

**VI Simpozijum Sekcije za oplemenjivanje organizama
Društva Genetičara Srbije i IX Simpozijum Društva selekcionera i
semenara Republike Srbije**

ZBORNİK APSTRAKATA

Vrnjačka Banja, 7 – 11. 5. 2018.

Izdavač:

Društvo Genetičara Srbije
Društvo selekcionera i semenara Republike Srbije

Urednici:

dr Violeta Anđelković
dr Jelena Srdić

Štampa:

Akademski izdanja d.o.o., Zemun, Beograd

Tiraž:

150

Ova publikacija je štampana uz finansijsku pomoć Ministarstva
prosvete, nauke i tehnološkog razvoja

Simpozijum je organizovan u saradnji sa Institutom za kukuruz
„Zemun Polje“ i Institutom za šumarstvo, Beograd

ISBN: 978-86-87109-14-8

**VI Simpozijum Sekcije za oplemenjivanje organizama
Društva Genetičara Srbije i IX Simpozijum Društva selekcionera
i semenara Republike Srbije**

Organizacioni odbor:

dr Jelena Srđić
dr Snežana Mladenović Drinić
dr Dejan Sokolović
dr Milan Stevanović
dr Vladan Popović
dr Vlada Pantelić
dr Jelena Ovuka
dr Dejan Cvikić
dr Emina Mladenović
dr Marina Nonić
Natalija Kurjak
dr Ratibor Štrbanović
dr Ljubiša Kolarić
dr Marija Milivojević
dr Bojan Jocković
dr Sanja Mikić

Sekretarijat:

Jelena Mesarović
Milica Nikolić
Aleksandar Popović
Miloš Crevar
Mihajlo Ćirić
Petar Čanak

Naučni odbor:

dr Violeta Anđelković
dr Jelena Srđić
dr Snežana Mladenović Drinić
dr Ana Marjanović Jeromela
dr Vojka Babić
dr Sanja Vasiljević
dr Nenad Delić
dr Domagoj Šimić
Prof. dr Milan Mataruga
Prof dr Zoran Jovović
Prof dr Dane Bošev
dr Ankica Kondić Špika
Prof. dr Desimir Knežević
Prof. dr Mirjana Šijačić Nikolić
Prof dr Jan Boćanski
dr Aleksandar Lučić
dr Dragana Jošić
dr Nenad Pavlović
dr Sandra Cvejić
dr Slađana Marić
dr Mile Sečanski
dr Srđan Stojnić
dr Dušica Ostojić Andrić
dr Jasmina Milenković
dr Vladimir Filipović
dr Vladimir Ugrenović
dr Vesna Perić
dr Dobrivoj Poštić
Prof. dr Dragan Nikolić
dr Dragana Miladinović
dr Milena Simić

UV-2

POLIMORFNOST SSR MARKERA U HIBRIDIMA KUKURUZA

Sanja Mikić[✉], Ljiljana Brbaklić, Ankica Kondić-Špika, Dušan Stanisavljević,
Dragana Trkulja, Goran Bekavac, Bojan Mitrović
Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad (✉sanja.mikic@ifvcns.ns.ac.rs)

Genetička divergentnost 97 savremenih hibrida kukuruza, koji se gaje u Srbiji u poslednjih nekoliko godina, procenjena je pomoću 12 jednostavnih ponavljajućih sekvenci ili SSR (eng. *Simple Sequence Repeats*) markera. Ukupno je utvrđeno 94 alela, sa prosečno 7,8 alela po lokusu, u rasponu od 5 do 17 alela. Više od 50% su bili retki aleli sa frekvencijom manjom od 5%. PIC (eng. *Polymorphism Information Content*) vrednosti kretale su se od 0,42, za *umc1792*, do 0,81, za *dupssr10*, sa prosekom od 0,64. Ritlandove vrednosti srodnosti varirale su od 0,787 do -0,129. Minimalan broj markera dovoljan da se utvrdi razlika između hibrida sa jedinstvenim genotipom bio je osam. Analiza glavnih koordinata razdvojila je ranostasnu i kasnostasnu grupu hibrida kukuruza, iako stepen diferencijacije između grupa nije bio velik ($F_{st} = 0,4\%$). Tri markera, *bnlg1556*, *umc1075* i *dupssr10*, najviše su doprineli razdvajanju ranih i kasnih genotipova, pri čemu je razdvajanje za prva dva markera bilo statistički značajno. Vrednosti parametara genetičke divergentnosti procenjene SSR markerima bile su veće kod ranostasnih nego kod kasnostasnih hibrida, ukazujući na širu genetičku osnovu prve grupe. Visok nivo polimorfnosti SSR markera ukazuje na njihovu praktičnu primenu u zaštiti prava oplemenjivača ili proveru genetičke čistoće semena. Bolja diferencijacija i jasniji uvid u genetičku osnovu testiranih hibrida očekuje se daljim uključivanjem većeg broja molekularnih markera.

Ključne reči: diverzitet, mikrosateliti, fingerprinting, *Zea mays* L.

Rezultat projekta TR 31073 Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja Republike Srbije.

POLYMORPHISM OF SSR MARKERS IN MAIZE HYBRIDS

The aim of this study was to assess genetic diversity among 97 modern maize hybrids that represent maize varieties grown in Serbia during the last several years. To this end, 12 simple sequence repeat (SSR) markers were used for fingerprinting. In total, 94 alleles were detected, with the average number of 7.8 alleles per locus, ranging from 5 to 17. More than 50% were rare alleles with frequency less than 5%. The polymorphic information content ranged from 0.42, for *umc1792*, to 0.81, for *dupssr10*, with an average of 0.64. Pairwise relatedness Ritland's values varied from 0.787 to -0.129. The minimum number of markers sufficient to differentiate hybrids with unique genotypes was eight. A principal coordinate analysis distinguished early and late maturing groups of hybrids, although the observed differentiation between groups was rather low ($F_{st} = 0.4\%$). Three markers, namely *bnlg1556*, *umc1075* and *dupssr10*, contributed most to the discrimination between early and late genotypes, the first two significantly. The values of parameters of genetic diversity obtained with SSR markers were higher in early maturing hybrids than in those that mature later, indicating broader genetic basis of the former. A high level of polymorphism of the SSRs indicates their suitability for fingerprinting, either to protect breeders' rights or to verify seed purity. Better differentiation and more insight into genetic background of the tested hybrids could probably be achieved by increasing the number of markers.

Key words: diversity, microsatellites, fingerprinting, *Zea mays* L.

This study is a result of the project TR31073, supported by the Ministry of Education, Science and Technological Development of the Republic of Serbia.