

**LISETTA GHISELLI &  
GIOVANNI FRANCESCO LICHERI**

**Valutazione di accessioni di frumento (*Triticum aestivum* L.), frumento duro (*Triticum turgidum* spp. *durum* (Desf.) Husn.) e di farro (*Triticum dicoccum* Schrank ex Schübl) per l'ottenimento di popolazioni adattate all'ambiente**



Terra Bio Soc. Coop.  
Via dell'Aspa sn,  
61029 Schiavi di Urbino (PU)  
P.IVA: 01403850413  
Tel: + 39 0722 58178  
www.terrabio.eu

**PSR MARCHE 2014 – 2020 Sottomisura 16.2 - Sostegno a progetti pilota per lo sviluppo di nuovi prodotti, pratiche, processi e tecnologie**  
**Iniziative realizzate nell'ambito del progetto «Seme FAB Marche» ID 22036**  
FEASR - Fondo europeo agricolo per lo sviluppo rurale: l'Europa investe nelle zone rurali



Unione Europea / Regione Marche  
**PROGRAMMA DI SVILUPPO RURALE 2014-2020**  
FONDO EUROPEO AGRICOLO PER LO SVILUPPO RURALE: L'EUROPA INVESTE NELLE ZONE RURALI



## INDICE

1.	Introduzione	pag. 3
2.	Origine dei frumenti coltivati e filogenesi	pag. 4
3.	Il miglioramento genetico del frumento	pag. 10
4.	Il miglioramento genetico convenzionale	pag. 12
5.	Il miglioramento genetico partecipativo	pag. 13
6.	Il miglioramento genetico evolutivo	pag. 13
7.	Il progetto	pag. 14
8.	Bibliografia	pag. 16
9.	Risultati dell'attività di sperimentazione in pieno campo	pag.19
	Frumento tenero	
	Frumento duro	

## 1. Introduzione

Chi coltiva in regime di agricoltura biologica, malgrado tutte le difficoltà, ha come fine quello di produrre alimenti sani, eticamente sostenibili dal punto di vista ambientale e umano. Attualmente un cerealicoltore biologico potrebbe utilizzare le cosiddette varietà locali denominate anche “grani antichi” ma sappiamo bene che presentano in genere delle rese molto basse e non sostenibili dal punto di vista economico. È anche vero che la stragrande maggioranza delle varietà locali presentano una elevata rusticità e una notevole capacità di resistere alle diverse avversità climatiche senza tralasciare le elevate qualità nutritive e sensoriali, molto apprezzate da un consumatore attento e consapevole. Molte di queste varietà non sono in commercio e la legislazione attuale le considera non commercializzabili se non in circuiti molto ristretti. Per riuscire a ottenere varietà migliorate sia in termini agronomici che di resa unitaria, specifiche per le esigenze dell’agricoltura biologica, si necessita di un programma di miglioramento genetico dedicato proprio a questo sistema culturale, capace di sfruttare la biodiversità e la potenzialità delle varietà locali, che quindi diverranno i parentali con i quali eseguire gli incroci mirati. L’impostazione di una simile attività di miglioramento genetico necessita di definire bene gli obiettivi e di approfondire le conoscenze sulle singole varietà da ibridare. Attualmente è noto che le varietà di frumento che vengono seminate in ambito biologico, derivano da programmi di miglioramento genetico effettuati in aree con sistemi di gestione convenzionale, quindi si tratta di materiale genetico che presuppone l’utilizzo di enormi apporti esterni di input agronomici, cosa che non risulta possibile nel biologico dove qualsiasi input di sintesi non è consentito. Di conseguenza l’unica arma a disposizione è una tecnica agronomica puntuale e sartoriale, che tenga conto dei fattori deficitari presenti nei sistemi bio e solo un approccio globale all’intero agro-sistema agricolo può consentire di ottenere produzioni qualitativamente e quantitativamente soddisfacenti.

La convenzione stipulata con l’Università di Firenze nell’ambito del progetto “**SEME FAB MARCHE**” ha proprio lo scopo di risolvere la problematica inerente la risorsa genetica dedicata al settore biologico e nello specifico al territorio di competenza del consorzio TERRA BIO. Infatti il titolo della convenzione “Valutazione di accessioni di frumento tenero, frumento duro e di farro per l’ottenimento di popolazioni adattate agli ambienti di coltivazione” spiega in sintesi il lavoro che è stato poi fatto per l’ottenimento di varietà dedicate e che verranno messe a disposizione dei consorziati. L’aspetto innovativo del progetto è quello di sviluppare nuove varietà di frumento tenero, duro e di farro per l’agricoltura biologica, varietà adattate all’ambiente di coltivazione e selezionate non solo per le caratteristiche produttive e il contenuto proteico ma anche e soprattutto per le loro caratteristiche nutraceutiche. L’azione “nutraceutica” è dovuta alla presenza di composti derivati dal

metabolismo secondario, contenuti nella frazione di sfarinato che di solito viene eliminata durante la macinazione con i processi di raffinazione necessari per l'ottenimento di farine tipo 00 e 0.

La qualità del frumento sappiamo essere influenzata da fattori genetici ma anche dalla tecnica agronomica, dal clima, dal terreno e da fito e fisiopatie. La promozione dell'agricoltura intensiva che presuppone l'utilizzo di elevati contributi esterni di fattori agronomici (concimi e fertilizzanti, antiparassitari, diserbanti) ha consentito un notevole incremento delle produzioni unitarie, arrivando, in alcuni areali vocati, a toccare anche 80-90 q/ha, con un conseguente forte impatto ambientale tra cui la perdita di biodiversità a livello di suolo e di specie vegetali nell'ambiente agricolo, oltre alla permanenza di numerose sostanze chimiche di sintesi distribuite e all'impoverimento di sostanza organica nel suolo e a un suo eccessivo compattamento. In un certo senso quello che è stato fatto fino ai giorni nostri nello sviluppo di nuove varietà ha avuto come obiettivo principale quello di adattare l'ambiente alla varietà e non il contrario.

Pertanto lo sviluppo di varietà dedicate alla coltivazione a basso input come quella biologica o biodinamica può apportare numerosi vantaggi in particolare quello che è la varietà ad adattarsi all'ambiente di coltivazione. Riteniamo quindi fondamentale sviluppare nuove varietà direttamente negli ambienti destinati alla coltivazione del frumento, previa valutazione e selezione del materiale genetico in base alle caratteristiche agronomico/produttive, di resistenza alle fitopatie e soprattutto tenendo ben presente le proprietà qualitative sia tecnologiche che nutrizionali e funzionali della granella.

## **2. Origine dei frumenti coltivati e filogenesi**

Il termine cereale deriva con molta probabilità da Cerere in latino *Ceres* la dea latina protettrice delle messi. Con questo termine vengono indicate un insieme di differenti specie erbacee annuali coltivate principalmente per la produzione di semi o granella (cariossidi) particolarmente ricca di amido. I cereali costituiscono quindi la principale fonte energetica per l'uomo e sono utilizzati sia nell'alimentazione umana che in quella animale per lo più in forma di sfarinati e/o prodotti da essi derivati. L'elevata adattabilità ai diversi ambienti, la facile conservabilità e trasportabilità della granella oltre alle elevate rese e alla ricchezza in carboidrati sono le caratteristiche principali che hanno fatto dei cereali il gruppo di piante agrarie oggi più importante al mondo, tanto che quasi la metà della superficie terrestre agricola è destinata alla loro coltivazione.

Sotto il profilo botanico, il frumento appartiene alla classe delle *Monocotiledoni*, alla grande famiglia delle *Poaceae* (meglio conosciuta come Graminacee), alla tribù delle *Triticeae* e al genere *Triticum*. I frumenti oggi coltivati appartengono principalmente a due specie: *Triticum aestivum* subsp. *aestivum*, frumento tenero (soft wheat o bread wheat), che costituisce circa il 95% della

produzione mondiale di frumento; *Triticum turgidum* subsp. *durum*, frumento duro (durum wheat o pasta wheat) che rappresenta la rimanente quota del 5%.

Nel quadriennio (2018-2021), la superficie coltivata a grano a livello mondiale è stata di 214-219 milioni di ha e le rese in granella sono state comprese tra 732 e 761 milioni di t (dati FAOSTAT). I maggiori produttori mondiali di grano nella stagione 2020-2021 sono stati Cina (134 milioni di t), India (108 milioni di t), Russia (86 milioni di t), Stati Uniti (50 milioni di t), Canada (35,2 milioni di t), Francia (30 milioni di t) e Ucraina (25 milioni di t). Il frumento è anche la coltura cerealicola più importante nell'UE e in Italia. Nel quinquennio 2018-2022, la superficie media coltivata a frumento nel nostro paese è stata di 1,8 milioni di ha, con una produzione media di 6,8 milioni di t (dati ISTAT) (Fig. 1 e 2).

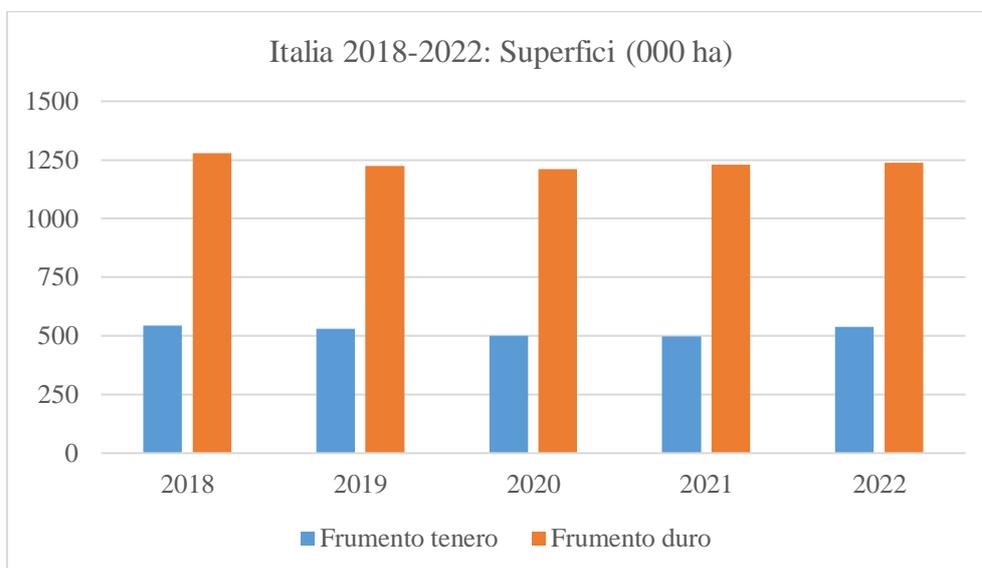


Figura 1. Superfici coltivate a frumento tenero e duro in Italia nel quinquennio 2018-2022 (Dati ISTAT).

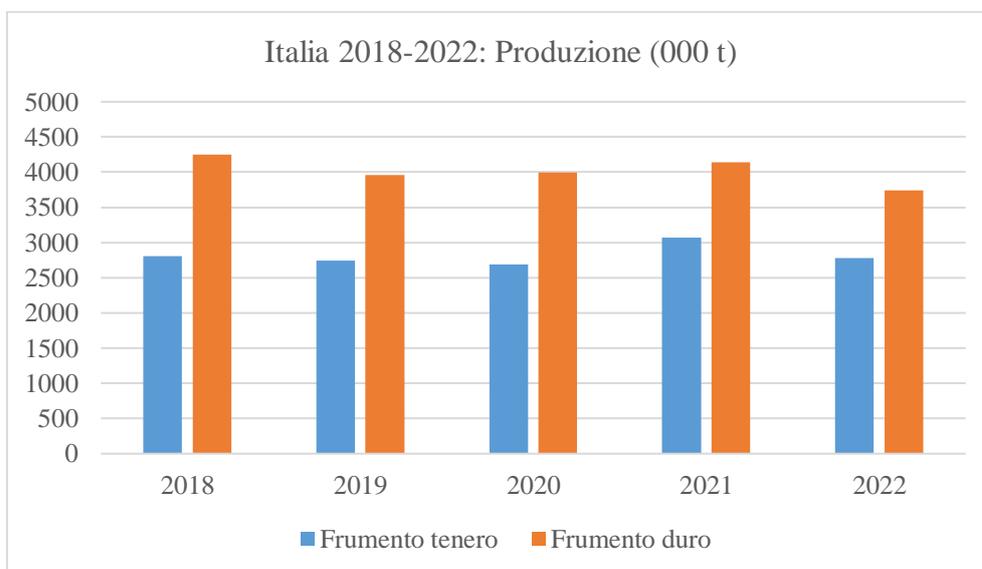


Figura 2. Produzioni di frumento tenero e duro in Italia nel quinquennio 2018-2022 (Dati ISTAT).

Il frumento è considerata una delle più antiche piante coltivate e la raccolta spontanea dei cereali da parte delle popolazioni arcaiche ha rappresentato il primo passo verso la pratica della cerealicoltura. Attraverso la raccolta spontanea delle spighe migliori e con caratteri superiori, queste popolazioni hanno iniziato, in modo del tutto inconsapevole, una vera e propria attività di selezione dei cereali. Questo processo di “domesticazione” dei frumenti, come testimoniato da scavi archeologici, è avvenuto in un arco di tempo molto lungo (dal 12.000 al 6.500 a.C.) nel corso del quale dalle specie selvatiche di frumento hanno avuto origine le specie attualmente coltivate.

Il lungo processo evolutivo dei nuovi frumenti ha portato allo sviluppo del farro selvatico (*Triticum dicoccoides*), di quello coltivato (*Triticum dicoccum*), del gran farro esaploide (*Triticum spelta*) fino all'affermazione dei moderni frumenti: tenero (*Triticum aestivum*) e duro (*Triticum durum*). Durante questo processo, si sono verificate rapide alterazioni e sporadici cambiamenti nel genoma del frumento, dovuti principalmente a incroci spontanei, poliploidizzazione, domesticazione e mutazioni che hanno avuto luogo per più di 300.000 anni. Tutto ciò ha comportato alcune modifiche e una forte perdita di geni, tanto che il frumento oggi coltivato non contiene tutti i geni dei suoi progenitori. I geni persi sono in realtà nuovi geni utili per il miglioramento del frumento moderno. I progenitori selvatici come *Triticum dicoccoides* costituiscono una grande risorsa genetica utile nei programmi di breeding del frumento. Dopo la Seconda Guerra Mondiale, è stato messo in atto un programma di breeding intensivo sul frumento, focalizzato principalmente all'incremento delle rese. Ciò ha portato conseguentemente a un progressivo restringimento del pool genetico a causa dell'enorme erosione delle risorse genetiche indigene. Le landraces di farro selvatico (*T. dicoccoides*) sono caratterizzate da un pool genico con un'elevata variabilità per molti importanti caratteri agronomici, e di resistenza agli stress biotici e abiotici. Molti di questi geni sono andati persi nel corso dell'evoluzione e pertanto non sono entrati nel genoma nel frumento esaploide.

Il genere *Triticum* comprende sei specie: *Triticum monococcum* (AA); *Triticum urartu* Tumanian ex Gandilyan (AA); *Triticum turgidum* L. (AABB); *Triticum timopheevii* Zhuk. (AAGG); *Triticum aestivum* (AABBDD) e *Triticum zhukovskyi* Menabde e Ericz. (AAAAGG), che possono essere raggruppate in tre categorie: (i) Frumenti diploidi ( $2n = 2x$ ) o Monococcum; (ii) Frumenti tetraploidi ( $2n = 4x$ ) o Dicoccoidiea; e (iii) Frumenti esaloidi ( $2n = 6x$ ) o Triticum. Ciò che sta alla base di questa diversificazione è un lungo e complesso processo evolutivo, che ha avuto inizio nella preistoria (Fig. 3).

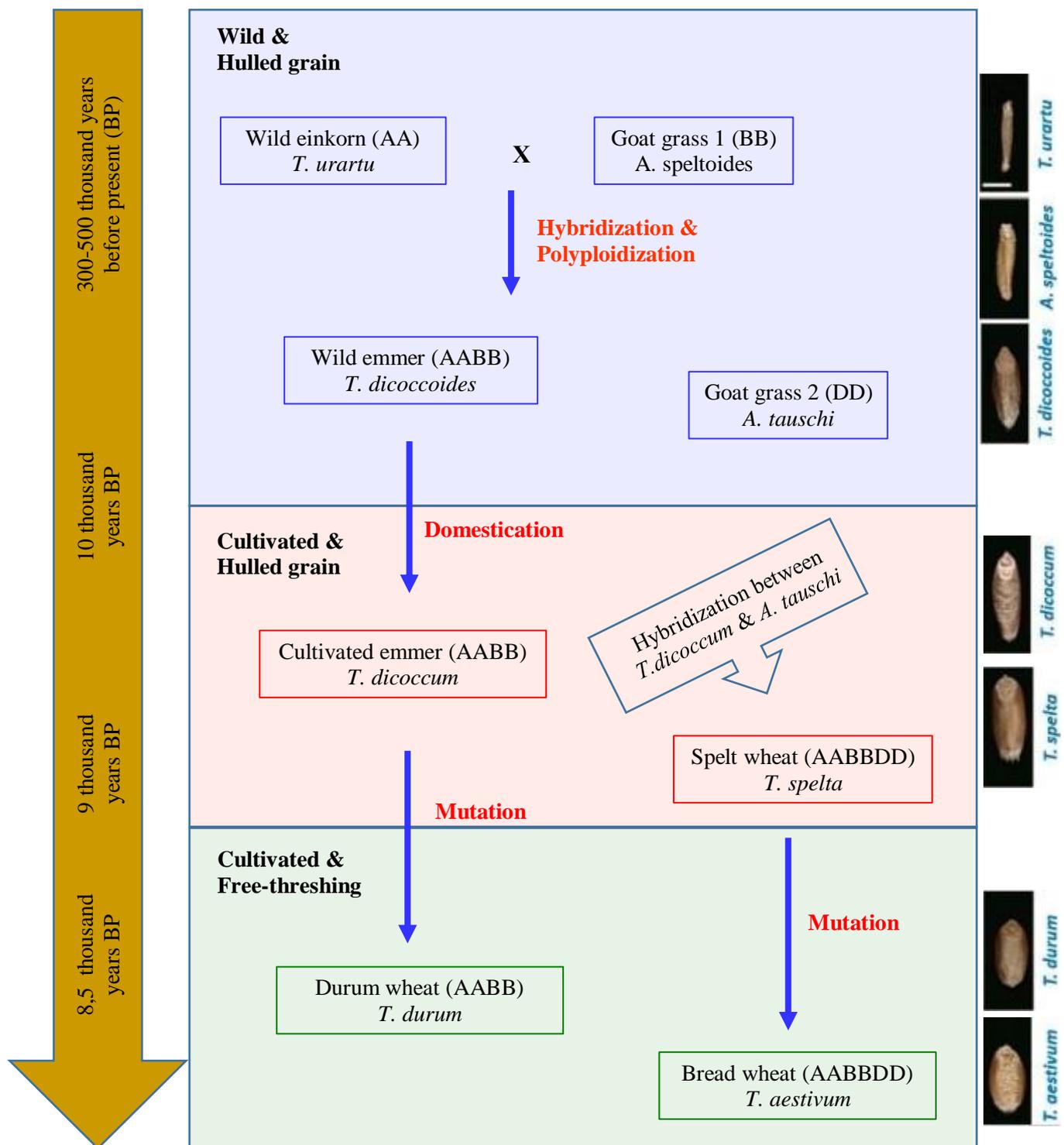


Figura 3. Diagramma di flusso che mostra il processo evolutivo del frumento attraverso l'ibridazione, l'alloploidizzazione, la domesticazione e la mutazione, insieme al cambiamento delle dimensioni delle spighe e della forma della granella alla trebbiatura: frumento vestito (spighette alla trebbiatura) e frumento nudo (cariossidi libere dalle glume alla trebbiatura). La freccia gialla a sinistra indica approssimativamente il periodo in cui si sono verificati questi eventi, mentre la barra nera a destra mostra i cambiamenti graduali nella dimensione e nella forma delle cariossidi durante l'evoluzione (Rahman et al., 2020).

La forma tetraproide di farro selvatico (*Triticum dicocoides*) è stata ottenuta attraverso l'incrocio interspecifico e successivo raddoppiamento cromosomico nell'ibrido sterile tra il frumento selvatico diploide *T. urartu* ( $2n = 2x = 14$ , genoma AA) e *Aegilops speltoides* ( $2n = 2x = 14$ ) donatore del genoma BB circa 300-500.000 anni fa. Il farro coltivato (*T. turgidum* spp. *dicoccum*) si è evoluto gradualmente dal *Triticum dicocoides* attraverso una selezione effettuata dalle popolazioni antiche, per lo più cacciatori-raccoglitori, circa 10.000 anni fa nella regione della Mezzaluna Fertile ("Fertile Crescent"). Questa grande area viene considerata il centro di origine del genere *Triticum* e quindi dei cereali. Si estende tra la sponda orientale del Mar Mediterraneo e il Golfo Persico e qui, ancora oggi, crescono specie selvatiche imparentate con i frumenti oggi coltivati.

La più antica testimonianza di farro coltivato è stata rilevata in Siria, circa 9500 anni fa. Il farro domesticato si è successivamente incrociato, in modo spontaneo, con la specie selvatica diploide *Aegilops tauschii* ( $2n = 2x = 14$ ), donatrice del genoma DD, ed ha prodotto il farro esaploide chiamato Gran farro o Spelta (*T. spelta*,  $2n = 6x = 48$ , genoma AABBDD) circa 9000 anni fa. Entrambi i frumenti coltivati, farro e spelta, sono caratterizzati da cariocidi vestite e quindi da spighe come prodotto della trebbiatura. Il frumento duro (*Triticum durum*,  $2n = 4x = 28$ , genoma AABB) e il frumento tenero (*T. aestivum*,  $2n = 6x = 42$ , genoma AABBDD) si sono originati rispettivamente dal farro (*T. dicoccum*) e dallo Spelta o gran farro, circa 8.500 anni fa, per mutazione naturale. È chiaro che il farro ha avuto un ruolo centrale nell'evoluzione del frumento. In letteratura si trovano diverse opinioni sull'origine del frumento tenero che sarebbe stato ottenuto come prodotto di incrocio tra (i) il farro coltivato (*T. dicoccum*), (ii) il *T. durum* o (iii) il *Triticum parvicocum* con *Aegilops tauschii* [23,24]. L'incrocio è avvenuto probabilmente circa 9000 anni fa a sud o a ovest del Mar Caspio, subito dopo la diffusione della coltivazione del farro dall'area della Mezzaluna Fertile al naturale areale della specie *Aegilops tauschii*. Questi studi hanno ulteriormente rafforzato il ruolo centrale del farro nel processo evolutivo dei moderni frumenti.

Quando si parla di origine dell'agricoltura è importante distinguere tra coltivazione e domesticazione. La prima infatti si riferisce all'impianto e alla raccolta sia delle forme selvatiche che di quelle domesticate. Viceversa, la domesticazione è il processo di selezione genetica che, attraverso il cambiamento di alcuni tratti chiave, consente di aumentare l'adattabilità e la redditività economica delle piante da coltivare in una particolare condizione ambientale e quindi trasforma le forme selvatiche nelle varietà migliorate. Si presume che la prima domesticazione delle specie coltivate sia iniziata circa 10.000 anni fa con la selezione delle piante selvatiche come potenziali colture ed ha rappresentato il primo passo verso la nascita dell'agricoltura. Attraverso il processo di domesticazione, le piante subiscono una serie di complessi cambiamenti morfologici, fisiologici e genetici. I primi frumenti coltivati erano rappresentati principalmente da razze locali (landraces)

selezionate dagli stessi agricoltori, probabilmente perché più produttive, a partire da popolazioni selvatiche. Questa attività di selezione ha rappresentato la prima e chiaramente non scientifica forma di *plant breeding* ad opera dell'uomo. Nel corso della domesticazione il numero di spighe e la dimensione della granella e della spiga sono aumentate considerevolmente. Nei cereali in generale e in particolare nel genere *Triticum* ssp., il passaggio dalla forma selvatica a quella domesticata ha riguardato la selezione di due caratteri morfologici considerati fondamentali per la semplificazione della raccolta del prodotto: 1) resistenza del rachide: la disseminazione delle spighe a maturità della spiga, a causa della disarticolazione del rachide, è un carattere che, se da un lato assicura la naturale dispersione del seme in popolazioni naturali, dall'altro porta alla perdita del seme al momento della raccolta con riduzione delle rese; 2) rilascio della cariosside da parte di glume e glumelle: ciò ha consentito il passaggio dalle forme a seme vestito (glume ben aderenti alla cariosside) a quelle con seme nudo dopo la trebbiatura. Tutti i frumenti coltivati hanno un rachide forte con la sola eccezione della specie *Triticum spelta* (gran farro).

Secondo la recente storia evolutiva del frumento, solo il grano selvatico einkorn e il farro selvatico *Triticum dicoccoides* sono stati sottoposti a una selezione precoce. Einkorn (o Monococco), *T. monococcum*, è un frumento diploide che è stato domesticato dal progenitore selvatico *T. boeoticum* nell'area della Mezzaluna Fertile. In seguito, è stato gradualmente sostituito da grani tetraploidi ed esaploidi nel corso degli ultimi 5000 anni. Il frumento Einkorn non è mai stato coinvolto nell'evoluzione del frumento tenero esaploide o del frumento duro tetraploide. La specie selvatica diploide di *Triticum*, considerata il progenitore del frumento esaploide e che ha svolto un ruolo essenziale nell'evoluzione del frumento è *T. urartu* (AA). La specie selvatica di farro tetraploide *T. dicoccoides*, era naturalmente coltivata in tutta la Mezzaluna Fertile. I primi coltivatori di frumento domesticarono il farro *T. dicoccoides* e così fu introdotto il farro coltivato, *T. dicoccum* (AABB). Per un millennio o più dalla sua domesticazione, il farro continuava a crescere insieme al *T. dicoccoides* in un complesso sistema di colture in molte aree del Levante. Pertanto, i geni (ad esempio, il gene della non fragilità del rachide) sono stati trasferiti attraverso incroci spontanei e non controllati. Il frumento domesticato è quindi comparso come popolazione polimorfica.

Con la domesticazione si tende all'eliminazione di alleli indesiderati o addirittura deleteri, ma quasi sempre comporta anche l'erosione di alleli preziosi per il miglioramento delle piante e per le future esigenze di produttori e consumatori. La domesticazione del frumento, se da un lato ha migliorato molte delle caratteristiche produttive e agronomiche di questa specie, dall'altro lato ha determinato un restringimento della base genetica del genere *Triticum* e meglio nota come "erosione genetica". Tale processo è stato ulteriormente accentuato dai moderni sistemi di breeding con conseguente aumento della suscettibilità e vulnerabilità della specie di *Triticum* agli stress ambientali,

ai parassiti e alle malattie. Non solo, appare quanto mai importante che i nuovi programmi di miglioramento genetico prendano in considerazione l'adattabilità della specie all'ambiente e ai sistemi di coltivazione a basso input oltre naturalmente a valutare e selezionare il materiale di partenza in base anche alle caratteristiche nutrizionali e funzionali della granella per ottenere una progenie qualitativamente superiore. A tal proposito la migliore strategia di miglioramento genetico del frumento sta nell'introdurre variabilità anche attraverso l'impiego di "vecchie" varietà di frumento, caratterizzate proprio da una base genetica più ampia.

### **3. Il miglioramento genetico del frumento**

Il miglioramento genetico vegetale si occupa di selezionare nuove varietà che poi saranno riprodotte, moltiplicate e commercializzate dalle ditte sementiere. Un qualsiasi programma di miglioramento genetico, parte dalla definizione degli obiettivi, cioè come deve essere l'ideotipo della nuova varietà, prosegue con la creazione di diversità genetica in genere tramite un programma di incroci artificiali, continua con la selezione delle generazioni F1, F2, F3 etc., per finire con la scelta delle linee migliori e la moltiplicazione e vendita della semente selezionata. Per il mantenimento dell'omogeneità fenotipica della varietà selezionata, la società sementiera, attiva un programma grazie al quale le spighe non congrue e quindi diverse vengono eliminate; senza questa attività di epurazione la varietà negli anni diverrebbe una popolazione di genotipi e quindi non più fenotipicamente omogenea.

La biodiversità genetica presente nelle varietà di frumento selezionate nei millenni dall'uomo è stata, nel tempo, notevolmente ridotta rispetto a quella dei loro progenitori selvatici. La fase di domesticazione delle popolazioni selvatiche, durata migliaia di anni è da considerarsi la prima attività di miglioramento genetico basato sull'empirismo, tale attività è proseguita fino agli inizi del 1900 quando si sono attivati dei veri programmi di selezione razionale e su base scientifica. La selezione portata avanti dai contadini ha permesso la diffusione di popolazioni costituite da centinaia di individui diversi, ben adattate alle condizioni pedo-climatiche di selezione e con caratteristiche qualitative che soddisfacevano appieno le esigenze della famiglia e della comunità agricola. La selezione pre-rivoluzione verde, a volte, non veniva fatta in campo ma si eseguiva attraverso la pulizia delle granaglie mediante svecciatrice, la quale consentiva una pulizia dalle vecchie e una calibrazione del raccolto per classi dimensionali. Queste macchine pulitrici e selezionatrici erano dotate di vagli e cilindri, grazie ai quali si otteneva la differenziazione delle categorie dimensionali. La classe dimensionale più grande si riutilizzava per la semina. Anche questa grossolana modalità di selezione ha causato nel tempo un restringimento della base genetica.

Fino agli inizi del 1900 nei diversi areali cerealicoli venivano coltivate delle popolazioni di varietà locali, in seguito sono state abbandonate perché sostituite con varietà migliorate le quali erano costituite da individui geneticamente e fenotipicamente identici, frutto di programmi di miglioramento genetico razionale. Quest'attività di selezione basata sull'individuazione di genotipi fenotipicamente simili ha ulteriormente accentuato l'erosione genetica e ridotto la diversità presente nei frumenti coltivati.

Senza l'utilizzo delle varietà migliorate le rese si attestavano sui 7-8 q/ha, mentre a seguito delle nuove introduzioni selezionate con la tecnica della selezione massale e quindi per linea pura oppure con programmi di ibridazione si passò a delle produzioni unitarie che superavano i 10 q/ha. Infatti nel caso del frumento tenero, la rese medie nazionali poterono salire, negli anni 1928-1933, da 10 a 14 q/ha. Questo notevole incremento produttivo fu possibile anche grazie all'uso di migliori tecniche agronomiche e alla disponibilità di input fertilizzanti, fito-farmaci e diserbanti.

Tra i primi genetisti italiani a occuparsi del frumento tenero ricordiamo il Prof. Francesco Todaro che basava la sua ricerca sulla selezione per linea pura, e usando come materiale di partenza popolazioni locali di Rieti, Gentil Rosso, etc.

Il lavoro del genetista Todaro che aveva come finalità la creazione di linee pure, consentiva però una limitata possibilità di selezionare nuovi caratteri. L'unica fonte di variabilità era dovuta alla possibilità che si verificassero ibridazioni spontanee oppure mutazioni stabili e quindi trasferibili alla progenie. Altri genetisti avevano un'altra filosofia operativa, secondo la quale le nuove varietà andavano costituite utilizzando come parentali le popolazioni locali allora note, e come tecnica attraverso la quale creare nuova biodiversità genetica, l'ibridazione artificiale intraspecifica e interspecifica. Nel 1925 il governo fascista promosse il progetto denominato "Battaglia del grano", il quale aveva come scopo il raggiungimento dell'autosufficienza nella produzione di grano, senza però incrementare la superficie cerealicola; quindi l'unica strada era l'incremento produttivo per unità di superficie (Decreto-legge n.1314 del 29 luglio 1925, mirato alla produzione e alla diffusione di sementi elette). Grazie all'attività di selezione messa in campo dal genetista Nazareno Strampelli (1866-1942) si ottenne un incremento in resa del 50% del grano tenero. Il miglioramento genetico di Strampelli si basava, infatti, sulla tecnica dell'incrocio sia tra accessioni diverse della stessa specie che di ibridazioni tra specie diverse. Infatti la varietà di frumento tenero Terminillo, ancora oggi coltivato e apprezzato per le sue rese e per la sua rusticità, deriva dall'incrocio tra segale e frumento tenero.

Tra gli obiettivi perseguiti dai genetisti ricordiamo: incremento delle rese unitarie, resistenza all'allettamento e resistenza alle ruggini, precocità per consentire al frumento di evitare il fenomeno della stretta, miglioramento delle caratteristiche tecnologiche soprattutto in termini di proteine del

glutine. La riduzione della taglia si rendeva necessaria per la resistenza all'allettamento e per poter incrementare la dose delle unità fertilizzanti azotate, grazie alle quali gli indici produttivi e qualitativi sarebbero incrementati; infatti essendo l'allungamento del culmo sotto controllo genico non poteva essere influenzato dalla maggiore disponibilità di azoto che quindi veniva utilizzato dalla pianta per poter incrementare il contenuto proteico delle cariossidi, aumentando così sia la qualità tecnologica sia la resa.

#### **4. Il miglioramento genetico convenzionale**

In un programma di miglioramento genetico cosiddetto **convenzionale** gli incroci, le prove di selezione e le prove di moltiplicazione sono condotte all'interno di stazioni sperimentali dedicate a tale attività. L'agricoltore viene coinvolto solo alla fine del processo, per mettere in campo le ultime prove varietali di selezione. Ciò che si ottiene è una varietà per lo più geneticamente e fenotipicamente omogenea e che deriva da diversi anni di prove condotte adottando sistemi colturali convenzionali, con disponibilità di mezzi tecnici quali fertilizzanti, antiparassitari e erbicidi; in luoghi, le stazioni di ricerca, distanti e diversi da quelli dove le varietà verranno poi coltivate. Pertanto la varietà che sarà sviluppata; con il suo potenziale genetico, potrà esprimersi al massimo in ambiente "convenzionale" e cioè con l'utilizzo di input agronomici esterni. Ciò fa sì che sia l'ambiente ad adattarsi alla varietà vista l'impossibilità di ottenere l'opposto.

Il circoscrivere e centralizzare la selezione di nuove varietà all'interno dei confini geografici delle stazioni sperimentali, costituisce un notevole problema in tutti quei casi in cui l'ambiente di coltivazione è molto diverso da quello dove si effettua la ricerca. Questa problematica si amplifica considerando la notevole variabilità territoriale e culturale tipica dell'Italia. L'agricoltura moderna ha, quindi, modificato l'ambiente per adattarlo alle varietà con l'impiego di fertilizzanti, fitofarmaci, che hanno reso i campi coltivati omogenei tra loro e simili alle stazioni sperimentali. In questo modo la stessa varietà può essere coltivata su superfici sempre più ampie e le ditte sementiere possono ammortizzare in maniera ottimale i costi di ricerca e sviluppo necessari per crearla.

In agricoltura convenzionale si ha la possibilità di smorzare eventuali scompensi pedo-climatici con l'utilizzo degli input esterni, soddisfacendo le esigenze nutrizionali delle varietà in coltivazione; questa enorme possibilità non sussiste nei sistemi agricoli biologici che quindi presentano una elevata variabilità non modificabile; di conseguenza l'idea di sviluppare poche varietà adatte a tutti i contesti non è concepibile. Al contrario dell'agricoltura convenzionale, il settore biologico ha bisogno di varietà migliorate direttamente negli ambienti di coltivazione con una certa eterogeneità al loro interno, in modo da garantire una stabilità di produzione e rispondere alle diverse necessità degli agricoltori e dei sistemi agricoli locali.

## **5. Il miglioramento genetico partecipativo**

Il miglioramento genetico “partecipativo” (dall’inglese, Participatory Plant Breeding - PPB), nasce per rispondere alle necessità degli agricoltori che conducevano le loro aziende agricole in regime biologico, di avere delle varietà dedicate al loro sistema di coltura, senza per forza essere costretti ad utilizzare le varietà selezionate per il settore convenzionale, dove le possibilità di intervento agronomico sono notevoli visti i mezzi tecnico-produttivi disponibili. Infatti a seguito di questo impulso, la ricerca di nuove varietà ha iniziato a uscire dalle stazioni sperimentali, decentralizzando il lavoro di selezione nei campi degli agricoltori, coinvolgendoli, nelle varie fasi del programma di selezione.

Nel miglioramento genetico partecipativo sia le selezioni entro popolazioni segreganti che le prove di valutazione delle varietà vengono portati avanti in maniera simbiotica da ricercatori e agricoltori, e tranne che la realizzazione degli incroci, che in genere si eseguono nei centri di ricerca, le fasi successive di valutazione delle diverse combinazioni si trasferiscono direttamente sui campi degli agricoltori. Vista la variabilità ambientale e i bisogni specifici, i criteri di selezione di un agricoltore, potrebbero essere diversi da quelli del ricercatore e sono spesso diversi da quelli di agricoltori di altri areali cerealicoli che hanno altre condizioni ambientali ed esigenze.

Quindi rispetto al miglioramento genetico convenzionale, nel programma partecipativo, agli agricoltori viene messo a disposizione del materiale con un’ampia base genetica (da incroci o miscele varietali) da seminare nei propri areali di coltivazione partecipando quindi attivamente al processo di selezione. All’interno di una vasta regione si possono individuare delle macroaree e all’interno di queste delle aziende pilota dove la selezione è condotta in modo indipendente dalle altre macroaree, creando e promuovendo diversità nello spazio, le conoscenze acquisite verranno esportate in aziende e ambienti simili.

## **6. Il miglioramento genetico evolutivo**

Il breeding evolutivo è un metodo che si basa su incroci tra genotipi parentali, distanti geneticamente e selezionati per caratteristiche di interesse; la selezione della progenie segregante si fa direttamente in campo. L’obiettivo è quello di creare delle popolazioni che si selezionino per le diverse condizioni di coltivazione e siano dotate al loro interno di una grande variabilità genetica, ma che per i caratteri di interesse si mostrino abbastanza uniformi. Quindi il miglioramento genetico evolutivo sfrutta il potenziale evolutivo della popolazione segregante.

Il metodo consiste nel seminare nei campi degli agricoltori miscugli (popolazioni evolutive) di moltissimi genotipi differenti della stessa coltura, preferibilmente utilizzando le combinazioni

d'incrocio delle prime generazioni segreganti. Ogni anno queste popolazioni vengono seminate e raccolte, la composizione genetica della popolazione che si raccoglie non è mai la medesima della popolazione che è stata seminata, in quanto la popolazione si evolve diventando progressivamente meglio adattata alle condizioni pedoclimatiche e alle pratiche agronomiche in cui viene coltivata. Poiché le condizioni agro-climatiche dell'annata agraria variano, la composizione genetica della popolazione fluttuerà, le piante più plastiche diventeranno progressivamente più frequenti in quanto meglio adattate alle condizioni di coltura. Una data popolazione di genotipi segreganti si evolverà in modo diverso in luoghi diversi e di conseguenza produrrà un mix di varietà diversamente adattate. Contemporaneamente all'evoluzione della popolazione di base, i ricercatori e spesso anche gli agricoltori possono praticare la selezione, ottenendo un flusso di varietà migliorate e progressivamente meglio adattate. Con questo modo di operare il miglioramento genetico evolutivo diviene partecipativo, con l'agricoltore che può effettuare una selezione all'interno di una popolazione evolutiva, scegliendo le spighe che preferisce secondo un principio di selezione del tutto personale.

In questo scenario, lo sviluppo di nuove popolazioni di frumento resilienti ai cambiamenti climatici e adattate ad un'agricoltura a basso input potrebbe essere una soluzione possibile per far fronte, almeno in parte, ai problemi della moderna cerealicoltura; bisognerebbe promuovere la selezione di popolazioni eterogenee contraddistinte dalla rusticità e adattabilità degli ecotipi locali, salvaguardando le caratteristiche qualitative e nutraceutiche, in modo da soddisfare le richieste di un consumatore consapevole, che richiede alimenti sani e ottenuti con sistemi agricoli necessariamente sostenibili in termini di impatto ambientale.

## 7. Il progetto

L'università di agraria di Firenze da diversi anni è impegnata nel recupero, valutazione e selezione di collezioni di germoplasma di frumento tenero, duro e di farro dicocco; costituito da antiche varietà selezionate nel periodo che va dalla fine ottocento alla prima metà del novecento. Questa enorme risorsa genomica è stata considerata per il suo elevato valore nutraceutico (contenuto in polifenoli, flavonoidi, attività antiradicalica, digestione delle proteine del glutine) e utilizzato per ottenere combinazioni d'incroci, mediante uno schema fattoriale, al fine di costituire materiale segregante multilinea che è stato poi avviato all'evoluzione e selezione in diversi ambienti pedoclimatici. Il materiale segregante (F1, F2, F3) costituito da circa 120 combinazioni d'incroci fattoriali è stato utilizzato per ottenere materiale evolutivo (**breeding evolutivo**) che andrà impiegato nel **breeding partecipativo** con le aziende consorziate dove verrà condotta la valutazione delle diverse linee segreganti.

In accordo con la convenzione stipulata con il consorzio TERRABIO il progetto ha perseguito i seguenti obiettivi:

- valutazione e moltiplicazione del materiale genetico in collezione e in selezione;
- valutazione e selezione eseguita tramite breeding partecipativo del materiale in evoluzione direttamente presso le aziende di coltivazione;
- valutazione delle caratteristiche nutraceutiche del materiale in valutazione.

Le prove sperimentali in campo sono state effettuate presso delle aziende pilota consorziate, inoltre sono state condotte visite e incontri divulgativi con gli agricoltori allo scopo di renderli partecipi del lavoro di campo e delle finalità del progetto. Infatti ad iniziare dal periodo della fioritura sino alla raccolta, presso le aziende coinvolte nella prova sono stati svolti incontri tecnici per l'identificazione e definizione dell'ideotipo rendendo gli agricoltori consapevoli delle modalità e delle tecniche operative tramite le quali mantenere la biodiversità del materiale coltivato. Il materiale ottenuto nel rispetto della uniformità di popolazione sarà caratterizzato da un'ampia variabilità genetica che garantirà una elevata capacità adattativa ed evolutiva ai diversi ambienti di coltivazione, mitigando gli stress derivanti dal cambiamento climatico.

Le accessioni e le varietà del genere *Triticum* impiegate nella costituzione del materiale segregante (nucleo segregante): generazioni F2 e F3, sono state scelte per le loro particolari caratteristiche nutraceutiche e agronomico-produttive. Ad ognuna delle aziende pilota ospitanti la valutazione, sono state assegnate le diverse linee segreganti, insieme a dei parentali che hanno svolto la funzione di tester. La prova è stata condotta utilizzando un disegno sperimentale a blocchi randomizzati con tre repliche su parcelle di circa 6 mq.

La valutazione ha preso in esame l'epoca delle principali fasi fenologiche (emergenza, accestimento, levata, spigatura, stadio di maturazione) oltre ad alcune caratteristiche morfologiche e descrittive: altezza culmo, numero culmi di accestimento, numero internodi, dimensione e portamento della foglia a bandiera, lunghezza spiga principale, peso spiga principale, numero spighette, numero cariossidi/spiga, peso cariossidi/spiga, produzione pianta e resa riferita all'unità di superficie. Tra le caratteristiche nutraceutiche abbiamo: contenuto in polifenoli, flavonoidi, attività antiradicalica, cinetica di digestione in vitro delle proteine del glutine. I dati morfometrici e quelli qualitativi ottenuti tramite analisi di laboratorio, sono stati utilizzati per la verifica statistica delle differenze tra le medie (ANOVA) e tra i gruppi di associazioni individuati con l'analisi multivariata. Il progetto ha avuto durata di un'intera annata agraria.

## 8. Bibliografia

- Benedettelli S., Ghiselli L., Martinelli T. 2013. Pane nuovo e pane antico: evoluzione delle varietà di grano, della tecnica molitoria e panificatoria. In “Pane nuovo da grani antichi” Pacini Editore. Provincia Siena. <https://desbri.org/news/pane-nuovo-da-grani-antichi>.
- Ceccarelli S. & Grando S. 2000. Barley landraces from the Fertile Crescent: a lesson for plant breeders. In *Genes in the Field: On-farm Conservation of Crop Diversity* (Ed. S. B. Brush), pp. 51–76. Boca Raton, FL: IDRC.
- Ceccarelli S. & Grando S. 2007. Decentralized-participatory plant breeding: an example of demand driven research. *Euphytica* 155: 349–360.
- Ceccarelli S. 2009. Evolution, plant breeding and biodiversity. *Journal of Agriculture and Environment for International Development* 103, 131–145.
- Ceccarelli S. 2009. Selection methods. Part 1: Organizational aspects of a plant breeding programme In: *Plant Breeding and Farmer Participation* Ceccarelli, Guimaraes and Weltzien (Eds.) FAO, Rome: 63-74.
- Ceccarelli S., Grando S., Maatougui M., Michael M., Slash M., Haghparast R., Rahmanian M., Taheri A., Alyassin A., Benbelkacem A., Labdi M., Mimoun H., Nachit M. 2012. Plant Breeding and Climate Changes *Journal of Agricultural Science* 148 (6): 627–638
- Ceccarelli, S. 2016. *Mescolate contadini, mescolate Cos'è e come si fa la selezione genetica partecipativa* Ed. Pentagora con Rete Semi Rurali.
- Dawson J.C., Murphy K.M., and Jones S.S. 2008. Decentralized selection and participatory approaches in plant breeding for low-input systems. *Euphytica*, 160(2): 143–154.
- Dawson J.C., Rivière P., Berthelot J.-F., Mercier F., de Kochko P., Galic N., Pin S., Serpolay S., Thomas M., Giuliano S., Goldringer I. 2011. Collaborative Plant Breeding for Organic Agricultural Systems in Developed Countries. *Sustainability*, 3(12): 1206–1223.
- Dubcovsky J., Dvorak J., 2007. Genome plasticity a key factor in the success of polyploid wheat under domestication. *Science* 316: 1862-1866.
- Dvorak J., Akhunov E.D. 2005. Tempos of gene locus deletions and duplications and their relationship to recombination rate during diploid and polyploid evolution in the *Aegilops-Triticum* alliance. *Genetics*, 171: 323–332.
- Dvorak J., Luo M., Yang Z. 1998. Genetic evidence on the origin of *Triticum aestivum* L. In *The Origins of Agriculture and Crop Domestication, Proceedings of the Harlan Symposium, Aleppo, Syria, 10–14 May*, ICARDA: Aleppo, Syria.
- Feldman M., 2001. Origin of cultivated wheat. In: Bonjean AP, Angus WJ, eds. *The world wheat book: a history of wheat breeding*. Paris, France: Lavoisier Publishing: 3-56.

- Feldman M., Kislev M.E., 2007. Domestication of emmer wheat and evolution of free-threshing tetraploid wheat. *Israel J Plant Sci* 55: 207-221.
- Fu Y.B., Somers D.J., 2009. Genome-wide reduction of genetic diversity in wheat breeding. *Crop Sci* 49: 61-168.
- Ghiselli L., Benedettelli S., Neri L. 2010. Varietà di frumento antiche potenziali fonti di qualità. *Supplemento a L'Informatore Agrario* 38: 1-3.
- Giles R.J., Brown T.A. 2006. GluDy allele variations in *Aegilops tauschii* and *Triticum aestivum*: Implications for the origins of hexaploid wheats. *Theor. Appl. Genet.*, 112: 1563–1572.
- Heun M., Schäfer-Pregl R., Klawan D., Castagna R., Accerbi M., Borghi B., Salamini F. 1997. Site of einkorn wheat domestication identified by DNA fingerprinting. *Science* 278: 1312-1314.
- Huang X., Börner A., Röder M., Ganai M. 2002. Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.*, 105: 699–707.
- Matsuoka Y. 2011. Evolution of polyploid *Triticum* wheats under cultivation: The role of domestication, natural hybridization and allopolyploid speciation in their diversification. *Plant Cell Physiol.*, 52: 750–764.
- Matsuoka Y., Nasuda S. 2004. Durum wheat as a candidate for the unknown female progenitor of bread wheat: An empirical study with a highly fertile F 1 hybrid with *Aegilops tauschii* Coss. *Theor. Appl. Genet.*, 109: 1710–1717.
- Nevo E. 2011. *Triticum*. In: Kole C (ed) *Wild crop relatives: genomic and breeding resources, cereals*. Springer, Berlin: 407-456.
- Peng J., Sun D., Nevo E. 2011. Wild emmer wheat, '*Triticum dicoccoides*', occupies a pivotal position in wheat domestication process. *Aust. J. Crop Sci.*, 5: 1127.
- Peng J.H., Sun D., Nevo E. 2011. Domestication evolution, genetics and genomics in wheat. *Mol. Breed.*, 28: 281.
- Rahman S., Islam S., Yu Z., She M., Nevo E., Ma W. 2020. Current Progress in Understanding and Recovering the Wheat Genes Lost in Evolution and Domestication. *Int. J. Mol. Sci.*, 21: 5836. <https://doi.org/10.3390/ijms21165836>.
- Salamini F., Özkan H., Brandolini A., Schäfer-Pregl R., Martin W. 2002. Genetics and geography of wild cereal domestication in the Near East. *Nat. Rev. Genet.*, 3: 429.
- Zhang Y., Hu X., Islam S., She M., Peng Y., Yu Z., Wylie S., Juhasz A., Dowla M., Yang R. 2018. New insights into the evolution of wheat avenin-like proteins in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*). *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 115: 13312–13317.

Zohary D., Hopf M. 2000. Domestication of Plants in the Old World: The Origin and Spread of Cultivated Plants in West Asia, Europe, and the Nile Valley Oxford University Press: New York, NY, USA.

## 9. Risultati dell'attività di sperimentazione in pieno campo

### RELAZIONE TECNICA FINALE

**“Valutazione di accessioni di frumento (*Triticum aestivum* L.), frumento duro (*Triticum turgidum* spp. *durum* (Desf.) Husn.) e di farro (*Triticum dicoccum* Schrank ex Schübl) per l’ottenimento di popolazioni adattate all’ambiente”**

In base alla convenzione dal titolo: “Valutazione di accessioni di frumento tenero (*Triticum aestivum* L.), frumento duro (*Triticum turgidum* spp *durum* (Desf.) Husn.) e di farro (*Triticum dicoccum* Schrank ex Schübl) per l’ottenimento di popolazioni adattate agli ambienti di coltivazione” stipulata tra Coop Terrabio e il dipartimento di Scienze delle Produzioni Agroalimentari e dell'Ambiente (DISPAA) dell’Università degli Studi di Firenze, a fine dicembre 2018 sono state eseguite le semine riguardanti la valutazione di generazioni segreganti di alcune combinazioni di incroci di frumento tenero e frumento duro. Le accessioni di farro, data l’epoca di semina tardiva, non sono state considerate nelle prove.

Per il frumento tenero sono state considerate le generazioni F3 derivate dagli incroci riportati in tabella 1:

**Tabella 1. Generazioni F<sub>3</sub> derivate dalle combinazioni di incroci.**

Porta seme		Impollinatore	Codice
MixTeneroPa1			BORDO
Benco	x	Sieve Bianco	BENxSiB
Frassineto	x	Sieve Bianco	FRAxSiB
Gentil Rosso	x	Sieve Bianco	GRxSiB
Gentil Rosso 202	x	Terriccchio	GR202xTer
Gentil Rosso 48	x	Inallettabile	GR48xIn
Sieve Aristato	x	Est Mottin	SAXEstM
Sieve Aristato	x	Verna Aristato	SAXV
Sieve Aristato	x	Inallettabile	SAXIn
MixTeneroPa1		Popolazione evolutiva di frumento tenero	EVOL1

**Tabella 2. Generazioni F<sub>4</sub> derivate dalle combinazioni di incroci.**

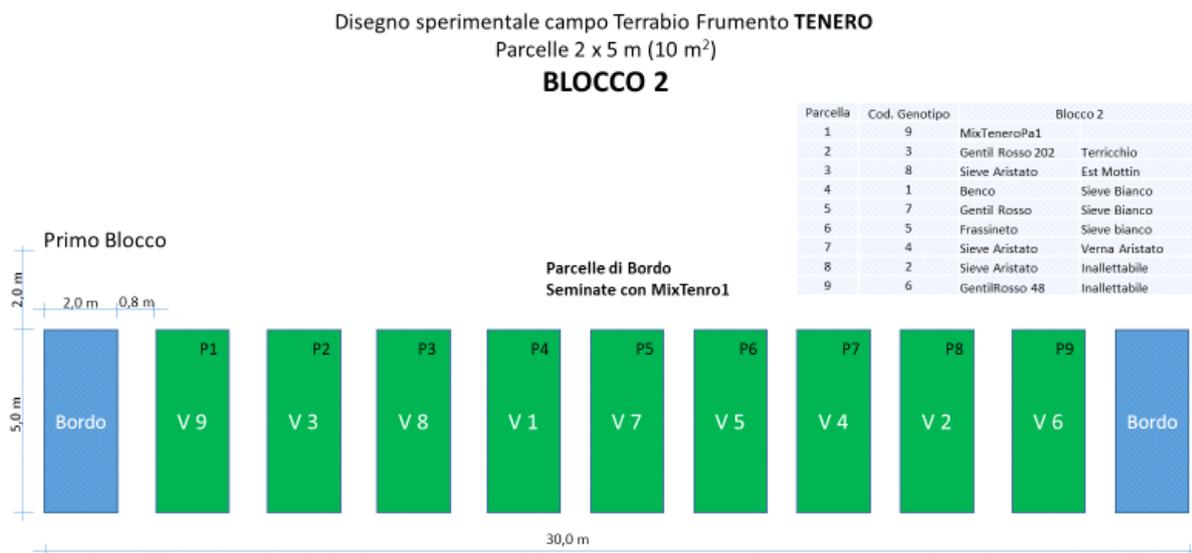
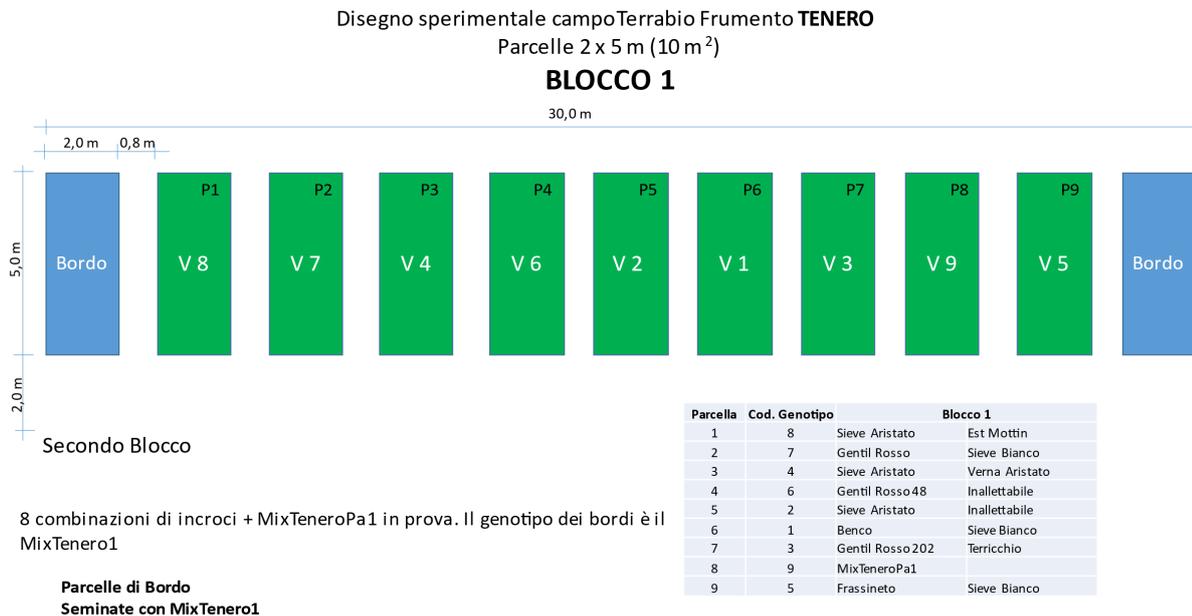
Porta seme		Impollinatore	Codice
Cappelli		Bordo	Cappelli B
Bidi	x	Mix2	BIDI-MIX2
EvolDur2016			EVOLDUR 2016
Mix F. Duro 2018			MIX DURO 18
Ruscia	x	Mix 1	Ruscia-Mix 1
Russello	x	Mix 1	Russello-Mix 1
Russello	x	Mix 2	Russello-Mix 2
Russello	x	Tur125351	Russello-Tur125351
Scorzanera PI 1505019	x	Mix 2	ScorzaNera-Mix2
Tur254198	x	Mix 2	Tur254198-Mix2
Tur337643b	x	Chiattulidda	Tur337643b-Chiattulidda
Tur337643b	x	Inglese	Tur337643b-Inglese
Tur337643	x	Inglese	Tur337643-Inglese

Mix F.duro 2018 e EvolDur2016 = popolazioni evolutive. Tur = *T. turanicum*; Mix 1 – 2 miscugli di pollini derivati da 8 accessioni di frumento duro

Il disegno sperimentale adottato è stato, per entrambi le prove di valutazione, quello a blocchi randomizzati con due repliche.

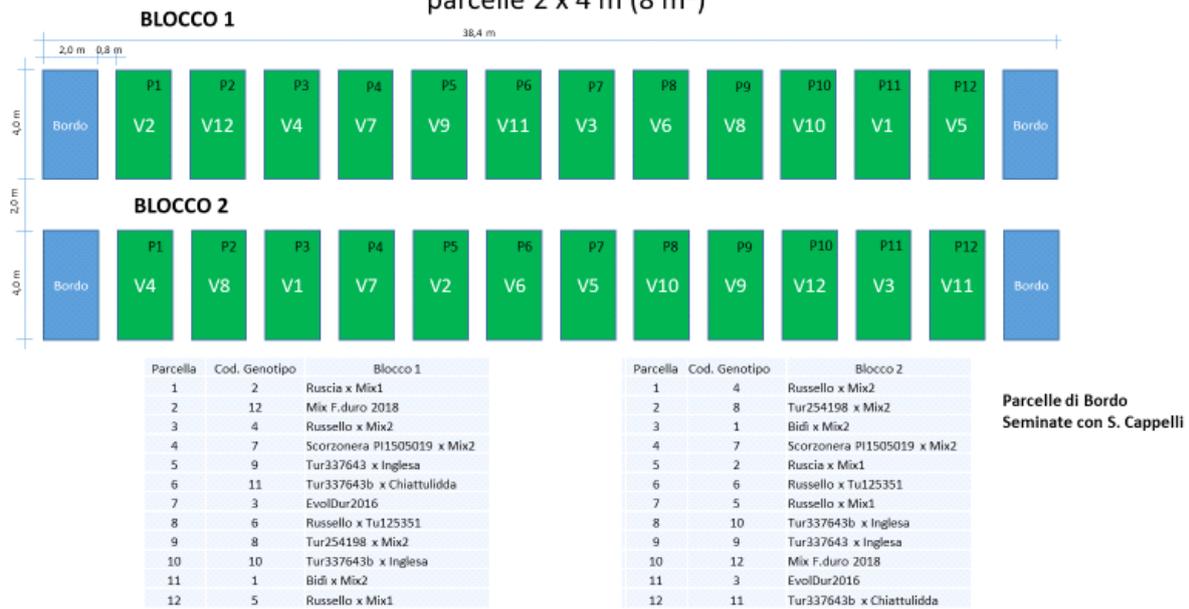
In figura 1 e 2 sono riportate le disposizioni delle parcelle con le accessioni considerate di frumento tenero e di frumento duro rispettivamente.

**Figura 1. Disegno sperimentale per la valutazione delle combinazioni di incrocio di frumento tenero.**



**Figura 2. Disegno sperimentale per la valutazione delle combinazioni di incrocio di frumento duro.**

Disegno sperimentale campo Terrabio Frumento **DURO**  
 parcelle 2 x 4 m (8 m<sup>2</sup>)



Le variabili morfometriche specifiche per la valutazione delle caratteristiche della pianta come Altezza del Culmo, Numero di Culmi di accestimento, Lunghezza e Peso della Spiga, Numero Spighette/Spiga, Numero e Peso delle Cariossidi per Spiga, sono state rilevate campionando all'interno di ogni parcella 5 piante. I dati sono stati sottoposti all'analisi della varianza (ANOVA) utilizzando il modello fisso, dove l'unico fattore (genotipo) è stato considerato ad effetti fissi. Stabilita la significatività della varianza del fattore considerato, il confronto tra le medie dei genotipi è stato eseguito con il test dei confronti multipli di Duncan.

La resa è stata rilevata sull'intera parcella mietuta a mano e trebbiata con trebbiatrice parcellare fissa. Su campioni rappresentativi di granella di ciascuna parcella sono state effettuate analisi per rilevare i parametri riguardanti le caratteristiche qualitative: Proteine Totali, Glutine Secco, contenuto di Polifenoli e Flavonoidi per la frazione Libera e Legata.

## FRUMENTO TENERO

### DATI MORFOMETRICI

Dall'analisi della varianza dei dati morfometrici rilevati sulle piante campione, tutte le variabili hanno fornito risultati statisticamente significativi ( $P < 0,01$ ) con la sola eccezione del Numero Culmi di accestimento e Lunghezza Spiga, variabili risultate non statisticamente significative tra i genotipi (Tab. 3). Attraverso i grafici vengono riportati gli andamenti delle medie dei genotipi relativamente alle sole variabili risultate significative.

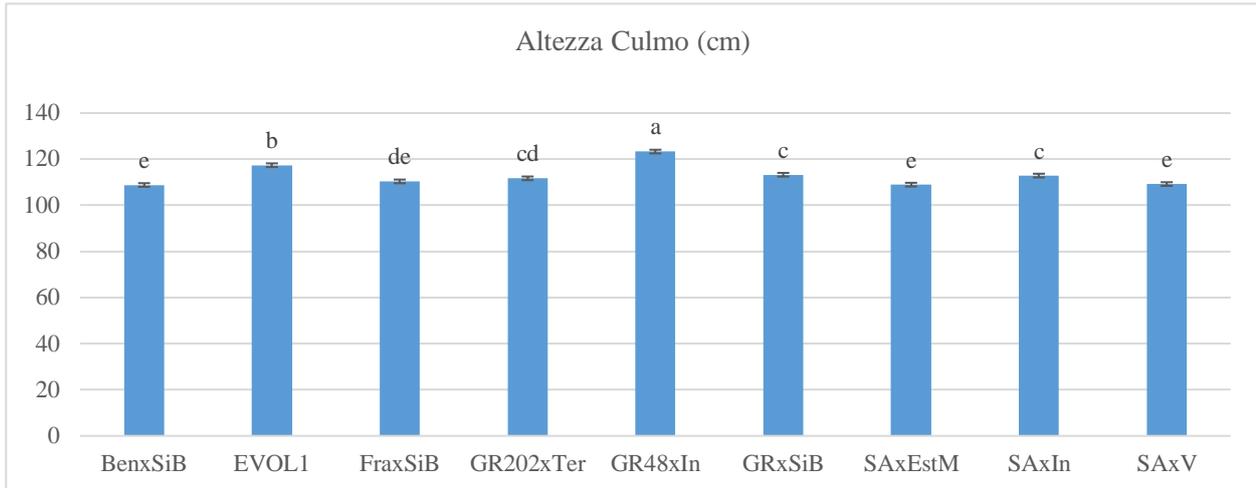
**Tabella 3. Valori medi relativi a ciascuna variabile morfometrica rilevata su ciascun genotipo valutato di frumento tenero.**

Genotipo	Numero Culmi/p.	Altezza Culmo	Lunghezza Spiga	Peso/Spiga	Spighette/Spiga	Numero Cariossidi/Spiga	Peso Cariossidi/Spiga
	n.	cm	cm	g	n.	n.	g
BenxSiB	2.5	108.8e	9.6	2.5b	17.3cd	37.7bc	1.9ac
EVOL1	2.4	117.4b	11.8	2.5b	17.8ab	38.6ac	1.8bc
FraxSiB	2.5	110.4de	10.0	2.3c	17.2d	36.9c	1.7de
GR202xTer	2.4	111.7cd	15.0	2.5b	17.6ac	40.1a	1.8bc
GR48xIn	2.3	123.3a	10.4	2.6a	18.0a	38.5ac	2.0a
GRxSiB	2.2	113.3c	9.8	2.5ab	18.0a	40.6a	1.9ab
SAxEstM	2.4	109.0e	8.7	2.0d	16.3e	34.7d	1.5f
SAxIn	2.2	112.9c	9.8	2.4b	17.7ab	39.6ab	1.8cd
SAxV	2.4	109.2e	13.3	2.2c	17.6bd	38.9ac	1.7e
<b>Sig.</b>	<b>n.s.</b>	<b>**.</b>	<b>n.s.</b>	<b>**</b>	<b>**</b>	<b>**</b>	<b>**</b>

n.s.: non significativo, \*\*:  $p \leq 0,01$ , \*:  $p \leq 0,05$ . I valori medi nella colonna con lettera diversa sono statisticamente significativi al 5% secondo il test dei confronti multipli di Duncan.

La variabile Altezza Culmo ha evidenziato differenze significative tra i genotipi (Tab. 3). I genotipi messi a confronto hanno mostrato un'altezza variabile da 109 a 123 cm (Fig. 3). In particolare l'incrocio GR48xIn è quello con piante di maggiore altezza mediamente pari a circa 123 cm e si differenzia in modo significativo da tutti gli altri genotipi. Tenendo conto delle caratteristiche dei due parentali, Gentil Rosso 48 (altezza media 150 cm) e Inallettabile (altezza media 110 cm), possiamo dire che l'incrocio manifesta un maggior contributo da parte della varietà portaseme (Gentil Rosso 48). Nelle combinazioni di incrocio dove è presente la varietà Sieve (nelle forme bianco e aristato), sia come portaseme che come impollinatore, l'altezza del culmo tende ad essere mediamente bassa e comunque tipica della varietà parentale, appare interessante la stabilità di questo parametro variabile da 109 a 113 cm.

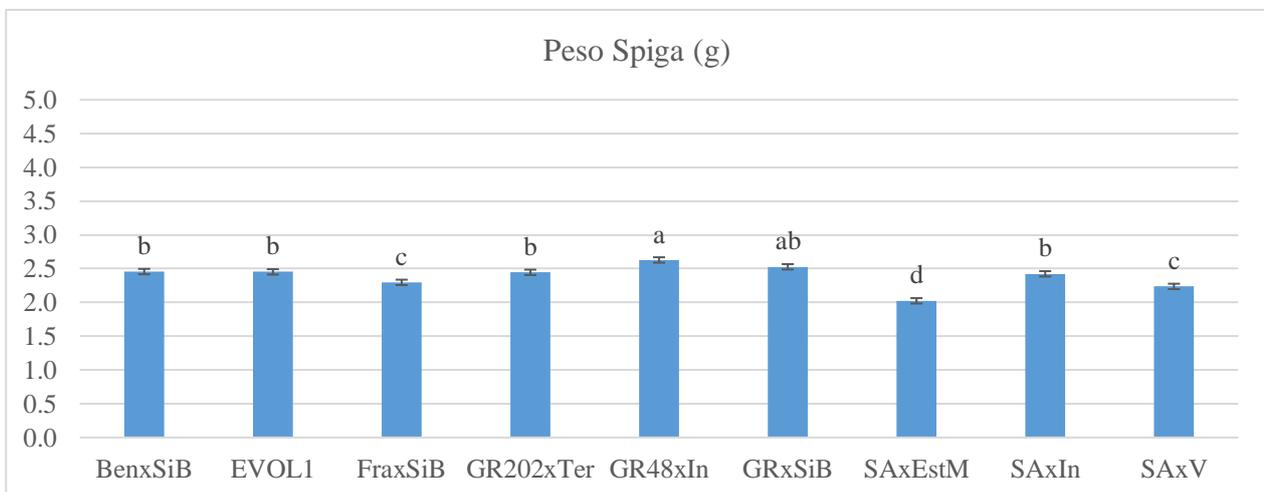
**Figura 3. Valori medi di Altezza Culmo relativi ai diversi genotipi.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

La variabile Peso Spiga, parametro correlato alla resa e indice di una buona conformazione della cariosside, è risultata variare da 2,0 a 2,6 g di SAxEstM e GR48xIn rispettivamente (Fig. 4). La presenza della varietà Gentil Rosso come parentale, ha contribuito all'espressione della sua tipica fitness, caratterizzata proprio da spighe di grandi dimensioni.

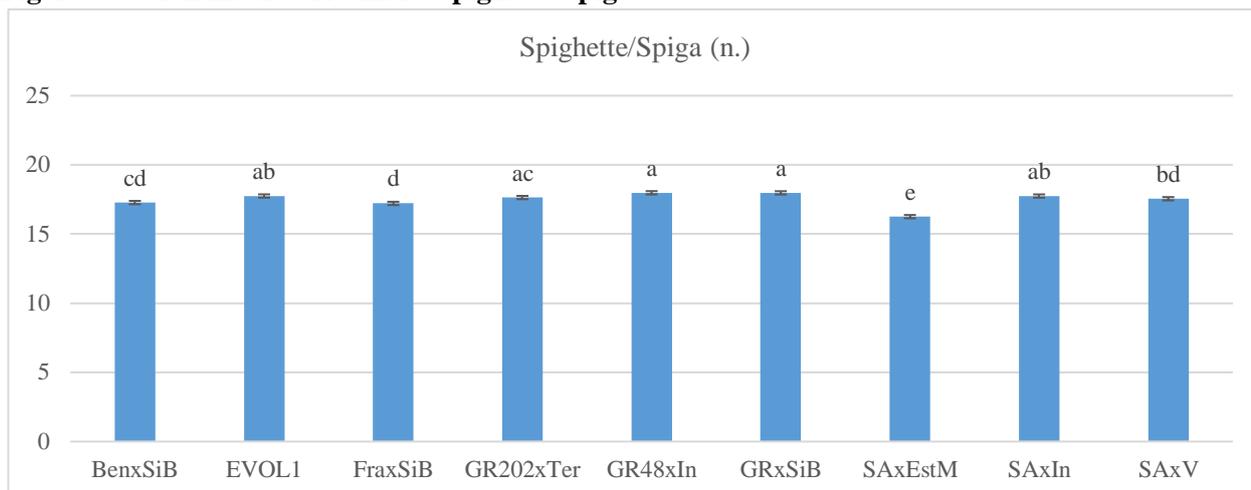
**Figura 4. Valori medi della variabile Peso Spiga.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

La variabile Numero Spighette/Spiga, in grado di influenzare la dimensioni della spiga stessa, è risultata variare da 16 a 18 di SAxEstM e GR48xIn rispettivamente (Fig. 5). Anche per questa variabile la presenza della varietà Gentil Rosso come parentale, è indice di spighe di grandi dimensioni.

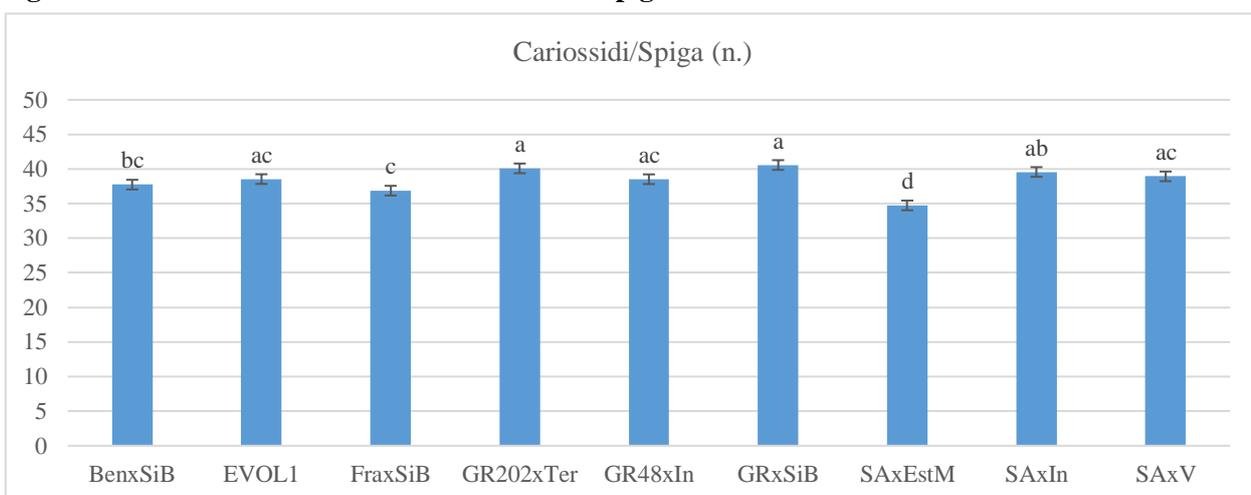
**Figura 5. Valori medi del Numero Spighette/Spiga.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

Il Numero Cariossidi/Spiga è un parametro positivamente correlato alla produzione di granella ed è risultato piuttosto variabile tra i genotipi con un valore minimo di quasi 35 cariossidi/spiga del genotipo SAxEstM a un massimo di poco più di 40 per GRxSiB e GR202xTer (Fig. 6). Il gruppo di incroci caratterizzati dalla presenza del Gentil Rosso come parentale portaseme ha mostrato valori più alti rispetto alle altre combinazioni di incrocio e soprattutto una buona stabilità variando da 38,5 a 40,6 cariossidi/spiga di GR48xIn e GRxSiB rispettivamente. La popolazione EVOL1 ha fatto evidenziare valori paragonabili all'incrocio GR48xIn. Anche le combinazioni con la presenza di Sieve Aristato come portaseme, hanno mostrato valori medi di Numero Cariossidi/Spiga non differenti statisticamente, da quelle contenenti Gentil Rosso, con la sola eccezione di SAxEstM che in assoluto ha il valore più basso.

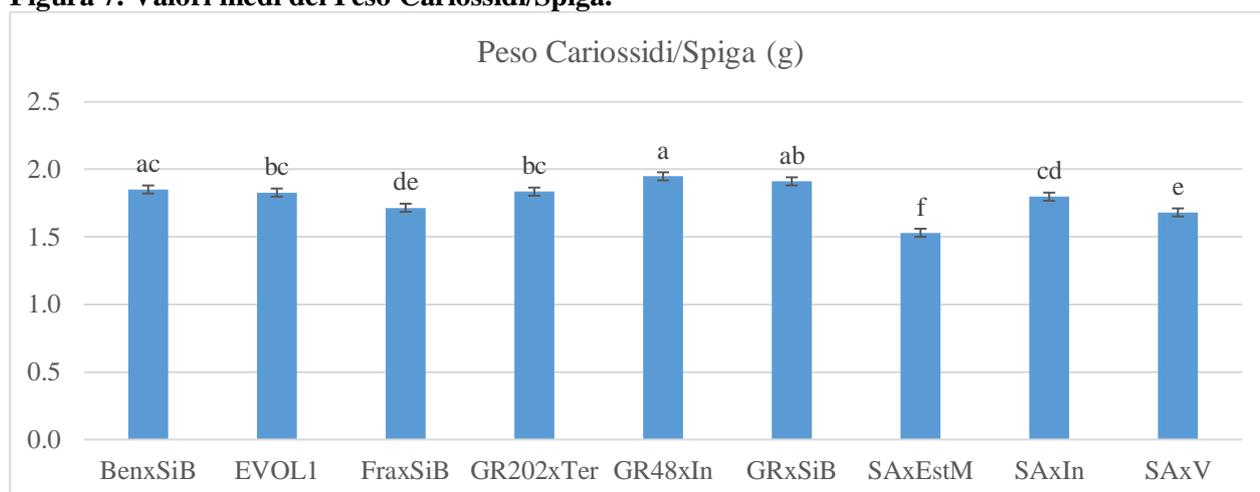
**Figura 6. Valori medi del numero di Cariossidi/Spiga.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

Altro parametro legato alla resa in granella è il Peso Cariossidi/Spiga, risultato molto variabile tra i vari genotipi (Fig. 7). Anche in questo caso le combinazioni di incrocio con la presenza del Gentil Rosso hanno evidenziato pesi più elevati delle cariossidi, variabili in media da 1,8 a 2 g di GR202xTer e GR48xIn rispettivamente. Le differenze sono evidenti soprattutto con il gruppo di incroci comprendenti la varietà Sieve Aristato come parentale, caratterizzati da valori mediamente più bassi e variabili da 1,5 a 1,8 g per SAxEstM e SAxIn rispettivamente.

**Figura 7. Valori medi del Peso Cariossidi/Spiga.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

## DATI PRODUTTIVI E QUALITATIVI

L'analisi della varianza dei dati produttivi e qualitativi della granella ha evidenziato differenze significative tra le medie dei genotipi solo per le variabili Proteine Totali ( $p < 0,01$ ), Glutine Secco ( $p < 0,05$ ) e Polifenoli Liberi ( $p < 0,05$ ), il resto delle variabili non ha fatto rilevare differenze significative tra le medie (Tab. 4).

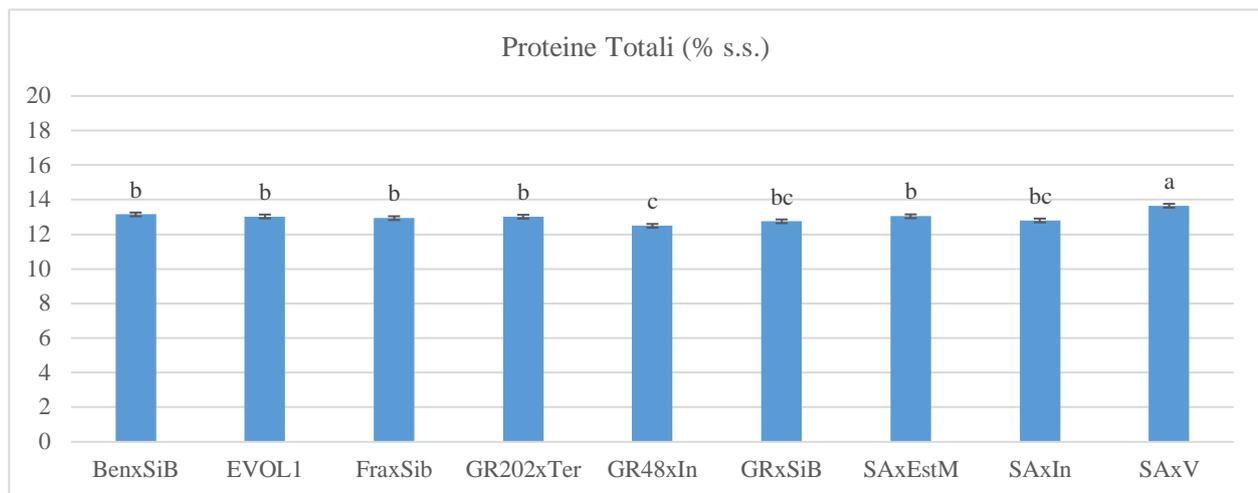
**Tabella 4. Valori medi relativi alla variabile produttiva e a quelle qualitative ottenute dalle analisi della granella di ciascun genotipo valutato di frumento tenero.**

Genotipo	Resa q/ha	Proteine Totali % s.s.	Glutine Secco % s.s.	Polifenoli Liberi	Polifenoli Legati	Flavonoidi Liberi mg/g s.s.	Flavonoidi Legati
BenxSiB	17,94	13,15b	10,96ab	0,342cd	1,041	0,117	0,351
EVOL1	18,98	13,03b	10,37bd	0,401ab	1,080	0,119	0,349
FraxSib	18,49	12,94b	10,40bd	0,324d	1,053	0,119	0,368
GR202xTer	19,06	13,02b	10,57ac	0,395ab	1,094	0,119	0,351
GR48xIn	20,08	12,49c	9,75d	0,427a	1,080	0,120	0,331
GRxSiB	19,09	12,75bc	10,14cd	0,388ab	1,092	0,115	0,360
SAxEstM	17,87	13,05b	10,32bd	0,368bd	1,098	0,118	0,359
SAxIn	18,78	12,80bc	10,41bd	0,396ab	1,068	0,122	0,340
SAxV	18,58	13,65a	11,09a	0,374bc	1,093	0,118	0,352
<b>Sig</b>	<b>n.s.</b>	<b>**</b>	<b>*</b>	<b>*</b>	<b>n.s.</b>	<b>n.s.</b>	<b>n.s.</b>

n.s.: non significativo, \*\*:  $p \leq 0,01$ , \*:  $p \leq 0,05$ . I valori medi nella colonna con lettera diversa sono statisticamente significativi al 5% secondo il test dei confronti multipli di Duncan.

I vari genotipi hanno evidenziato un contenuto Percentuale medio di Proteine variabile 12,5 a 13,7 rispettivamente di GR48xIn e SAxV (Fig.8). Come noto la variabile proteine totali è negativamente correlata alla resa in granella. La combinazione d'incrocio GR48xIn caratterizzata dal più basso contenuto proteico è quella che ha fatto registrare la resa più alta, di poco al di sopra di 20 q/ha.

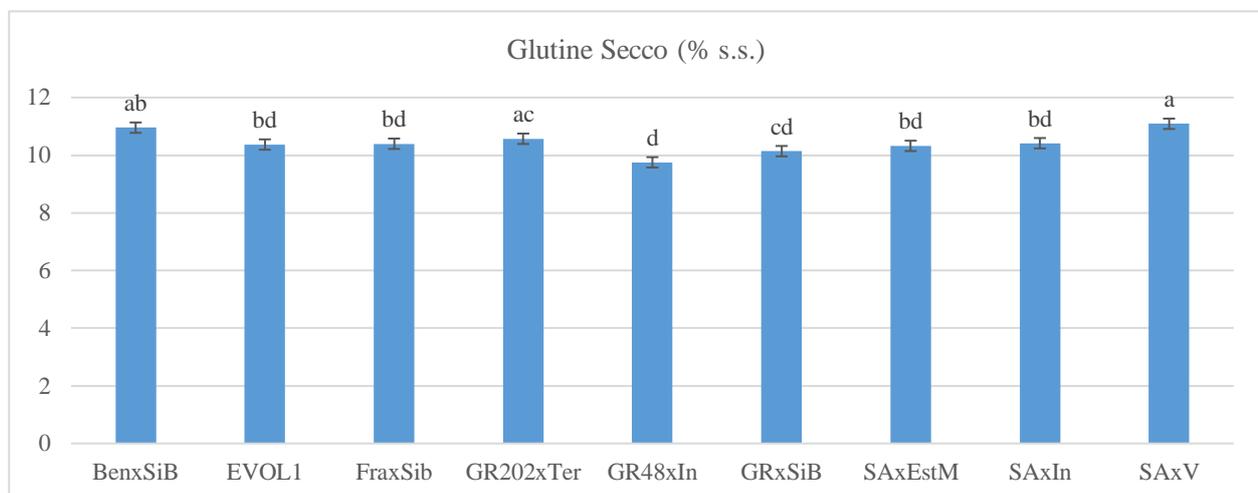
**Figura 8. Valori medi del contenuto di Proteine Totali della granella.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

Tra i genotipi valutati, la variabile Glutine Secco, ha mostrato un andamento abbastanza simile a quello del Contenuto percentuale di Proteine al quale è positivamente correlata (Fig. 9). I valori di Glutine Secco, sono risultati variare da 9,8 a 11,1 % s.s. rispettivamente di GR48xIn e SAxV.

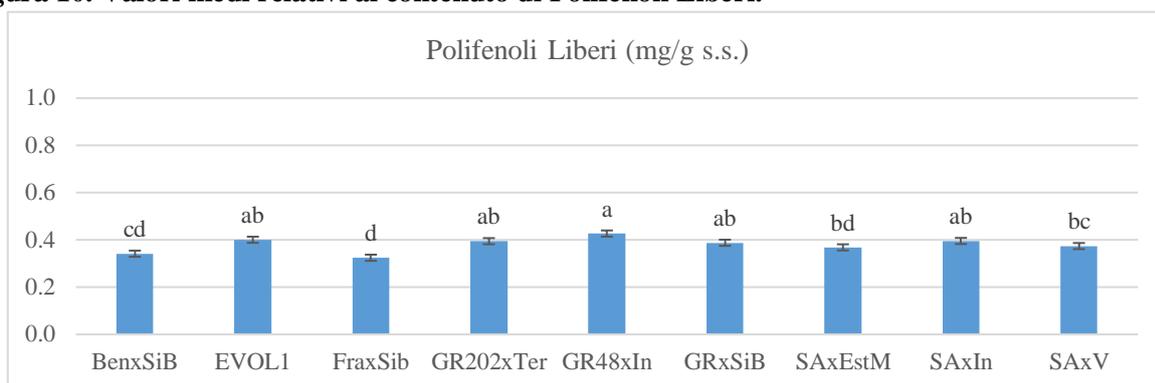
**Figura 9. Valori medi relativi alla percentuale di Glutine Secco.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

Il contenuto di metaboliti secondari ha fatto registrare differenze significative tra i genotipi soltanto per la variabile Polifenoli Liberi ( $p < 0,01$ ), con valori medi variabili da un minimo di 0,3 mg/g s.s. della combinazione FraxSiB ad un massimo di 0,4 mg/g s.s. registrato nella combinazione d'incrocio GR48xIn (Fig. 10). I genotipi con Gentil Rosso e Sieve Aristato come parentali, hanno mostrato valori più elevati e stabili per questa variabile. Le cariossidi di queste varietà parentali sono caratterizzate per il loro colore rossiccio.

**Figura 10. Valori medi relativi al contenuto di Polifenoli Liberi.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

## ANALISI DELLE COMPONENTI PRINCIPALI (PCA)

Tutti i fattori rilevati sono stati sottoposti ad analisi fattoriale e dalla trasformazione ortogonale della matrice sono state estratte per il frumento tenero 6 componenti principali (PC) che nell'insieme sono in grado di esprimere una varianza cumulativa di poco superiore all'89 % e nello specifico: la prima componente (PC1) è in grado di spiegare il 39,5 % della varianza totale, la seconda (PC2) il 18,5 %, la terza (PC3) il 10,7 %, la quarta (PC4) l'8,4 %, la quinta (PC5) 7,5 % e la sesta componente (PC6) il 4,5 % (Tab. 5).

**Tabella 5. Varianza totale spiegata dalle componenti principali rilevate con l'analisi fattoriale.**

1	5,528	39,483	39,483	5,528	39,483	39,483
2	2,587	18,478	57,961	2,587	18,478	57,961
3	1,501	10,722	68,684	1,501	10,722	68,684
4	1,170	8,355	77,038	1,170	8,355	77,038
5	1,052	7,515	84,553	1,052	7,515	84,553
6	,631	4,504	89,057	,631	4,504	89,057
7	,457	3,263	92,320			
8	,385	2,750	95,070			
9	,321	2,289	97,359			
10	,176	1,259	98,618			
11	,143	1,022	99,640			
12	,046	,330	99,970			
13	,003	,020	99,991			
14	,001	,009	100,000			

Nella tabella 6 è riportato il contributo, positivo (evidenziato in blu) o negativo (evidenziato in rosso), di ogni singola variabile misurata nel determinare ciascuna delle sei PC.

PC1 è risultata positivamente associata alle seguenti variabili: Peso Spiga (0,897), Peso Cariossidi/Spiga (0,870), Altezza Culmo (0,856), Polifenoli Liberi (0,709), Numero Cariossidi/Spiga (0,694) e Resa in granella (0,651), negativamente associata con le variabili qualitative % di Proteine Totali (-0,634) e % di Glutine Secco (-0,544) e con la variabile morfologica Numero Culmi (-0,516). Variabili sia morfometriche che qualitative hanno mostrato un contributo positivo nel determinare la seconda componente PC2 tra queste, in ordine di importanza, abbiamo: Lunghezza Spiga (0,702), % Glutine Secco (0,626), Flavonoidi Legati (0,612), % Proteine Totali (0,527) e Numero Cariossidi/Spiga (0,506). PC3 è risultata determinata da sole variabili qualitative: positivamente da

Polifenoli Legati (0,628) e negativamente da Flavonoidi Legati (-0,551). Infine la PC4 è risultata positivamente influenzata dal contenuto di Flavonoidi Liberi (0.664).

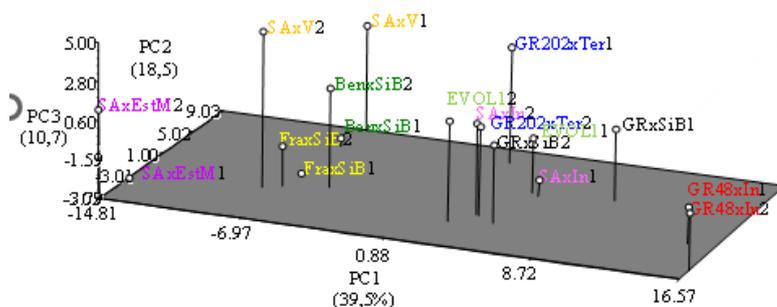
**Tabella 6. Contributo delle singole variabili considerate nel frumento tenero nel determinare le sei componenti principali estratte.**

	Componente					
	1	2	3	4	5	6
Peso spiga	,897	,241	-,093	-,300	,029	-,051
Peso cariossidi/spiga	,870	,286	-,089	-,345	,018	-,079
N. spighe	,869	,335	,195	-,147	,082	,095
Altezza culmo	,856	-,269	-,119	,180	-,003	-,181
Polifenoli liberi	,709	-,273	,322	,249	-,012	-,216
N. cariossidi/spiga	,694	,506	,273	-,163	,059	,308
Resa q/ha	,651	-,237	,205	,133	,472	,058
Proteine totali %	-,634	,527	,388	,124	,240	-,074
Lunghezza spiga	,120	,702	,288	,381	-,294	-,274
Glutine secco %	-,544	,626	,405	-,057	,232	-,033
Flavonoidi legati	-,165	,612	-,551	-,004	-,118	,304
Polifenoli legati	,029	-,493	,628	,083	-,296	,458
Flavonoidi liberi	,252	,106	-,323	,664	,491	,212
N. culmi	-,516	-,290	,105	-,435	,527	-,079

La rappresentazione grafica 3D (Fig. 11) ottenuta dall'analisi fattoriale e definita dalle prime tre componenti principali evidenzia alcuni raggruppamenti in funzione del genotipo. In particolare possiamo vedere che per il genotipo GR48xIn (evidenziato in rosso), i due blocchi si raggruppano molto vicini e si separano dagli altri genotipi lungo il primo asse principalmente per i parametri morfometrici ed anche per il contenuto di alcuni metaboliti secondari quali i polifenoli liberi. Anche per il genotipo SAxV (evidenziato con il colore arancio), le due repliche tendono a raggrupparsi e si separano dagli altri genotipi principalmente lungo il primo asse perché caratterizzati da un alto contenuto sia di proteine che di glutine secco, la separazione è anche sul terzo asse principalmente per il contenuto in polifenoli legati. Le due repliche del genotipo SAxEstM (evidenziate in viola) si raggruppano e tendono a separarsi lungo il terzo asse principalmente per avere il maggior contenuto di polifenoli legati ma anche lungo il primo asse per avere un buon contenuto di proteine e di glutine secco. Nel genotipo FraxSiB (evidenziato in giallo), le due repliche si raggruppano tra loro e tendono a separarsi lungo il primo asse principalmente per il numero culmi e il buon contenuto di proteine e glutine secco, e anche lungo il terzo asse soprattutto per l'alto contenuto di flavonoidi legati. Altro raggruppamento è quello relativo al genotipo BenxSiB (evidenziato in verde scuro) che, come per il precedente, tende a separarsi lungo il primo asse per il maggior numero di culmi/pianta e per il

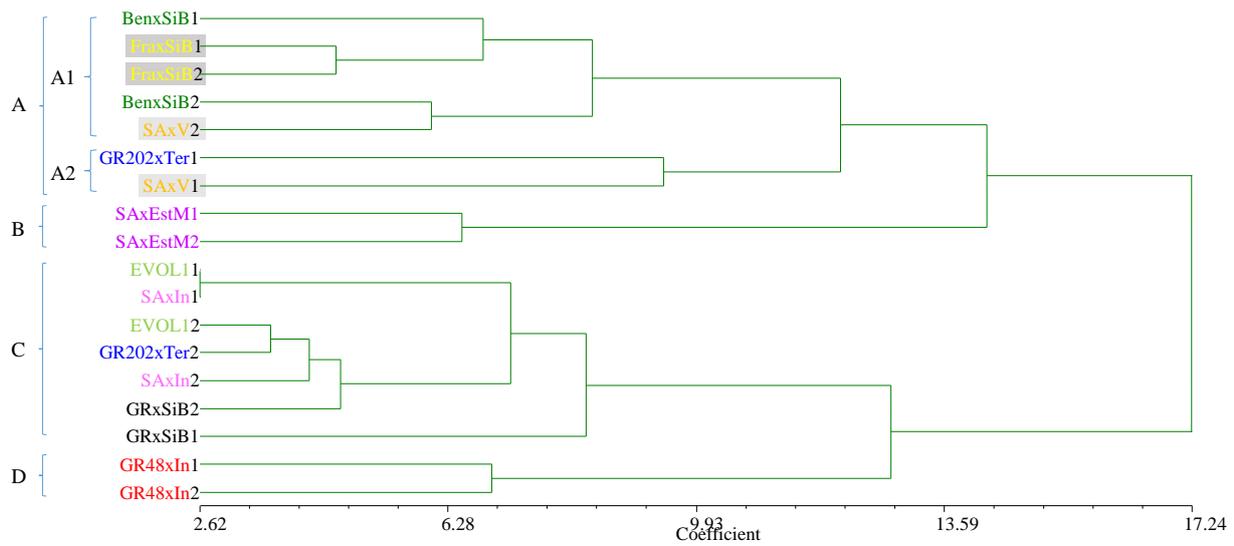
discreto contenuto di proteine e glutine secco, la separazione avviene anche lungo il secondo asse per il numero e soprattutto il maggior peso cariossidi/spiga. Il resto dei genotipi tende a non separarsi.

**Figura 11. Rappresentazione 3D definita dalle prime tre CP per il frumento tenero.**



In base alla matrice delle distanze euclidee calcolata tra i genotipi messi a confronto, utilizzando tutte le sei componenti principali, è stata eseguita l'analisi cluster per evidenziare le relazioni tra i genotipi in valutazione (Fig. 12). Nel cluster è possibile identificare quattro gruppi principali: A) comprendente a sua volta due sottogruppi: A1) con i genotipi BenxSiB (repliche 1 e 2), FraxSiB (repliche 1 e 2), e SAxV (replica 2), e A2) con i due genotipi GR202xTer (replica 1) e SAxV (replica 1), gruppo B) comprendente entrambe le repliche del genotipo SAxEstMt, gruppo C) comprendente la popolazione EVOL1 (replica 1 e 2), SAxIn (replica 1 e 2), GR202xTer (replica 2), GRxSiB (entrambe le repliche), gruppo D) con entrambe le repliche del genotipo GR48xIn. In base alla posizione nel cluster delle repliche della stessa combinazione, si può stimare la stabilità del genotipo analizzato. In particolare Frassineto Sieve Bianco (FraxSiB) può essere considerata la combinazione più stabile, dimostrando come questo genotipo subisca la minore influenza dovuta all'ambiente. Mentre le due repliche di Benco x Sieve Bianco (BenxSiB) sono differenti e si posizionano distanti (Fig.12). Anche Evoldur presenta una certa instabilità, probabilmente dovuta al fatto che essendo stata costituita di recente, presenta ancora dei genotipi segreganti. Analizzando la posizione occupata dai genotipi considerati nella distribuzione definita dalle prime tre componenti principali, si possono individuare quei genotipi che presentano la giusta combinazione tra produzione e le caratteristiche qualitative, come ad esempio la combinazione Gentil Rosso 202 x Terriccio (GR202xTer) risulterebbe occupare la migliore combinazione tra produzione contenuto proteico e contenuto in polifenoli.

**Figura 12. Analisi Cluster basata sulle distanze Euclidee calcolate tra le accessioni di frumento tenero con 6 CP estratte**



## FRUMENTO DURO

### DATI MORFOMETRICI

Nel frumento duro l'analisi della varianza dei dati morfometrici ha evidenziato differenze significative ( $p < 0,01$ ) tra le medie dei genotipi per tutte le variabili considerate con l'eccezione del Numero Culmi e Peso Spiga le cui differenze sono risultate non significative secondo il test di Duncan (Tab. 7).

**Tabella 7. Valori medi relativi a ciascuna variabile morfometrica rilevata sul frumento duro.**

Genotipo	Numero	Altezza	Lunghezza	Peso	Spighette	Numero	Peso
	Culmi/p.	Culmo	Spiga	Spiga	Totali	Car/Spi	Car/Spi
	n.	cm	Cm	g	n.	n.	g
BidixMix2	3.2	136.75ef	8.51ab	2.68	21.9a	37.3ab	1.84a
Cappelli	4.0	147.65be	7.71cd	2.80	19.1ce	34.6ad	1.67a
EvolDur2016	3.3	151.28bd	8.05bc	2.56	20.1bd	32.8ce	1.68a
MixDuro2018	5.8	150.80bd	7.93bd	2.54	20.3bc	34.1ae	1.69a
RusciaxMix1	3.0	145.29cf	7.66cd	2.47	18.7de	29.9ef	1.58ac
RusselloxMix1	3.5	158.70ab	7.83bd	2.54	19.0e	31.0de	1.63ab
RusselloxMix2	4.8	164.90a	8.94a	2.72	21.8a	37.7a	1.84a
RusselloxTur125351	3.9	153.30ac	8.46ab	2.87	20.1bd	32.3ce	1.86a
ScorzaNeraxMix2	3.5	136.19ef	8.42ab	2.56	21.1ab	35.9ac	1.73a
Tur254198xMix2	3.8	133.11f	8.83a	2.75	21.7a	37.4ab	1.90a
Tur337643bxChiattulidda	4.1	143.52cf	8.76a	2.59	21.9a	33.2be	1.75a
Tur337643bxInglese	4.2	139.33df	7.55cd	2.18	18.3e	24.9g	1.30c
Tur337643xInglese	3.5	139.40df	7.32d	2.25	18.3e	26.1fg	1.36bc
<b>Sig.</b>	<b>n.s.</b>	<b>**</b>	<b>**</b>	<b>n.s.</b>	<b>**</b>	<b>**</b>	<b>**</b>

n.s.: non significativo, \*\*:  $p \leq 0,01$ , \*:  $p \leq 0,05$ . I valori medi nella colonna con lettera diversa sono statisticamente significativi al 5% secondo il test dei confronti multipli di Duncan.

La variabile numero culmi/pianta ha mostrato una certa variabilità tra i genotipi, anche se le differenze tra le medie non sono risultate significative, andando da 3 a quasi 6 culmi/pianta di BidixMix2 e MixDuro2018 rispettivamente (Tab. 7). La variabile Altezza Culmo nel frumento duro è risultata molto variabile tra i genotipi con valori medi compresi tra 133 e 165 cm di Tur254198xMix2 e RusselloxMix2 rispettivamente (Fig. 13). I genotipi con la presenza dell'antica varietà Russello come parentale, sono risultati essere quelli caratterizzati dalle maggiori altezze del culmo. I genotipi con la presenza della subsp. *Turanicum* (Tur) invece sono quelli i culmi più corti e comunque variabili da 133 a 143 cm di Tur254198xMix2 e Tur337643bxChiattulidda rispettivamente.

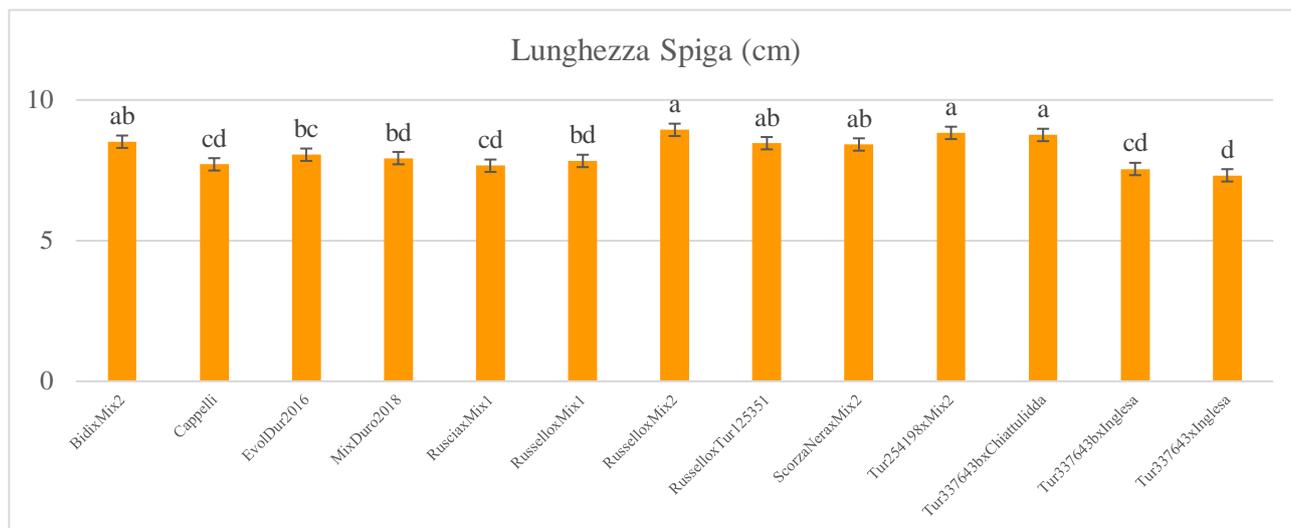
**Figura 13. Valori medi della variabile Altezza Culmo.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

Altro parametro risultato significativo è la Lunghezza della Spiga risultata variare da un minimo di 7 cm del genotipo Tur337643xInglesea a un massimo di 9 cm del genotipo RusselloxMix2 (Fig. 14). La maggior parte dei genotipi aventi come parentale l'antica varietà Russello e la subsp. *Turanicum* sono risultati caratterizzati da spighe di maggior lunghezza, rispecchiando così le caratteristiche tipiche di questi parentali in purezza. Anche il genotipo BidixMix2 manifesta una spiga di lunghezza medio grande.

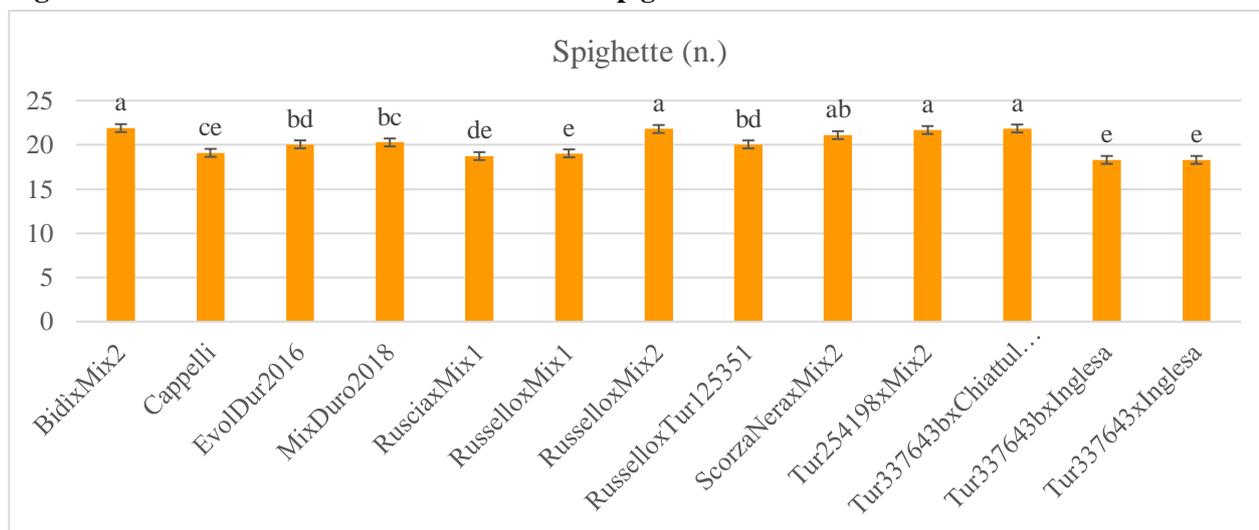
**Figura 14. Valori medi della Lunghezza Spiga.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

Il parametro Numero Spighette, interessante perché contribuisce a definire la produttività del genotipo, è risultato variare mediamente da 18 spighette di Tur337643bxInglesea e Tur337643xInglesea a 22 spighette di BidixMix2 e RusselloxMix2 (Fig. 15). Anche per questa variabile, come detto per la lunghezza spiga, alcuni genotipi con Russello e la subsp. *Turanicum* come parentali, sono risultati caratterizzati da un elevato numero di spighette.

**Figura 15. Valori medi della variabile Numero Spighette.**

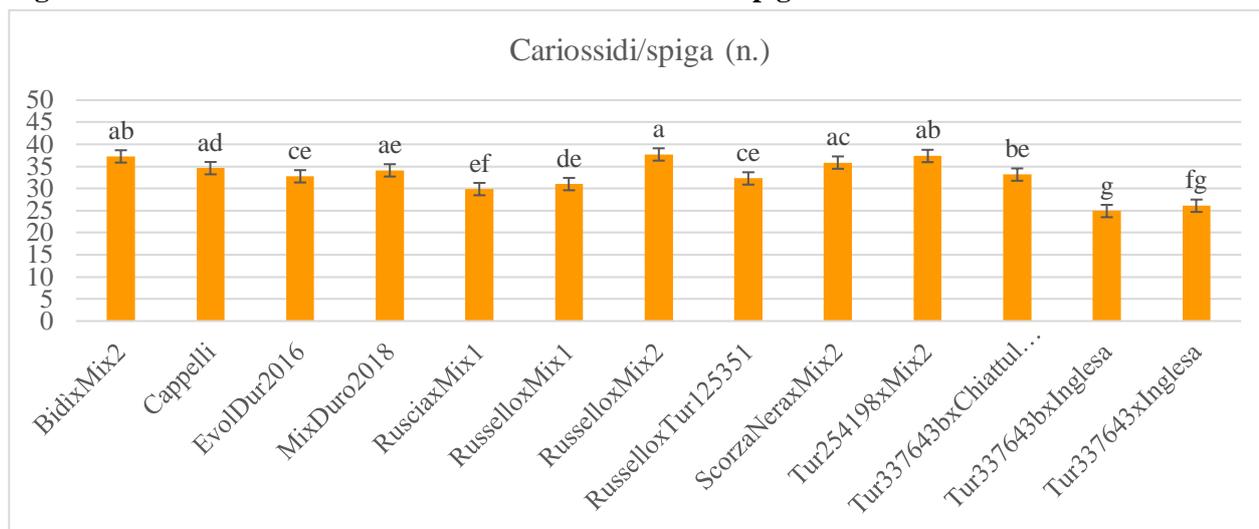


Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

Il Numero Cariossidi/Spiga è un parametro positivamente correlato alla produzione di granella ed è risultato piuttosto variabile tra i genotipi di frumento duro andando da un valore minimo di quasi 25 cariossidi/spiga del genotipo Tur337643bxInglesea a un massimo di 38 per RusselloxMix2 (Fig. 16).

Le combinazioni d'incrocio che presentano come impollinatore Mix2 (BidixMix2, RusselloxMix2, ScorzanageraxMix2 e Tur254198xMix2) hanno mostrato i valori più elevati di cariossidi/spiga, a dimostrazione del positivo contributo genetico sulla progenie anche al variare delle caratteristiche della varietà portaseme.

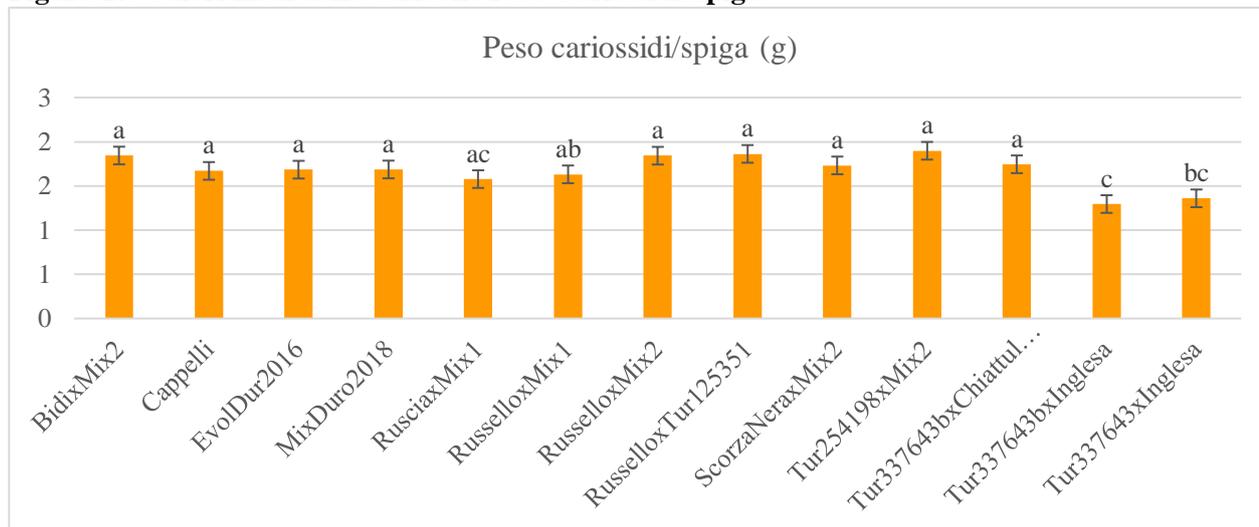
**Figura 16. Valori medi della variabile Numero Cariossidi/Spiga.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

Altro parametro importante e sempre legato alla resa in granella è il Peso Cariossidi/Spiga, risultato molto variabile tra i genotipi (Fig. 17). Le combinazioni di incrocio con la presenza dell'impollinatore Mix2 hanno evidenziato in generale pesi più elevati delle cariossidi con valori che si attestano sui 2 g. Le differenze sono evidenti soprattutto con il gruppo di incroci comprendenti la varietà Inglesea come impollinatore parentale, caratterizzati da cariossidi con valori mediamente più bassi (1,0 g).

**Figura 17. Valori medi della variabile Peso Cariossidi/Spiga.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

## DATI PRODUTTIVI E QUALITATIVI

Nella tabella 6 è riportata l'ANOVA dei dati produttivi e qualitativi della granella di frumento duro che ha permesso di **evidenziare** differenze significative tra le medie dei genotipi solo per la variabile

Resa ( $p < 0,01$ ) e il contenuto percentuale di Proteine Totali ( $p < 0,05$ ), il resto delle variabili è risultato non significativo.

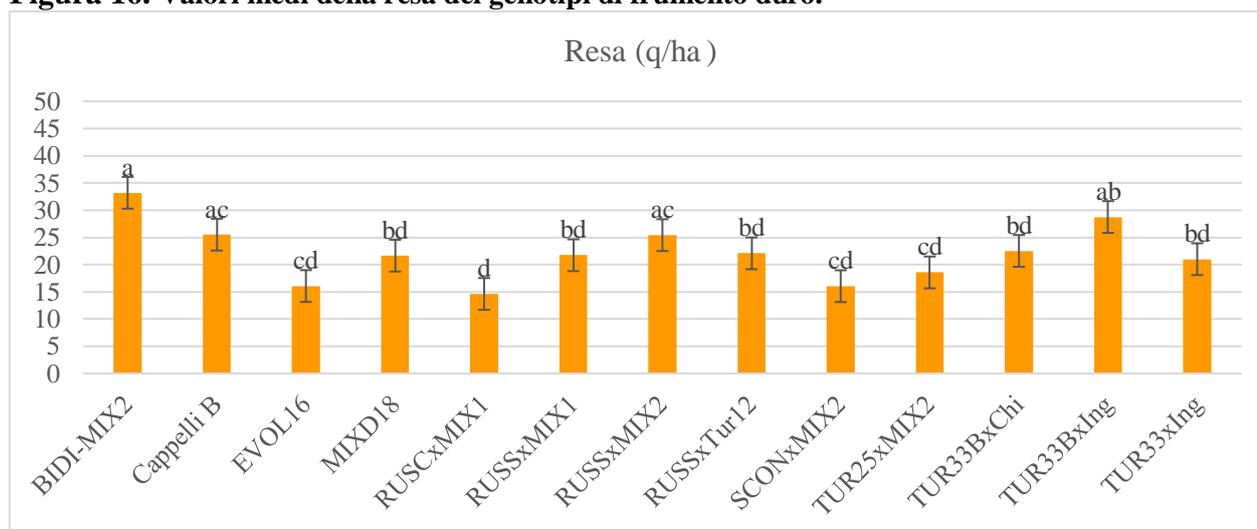
**Tabella 6. Valori medi relativi alla resa e ai parametri qualitativi ottenuti dall'analisi della granella di ciascun genotipo di frumento duro.**

Genotipo	Resa	Proteine totali	Glutine secco	Polifenoli liberi	Polifenoli legati	Flavonoidi liberi	Flavonoidi legati
	q/ha	% s.s.	% s.s.			mg/g s.s.	
BidixMix2	33.20a	18.00a	11.87	0.5909	0.9794	1.0845	0.4389
Cappelli	25.51ac	15.83ac	10.23	0.7307	1.0436	0.7941	0.4396
EvolDur2016	16.08cd	16.10ac	14.13	0.5617	1.1122	0.7981	0.6745
MixDuro2018	21.65bd	15.18bc	13.04	0.8325	0.8405	0.7157	0.4290
RusciaxMix1	14.63d	16.28ab	14.71	0.8823	1.0105	0.8699	0.4553
RusselloxMix1	21.73bd	16.13ac	12.42	0.6673	1.0621	0.8224	0.4311
RusselloxMix2	25.43ac	16.48ab	12.45	0.8427	0.9926	0.6928	1.4077
RusselloxTur125351	22.08bd	16.63ab	12.21	0.7776	0.9559	0.5455	0.4700
ScorzaNeraxMix2	16.05cd	15.61ac	10.71	0.6873	0.8684	0.6026	0.4626
Tur254198xMix2	18.58cd	15.30bc	14.04	0.8954	1.1142	0.5894	0.4275
Tur337643bxChiattulidda	22.53bd	15.51ac	13.82	0.8783	0.9290	0.7038	0.4878
Tur337643bxInglese	28.75ab	13.66c	12.84	0.6741	0.9213	0.6216	0.2569
Tur337643xInglese	21.00bd	13.64c	13.73	0.7563	0.9663	0.5840	0.2668
<b>Sig.</b>	**	*	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.

n.s.: non significativo, \*\*:  $p \leq 0,01$ , \*:  $p \leq 0,05$ . I valori medi nella colonna con lettera diversa sono statisticamente significativi al 5% secondo il test dei confronti multipli di Duncan.

La resa è risultata molto variabile tra i genotipi di frumento duro (Fig. 16). Il genotipo Bidì-Mix2 è quello con la resa media più alta (33 q/ha) e non diversa statisticamente da: Tur337643bxInglese (quasi 29 q/ha), CappelliB (26 q/ha) e RusselloxMix2 (25 q/ha). Il genotipo RusciaxMix1 è quello con la resa più bassa pari a 14,6 q/ha.

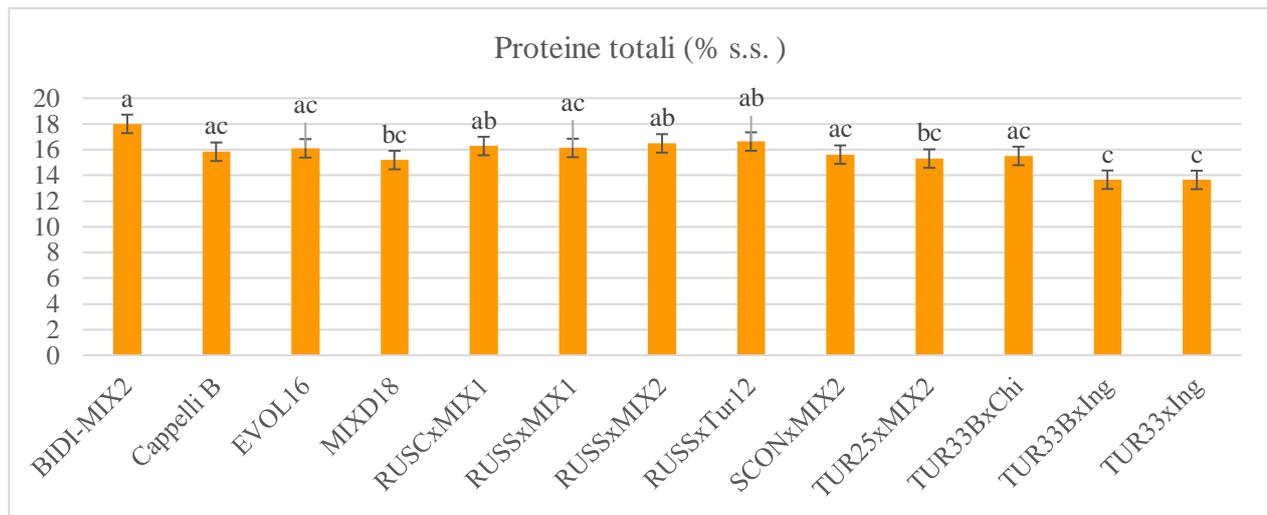
**Figura 16. Valori medi della resa dei genotipi di frumento duro.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

I vari genotipi hanno evidenziato un contenuto medio di Proteine Totali variabile da 15 a 18 % rispettivamente di Mixduro2018 e BidixMix2 (Fig.17). In genere tra il contenuto di proteine e la resa in granella esiste una correlazione negativa. In questo caso vediamo che abbiamo una situazione del tutto eccezionale, infatti il genotipo BidixMix2 ha fatto registrare i valori più elevati di entrambe le variabili: resa e proteine totali., mentre il genotipo RusciaxMix1 più scarsamente produttivo ha invece fatto registrare un elevato contenuto proteico pari a 16 punti percentuali e non significativamente diverso da quello di BidixMix2.

**Figura 17. Valori medi del contenuto percentuale di Proteine Totali della granella.**



Lettere diverse indicano medie statisticamente diverse ( $p < 0,05$ ). Le barre si riferiscono all'errore standard.

### **ANALISI PCA FRUMENTO DURO**

Anche per il frumento duro tutti i parametri morfometrici rilevati sulle piante campione e quelli qualitativi risultanti dalle analisi della granella sono stati sottoposti ad analisi fattoriale e dalla trasformazione ortogonale della matrice sono state estratte per il frumento duro 8 componenti principali che sono in grado di esprimere una varianza cumulativa superiore a 92,5 % e nello specifico: la prima componente (PC1) è in grado di spiegare il 34,6 % della varianza totale, la seconda (PC2) il 12,8 %, la terza (PC3) l'11,3 %, la quarta (PC4) l'8,6 %, la quinta (PC5) 8,5 %, la sesta (PC6) il 7,7, la settima (PC7) 5,3 e infine l'ottava componente il 3,7 % (Tab. 7).

**Tabella 7. Varianza totale spiegata dalle componenti principali rilevate con l'analisi fattoriale per il frumento duro.**

Componente	Autovalori iniziali			Caricamenti somme dei quadrati di estrazione		
	Totale	% di varianza	% cumulativa	Totale	% di varianza	% cumulativa
1	4,851	34,649	34,649	4,851	34,649	34,649
2	1,797	12,835	47,484	1,797	12,835	47,484
3	1,581	11,290	58,774	1,581	11,290	58,774
4	1,207	8,624	67,398	1,207	8,624	67,398
5	1,184	8,457	75,855	1,184	8,457	75,855
6	1,074	7,668	83,523	1,074	7,668	83,523
7	,746	5,331	88,854	,746	5,331	88,854
8	,514	3,668	92,522	,514	3,668	92,522
9	,350	2,500	95,023			
10	,327	2,338	97,360			
11	,234	1,672	99,032			
12	,085	,605	99,638			
13	,035	,250	99,888			
14	,016	,112	100,000			

**Tabella 8. Contributo delle singole variabili considerate nel frumento duro nel determinare le otto componenti principali estratte.**

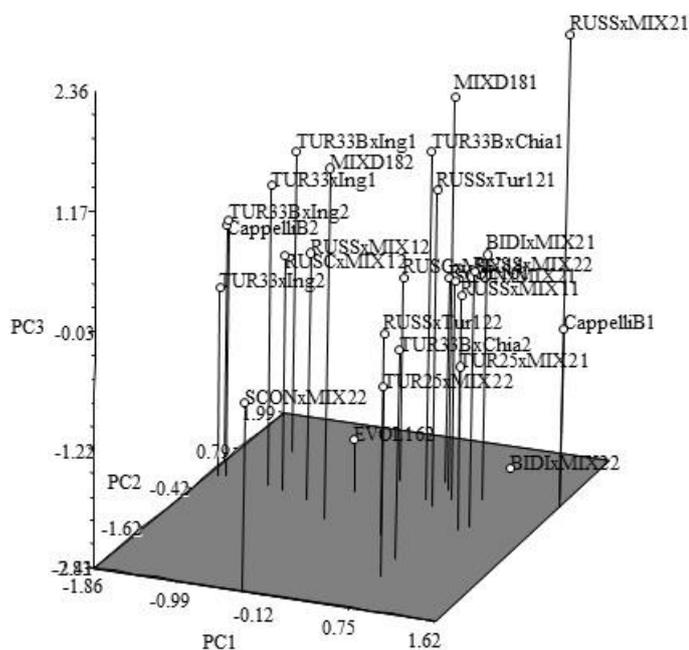
	Componenti							
	1	2	3	4	5	6	7	8
N. cariossidi/spiga	,932	-,118	-,105	-,049	-,128	-,046	-,007	-,062
Peso cariossidi/spiga	,914	-,211	-,198	-,096	,014	-,091	-,072	,092
Lunghezza spiga	,890	-,283	-,013	-,030	-,098	,000	,128	-,045
Numero spighette	,866	-,275	-,081	,075	-,205	-,049	,175	-,204
Peso spiga	,816	-,072	-,184	,098	,184	-,157	-,168	,275
Proteine totali %	,598	,436	,159	,079	-,165	,312	-,459	,095
Flavonoidi liberi	,272	,773	-,275	,034	-,123	,064	-,070	-,421
Resa q/ha	,188	,600	,197	,205	-,524	,016	,298	,371
Polifenoli liberi	,204	-,280	,626	,146	,230	,560	-,043	,021
Numero culmi	,273	,171	,626	,224	,156	-,512	,288	-,084
Polifenoli legati	,143	,311	-,568	-,180	,490	,248	,381	,175
Glutine secco %	,319	,248	,000	,657	,564	,044	-,007	-,072
Flavonoidi legati	,432	,172	,393	-,546	,083	,359	,262	-,103
Altezza culmo	,219	,367	,299	-,545	,351	-,408	-,250	,070

Nella tabella 8 è riportata l'associazione, positiva (evidenziato in blu) o negativa (evidenziato in rosso), di ogni singola variabile misurata nel determinare ciascuna delle otto PC.

PC1 è risultata positivamente associata alle seguenti variabili: numero cariossidi/spiga (0,932), peso cariossidi/spiga (0,914), lunghezza spiga+resta (0,890), numero spighette (0,866), peso della spiga

(0,816) e proteine totali (0,598). La seconda componente (PC2) è risultata associata alle sole variabili flavonoidi liberi (0,773) e resa in granella (0,600). PC3 è risultata associata positivamente ai polifenoli liberi (0,626) e al numero culmi (0,626), e negativamente con i polifenoli legati (-0,568). PC4 a sua volta è associata positivamente con il glutine secco (0,657) e negativamente con flavonoidi legati (-0,546) e l'altezza culmo (-0,545). Le variabili che pesano maggiormente su PC5 sono glutine secco (0,564) e resa (-0,524). Infine PC6 è risultata positivamente associata ai polifenoli liberi (0,560) e negativamente al numero culmi (0,512).

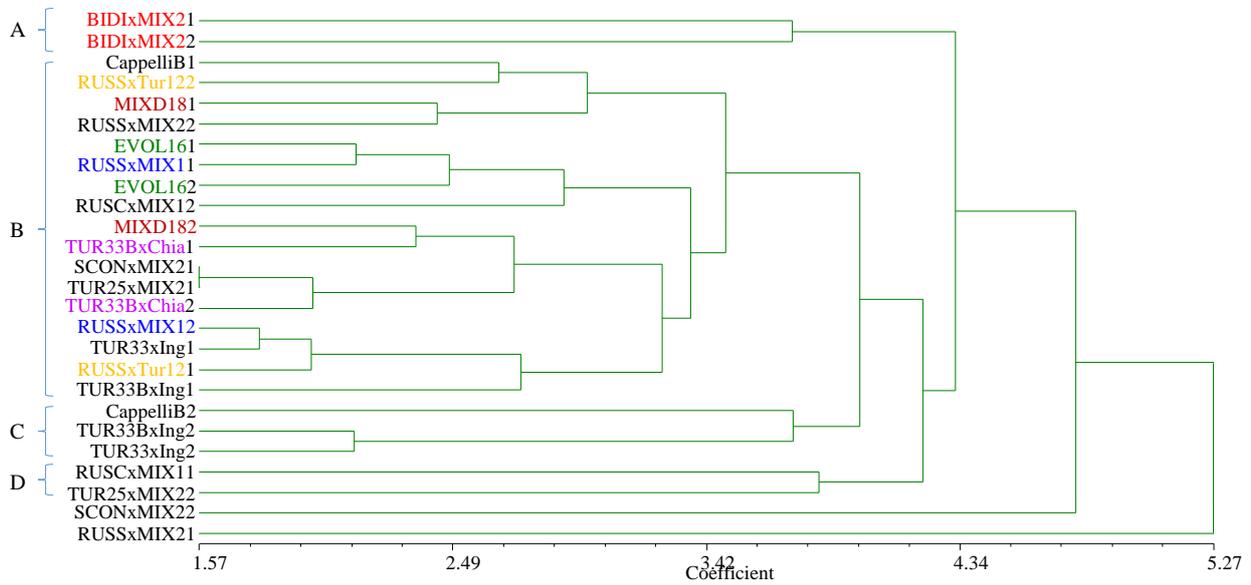
**Figura 18. Rappresentazione 3D definita dalle prime tre CP per il frumento duro.**



In figura 18 è riportata la rappresentazione grafica 3D definita dalle prime tre componenti principali. Da una prima osservazione si evidenzia una certa tendenza alla separazione dei genotipi in base al blocco. Il genotipo BidixMix tende a separarsi sul primo asse per le maggiori dimensioni della spiga e per il numero e peso delle cariossidi oltre che per il contenuto percentuale di proteine, sul secondo asse soprattutto per il maggior contenuto di flavonoidi liberi e sul terzo asse soprattutto per i polifenoli legati. evidenzia alcuni raggruppamenti in funzione del genotipo. In particolare, possiamo vedere che per il genotipo GR48xIn (evidenziato in rosso), i due blocchi si raggruppano molto vicini e si separano dagli altri genotipi lungo il primo asse principalmente per i parametri morfometrici ed anche per il contenuto di alcuni metaboliti secondari quali i polifenoli liberi. Anche per il genotipo SAxV (evidenziato con il colore arancio), le due repliche tendono a raggrupparsi e si separano dagli altri

genotipi principalmente lungo il primo asse perché caratterizzati da un alto contenuto sia di proteine che di glutine secco, la separazione si osserva anche sul terzo asse.

**Figura 19. Analisi Cluster basata sulle distanze Euclidee calcolate tra le accessioni di frumento duro con 8 CP estratte.**



Dalla matrice delle distanze euclidee calcolata tra i genotipi di frumento duro valutati, utilizzando tutte le otto componenti principali estratte dall'analisi fattoriale, è stata eseguita l'analisi cluster per evidenziare eventuali relazioni tra i genotipi (Fig. 19). Nel cluster è possibile identificare quattro gruppi: gruppo A) comprendente entrambi i genotipi BidixMix2 (repliche 1 e 2), gruppo B) comprendente la maggioranza dei genotipi e tra questi RussxTur12, MixD18, Evol16, RussxMix1 e Tur33BxChia quattro sono presenti entrambe le repliche. Gruppo C) nel quale troviamo tre genotipi: CappelliB2, Tur33BxIng2 e Turr33xIng2g, gruppo D) con RuscxMix1 e Tur25xMix2. Nel frumento duro la distribuzione delle repliche nel cluster è abbastanza disordinata. Il genotipo caratterizzato dalla combinazione BidixMix2 sembra essere quello con maggiore stabilità e meno soggetto all'effetto ambiente. Anche per il genotipo con la combinazione Tur33BxChia possiamo rilevare una certa stabilità.

## **CONCLUSIONI**

Sulla base dei risultati ottenuti nella valutazione di genotipi di frumento tenero e duro derivanti da diverse combinazioni di incrocio effettuate dal DAGRI possiamo dire che per entrambe le specie è stato possibile identificare alcuni genotipi dotati di una certa stabilità e meno soggetti all'effetto dell'ambiente. Per il frumento tenero possiamo indicare la combinazione FraxSiB mentre per il frumento duro la combinazione BidixMix2. La maggior parte delle altre combinazioni presentano ancora una scarsa stabilità, probabilmente perché sono popolazioni ancora segreganti.