahador, M. (2025). Multivariate evaluation of different traits of autumn sugar beet genotypes in two climatic regions. Plant Genetic Research, 12(2): 117–142.
DOI: https://doi.org/10.22034/pgr.2025.2070711.1019

© Author(s) retain the copyright.

Introduction

Sugar beet (*Beta vulgaris L.*) is a major industrial crop for white sugar production, valued for its adaptability to diverse climates and moderate soil salinity. Enhancing both yield and processing quality through breeding requires a deep understanding of genetic diversity and trait interactions across different environmental conditions. Key agronomic and physiochemical traits such as root yield, white sugar yield, molasses sugar percentage, root alkalinity, alpha-amino nitrogen, and minerals content play a critical role in determining both field productivity and industrial efficiency. These traits are influenced by genetic and environmental factors, and their simultaneous evaluation using multivariate statistical approaches can reveal complex relationships and guide effective selection. Advanced analytical tools such as genotype × trait biplot and cluster analysis offer powerful means to identify superior genotypes and uncover hidden patterns among traits. Integrating multi-trait selection strategies with genotype-by-environment analysis enhances the precision of breeding decisions. This study aims to assess genetic variation and identify high-performing sugar beet genotypes across two contrasting agro-climatic regions (Fasa and Gonbad), thereby providing a scientific basis for targeted breeding programs focused on yield improvement and sugar quality enhancement.

Materials and Methods

A total of 20 suger beet genotypes were assessed using a randomized complete block design with three replications at each location. Quantitative and qualitative traits associated with yield and industrial sugar quality were measured, including root yield, white sugar yield, molasses sugar percentage, root alkalinity, alpha-amino nitrogen, sodium and potassium content. Statistical analyses included analysis of variance (ANOVA) to estimate genetic parameters such as heritability and genetic advance. Genotype × environment interactions were evaluated separately for each trait. Multivariate approaches were applied to explore trait relationships and genotype performance. Genotype × trait biplot analysis was used to visualize correlations among traits and identify high-performing genotypes. Cluster analysis using Ward's method was performed to classify genotypes based on trait similarity, and Mahalanobis distance was calculated to assess genetic divergence between clusters.

Results and Discussion

Significant genetic variation was observed among sugar beet genotypes across both Fasa and Gonbad environments. Traits such as root yield, white sugar yield, sugar content, and extraction efficiency exhibited high heritability and genetic advance, indicating strong genetic control and suitability for early selection. Multivariate analyses indicated strong positive correlations among key performance traits, with genotypes 6, 7, 14, and 19 consistently ranking highest in both environments. Conversely, root alkalinity, sodium content, and molasses sugar percentage were negatively associated with sugar quality, identifying genotypes near these vectors as less favorable for industrial processing. Cluster analysis grouped genotypes into three distinct clusters per environment. In Fasa, Cluster III genotypes showed superior agronomic and quality traits, while in Gonbad, Cluster I genotypes performed best. Mahalanobis distance confirmed substantial genetic divergence between clusters, particularly between Clusters I and II, suggesting promising potential for hybridization to combine complementary traits.

Conclusions

The study demonstarte the effectiveness of multi-trait selection combined with advanced statistical analysis in identifying high-performing sugar beet genotypes adapted to diverse agro-climatic conditions. Genotypes exhibiting superior agronomic performance and favorable quality traits were successfully distinguished, while traits detrimental to industrial processing were effectively identified, enabling their exclusion or indirect selection. Crossing genetically distant genotypes offers a strategic path to enhance breeding efficiency and develop new cultivars with improved yield, sugar quality, and industrial processing traits. These findings provide a robust foundation for future breeding programs targeting both productivity and adaptability.

Author Contributions

HM and HH contributed to the conceptualization, design, and supervision of the research study. SY and MB conducted all laboratory and field experiments. MH prepared the initial draft of the manuscript and supported the analysis and interpretation of the data. All authors reviewed and approved the final version of the manuscript.

Data Availability Statement

Data available on request from the authors.

Acknowledgements

The authors sincerely acknowledge the Sugar Beet Seed Institute for funding this project. We also express our gratitude to the Agricultural and Natural Resources Research and Education Centers of Fars and Golestan provinces for their valuable cooperation and for providing the necessary facilities and infrastructure to carry out this research.

Ethical Considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, and plagiarism, and any form of misconduct.

Funding

This research was conducted within the framework of the approved research project No. 03-63-0205-008-020175 at the Sugar Beet Seed Institute. The project was financially supported by the Sugar Beet Seed Institute.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.

پژوهش‌های ژنتیک گیاهی
شاپاالکترونیکی:۷۳۰۹-۲۶۷۶
دانشگاه لرستان

ارزیابی مقایسه‌ای چندمتغیره ژنوتیپ‌های چغندرقند پاییزه در دو منطقه اقلیمی

حامد منصوری[۱] | مهرداد حنیفه‌ئی[۱،*] | حمزه حمزه[۱] | سعید یاراحمدی[۲] | محمود بهادر[۳]

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

۲- بخش تحقیقات علوم زراعی-باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران

۳- بخش تحقیقات چغندرقند، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، شیراز، ایران

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:
مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۶/۱۲
تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۰۸/۲۶
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۹/۰۴
تاریخ انتشار: ۱۴۰۴/۱۰/۰۹

واژگان کلیدی:
انتخاب چندصفتی،
بای‌پلات ژنوتیپ × صفت،
صفات فیزیوشیمیایی،
وراثت‌پذیری،
همبستگی ژنوتیپی-فنوتیپی

چکیده

این پژوهش با هدف بررسی تنوع ژنتیکی، ارزیابی صفات کمی و کیفی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر چغندرقند در دو محیط اقلیمی متفاوت (فسا و گنبد) انجام شد. مجموعه‌ای از صفات مرتبط با عملکرد و کیفیت صنعتی محصول شامل عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید، درصد قند ملاس، قلیائیت ریشه، نیتروژن آلفا-آمینو، محتوای سدیم و پتاسیم اندازه‌گیری و تحلیل شدند. نتایج این مطالعه نشان داد که بیشتر صفات دارای وراثت‌پذیری بالا و پیشرفت ژنتیکی مطلوبی بودند که امکان انتخاب مؤثر در مراحل اولیه بهنژادی را فراهم می‌سازد. تحلیل‌های چندمتغیره شامل بای‌پلات ژنوتیپ × صفت و تجزیه خوشه‌ای، ساختار ژنتیکی جمعیت را آشکار ساختند. در نمودار بای‌پلات، صفات عملکردی و کیفی نظیر عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید و محتوای شکر سفید همبستگی مثبت و معنی‌دار داشتند و ژنوتیپ‌های ۶، ۷، ۱۴ و ۱۹ در امتداد این بردارها قرار گرفته و به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر معرفی شدند. در مقابل، صفاتی مانند قلیائیت ریشه، محتوای سدیم و درصد قند ملاس با صفات مطلوب قندی همبستگی منفی داشتند و ژنوتیپ‌های نزدیک به این بردارها نامطلوب ارزیابی شدند. تجزیه خوشه‌ای در هر دو محیط منجر به تشکیل سه خوشه شد. ژنوتیپ‌های خوشه سوم در فسا و خوشه اول در گنبد، میانگین بالاتری در صفات عملکردی و کیفی داشتند و به‌عنوان منابع ژنتیکی ارزشمند معرفی شدند. این یافته‌ها نشان می‌دهند که استفاده از رویکردهای چندصفتی و انتخاب هدفمند ژنوتیپ‌ها در شرایط اقلیمی متنوع، مسیر بهنژادی چغندرقند را هموار می‌سازد.

* نویسنده مسئول: mehrdad.hanifei@uwa.edu.au
ناشر: دانشگاه لرستان
© نویسندگان
DOI: https://doi.org/10.22034/pgr.2025.2070711.1019

مقدمه

چغندرقند (*Beta vulgaris* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی صنعتی در جهان است که پس از نیشکر، دومین منبع تولید قند محسوب می‌شود (Brar *et al*., 2015; Wimmer and Sauer, 2020). این محصول حدود ۳۰ تا ۴۰ درصد از قند مصرفی انسان را تأمین می‌کند و نقش کلیدی در امنیت غذایی و اقتصاد کشاورزی بسیاری از کشورها بازی می‌کند. در ایران نیز چغندرقند با سطح زیر کشت بیش از ۱۰۰ هزار هکتار و تولید سالانه بالغ بر ٦ میلیون تن، جایگاه مهمی در تأمین شکر ایران دارد و دستیابی به ضریب خوداتکایی بیش از ۹۰ درصد در تولید شکر، اهمیت راهبردی این محصول را دوچندان کرده است (Mohammadzadeh *et al*., 2023).

با وجود این، شکاف قابل‌توجهی میان عملکرد واقعی و عملکرد بالقوه چغندرقند در کشور ایران وجود دارد که نشان‌دهنده ظرفیت بالای بهنژادی ژنتیکی و بهبود مدیریتی گیاه چغندر است. بهنژادی ژنتیکی در چغندرقند طی دهه‌های اخیر منجر به افزایش معنی‌دار در عملکرد ریشه، درصد قند، مقاومت به بیماری‌ها، منوژرمی بذر، مقاومت به ساقه‌روی و سازگاری با تنش‌های محیطی شده است (Hassani *et al*., 2024; Rajabi *et al*., 2023; Sadeghzadeh Hemayati *et al*., 2022; Saremirad and Taleghani, 2022). به‌ویژه، استفاده از روش‌های گزینش دقیق در شرایط اقلیمی مختلف، امکان شناسایی ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا و سازگاری مطلوب را فراهم کرده است (Yan and Kang, 2002; Mousavi *et al*., 2023).

در برنامه‌های بهنژادی، شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس صفات کمی و کیفی، نیازمند تحلیل دقیق روابط میان صفات و ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود است (Ismaili *et al*., 2016). صفاتی مانند عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید، محتوای قند ناخالص، و شاخص‌های کیفیت صنعتی نظیر محتوای سدیم، قلیائیت ریشه و درصد ملاس، از جمله صفات کلیدی در ارزیابی ژنوتیپ‌های چغندرقند هستند (El-Metwally and Majumdar *et al*., 2022; El-Shahawy, 2025). از سوی دیگر، پارامترهای ژنتیکی نظیر واریانس ژنوتیپی، وراثت‌پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار، معیارهای مؤثری برای پیش‌بینی پاسخ به گزینش و تعیین پتانسیل بهنژادی صفات محسوب می‌شوند (Falconer and Mackay, 1996).

تحلیل همبستگی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی میان صفات، به‌ویژه در شرایط اقلیمی متفاوت، می‌تواند به شناسایی صفات مؤثر در عملکرد نهایی کمک کند. در این راستا، استفاده از روش بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (Genotype×Trait Biplot; GT-Biplot) به‌عنوان ابزاری گرافیکی و چندمتغیره، امکان بررسی هم‌زمان روابط میان صفات و ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌سازد و به بهنژادگر کمک می‌کند تا ژنوتیپ‌های برتر را برای هر صفت خاص شناسایی کند (Yan *et al*., 2000; Yan and Frégeau-Reid, 2008; Mehravi *et al*., 2020).

مطالعه حاضر با هدف ارزیابی ۲۰ ژنوتیپ چغندرقند از نظر صفات کمی و کیفی مرتبط با عملکرد در دو منطقه اقلیمی متفاوت فسا و گنبد انجام شد. همچنین شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و صفات مؤثر بر بهبود عملکرد به‌منظور استفاده در برنامه‌های بهنژادی مدنظر قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی: در این پژوهش از ۲۰ ژنوتیپ چغندرقند شامل ۱۵ هیبرید جدید و ۵ رقم شاهد استفاده شد (جدول ۱). هیبریدهای جدید حاصل از تلاقی بین یک لاین خالص گرده‌افشان متحمل به ساقه‌روی به‌عنوان والد پدری (S1-990002) و ۱۵ سینگل‌کراس نرعقیم منوژرم متحمل به ساقه‌روی به‌عنوان والد مادری بودند که در سال ۱۴۰۲ در شرایط ایزوله ایستگاه اکباتان مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی همدان تهیه شدند (جدول ۱). هدف از این تلاقی‌ها، تهیه هیبریدهای متحمل به ساقه‌روی با عملکرد مطلوب از نظر کمی و کیفی بود.

محل انجام آزمایش، طرح آزمایشی و جمع‌آوری داده: آزمایش حاضر در سال زراعی ۱۴۰۳–۱۴۰۲ به‌صورت جداگانه در ایستگاه تحقیقات کشاورزی فسا واقع در شهرستان فسا با مختصات جغرافیایی °۵۸′۲۸ عرض شمالی و °۴۰′۵۳ طول شرقی و ایستگاه تحقیقات کشاورزی گنبدکاووس واقع در استان گلستان با مختصات جغرافیایی °۱۵′۳۷ عرض شمالی و °۱۰′۵۵ طول شرقی، اجرا شد.

جدول ۱- کد و شجره ژنوتیپ‌های چغندرقند مورد بررسی در این آزمایش

Table 1. Codes and pedigree of the sugar beet genotypes examined in this experiment

کد Code	شجره Pedigree	کد Code	شجره Pedigree
1	SC(990015 * 990006) * S1-990002	11	SC(990023 * 990007) * S1-990002
2	SC(990019 * 990006) * S1-990002	12	SC(990029 * 990007) * S1-990002
3	SC(990020 * 990006) * S1-990002	13	SC(990014 * 990008) * S1-990002
4	SC(990022 * 990006) * S1-990002	14	SC(990015 * 990008) * S1-990002
5	SC(990023 * 990006) * S1-990002	15	SC(990029 * 990014) * S1-990002
6	SC(990014 * 990007) * S1-990002	16	SBSI – 12
7	SC(990015 * 990007) * S1-990002	17	SBSI – 14
8	SC(990019 * 990007) * S1-990002	18	F – 20734
9	SC(990020 * 990007) * S1-990002	19	F – 20842
10	SC(990022 * 990007) * S1-990002	20	F – 21152

SC: سینگل کراس نر عقیم، S: لاین خالص گرده‌افشان

SC: Male-sterile single cross; S: Pollinator inbred line

آزمایش بر اساس طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار انجام گرفت. پس از انجام عملیات خاک‌ورزی و اجرای نقشه طرح، کرت‌ها ایجاد شدند و در هر کرت سه ردیف کشت با فاصله بین ردیف‌ها برابر با ۵۰ سانتی‌متر تنظیم گردید. عملیات کاشت در فسا در تاریخ ۲٤ مهر ماه و در گنبد در ۱۹ مهر ماه سال ۱٤۰۲ انجام شد. برای اطمینان از تراکم مطلوب، تعداد بذر بیشتری در هر ردیف کشت شد و پس از سبز شدن، در مرحله دو تا چهار برگی، عملیات تنک‌سازی انجام گرفت تا تراکم نهایی به حدود ۱۰۰ هزار بوته در هکتار برسد. در طول دوره رشد، مدیریت مزرعه شامل آبیاری منظم، کنترل دستی علف‌های هرز، تغذیه گیاهی با کودهای توصیه‌شده و سایر اقدامات زراعی تحت نظر کارشناسان اجرا شد. همچنین پایش مستمر برای پیشگیری از شیوع آفات و بیماری‌های رایج چغندرقند در دستور کار قرار داشت. به‌منظور ارزیابی درصد ساقه‌روی، تعداد بوته‌های ساقه رفته در اوایل خرداد ماه شمارش و بر اساس تعداد کل بوته‌ها درصد ساقه‌روی محاسبه گردید. با توجه به این‌که ساقه‌روی در مزرعه تحقیقاتی فسا مشاهده نشد، ارزیابی به منطقه گنبد محدود شد. برداشت محصول با حذف یک متر از ابتدا و انتهای هر ردیف در گنبد و فسا به‌ترتیب در دهه اول و سوم تیر ماه سال ۱٤۰۳ انجام شد و ریشه‌ها پس از شمارش، مورد وزن‌سنجی قرار گرفتند.

به‌منظور ارزیابی صفات کیفی، نمونه‌های خمیر از ریشه‌های چغندرقند تهیه و به آزمایشگاه تکنولوژی قند منتقل گردیدند. نمونه‌های خمیر در حالت یخ‌زده به آزمایشگاه کنترل کیفیت در مؤسسه تحقیقات اصلاح و تولید بذر چغندرقند ارسال شدند تا ارزیابی‌های لازم از نظر شاخص‌های کمی و کیفی صورت گیرد. در مرحله بعد، به‌منظور محاسبه میزان عملکرد شکر سفید مربوط به هر ژنوتیپ، ابتدا درصد قند موجود در ملاس و درصد قند خالص با استفاده از روابط مشخص‌شده (روابط ۱ و ۲) برآورد شدند (Reinfeld *et al*., 1974). سپس با استفاده از داده‌های به‌دست‌آمده از درصد قند خالص و عملکرد ریشه، و جای‌گذاری آن‌ها در رابطه ۳، مقدار نهایی عملکرد شکر سفید برای هر ژنوتیپ محاسبه گردید (Cooke and Scott, 1993). افزون بر این، مقادیر عملکرد قند ناخالص، قلیائیت ریشه، و کارایی استخراج قند نیز بر اساس روابط ٤ تا ٦ تعیین گردیدند.

رابطه (۱) $MS = 0.343\,(K^{+} + Na^{+}) + 0.094\,(\text{alpha amino N}) - 0.31$

رابطه (۲) $WSC = SC - (MS + 0.6)$

رابطه (۳) $WSY = WSC \times RY$

رابطه (٤) $SY = RY \times SC$

رابطه (٥) $ALC = \frac{K+}{Na} / N$

رابطه (٦) $ESC = (WSC/SC) \times 100$

که در این معادلات MS درصد قند ملاس بر حسب گرم قند در ۱۰۰ گرم خمیر ریشه، K^{+} میزان پتاسیم بر حسب میلی‌اکی‌والان در ۱۰۰ گرم خمیر ریشه، Na^{+} میزان سدیم بر حسب میلی‌اکی‌والان در ۱۰۰ گرم خمیر ریشه، alpha

amino N نیتروژن آمینه بر حسب میلی‌اکی‌والان در ۱۰۰ گرم خمیر ریشه، WSC درصد قند خالص بر حسب گرم قند در ۱۰۰ گرم خمیر ریشه، SC درصد قند ناخالص بر حسب گرم قند در ۱۰۰ گرم خمیر ریشه، WSY عملکرد شکر سفید بر حسب تن در هکتار، ESC کارایی استخراج قند، ALC میزان قلیائیت ریشه، و RY عملکرد ریشه بر حسب تن در هکتار می‌باشد.

تجزیه و تحلیل آماری: ابتدا نرمال بودن توزیع داده‌ها از طریق آزمون کولموگروف–اسیمرنوف (Lilliefors, 1967) ارزیابی شد. در گام دوم پس از آزمون همگنی اشتباهات آزمایشی در دو شرایط، تجزیه مرکب داده‌ها انجام شد. به‌منظور بررسی روابط بین صفات، ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بین صفات مختلف محاسبه شد. همچنین به‌منظور بررسی رابطه‌های بین صفات مختلف و مقایسه ژنوتیپ‌ها از روش GT biplot استفاده شد که در این روش ترسیم نمودار دووجهی بر پایه دو مؤلفه اصلی اول و دوم صورت گرفت. مدل آماری این روش بر پایه رابطه زیر است (Yan and Rajcan, 2002).

$$\frac{T_{ij}-\overline{T_j}}{S_j}=\lambda_1\xi_{i1}\tau_{j1}+\lambda_2\xi_{i2}\tau_{j2}+\varepsilon_{ij} \qquad \text{رابطه (۷)}$$

در رابطه بالا T_{ij}، ارزش میانگین ژنوتیپ i برای صفت j، $\overline{T_j}$ ارزش میانگین صفت j روی همه ژنوتیپ‌ها، λ_1 و λ_2 به‌ترتیب مقادیر منفرد مؤلفه‌های اصلی اول و دوم، ξ_{i1} و ξ_{i2}، به‌ترتیب مقادیر PC_1 و PC_2 برای ژنوتیپ i، τ_{j1} و τ_{j2} به‌ترتیب مقادیر PC_1 و PC_2 برای صفت j و ε_{ij} باقی‌مانده مربوط به مدل ژنوتیپ i و صفت j را نشان می‌دهند.

واریانس ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد مطالعه بر اساس امیدریاضی میانگین مربعات برآورد گردیدند. ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی به‌ترتیب به‌صورت نسبت انحراف معیار فنوتیپی و ژنتیکی به میانگین هر صفت بر روی دو محیط بر اساس روابط زیر محاسبه گردید (Hallauer *et al.*, 2010).

$$PCV=\frac{\sqrt{\hat{\sigma}^2_{ph}}}{\overline{X}}\times 100 \qquad \text{رابطه (۸)}$$

$$GCV=\frac{\sqrt{\hat{\sigma}^2_{g}}}{\overline{X}}\times 100 \qquad \text{رابطه (۹)}$$

ضرایب همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی با استفاده از واریانس‌ها و کوواریانس‌های ژنوتیپی و فنوتیپی از طریق فرمول‌های ارائه شده توسط روی (Roy, 2000) و برآورد وراثت‌پذیری عمومی از طریق معادلات زیر انجام شد (Hallauer *et al.*, 2010):

$$r_{ph}=\frac{\hat{\sigma}_{ph_{12}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}^2_{ph_1})(\hat{\sigma}^2_{ph_2})}} \qquad \text{رابطه (۱۰)}$$

$$r_{g}=\frac{\hat{\sigma}_{g_{12}}}{\sqrt{(\hat{\sigma}^2_{g_1})(\hat{\sigma}^2_{g_2})}} \qquad \text{رابطه (۱۱)}$$

$$\hat{h}^2_B=\frac{\hat{\sigma}^2_g}{\hat{\sigma}^2_{ph}} \qquad \text{رابطه (۱۲)}$$

درصد پیشرفت ژنتیکی نیز به روش الارد (Allard, 1999) با استفاده از رابطه شماره ۱۳ محاسبه شد.

$$GA\%=\frac{i\times\hat{h}^2_B\times\hat{\sigma}_{ph}}{\overline{X}}\times 100 \qquad \text{رابطه (۱۳)}$$

در این رابطه‌ها $\hat{\sigma}^2_g$ برآورد واریانس ژنتیکی، $\hat{\sigma}^2_{ph}$ برآورد واریانس فنوتیپی، $\hat{\sigma}^2_e$ برآورد واریانس خطا، $\hat{h}^2_B$ وراثت‌پذیری عمومی، $\overline{X}$ میانگین صفت مورد نظر و $\hat{\sigma}_{ph_{12}}$ کوواریانس محیطی دو صفت مورد نظر می‌باشد. ضریب i در ۱۰٪ شدت گزینش برابر با ۱/۷۶ است.

به‌منظور خوشه‌بندی ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (Ward) از معیار فاصله اقلیدوسی حداقل مجموع مربعات استفاده شد. تعداد خوشه‌ها و نقطه برش بر اساس حداکثر اختلاف آماره ویلکس لامبدای (Λ) تجزیه واریانس چندمتغیره در دو مرحله متوالی خوشه‌بندی تعیین شد. به این ترتیب که مقدار آماره ویلکس لامبدا (Λ_n) وقتی که هر فرد یک خوشه را تشکیل می‌دهد برابر با صفر است و در آخرین مرحله مقدار آماره ویلکس لامبدا (Λ_1) که همه ژنوتیپ‌ها یک خوشه را تشکیل می‌دهند، برابر با یک خواهد بود. با آغاز خوشه‌بندی با در نظر گرفتن نقاط برش فرضی و تشکیل خوشه‌ها در هر مرحله تعداد خوشه به‌عنوان تعداد تیمار و تعداد ژنوتیپ درون هر خوشه برابر با تعداد تکرار آن تیمار در نظر گرفته شد. سپس تجزیه واریانس چند متغیره برای یک طرح کاملاً تصادفی با تعداد تیمار برابر با تعداد خوشه انجام و مقدار آماره Λ در آن مرحله و سایر مراحل خوشه‌بندی محاسبه شد. سپس

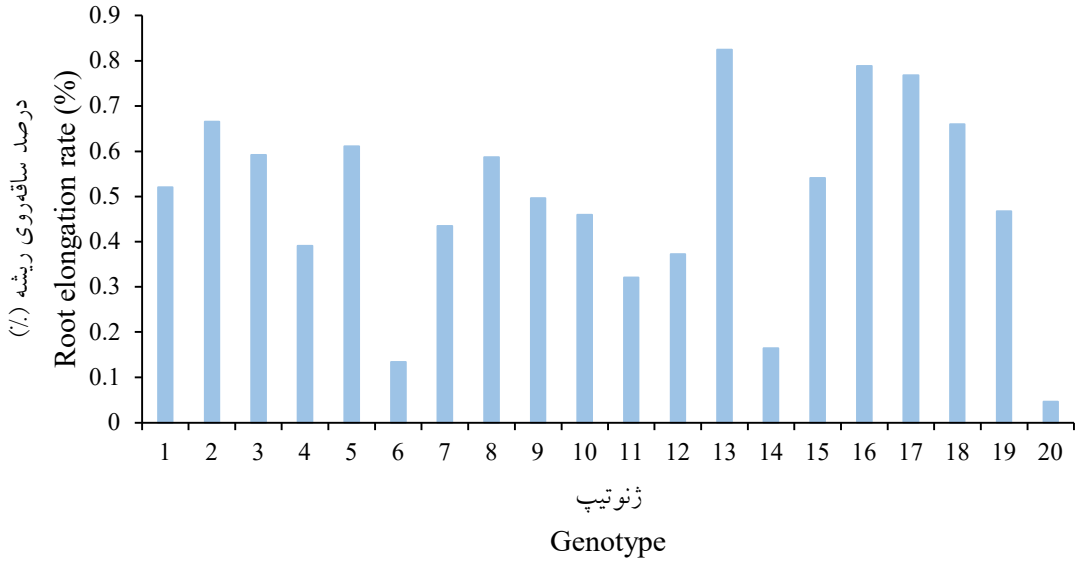
اختلاف آماره ویلکس لامبدا را برای تمام مراحل متوالی و پشت سر هم واریانس چندمتغیره محاسبه شد. اولین نقطه‌ای که تفاوت دو آماره ویلکس لامبدا بیشترین مقدار (Λ_{K-1}- Λ_K=Max) بود به‌عنوان نقطه برش انتخاب شد و تعداد خوشه‌ها برابر با K تعیین گردید (Johnson and Wichern, 2002). برای تائید صحت بهترین خوشه‌بندی، بالاترین مقدار ضریب همبستگی کوفنتیک از بین سایر روش‌ها استفاده شد. برای تعیین فاصله ژنتیکی بین خوشه‌های به‌دست آمده، از فاصله ماهالانوبیس (D^2) استفاده شد. همچنین برای بررسی تفاوت خوشه‌ها از نظر دسته‌بندی توده‌های مختلف، مقایسه میانگین چندمتغیره بین بردار میانگین خوشه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای برای مجموعه صفات مورد بررسی انجام شد که نشان‌دهنده بیشینه اختلاف بین بردار میانگین خوشه‌ها بود.

کلیه محاسبات آماری این پژوهش با استفاده از نرم‌افزارهای آماری انجام شد. تجزیه واریانس، برآورد مؤلفه‌های واریانس ژنوتیپی و فنوتیپی و محاسبه همبستگی‌های ژنوتیپی و فنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار SAS (نسخه ۹/۱) انجام گرفت. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها با بهره‌گیری از نرم‌افزار SPSS (نسخه ۲۰) صورت پذیرفت. همچنین، نمایش نمودار چندضلعی و سایر نمودارهای روش بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (GT-Biplot) با استفاده از نرم‌افزار GGEbiplot انجام شد. ترسیم سایر نمودارهای توصیفی نتایج نیز با استفاده از نرم‌افزار Microsoft Excel انجام گرفت.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس: با توجه به شرایط اقلیمی متفاوت دو منطقه مورد مطالعه، صفت تعداد بوته به ساقه رفته نهایی تنها در محیط گنبد قابل ارزیابی بود؛ زیرا در محیط فسا هیچ‌یک از ژنوتیپ‌ها ساقه‌روی نشان ندادند؛ بنابراین، این صفت به‌صورت اختصاصی و مستقل برای محیط گنبد تحلیل شد و در تجزیه مرکب لحاظ نگردید. نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ صفت درصد ساقه‌روی اختلاف معنی‌دار آماری وجود دارد (p<۰/۰۱). این تفاوت می‌تواند ناشی از حساسیت ژنتیکی به طول روز، دمای شبانه و سایر عوامل محیطی باشد که در بروز ساقه‌روی نقش دارند (جدول تجزیه واریانس ارائه نشده است). نتایج مقایسه میانگین‌ها به روش توکی نشان داد که بیشترین درصد ساقه‌روی مربوط به ژنوتیپ‌های شماره (۰/۱۵±۰/۸۲) ۱۳، (۰/۲۵±۰/۷۹) ۱٦ و (۰/۰±۷۷/۰۹) ۱۷ بود، در حالی‌که ژنوتیپ‌های شماره (۰/۰±۰۵/۰۲) ۲۰، (۰/۰±۱۳/۰٤) ٦ و (۰/۰٤±۰/۱٦) ۱٤ کمترین میزان ساقه‌روی را نشان دادند (شکل ۱).

برای سایر صفات اندازه‌گیری‌شده، آزمون نرمال بودن خطاهای آزمایشی، بررسی یکنواختی واریانس‌های درون تیماری، و تجزیه واریانس داده‌ها به‌صورت جداگانه در هر محیط انجام شد (جدول ۲). نتایج حاصل از تجزیه واریانس مرکب داده‌های مربوط به دو محیط برای این صفات در جدول ۳ ارائه گردیده است. معنی‌دار بودن میانگین مربعات مربوط به محیط در تمامی صفات نشان‌دهنده تفاوت شرایط اقلیمی دو منطقه و تأثیر قابل‌توجه محیط بر بیان این صفات می‌باشد. معنی‌دار بودن میانگین مربعات مربوط به ژنوتیپ‌ها در تمامی صفات، نشان‌دهنده وجود تفاوت‌های آماری بین ژنوتیپ‌ها حداقل در سطح احتمال ۵ درصد بود؛ بنابراین امکان ارزیابی و مقایسه ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات فراهم شد. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای صفات عملکرد ریشه، عملکرد قند ناخالص، عملکرد شکر سفید، محتوای شکر سفید، محتوای پتاسیم، محتوای نیتروژن آمینه، درصد قند ملاس و قلیائیت ریشه معنی‌دار بود که می‌توان آن را ناشی از تفاوت‌های بالقوه ژنوتیپ‌ها در واکنش به شرایط متفاوت محیطی دانست. انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس صفاتی با وراثت‌پذیری بالا که به‌طور غیرمستقیم بر عملکرد و سایر صفات اقتصادی مؤثر هستند، می‌تواند موجب ارتقاء همزمان پتانسیل تولیدی ژنوتیپ‌ها در هر دو محیط گردد (Parveen *et al*., 2023).



شکل ۱- میانگین درصد ساقه‌روی ژنوتیپ‌های چغندرقند بر اساس چهار تکرار. میله‌های بالای ستون‌ها نشان‌دهنده خطای استاندارد هستند.

Figure 1. Mean percentage of bolting in sugar beet genotypes based on four replications. Error bars above the columns represent standard errors.

جدول ۲- مقادیر P-value برای آزمون کولموگروف-اسیمرنوف برای همگنی خطاهای آزمایشی در چغندرقند

Table 2. P-value amounts for Kolmogorov-Smirnov test for normality of experimental errors in sugar beet

صفات Traits	آماره آزمون Statistic test	
	فسا Shirza	گنبد Gonbad
عملکرد ریشه Root yield	0.20^{ns}	0.09^{ns}
محتوای قند ناخالص Sugar content	0.19^{ns}	0.20^{ns}
عملکرد قند ناخالص Sugar yield	0.07^{ns}	0.09^{ns}
محتوای شکر سفید White sugar content	0.20^{ns}	0.20^{ns}
عملکرد شکر سفید White sugar yield	0.10^{ns}	0.20^{ns}
سدیم Na+	0.20^{ns}	0.08^{ns}
پتاسیم K+	0.17^{ns}	0.09^{ns}
محتوای نیتروژن آمینه Alpha amino content (N)	0.20^{ns}	0.20^{ns}
کارایی استخراج قند Extraction of sugar coefficient	0.20^{ns}	0.20^{ns}
درصد قند ملاس Molasses sugar percentage	0.20^{ns}	0.20^{ns}
قلیائیت ریشه Root alkalinity	0.20^{ns}	0.20^{ns}

^{ns}: نشان‌دهندهٔ عادی بودن توزیع خطاهای آزمایشی

^{ns}: Indicating normality of experimental errors distribution

جدول ۳- تجزیهٔ واریانس مرکب صفات مورد بررسی در۲۰ ژنوتیپ چغندرقند

Table 3. Combined analysis of variance for studied traits in 20 sugar beet genotypes

منابع تغییرات Source of variation	درجه آزادی D.F.	میانگین مربعات Mean Squares										
		عملکرد ریشه Root yield	درصد قند ناخالص Sugar content	عملکرد قند ناخالص Sugar yield	محتوای شکر سفید White sugar content	عملکرد شکر سفید White sugar yield	سدیم Na^+	پتاسیم K^+	محتوای نیتروژن آمینه Alpha amino content (N)	کارایی استخراج قند Extraction of sugar coefficient	درصد قند ملاس Molasses sugar percentage	قلیائیت ریشه Root alkalinity
محیط Environment (Env)	1	2.02*	77.95**	33.72**	803.40**	155.72**	5.67*	126.04**	59.01**	94.00**	1.84**	59.01**
تکرار در محیط Rep/Env	6	0.30	1.21	1.27	10.11	1.72	0.05	1.42	2.28	0.84	0.01	2.28
ژنوتیپ Genotype (Gen)	19	4.63**	0.94**	33.59**	10.65**	31.45**	0.02*	3.47**	0.84*	0.90**	0.01**	0.84*
ژنوتیپ × محیط Gen × Env	19	1.37**	0.53ns	11.91**	7.79*	8.91**	0.014ns	2.22**	0.90*	0.32ns	0.01**	0.90*
خطا Error	114	0.63	0.38	4.24	4.28	3.12	0.12	0.50	0.45	0.30	0.005	0.45
ضریب تبیین (درصد) Coefficient of determination (%)		92.0	89.0	90.0	90.0	88.0	94.0	96.0	96.0	92.0	90.0	95.0

ns، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

ns, * and **: Non-significant, and Significant at the 0.05 and 0.01 probability level, respectively

برآوردهای ژنتیکی صفات اندازه‌گیری شده بر روی ژنوتیپ‌های چغندرقند مورد بررسی در جدول ٤ نشان داده شده است. مقدار بالای ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالا در عملکرد ریشه است. نزدیکی این دو ضریب بیانگر تأثیر کم محیط بر این صفت است. همچنین وراثت‌پذیری بالا و درصد پیشرفت ژنتیکی قابل‌توجه برای این صفت نشان می‌دهد که انتخاب مستقیم می‌تواند مؤثر باشد. مطالعات مشابه در چغندرقند نیز این موضوع را تأیید کرده‌اند (Liu *et al*., 2023; Taleghani *et al*., 2023). در سایر گیاهان مانند سیب‌زمینی و بادام‌کوهی نیز چنین الگوهایی مشاهده شده است (Rohit *et al*., 2022; Tabandeh Saravi *et al*., 2024). در بررسی پارامترهای ژنتیکی مربوط به صفت درصد قند، مقدار واریانس فنوتیپی برابر با ۷/۹۱ و واریانس ژنوتیپی برابر با ۵/۵۲ برآورد شد. ضریب تغییرات ژنوتیپی (۱۳/۳٦ درصد) و فنوتیپی (۱۵/۹۹ درصد) نیز به یکدیگر نزدیک بودند که این نزدیکی نشان‌دهنده آن است که سهم عوامل ژنتیکی در ایجاد تنوع فنوتیپی این صفت قابل‌توجه بوده است. همچنین، وراثت‌پذیری عمومی برای درصد قند ۰/۷۰ و درصد پیشرفت ژنتیکی برابر با ۱۹/٦٤ درصد برآورد شد که بیانگر ظرفیت نسبتاً مناسب این صفت برای به‌نژادی از طریق انتخاب است. از سوی دیگر، نتایج تجزیه مرکب نشان داد که اثر محیط بر درصد قند از نظر آماری بسیار معنی‌دار است، در حالی که تعامل ژنوتیپ × محیط معنی‌دار نبود. این موضوع نشان می‌دهد که اگرچه میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف تغییر می‌کند، اما الگوی پاسخ ژنوتیپ‌ها نسبت به تغییرات محیطی مشابه بود؛ بنابراین، نتایج حاصل از تجزیه مرکب و برآورد پارامترهای ژنتیکی مکمل یکدیگر بوده و هر یک جنبه‌ای متفاوت از تأثیر عوامل ژنتیکی و محیطی بر صفت مورد مطالعه را نشان می‌دهند.

جدول ٤- برآوردهای ژنوتیپی و فنوتیپی صفات اندازه‌گیری شده بر روی ژنوتیپ‌های چغندرقند به کمک جدول تجزیه واریانس مرکب

Table 4. Genotypic and phenotypic estimates of measured traits on sugar beet using table of combined analysis of variance

صفات Traits	واریانس ژنتیکی Genotypic variance	واریانس فنوتیپی Phenotypic variance	ضریب تغییرات ژنتیکی Genotypic coefficient of variance	ضریب تغییرات فنوتیپی Phenotypic coefficient of variance	وراثت‌پذیری عمومی Broad sense heritability	درصد پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار Percentage of expected genetic advance (%)
عملکرد ریشه Root yield	1017.18	1188.26	53.30	57.61	0.86	86.79
درصد قند ناخالص Sugar content	5.52	7.91	13.36	15.99	0.70	19.64
عملکرد قند ناخالص Sugar yield	39.56	43.79	59.71	62.82	0.90	99.88
عملکرد شکر سفید White sugar yield	31.45	34.57	67.80	71.08	0.91	63.29
محتوای شکر سفید White sugar content	10.65	14.93	23.72	28.09	0.71	35.27
محتوای سدیم Na^+ content	3.25	5.09	52.72	65.98	0.64	74.15
محتوای پتاسیم K^+ content	3.47	3.97	30.85	33.02	0.87	50.74
محتوای نیتروژن آمینه Alpha amino content (N)	1.49	2.19	38.87	47.15	0.68	56.40
کارایی استخراج قند Extraction of sugar coefficient	232.15	383.67	19.91	25.60	0.61	27.26
درصد قند ملاس Molasses sugar percentage	1.09	1.50	32.33	37.97	0.72	48.43
قلیائیت ریشه Root alkalinity (ALC)	20.82	27.17	55.52	71.80	0.77	68.67

در مجموع، مقدار متوسط وراثت‌پذیری و درصد پیشرفت ژنتیکی نسبتاً پایین نشان می‌دهد که انتخاب مستقیم برای بهبود درصد قند ممکن است با سرعت کمتری همراه باشد و نیازمند پیشبرد نسل‌های انتخابی و استفاده از روش‌های بهنژادی مکمل مانند گزینش به کمک نشانگرهای مولکولی باشد. مطالعات اخیر در چغندرقند نیز این نتایج را تأیید کرده‌اند. به‌عنوان مثال، لی و همکاران (Li *et al*., 2023) گزارش دادند که درصد قند تحت تأثیر ترکیبی از عوامل ژنتیکی و محیطی قرار دارد و انتخاب برای این صفت در شرایط تنش خشکی یا شوری می‌تواند نتایج متفاوتی به همراه داشته باشد. همچنین، حسنی و همکاران (Hassani *et al*., 2023) نشان دادند که استفاده از روش‌های بهنژادی مبتنی بر شاخص‌های چندصفته می‌تواند اثربخشی انتخاب برای درصد قند را افزایش دهد. در سایر گیاهان قندی مانند نیشکر نیز الگوهای مشابهی مشاهده شده است (Sandhu *et al*., 2022). با توجه به اهمیت اقتصادی صفت درصد قند در تولید چغندرقند، پیشنهاد می‌شود که در برنامه‌های بهنژادی آینده، این صفت به‌صورت ترکیبی با صفات مرتبط با کیفیت قند مانند درصد قند سفید و عملکرد قند مورد ارزیابی قرار گیرد تا انتخاب مؤثرتری حاصل شود.

نتایج حاصل از ارزیابی صفت عملکرد قند نشان داد که واریانس‌های فنوتیپی و ژنوتیپی در سطح قابل‌توجهی قرار دارند. ضرایب تغییرات ژنوتیپی برای این صفت ۵۹/۷۱ درصد و ضریب تغییرات فنوتیپی ٦٢/٨٢ درصد برآورد شد که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی قابل‌توجه در جمعیت مورد مطالعه است. همچنین، وراثت‌پذیری عمومی این صفت ۰/۹۰ و درصد پیشرفت ژنتیکی آن ۹۹/۸۸ درصد محاسبه گردید که بیانگر پتانسیل بسیار بالای این صفت برای به‌نژادی از طریق انتخاب مستقیم می‌باشد. از سوی دیگر، نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بر عملکرد قند از نظر آماری بسیار معنی‌دار هستند. این یافته‌ها نشان می‌دهند که علاوه‌بر تفاوت‌های ژنتیکی، شرایط محیطی و نحوه پاسخ ژنوتیپ‌ها به این شرایط نیز نقش مهمی در تغییرات عملکرد قند دارند؛ بنابراین، اگرچه نزدیکی ضرایب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی نشان‌دهنده سهم بالای عوامل ژنتیکی در ایجاد تنوع است، اما معنی‌داری اثرات محیط و ژنوتیپ × محیط لزوم توجه به انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار در محیط‌های مختلف را نیز مورد تأکید قرار می‌دهد. این یافته‌ها با نتایج مطالعات پیشین در چغندرقند هم‌راستا هستند؛ به‌عنوان مثال، یوسف‌آبادی و همکاران (Yousefabadi *et al*., 2024) عملکرد قند را یکی از مؤثرترین شاخص‌ها در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر معرفی کرده‌اند و وراثت‌پذیری بالای آن را به‌عنوان عاملی مؤثر در موفقیت انتخاب در نسل‌های اولیه گزارش کرده‌اند. از سوی دیگر، معنی‌داری اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در تجزیه مرکب نشان می‌دهد که عملکرد قند به‌شدت تحت تأثیر شرایط محیطی و واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به این شرایط قرار دارد. این موضوع با یافته‌های حمزه و همکاران (Hamze *et al*., 2025) مطابقت دارد که نشان دادند عملکرد قند نه‌تنها تحت کنترل ژنتیکی قوی قرار دارد، بلکه تعامل آن با محیط نیز می‌تواند بر ثبات عملکرد ژنوتیپ‌ها تأثیرگذار باشد؛ بنابراین، انتخاب ژنوتیپ‌های برتر باید با در نظر گرفتن پایداری عملکرد در محیط‌های مختلف انجام گیرد. در سایر گیاهان صنعتی مانند نیشکر و سورگوم نیز عملکرد قند به‌عنوان یکی از مهم‌ترین صفات اقتصادی در برنامه‌های بهنژادی مورد توجه قرار گرفته است. مطالعاتی مانند ساندهو و همکاران (Sandhu *et al*., 2022) در نیشکر و بلوچ و همکاران (Baloch *et al*., 2023) در سورگوم، بر اهمیت بالای این صفت و نقش آن در افزایش بهره‌وری و تولید قند تأکید کرده‌اند. این مطالعات همچنین نشان داده‌اند که استفاده از روش‌های بهنژادی پیشرفته مانند انتخاب به کمک نشانگرهای مولکولی و تجزیه GGE بای‌پلات می‌تواند در شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول در محیط‌های مختلف مؤثر واقع شود.

در مجموع، نتایج این تحقیق تأکید می‌کند که عملکرد قند، با توجه به وراثت‌پذیری بالا و تنوع ژنتیکی گسترده، صفتی مناسب برای انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی است، اما برای

دستیابی به ارقام پایدار و پرمحصول، توجه به تعامل ژنوتیپ × محیط و استفاده از ابزارهای بهنژادی مکمل ضروری است. بررسی پارامترهای ژنتیکی صفت محتوای سدیم ریشه نشان داد که واریانس ژنوتیپی این صفت برابر با ۳/۲۵ و واریانس فنوتیپی آن ۵/۰۹ است که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل‌توجه در بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد. ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی به‌ترتیب ۵۲/۷۲ و ٦۵/۹۸ درصد برآورد شد. نزدیکی مقادیر ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی بیانگر آن است که تغییرات مشاهده‌شده در محتوای سدیم ریشه عمدتاً ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها بوده و نقش محیط در بروز این صفت کمتر است. وراثت‌پذیری عمومی محتوای سدیم ریشه ۰/٦٤ برآورد شد و درصد پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار برابر با ۷٤/۱۵ درصد بود که نشان می‌دهد انتخاب مستقیم برای کاهش سدیم ریشه می‌تواند در نسل‌های اولیه بهنژادی مؤثر واقع شود و به بهبود کیفیت محصول کمک کند. از منظر فیزیولوژیکی، تجمع سدیم در ریشه یکی از شاخص‌های مهم در بررسی مقاومت به تنش شوری محسوب می‌شود. کاهش میزان سدیم در ریشه می‌تواند به حفظ تعادل یونی، بهبود جذب عناصر غذایی و افزایش عملکرد گیاه در شرایط نامساعد کمک کند. مطالعات مشابه در چغندرقند و سایر گیاهان زراعی نیز بر اهمیت این صفت تأکید داشته‌اند. پژوهش‌های انجام‌شده توسط لی و همکاران (Li *et al*, 2022) نشان داده‌اند که ژنوتیپ‌هایی با سطح پایین سدیم در ریشه، عملکرد بهتری در شرایط شور از خود نشان می‌دهند. همچنین، در مطالعاتی بر روی گندم و برنج، انتخاب برای کاهش سدیم ریشه به‌عنوان یکی از راهکارهای مؤثر در اصلاح ارقام مقاوم به شوری معرفی شده است (Singh *et al*., 2021; Chen *et al*., 2024). با توجه به نقش کلیدی سدیم ریشه در تحمل به شوری و تأثیر آن بر سلامت گیاه، پیشنهاد می‌شود که این صفت در برنامه‌های بهنژادی چغندرقند به‌ویژه در مناطق با خاک‌های شور به‌عنوان یکی از معیارهای انتخاب مدنظر قرار گیرد.

بررسی داده‌های ژنتیکی مرتبط با محتوای پتاسیم ریشه نشان داد که این ویژگی دارای تنوع ژنتیکی قابل‌توجهی در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی است. ضریب تغییرات ژنوتیپی این صفت ۳۰/۸۵ درصد و ضریب تغییرات فنوتیپی آن ۳۳/۰۲ درصد برآورد شد، که این موضوع بیانگر تأثیر محدود عوامل محیطی بر بروز این صفت می‌باشد. همچنین، وراثت‌پذیری عمومی این صفت ۰/۸۷ محاسبه شد و درصد پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار برابر با ۵۰/۷٤ درصد بود. این نتایج حاکی از آن است که انتخاب مستقیم برای این صفت می‌تواند در نسل‌های اولیه بهنژادی مؤثر واقع شود و به بهبود ویژگی‌های فیزیولوژیکی گیاه کمک کند. پتاسیم یکی از عناصر غذایی ضروری برای رشد و توسعه گیاهان است و نقش مهمی در تنظیم فشار اسمزی، فعال‌سازی آنزیم‌ها و انتقال مواد درون سلولی ایفا می‌کند (Hasanuzzaman *et al*., 2018). تجمع مناسب پتاسیم در ریشه می‌تواند به افزایش مقاومت گیاه در برابر تنش‌های محیطی مانند خشکی و شوری کمک کند (Xu *et al*., 2021). مطالعات مشابه در چغندرقند و سایر گیاهان زراعی نیز بر اهمیت این عنصر تأکید داشته‌اند. تحقیقات انجام‌شده توسط تیان و همکاران (Tian *et al*., 2023) نشان داده‌اند که ژنوتیپ‌هایی با سطح مطلوب پتاسیم در ریشه، عملکرد بهتری در شرایط تنش از خود نشان می‌دهند. همچنین، در پژوهش‌هایی بر روی ذرت و سویا، انتخاب برای بهینه‌سازی جذب پتاسیم به‌عنوان یکی از راهکارهای مؤثر در افزایش بهره‌وری گیاه معرفی شده است (He *et al*., 2022; Nasar *et al*., 2024).

برآورد ضرایب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی مربوط به صفت نیتروژن آلفا-آمینو بیانگر آن بود که تنوع موجود در جمعیت از منشأ ژنتیکی قابل‌توجهی برخوردار است. نزدیکی نسبی بین ضریب تغییرات فنوتیپی (٤۷/۱۵) و ژنوتیپی (۳۸/۸۷) برای این صفت نشان داد که تأثیر عوامل محیطی بر میزان نیتروژن آلفا-آمینو محدود بوده و بخش عمده‌ای از تغییرات مشاهده‌شده ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد. این موضوع اهمیت انتخاب مستقیم برای این صفت را در مراحل اولیه بهنژادی برجسته می‌سازد. وراثت‌پذیری بالا (۰/٦۸) و درصد پیشرفت ژنتیکی

(٥٦/٤٠) مطلوب برای نیتروژن آلفا-آمینو نشان‌دهنده پتانسیل بهنژادی بالای این ویژگی در ژنوتیپ‌های مورد بررسی است. این شاخص می‌تواند به‌عنوان معیار مؤثری در غربالگری ژنوتیپ‌های برتر از نظر کیفیت تغذیه‌ای دانه مورد استفاده قرار گیرد. مطالعات اخیر نیز این یافته‌ها را تأیید کرده‌اند. به‌عنوان نمونه، سینگ و همکاران (Singh *et al*., 2022) گزارش داده‌اند که نیتروژن آلفا-آمینو نقش کلیدی در ارزیابی کیفیت پروتئینی دانه دارد و انتخاب برای این صفت می‌تواند منجر به بهبود ارزش تغذیه‌ای محصولات زراعی شود. همچنین، پژوهش‌های انجام‌شده توسط نثر و همکاران (Nasar *et al*., 2024) نشان داده‌اند که در شرایط تنش خشکی، ژنوتیپ‌هایی با سطح بالاتر نیتروژن آلفا-آمینو عملکرد پایدارتری از خود نشان داده‌اند. در گیاهان صنعتی مانند سویا و کلزا نیز این ترکیب به‌عنوان شاخصی مهم در اصلاح ارقام با کیفیت بالا مورد توجه قرار گرفته است (Xu *et al*., 2022; Kim *et al*., 2023).

در ارزیابی پارامترهای ژنتیکی مرتبط با صفت قلیائیت ریشه، ضریب تغییرات ژنوتیپی برابر با ٥٥/٥٢ درصد و ضریب تغییرات فنوتیپی برابر با ٧١/٨٠ درصد برآورد شد. بالا بودن این ضرایب نشان‌دهنده دامنه وسیع تنوع مشاهده‌شده در این صفت است. از سوی دیگر، مقایسه ضرایب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی نشان داد که تفاوت بین آن‌ها نسبتاً محدود است، که این موضوع تأثیر نسبتاً کم عوامل محیطی بر بروز قلیائیت ریشه را تأیید می‌کند. چنین الگویی نشان‌دهنده کنترل ژنتیکی قوی این صفت و امکان انتخاب مؤثر در مراحل اولیه بهنژادی است. علاوه‌بر این، درصد پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار برای این صفت ٥٧/٦٣ درصد محاسبه شد که نشان می‌دهد این ویژگی از پتانسیل بهنژادی بالایی برخوردار است و می‌توان با استفاده از روش‌های انتخاب مستقیم، ژنوتیپ‌هایی با سطح قلیائیت پایین‌تر را شناسایی و تثبیت کرد. کاهش قلیائیت ریشه می‌تواند به بهبود استخراج قند و افزایش خلوص محصول نهایی کمک کند. مطابق با یافته‌های این پژوهش، مطالعات اخیر نیز بر اهمیت اصلاح قلیائیت ریشه در چغندرقند تأکید داشته‌اند. به‌عنوان مثال، کومار و همکاران (Nassar *et al*., 2023) گزارش داده‌اند که کاهش قلیائیت ریشه منجر به افزایش راندمان فرآوری قند و کاهش ضایعات صنعتی می‌شود. همچنین، در گیاهان صنعتی دیگر مانند نیشکر و سورگوم، اصلاح صفات مرتبط با ترکیبات قلیایی به‌عنوان یکی از راهکارهای مؤثر در بهبود کیفیت محصول معرفی شده است (Zhang *et al*., 2023; Mubarak Alqahtaniet, 2024).

مقدار واریانس ژنوتیپی برای صفت محتوای شکر سفید برابر با ١٠/٦٥ بود، در حالی که واریانس فنوتیپی به ١٤/٩٣ رسید. این اختلاف نسبتاً کم بین دو واریانس نشان‌دهنده تأثیر محدود عوامل محیطی و کنترل نسبتاً قوی عوامل ژنتیکی بر این ویژگی بود. همچنین، ضریب تغییرات ژنتیکی برای محتوای شکر سفید برابر با ٢٣/٧٢ درصد و ضریب تغییرات فنوتیپی ٢٨/٠٩ درصد برآورد شد. این ارقام نشان می‌دهند که انتخاب ژنوتیپ‌های برتر از نظر درصد قند سفید در جمعیت مورد بررسی امکان‌پذیر است، به‌ویژه زمانی که قلیائیت ریشه در سطح پایین‌تری قرار داشته باشد. بررسی عملکرد شکر سفید نیز نشان داد که این صفت تحت تأثیر مستقیم قلیائیت ریشه قرار دارد. مقدار واریانس ژنتیکی برای عملکرد شکر سفید برابر با ٣١/٤٥ و واریانس فنوتیپی ٣٤/٥٧ برآورد شد. این تفاوت نشان‌دهنده تأثیر نسبتاً بیشتر عوامل محیطی بر عملکرد نهایی قند است، اما همچنان سهم ژنتیکی قابل‌توجهی در کنترل این صفت مشاهده می‌شود. همچنین، ضریب تغییرات ژنتیکی برای عملکرد شکر سفید برابر با ٦٧/٨٠ درصد و ضریب تغییرات فنوتیپی ٧١/٠٨ درصد بود. این مقادیر بالا نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی مطلوب در جمعیت و امکان انتخاب مؤثر برای افزایش عملکرد شکر سفید هستند. کاهش قلیائیت ریشه در این زمینه نقش کلیدی دارد، زیرا با کاهش ترکیبات قلیایی در ریشه، فرآیند تصفیه قند با راندمان بالاتری انجام می‌شود. مطالعات اخیر در چغندرقند نیز این نتایج را تأیید کرده‌اند. در بررسی ونگ و همکاران (Wang *et al*., 2024) عملکرد شکر سفید را یکی از شاخص‌های کلیدی در

ارزیابی اقتصادی ژنوتیپ‌ها معرفی کرده‌اند و نشان داده‌اند که این صفت تحت کنترل ژنتیکی قوی قرار دارد. همچنین، فصاحت و همکاران (Fasahat *et al*., 2025) گزارش داده‌اند که انتخاب برای عملکرد شکر سفید در شرایط تنش محیطی نیز نتایج قابل قبولی به همراه داشته است.

بر اساس نتایج حاصل از تجزیه پارامترهای ژنتیکی، ضریب تغییرات ژنوتیپی صفت درصد قند ملاس ۳۲/۳۳ درصد و ضریب تغییرات فنوتیپی آن ۳۷/۹۷ درصد برآورد شد که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل‌توجه در میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی بود. نزدیکی نسبی این دو شاخص نشان می‌دهد که سهم عوامل ژنتیکی در بروز تغییرات این صفت قابل ملاحظه بوده است. در این مطالعه، وراثت‌پذیری عمومی درصد قند ملاس ۰/۷۲ و درصد پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار ٤٨/٤٣ درصد محاسبه شد. این شاخص‌ها نشان می‌دهند که اختلافات مشاهده‌شده بین ژنوتیپ‌ها از نظر درصد قند ملاس، دارای پایه ژنتیکی بوده و می‌توان از آن‌ها برای مقایسه نسبی ژنوتیپ‌ها و شناسایی منابع ژنتیکی مطلوب استفاده کرد. بدیهی است که تفسیر پاسخ دقیق به گزینش در سطوح پیشرفته‌تر بهنژادی مستلزم برآورد اجزای واریانس ژنتیکی، از جمله واریانس افزایشی، در مطالعات تکمیلی خواهد بود (جدول ٤). از آنجا که درصد قند ملاس با کاهش خلوص قند و افزایش ضایعات فرآوری همراه است، اصلاح این صفت در برنامه‌های بهنژادی چغندرقند اهمیت ویژه‌ای دارد. مطالعات اخیر نیز این موضوع را تأیید کرده‌اند. در بررسی محمد و همکاران (Mohamed *et al*., 2023) گزارش داده‌اند که کاهش درصد قند ملاس منجر به افزایش راندمان استخراج قند و بهبود کیفیت صنعتی محصول می‌شود. همچنین، در پژوهش‌های انجام‌شده توسط حمزه و همکاران (Hamze *et al*., 2025)، ژنوتیپ‌هایی با سطح پایین‌تر درصد قند ملاس عملکرد اقتصادی بالاتری در شرایط اقلیمی ایران نشان داده‌اند.

بررسی پارامترهای ژنتیکی مربوط به صفت کارایی استخراج قند نشان داد که واریانس ژنوتیپی این صفت ۲۳۲/۱۵ و واریانس فنوتیپی آن ۳۸۳/٦۷ برآورد شد (جدول ٤). ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی به‌ترتیب ۱۹/۹۱ و ۲۵/٦۰ درصد بود که بیانگر تأثیر نسبتاً بیشتر عوامل محیطی در بروز تغییرات این صفت است. در عین حال، وراثت‌پذیری عمومی کارایی استخراج قند ۰/٦۱ و درصد پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار ۲۷/۲٦ درصد محاسبه شد که نشان می‌دهد، با وجود نقش قابل‌توجه محیط، تفاوت‌های ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها نیز در تبیین تغییرات این صفت سهیم بوده‌اند و می‌توان از این اطلاعات برای مقایسه ژنوتیپ‌ها در شرایط مشابه محیطی بهره گرفت. این صفت به‌عنوان شاخصی ترکیبی از صفات کیفی و کمی نظیر درصد شکر سفید، نیتروژن آلفا-آمینو و قلیائیت ریشه عمل می‌کند و اصلاح آن نیازمند رویکردی چندصفتی و جامع است. نتایج حاصل از این مطالعه با یافته‌های پژوهشگران دیگر هم‌راستا است؛ به‌عنوان مثال، ونگ و همکاران (Wang *et al*., 2024) تأکید کرده‌اند که کارایی استخراج قند تحت تأثیر مستقیم صفات فیزیولوژیکی و ترکیبات غیرقندی قرار دارد، و انتخاب برای آن باید با در نظر گرفتن روابط ژنتیکی بین صفات انجام گیرد. همچنین، رمازی و همکاران (Ramazi *et al*., 2024) پیشنهاد داده‌اند که استفاده از شاخص‌های انتخاب چندصفته می‌تواند اثربخشی اصلاح این صفت را افزایش دهد.

همبستگی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی صفات اندازه‌گیری شده: نتایج همبستگی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی صفات اندازه‌گیری‌شده ژنوتیپ‌های مختلف در جدول ۵ نشان داده شده است. به کمک این همبستگی‌ها می‌توان گزینش را در جهت بهبود همزمان صفات عملکردی و کیفی در چغندرقند انجام داد. همان‌طور که ملاحظه می‌شود، عملکرد ریشه بیشترین همبستگی فنوتیپی را با صفات عملکرد قند، عملکرد شکر سفید داشت. این صفات با یکدیگر همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌دار نشان دادند که بیانگر تأثیر مستقیم عملکرد ریشه بر صفات تولیدی نهایی است.

جدول ۵- همبستگی ژنوتیپی (پایین قطر) و فنوتیپی (بالای قطر) صفات اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های چغندرقند به کمک تجزیه مرکب

Table 5. Genotypic (below the diameter) and phenotypic (above the diameter) correlations among measured traits in sugar beet genotypes based on combined analysis.

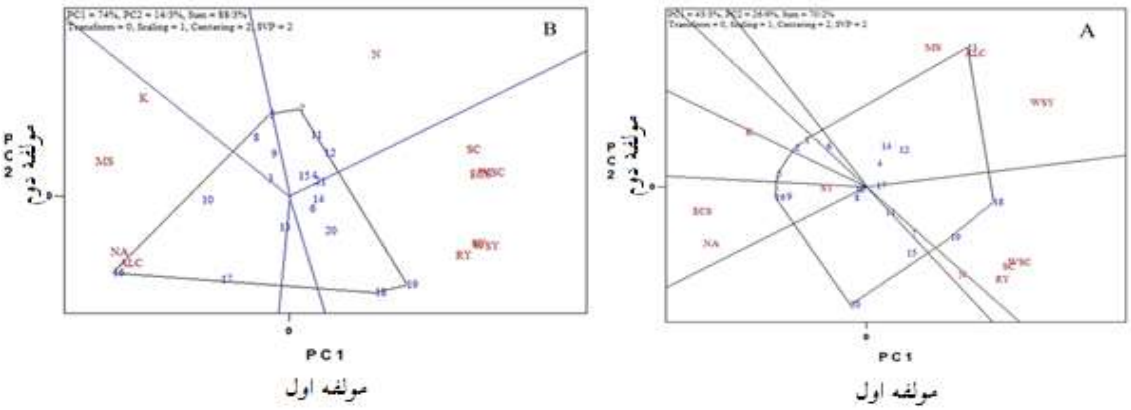
صفات Traits	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)
عملکرد ریشه Root yield (1)	1.00	0.25(0.13)	0.97(0.01)	-0.41(0.11)	-0.54(0.11)	0.12(0.14)	-0.51(0.11)	0.35(0.12)	0.93(0.02)	0.41(0.1)	-0.54(0.1)
محتوای قند ناخالص Sugar content (2)	0.65(0.27)	1.00	0.46(0.1)	-0.78(0.05)	-0.53(0.09)	0.28(0.12)	-0.73(0.06)	0.98(0.00)	0.54(0.09)	0.87(0.03)	-0.76(0.05)
عملکرد قند ناخالص Sugar yield (3)	1.0(0.01)	0.68(0.23)	1.00	-0.54(0.09)	-0.62(0.01)	0.13(0.14)	-0.60(0.10)	0.55(0.09)	0.99(0.00)	0.56(0.08)	-0.66(0.07)
محتوای سدیم Na^+ content (4)	-0.91(0.25)	-0.87(0.15)	-0.89(0.21)	1.00	0.45(0.11)	-0.28(0.11)	0.76(0.05)	-0.85(0.03)	-0.60(0.08)	-0.83(0.04)	0.86(0.04)
محتوای پتاسیم K^+ content (5)	-0.82(0.12)	-0.69(0.22)	-0.82(0.10)	0.34(0.34)	1.00	0.18(0.14)	0.48(0.12)	-0.66(0.07)	-0.68(0.08)	-0.62(0.07)	0.83(0.04)
محتوای نیتروژن آمینه Alpha amino content (N) (6)	-0.01(0.31)	0.13(0.40)	-0.02(0.31)	-0.92(0.33)	0.59(0.26)	1.00	-0.57(0.09)	0.20(0.12)	0.09(0.15)	0.25(0.11)	0.01(0.13)
قلیائیت ریشه Root alkalinity (ALC) (7)	-0.62(0.19)	-0.82(0.15)	-0.62(0.18)	1.00(0.13)	0.36(0.26)	-0.61(0.23)	1.00	-0.76(0.05)	-0.61(0.10)	-0.82(0.04)	0.69(0.07)
محتوای شکر سفید White sugar content (8)	0.79(0.21)	0.99(0.01)	0.81(0.17)	-0.81(0.16)	-0.79(0.15)	0.07(0.39)	-0.80(0.14)	1.00	0.63(0.08)	0.91(0.02)	-0.87(0.03)
عملکرد ریشه سفید White sugar yield (9)	1.00(0.01)	0.67(0.21)	1.00(0.00)	-0.83(0.20)	-0.83(0.10)	-0.06(0.31)	-0.58(0.19)	0.80(0.15)	1.00	0.63(0.07)	-0.74(0.06)
کارایی استتخراج قند Extraction of sugar coefficient (10)	1.00(0.35)	1.00(0.11)	0.99(0.30)	-0.80(0.22)	-0.84(0.26)	0.12(0.51)	-0.90(0.17)	1.00(0.10)	0.96(0.27)	1.00	-0.84(0.03)
درصد قند ملاس Molasses sugar percentage (11)	-1.00(0.12)	-0.92(0.12)	-1.00(0.09)	0.64(0.24)	0.95(0.06)	0.07(0.38)	0.72(0.18)	-0.96(0.06)	-1.00(0.08)	-0.99(0.14)	1.00

مقدار جدول t-استیودنت برای آزمون دوطرفه در سطوح احتمال ۱٪ و ۵٪ با ۱۱٤ درجه آزادی به‌ترتیب برابر با ۲/۵۸ و ۱/۹٦ است. ضرایب همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بزرگ‌تر از ۲/۵۸ × خطای استاندارد (rp یا rg) و ۱/۹٦ × خطای استاندارد (rp یا rg) به‌ترتیب در سطوح احتمال ۱٪ و ۵٪ معنی‌دار هستند و ضرایب همبستگی کوچک‌تر از ۱/۹٦ × خطای استاندارد (rp یا rg) معنی‌دار نیستند.

The Student's t-table values for a two-tailed test at the 1% and 5% probability levels with 114 degrees of freedom are 2.58 and 1.96, respectively. Phenotypic and genotypic correlation coefficients greater than 2.58 × standard error (rp or rg) and 1.96 × standard error (rp or rg) are significant at the 1% and 5% probability levels, respectively, whereas correlation coefficients smaller than 1.96 × standard error (rp or rg) are not significant.

در مطالعه‌ای توسط حمزه و همکاران (Hamze *et al*., 2025) روی همبستگی عملکرد ریشه و اجزای کیفیت قند در چغندرقند، مشخص شد که عملکرد قند و درصد قند سفید دارای همبستگی ژنوتیپی و فنوتیپی مثبت با عملکرد ریشه بودند. همچنین مشاهده شد که با افزایش عملکرد ریشه، درصد قند کاهش یافت که احتمالاً به‌دلیل رقیق شدن قند در بافت‌های حجیم‌تر ریشه است. این یافته‌ها نشان می‌دهد که تجمع مواد فتوسنتزی در واحد حجم ریشه ممکن است تحت تأثیر رشد کمی باشد. وجود همبستگی ژنوتیپی مثبت و معنی‌دار بین درصد قند، درصد قند سفید و ضریب استخراج قند نشان می‌دهد که این صفات کیفی به‌طور هم‌راستا تحت کنترل ژنتیکی قرار دارند و انتخاب هم‌زمان آن‌ها می‌تواند به بهبود خلوص قند منجر شود. از سوی دیگر، همبستگی ژنوتیپی منفی و معنی‌دار بین صفات سدیم، پتاسیم و نیتروژن آلفا-آمینو با صفات کیفی قند نشان‌دهنده تأثیر منفی ترکیبات غیرقندی بر راندمان صنعتی است. در پژوهش ونگ و همکاران (Wang *et al*., 2024) نیز گزارش شد که افزایش سدیم و نیتروژن آلفا-آمینو در ریشه چغندرقند منجر به کاهش ضریب استخراج قند و افزایش درصد قند ملاس می‌شود. این نتایج با یافته‌های پژوهش حاضر هم‌راستا بوده و تأکید می‌کند که کاهش ترکیبات غیرقندی می‌تواند به بهبود کیفیت نهایی محصول کمک کند. همچنین همبستگی ژنوتیپی مثبت بین عملکرد شکر سفید و صفات عملکردی مانند عملکرد ریشه و درصد قند سفید نشان می‌دهد که این صفات می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های مؤثر در انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول و با کیفیت بالا مورد استفاده قرار گیرند. با توجه به وراثت‌پذیری نسبتاً بالا و همبستگی‌های معنی‌دار بین این صفات، انتخاب همزمان آن‌ها در برنامه‌های بهنژادی می‌تواند منجر به بهبود عملکرد و کیفیت چغندرقند شود.

شناسایی بهترین ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات اندازه‌گیری شده: نمودار بای‌پلات ژنوتیپ × صفت (GT) در شرایط آزمایشی فسا نشان داد که دو مؤلفه اصلی اول و دوم به‌ترتیب ٤۳/۳۰ درصد و ۲٦/۹۰ درصد از کل تنوع داده‌های استاندارد شده را توجیه می‌کنند، که در مجموع ۷۰ درصد از واریانس کل را پوشش می‌دهد (شکل ۲-الف). این درصد نسبتاً بالا نشان‌دهنده توانایی مناسب تحلیل مؤلفه‌های اصلی در خلاصه‌سازی روابط پیچیده بین صفات اندازه‌گیری‌شده می‌باشد. همان‌طور که توسط یان (Yan, 2001) و یان و کنگ (Yan and Kang, 2003) نیز گزارش شده، بای‌پلات ابزاری مؤثر برای شناسایی الگوهای پنهان و روابط بین صفات و ژنوتیپ‌ها است. در این بای‌پلات، بردارهای صفات عملکردی مانند عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید و محتوای قند ناخالص در یک راستا قرار گرفته‌اند و همبستگی مثبت و قوی بین آن‌ها را نشان می‌دهند. ژنوتیپ‌هایی که در امتداد این بردارها و در فاصله زیاد از مبدأ قرار دارند، از نظر عملکرد و کیفیت قند برتر هستند. به‌طور خاص، ژنوتیپ‌های شماره ۱۸، ۱۹ و ۷ در نزدیکی این بردارها قرار گرفته‌اند و می‌توان آن‌ها را به‌عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر تولید قند سفید و راندمان صنعتی معرفی کرد. در مقابل، صفاتی مانند درصد قند ملاس، و قلیائیت ریشه در جهت مخالف صفات کیفی قرار گرفته‌اند. این موضوع نشان‌دهنده همبستگی منفی بین ترکیبات غیرقندی و صفات مطلوب قندی است. ژنوتیپ‌هایی که در نزدیکی بردارهای درصد قند ملاس و قلیائیت ریشه قرار دارند، مانند ژنوتیپ ۱۳ دارای درصد قند ملاس بالاتر و کیفیت قند پایین‌تری هستند و در برنامه‌های بهنژادی باید مورد بازنگری قرار گیرند. همچنین نزدیکی بردارهای عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید و محتوای قند ناخالص نشان می‌دهد که این سه صفت به‌طور هم‌راستا تحت تأثیر عوامل ژنتیکی قرار دارند و انتخاب همزمان آن‌ها می‌تواند به بهبود خلوص قند منجر شود. با توجه به وراثت‌پذیری بالا، پیشرفت ژنتیکی مطلوب و ضرایب تغییرات ژنتیکی قابل‌توجه برای این صفات،انتخاب مستقیم برای آن‌ها در نسل‌های اولیه بهنژادی توصیه می‌شود. ترسیم بای‌پلات ژنوتیپ‌ها در صفات کمی و کیفی چغندرقند در شرایط گنبد، ۸۸/۳ درصد از کل تنوع داده‌های استاندارد شده را توسط دو مؤلفه اصلی اول ۷٤/۰ درصد و دوم ۱٤/۸ درصد توجیه کرد. بر اساس شکل ۲-ب، ژنوتیپ‌های ٦، ۱٤، ۱۸، ۱۹ و ۲۰ در نزدیکی بردارهای مربوط به صفات عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید و عملکرد قند ناخالص قرار گرفته‌اند.



شکل ۲- نمایش نمودار چندضلعی بای‌پلات ژنوتیپ × صفت در (الف) شرایط فسا و (ب) شرایط گنبد. علائم اختصاری: RY: عملکرد ریشه، SC: محتوای قند ناخالص، SY: عملکرد قند ناخالص، WSC: محتوای شکر سفید، WSY: عملکرد شکر سفید، Na^+: محتوای سدیم، K^+: محتوای پتاسیم، N: محتوای نیتروژن آمینه، ESC: کارایی استخراج قند، MS: درصد قند ملاس، ALC: قلیائیت ریشه

Figure 2. Biplot polygon view of genotype × trait in Fasa (a) and Gonbad (b) conditions. Abbreviations: RY: Root yield; SC: Sugar content; SY: Sugar yield; WSC: White sugar content; WSY: White sugar yield; Na^+: Sodium content; K^+: Potasium content; N: Alpha amino content; ESC: Extraction of sugar coefficient; MS: Molasses sugar percentage; ALC: Root alkalinity

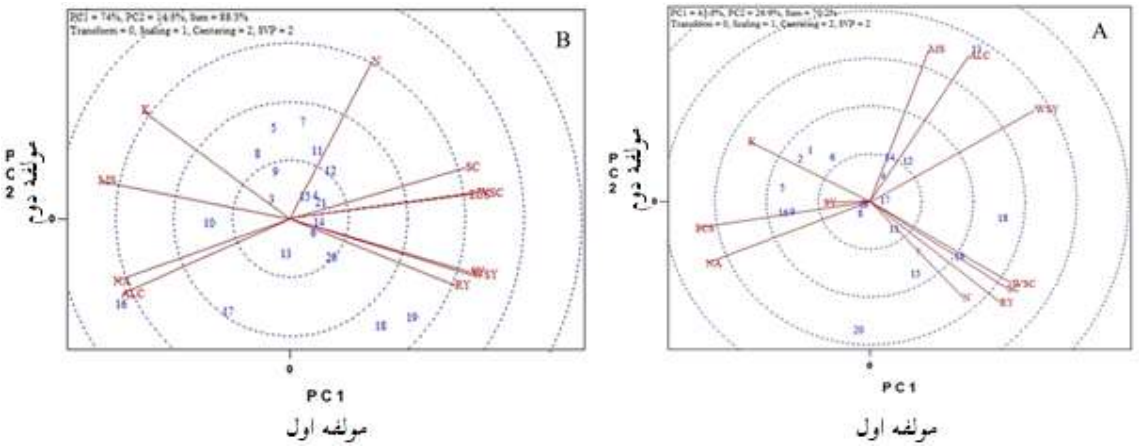
این موقعیت نشان‌دهنده هم‌راستایی این ژنوتیپ‌ها با صفات عملکردی کلیدی است و بیانگر توان بالقوه آن‌ها در تولید بالا تحت شرایط منطقه گنبد می‌باشد. با توجه به وراثت‌پذیری بالا و پیشرفت ژنتیکی قابل‌توجه صفات عملکرد ریشه، قند سفید و قند ناخالص، انتخاب ژنوتیپ‌های ٦ ، ١٤، ١٨، ١٩ و ٢٠ در مراحل اولیه اصلاح می‌تواند نقش مؤثری در ارتقاء عملکرد محصول ایفا کند. با این حال، از آنجا که این دو ژنوتیپ به‌ترتیب دارای ١٦/٤١ درصد و ١٣/٤١ درصد بوته‌های ساقه‌رفته بودند، لازم است در توصیه نهایی آن‌ها به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر، ملاحظات مربوط به ساقه‌روی نیز مدنظر قرار گیرد. اگرچه این میزان ساقه‌روی در مقایسه با ژنوتیپ‌های حساس‌تر، پایین‌تر است، اما در شرایط مشابه اقلیمی ممکن است بر عملکرد نهایی محصول تأثیرگذار باشد؛ بنابراین، توصیه این ژنوتیپ‌ها باید با رویکردی متوازن و مبتنی بر ارزیابی جامع صفات صورت گیرد.

در محیط گنبد، ژنوتیپ‌های ١ و ٢ در امتداد بردارهای صفات محتوای شکر سفید و کارایی استخراج قرار دارند. این موقعیت نشان‌دهنده عملکرد بالای این ژنوتیپ‌ها در صفات مرتبط با کیفیت قند است. محتوای سدیم بالا در ریشه چغندرقند معمولاً با کاهش خلوص شکر و افزایش ضایعات فرآوری همراه است. سدیم می‌تواند در فرآیند استخراج قند با تشکیل ترکیبات نامطلوب، راندمان تولید شکر سفید را کاهش دهد. قلیائیت ریشه نیز یکی از شاخص‌های منفی در کیفیت صنعتی چغندرقند است که باعث افزایش نیاز به مواد شیمیایی در فرآیند تصفیه و کاهش بهره‌وری کارخانه‌های قند می‌شود؛ بنابراین، نزدیکی ژنوتیپ‌های ١٠ و ١٦ به این بردارها نشان می‌دهد که این دو ژنوتیپ دارای مقادیر بالایی از سدیم و قلیائیت هستند، که از نظر صنعتی و کیفیت قند، نامطلوب تلقی می‌شوند.

رابطه‌های متقابل میان صفات: یکی از روش‌های مؤثر برای تحلیل بای‌پلات ژنوتیپ‌ها، استفاده از نمایش برداری در نمودار GT بای‌پلات است. در این روش، بردارهایی از مبدأ نمودار به سمت نمادهای صفات رسم می‌شوند که بیانگر ارتباطات درون‌صفاتی و بین‌صفاتی هستند. این نوع نمایش، بخش قابل‌توجهی از تنوع داده‌های استاندارد شده را تبیین می‌کند و امکان بررسی گرافیکی روابط میان صفات را فراهم می‌سازد. از نظر آماری، کسینوس زاویه بین دو بردار نمایانگر ضریب همبستگی بین آن دو صفت است. به‌طوری‌که اگر زاویه بین بردارها کمتر از ٩٠ درجه باشد، همبستگی مثبت بین صفات وجود دارد. زاویه بیشتر از ٩٠ درجه نشان‌دهنده همبستگی منفی است و زاویه ٩٠ درجه بیانگر عدم وجود همبستگی میان صفات است.

علاوه‌بر جهت بردارها، طول آن‌ها نیز اهمیت دارد. طول بردار هر صفت نشان‌دهنده میزان پاسخ‌دهی آن صفت به تفاوت‌های ژنتیکی میان ژنوتیپ‌هاست. هرچه بردار یک صفت بلندتر باشد، آن صفت حساس‌تر و پاسخ‌گوتر به تنوع ژنتیکی است. در مقابل، صفاتی که بردار آن‌ها در نزدیکی مبدأ قرار دارد، واکنش چندانی به تفاوت‌های ژنوتیپی نشان نمی‌دهند و از نظر اصلاح‌پذیری، اهمیت کمتری دارند. بر اساس نمایش برداری ژنوتیپ در صفت در شرایط فسا، بردارهای صفاتی مانند عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید و محتوای قند ناخالص در یک راستا و با زاویه کمتر از ۹۰ درجه نسبت به یکدیگر قرار دارند که نشان‌دهنده همبستگی مثبت و معنی‌دار میان آن‌هاست. این صفات عمدتاً مرتبط با عملکرد نهایی یا کیفیت محصول هستند و نزدیکی بردارهای آن‌ها به ژنوتیپ‌های شماره ۷ و ۱۹ نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد کلی در شرایط فسا، مطلوب‌تر ارزیابی می‌شوند. در مقابل، صفاتی مانند درصد قند ملاس و قلیائیت ریشه زاویه‌ای نزدیک به ۹۰ درجه یا بیشتر با صفات عملکردی دارند که بیانگر همبستگی ضعیف یا منفی با عملکرد محصول است. این صفات ممکن است تحت تأثیر عوامل محیطی یا فیزیولوژیکی مستقل از عملکرد نهایی باشند.

طول بردارها نیز اهمیت زیادی دارد؛ صفاتی مانند عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید و محتوای قند ناخالص دارای بردارهای بلندتری هستند که نشان‌دهنده حساسیت بالای آن‌ها به تفاوت‌های ژنتیکی میان آزمون‌گرهاست. در مقابل، صفاتی مانند محتوای پتاسیم و عملکرد قند ناخالص با بردارهای کوتاه‌تر، پاسخ‌دهی کمتری به تنوع ژنتیکی نشان داده‌اند و نقش محدودتری در تفکیک آزمون‌گرها ایفا می‌کنند. در مجموع، این تحلیل برداری نشان می‌دهد که برای دستیابی به عملکرد بالا در شرایط اقلیمی فسا، تمرکز بر صفاتی با همبستگی مثبت و پاسخ‌دهی بالا نظیر عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید و محتوای قند ناخالص ضروری است. همچنین، آزمون‌گرهایی که در امتداد این بردارها قرار دارند، می‌توانند به‌عنوان پایه‌های بهنژادی مناسب در برنامه‌های به‌نژادی انتخاب شوند. نمایش برداری ژنوتیپ‌ها در ارتباط با صفات مورد بررسی، به‌ترتیب در شرایط اقلیمی فسا و گنبد در شکل ۳ ارائه شده است. نتایج بای‌پلات نشان داد که محیط گنبد (شکل ۳، ب)، صفاتی مانند عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید، و عملکرد قند ناخالص در امتداد بردارهای مثبت مؤلفه اصلی اول قرار دارند، که نشان‌دهنده همبستگی مثبت و قوی این صفات با عملکرد نهایی محصول است.



شکل ۳- نمایش برداری بای‌پلات ژنوتیپ × صفت در (الف) شرایط فسا و (ب) شرایط گنبد. علائم اختصاری: RY: عملکرد ریشه، SC: محتوای قند ناخالص، SY: عملکرد قند ناخالص، WSC: محتوای شکر سفید، WSY: عملکرد شکر سفید، Na^+: محتوای سدیم، K^+: محتوای پتاسیم، N: محتوای نیتروژن آمینه، ESC: کارایی استخراج قند، MS: درصد قند ملاس، ALC: قلیائیت ریشه

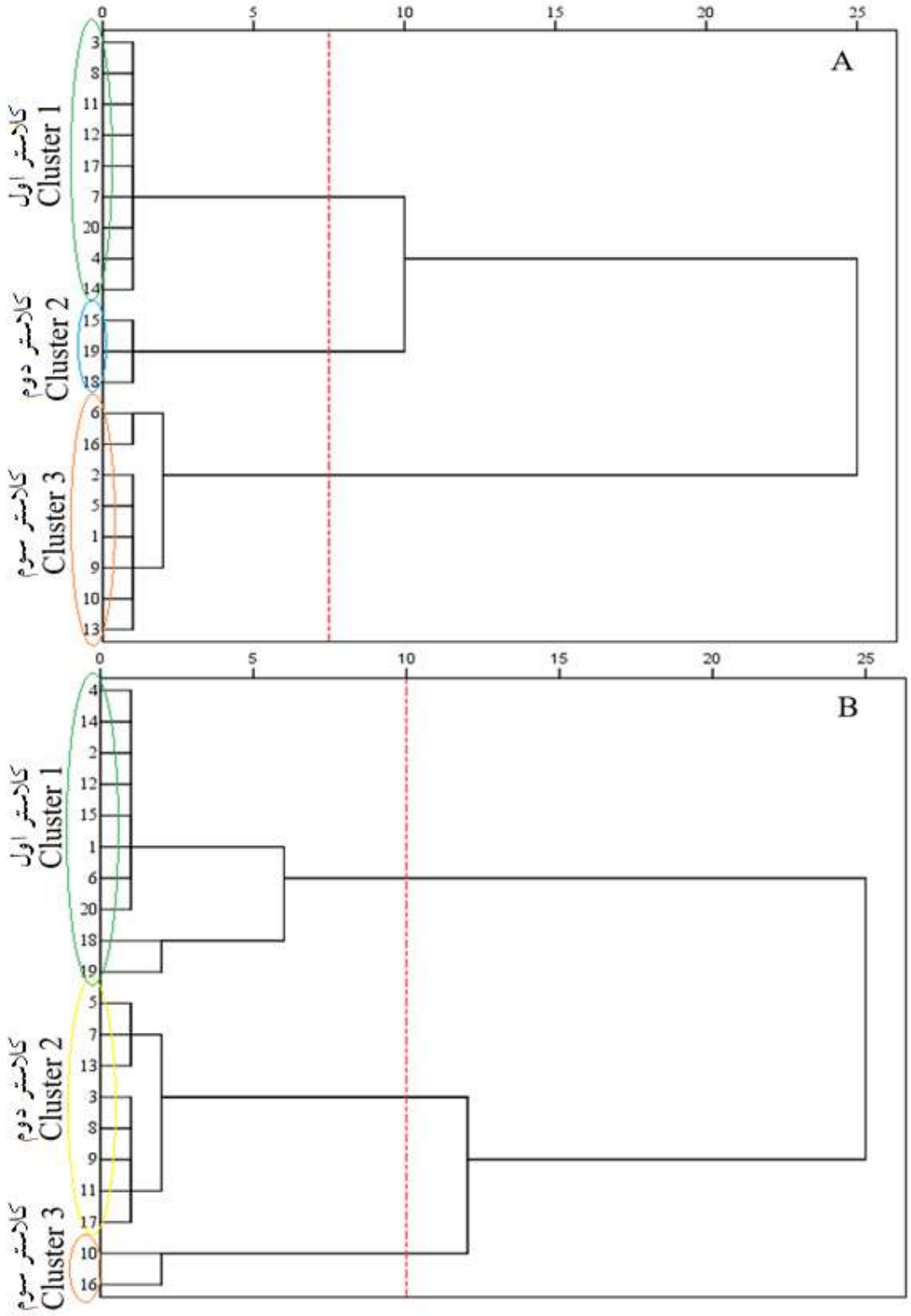
Figure 3. Biplot vector view of genotype × trait in Fasa (a) and Gonbad (b) conditions. Abbreviations: RY: Root yield; SC: Sugar content; SY: Sugar yield; WSC: White sugar content; WSY: White sugar yield; Na^+: Sodium content; K^+: Potasium content; N: Alpha amino content; ESC: Extraction of sugar coefficient; MS: Molasses sugar percentage; ALC: Root alkalinity

ژنوتیپ‌هایی که در جهت این بردارها واقع شده‌اند، از نظر عملکرد کمی و کیفی قند، مطلوب‌تر ارزیابی می‌شوند و می‌توان آن‌ها را به‌عنوان والدین مناسب در برنامه‌های بهنژادی انتخاب کرد. مطالعات پیشین نیز بر اهمیت این صفات در تعیین عملکرد نهایی چغندرقند تأکید داشته‌اند. در بررسی بهجت و همکاران (Bahjat *et al*., 2025) گزارش کردند که عملکرد ریشه و عملکرد شکر سفید از مهم‌ترین شاخص‌های انتخاب در برنامه‌های بهنژادی چغندرقند هستند و همبستگی بالایی با بهره‌وری مزرعه دارند. همچنین، ابمیر و همکاران (Ebmeyer *et al*., 2021) نشان دادند که عملکرد قند ناخالص به‌عنوان شاخصی ترکیبی از عملکرد ریشه و درصد قند، می‌تواند معیار مؤثری برای انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول باشد. در مقابل، صفاتی مانند قلیائیت ریشه، محتوای سدیم، و درصد قند ملاس زاویه‌ای نزدیک به ۱۸۰ درجه با صفات عملکردی دارند، که بیانگر همبستگی منفی و معنی‌دار با عملکرد محصول است. این صفات معمولاً با کاهش خلوص قند، افزایش ضایعات فرآوری، و کاهش راندمان تولید شکر سفید همراه هستند. به‌طور خاص، سدیم و قلیائیت بالا در ریشه می‌توانند در فرآیند تصفیه قند اختلال ایجاد کرده و نیاز به مواد شیمیایی را افزایش دهند (Bahjat, 2025). همچنین، درصد قند ملاس بالا نشان‌دهنده تجمع ترکیبات غیرقندی در ریشه است که مستقیماً بر کاهش کیفیت صنعتی محصول اثر می‌گذارد (Adbhai *et al*., 2022)؛ بنابراین، در برنامه‌های بهنژادی چغندرقند در شرایط اقلیمی گنبد، تمرکز بر صفاتی با همبستگی مثبت و پاسخ‌دهی بالا مانند عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید، و عملکرد قند ناخالص توصیه می‌شود. در مقابل، صفات منفی نظیر قلیائیت ریشه، محتوای سدیم، و درصد قند ملاس باید با احتیاط در نظر گرفته شوند و در صورت استفاده از ژنوتیپ‌های دارای این ویژگی‌ها، باید از روش‌های اصلاح غیرمستقیم بهره گرفت.

تجزیه خوشه‌ای: با توجه به تفاوت عملکرد ژنوتیپ‌های چغندرقند در شرایط فسا و گنبد، تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش وارد انجام شد. این روش بالاترین ضریب همبستگی کوفنتیک را نسبت به سایر روش‌ها نشان داد (r=۰/۹۱** در شرایط فسا و r=۰/۹۲** در شرایط گنبد). بر اساس اختلاف آماره ویلکس لامبدای متوالی حاصل از تجزیه واریانس چندمتغیره، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در شرایط فسا در سه خوشه مجزا گروه‌بندی شدند (شکل ٤-الف)، به‌طوری‌که ۹ ژنوتیپ در خوشه اول، ۳ ژنوتیپ در خوشه دوم و ۸ ژنوتیپ در خوشه سوم قرار گرفتند. در شرایط گنبد نیز الگوی مشابهی مشاهده شد و ژنوتیپ‌ها در سه خوشه تفکیک شدند؛ به‌گونه‌ای که ۱۰ ژنوتیپ در خوشه اول، ۸ ژنوتیپ در خوشه دوم و ۲ ژنوتیپ در خوشه سوم جای گرفتند (شکل ٤-ب).

برای بررسی دقیق‌تر تفاوت‌های میان خوشه‌ها، تجزیه واریانس یک‌طرفه برای هر یک از صفات به‌صورت جداگانه انجام گرفت. نتایج این تحلیل‌ها نشان داد که در هر دو شرایط فسا و گنبد، اختلاف میانگین صفات بین خوشه‌ها از نظر آماری معنی‌دار است (جدول ٦). این موضوع تأیید می‌کند که تفاوت میان بردارهای میانگین ژنوتیپ‌ها در خوشه‌های مختلف، واقعی و قابل اتکاست. در ادامه، مقایسه میانگین صفات در خوشه‌ها انجام شد تا ارزش بهنژادی هر خوشه از نظر صفات مورد نظر مشخص گردد. بدیهی است که اگر میانگین یک صفت در یک خوشه بالاتر از میانگین همان صفت در سایر خوشه‌ها و نیز میانگین کل باشد، ژنوتیپ‌های آن خوشه از نظر آن صفت دارای ارزش بهنژادی بیشتری هستند.

نتایج مقایسه میانگین‌ها در شرایط فسا نشان داد که ژنوتیپ‌های خوشه سوم شامل ۱، ۲، ۵، ٦، ۹، ۱۰، ۱۳و ۱٦ از نظر اغلب صفات کمی و کیفی از جمله عملکرد ریشه، عملکرد قند ناخالص، محتوای سدیم، قلیائیت ریشه، محتوای شکر سفید، عملکرد شکر سفید، و کارایی استخراج قند، دارای میانگین بالاتری نسبت به سایر خوشه‌ها و میانگین کل ژنوتیپ‌ها بودند (جدول ۷). این نتایج بیانگر آن است که خوشه سوم از نظر عملکرد و مجموعه صفات کیفی، به‌عنوان خوشه برتر در شرایط فسا شناخته می‌شود و می‌تواند به‌عنوان منبع ژنتیکی ارزشمند در برنامه‌های بهنژادی مورد استفاده قرار گیرد.



شکل ٤- تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های چغندرقند با روش وارد بر اساس صفات اندازه‌گیری شده در شرایط فسا (الف) و گنبد (ب)

Figure 4. Cluster analysis of sugar beet genotypes by Ward's method based on measured traits in Fasa (a) and Gonbad (b) conditions

جدول ٦- مقایسه بردار میانگین و فواصل ماهالانوبیس خوشه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط گنبد و فسا

Table 6. Mean comparison and mahalanobis distances of cluster obtained from cluster analysis in Gonbad and Fasa conditions

خوشه‌ها Clusters	خوشه اول درمقابل خوشه دوم First C. vs second C.		خوشه اول درمقابل خوشه سوم First C. vs third C.		خوشه دوم درمقابل خوشه سوم Second C. vs third C.	
محیط Environment	فاصله بین خوشه‌ها (D^2) Clusters distance (D^2)	آماره T^2 هتلینگ Hotelling's T-squared	فاصله بین خوشه‌ها (D^2) Clusters distance (D^2)	آماره T^2 هتلینگ Hotelling's T-squared	فاصله بین خوشه‌ها (D^2) Clusters distance (D^2)	آماره T^2 هتلینگ Hotelling's T-squared
گنبد Gonbad	29.52	313.54**	12.45	98.32**	7.89	251.36**
فسا Fasa	11.55	7.77**	37.25	114.23**	51.23	521.36**

**: Significant at 0.01 probability level / ** معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد.

جدول ۷- میانگین صفات در هر خوشه در شرایط فسا و گنبد

Table 7. The traits mean in each cluster in Fasa and Gonbad conditions

صفات Traits	محیط / Environment							
	قسا /Fasa				گنبد / Gonbad			
	خوشه اول First cluster	خوشه دوم Second cluster	خوشه سوم Third cluster	میانگین کل Total mean	خوشه اول First cluster	خوشه دوم Second cluster	خوشه سوم Third cluster	میانگین کل Total mean
تعداد ژنوتیپ در هر خوشه Genotypes number in each cluster	9	3	8		10	8	2	
عملکرد ریشه Root yield	61.55^{b}	45.23^{c}	80.69^{a}	19.01	72.70^{a}	53.10^{b}	45.41^{c}	62.22
درصد قند ناخالص Sugar content	18.90^{b}	19.12^{a}	19.03^{ab}	10.99	16.82^{a}	16.15^{a}	13.10^{b}	16.19
عملکرد قند ناخالص Sugar yield	11.62^{b}	8.66^{c}	15.33^{a}	9.26	12.19^{a}	8.53^{b}	6.45^{c}	10.17
عملکرد شکر سفید White sugar yield	9.77^{b}	7.27^{c}	12.97^{a}	16.00	9.18^{a}	5.95^{b}	3.97^{c}	7.38
محتوای شکر سفید White sugar content	15.91^{b}	16.05^{a}	16.11^{a}	1.94	12.66^{a}	11.30^{a}	7.09^{b}	11.57
محتوای سدیم Na^+ content	1.89^{b}	1.98^{a}	1.98^{a}	5.15	4.10^{b}	5.23^{b}	7.35^{a}	4.86
محتوای پتاسیم K^+ content	5.14^{ab}	5.24^{a}	4.93^{b}	3.11	6.32^{c}	7.20^{b}	8.61^{a}	6.90
محتوای نیتروژن آمینه Alpha amino content (N)	3.08^{ab}	3.27^{a}	2.79^{b}	84.12	3.23	3.25^{a}	2.48^{b}	3.16^{a}
کارایی استخراج قند Extraction of sugar coefficient	84.16^{ab}	83.89^{b}	84.62^{a}	2.41	74.81^{a}	68.64^{a}	41.77^{b}	69.10
درصد قند ملاس Molasses sugar percentage	2.39^{ab}	2.48^{a}	2.32^{b}	2.42	3.57^{c}	4.26^{b}	5.40^{a}	4.03
قلیائیت ریشه Root alkalinity (ALC)	2.42^{b}	2.99^{a}	2.72^{ab}	57.89	3.34^{b}	4.28^{b}	12.73^{a}	4.64

در مقابل، ژنوتیپ‌های خوشه دوم شامل ۱۵، ۱۸، ۱۹) بالاترین میانگین را در صفاتی نظیر محتوای سدیم، قلیائیت ریشه، درصد قند ملاس، و محتوای قند ناخالص نشان دادند. با توجه به نقش منفی این صفات در کیفیت استخراج و خلوص قند، ژنوتیپ‌های این خوشه از نظر کیفیت صنعتی در مقایسه با خوشه سوم، مطلوبیت کمتری داشتند. این موضوع نشان می‌دهد که اگرچه ژنوتیپ‌های خوشه دوم از نظر تجمع مواد محلول و برخی ویژگی‌های فیزیوشیمیایی برتری نسبی دارند، اما همزمان برخورداری از مقادیر بالاتر صفات نامطلوب می‌تواند کیفیت نهایی قند را تحت تأثیر قرار دهد. ژنوتیپ‌های خوشه اول شامل ۳، ٤، ۷، ۸، ۱۱، ۱۲، ١٤، ۱۷ و ۲۰) نیز در اغلب صفات کمی و کیفی، میانگین پایین‌تری نسبت به سایر خوشه‌ها و میانگین کل ژنوتیپ‌ها نشان دادند. با این حال، بررسی نتایج بای‌پلات ژنوتیپ × صفت نشان داد که ژنوتیپ ۷ علی‌رغم قرارگیری در خوشه اول، در امتداد صفات کلیدی عملکرد شکر سفید و محتوای قند ناخالص قرار گرفته است که بیانگر پتانسیل ژنتیکی مناسب این ژنوتیپ در صفات هدف بهنژادی خاص می‌باشد (شکل ٤-الف). این موضوع نشان می‌دهد که خوشه‌بندی چندصفته ممکن است در برخی موارد پتانسیل یک ژنوتیپ را در صفات خاص به‌طور کامل منعکس نکند. برای بررسی فاصله ژنتیکی بین خوشه‌ها، از آماره ماهالانوبیس استفاده شد. نتایج حاصل از این تحلیل در شرایط فسا نشان داد که بیشترین فاصله ژنتیکی بین خوشه‌های دوم و سوم وجود دارد (جدول ٦). ژنوتیپ‌های خوشه سوم در اغلب صفات کیفی و عملکرد ریشه، میانگین بالاتری نشان دادند، در حالی‌که ژنوتیپ‌های خوشه دوم با وجود عملکرد پایین‌تر در برخی صفات کیفی و عملکرد ریشه، از نظر صفات مرتبط با تجمع مواد محلول و ویژگی‌های فیزیوشیمیایی برتری نسبی داشتند. این اختلاف‌ها حاکی از تنوع ژنتیکی قابل‌توجه بین این دو خوشه است. در برنامه‌های بهنژادی، انتخاب والدین با فاصله ژنتیکی مناسب اهمیت بالایی دارد، زیرا تلاقی ژنوتیپ‌های درون یک خوشه به‌دلیل شباهت ژنتیکی بالا، معمولاً منجر به پیشرفت ژنتیکی چشمگیر نمی‌شود. در مقابل، دورگ‌گیری بین ژنوتیپ‌هایی که در خوشه‌های با فاصله ژنتیکی زیاد قرار دارند، فرصت مناسبی برای ترکیب مجموعه‌های ژنی متنوع فراهم می‌سازد. بر این اساس، تلاقی ژنوتیپ‌های برتر و خوشه سوم با ژنوتیپ‌های خوشه دوم، به‌ویژه ژنوتیپ‌های ۱۸ و ۱۹ که در GT بای‌پلات پتانسیل بالایی در صفات عملکرد شکر سفید نشان داده‌اند، می‌تواند منجر به تولید نتاجی با ترکیب مطلوبی از عملکرد بالا و بهبود کیفیت فیزیوشیمیایی قند در شرایط فسا شود.

در شرایط گنبد، ژنوتیپ‌های خوشه اول در صفاتی نظیر عملکرد ریشه، محتوای قند ناخالص، عملکرد قند ناخالص، محتوای شکر سفید، عملکرد شکر سفید و کارایی استخراج قند بالاترین میانگین را نسبت به سایر خوشه‌ها و میانگین کل ژنوتیپ‌ها نشان دادند (جدول ۷). خوشه سوم شامل ژنوتیپ‌های ۱۰ و ١٦ بود که از نظر صفات عملکرد ریشه، محتوای قند ناخالص، عملکرد قند ناخالص، محتوای نیتروژن آمینه، محتوای شکر سفید، عملکرد شکر سفید، کارایی استخراج قند کمترین مقدار را داشتند. با این حال، ژنوتیپ‌های این خوشه در صفاتی همچون محتوای سدیم، محتوای پتاسیم، قلیائیت ریشه، و درصد قند ملاس بیشترین میانگین را در میان خوشه‌ها به خود اختصاص دادند. ژنوتیپ‌های خوشه دوم تنها در صفت محتوای نیتروژن آمینه دارای میانگین بالاتری بودند (جدول ۷).

بر اساس نتایج مقایسه میانگین‌ها در شرایط گنبد، می‌توان نتیجه گرفت که ژنوتیپ‌های خوشه اول (شامل ژنوتیپ‌های ۱، ۲، ٤، ٦، ۱۲، ١٤، ۱۵، ۱۸، ۱۹ و ۲۰) از نظر اغلب صفات کیفی و عملکرد ریشه، برتری قابل‌توجهی نسبت به سایر خوشه‌ها و میانگین کل داشتند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر در این شرایط معرفی شدند.

تحلیل فاصله ماهالانوبیس در شرایط گنبد نشان داد که بیشترین فاصله ژنتیکی بین خوشه‌های اول و دوم وجود دارد (جدول ۷). ژنوتیپ‌های خوشه اول با وجود میانگین بالاتر در صفات کیفی و عملکرد ریشه، از نظر محتوای سدیم و پتاسیم به سایر خوشه‌ها ضعیف‌تر بودند. در مقابل، ژنوتیپ‌های خوشه دوم در صفاتی مانند محتوای نیتروژن آمینه، بالاترین میانگین را داشتند. با توجه به اینکه افزایش هم‌زمان عملکرد ریشه و خصوصیات کیفی یکی از اهداف بهنژادی در گیاه چغندرقند محسوب می‌شود (Hassani *et al*., 2020)، تلاقی ژنوتیپ‌های خوشه اول و دوم می‌تواند چشم‌انداز امیدوارکننده‌ای برای تولید ژنوتیپ‌های جدید با عملکرد بالا و کیفیت قند مطلوب در شرایط گنبد فراهم سازد.

نتایج این پژوهش نشان داد که صفات عملکردی و کیفی چغندرقند از جمله عملکرد ریشه، عملکرد شکر سفید، درصد قند ملاس، قلیائیت ریشه و نیتروژن آلفا-آمینو دارای تنوع ژنتیکی قابل توجه، وراثت‌پذیری بالا و پیشرفت ژنتیکی مطلوب هستند. نزدیکی ضرایب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی در اغلب صفات بیانگر نقش غالب عوامل ژنتیکی و تأثیر نسبتاً محدود عوامل محیطی بر بروز این صفات است، هرچند واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها در دو محیط نشان‌دهنده معنی‌دار بودن اثر محیط می‌باشد. نتایج تحلیل‌های چندصفته شامل GT بای‌پلات و تجزیه خوشه‌ای نشان داد که برخی ژنوتیپ‌ها در هر دو محیط از پتانسیل بهنژادی مناسبی برخوردارند، اما برتری ژنوتیپ‌ها وابسته به شرایط محیطی بوده است .در شرایط فسا، ژنوتیپ‌های ۷ و ۱۹ به‌دلیل هم‌راستایی با صفات کلیدی عملکردی و کیفی، به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر یا دارای پتانسیل بهنژادی بالا شناسایی شدند، در حالی که در شرایط گنبد، ژنوتیپ‌های ٦ و ١٤ همراه با ژنوتیپ ۱۹ عملکرد مطلوب‌تری نشان دادند. ژنوتیپ ۱۹ به‌دلیل حضور در گروه ژنوتیپ‌های مطلوب در هر دو محیط، می‌تواند به‌عنوان ژنوتیپ با سازگاری نسبتاً گسترده و والد بهنژادی مناسب در برنامه‌های به‌نژادی معرفی شود. همچنین، صفاتی نظیر قلیائیت ریشه، محتوای سدیم و درصد قند ملاس که همبستگی منفی با صفات مطلوب قندی داشتند، باید در برنامه‌های بهنژادی با دقت مدیریت شوند.

فاصله ژنتیکی قابل‌توجه بین خوشه‌ها، به‌ویژه بین خوشه‌های دارای عملکرد بالا و خوشه‌های دارای صفات فیزیوشیمیایی خاص، فرصت مناسبی برای دورگ‌گیری هدفمند و ترکیب ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا و کیفیت صنعتی مطلوب فراهم می‌سازد. در این راستا، استفاده از رویکردهای چندصفته و ابزارهای آماری پیشرفته می‌تواند دقت انتخاب و اثربخشی برنامه‌های بهنژادی چغندرقند را افزایش دهد.

در مجموع، این مطالعه چارچوبی علمی برای انتخاب هدفمند ژنوتیپ‌های برتر و طراحی راهبردهای بهنژادی در شرایط اقلیمی متنوع ارائه می‌دهد و می‌تواند در ارتقاء بهره‌وری و کیفیت محصول چغندرقند نقش مؤثری ایفا کند

سپاسگزاری

این تحقیق در چارچوب اجرای طرح پژوهشی مصوب به شماره ۰۳-۶۳-۰۲۰۵-۰۰۸-۰۲۰۱۷۵ در موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندرقند انجام شده است. بدین‌وسیله از این موسسه به‌منظور تأمین منابع مالی پروژه و همچنین از مراکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان‌های فارس و گلستان بابت همکاری و فراهم‌سازی زیرساخت‌های اجرایی، صمیمانه قدردانی و تشکر به‌عمل می‌آید.

References

Adbhai, A.R., Dewanjee, S., Patel, K.G. and Karmakar, N. (2022). Sugar beet molasses production and utilization. In: Misra, V., Srivastava, S. and Mall, A.K. Eds. Sugar beet cultivation, management and processing. pp. 885-904. Singapore: Springer Nature. Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-19-2730-0_44

Allard, R.W. (1999). Principles of Plant Breeding. 2th ed. John Wiley and Sons, New York, USA.

Bahjat, N.M., Yıldız, M., Nadeem, M.A., Morales, A., Wohlfeiler, J., Baloch, F.S., Tunçtürk, M., Koçak, M., Chung, Y.S., Grzebelus, D. and Sadik, G. (2025). Population structure, genetic diversity, and GWAS analyses with GBS-derived SNPs and silicodart markers unveil genetic potential for breeding and candidate genes for agronomic and root quality traits in an international sugar beet germplasm collection. BMC Plant Biology, 25(1): 523. https://doi.org/10.1186/s12870-025-06702-8

Baloch, F.S., Altaf, M.T., Liaqat, W., Bedir, M., Nadeem, M.A., Cömertpay, G., Çoban, N., Habyarimana, E., Barutçular, C., Cerit, I. and Ludidi, N. (2023). Recent advancements in the breeding of sorghum crop: current status and future strategies for marker-assisted breeding. Frontiers in Genetics, 14: 1150616. https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1150616

Brar, N.S., Dhillon, B.S., Saini, K.S. and Sharma, P.K. (2015). Agronomy of sugar beet cultivation-a review. Agricultural Reviews, 36(3): 184-197. https://doi.org/10.5958/0976-0741.2015.00022.7

Chen, T., Niu, Y., Yang, C., Liang, Y. and Xu, J. (2024). Screening of rice (*Oryza sativa* L.) genotypes for salinity tolerance and dissecting determinants of tolerance mechanism. Plants, 13(7): 1036. https://doi.org/10.3390/plants13071036

Cooke, D. A. and Scott, R.K. (1993). The sugar beet crop: science in to practice 1st. Chapman and Hall Press. USA. https://doi.org/10.1007/978-94-009-0373-9

Ebmeyer, H., Fiedler-Wiechers, K. and Hoffmann, C.M. (2021). Drought tolerance of sugar beet-evaluation of genotypic differences in yield potential and yield stability under varying environmental conditions. European Journal of Agronomy, 125: 126262. https://doi.org/10.1016/j.eja.2021.126262

El-Metwally, I.M. and El-Shahawy, T.A.E.G. (2025). Enhancing sugar beet quality and productivity under the effects of co-application of urea and herbicides on weed control and crop performance. Bulletin of the National Research Centre, 49(1): 36. https://doi.org/10.1186/s42269-025-01327-1

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. and Frankham, R. (1996). Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Longman, Harlow, UK.
Fasahat, P., Rezaei, J., Azizi, H., Hamzeh, H., Darabi, S., Jalilian, A. and Mohammadian, R. (2025). Stability analysis is used to evaluate sugar beet genotypes with the goal of maximizing root and white sugar yield. Biometrical Letters, 62(1): 29-48. https://doi.org/10.2478/bile-2025-0002
GGEbiplot. (2011). A statistical package. Ottawa, ON. Canada.
Hallauer, A.R., Carena, M.J. and Miranda, J.B. (2010). Quantitative Genetic In Maize Breeding. 2th ed. Iowa State University Press, Ames Iowa, USA.
Hamze, H., Mohammadian, R., Taleghani, D. and Hassani, M. (2025). Genetic and phenotypic assessment of quantitative and qualitative characteristics of new sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes. Journal of Central European Agriculture, 26(2): 315-334. https://doi.org/10.5513/JCEA01/26.2.4468
Hassani, M., Heidari, B. and Stevanato, P. (2020). Combining abilities of sugar beet genotypes for root-and sugar-related traits under multi-environment trials. Plant breeding, 139(1): 192-206. https://doi.org/10.1111/pbr.12755
Hassani, M., Mahmoudi, S.B., Saremirad, A. and Taleghani, D. (2023). Genotype by environment and genotype by yield × trait interactions in sugar beet: analyzing yield stability and determining key traits association. Scientific Reports, 13(1): 23111. https://doi.org/10.1038/s41598-023-51061-9
Hassani, M., Saremirad, A. and Mansouri, H. (2024). Selection of superior sugar beet genotypes using the analysis of quantitative and qualitative traits. Journal of Crop Breeding, 16(4): 64-76. https://doi.org/10.61186/jcb.16.4.64
Hasanuzzaman, M., Bhuyan, M.B., Nahar, K., Hossain, M.S., Mahmud, J.A., Hossen, M.S., Masud, A.A.C., Moumita, and Fujita, M. (2018). Potassium: a vital regulator of plant responses and tolerance to abiotic stresses. Agronomy, 8(3): 31. https://doi.org/10.3390/agronomy8030031
He, B., Xue, C., Sun, Z., Ji, Q., Wei, J. and Ma, W. (2022). Effect of different long-term potassium dosages on crop yield and potassium use efficiency in the maize-wheat rotation system. Agronomy, 12(10): 2565. https://doi.org/10.3390/agronomy12102565
Ismaili, A., Sohrabi, S.S., Hosseini, S.Z., Namdarian, R. and Godarzi, D. (2016). Genotypic correlation and path analysis of some traits related to oil yield and grain yield in canola (*Brassica napus* L.) under non-stress and water deficit stress conditions. Iranian Journal of Field Crops Research, 4(4): 646-664 (In Persian). https://doi.org/10.22067/gsc.v14i4.41019
Johnson, R.A. and Wichern, D.W. (2002). Applied multivariate statistical analysis, 3th. ed, The Iowa State University, USA.
Khodadadi, M., Dehghani, H., Jalali-Javaran, M., Rashidi-Monfared, S. and Christopher, J. T. (2016). Numerical and graphical assessment of relationships between traits of the Iranian Coriandrum sativum L. core collection by considering genotype× irrigation interaction. Scientia Horticulturae, 200: 73-82. https://doi.org/10.1016/j.scienta.2016.01.003
Kim, W.J., Kang, B.H., Kang, S., Shin, S., Chowdhury, S., Jeong, S.C., Choi, M.S., Park, S.K., Moon, J.K., Ryu, J. and Ha, B.K. (2023). A genome-wide association study of protein, oil, and amino acid content in wild soybean (*Glycine soja*). Plants, 12(8): 1665. https://doi.org/10.3390/plants12081665
Li, W., Lin, M., Li, J., Liu, D., Tan, W., Yin, X., Zhai ,Y., Zhou, Y. and Xing, W. (2023). Genome-wide association study of drought tolerance traits in sugar beet germplasms at the seedling stage. Frontiers in Genetics, 14: 1198600. https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1198600
Li, Z., Zhu, L., Zhao, F., Li, J., Zhang, X., Kong, X., Wu, H. and Zhang, Z. (2022). Plant salinity stress response and nano-enabled plant salt tolerance. Frontiers in Plant Science, 13: 843994. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.843994
Lilliefors, H.W. (1967). On the Kolmogorov-Smirnov test for normality with mean and variance unknown. Journal of the American statistical Association, 62(318): 399-402. https://doi.org/10.1080/01621459.1967.10482916
Liu, D., Tan, W., Wang, H., Li, W., Fu, J., Li, J., Zhou, Y., Lin, M. and Xing, W. (2023). Genetic diversity and genome-wide association study of 13 agronomic traits in 977 *Beta vulgaris* L. germplasms. BMC genomics, 24(1): 413. https://doi.org/10.1186/s12864-023-09522-y
Majumdar, R., Galewski, P. J., Eujayl, I., Minocha, R., Vincill, E. and Strausbaugh, C.A. (2022). Regulatory roles of small non-coding RNAs in sugar beet resistance against beet curly top virus. Frontiers in Plant Science, 12: 780877. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.780877
Mehravi, S., Ranjbar, G.A., Najafi-Zarrini, H. and Mirzaghaderi, G. (2020). Investigation of drought stress tolerance and adaptation in Iranian endemic anise (*Pimpinella anisum* L.) genotypes. Plant Genetic Research, 7(1): 77-102 (In Persian). https://doi.org/20.1001.1.23831367.1399.7.1.10.7
Mohamed, E. S. G., El-Syiad, S. I., Farghly, O. A. and El-Geddawy, M. A. (2023). Evaluation of sugar losses in beet molasses as affected by the quality of sugar beet roots. Egyptian Sugar Journal, 20: 24-33. https://doi.org/10.21608/esugj.2023.190390.1034
Mohammadzadeh, Z., Soltani, A. and Ajamnorozei, H. (2023). Estimating the yield potential and yield gap of sugar beet in Iran. International Journal of Environmental Science and Technology, 20(4): 3621-3632. https://doi.org/10.1007/s13762-023-04780-5
Mousavi, S.S., Akbarpour, O. and Hosseinpour, T. (2023). Evaluation of yield stability of bread wheat genotypes using a combination of AMMI and BLUP features. Plant Genetic Research, 10(1): 111-122. (In Persian). http://dx.doi.org/10.22034/pgr.10.1.7
Mubarak Alqahtani, A. (2024). Sweet sorghum and bagasse: a comprehensive review of feedstock traits, conversion processes, and economic viability for bioethanol and biogas production. Biofuels, 15(5): 575-585. https://doi.org/10.1080/17597269.2023.2261789
Nasar, J., Ahmad, M., Gitari, H., Tang, L., Chen, Y. and Zhou, X. B. (2024). Maize/soybean intercropping increases nutrient uptake, crop yield and modifies soil physio-chemical characteristics and enzymatic activities in the subtropical humid region based in Southwest China. BMC Plant Biology, 24(1): 434. https://doi.org/10.1186/s12870-024-05061-0

Nassar, M.A.A., El-Magharby, S.S., Ibrahim, N.S., Kandil, E.E. and Abdelsalam, N.R. (2023). Productivity and quality variations in sugar beet induced by soil application of K-Humate and foliar application of biostimulants under salinity condition. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 23(3): 3872-3887. https://doi.org/10.1007/s42729-023-01307-2
Parveen, R., Kumar, M., Swapnil, N., Singh, D., Shahani, M., Imam, Z. and Sahoo, J.P. (2023). Understanding the genomic selection for crop improvement: current progress and future prospects. Molecular Genetics and Genomics, 298(4): 813-821. https://doi.org/10.1007/s00438-023-02026-0
Rajabi, A., Ahmadi, M., Bazrafshan, M., Hassani, M. and Saremirad, A. (2023). Evaluation of resistance and determination of stability of different sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes in rhizomania infected conditions. Food Science and Nutrition, 11(3): 1403-1414. https://doi.org/10.1002/fsn3.3180
Ramazi, M., Omidi, H., Sadeghzadeh Hemayati, S. and Naji, A. (2024). Unraveling genotypic interactions in sugar beet for enhanced yield stability and trait associations. Scientific Reports, 14(1): 20815. https://doi.org/10.1038/s41598-024-71139-2
Reinfeld, E., Emmerich, A., Baumgarten, G., Winner, C. and Beiss, U. (1974). Zur Voraussage des Melassezuckers aus rubenanalysen. Zucker, Chapman and Hall Press. USA.
Rohit, N.R., Johnson, P.L. and Tandekar, K. (2022). Studies on genetic variability, heritability and genetic advances of potato (Solanum tuberosum L.) genotypes for yield and yield attributing traits. The Pharma Innovation Journal, 11(3): 260-263.
Roy, D. (2000). Plant Breeding: Analysis and exploitation of variation. Alpha Science International LTD, Panchsheel Park, New Delhi, India.
Sandhu, K.S., Shiv, A., Kaur, G., Meena, M.R., Raja, A.K., Vengavasi, K., Mall, A.K., Kumar, S., Singh, P.K., Singh, J. and Hemaprabha, G. (2022). Integrated approach in genomic selection to accelerate genetic gain in sugarcane. Plants, 11(16): 2139. https://doi.org/10.3390/plants11162139
SAS. (2004). SAS 9.1 for windows update. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
Sadeghzadeh, H.S., Hosseinpour, M., Jalilian, A., Ahmadi, M., Azizi, H., Hamidi, H., Hamdi, F. and Matloubi, A.F. (2022). Evaluation of white sugar yield stability of some commercially released sugar beet cultivars in Iran from 2011-2020. Seed and Plant Journal, 38(3): 339-364. (In Persian).
Saremirad, A. and Taleghani, D. (2022). Utilization of univariate parametric and non-parametric methods in the stability analysis of sugar yield in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) hybrids. Journal of Crop Breeding, 14(43): 49-63. (In Persian). https://doi.org/10.52547/jcb.14.43.49
Singh, N., Jain, P., Ujinwal, M. and Langyan, S. (2022). Escalate protein plates from legumes for sustainable human nutrition. Frontiers in Nutrition, 9: 977986. https://doi.org/10.3389/fnut.2022.977986
Singh, R.K., Kota, S. and Flowers, T.J. (2021). Salt tolerance in rice: seedling and reproductive stage QTL mapping come of age. Theoretical and Applied Genetics, 134(11): 3495-3533. https://doi.org/10.1007/s00122-021-03890-3
SPSS Inc (2010). SPSS 20. Users Guied. Chicago, USA.
Tabandeh Saravi, A., Ziaee, A. and Enayati, B. (2024). Genetic parameters of some traits of *Amygdalus scoparia* using the REML method. Plant Genetic Research, 11(2): 119-130 (In Persian). https://doi.org/10.22034/pgr.2024.11.2.8
Taleghani, D., Rajabi, A., Saremirad, A. and Darabi, S. (2023). Estimation of gene action and genetic parameters of some quantitative and qualitative characteristics of sugar beet (*Beta Vulgaris* L.) by line× tester analysis. Crop Breeding, 15(48): 201-212. (In Persian). https://doi.org/10.61186/jcb.15.48.201
Tian, H., Sun, H., Zhu, L., Zhang, K., Zhang, Y., Zhang, H., Zhu, J., Liu, X., Bai, Z., Li, A. and Tian, L. (2023). Response of in situ root phenotypes to potassium stress in cotton. PeerJ, 11: e15587. https://doi.org/10.7717/peerj.15587
Wang, S., Yue, Z., Yu, C., Wang, R., Sui, Y., Hou, Y., Zhao, Y., Zhao, L., Chen, C., Yang, Z. and Shao, K. (2024). Genome-wide association study identifies the genetic basis of key agronomic traits in 207 sugar beet accessions. Horticulture Research, 11(10): uhae230. https://doi.org/10.1093/hr/uhae230
Wimmer, S. and Sauer, J. (2020). Profitability development and resource reallocation: The case of sugar beet farming in Germany. Journal of agricultural economics, 71(3): 816-837. https://doi.org/10.1111/1477-9552.12373
Xu, Q., Fu, H., Zhu, B., Hussain, H.A., Zhang, K., Tian, X., Duan, M., Xie, X. and Wang, L. (2021). Potassium improves drought stress tolerance in plants by affecting root morphology, root exudates, and microbial diversity. Metabolites, 11(3): 131. https://doi.org/10.3390/metabo11030131
Xu, W., Wang, Q., Zhang, W., Zhang, H., Liu, X., Song, Q., Zhu, Y., Cui, X., Chen, X. and Chen, H. (2022). Using transcriptomic and metabolomic data to investigate the molecular mechanisms that determine protein and oil contents during seed development in soybean. Frontiers in Plant Science, 13: 1012394. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1012394
Yan, W. and Frégeau-Reid, J. (2008). Breeding line selection based on multiple traits. Crop Science, 48(2): 417-423. https://doi.org/10.2135/cropsci2007.05.0254
Yan, W., Hunt, L., Sheng, Q. and Szlavnics, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Science, 40(3): 597-605. https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x
Yan, W. and Kang, M.S. (2002). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press, Boca Raton, Florida, USA. https://doi.org/10.1201/9781420040371
Yan, W. and Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Science, 42(1): 11-20. https://doi.org/10.2135/cropsci2002.1100
Yousefabadi, V.A., Mehdikhani, P., Nadali, F., Sharifi, M., Azizi, H., Ahmadi, M. and Fasahat, P. (2024). Evaluation of yield and stability of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes using GGE biplot and AMMI analysis. Scientific Reports, 14(1): 27384. https://doi.org/10.1038/s41598-024-78659-x
Zhang, H., Yu, F., Xie, P., Sun, S., Qiao, X., Tang, S., Chen, C., Yang, S., Mei, C., Yang, D. and Wu, Y. (2023). A Gγ protein regulates alkaline sensitivity in crops. Science, 379(6638): eade8416. https://doi.org/10.1126/science.ade8416