نشریه پژوهشهای زراعی ایران
جلد 15، شماره 4، زمستان 1396، ص. 884-872

Iranian Journal of Field Crops Research
Vol. 15, No. 4, Winter. 2018, p. 872-884

ارزیابی صفات زراعی و کیفی در ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله

سیف‌الله انصاری[1]- سیدعلی‌محمد میرمحمدی میبدی[2*]- احمد ارزانی[2]- پوراندخت گلکار[3]

تاریخ دریافت: 1395/02/27
تاریخ پذیرش: 1395/08/19

چکیده

تریتیکاله پتانسیل بالایی از نظر تولید علوفه و عملکرد دانه دارد ولی در برنامه‌های اصلاحی ایران خیلی کم مورد توجه بوده است. این مطالعه به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و عملکرد 40 ژنوتیپ تریتیکاله با استفاده از صفات زراعی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار بررسی شد. صفات ارتفاع بوته، طول آخرین میانگره، طول برگ پرچم، طول سنبله، وزن هزار دانه، تعداد سنبله در واحد سطح، عملکرد دانه، تعداد دانه در سنبله، شاخص برداشت، وزن حجمی، عملکرد بیولوژیک، درصد گلوتن تر و درصد گلوتن خشک در همه ژنوتیپ‌ها اندازه‌گیری شد. نتایج تجزیه واریانس، تفاوت معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات مورد مطالعه نشان داد. نتایج نشان داد که بالاترین ضریب تنوع فنوتیپی (44/9) و ژنوتیپی (41/7) متعلق به درصد گلوتن و کمترین ضریب تنوع فنوتیپی (7٪) و ژنتیکی (4/5%) متعلق به وزن حجمی بود. تجزیه رگرسیون مرحله‌ای صفت عملکرد دانه با دیگر صفات نشان داد که دو صفت عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت، 98/8 درصد تنوع عملکرد دانه را توجیه می‌کنند. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها با استفاده از صفات زراعی و محتوای پروتئین دانه، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را به 4 گروه تفکیک کرد که برخی از گروه‌ها با داشتن صفات مطلوب، برای اهداف به‌نژادی در تریتیکاله مفید می‌باشند.

واژه‌های کلیدی: پروتئین، تنوع، چند متغیره، عملکرد دانه

مقدمه

تنوع ژنتیکی گیاهان پایه و اساس تحقیقات به‌نژادی گیاهان و از ارکان اصلی کشاورزی پایدار است. موفقیت برنامه‌های به‌نژادی به میزان تنوع ژنتیکی موجود در گیاهان زراعی و خویشاوندان وحشی آنها بستگی دارد و براساس آن ظرفیت گیاه برای استفاده در برنامه‌های اصلاح نباتاتی تعیین می‌شود (Rao and Hodgkin, 2002). باتوجه به محدود بودن منابع ژنتیکی، انتخاب افراد برتر از درون جوامع گیاهی متنوع به وجود تنوع در جمعیت گیاهی است (Haussman *et al*., 2010; Simmonds and Smartt, 1999) و تنها در صورت بهره‌برداری صحیح از آنها می‌توان ارقام مطلوب زراعی را ایجاد کرد (Rao and Hodgkin, 2002). مطالعه تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم و اطلاع از فاصله ژنتیکی افراد مختلف یک جمعیت و یا بین جمعیت‌ها و آگاهی از روابط خویشاوندی گونه‌های مورد نظر در برنامه اصلاحی می‌تواند به‌نژادگر را در سازمان‌دهی ذخایر توارثی و نمونه‌گیری مؤثر از ژنوتیپ‌ها و بهره‌برداری بهتر از تنوع به‌خوبی کمک کند (Govindaraj *et al.*, 2015). اطلاع از تنوع ژنتیکی برای انتخاب دقیق والدین مناسب برای تولید هیبریدهای قوی، اهمیت فراوانی دارد (Narain, 2000). شناخت تنوع ژنتیکی موجود در یک گونه گیاهی و گزینش درست والدین برای استفاده در برنامه اصلاحی می‌تواند در نهایت به افزایش عملکرد در واحد سطح و ایجاد ارقام پرمحصول و با خصوصیات کمی و کیفی مطلوب منتهی و به نوعی در ارتقاء تولید غذا در دنیا نقش‌آفرینی کند.

تریتیکاله (*X. Triticosecale* Wittmack) به‌عنوان گیاه جدید با داشتن دامنه سازگاری وسیع‌تر از هریک از والدین خود (گندم به‌عنوان والد مادری و چاودار به‌عنوان والد پدری) قادر است سطح کشت بیشتری را در دنیا به خود اختصاص دهد (Al-hakimi and Jaradat, 1988). این دستاورد اصلاح نباتات در قرن گذشته با استفاده از منابع تنوع ژنتیکی در گیاهان و با هدف ایجاد غله‌ای با کیفیت برتر گندم (بالابودن درصد پروتئین و عملکرد بیشتر) و دارای تحمل به تنش‌های زنده و غیرزنده (مقاومت به سرما، مقاومت به

1- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان
2- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان
3- استادیار، پژوهشکده زیست فناوری و مهندسی زیستی، دانشگاه صنعتی اصفهان
(*- نویسنده مسئول: (Email: maibody@cc.iut.ac.ir
DOI: 10.22067/gsc.v15i4.55994

زنگ زرد و سیاهک و رشد سریع) چاودار (*Secale cereal*) ایجاد شده است (Lelley, 2006; Bittle and Gustafson, 1991; Baltensperger, 2003.). از آن تاریخ به بعد شناخت تکامل تریتیکاله یکی از موضوعات مورد علاقه بسیاری از به‌نژادگران بوده است. ارقام جدید تریتیکاله (*X Triticosecale* Wittmack) از نظر عملکرد، مقاومت به خوابیدگی، میزان لیزین و ارگوت بهبود یافته‌اند (Oettler, 2005; Skovmand *et al*., 1984) و در مقایسه با بهترین ارقام گندم از نظر ظرفیت عملکرد تحت شرایط مطلوب برابر بوده و در انواع خاک‌های حاشیه‌ای پرمحصول‌تر از گندم هستند (Ammar *et al*., 2004). این گیاه در مقایسه با گندم (*Triticum aestivum*) از نظر ارتفاع بلندتر، تعداد پنجه کمتر و طول سنبله‌ها بلندتر هستند (Saldivar *et al*., 2004). در حال حاضر زراعت این گیاه در بسیاری از کشورهای جهان متداول است و به‌عنوان یک گیاه علوفه‌ای و غله استفاده می‌شود (Varughese *et al*., 1996). این گیاه در بیش از 37 کشور جهان کشت و بیش از 17/5 میلیون تن برداشت می‌شود. سطح کشت آن در دنیا در سال 2014 بیش از 3/9 میلیون هکتار و سطح زیر کشت آن در ایران بیش از 16000 هکتار بوده است (Eudes, 2015). تریتیکاله دارای دو تیپ بهاره و زمستانه است که تیپ بهاره آن در استرالیا، کانادا، آرژانتین، اسپانیا، ایتالیا و افریقای جنوبی کشت می‌شود و تیپ زمستانه بیشتر در کشورهایی مانند روسیه، امریکا، فرانسه، چین و افریقای جنوبی کشت می‌شود (Eudes, 2015). روش‌های مختلفی برای مطالعه میزان تنوع ژنتیکی، بررسی ارتباط جغرافیایی پراکنش جمعیت‌ها، درک ارتباط ژنتیکی و قرابت بین و درون جمعیت‌ها و گروه‌بندی آنها به‌صورت یک درخت‌واره، وجود دارد. با انجام آزمون‌های آماری تک متغیره و چند متغیره ازجمله تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای می‌توان تنوع ژنتیکی را برآورد کرد (Mohammadi and Prasanna, 2003). اگرچه در زمینه بررسی تنوع ژنتیکی برای صفات مختلف زراعی و مورفولوژیک در تریتیکاله مطالعاتی صورت گرفته است، اما به دلیل جذابیت استفاده تجاری این محصول و به‌منظور تجاری‌کردن واریته‌های آن ضرورت دارد در مورد تنوع این گیاه کار بیشتری صورت پذیرد.

فیلوژنی گونه‌های مختلف تریتیکاله (Asins and Carbonel, 1986)، بررسی‌های مرتبط با مقایسات مورفولوژیکی گیاه تریتیکاله با گندم (Farokhzade *et al*., 2013; Fida *et al*., 2011)، ارزیابی خصوصیات فیزیولوژیک و کیفیت دانه این گیاه (Gupta *et al*., 2007) گزارش شده است. وجود تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های تریتیکاله و گندم مورد مطالعه توسط Gupta و همکاران (2007)، تفاوت معنی‌داری از نظر صفات ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله را نشان داد، همچنین Gupta و همکاران (2015) وراثت‌پذیری بالایی برای صفات ارتفاع بوته، تعداد سنبلچه در سنبله و طول سنبله گزارش شد که بیانگر برتری تریتیکاله نسبت به گندم از نظر خصوصیات مورفولوژیک گزارش کردند. در بررسی صفات زراعی مختلف در ژنوتیپ‌های تریتیکاله، ضریب تنوع ژنتیکی بالا برای صفت محتوای کلروفیل و تنوع ژنتیکی پایین برای صفات وزن حجمی دانه و طول و عرض برگ پرچم در تریتیکاله گزارش شده است (Fida *et al*., 2011).

در مقایسه‌ای که بین لاین‌های تریتی‌پایرم با ارقام گندم نان و لاین‌های امیدبخش تریتیکاله انجام گرفت، عملکرد دانه، طول برگ پرچم و طول و عرض برگ اصلی، در لاین‌های تریتی‌پایرم در مقایسه با ارقام گندم و لاین‌های تریتیکاله بیشتر بود (Kamyab *et al*., 2009). تفاوت معنی‌داری از نظر صفات مختلف زراعی بین لاین‌های تریتیکاله، گندم و تریتی‌پایروم گزارش شده است (Farokhzade *et al*., 2013) و در این مطالعه مشاهده شد که لاین‌های گندم ازنظر صفات تعداد سنبله و عملکرد دانه نسبت به لاین‌های تریتیکاله برتری دارند. مقاومت این گیاه به تنش‌های محیطی و حتی پیشنهاد جایگزینی این گیاه با ذرت برای استفاده در جیره غذایی طیور، بیانگر نیاز بیشتر به انجام تحقیقات اساسی در این گیاه برای مناسب‌سازی صفات اقتصادی و بیولوژیکی آن براساس خواست کشاورزان و بازار مصرف می‌باشد. در این راستا پژوهش حاضر به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی در بین لاین‌های مختلف تریتیکاله با استفاده از صفات زراعی و با استفاده از تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره به‌منظور مدیریت بهتر ژرم‌پلاسم موجود و استفاده بهتر از آن در برنامه‌های به‌نژادی انجام شده است.

مواد و روش‌ها

این مطالعه در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان اجرا شد. مواد گیاهی شامل 40 ژنوتیپ مختلف تریتیکاله بود که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از مرکز بین‌المللی اصلاح گندم و ذرت در مکزیک (سیمیت) و مرکز ذخایر توارثی در مؤسسه اصلاح نباتات لهستان جمع‌آوری شدند. رقم گندم دوروم (Altar) نیز به‌منظور مقایسه خصوصیات کیفی آرد ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله با گندم دوروم (که محتوای گلوتن آن نسبت به گندم معمولی کمتر می‌باشد) بررسی شد. اسامی، محل منشأ و شماره ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در جدول 1 آورده شده است. ژنوتیپ‌ها به‌صورت طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار کشت شدند. هر کرت آزمایشی شامل سه ردیف به طول 2/5 متر و با فاصله خطوط 30 سانتی‌متر و تراکم بوته 350 بوته در مترمربع و فاصله بین کرت‌ها حدود 60 سانتی‌متر در نظر گرفته شد. کود مصرفی 50 کیلوگرم در هکتار اوره بود که در یک نوبت و در مرحله پنجه‌دهی به‌صورت سرک به خاک اضافه شد.

جدول 1- اسامی و منشأ 40 ژنوتیپ تریتیکاله مورد بررسی

Table 1- Names and origin of the 40 triticale genotypes

ردیف	نام ژنوتیپ	منشأ	ردیف	نام ژنوتیپ	منشأ
1	Pollmer	CYMMYT	22	Tewo	Poland
2	Sika	CYMMYT	23	Fidelio	Poland
3	Passi	CYMMYT	24	LAD1900	Poland
4	Fahad	CYMMYT	25	DAD601	Poland
5	EMS	CYMMYT	26	Vero	Poland
6	Anoas	CYMMYT	27	Dagro	Poland
7	Cananea79	CYMMYT	28	Prego	Poland
8	Alamos83	CYMMYT	29	Disco	Poland
9	Bacanora	CYMMYT	30	Presto	Poland
10	Faras	CYMMYT	31	Pronto	Poland
11	Caracal	CYMMYT	32	Lamberto	Poland
12	Tesmo	CYMMYT	33	Kitaro	Poland
13	Beagle 1	CYMMYT	34	Lasko	Poland
14	ERI7012	CYMMYT	35	Pinokio	Poland
15	Altar**	CYMMYT	36	Moreno	Poland
16	Alpaca	CYMMYT	37	Woltario	Poland
17	Jago	CYMMYT	38	Sorento	Poland
18	Passi2	CYMMYT	39	Magnat	Poland
19	ERI206	CYMMYT	40	Zorro	Poland
20	Eronga83	CYMMYT	41	RAH116	Poland
21	Fahad5	CYMMYT			

اندازه‌گیری‌های صفات در طول دوره رشد با رعایت حاشیه (یک ردیف از هر طرف و 25 سانتی‌متر از دو طرف هر ردیف) انجام و صفات زیر روی 10 بوته تصادفی از ردیف وسط هر کرت انجام شد. صفات تعداد روز تا 50 درصد ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول سنبله (سانتی‌متر)، تعداد سنبله در واحد سطح، عملکرد بیولوژیک (تن در هکتار)، عملکرد دانه (تن در هکتار)، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزاردانه (گرم)، وزن حجمی (هکتولیتر)، شاخص برداشت (درصد)، طول برگ پرچم (سانتی‌متر)، طول آخرین میانگره (سانتی‌متر)، گلوتن تر و خشک (درصد) بود. محتوای گلوتن طبق روش AACC-38-10 اندازه‌گیری شد (American Association of Cereal Chemists, 1983). تجزیه و تحلیل داده‌های به‌دست آمده از اندازه‌گیری صفات با استفاده از نرم‌افزار SAS (SAS Ver 9.3) انجام شد. میانگین‌ها با استفاده از آزمون حداقل اختلاف معنی‌دار (LSD) در سطح 5 درصد مقایسه شدند. واریانس ژنتیکی براساس امیدهای ریاضی به‌دست آمد و واریانس فنوتیپی بعد از برآورد واریانس ژنتیکی محاسبه شد. ضرایب تنوع ژنتیکی (C.V.g) و فنوتیپی (C.V. p) از نسبت انحراف معیار به میانگین مطابق با فرمول‌های زیر تعیین شد:

$$C.V.g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\overline{X}..} \quad \text{معادله (1)}$$

$$C.V.p = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\overline{X}..} \quad \text{معادله (2)}$$

برای تعیین صفات مؤثر بر عملکرد از میانگین تکرارها برای هر صفت و تجزیه رگرسیون چندگانه به روش گام به گام استفاده شد (Kleinbaum *et al*., 1988). برای مشخص‌کردن صفاتی که بیشترین سهم را در توجیه تنوع ژنتیکی دارند از روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی استفاده شد (Moghaddam *et al*., 1994). تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (ward) و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی به‌عنوان معیار تشابه انجام گرفت (Johnson and Wichern, 1988).

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌های تریتیکاله از لحاظ کلیه صفات زراعی اندازه‌گیری شده به‌جز صفت وزن حجمی ($P< 0.01$) از نظر آماری دارای تفاوت معنی‌داری هستند (جدول 2). بیشترین ضریب تنوع ژنتیکی (41/7٪) و فنوتیپی (44/9٪) مربوط به محتوای گلوتن تر و کمترین ضریب تنوع ژنوتیپی (4/5٪) و فنوتیپی (7٪) مربوط به وزن حجمی (کیلوگرم در لیتر) بود (جدول 2) که نشان‌دهنده اثر عوامل محیطی بر صفت محتوای پروتئین دانه (گلوتن) در تریتیکاله می‌باشد (Kociuba and Kramek, 2014). در مطالعه‌ای دیگر با بررسی تنوع ژنتیکی صفات مختلف زراعی و محتوای پروتئین در 1329 نمونه جهانی تریتیکاله، مشخص شد بیشترین ضریب تنوع ژنتیکی مربوط به صفات تعداد دانه در سنبله (18/5- 23/4 درصد) و وزن هزاردانه (21/4 – 27/1%) بود (Kociuba and Kramek, 2014).

همین‌طور در مطالعه‌ای روی ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله

گزارش شد که بیشترین ضریب تنوع مربوط به عملکرد دانه (17/8 درصد) و کمترین آن مربوط به ارتفاع بوته (4/3 درصد) بوده است (Lamadji *et al*., 1995). مقایسه میانگین‌های صفات مختلف ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال 5 درصد نشان داد ژنوتیپ Lasko (132/5سانتی‌متر) و ژنوتیپ Fahad5 (63 سانتی‌متر) به‌ترتیب دارای بیشترین و کمترین ارتفاع بوته بودند (جدول 3). براساس نتایج جدول 3 ژنوتیپ‌های با منشأ سیمیت دارای ارتفاع کوتاه‌تر و زودرس بودند، در حالی‌که ژنوتیپ‌های با منشأ لهستان بلندتر و دیررس‌تر بودند. دامنه تغییرات زیاد برای ارتفاع حاکی از امکان انتخاب سریع‌تر و امکان به‌کارگیری ارقام پاکوتاه برای جلوگیری از خوابیدگی و امکان برداشت مکانیزه در توسعه کشت تریتیکاله می‌باشد (Kociuba, 2002). طول آخرین میانگره در غلات به‌عنوان عاملی در انتقال مواد فتوسنتزی به دانه گیاه، به‌ویژه در اوایل دوره تنش خشکی، شناخته شده است (Araus *et al*., 2002)، بنابراین با انتخاب ژنوتیپ‌های با طول میانگره زیاد، می‌توان عملکرد دانه را افزایش داد.

جدول 2- نتایج تجزیه واریانس صفات و ضریب تنوع (ژنتیکی و فنوتیپی) صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله

Table 2- The result of the analysis of variance and values of phenotypic and genotypic coefficients of variation for all traits studied in different triticale genotypes

	میانگین مربعات (Mean of square)						
صفت Trait	تکرار Replication	ژنوتیپ Genotype	خطا Error	میانگین صفات Traits mean	ضریب تنوع فنوتیپی (٪) Coefficients of phenotipic variation	ضریب تنوع ژنتیکی (%) Coefficients of genetic variation	ضریب تنوع (%) (CV) Coefficients of variation
ارتفاع بوته Plant height (cm)	449.6**	388.1**	54.2	98.8	14.1	13.1	7.5
طول اخرین میانگره Length of the last node (cm)	86.6**	71.9**	6.3	31.4	19.1	18.3	8
طول برگ پرچم Flag leaf length (cm)	2.3	15.4**	8.5	16.5	16.8	11.3	17.6
طول سنبله Spike length (cm)	3.1*	3.7**	0.7	9.8	13.8	12.6	8.4
تعداد سنبله در مترمربع Number of spike per m^2	5822.9**	1789.3**	585.4	134.4	22.3	18.3	17.2
عملکرد بیولوژیک Biologic yield (ton ha^{-1})	18.4	30.3**	12.5	22.9	17	13	15.5
عملکرد دانه Seed yield (ton ha^{-1})	15.2*	5**	2.2	7.8	20.1	15.2	18.9
تعداد دانه در سنبله Grain number per spike	0.30	194.0**	33.4	46.6	21.1	19.2	12.4
تعداد سنبلچه در سنبله Number of spikelets per spike	6.6	47.8**	4.7	25.7	19	18.1	8.5
وزن هزار دانه Thousand grain weight	118.9**	43.2**	14.6	32.8	14.2	11.6	11.7
وزن حجمی Test weight (kg/hectoliter)	0.0004	0.006	0.003	0.8	7	4.5	7.4
شاخص برداشت Harvest index	0.008**	0.003*	0.001	0.3	11.4	9.3	9.3
گلوتن تر Wet gluten content (%)	64.3	385**	53.3	30.9	44.9	41.7	23.7
گلوتن خشک Dry gluten content (%)	5.0	43.8**	5.1	10.5	44.3	41.6	21.6

* and ** are significant at 5% and 1%, respectively

* معنی‌دار در سطح احتمال 5% و ** معنی‌دار در سطح احتمال 1%

مقایسه میانگین‌ها نشان داد که محدوده تغییرات اندازه صفت طول آخرین میانگره از 43/5 (سانتی‌متر) در ژنوتیپ Dargo تا 18 سانتی‌متر در ژنوتیپ Fahad5 متغیر می‌باشد (جدول 3). برگ پرچم نیز در فرآیند فتوسنتز طی پرشدن دانه مؤثر و موجب افزایش عملکرد در شرایط تنش می‌شود، بنابراین با انتخاب ژنوتیپ‌های دارای طول برگ پرچم بلند می‌توان موجب افزایش کارایی فتوسنتز در این گیاه شد.

بیشترین طول برگ پرچم (25/4سانتی‌متر) متعلق به ژنوتیپ Sika و کمترین طول برگ پرچم (12/5سانتی‌متر) متعلق به ژنوتیپ Fidelio بود (جدول 3)، با این حال ژنوتیپ Sika که دارای طول برگ پرچم بلندتری بود، از نظر عملکرد در سطح بالاتری نبود که احتمالاً به دلیل وجود تنش واردشده به گیاه در آخر فصل رشد و عدم امکان انتقال ذخایر فتوسنتزکننده از اندام‌های رویشی پایین گیاه بوده است. با افزایش سن گیاه در آخر فصل رشد و به‌خصوص در شرایط تنش خشکی، مواد پرورده تولیدشده در برگ‌ها، علی‌الخصوص برگ پرچم، پاسخگوی نیاز دانه‌ها برای پرشدن نمی‌باشد و کربن مورد نیاز برای پرکردن دانه‌های در حال رشد توسط سایر منابع تأمین‌کننده کربن ازجمله انتقال مجدد کربوهیدرات‌های ذخیره‌ای از میانگره‌های ساقه و نیز فتوسنتز سنبله می‌شود (Rivero *et al*., 2009). تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله ازنظر صفت طول پرچم، در مطالعات قبلی نیز گزارش شده است (Lamadji *et al*., 1995; Farokhzade *et al*., 2013). در این مطالعه، طول سنبله با ارتفاع بوته ارتباط مستقیم داشت، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های با ارتفاع بلندتر سنبله‌های طویل‌تری داشتند. ژنوتیپ Pinokio با 12/4سانتی‌متر، بیشترین طول سنبله و ژنوتیپ Pollmer با 5/9 سانتی‌متر کمترین طول سنبله را داشتند (جدول 3). مطالعات نشان داده است که ازنظر صفت طول سنبله تفاوت معنی‌داری در ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله وجود دارد (Kociuba and Kramek, 2014; Farokhzade *et al*., 2013).

ژنوتیپ Anoas با 200 سنبله در مترمربع و ژنوتیپ EMS با 85 سنبله در مترمربع به‌ترتیب بیشترین و کمترین تعداد سنبله را به‌خود اختصاص دادند (جدول 3). در مطالعات قبلی، تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها ازنظر تعداد سنبله گزارش شده است (Oettler *et al*., 1998). عملکرد دانه و عملکرد زیست‌توده، ارتفاع و رسیدگی مهمترین صفات اصلاحی برای به حداکثر رساندن عملکرد اقتصادی در غلات محسوب می‌شوند (Araus *et al*., 2002). ژنوتیپ Sorento با عملکرد 32/9 (تن در هکتار) بیشترین و ژنوتیپ‌های Beaglel و EMS با عملکرد 16/24 (تن در هکتار) دارای کمترین عملکرد بیولوژیک بودند. مطالعات مقایسه‌ای ازنظر عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله و گندم دوروم، بیانگر برتری نسبی تریتیکاله نسبت به گندم دوروم و جو بوده است (Fida *et al*., 2011; Josephides 1992,). عملکرد دانه دامنه تغییرات بسیار گسترده‌ای را نشان داد، به‌طوری‌که ژنوتیپ Sorento با تولید 11/84 تن در هکتار و ژنوتیپ‌های Beaglel و EMS با 5/5 تن در هکتار به‌ترتیب بیشترین و کمترین عملکرد دانه را به‌خود اختصاص دادند (جدول 3). بررسی تنوع بین ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله از نظر عملکرد بیانگر تحمل بالای آن در حفظ عملکرد دانه در شرایط تنش بود که بیانگر نقش مؤثر اجزای عملکرد در جبران نقص عملکرد ناشی از تنش می‌باشد (Dhindsa *et al*., 2002; Fida *et al*., 2011). ژنوتیپ‌های Pinokio، Lamberto و DAD601 بیشترین تعداد سنبلچه در سنبله را داشتند (جدول 3). ژنوتیپ‌های RAH116 و ژنوتیپ Fahad5 به‌ترتیب با 68 و 27/5 (گرم) بیشترین و کمترین تعداد دانه در سنبله را داشتند. تعداد دانه در سنبله علاوه بر عوامل ژنتیکی، تحت تأثیر عوامل محیطی و شرایط موجود در هنگام تشکیل دانه در سنبله نیز قرار می‌گیرد که این تفاوت معنی‌دار در مطالعات قبلی نیز گزارش شده است (Irani *et al*., 2010). ازنظر وزن هزاردانه ژنوتیپ Alamos83 با 42/96 گرم دارای بیشترین و ژنوتیپ Prego با 25/87 گرم دارای کمترین وزن هزاردانه بود (جدول 3). وجود اختلاف معنی‌دار برای وزن هزار دانه در مطالعات قبلی نیز گزارش شده است (Boros, 2002). افزایش عملکرد دانه در تریتیکاله از طریق بهبود شاخص برداشت، از اهداف مهم اصلاحی بوده است و این افزایش عملکرد ازطریق افزایش پاسخ تغذیه‌ای گیاه و بهبود تقسیم مواد فتوسنتزی صورت می‌گیرد.

مقایسه میانگین صفات مختلف نشان داد. بیشترین مقدار برای صفت شاخص برداشت (41 درصد) متعلق به ژنوتیپ RAH116 و کمترین مقدار (26 درصد) متعلق به ژنوتیپ‌های Zorro و Cananea بود (جدول 3). پایین بودن میزان صفت محتوای گلوتن در تریتیکاله، اگرچه موقعیت مطلوبی را برای تغذیه نشخوارکنندگان به‌صورت علوفه فراهم می‌کند، ولی باعث مقاومت پایین خمیر تریتیکاله در زمان تهیه آرد نانوایی می‌شود (Saldivar *et al*., 2004). ژنوتیپ Fahad5 با داشتن حداکثر 67/6 درصد گلوتن تر و 22/45درصد گلوتن خشک دارای بیشترین و ژنوتیپ Magnat با داشتن 4/25 درصد گلوتن تر و 1/35 درصد گلوتن خشک دارای کمترین مقدار برای این صفت بودند (جدول 3). درصد گلوتن تر و گلوتن خشک در ژنوتیپ Fahad5 در مقایسه با گندم دوروم رقم آلتار که دارای 41/5 درصد گلوتن تر و 14/2 درصد گلوتن خشک بود، اختلاف معنی‌داری نشان داد. اگرچه تنوع ژنتیکی کافی برای محتوای گلوتن در این مطالعه دیده شد، با این حال به‌دلیل کمتر بودن میزان صفت محتوای گلوتن تریتیکاله (10-15٪) در مقایسه با گندم (Saldivar *et al*., 2004)، باید در بهبود این صفت تلاش کرد.

جدول 3- مقایسه میانگین صفات مختلف زراعی اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله

Table 3- The mean comparison for studied agronomic traits in different Triticale genotypes

شماره ژنوتیپ	ارتفاع	طول آخرین میان‌گره	طول برگ پرچم	طول سنبله	تعداد سنبله در متر مربع	تعداد سنبلچه در سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن هزار دانه (گرم)	عملکرد دانه	عملکرد بیولوژیک	شاخص برداشت	گلوتن تر	گلوتن خشک
	Plant height (cm)	Length of the last node (cm)	Flag leaf length (cm)	Spike length (cm)	Number of spike per m^2	Number of spikelets per spike	Grain number per spike	Thousand seed weight (g)	Seed yield (ton ha^{-1})	Biological yield (ton/hectar)	Harvest index	Wet gluten content (%)	Dry gluten content (%)
1	83	28.5	16.6	5.9	170	28	15.5	42.8	6.3	18.04	0.35	19.3	7.0
2	85	46	25.4	7.9	158.5	37.5	17.5	32.2	8.4	22.8	0.37	15.7	6.6
3	84	26.5	17.6	8.1	101.5	38.5	19	36.2	6.3	16.5	0.38	46.6	۱۵
4	97	32.5	19.1	10.6	136.5	47.5	25	36.2	7.3	19.6	0.38	26.2	9.4
5	97	25	14.9	10.2	84.5	43.5	24	29.8	5.5	17.0	0.32	47.5	16.0
6	90	31	19.1	9.0	200	33	22	34.1	5.8	20.3	0.29	43.6	15.4
7	94	25.5	17.1	11.5	153	44.5	24.5	39.1	5.7	21.6	0.26	37.7	12.6
8	93.5	29.5	15.9	9.6	172	34.5	23	42.9	8.4	24.2	0.35	31.6	11.4
9	99	30.5	23.75	10.5	164	47	25	36.9	8.8	23.4	0.38	34.7	11.8
10	86	24.5	16.1	7.9	149.5	39	21	35.2	7.9	12.5	0.35	32.7	11.6
11	82.5	25.5	16.6	8.0	185.5	39	20.5	35.6	7.3	20.3	0.36	45.7	15.5
12	110	33.5	19.1	10.2	136.5	59.5	26.5	41.2	8.3	33.8	0.35	25.7	8.3
13	84.5	25	15.7	8.3	127.5	40	21	30.3	5.5	16.2	0.33	40.8	14.4
14	93.5	26.5	16.9	8.8	144.5	38.5	21	33.7	7.7	23.1	0.34	30	10.3
15	97.5	31.5	18.6	10.6	136	39	24.5	39.7	6.7	20.4	0.33	41	14.2
16	90	28.5	19.8	10.9	118.5	44	23.5	37.8	5.7	20.1	0.29	23.6	8.6
17	92	27	17.3	10.4	198.5	40.5	22	33.5	5.9	22.3	0.26	22.1	8.7
18	90	30	17.6	8.6	181	38.5	20.5	35.1	8.5	21.8	0.39	16.9	5.8
19	91	27	19.5	8.9	115.5	41.5	21.5	40.2	6.9	20.2	0.35	19.3	6.5
20	89	29	15.45	10.9	166.5	37.5	21	32.2	6.1	19.2	0.32	36.7	12.6
21	63	18	10.15	6.6	188.5	27.5	15.5	30.7	6.0	18.1	0.33	67.6	22.4
22	122	43	16.95	10.30	97	55	28.0	27.6	8.9	36.2	0.36	27	8.6
23	104	34	12.05	10.70	103.5	55.5	31.5	8.3	9.6	2.10	0.39	22.2	8.2
24	96.5	29	14.01	10.90	145	55	30	26.9	30.1	29.2	0.39	25.5	8.5
25	121	32.5	14.60	10.75	99	61.5	32.5	27.5	9.2	28.0	0.33	43.9	14.4
26	116	39	18.75	10.85	108	47	28	31.1	8.1	29.6	0.28	39.1	12.9
27	114	43.5	17.60	11.20	123	53.5	30	32.5	10.3	31.72	0.33	11.1	4.6
28	110	34.5	13.40	9.85	132.5	53	32	25.9	9.71	27.94	0.35	1.12	2.9
29	111	38	17.60	10.20	93	53	28	34.4	7.80	22.23	0.35	36.8	12.3
30	114	38	13.10	9.65	120	39.5	26	32.6	7.27	18.38	0.39	47.4	17.3
31	116	35	13.30	9.65	109	55.5	30.5	29.1	8.17	25.34	0.33	16	5.1
32	109	39	14.20	10.30	134	45.5	30	29.1	9.08	25.33	0.36	10.1	3.6
33	111	40	17.85	11.80	99	63.5	32.5	35	31	21.46	0.39	47.5	15.7
34	132.5	43	13.05	10.60	144.5	43	27.5	27.4	7.46	25.61	0.29	20.5	8.5
35	96	28	18.90	12.45	96.5	59.5	32.5	30.2	8.15	24.03	0.33	25.1	8.5
36	111	36.5	14.50	11.20	127	60.5	32	26.2	8.49	24.56	0.35	44.2	5
37	87	24.5	17.10	9.65	102	59.5	28	32.4	9.49	24.03	0.39	23.6	14.3
38	109	39	16.35	10.80	147	50.5	29.5	26.9	11.84	32.92	0.36	10.3	3.6
39	89	29.5	14.80	10.25	119	49	31	33.2	8.12	21.21	0.38	4.2	1.3
40	85.5	26	12.45	10.10	122	49.5	30.5	26.2	5.79	22.18	0.26	35.2	11.2
41	105	33.5	13.05	8.60	127.5	68	29.5	27.2	9.73	23.61	0.41	31.8	11.3
LSD (0.01)	15.26	5.20	6.04	1.72	50.17	4.49	11.98	7.92	3.06	7.33	0.062	4.6	4.7

جدول 4- نتایج رگرسیون مرحله‌ای عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و سایر صفات به‌عنوان متغیرهای مستقل در ژنوتیپ‌های تریتیکاله مورد مطالعه

Table 4- The results of stepwise regression of agronomic traits (independent variables) on the yield (dependent variables) in different triticale genotypes

صفت Trait	ضرایب رگرسیون Regression coefficients	R^2 جزء Proportion coefficient of determination	R^2 تجمعی Cumulative coefficient of determination	F
عملکرد بیولوژیک Biological yield	0.34	0.68	0.68	19.8^{**}
شاخص برداشت Harvest index	23304.4	0.30	0.98	938.7^{**}
طول آخرین میانگره Length of the last node	15.6	0.002	0.99	7.8^{**}
وزن هزاردانه Thousand seed weight	-15.4	0.0016	0.99	6.82^{**}

مدل نهایی رگرسیون چندگانه: $Y= -7057.0+ 0.34X_1+23304.4X_2+15.6X_3-15.4X_4$

از بررسی ارتباط 13 صفت اندازه‌گیری شده با عملکرد دانه و انجام تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره صفات ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله ازطریق انجام رگرسیون چند متغیره مشخص شد ضریب رگرسیون برای سه متغیر عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و طول آخرین میان‌گره مثبت است و بهترین مدل برای توجیه تغییرات عملکرد دانه، سه صفت زراعی (متغیرهای مستقل) عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و طول آخرین میان‌گره است که به‌ترتیب دارای ضریب تبیین جزء 68 درصد، 30 درصد و 0/21 درصد بودند (جدول 4)، بنابراین انتخاب بر مبنای این سه صفت می‌تواند باعث بهبود عملکرد دانه در تریتیکاله شود و تعریف شاخصی مبتنی بر این سه صفت به‌همراه دیگر صفات دارای قابلیت توارث بالای و دارای همبستگی مثبت و معنی‌دار با با عملکرد دانه، می‌تواند در انتخاب برای عملکرد دانه استفاده شود. به کمک تجزیه ضرایب مسیر، عملکرد دانه تریتیکاله با گندم دوروم و نان مقایسه و مشخص شد که عملکرد دانه تریتیکاله تحت تأثیر 3 جزء عملکرد شامل ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه با اثر مثبت و همچنین پروتئین با اثر منفی بود، در حالی‌که در مطالعه‌ای دیگر نشان داده شد عملکرد دانه گندم نان و دوروم تحت تأثیر صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، پروتئین و وزن سنبله برای گندم دوروم می‌باشد (Gulmezoglu *et al*., 2010). تفاوت در نتایج به‌دست آمده می‌تواند ناشی از اثر عوامل محیطی و یا استفاده از ژنوتیپ‌های متفاوت در ارزیابی‌های آنها باشد. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای تعیین سهم هر صفت از تنوع و کاهش تعداد متغیرها به‌کار گرفته شده است. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مقادیر بردارهای مشخصه، نسبت واریانس توجیه شده توسط هر مؤلفه و کل واریانس توجیه شده محاسبه شده است (جدول 5). پنج مؤلفه اول دارای ریشه مشخصه بزرگتر از یک بودند. این پنج مؤلفه به‌ترتیب 39، 13، 12، 9 و 8 درصد و در مجموع 80 درصد از تنوع بین صفات زراعی مورد بررسی را توجیه کردند. در مؤلفه اول، سهم تعداد سنبلچه در سنبله، ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، طول آخرین میان‌گره و عملکرد بیولوژیک بیشتر بود و این صفات بیشترین سهم را در توجیه عملکرد داشتند. در مؤلفه دوم، بالاترین سهم در توجیه عملکرد مربوط به محتوای گلوتن تر، محتوای گلوتن خشک، تعداد دانه در سنبله و طول سنبله بود. در مؤلفه سوم طول برگ پرچم، وزن هزاردانه، عملکرد دانه بیشتر از سایر صفات در توجیه تغییرات عملکرد دانه سهیم بودند. در مؤلفه چهارم، تعداد سنبله در متر مربع، عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه در جهت مثبت و وزن هزاردانه در جهت منفی بیشترین سهم را در توجیه تنوع داشتند. در مؤلفه پنجم وزن هزاردانه و طول برگ پرچم بیشترین سهم را در توجیه تغییرات عملکرد داشتند.

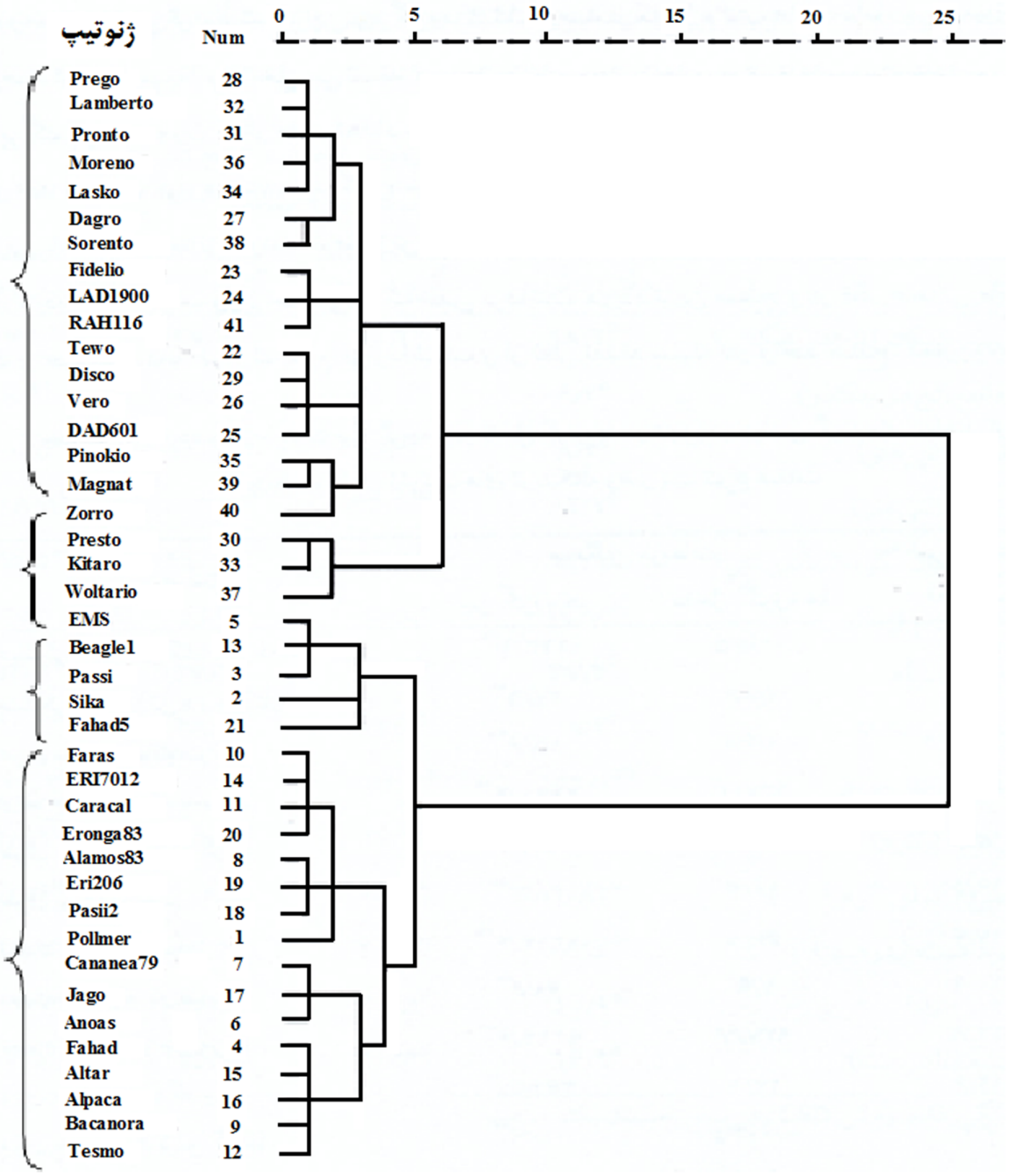
دندروگرام حاصل از انجام تجزیه خوشه‌ای (شکل 1) میانگین صفات با روش وارد و براساس اندازه مربع فاصله اقلیدسی به‌عنوان معیار تشابه نشان داد ژنوتیپ‌های دارای شباهت و خویشاوندی بیشتر در مرحله اول به دو گروه کاملاً مجزا تفکیک شدند که گروه اول ژنوتیپ‌های با منشأ سیمیت و گروه دوم ژنوتیپ‌های با منشأ لهستان بود. هر گروه به دو زیر گروه تقسیم شد و لذا چهار زیر گروه مشخص به‌دست آمد. در زیر گروه اول که شامل 41/5 درصد ژنوتیپ‌ها Prego، Lamberto، Moreno، Lasko، Dagro، Sorento، Fidelio، LAD1900، RH116، Tewo، Disco، Vero، DAD601، Pinokio و Magnat بود و همگی دارای منشأ لهستانی بودند، از نظر عملکرد بیولوژیک، عملکرد دانه، طول سنبله، طول آخرین میان‌گره، تعداد سنبلچه در سنبله و ارتفاع بوته در بالاترین حد مقدار قرار داشتند.

جدول 5- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات مختلف زراعی در ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله

Table 5- Principal component analysis of different agronomic characters in different triticale genotypes

صفات	مؤلفه‌های اصلی Principal component				
	اول First	دوم Second	سوم Third	چهارم Fourth	پنجم Fifth
عملکرد بیولوژیک Biological yield	0.32	0.16	-0.02	0.40	-0.23
عملکرد دانه Seed yield	0.30	0.34	0.24	0.20	-0.35
طول سنبله Spike length	0.29	-0.31	-0.04	0.23	0.34
ارتفاع بوته Plant height	0.35	0.05	0.14	-0.002	0.19
طول اخرین میانگره Length of the last inter node	0.32	0.06	0.09	-0.07	0.23
طول برگ پرچم Flag leaf length	0.09-	0.11	0.22	0.63	0.39
تعداد دانه در سنبله Grain number per spike	0.33	-0.21	0.23	-0.05	-0.01
تعدا د سنبلچه در سنبله Number of spikelets per spike	0.38	-0.23	0.02	-0.04	0.01
وزن هزار دانه Thousand seed weight (gr)	-0.15	0.39	0.27	-0.01	0.48
تعداد پنجه در متر مربع The number of spike per m^2	-0.19	0.25	-0.32	0.41	-0.16
وزن حجمی Test weight	-0.21	0.09	0.27	-0.23	0.27
شاخص برداشت Harvest index	0.08	0.38	0.50	-0.21	0.27
درصد گلوتن تر Wet gluten content (%)	-0.25	-0.36	0.39	0.18	-0.19
درصد گلوتن خشک Dry gluten content (%)	-0.26	-0.38	0.40	0.20	-0.20
واریانس نسبی Relative variation (%)	39	13	12	9	8
واریانس تجمعی Cumulative variation (%)	39	52	64	72	80
ریشه مشخصه Eigen value	5.43	1.81	1.66	1.24	1.07

با این حال این ژنوتیپ‌ها از نظر محتوای گلوتن، وزن حجمی و وزن هزار دانه و طول برگ پرچم کمترین بودند. در زیر گروه دوم پنج ژنوتیپ EMS، Beaglel، Passi، Silka و Fahad5 بود که این ژنوتیپ‌ها از نظر صفات عملکرد دانه، عملکرد بیولوژیک در کمترین حالت نسبت به سایر گروه‌ها بودند، ولی از نظر درصد گلوتن در بالاترین مقدار بودند و از نظر ارتفاع بوته و تعداد سنبلچه در سنبله و تعداد دانه در سنبله و طول سنبله و طول آخرین میانگره در سطح پایین قرار داشتند. در زیر گروه سوم که 39 درصد ژنوتیپ‌ها را در برگرفت، ژنوتیپ‌های Faras، ERI7012، Caracal، Eronga83، Eri206، Pasii2، Polmer، Cananea79، Anoas، Jago، Fahad، Altar، Alpaca، Bacanora و Tesmo، قرار داشتند که از نظر طول برگ پرچم، وزن هزار دانه، تعداد سنبله در واحد سطح بیشترین مقدار را داشتند ولی از نظر بقیه صفات در حد متوسط بودند. در زیر گروه چهارم که شامل 7/3 درصد از کل ژنوتیپ‌ها بود، ژنوتیپ‌ها ازنظر تعداد دانه در سنبله، وزن حجمی و شاخص برداشت در بالاترین سطح و از نظر صفاتی مانند عملکرد بیولوژیک و عملکرد دانه در رتبه دوم قرار داشتند و از نظر تعداد سنبله در واحد سطح کمترین مقدار را داشتند.



شکل 1- نمایش دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مختلف تریتیکاله براساس صفات زراعی
Figure 1- Clustering of different genotypes of triticale based in agronomic traits

نتیجه‌گیری

مهمترین قدم در شروع یک برنامه اصلاحی با ژنوتیپ‌های تریتیکاله، ارزیابی صفات مختلف زراعی از جمله عملکرد دانه و اجزای عملکرد و صفات کیفی مرتبط با کیفیت آرد آنها است. انجام ارزیابی

اولیه 40 ژنوتیپ‌ها مختلف گامی در شروع برنامه‌ریزی برای فراهم‌آوردن اطلاعات لازم برای برنامه‌ریزی هدفمند به‌منظور ارائه یک برنامه جداگانه به‌منظور آزادسازی یک رقم مناسب و توسعه سطح زیرکشت ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و کیفیت آرد در مناطق مختلف کشور بر اساس چشم‌انداز 1404 برای افزایش ده برابری سطح کشت این محصول در ایران می‌باشد. متأسفانه ارزیابی‌های زراعی و کیفی مرتبط با این محصول برای هدف فوق در ایران کم است. خوشبختانه وجود تنوع بالا در بین و داخل ژنوتیپ‌های مورد استفاده امکان استفاده از این مواد برای پیشبرد اهداف اصلاحی در ایران فراهم می‌سازد. تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره در این مطالعه نشان داد انتخاب غیرمستقیم برای صفات عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت و طول آخرین میان گره، منجر به افزایش معنی‌دار عملکرد دانه خواهد شد. همچنین گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس همه صفات اندازه‌گیری شده با تجزیه خوشه‌ای، باعث تفکیک ژنوتیپ‌های موجود برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و ضعیف شد. تا با استفاده از تنوع بین ژنوتیپ‌های موجود، برنامه‌ریزی هدفمند برای توسعه کشت ژنوتیپ‌های برتر تریتیکاله در کشور فراهم شود. با توجه به خودگشن‌بودن گیاه تریتیکاله، با انجام تلاقی بین ژنوتیپ‌های برتر این مطالعه از جمله ژنوتیپ‌های با عملکرد و اجزای عملکرد زیاد که در زیر گروه اول (مانند Sorento و Lamberto) قرار دارند و اداره نسل‌های در حال تفرق حاصل از تلاقی (انتخاب صفات مطلوب بر مبنای روش‌هایی نظیر انتخاب شجره‌ای) می‌توان برای ایجاد ژنوتیپ‌های مطلوب تریتیکاله ازنظر عملکرد دانه و اجزای عملکرد اقدام کرد. به‌طور کلی نتایج این مطالعه نشان داد ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر صفات مختلف زراعی و کیفی (مرتبط با کیفیت آرد) از تنوع خوبی برخوردار بودند که بیانگر کارایی مطلوب این ژنوتیپ‌ها برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی آینده برای اصلاح این غله مهم می‌باشد.

References

1. Al-hakimi, A., and Jardat, A. A. 1988. Primitive tetraploid wheat species to improve drought tolerance in durum wheat. Proceeding of the 3th International Triticeae Symposium, Aleppo, Syria, 4-8 May 1997. pp.: 305-312.
2. Ammar, K., Mergoum, M., and Rajaram, S. 2004. The history and evolution of triticale. Pp 2-9 in M. Mergoum, and H. Mergoum eds. Triticale Improvement and Production. FAO.
3. Araus, L., Slafer G. A., Reynolds M. P., and Royo C. 2002. Plant breeding and drought in C_3 cereals: What should we breed for. Annals of Botany 89: 925-940.
4. Asins, M. J., and Carbonel, E. A. 1986. A comparative study of variability and phylogeny of *Triticum* species. Theoretical and Applied Genetetics 72: 551- 558.
5. Association of Cereal Chemists. 1983. Approved Methods of the AACC. 38-10, approved April 1961, reviewed October 1982.
6. Baltensperger, D. D. 2003. Cereal Grains and Pseudo-Cereals.Encyclopedia of Food and Culture.Retrieved May 14, 2016 from Encyclopedia.com: http://www.encyclopedia.com/doc/1G2-3403400119.html.
7. Bittle, D. C., and Gustafson, J. P. 1991. High molecular weight glutenin from wheat for triticale flour improvement. Proceeding of the 2nd.International Triticale Symposium, Mexico. D. F. CIMMYT. P. 550-553.
8. Boros, D. 2002. Physico- chemical quality indicators suitable in selection of triticale for high nutritive value.Proceeding of the 5th International Triticale Symposium. Radzikow, Poland. 1: 239- 244.
9. Dhindsa, G. S., Dosanjh, A. S., Sohu, V. S., Dhindsa, J. S., and Goyali, J. C. 2002. Genotype × environment interaction for yield components in hexaploid triticale. Proceeding of the 5th International Triticale Symposium, Radzikow, Poland. 2: 333- 336.
10. Eudes, F. 2015. Triticale, Springer. 257 pp.
11. Farokhzadeh, S., Shahsavand-Hassani, H., and MohammadiNejad, Gh. 2013. Evaluation of genetic diversity of primary tritipyrum, triticale and bread wheat genotypes. Journal of Agronomy Sciences 9: 93-112 (in Persian with English abstract).
12. Fida, M., Abdalla, O. S., Rajaram, S., Yaljarouka, A., Khan, N. U., Khan, A. Z., Khalil, Sh., Kh., Khalil, I. H., Ijaz, A., and Jadoon, S. A. 2011. Additive main effect and multiplicative analysis of synthetic-derived bread wheat under varying moisture regimes. Pakistan Journal of Botany 43 (2): 1205-1210.
13. Govindaraj, M., Vetriventhan, M., and Srinivasan, M. 2015. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: An overview of its analytical perspectives. Genetics Research International 1: 1-15.
14. Gulmezoglu, N., Alpu, O., and Ozer, E. 2010. Comparative performance of triticale and wheat grains by using path analysis. Bulgarian Journal of Agricultural Science 16 (4): 443-453.
15. Gupta, D., Mittal, R. K., Kant, A., and Singh M. 2007. Association studies for agro-physiological and quality traits of triticale x bread wheat derivatives in relation to drought and cold stress. J. Environ. Biol. 28 (2): 265-269.
16. Haussmann, B. I. G., Parzies, H. K., Presterl, T., Susic, Z., and Miedaner, T. 2004. Plant genetic resources in crop improvement. Plant Genetic Resources 2 (1): 3-21.
17. Johnson, R. A., and Wichern, D. W. 1988. Applied Multivariate Statistical Analysis. Prentice Hall International

Inc.
18. Josephides, C. M. 1992. Analysis of adaptation of barley, triticale, durum and bread wheat under Mediterranean conditions. Euphytica 65 (1): 1-8.
19. Kamyab, M., Hassani, H., and Tohidinejad, E. 2009. Agronomic behavior of a new cereal (Tritipyrum: AABBEbEb) compared with modern Triticale and Iranian bread wheat cultivars. Plant Ecophysiology 2: 69-80.
20. Kleinbaum, D. G., Kupper, L. L., and Muller, K. E. 1988. Applied regression analysis and other multivariable methods. PWS-Kent Publication Company, Boston.
21. Kociuba, W. 2002. Differentiation of the yielding features in winter and spring *X Triticosecale* Wittmack collection. Proceeding of the 5th International Triticale Symposium, Radzikow, Poland 2: 357-365.
22. Kociuba, W., and Kramek, A. 2014. Variability of yield traits and disease resistance in winter triticale genetic resources accessions. Acta Agrobotanica 67 (2): 67-76.
23. Lamadji, S., Fautrier, A. G., McNeil, D. L., and Sedcole, J. R. 1995. Proposed breeding strategy for yield improvement of hexaploid triticale (*X triticosecale* Wittmack) 1. Genetic variability and phenotypic stability. New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science 23: 1-11.
24. Lelley, T. 2006. Triticale: A Low-input Cereal with Untapped Potential. p. 395-430 in J. R. Singh ed. Genetic Resources, Choromosome Engineering, and Crop Improvement. Vol 2. CRC Press, BocaRaton.
25. Moghaddam, M., Mohammadi Shoti, S. A., and Aghaie Sarbarzeh, M. 1994. Multivariate Statistical Methods.Pishtaz Elm Publications. Tabriz, Iran. 208 pp. (in Persian).
26. Mohammadi, S. A., and Prasanna, B. M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. Crop Science 43: 1235-1248.
27. Narain, P. 2000. Genetic diversity conservation and assessment, Current Science 79 (2): 170-175.
28. Nascimento, W. M. 2003. Muskmelon seed germination and seedling development in response to seed priming. Scientica Agricola 60: 71-75.
29. Oettler, G. 2005. The fortune of a botanical curiosity – Triticale: past, present and future. Journal of Agricultural Sciences 143: 329-346.
30. Oettler, G., Wietholter, S., and Horst, W. J. 1998. Genetic variation for yield and other agronomic traits of triticale grown on acid, aluminum toxic soil in southern Brazil. Proceeding of the 4th International Triticale Symposium, Alberta, Canada. 1: 267-271.
31. Rao, R. V., and Hodgkin, T. 2002. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. Plant Cell Tissue and Organ Culture 68: 1-19.
32. Rivero, R. M., Shulaev, V., and Blumwald, E. 2009. Cytokinin-dependent photorespiration and the protection of photosynthesis during water deficit. Journal of Plant Physiology 150: 1530-1540.
33. Saldivar, S. O., Flores, S. G., and Rios, R. V. 2004. Potential of triticale as substitute for wheat in flour tortilla production. Cereal Chemistry 81: 220-225.
34. SAS, Institute. 2011. Base SAS 9.3 procedures guide. SAS Inst., Cary, NC.
35. Simmonds, N., and Smartt, J. (Editor). 1999. Principles of Crop Improvement, 2nd Edition. Wiley-Blackwell, 424 pages.
36. Skovmand, B., Fox, P. N., and Vil-laread, R. L. 1984. *Triticale* in commerical agriculture: Progress and promise. Advances in Agronomy 37: 1-45.
37. Varughese, G., Pfeiffer W. H., and Pena R. J. 1996. *Triticale*: a successful alternative crop. Cereal Foods World 41: 474- 482.

Iranian Journal of Field Crops Research
Vol. 15, No. 4, Winter. 2018, p. 872-884

نشریه پژوهشهای زراعی ایران
جلد 15، شماره 4، زمستان 1396، ص. 884-872

Evaluation of Different Triticale (*X Triticosecale* Wittmack) Genotypes for Agronomic and Qualitative Characters

S. Ansari[1]- S. A. M. Mirmohammady Maibody[2*]- A. Arzani[2]- P. Golkar[3]

Received: 16-05-2016
Accepted: 09-11-2016

Introduction

Genetic variation is essential for the success of breeding programs and is vital to helping the genetic improvement of triticale. Understanding patterns of genetic diversity in the triticale and use of its genetic resources on a practical basis may help to establish appropriate procedures for breeding genetic materials. It can be used as a benchmark for classifying parenting lines and favorable heterotic groups in triticale. Triticale (*X Triticosecale* Wittmack) has considerable potential either as a grain crop or forage crop, but has received little attention from breeding programs in Iran.

Materials and Methods

This research was conducted to study the genetic diversity and the performance of triticale cultivars imported from Poland and International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT) using some agro-morphological traits. Forty one triticale genotypes were evaluated using a randomized complete block design with three replications at Research Farm of College of Agriculture, Isfahan University of Technology. Agronomic characteristics comprising plant height (cm), length of the last node (cm), flag leaf length (cm), spike length (cm), thousand seed weight (g), the number of spike per m^2, seed yield (tha^{-1}), grain number per spike, number of spikelets per spike, harvest index, test weight (kg hectoliter), biological yield (ton ha^{-1}), wet and dry gluten content (%) were measured. All statistical analyses were performed using SAS statistical software. The multivariate analysis procedures used to analyze the collected data and to investigate relationships among variables. Mean comparison was conducted using LSD range test (at 5% level). The unweighted neighbour joining (UNJ) cluster analysis was carried out using NT-SYS software.

Results and Discussion

Analysis of variance showed that genotypes were significantly different in all characters. The measured traits varied in coefficient of genotypic and phenotypic variation. The highest coefficients of genotypic (41.7%) and phenotypic (44.9%) coefficient of variation were belonged to wet gluten content. The least coefficient of genotypic (4.5%) and phenotypic (7%) variation was denoted to test weight. Simple mean comparisons for seed yield of Triticale showed that the highest seed yield (11.84 ton ha-1) was denoted to Sorento genotype from Poland and the least seed yield (5.5 ton ha-1) to Beaglel and EMA genotypes (from CYMMYT). Using stepwise regression analysis, 98.8% of seed yield variation was attributed to two traits, including harvest index, and biological yield. Correlation analysis showed the significant relation of number of spikelets per spike, and spike length with grain yield. The results of the factor analysis revealed that five factors namely, plant height, grain yield and their components, biological yield, harvest index gluten content explained 80% of total variances of the grain yield. Cluster analysis of genotypes based on agronomic and protein content traits grouped the genotypes into four separate clusters. In categorization based on collected data, the fourth group included genotype from Poland origin (Prego, Lamberto, Moreno, Lasko, Dagro, Sorento, Fidelio, LAD1900, RH116, Tewo, Disco, Vero, DAD601, Pinokio and Magnat) with the highest value for biological yield, seed yield, number of spikelet per spike, plant height, spike length and the length of the last internode. These clusters have beneficial characteristics and are useful for plant breeding purposes.

1- Former M.Sc. Student of Plant Bereeding, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan
2- Professor, Department of Agronomy and Plant Bereeding, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan
3- Assistant Professor, Institute of Biotechnology and Bioengineering, Isfahan University of Technology, Isfahan
(*- Correspondin Author Email: maibody@cc.iut.ac.ir)

Conclusions

Based on the data reported here, the scientific use of multivariate statistical analysis including stepwise regression analysis, principle component and cluster analysis of genotypes revealed subjectivity of these methods as a suitable way to exploit intraspecific variation within triticale and evaluate its genetic resources for their agronomic value and the amount of genetic variation for specific traits to allow more efficient genetic improvement. The identified superior genotypes such as Sorento could be used in hybridization programs for improvement the seed yield in triticale.

Keywords: Diversity, Multivariate protein, Seed yield