

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ
ПОЉОПРИВРЕДНИ ФАКУЛТЕТ

Душан Ж. Станисављевић

ГЕНЕТИЧКА АНАЛИЗА И
АДАПТАБИЛНОСТ ВАЖНИЈИХ
АГРОНОМСКИХ ОСОБИНА ДВЕ ГРУПЕ
ПОЛУСРОДНИКА КУКУРУЗА

Докторска дисертација

Београд, 2014.

UNIVERSITY OF BELGRADE
FACULTY OF AGRICULTURE

Dušan Ž. Stanisavljević

GENETIC ANALYSIS AND
ADAPTABILITY OF IMPORTANT
AGRONOMIC TRAITS IN A TWO HALF-
SIB GROUPS OF MAIZE

Doctoral Dissertation

Belgrade, 2014.

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ
ПОЉОПРИВРЕДНИ ФАКУЛТЕТ

Ментор: Др Гордана Шурлан-Момировић, редовни професор Пољопривредног факултета, Универзитета у Београду

Чланови комисије:

1. Др Миле Ивановић, научни саветник Института за ратарство и повртарство, Нови Сад

2. Др Томислав Живановић, редовни професор Пољопривредног факултета, Универзитета у Београду

3. Др Игор Балалић, виши научни сарадник Института за ратарство и повртарство, Нови Сад

Датум одбране: _____

Најискреније се захваљујем свом шефу и ментору на Институту за ратарство и повртарство, Нови Сад, проф. Др Милету Ивановићу на несебично пруженој помоћи приликом израде дисертације и уопште током рада у групи за оплемењивање кукуруза.

Велику захвалност дугујем свом ментору на Пољопривредном факултету проф. Др Гордани Шурлан-Момировић, на многобројним корисним саветима и сугестијама пруженим приликом израде дисертације.

Захваљујем се свим колегама са Одељења за кукуруз, Института за ратарство и повртарство, Нови Сад, на разумевању и подршци током израде дисертације.

Посебно се захваљујем драгим колегама и пријатељима Др Бојану Митровићу, Др Мирославу Зорићу и Милану Миросављевићу на пруженој несебичној помоћи приликом статистичке обраде резултата и корисним саветима приликом њихове анализе и интерпретације.

Искрену захвалност дугујем члановима оплемењивачке групе бр. 6, Одељења за кукуруз, Института за ратарство и повртарство, Нови Сад, за велику помоћ при реализацији експерименталног дела дисертације.

Посебно се захваљујем својој породици на љубави и подршци коју су ми пружили.

Душан Станисављевић

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ
ПОЉОПРИВРЕДНИ ФАКУЛТЕТ
НАУЧНА ОБЛАСТ: Биотехничке науке
УЖА НАУЧНА ОБЛАСТ: Генетика и оплемењивање
Докторска дисертација,
Поднета 2014. године

УДК: 633.15:631.527(043.3)

Генетичка анализа и адаптабилност важнијих агрономских особина две групе полусродника кукуруза

Душан Ж. Станисављевић

Сажетак: Проучавана је генетичка варијабилност и међузависност важнијих агрономских особина две групе полусродника кукуруза стандардним статистичким методама и методама мултиваријационе анализе. За проучавање је одабрана популација кукуруза уске генетичке основе НСА15, чија су S_1 потомства укрштена са сваком од два међусобно, и у односу на популацију генетички несродна тестера, инбред линије НС732 и НС27 (очинске компоненте). Две групе полусродника (HS), свака са 40 генотипова, формиране су тако да свако S_1 потомство буде истовремено укрштено са оба тестера. Огледи су постављени по моделу непотпуног блок дизајна са понављањима у оквиру сета у току 2008 и 2009. године на четири локалитета: Римски Шанчеви, Србобран, Сремска Митровица и Кикинда. Анализиран је принос зрна, компоненте приноса и морфолошке особине биљке. На основу добијених података израчунате су просечне вредности, показатељи варијабилности, херитабилност и генетичке корелације. За анализу интеракције генотип \times спољашња средина (GE) и проучавање стабилности испитиваних генотипова за принос зрна коришћен је $AMMI$ модел. Друга група потомстава остварила је више просечне вредности за принос зрна и већину других испитиваних особина у односу на прву групу чиме је дата предност другом тестеру (НС27) у односу на први (НС732) за даљи рад са популацијом. Генетичка варијанса за принос зрна код прве групе потомстава је била 1,75 пута већа у односу на другу, док је друга група показала већу варијабилност за већину других особина код којих су се варијансе између групе потомстава статистички разликовале. Генетичке корелације између приноса зрна и других агрономских особина углавном су биле слабе и несигнификантне. Јаке сигнификантне позитивне корелације установљене су између појединих морфолошких особина код обе групе потомства. Утврђени су оптимални $AMMI$ модели за сваку од група полусродника и идентификовани генотипови који превазилазе стандарде по приносу и стабилности приноса зрна. S_1 потомство 22 показало се супериорним са оба тестера, односно у обе групе полусродничких потомстава, што указује на то да оно поседује највећи број пожељних алела, па се као најперспективније може укључити у даљи оплемењивачки рад. Остали издвојени генотипови се такође могу сматрати перспективним али у комбинацији са њима одговарајућим тестером.

Кључне речи: кукуруз, принос зрна, GE интеракција, $AMMI$ модел, стабилност.

Genetic analysis and adaptability of important agronomic traits in a two half-sib groups of maize

Dušan Ž. Stanisavljević

Abstract: Genetic variability and correlation of important agronomic traits in a two half-sib groups of maize were investigated with standard statistical methods and multivariate analysis methods. The population chosen for the study was a genetically narrow-based maize population NSA15, whose S_I progenies were crossed with each of two testers, NS732 and NS27 (male parents), genetically unrelated to each other and to the population. Two half-sib groups (*HS*), with 40 genotypes each and sufficient equally proportioned seeds, were formed in such a manner that each S_I progeny was crossed with both testers. The trials were established using the incomplete block design with replications within a set during 2008 and 2009 in four locations: Rimski Šančevi, Srbobran, Sremska Mitrovica and Kikinda, i.e. seven environments in total. Grain yields, yield components and several other morphological were analysed. The obtained data was used to calculate the average values, measures of variability, heritability and genetic correlations. *AMMI* model was used for to analyse genotype by environment interaction (*GE*) and genotype stability. The second group of progeny had higher grain yield and the majority of other investigated traits in relation to the first group, favouring the second tester (NS27) for further population improvement. Genetic variance of grain yield was 1.75 times greater in comparison to others, whereas the second group showed greater variability for most of the traits, which had statistically significant differences of variances among group of progenies. Genetic correlations between the grain yield and other agronomic traits were mostly weak and not significant. Strong significant positive correlations were found between some agronomic traits for both progeny groups. Optimal *AMMI* models for each half-sib group were determined and genotypes that outperformed the standards in terms of grain yield and grain yield stability. S_I progeny 22 was shown to be superior with both testers, i.e. in both half-sib progeny groups, indicating the presence of greatest number of favourable alleles. Thus, it can be included in further breeding programme, as the most perspective. The rest of the selected genotypes can also be considered perspective, but in the combination with an adequate tester.

Keywords: maize, grain yield, *GE* interaction, *AMMI* model, stability.

Садржај

1. УВОД.....	1
2. ЦИЉ ИСТРАЖИВАЊА.....	4
3. ПРЕГЛЕД ЛИТЕРАТУРЕ.....	5
3.1. Оплемењивање кукуруза.....	7
3.2. Стварање и тестирање инбред линија кукуруза.....	12
3.3. Варијанса и корелације између особина.....	17
3.4. Херитабилност.....	25
3.5. Интеракција генотип × спољашња средина.....	28
3.6. Униваријациони приступ.....	31
3.7. Мултиваријационе методе.....	33
3.8. Избор оптималног <i>АММИ</i> модела.....	39
3.9. <i>АММИ</i> биplot.....	41
3.10. Примена <i>АММИ</i> модела у анализи мултилокацијских огледа кукуруза и других биљних врста.....	42
4. РАДНА ХИПОТЕЗА.....	48
5. МАТЕРИЈАЛ И МЕТОД РАДА.....	49
5.1. Материјал.....	49
5.2. Пољски огледи.....	49
5.3. Статистичка анализа.....	52
5.4. Метеоролошки показатељи.....	56
6. РЕЗУЛТАТИ ИСТРАЖИВАЊА И ДИСКУСИЈА.....	59
6.1. Средње вредности приноса зрна и агрономских особина две групе полусродника кукуруза.....	59
6.2. Анализа варијансе приноса зрна и агрономских особина две групе полусродника кукуруза.....	64
6.3. Компоненте варијансе, херитабилност и коефицијент варијације.....	75
6.4. Корелациона анализа приноса зрна и агрономских особина две групе полусродника кукуруза.....	81
6.5. Анализа <i>GE</i> интеракције.....	86
6.5.1. Тестирање интеракције са изменом ранга.....	86
6.5.2. <i>АММИ</i> модел.....	87

6.5.3. Одређивање најбољих генотипова за спољашње средине на основу номиналних вредности приноса и груписање спољашњих средина.....	94
6.5.4. Визуелизација стабилности генотипова применом <i>АММ</i> модела.....	95
7. ЗАКЉУЧАК.....	102
8. ЛИТЕРАТУРА.....	104
9. БИОГРАФИЈА.....	121

1. Увод

Кукуруз (*Zea mays L.*) је страноопходна биљна врста коју одликује широка генетичка варијабилност. Захваљујући положају мушких и женских цвасти, односно њиховој раздвојености, могуће је лако извршити велики број жељених самоопходни и укрштања у току једне вегетационе сезоне. Ова општа карактеристика кукуруза, заједно са разноликошћу употребе и примене кукуруза у исхрани људи, стоке и у индустријској преради, веома је допринела развоју оплемењивања кукуруза, тако да је кукуруз једна од водећих биљних култура, имајући у виду развијеност оплемењивачких метода.

Оплемењивање кукуруза заснива се на принципу инбридинг – хетерозис, који је установљен још почетком прошлог века радовима *Shull-a* и *East-a* (*Hallauer and Miranda*, 1988). Генетичка основа хетерозиса није у потпуности објашњена до данашњих дана, али се емпиријске предности и оправданост примене не доводе у питање.

У оплемењивању кукуруза користе се различите методе карактеристичне како за страноопходне биљне врсте тако и за самоопходне. Комбинују се методе рекурентне селекције, којима је циљ поправка почетне популације, односно повећање фреквенције пожељних алела у популацији уз очување варијабилности, са педигре методом која има за циљ стварање инбред линија. Постојање хетеротичних група представља још једну специфичност оплемењивања кукуруза. Показало се у бројним истраживањима да сама по себи дивергентност између линија не представља довољно поуздан начин предвиђања супериорних хибридни комбинација, већ се дивергентност може боље искористити уколико се из оквира већ постојећих, емпиријски доказано комплементарних, хетеротичних група бирају линије које ће са елитном линијом из супротне хетеротичне групе дати добру хибридную комбинацију.

У процесу селекције неопходно је испитати варијабилност почетне популације и корелационе односе који у њој владају, првенствено између приноса, компоненти приноса и других особина. Комплексне особине, као што је принос зрна, показују ниже вредности херитабилности, услед већег броја генетичких фактора и фактора спољашње средине који утичу на њихово испољавање. Различити типови потомстава коришћени су да се на основу њих

донесе закључак о испитиваној популацији, међутим доминирају самооплодна потомства у различитим генерацијама самооплодње, и полусродничка потомства добијена укрштањем самооплодних потомстава (*S*) са различитим врстама тестера. Преовлађује мишљење да су најбољи инбред-тестери који припадају различитим хетеротичним групама од испитиване популације, јер се само тестирање може искористити за идентификацију супериорних комбинација односно парова, што је у сагласности са потребама комерцијалних оплемењивачких програма. Постоје и мишљења да треба исти материјал тестирати са два тестера различитих хетеротичних група и са различитим уделом пожељних алела у њиховим генотиповима. Елитни тестери, односно тестери са великим бројем пожељних алела могу испољити маскирајући ефекат у потомству, и смањити варијабилност потомстава, међутим с друге стране су погодни јер се евентуалне супериорне комбинације добијене са њима могу комерцијално користити. С друге стране, нешто лошији тестери са мањим бројем пожељних алела, немају такав комерцијални значај, али су разлике у потомствима веће, односно боље се уочавају.

Основни циљ оплемењивања кукуруза је стварање супериорних хибридни комбинација са високим и стабилним приносима. Интеракција генотип \times спољашња средина компликује процес оплемењивања кукуруза. Због тога оплемењивачи велику пажњу поклањају не само приносу, него и стабилности приноса у различитим спољашњим срединама. Кроз историју, развијени су многи модели за процену стабилности генотипова и анализу интеракције. У последње три деценије доминирају мултиваријациони модели, а нарочито *AMMI* и *SREG*. Бројни аутори дају предност *AMMI* моделу, због једноставнијег, разумљивијег тумачења резултата, јер не меша ефекте генотипа и ефекте интеракције генотип \times спољашња средина (*Gauch*, 2006). Други аутори дају предност *SREG* моделу, истичући његове веће могућности директног графичког приказивања ефекта генотипа и *GE* интеракције помоћу *GGE* биплота (*Yan et al.*, 2007).

Циљ *AMMI* модела је боље разумевање интеракције генотип \times спољашња средина, уз смањење необјашњене варијације, односно повећање прецизности процене вредности генотипова у различитим спољашњим срединама, и повећање поузданости предвиђања будућих реакција одабраних хибридни комбинација у сличним условима спољашњих средина. Основна претпоставка на којој се

инсистира је да су подаци процењени на основу оптималног *АММ* модела ближи стварним вредностима генотипова од оригиналних података, и да ће препорука односно одабир генотипова на основу номиналних вредности донети већи успех у оплемењивању (*Gauch, 2013*).

2. Циљ истраживања

Циљ ових истраживања је испитивање генетичке варијабилности, херитабилности и корелационих односа између приноса зрна и других агрономских и морфолошких особина две полусродничке (*half-sib*, *HS*) групе потомстава кукуруза, да би се на тај начин пружио одговарајући увид у генетички потенцијал популације уже генетичке основе НСА15 и сагледале могућности њеног искоришћења у будућем оплемењивачком раду.

Поред тога, овим истраживањима треба утврдити предности и недостатке коришћених инбред-тестера, као и то који је перспективнији за даљи рад са конкретном популацијом.

Потом, да се анализира интеракција полусродничких потомстава са спољашњим срединама и изврши идентификација генотипова са највишим и најстабилнијим перформансама за принос зрна, мултиваријационим *АММ* моделом.

3. Преглед литературе

Страноопходне биљне врсте показују много већу варијабилност и већи хетерозис од самоопходних, па на тај начин приликом оплемењивања и обећавају већу генетичку добит од селекције. Кукуруз је страноопходна биљна врста, и то се прво мора имати на уму када се размишља о селекционим техникама које се могу применити у оплемењивању. Захваљујући томе што има развојене цвасти на истој биљци, кукуруз је погодна биљна врста за изолацију цвасти и извођење жељених укрштања и самоопходњи у току процеса селекције. Услед лаке манипулације приликом укрштања, годишње невелики број људи који раде у једној оплемењивачкој групи може лако да изведе десетине па и стотине хиљада ручних укрштања и самоопходњи, и да добије стотине зрна из сваког покушаја (*Hallauer and Carena, 2009*). Вероватно су из тог разлога, као и услед економског значаја кукуруза као биљне културе у светским размерама, методе које се користе у оплемењивању најбоље развијене. Такође, кукуруз је једна од првих биљних врста чији је геном секвенциран – линија *B73*, а представља и значајан модел организам за фундаментална истраживања на пољу наслеђивања и функције гена, физичке везаности гена са хромозомима, механичке повезаности између цитолошких *crossover*-а и рекомбинација итд. (*Schnable et al., 2009*).

Током прошлог века приноси кукуруза су повећани осам пута, и то великим делом захваљујући оплемењивачима који су искористили хетерозис, универзални феномен који није до краја објашњен али који се веома успешно користи код кукуруза, вишеструко повећавајући принос хибрида у односу на инбред родитеље. Хетерозис представља генетичку експресију развојних разлика између хибрида и његових родитеља. Хибридна бујност је једна од највећих практичних примена генетике у свету пољопривреде, а највише се испољио код кукуруза. Концепт хетерозиса је дефинисан пре више од сто година, и даље се примењује у оплемењивању неколицине биљних врста. Кукуруз се по значају и успеху примене хетерозиса не може мерити ни са једном другом биљном врстом. Оплемењивање кукуруза на основу хетерозиса дало је најзначајније резултате и постигнути су највећи успеси.

Хетерозис и инбридинг депресија су два комплементарна феномена који се обично заједно проучавају. Савремене методе оплемењивања кукуруза су осмишљене тако да што боље искористе испољавање хетерозиса код укрштања инбред линија (*Hallauer et al.*, 1988). Сам концепт инбридинг – хетерозис, на коме се заснива савремено оплемењивање кукуруза настао је емпиријски (*Hallauer and Carena*, 2009), односно примећана је и веома коришћена појава хетерозиса, а да генетичка основа појаве није до краја објашњена.

Почетком прошлог века, *East* и *Shull* су, независно један од другог, развили концепт хибридне бујности код кукуруза (*Shull*, 1952; *Hayes*, 1963). Уочено је да је генетичка различитост родитеља у укрштању важна за испољавање хибридне бујности, али сама величина генетичке дивергентности између родитеља не значи и највећи хетерозис. Највиши ниво хетерозиса се испољава по хетеротичном образцу тј. између хетеротичних група. (*Hallauer and Carena*, 2009). На пример, добро је познато да инбред линије изведене из *Iowa Stiff Stalk Synthetic*-а (*BSSS*; синтетичка популација на којој је рађена полусродничка рекурентна селекција и хетеротична група) дају најбоље хибридне комбинације са инбред линијама из *Lancaster Sure Crop* (сорта – популација слободне оплодне и друга хетеротична група). Хетеротични обрасци су постављени повезивањем јачине хетерозиса у хибридним комбинацијама са пореклом родитеља укључених у укрштања (*Hallauer et al.*, 1988).

Било је потребно 50 година да би се хетерозис на прави начин искористио тј. да би се идентификовале комбинације које дају хибриде са највећим приносима. За предвиђање најбољих хибридних комбинација у процесу оплемењивања биљака неопходно је добро познавање селекционог материјала и интензивно тестирање кроз мрежу огледа. Модерни истраживачки приступи засновани на ДНК маркерима (*Stuber*, 1994; *Melchinger*, 1999) су били веома корисни у проучавању генетичке дивергентности али су имали веома ограничену употребну вредност у предвиђању хетеротичних комбинација. Истраживања на том пољу нису била успешна због тога што је требало идентификовати и друге особине популације, као што су значај доминантних генетичких ефеката (*Falconer and Mackay*, 1996) или конзистентне проверене везе (енгл. linkage) између ДНК

маркера и локуса (*Quantitative trait loci, QTL*) за одређену квантитативну особину (*Dudley, 1993*). Стога је процена перформанси укрштања између група заснованих на генетички различитим родитељима пресудна за идентификацију хетеротичних образаца (*Melchinger, 1999*). Када је једном хетеротични образац установљен, идентификација најбољег хибрида је једноставнија и ефикаснија (*Hallauer et al., 1988*).

3.1. Оплемењивање кукуруза

Постоји неколико различитих фаза свеобухватног програма оплемењивања кукуруза које је неопходно познавати са теоријског и методолошког становишта јер представљају функционалну целину.

Предселекција подразумева интродукцију (увођење), прилагођавање, процену и побољшавање извора гермплазме ради коришћења у програмима селекције. Предселекција обично не даје непосредно нове сорте за произвођаче, она пре ствара почетну гермплазму која се било непосредно или посредно користи за добијање нових сорти (*Hallauer and Carena, 2009*).

Под егзотичном гермплазмом се најчешће подразумева сваки материјал који потиче из другог географског подручја било тропског, суптропског или умереног, а није адаптиран на подручју на коме намерава да буде коришћен. У ширем смислу, под термином егзотична гермплазма, подразумева се сваки материјал (гермплазма), без обзира на степен адаптираности, који није укључен у селекцију и евалуацију ради коришћења у комерцијалном оплемењивачком програму (*Lonnquist, 1974*). *Lonnquist* -ова дефиниција се односи на кукурузни појас САД-а, али се може применити и за било које друго подручје где се кукуруз интензивно гаји и за које се врши оплемењивање. Под егзотичном гермплазмом у ужем смислу, подразумевају се популације и инбред линије из тропских и суптропских зона које се интродукују у умерене зоне (*Ivanović, 1986*). Приликом увођења егзотичне гермплазме, поставља се питање у ком проценту треба да буде заступљена у почетној популацији за селекцију. У теоријским испитивањима је закључено да је пожељно урадити барем једно повратно укрштање са локалним родитељем (25% егзотичне гермплазме), а да би додатно повратно укрштање

требало урадити само ако је генетичка удаљеност између родитеља велика (Dudley, 1982). Vasić *et al.* (2006) су, између осталог, испитивали утицај различитих пропорција егзотичне (тропске) гермплазме на принос зрна и влагу у берби, и дошли до закључка да се NC298, линија кукуруза са тропском гермплазмом, може унети у оплемењивачки материјал умереног подручја тако да чини 25% почетне популација за оплемењивање на принос и влагу зрна.

Процена вредности егзотичне гермплазме најчешће се врши на основу диалелних укрштања у која је укључена и адаптирана гермплазма и на основу перформанси из тест-укрштања, у којима је егзотична гермплазма укрштена са адаптираним тестерима из постојећих хетеротичних група. Goodman (1999) је констатовао повећање процента који егзотична гермплазма чини у примењеним оплемењивачким програмима са 1% у 1984 на 3% у 1996. Ипак, у свом сумарном прегледу Mikel and Dudley (2006) износе да већи део гермплазме која се користи у оплемењивачким програмима потиче од 7 линија, а 63% линија имају гермплазму која потиче из BSSS, а сам BSSS је добијен '30-тих година прошлог века укрштањем 16 инбред линија од којих је велика већина имала гермплазму истог порекла (*Reid Yellow Dent*). Ови подаци само илуструју сужење генетичке варијабилности у комерцијалним програмима оплемењивања кукуруза. С обзиром да је кукуруз биљна врста са релативно великом варијабилношћу, процењено је да се сада користи у оплемењивачким програмима тек мање 5% укупне варијабилности кукуруза (Hallauer and Carena, 2009).

Стварање великог броја инбред линија, задовољавајућих агрономских особина *per se*, обично није проблем. Међутим, међусобно укрштање инбред линија не даје увек хетерозис. Из тог разлога потребно је пажњу посветити и испитивању комбинационих способности појединих линија. Испитивање комбинационих способности генотипова олакшава селекционерима избор супериорних генотипова из неког генетичког материјала. Са тим циљем, развијено је неколико техника које су засноване на генетичком концепту испитивања потомства, односно фамилија, путем огледа постављених по одговарајућем дизајну.

Прве инбред линије добијене су из домаћих, аутохтоних сорти и популација које су биле у потпуности адаптиране условима спољашње средине где се селекција изводила. Фреквенција пожељних алела за одговарајуће агрономски значајне особине је била мала, па је постало јасно да даље коришћење тог материјала неће обезбедити напредак у оплемењивању кукуруза. Из тог разлога се прешло на укрштање елитних инбред линија у циљу стварања F_2 популација које су представљале нови почетни материјал за добијање инбред линија. Касније је селекција у оквиру F_2 и BC (*backcross*) популација постала широко позната под називом педигре селекција и најважнија метода за добијање инбред линија (*Hallauer, 1990*). Временом је примећено да је употребом педигре методе драстично смањена генетичка варијабилност хибрида. Да би се обезбедили нови извори гермплазме, биле су потребне нове методе које ће омогућити континуирани прогрес у стварању инбред линија, уз истовремено одржавање генетичке варијабилности. Методе рекурентне селекције су се развиле како би се систематски побољшала гермплазма кукуруза (*Hallauer, 1992*).

Као оплемењивачка метода, рекурентна селекција је развијена да би побољшала особине популације и одржала генетичку варијабилност за наставак селекције. Побољшање особина популације резултира повећањем фреквенције пожељних алела, чиме се повећава вероватноћа добијања инбред линија супериорних комбинационих способности (*Guzman and Lamkey, 2000*). Развијене су бројне методе рекурентне селекције, али полусродничка рекурентна селекција (*half-sib, HS-RS*) унутар популације је метода која је најчешће коришћена у примењеним програмима селекције кукуруза. За разлику од рекурентне селекције S_1 и S_2 самооплодног потомства заснованој на перформансама самих самооплодних потомстава, *HS-RS* се заснива првенствено на њиховим перформансама у укрштањима са другим генотиповима - тестерима, односно на комбинационим способностима. Фаза тестирања такође може да утиче на одлуку о употреби *HS-RS*, која наглашава рано испитивање комбинационих способности. Рано тестирање је корисно, а селекција унутар инбред потомстава пре извођења скупих огледа за принос је пожељна. Добијање *HS* потомстава која се процењују се може извести укрштањем S_0 или S_1 биљака са тестером. Главна предност употребе S_1 биљака у добијању *HS* потомстава је у томе што се S_1 потомства могу

оценити при одабиру S_1 биљака пре укрштања. S_1 потомства могу бити укључена у разна тестирања на патогене или стресне факторе средине (густа сетва нпр.), а селекција се може вршити и у свим фазама развоја биљке. На основу учинка HS потомстава у огледима одређује се која ће се S_1 потомства одабрати за даљи рад.

Рекурентна селекција има за примарни задатак повећање фреквенције пожељних алела у популацији уз што је могуће мање смањење варијабилности популације. Различите методе рекурентне селекције са различитом успешношћу одговарају на овај задатак. Директним поређењем $HS-RS$ и селекције на бази S_1-S_2 потомстава бројни аутори (*Horner et al.*, 1973, 1977, 1989; *Horner*, 1985; *Tanner and Smith*, 1987; по *Stojniću*, 1995) су утврдили већу ефикасност $HS-RS$ у поправци општих и посебних комбинационих способности (ОКС и ПКС), уз континуирано повећање приноса популације *per se* и у каснијим циклусима селекције, док је S_1-S_2 фамилијска селекција била ефикаснија за повећање како приноса популације *per se*, тако и S_1 потомстава. Ова релативна неефикасност S_1-S_2 фамилијске селекције за повећање комбинационих способности синтетичких популација објашњава се ниским корелацијама за принос између линија (S_1-S_7) и њихових хибрида (*Stojnić*, 1995).

Рекурентном селекцијом на бази S_1-S_2 потомстава се релативно брзо (два до четири циклуса) долази до фиксације алела (*Hallauer*, 1989), смањује се укупна варијабилност, а повећава удео адитивне компоненте варијансе у генетичкој варијанси. Из тог разлога се само у почетних неколико циклуса добија очекивани напредак, а касније напредак изостаје, а услед елиминације штетних (рецесивних) алела из популације долази до ублажавања инбридинг депресије (*Tanner and Smith*, 1987; *Rodriguez and Hallauer*, 1988). С друге стране, код $HS-RS$ није забележено значајно смањење генетичке варијабилности за принос зрна ни после седам циклуса селекције на $BSSS$ популацији (*Lamkey*, 1992). Зато, S_1-S_2 фамилијску селекцију треба користити највише у два до четири почетна циклуса (*Hallauer*, 1989), а затим прећи на $HS-RS$, уз коришћење инбред линије као тестера. *Hull* (1945) је предложио да треба извести паралелне огледе и извршити рекурентну селекцију на основу инбред потомстава (S_1 или S_2) и на основу HS потомстава са коришћењем инбред линије или једноструког хибрида као тестера

са истом почетном популацијом, и на тај начин коначно стећи увид у релативну важност адитивне у односу на неадитивне ефекте гена код кукуруза. *Tanner and Smith* (1987) као и *Horner et al.* (1989) су извели огледе по *Hull*-овом предлогу, и у оба истраживања су показала да је селекција на основу самооплодних потомстава у почетним циклусима била боља од *HS-RS*, а да је у каснијим циклусима *HS-RS* дала боље резултате. *Horner et al.* (1989) додају да је за бољи учинак *HS-RS* заслужан ефекат супердоминације који се испољава код *HS* потомстава, док су *Tanner and Smith* (1987) своје резултате објаснили углавном адитивним ефектима гена.

Hallauer and Miranda (1988) дали су опсежан преглед различитих метода рекурентне селекције и параметара за предвиђање генетичке добити селекције. Избор одређене методе рекурентне селекције зависи од особине на коју се врши селекција, генетичких параметара који се односе на ту особину, као и расположивих техничких могућности. Масовна рекурентна селекција, као најстарија и најједноставнија метода, била је ефикасна за поправку особина са релативно високом херитабилношћу, као што су рецимо отпорност на болести, садржај влаге у зрну, рано цветање, отпорност на инсекте, величина зрна. За комплексније особине ефикасније су компликованије методе рекурентне селекције. *HS-RS* је вероватно највише примењивана од свих метода оплемењивања кукуруза. Оба оригинална предлога за примену ове методе подразумевају употребу тестера за добијање полусродничких потомстава. *Jenkins* (1940) је користио изворну популацију као тестер и на тај начин испитивао више опште комбинационе способности, док је *Hull* (1945) предлагао коришћење инбред линије или једноструког (*single-cross*) хибрида као тестера (посебне комбинационе способности). *Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS)* - синтетичка популација, створена 1934. године укрштањем 16 инбред линија, је једна од првих над којом је започета *HS-RS* на опште комбинационе способности уз помоћ тестера шире генетичке основе, двоструког (*double-cross*) хибрида *IA13* (*Hallauer*, 1992). Полусродничка рекурентна селекција је извођена до 1970. год. Изведено је седам циклуса *HS* селекције, а потом је замењена селекцијом на бази самооплодних потомстава (S_1 - S_2). *HS-RS* је била веома ефикасна и дала је инбред линије *B14*, *B37*, *B73* и *B84*, које су широко коришћене за добијање

високоприносних хибрида и као извор за даљу педигре селекцију и добијање реселекционисаних елитних инбред линија (*Mikel and Dudley, 2006*).

Друге методе рекурентне селекције су много мање коришћене у оплемењивању кукуруза, али не треба заборавити њихово постојање нити умањивати њихов теоријски и практични значај. Програм оплемењивања кукуруза који *CIMMYT* примењује у већој мери од других користи методу *full-sib* рекурентне селекције.

Hallauer (1985) сматра да рекурентну селекцију не треба посматрати одвојено од практично примењивих програма селекције, јер корисност рекурентне селекције се може сагледати само ако је интегрисана у комерцијални оплемењивачки програм за добијање супериорних хибрида.

3.2. Стварање и тестирање инбред линија кукуруза

Стварање хибрида кукуруза подразумева три корака: 1) одабир биљака из различитих извора гермплазме; 2) самооплодња одабраних биљака кроз неколико генерација да би се добиле серије инбред линија, које, иако међусобно различите, постижу велику униформност, 3) укрштања одабраних инбред линија са несродним инбред линијама да би се добила хибридна потомства (F_1).

Педигре метод селекције и његове модификације је најчешће коришћен метод за добијање инбред линија кукуруза. Он подразумева потпуно познавање почетног материјала, вођење детаљне евиденције о потомству и њиховој сродничкој повезаности, да би се њихов генетички идентитет одржао током инбридовања, селекције и тестирања. У почетку је педигре селекција рађена на популацијама слободне оплодње које су биле адаптиране у подручјима где су се налазиле селекционе станице. Прве корисне инбред линије су добијене управо на тај начин, али убрзо је постало очигледно да даље добијање линија из истог почетних материјала неће донети побољшања. Зато је следећи потез био укрштање најбољих инбред линија из почетних популација, комплементарних једна другој, самооплодња F_1 биљака, развијање F_2 популација и даља примена педигре селекције на њима (*Hallauer et al., 1988*). F_2 популације су најчешћи изворни материјал (37%) који се користи за добијање инбред линија (*Bauman,*

1981). Значајно место као изворни материјала у процесу педигре селекције заузимају и популације шире (15%) и уже генетичке основе (16%) поправљене селекцијом на одређену особину, као и популације добијене укрштањем неколико елитних инбред линија (14%) било сродних или несродних (*Bauman*, 1981).

Иако се могу користити различити извори материјала за стварање почетне популације за педигре селекцију, данас је у оплемењивачким програмима уобичајено коришћење F_2 популације, уске генетичке основе, настале укрштањем две елитне инбред линије које припадају истој хетеротичној групи (*Hallauer and Miranda*, 1988).

Метод повратних укрштања је модификација педигре метода и заузима значајно место у већини оплемењивачких програма. Обично се користио за уношење једне пожељне особине која се једноставно наслеђује из линије донора у елитну линију тзв. рекурентног родитеља (гени за толерантност на болести, штеточине, хербициде, цитоплазматичну мушку стерилност, рестаурацију фертилности итд.). Међутим, уколико се ради о селекцији на неку комплекснију особину (принос нпр.), потребне су извесне модификације метода. Веома је тешко поправити елитну линију, јер се укрштањем нарушавају блокови везаних пожељних гена који у њој постоје, зато је неопходно извршити једно или више повратних укрштања са елитном линијом да би се повећао удео елитне гермплазме. *Bauman* (1981) сматра да би једно до два повратна укрштања праћена даљом селекцијом била прикладнија него враћање целог генома рекурентног родитеља. Таква модификација метода повратног укрштања дозвољава одабир потенцијалних трансгресивних сегреганта, који би можда били елиминисани даљим повратним укрштањима са рекурентним родитељом. Почетне популације добијене повратним укрштањем (*backcross*, *BC*) представљају значајан извор за стварање инбред линија, можда најзначајнији после F_2 популација.

Свака родитељска инбред линија која се користи у укрштањима представља јединствену комбинацију гена. Комбиновани ефекти гена дефинишу како преформансе инбред линије тако и њене хибридне комбинације. *Smith et al.* (1990) у свом раду износе доказе да су све такве линије различите и да могу бити једнозначно идентификоване на бази генетски контролисаних молекуларних

маркера. Већина економски значајних особина кукуруза су квантитативне, односно под контролом гена са већег броја локуса, и постоји огроман број јединствених комбинација тих гена у садашњем елитном материјалу. Да није тако, даљи прогрес у селекцији кукуруза уз коришћење елитних линија не би био могућ (*Hallauer and Miranda*, 1988). Истраживања *Duvick*-а (1992) и *Russell*-а (1983) показала су да је, у последњих 50 година, стопа генетичког унапређења комерцијалних хибрида била између 1 и 2 % годишње.

Тест потомства је *Allard* (1960) дефинисао као тестирање вредности генотипа на основу перформанси његовог потомства добијеног неким одређеним системом укрштања. Ову ефикасну процедуру употребио је *de Vilmorin* 1850. у Француској ради повећања садржаја шећера у селекцији шећерне репе. Тест потомства у селекцији кукуруза први пут је применио *Hopkins* 1899, започевши добро познати програм клип-на-ред полусродничке селекције на садржај уља и протеина у зрну кукуруза (*Hallauer and Miranda*, 1988).

Sprague and Tatum (1942) су представили концепт општих и посебних комбинационих способности, предложивши употребу тест потомства односно тест-укрштања. Циљ је пронаћи тестер који омогућује најбоље раздвајање генотипова већ према циљу селекције. *Rawlings and Thompson* (1962) су дефинисали да је добар тестер, онај који правилно раздваја релативни учинак линија и који прави разлику међу линијама које се тестирају. *Vasal et al.* (1992) наглашавају значај тестера, истичући да успех у оплемењивању кукуруза зависи од одабира најпогоднијих тестера за селекцију супериорних линија уз значајно смањење трошкова и рада. *Hull* (1945, 1946, 1952) сматра да би теоретски најефикаснији тестер био онај који би био рецесивни хомозигот за све локусе. Идеални тестери треба да омогуће веће испољавање генетичке варијабилности у потомству из тест укрштања (*Russell*, 1961). Рецесивне хомозиготне линије и популације са ниском фреквенцијом пожељних алела би требали да буду добри тестери у програмима оплемењивања, да би нове линије са високим фреквенцијама пожељних алела биле лакше идентификоване коришћењем тих тестера (*Smith*, 1986; *Hallauer et al.*, 2010).

С друге стране, коришћење тестера са високим фреквенцијама пожељних алела пружа могућност идентификовања најбољих укрштања (комбинација), оних са најбољим посебним комбинационим способностима са тим тестерима. У овом случају, тестери би требали да буду елитне линије селекционог програма различитих хетеротичних група, да би новоидентификована линија из супериорног укрштања директно могла да постане компонента комерцијалног хибрида (*Hallauer and Carena, 2009*).

Lopez-Perez (1979, по Hallauer and Miranda, 1988) је у свом опсежном истраживању, које је укључивало 50 неселекционисаних S_1 и 50 неселекционисаних S_8 линија, поредио утицај пет различитих тестера, одабраних на основу њихове очекиване различите фреквенције пожељних алела за принос зрна, на процену вредности неселекционисаних линија. *BS13(S)C1* (побољшана верзија *BSSS*) и *B73* (елитна линија) су имале мању варијабилност у тест-укрштањима од *BSSS* (изворна родитељска популација) и *BSSS-222* (линија изведена из *BSSS* популације, једна од линија са најслабијим перформансама *per se*). Процене указују да је варијабилност код тест-укрштања мања за тестере код којих је фреквенција пожељних алела већа и који су у сродству са испитиваним линијама. Код *Mo17*, елитног тестера несродног са испитиваним линијама, варијабилност S_1 тест-укрштања је била слична као код тест-укрштања са *BSSS* и *BSSS-222*, код којих је процењена мања фреквенција пожељних алела за принос зрна.

Избор тестера је у последње време везан за хетеротичне групе и на крају крајева за добијање хибрида, стога и у почетним и у каснијим тестирањима нових инбред линија за тестере треба користити инбред линије које представљају елитну гермплазму селекционог програма. Приоритет треба дати линијама из супротних хетеротичних група над тестерима са слабијим преформансама *per se*, за исту генетичку варијабилност која се код тест-укрштања остварује. (*Hallauer and Carena, 2009*). Циљ оплемењивања може, такође да буде унапређење једне од родитељских компоненти већ постојећег доброг хибрида. У случају да се поправља компонента оца ради поправке хибрида, мајчинска компонента хибрида је логичан избор тестера (*Dudley, 1982*).

Рано тестирање инбред линија су предложили *Jenkins* (1935) и *Sprague* (1939, 1946). и оно се у два главна аспекта разликује од уобичајене процедура тестирања инбред линија: 1) S_0 биљке се укрштају са тестером у време прве самооплодне и утврђују се комбинационе способности и опште перформансе тест-укрштања; 2) прво одбацивање омогућује веће усредсређивање пажње на потомства која више обећавају (боље се комбинују) у току S_1 и S_2 генерација, односно постоје веће могућности селекције у оквиру постојећих линија (*Sprague*, 1946 по *Hallauer and Miranda*, 1988).

Jensen et al. (1983) и *Lile and Hallauer* (1994) су проучавали корелације између перформанси тест-укрштања добијених тестирањем линија у ранијим (S_1 , S_2) и у каснијим (S_4 , S_5) генерацијама самооплодне и добили високе корелације ($r = 0,67$; $r = 0,97$ и $0,86$) код селекционисаних потомстава, више него *Hallauer and Lopez-Perez* (1979) који су испитивали неселекционисана потомства ($r = 0,34$ и $0,42$).

Horner et al. (1973) поредили су три методе рекурентне селекције: 1) селекцију на посебне комбинационе способности са инбред линијом као тестером, 2) селекцију на опште комбинационе способности са родитељском популацијом широке основе (*broad-base parental population*) и 3) селекцију на принос S_2 линија *per se*. Метода *RS* са инбред тестером се показала најефикаснијом, а линија која је коришћена као тестер била је хомозиготно рецесивна за многе важне локусе, то је омогућило већу варијабилност тест-укрштања и успешнију селекцију пожељних, доминантних алела него што је то тестер шире основе омогућавао.

Комбинована селекција на основу самооплодних потомстава у S_1 и/или S_2 генерацији и процена потомстава на основу тест-укрштања у S_1 или S_2 генерацији је уобичајена пракса комерцијалних програма оплемењивања кукуруза (*Hallauer and Carena*, 2009). Селекција на бази тест-укрштања се показала врло ефикасном за добијање генетски побољшаних хибрида, али се мора водити рачуна и о перформансама линија *per se* због успешности семенске производње.

3.3. Варијанса и корелације између особина

Генетичка варијабилност почетне популације је од изузетног значаја за оплемењивање и један од предуслова да би се селекција вршила. Савремени оплемењивачки програми код којих се елитне инбред линије „рециклирају“, прерађују, тј. укрштају међу собом, затим се из F_2 добијају инбред линије, и тај се процес понавља из циклуса у циклус, имају веома сужену генетичку основу. Потребан им је свеж материјал који уноси нове алеле да би оплемењивачки поступак даље напредовао. Да би се повећала варијабилност оплемењивачког материјала потребно је интродуковати у програм гермплазму из различитих извора, са различитих меридијана и паралела на којима се кукуруз у свету гаји, било да је реч о тропским, суптропским или умереним климатским зонама.

Коефицијент генетичке варијације, као релативни показатељ, је веома значајан јер омогућује поуздано поређење висина генетичких варијабилности између различитих особина, типова потомства и између различитих истраживања уопште.

За успешан селекциони рад на некој биљној врсти и популацији у оквиру те биљне врсте, потребно је познавање структуре фенотипске и генетичке варијабилности, али и познавање међусобних односа важнијих агрономских и морфолошких особина, а нарочито повезаност са приносом. Променом једне особине под дејством селекције мењају се и друге особине и то у степену који одговара њиховој корелационој повезаности. Сем приноса, код кукуруза важне су и друге особине, па је потребно вршити паралелну селекцију на две или више особина.

Циљ комерцијалних селекционих програма је добијање нових инбред линија које се комбинују тако да дају хибриде са високим приносом зрна и супериорним агрономским особинама. Такве су: отпуштање влаге у зрну у берби, релативна раностасност, отпорност на полагање и лом стабла, квалитет зрна, отпорност на болести и инсекте. Додатно, линије *per se* морају бити задовољавајућих перформанси за особине које се тичу родитеља, као што су: принос зрна, величина зрна, продукција полена, односно све које утичу на

способност обезбеђивања родитељских линија доброг квалитета за укрштања. За ове особине показало се да су под утицајем већег броја гена. Стога, да би нека инбред линија била изабрана, потребно је да се комбинује тако да хибрид има жељене особине а такође да је довољно добра *per se*, као родитељска линија, да задовољи потребе семенске производње.

Корелација, мерена коефицијентом корелације, представља меру повезаности, генетичке или негенетичке, између две или више особина. Ако постоји генетичка повезаност, селекција на једну особину изазваће промене друге особине, на основу корелационог одговора. Корелациона повезаност може бити условљена генетичким деловањем и/или деловањем спољашње средине. Као основни узроци генетичких корелација обично се наводе плејотропни ефекат гена и/или дисеквилибријум услед везаности гена (*linkage disequilibrium*). Међутим када гени нису блиско везани, *linkage disequilibrium* нема значајан утицај на корелацију између особина у популацији слободне оплодње. У том случају постојање генетичке корелације се већим делом приписује плејотропним ефектима.

У оплемењивању биљака, генетичке и фенотипске корелације су веома важне. Генетичке корелације се односе само на генетичке узроке. Израз генетичке корелације је подеснији када се у обзир узму сви генетички ефекти (у ширем смислу, има већу примену код самооплодних биљних врста), а када се имају у виду само адитивни ефекти, онда је боље користити адитивне генетичке корелације (код странооплодних врста као што је кукуруз). Фенотипске корелације укључују и генетичке ефекте и ефекте спољашње средине.

Познавање корелационих односа је веома важно у оплемењивачким програмима да би се знало да ли ће и како селекција на једну особину изазвати промене код друге особине. Та индиректна промена је позната под именом корелациони одговор и може се предвиђати на исти начин као и директни одговор.

Индиректна селекција представља селекцију код једне особине са намером да се изазове жељени одговор код друге особине. Примењује се обично када је

особину на коју се врши селекција лакше проценити него особину чији индиректни одговор желимо добити. На пример *Hunter et al.* (1969) и други аутори (*Buren et al.*, 1974; *Mock and Schuetz*, 1974) сматрају да би селекција на мању метлицу повећала ефикасност биљке кукуруза, али је директну селекцију на масу метлице прилично тешко извести са задовољавајућом прецизношћу. Број грана по метлици се може лакше и са великом тачношћу проценити па је зато индиректна селекција показала већи успех. Наравно, великог утицаја на индиректну селекцију има и херитабилност особине на коју се врши селекција. Што је херитабилност особине на коју се врши селекција већа и што су генетичке корелације између особина веће и успех индиректне селекције је сигурнији (већи).

Селекција на бази секундарне особине ради добијања позитивне реакције код жељене примарне особине назива се индиректна селекција. Висока генетичка корелација између датих особина, као и висока херитабилност секундарне особине представљају предуслове за успешну индиректну селекцију уз мање трошкове и за мање времена. Маркер асистирана селекција почива на истим принципима. Неопходно је постојање веома високе корелационе повезаности између маркера и особине, као и висока херитабилност.

За генетичку анализу различитих типова популација кукуруза створени су различити модели укрштања јединки из популације које представљају репрезентативни узорак (*NC* дизајн 1, 2 и 3, *Hallauer and Miranda*, 1988), међутим за процене истих параметара користе се и различити типови потомстава из дате популације. Најважнији генетички параметри су средња вредност, генетичка и фенотипска варијабилност, херитабилност и генетичке корелације између најважнијих особина.

Процене генетичких корелација између линија *per se* (*S*) и перформанси тест-укрштања (*HS*) знатно варирају за различите биљне врсте, особине и генерације самооплодње. Код кукуруза, за особине које се одликују малим хетеротичним ефектима и великом херитабилношћу, нпр. влага зрна, дужина клипа или време цветања, ове корелације могу бити средње до високе. Међутим, за комплексне особине, са израженим хетеротичним ефектом, као што је принос зрна, ове корелације су ниске (*Hallauer and Miranda*, 1988). На основу наведеног,

може се закључити да се ефикасна селекција заснована на линијама *per se* може вршити код особина са високом херитабилношћу, али не и код приноса зрна, па се стога линије које ће се користити у хибридним комбинацијама морају одабрати на основу оцене вредности њихових тест-укрштања (Mihaljević, 2005). Разлози за ниске генетичке корелације између вредности линија *per se* и тест-укрштања што се тиче приноса зрна могу бити следећи: 1) код каснијих генерација самооплодне неселекционисаног материјала, рецесивни гени са штетним дејством у хомозиготном стању, 2) код раних генерација самооплодне, линије *per se* су под утицајем различитих нивоа хетерозиготности што није случај код тест-укрштања, и 3) епистатично деловање гена. Smith (1986) је теоретски приказао да се ниске корелације између *S-HS* потомстава могу скоро у потпуности објаснити једноставним моделом са само адитивним и доминантним ефектима гена. Дакле, корелације *S-HS* су линеарна функција пропорције локуса за које инбред-тестер поседује пожељне алеле у хомозиготном стању. Са повећањем пропорција ових локуса, *S-HS* корелације опадају јер се генетичка варијанса смањује услед маскирајућег ефекта доминантних алела тестера над непожељним алелима линија које се тестирају. Стога би, однос генетичких варијанси *S* и *HS* потомстава требало да буде процена генетичке конституције тестера и да наговести ефекте гена који преовладавају. Stuber et al. (1973) и Crow (1999) наводе да иако су епистатични ефекти гена евидентни, интензитет њиховог деловања није довољан да омета предвиђања вредности тест-укрштања на основу модела који не узима у обзир епистазу.

На основу тест-укрштања се могу идентификовати линије са високим фреквенцијама пожељних алела којих нема (или имају ниске фреквенције) код тестера. Међутим, може се десити да линије са добрим вредностима тест-укрштања са елитним тестером могу имати лоше *per se* перформансе. И поред оваквог ризика, у литератури је предност, као ефикаснијој методи, дата селекцији на основу перформанси тест-укрштања у односу на комбиновану селекцију на бази линија *per se* и тест-укрштања, наравно уколико се не користи неадаптирани материјал (Gallais, 1997).

Према теоријској симулацији, код надпросечних линија које потичу из бипаренталних (F_2) популација, генетичке S - HS корелације би биле 0,5 и ниже (Smith, 1986). Генетичке S - HS корелације за принос зрна које је у свом раду добила Mihaljević (2005) су у сагласности са горе наведеним, биле ниске и нису прелазиле ниво од 0,5.

Док се S - HS корелације ослањају на сумарне ефекте свих гена који утичу на S и HS потомства за дату особину, анализа QTL -ова пружа могућност објашњења на основу корелација на молекуларном нивоу тј. за сваки генетички фактор. Боље разумевање наслеђивања квантитативних особина може довести до развоја бољих оплемењивачких стратегија. У литератури, пропорција заједничких QTL -ова откривених за S и HS је била највећа за висину биљке и клипа са несродним тестером, а најмања за принос зрна са сродним тестером (Austin et al., 2000). Ови резултати су у складу са висином генетичких S - HS корелација процењених за дате особине. За принос зрна, према томе, треба одређивати QTL -ове на основу HS потомстава добијених са несродним тестером уколико се жели њихова употреба у маркер асистираној селекцији (MAS - *Marker-assisted selection*). Овај тип потомстава треба користити и у тренинг популацијама геномске селекције (GS - *Genomic selection*; Bernardo and Yu, 2007; Schulz-Streeck et al., 2012). Коришћење наведених тест-потомстава такође одговара и начину тестирања у комерцијалним оплемењивачким програмима.

Ivanović et al. (1987) су испитивали корелације за принос зрна између одговарајућих самооплодних (S), полусродничких (HS – *half-sib*) и потомстава у пуном сродству (FS – *full-sib*) код популација уске и широке генетичке основе. Највећа корелација је забележена између оних потомстава која су добијена из саме популације (S и FS) без обзира на композицију популације, и код популације уже и код популације шире основе. Ниске корелације између фамилија добијених тест-укрштањима (HS) и S и FS потомстава могу се објаснити маскирајућим ефектом елитне линије – тестера (указују на маскирајући ефекат пожељних доминантних алела које носи елитна линија – тестер). Идентификована су два потомства за популацију шире основе, односно једно за популацију уже основе који су се налазили у најбољих 10 код сваког од три врсте потомстава (S , HS и

FS), указујући да те линије поседују пожејне доминантне алеле, и имају мање штетних рецесивних. Аутори закључују да комбинована симултана селекција на основу различитих типова потомстава може резултовати новим инбред линијама унапређеним како за адитивне тако и за неадитивне ефекте гена.

Fountain and Hallauer (1996) испитивали су генетичку варијансу и херитабилност приноса, компоненти приноса и других морфолошких особина три F_2 популације кукуруза, три популације уске генетичке основе и три популације шире генетичке основе на основу по 50 S_1 потомстава на три локације у две године. Просечна процена генетичке варијансе за принос зрна F_2 и популација шире генетичке основе је била на приближно истом нивоу, док је просечна процена генетичке варијансе популације уске генетичке основе била за 40 % мања. F_2 популације добијене из укрштања *B73-B84*, *B90-Mo17* и *B73-Mo17*, су показале релативно велику генетичку варијабилност, јер су добијене (две од три) укрштањем линија које припадају супротним хетеротичним групама. Једна F_2 популација добијена укрштањем сродних линија, *B73-B84*, обе *BSSS*, показала је око 50% мању генетичку варијабилност од остале две. Варијабилност F_2 и популација шире генетичке основе указује на већи потенцијал унапређења од популација уске генетичке основе.

Испитујући утицај селекције на генетичке показатеље *BSSS* популације, *Stojnić* (1995) је, на основу тест-потомстава утврдио високо значајне генетичке корелационе везе приноса са дужином клипа (0,881**), пречником клипа (0,829**), масом 1000 зрна (0,754**) и дубином зрна (0,726**) код почетне популације (*C0*), које су се даљом селекцијом појачавале. Исти аутор сматра да је најефикаснији метод побољшања приноса директна селекција на принос, и истиче да на тај начин долази до промене корелационих односа између компоненти приноса али су оне усмерене на добијање физиолошки ефикаснијих генотипова који дају веће приносе.

Srećkov (2009) је испитивала генетичке показатеље високоуљане популације кукуруза *NSU₁*, на основу тест-укрштања S_1 потомстава са међусобно сродна, а са популацијом несродна инбред-тестера, *568NS* и *B73*. Најјаче генетичке корелационе везе утврђене су између висине биљке и висине клипа

(0,944) код $NSU_1 \times 568NS$ потомстава и између висине биљке и дужине клипа код $NSU_1 \times B73$ потомстава (-0,864).

Živanović (1997) је испитивао утицај додатних рекомбинација на варијабилност, и међузависност квантитативних особина код популација уске генетичке основе са 25% унесене (инкорпориране) егзотичне гермплазме на основу перформанси S_1 потомстава и дошао до закључка да су додатне рекомбинације значајно утицале на промене генетичке и фенотипске варијабилности за све испитиване особине, осим за принос зрна. Варирање се смањило изразитије до трећег а слабије до петог циклуса рекомбиновања за све особине сем за масу 1000 зрна, код које је дошло до повећања. Најјача генетичка корелациона зависност утврђена је код почетне популације између приноса и броја редова зрна (0,56) и приноса зрна и дужине клипа (0,50). Додатни циклуси рекомбинација утицали су на смањење међузависности приноса и броја редова зрна (0,26 у трећем и 0,12 у петом циклусу) и на повећање корелативне везе приноса са дужином клипа (0,71 у трећем и 0,70 и петом циклусу).

Проучавајући корелационе односе у популацији уске генетичке основе на основу S_1 потомстава *Dorđević and Ivanović* (1996) су утврдили средње јаку високо значајну корелациону зависност између висине биљке и висине клипа (0,50), као и високо значајне корелације наведених особина са дужином интернодија (0,71 и 0,41, са висином биљке и клипа редом). Такође је утврђена позитивна значајна корелациона веза влаге зрна са садржајем воде у стаблу и висином клипа (0,62 и 0,24). *Martin and Russell* (1984) су проучавали корелационе односе између приноса и других особина код синтетичке популације кукуруза након три циклуса рекурентне селекције на основу тест-потомстава добијених укрштањем са једноструким хибридом као тестером. Установили су значајну везу приноса са пречником клипа (0,94), дужином клипа (0,86) и дужином интернодија (0,67). *El-Lakany and Russell* (1971) су испитивали корелационе односе између приноса, компоненти приноса и морфолошких особина кукуруза у популацији уже генетичке основе на основу тест-потомстава у различитим густинама и утврдили средње јаке значајне фенотипске корелације приноса зрна са висином биљке (0,44-0,56) и са висином клипа (0,47-0,54) за све густине. Корелације приноса зрна

са дужином клипа и бројем зрна по биљци биле су високо значајне само у највећој густини (59000 биљака/ха) и износиле су 0,72 и 0,69 редом.

Stojković (2007) је, испитујући принос и компоненте приноса популације кукуруза уске генетичке основе, утврдио знатно јаче генетичке од фенотипских корелација код *HS* потомстава. Високо значајне и јаке корелативне везе је утврдио између приноса и висине биљке (0,91), приноса и броја редова зрна (0,64), као и приноса и дужине клипа (0,51). Високо значајне позитивне генетичке корелације забележио је и између висине биљке и клипа (0,60), висине биљке и дужине клипа (0,69), висине биљке и броја зрна у реду (0,66), а негативне високо значајне између масе 1000 зрна са бројем редова зрна и бројем зрна у реду (-0,49, -0,42, редом).

Hallauer et al. (2010) су дали сумарни приказ резултата већег броја огледа, за генетичке корелације 13 особина кукуруза. Већина особина са приносом даје ниске коефицијенте корелације (испод 0,30). Највише корелације са приносом испољиле су дубина зрна (0,51) и број зрна у реду (0,45). Сем приноса, највеће корелације код других агрономских својстава међусобно, имали су висина биљке и висина клипа (0,81) и дубина зрна и пречник клипа (0,77), а најмање висина биљке и број редова зрна (0,00), и дужина и пречник клипа (-0,01).

Hartwig et al. (2013) су, на основу огледа у неколико спољашњих средина, извршили генетичку анализу хаплоида, дихаплоида и одговарајућих тест-потомстава са два тестера. Процењене генетичке корелације између два тест-потомства, као што је и очекивано, биле су веће за висину биљке (0,94-0,95) у односу на принос зрна (0,68-0,78).

Митровић (2013) је проучавао генетичке показатеље популације уске генетичке основе, која припада *BSSS* хетеротичној групи, на основу *HS* потомстава добијених укрштањем S_2 потомстава са два несродна инбред-тестера. Коефицијенти генетичке варијације за све испитиване особине кретали су се у опсегу 1,53-4,10 код *HS1* и 1,62-3,77 код *HS2*, док су коефицијенти фенотипске варијације имали нешто шире опсеге варирања, 1,70-4,21 за *HS1* и 1,80-4,49 код *HS2*. Исти аутор бележи код оба *HS* статистички веома значајне корелационе везе

приноса са висином клипа (0,549** код *HS1*, 0,536** код *HS2*) и биљке (0,322** код *HS1*, 0,518** код *HS2*), док су наведене особине и међусобно јако корелисане (0,738** код *HS1*, 0,732** код *HS2*).

3.4. Херитабилност

Херитабилност, као мера наследности, показује вероватноћу са којом ће се особина одабраних родитеља испољити код њиховог потомства; представља однос између генетичке и фенотипске варијансе (у ширем смислу), односно адитивне и фенотипске варијансе (у ужем смислу). Што је херитабилност већа то се може очекивати већи успех у селекцији уз коришћење једноставних метода (масовна селекција). *Lamkey and Hallauer* (1987) истичу да херитабилност у великој мери зависи од типа потомства, обима и начина испитивања, као и утицаја спољашње средине па зато треба бити опрезан при поређењу вредности ових генетичких параметара из различитих огледа. Бројни аутори бележе већу херитабилност за компоненте приноса у односу на принос зрна као комплексну особину (*Husić et al.*, 1995; *Vančetović*, 1994; *Стојковић*, 2007), а такође се у зависности од типа потомства херитабилност за исту популацију разликује. Обично вредности херитабилности за S_1 превазилазе херитабилност за *HS* потомства (*Weyhrich et al.*, 1998; *Bekavac*, 1996; *Andelković*, 2000; *Nastasić*, 2001). *Vančetović* (1994) је испитујући принос и компоненте приноса два композита кукуруза добила релативно високе вредности херитабилности за S_1 потомства, 0,824-0,944, односно 0,795-0,935, а одговарајуће вредности херитабилности код *HS* потомстава су биле нешто ниже 0,487-0,921, односно 0,330-0,919. *Ђорђевић and Ivanović* (1996) су проучавајући популацију уске генетичке основе на основу S_1 потомстава утврдили високе вредности херитабилности за висину биљке и клипа (0,932 и 0,932) и нешто ниже за принос зрна (0,818).

Херитабилност за принос зрна код *HS* потомстава две ране синтетичке популације кукуруза се у истраживању *Husić et al.* (1995) кретала од 0,323 до 0,366, док су за различите компоненте приноса забележене веће вредности херитабилности 0,400-0,829. *Стојковић* (2007) је испитивао варијабилност приноса и компоненти приноса зрна код S_1 и *HS* потомстава F_3 популације кукуруза и утврдио веће коефицијенте генетичке варијације за принос и скоро све

испитиване особине, а такође и вишу херитабилност код S_1 у односу на HS потомства. Добијене вредности херитабилности за HS потомства су биле ниже за принос, висину биљке и клипа (0,44, 0,49 и 0,51, редом), а више за дужину клипа, број редова зрна, масу 1000 зрна и број зрна у реду (0,75, 0,72, 0,70 и 0,60, редом). Особина проценат полеглих и сломљених биљака бележи најнижу херитабилност у ширем смислу (0,20). *Lopandić* (1995), у складу са претходно наведеним, износи вредности херитабилности HS потомстава за принос зрна (0,520), висину биљке (0,811) и проценат полеглих и сломљених биљака (0,322). *Stojnić* (1995) је код HS потомстава три синтетичке популације $BSSS$ генетичке основе утврдио релативно високе вредности херитабилности за дужину клипа (72,5-81,19), пречник клипа (77,65-82,26), број редова зрна (84,45-90,38), масу 1000 зрна (79,48-85,48), док су за принос и дубину зрна добијене нешто ниже вредности (64,53-84,09 и 68,16-76,34, редом). *Ali et al.* (2011) и *Ali et al.* (2012) су, испитујући херитабилност приноса зрна и других особина популације уске генетичке основе на основу 33 тест-потомства добијених укрштањем S_1 фамилија са једноструким хибридом (*single-cross* тестером), установили највишу херитабилност за висину биљке и висину клипа (0,73 и 0,71, редом), нешто ниже вредности херитабилности за масу 1000 зрна, принос зрна, број редова зрна и дужину клипа (0,69, 0,67, 0,67 и 0,51, редом), док је за влагу зрна установљена најнижа вредност херитабилности (0,37). *Mihaljević et al.* (2004) утврђују, на основу испитивања три популације уске генетичке основе уз помоћ тест-укрштања добијених укрштањем F_4 и F_5 *SSD* (*single seed descent*) потомстава са несродним инбред-тестером, сличне вредности херитабилности за принос зрна (0,61-0,70), док су за влагу зрна у берби, масу зрна и висину биљке утврђене знатно више вредности херитабилности (0,84-0,88; 0,91-0,93 и 0,89-0,91; редом). Израчунате вредности херитабилности у ширем смислу у истраживању *Živanović*-а (1997) су се кретале за пронос зрна од 0,67 до 0,75; масу 1000 зрна од 0,63 до 0,79; за дужину клипа од 0,28 до 0,76; број редова зрна 0,79-0,83; висину биљке 0,80-0,88; висину клипа 0,77-0,88 и влагу зрна 0,77-0,81. *Bekavac* (1996) је утврдио релативно високе вредности херитабилности код HS потомстава за принос зрна (0,748 и 0,746).

Bernardo (1996) је предложио модификацију HS рекурентне селекције, стварањем новог циклуса, односно рекомбинацијом 10% најбољих S_1 потомстава

одабраних на основу перформанси њихових *HS* потомстава пре њиховог даљег самооплођења и развијања инбред линија. Код две бипаренталне F_3 популације, на основу тест-потомстава, установио је ниске вредности херитабилности за принос зрна (0,36 и 0,38) и релативно високу вредност херитабилности за влагу зрна (0,81) за почетни циклус (C_0) и нешто више вредности обе особине (0,52 и 0,48, односно 0,85 и 0,78) за први циклус (C_1) убрзане рекурентне селекције коју је предложио.

Ziyomo and Bernardo (2013) су испитивали рекомбинантне инбред линије (*RIL - Recombinant Inbred Lines*) добијене из укрштања $B73 \times Mo17$ на основу тест-укрштања са несродним инбред-тестером у нормалним условима у шест спољашњих средина и у контролисаним условима суше у две спољашње средине. Више вредности херитабилности утврдили су за висину биљке, принос и влагу зрна у нормалним условима (0,87; 0,60 и 0,76; редом), него у условима контролисане суше (0,31; 0,37 и 0,47), што указује на значајан утицај спољашњих услова на процену херитабилности.

Митровић (2013) је код оба *HS* утврдио високе вредности херитабилности за број редова зрна (0,94 и 0,95), број листова изнад клипа (0,826 и 0,906), висину биљке (0,868 и 0,811), висину клипа (0,889 и 0,810) и масу 1000 зрна (0,816 и 0,878), док су ниже вредности херитабилности забележене за дужину клипа (0,624 и 0,683), број зрна у реду (0,665 и 0,728), а најниже за принос зрна (0,577 и 0,449).

Walters et al. (1991) су проучавали перформансе и генетичке варијације *BSSS* популације за принос и влагу зрна, пре (C_0) и након примене девет циклуса *RRS* (C_9), односно седам циклуса *HS-RS* потом три циклуса S_2 -*RS* (C_3), на основу S_1 потомстава и тест-потомстава добијених са укрштањем S_1 потомстава са сродним и несродним инбред-тестером ($B73$ и $Mo17$). Херитабилност за влагу зрна била је на приближно истом нивоу код тест-укрштања са оба тестера (0,68-0,85 са $Mo17$ и 0,71-0,85 са $B73$). Генетичка варијанса и херитабилност су се значајно смањили после примене обе *RS* у односу на почетну популацију, док је популација добијена укрштањем C_9 и C_3 имала висок ниво херитабилности за дату особину и генетичку варијансу сличну почетној популацији. За принос зрна вредности херитабилности биле су нешто ниже и кретале су се од 0,34-0,66 за $B73$ тест-

укрштања, односно 0,59-0,78 за *Mo17* тест-укрштања. Највише вредности херитабилности за принос зрна забележене су код *S3* популације код тест-потомстава са несродним тестером, док су најниже вредности забележене код исте популације код тест-потомстава са сродним тестером. Овакве вредности херитабилности су директно узроковане разликама у генетичким варијансама код два дата потомства.

Hallauer et al. (2010) су приказали сумарне резултате за херитабилност и друге генетичке показатеље за 19 особина кукуруза. Највећа херитабилност је забележена код висине клипа (66,2%), а потом следе број редова зрна (57%) и висина биљке (56,9%). Најмању херитабилност је имао принос (18,7%), као комплексна особина.

3.5. Интеракција генотип × спољашња средина

Квантитативне особине, које су под контролом већег броја гена и испољавају релативно малу херитабилност, под великим су утицајем фактора спољашње средине и следе континуирану расподелу. Већина економски важних особина биљака, као што је принос зрна, сврставају се управо у квантитативне особине (*Kang*, 2004).

Фенотипска вредност је у функцији ефекта генотипа, спољашње средине и интеракције генотип × спољашња средина (*GE*) и може се представити помоћу општег линеарног модела:

$$y_{ij} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij}$$

где је y_{ij} вредност i -тог генотипа у j -тој спољашњој средини, μ општи средњи перформанс, g_i ефекат i -тог генотипа, e_j ефекат j -те спољашње средине, а $(ge)_{ij}$ ефекат интеракције i -тог генотипа и j -те спољашње средине. Стога, за појединачни генотип може постојати већи број фенотипова у зависности од услова спољашње средине и степена *GE* интеракције (фенотипска пластичност; *Kang*, 2004).

Да би се интеракција утврдила, морају се тестирати најмање два различита генотипа у најмање две спољашње средине. Са становишта проучавања

интеракције, уколико се посматра реакција два генотипа у спољашњим срединама могу се јавити четири случаја: *a)* не постоје разлике између генотипова, *b)* генотипови реагују једнако на промену услова средине, односно нема *GE* интеракције, *c)* генотипови различито реагују на промене услова средине али не долази до промене ранга – интеракција без измене ранга и *d)* генотипови различито реагују на промене услова спољашње средине и долази до промене ранга – интеракција са изменом ранга.

Са тачке гледишта оплемењивача, промене рангова генотипова у спољашњим срединама су од много већег практичног интереса него процена *GE* интеракције *per se*: две спољашње средине са различитим потенцијалима за принос, али сличним рангирањима тестираних генотипова сматрају се сличнијим него две спољашње средине са сличним потенцијалима за принос али различитим рангирањима испитиваних генотипова (*Hühn*, 1990). Постојање интеракције са изменом ранга генотипова веома отежава идентификацију супериорних генотипова, а такође утиче и на повећање трошкова оплемењивања због потребе увођења нових локација за извођење огледа, да би се добила што поузданија процена вредности генотипова (*Kang*, 2004). Уколико не би било интеракција са изменом ранга поједини генотип би као најприноснији, могао да се гаји на веома широком подручју, а огледи за принос могли би се изводити само на једној локацији (*Gauch and Zobel*, 1996).

Мултилокацијски огледи заузимају важно место у програмима оплемењивања биљака. Њихово успешно извођење и правилно разумевање резултата је неопходно за напредак у оплемењивачком процесу. Изводе се првенствено ради идентификације супериорних генотипова, идентификације идеалних услова за тестирање нових генотипова и за препоруку хибрида за одговарајуће услове гајења (*Yan and Hunt*, 1998). Основна сврха им је да се на основу резултата на експерименталним парцелама реално процени вредност новостворених генотипова и на основу тих процена да препорука произвођачима. Наиме, на основу резултата мултилокацијских огледа на мањем броју локација, оплемењивачи врше одабир супериорних генотипова на датим локалитетима, предвиђајући вредност одабраних хибрида на великом броју производних

локалитета. Прецизнија процена приноса повећава вероватноћу правилног одабира најбољег генотипа (*Crossa et al.*, 1990). Од степена прецизности процене зависи будућа комерцијализација хибрида и њихов „век трајања“.

Мултилокацијски огледи омогућавају идентификацију генотипова чије вредности не варирају у великој мери из године у годину (временска варијабилност) или од локације до локације (просторна варијабилност). Такође, пружају могућност идентификације генотипова са широком адаптабилношћу, као и генотипова уско адаптираних на одређене спољашње средине (*Kang*, 2004). Пожељени вид стабилности генотипа умногоме зависи од могућности предвиђања разлике између спољашњих средина. Оплемењивачима је потребна информација о стабилности генотипа у односу на деловање фактора које није могуће контролисати (*Yan and Kang*, 2003). Ако је *GE* интеракција условљена факторима које није могуће предвидети, генотип који показује стабилност вредности треба да буде одабран. С друге стране, ако је *GE* интеракција условљена варијацијом предвидивих фактора као што су нпр. тип земљишта или технологија гајења, потребно је одабрати хибриде уско адаптиране датим различитим спољашњим срединама.

Ефекат интеракције генотип \times локација (*GL*) представља потенцијално фиксни део укупне *GE* интеракције (*Allard and Bradshaw*, 1964). *Annicchiarico* (1997) сматра да проучавање *GL* интеракције има велики значај за оплемењивачке програме, првенствено у подели региона гајења на подрегионе у оквиру којих је реакција генотипова релативно уједначена; у искоришћавању специфичне адаптабилности генотипова; и у одабиру кључних тест-локација за оцену широке адаптабилности генотипова. Релативно мала поновљивост структуре *GL* интеракције између година наглашава потребу испитивања интеракцијских ефеката на основу вишегодишњих огледа.

Zorić (2008) наглашава да је проучавање *GE* интеракције углавном вршено код већ готових комерцијалних хибрида, а много мање код генотипова у процесу селекције. Различити алели су одговорни за постизање супериорних приноса у различитим спољашњим срединама, стога постоји опасност од губитка пожељних

алела за одређене услове гајења услед недовољног разумевања *GE* интеракције (Kang, 1997).

Важан аспект анализе резултата огледа је правилно издвајање систематских варирања од несистематских, која су последица деловања ненаследних фактора (Gauch, 1993). Freeman (1973) истиче да је највећи проблем података из мултилокацијских огледа то што су подаци оптерећени несистематском варијацијом односно подаци су смеша реалне структуре и необјашњене варијабилности или шума. Уколико не би постојао шум експериментални резултати би били тачни и не би било потребе за понављањима. Наведене потешкоће могу се превазићи коришћењем адекватног плана огледа и дизајна третмана. Правилно изабран план огледа смањује варијансу експерименталне грешке и на тај начин повећавају прецизност експерименталних резултата. Функција плана огледа и статистичке анализе мултилокацијских огледа је да, што је могуће више, елиминише необјашњену варијабилност података (Gauch, 1992).

Кроз историју је коришћен велики број различитих приступа за анализу *GE* интеракције и процену стабилности генотипова. Значајан моменат у развоју и примени модела је представљао развој моћних рачунара и статистичких програмских језика, као што су *SAS* (*SAS Institute, Inc.*) или *R* (*R Development Core Team*, 2013) који су омогућили развој процедура за анализе оплемењивачких података (Hussein et al., 2000; Kang, 2003; Mendiburu, 2007; Frutos et al., 2013). Уопштено, статистички модели за анализу *GE* интеракције се деле у две основне групе (Voltas et al., 2002): 1) емпиријски или униваријациони приступ (анализирају интеракцију једнодимензионално и не пружају увид у факторе који је узрокују); 2) аналитички или мултиваријациони приступ (анализирају интеракцију из вишедимензионе перспективе и пружају основу за идентификацију фактора који узрокују интеракцију).

3.6. Униваријациони приступ

Фиксни модел класичне анализе варијансе (*ANOVA*, Fisher, 1918) дели укупну варијацију на појединачне изворе варијације, главне ефекте генотипа, спољашње средине и њихове интеракције. *ANOVA* као адитивни модел објашњава

само главне ефекте и пружа информације да ли је *GE* интеракција значајан извор варијације. Међутим, она не пружа увид у понашање појединачних генотипова и спољашњих средина које учествују у интеракцији (*Samonte et al.*, 2005).

GE интеракција је оптерећена великим бројем степени слободе, па се и поред велике укупне пропорције варијације која јој припада, догађа да се у *ANOVA* показује несигнификантна. Када интеракцијски ефекат у целости није значајан на нивоу од 95%, раздвајањем суме квадрата интеракције се често могу добити значајни извори варирања (*Gauch*, 1992; *Vasic et al.*, 2006).

У литератури је предложено неколико једноставних параметара стабилности генотипа чијим се израчунавањем добија информација о њиховој стабилности и/или доприносу укупној интеракцији. *Wricke* (1964) је предложио тзв. ековаленцу (Wi) као меру фенотипске стабилности генотипа. Ековаленца представља меру доприноса појединачног генотипа укупној интеракцији, где генотипови са малом вредношћу ековаленце имају мали допринос укупној интеракцији. *Shukla* (1972) је предложио варијансу стабилности генотипа (S_i^2) која се разликује од ековаленце само у линеарној трансформацији, али суштински доводи до потпуно истог рангирања генотипова. (*Weber and Wricke*, 1990). *Lin and Bins* (1988) предлажу индекс супериорности (P_i) који је дефинисан као удаљеност средине квадрата између датог генотипа и генотипа са максималним одговором у већем броју различитих спољашњих средина. Што је вредност овог параметра мања, генотип је стабилнији.

Yates and Cochran (1938) су предложили разлагање *GE* интеракције на мултипликативни члан и девијацију од истог, испитујући да ли је *GE* интеракција линеарна функција адитивне компоненте спољашње средине. Међутим, овај регресиони приступ није шире коришћен све до 1963. године када га *Finlay and Wilkinson* афирмишу. Модел мери стабилност коефицијентом регресије генотипа на индекс спољашње средине који представља просечну вредност генотипова у спољашњим срединама. Надпросечну стабилност, према овом моделу, имају генотипови чији је коефицијент регресије мањи од 1, а испод просечну они генотипови чији је коефицијент већи од 1. *Eberhart and Russell* (1966) предложили су здруживање сума квадрата за спољашње средине и *GE* интеракције и дељење

на линеарне ефекте између спољашњих средина, линеарни ефекат *GE* интеракције и девијацију од регресије за појединачни генотип. Стабилност генотипа се мери кроз три емпиријска параметра 1) средња вредност; 2) нагиб регресионе линије; 3) сума квадрата девијације од регресије која је нелинеарна. Регресиони модели имају неколико статистичких и биолошких ограничења која треба имати на уму приликом примене. Модификацијом овог модела добијен је већи број сличних регресионих модела (*Perkins and Jinks, 1968; Freeman and Perkins, 1971; Tai, 1971*).

За анализу мултилокацијских података развијено је и неколико статистичких параметара којима се мери стабилност генотипа, а заснивају се на рангу генотипова у различитим спољашњим срединама. Њиховом применом смањује се пристрасност у анализи интеракције изазваном екстремним вредностима. Такође, непараметријски приступ не претпоставља информацију о дистрибуцији података (*Hühn, 1996*). Ови параметри су једноставни за израчунавање и интерпретацију, а додавање или брисање једног или више генотипова из података нема ефекат на крајњи резултат анализе. *Hühn (1979)* је предложио три непараметријска показатеља за процену стабилности генотипа ($S_i^{(1)}$ – просечна разлика ранга генотипа у различитим спољашњим срединама; $S_i^{(2)}$ – варијанса ранга генотипа; $S_i^{(3)}$ – релативно одступање у односу на просечан ранг). Генотипови са минималним вредностима ових параметара могу се сматрати стабилним ($S_i^{(1)} = S_i^{(2)} = S_i^{(3)} = 0$). *Kang (1988)* израчунава суме рангова генотипа користећи информације о вредностима приноса и варијансе стабилности (*Shukla, 1972*). Генотип са најнижом сумом ранга је пожељан.

3.7. Мултиваријационе методе

Основна карактеристика података добијених из мултилокацијских огледа је комплексна структура интеракције. Један део структуре је систематског типа и може бити објашњен са неким од постојећих статистичких модела, а други део чини несистематску варијацију или шум, који отежава интерпретацију резултата анализе. *Crossa (1990)* је поделио све мултиваријационе статистичке моделе за анализу *GE* интеракције у две основне групе:

- ординациони модели (заснивају се на редукцији димензионалности *GE* интеракције и представљају је у дводимензионалном простору) и
- класификациони модели (врше класификацију група генотипова или спољашњих средина у хомогене групе, у којима је интеракција смањена).

Посебан значај за оплемењиваче имају линеарно-билинеарни (*LB*) модели (*Cornelius et al.*, 1996; *Gauch and Zobel*, 1996; *Crossa et al.*, 2002; *Yan and Kang*, 2003; *Yan*, 2014). Код *LB* модела реакција појединачног генотипа у датој спољашњој средини представљена је главним ефектима генотипа и средине (линеарни део модела) и једном или више компоненти којима се објашњава *GE* интеракција (билинеарни део модела; *van Eeuwijk et al.*, 1996). Заједничка карактеристика *LB* модела је начин процене хипотетичких параметара помоћу *SVD* процедуре (енг. *singular value decomposition*). *SVD* процедуром се врши апроксимација матрице *GE* података другом матрицом *GE* података истих димензија, али мањег ранга (*Eckart and Young*, 1936; *Gollob*, 1968).

Cornelius et al. (1996) разликују пет *LB* модела:

- *AMMI* (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*),
- *SREG* (*Sites Regression Model*),
- *GREG* (*Genotypes Regression Model*),
- *SHMM* (*Shifted Multiplicative Model*),
- *COMM* (*Completely Multiplicative Model*).

Два најчешће примењивана *LB* модела за анализу *GE* интеракције средина су *AMMI* (*Gauch*, 1988) и *SREG* модел (*Crossa and Cornelius*, 1997) из кога су *Yan et al.* (2000) развили главни ефекат генотипа (*G*) + *GE* интеракција (*GGE*) метод, чији је важан део графичка презентација резултата помоћу биplot графикона (*Yan and Kang*, 2003; *Yan*, 2014).

У научној литератури постоје спорења ком методу мултиваријационе анализе, од *LB* модела који се заснивају на *SVD* процедури, треба дати предност у анализи сета података. *Gauch* (2006) истиче да је једина разлика *AMMI* и *SREG*

модела, то што се код *AMMI* модела, ефекат генотипа издваја пре примене *SVD* процедуре. Мултипликативне компоненте имају различито значење пошто се *SVD* процедура примењује на табелама које садрже различите информације у зависности од примењене трансформације података. Код *AMMI* модела се двоструким центрирањем уклањају главни ефекти генотипа и спољашње средине док се код *SREG* модела центрирањем табеле по колонама уклања главни ефекат спољашње средине.

Gauch (2006) фаворизује *AMMI* модел јер сматра да главне ефекте генотипа, спољашње средине и *GE* интеракције треба посматрати одвојено, ради лакшег разумевања и интерпретације резултата. Он истиче да код *SREG* модела, који искључује ефекат спољашње средине, свака мултипликативна компонента садржи мешавину главног ефекта генотипа и *GE* интеракције. Најчешће у првој мултипликативној компоненти доминира ефекат генотипа, док у другој доминира ефекат *GE* интеракције. Међутим, различити сетови података могу да испоље потпуно другачију структуру резултата. Исти аутор наводи пример огледа са сојом (*Gauch*, 1992), где је нашао да код *SREG* модела ефекат *GE* интеракције доминира у првој мултипликативној компоненти, а ефекат генотипа у другој мултипликативној компоненти. Трећа мултипликативна компонента садржи више *GE* интеракције од друге мултипликативне компоненте. *Yan et al.* (2000) истичу да уколико генотипски скорови прве мултипликативне компоненте нису у високој позитивној корелацији са просечним вредностима *SREG* биplot не може бити употребљен за проучавање адаптабилности и стабилности генотипова. За разлику од *SREG* модела, мултипликативне компоненте *AMMI* модела садрже само ефекат *GE* интеракције. *Gauch* (2006) сматра да *SREG2* модел није увек оптималан и истиче да код примене *SREG* модела није адекватна пажња посвећена утврђивању оптималног модела за сваки сет података, да би се постигло жељено повећање прецизности процене.

Yan et al. (2007) сматрају да *AMMI* графикон није прави биplot, јер га није могуће тумачити у складу са геометријским принципима (*Kroonenberg*, 1995) и да је његов графички приказ субјективан зато што су му апсциса и ордината приказане у различитим мерним скалама. Такође, истичу да *AMMI* графикон

представља пре начин презентовања резултата него што служи за директно откривање структуре података. *AMMI2* биplot сматрају неадекватним за идентификовање генотипова са највишим приносима у мега-срединама због тога што се служи табелама предикције приноса да би из групе генотипова са сличном интеракцијом одабрао онај са највишим приносом. *Yan et al.* (2007) инсистирају на графичким решењима и истичу да *SREG* биплоти увек објашњавају више варијације главног ефекта генотипа и *GE* интеракције ($G+GE$) од *AMMI* графикона, па су отуда прецизнији у презентовању података. Исти аутори сматрају да се *G* и *GE* могу имати другачију биолошку интерпретацију само уколико су под контролом различитих гена или интеракција гена. Бројна истраживања локуса за квантитативне особине (*Quantitative Trait Locus; QTL*) на мултилокацијским подацима утврдила су утицај истих *QTL*-ова на главни ефекат генотипа и *GE* интеракције (*Tinker et al.*, 1996; *Yan and Tinker*, 2005; *Romagosa et al.*, 1996). Постоји сагласност истраживача око тога да се морају узети у обзир оба извора варијације у оцени вредности генотипова. Међутим *AMMI* модел прво раздваја ефекат генотипа од ефекта *GE* интеракције, да би их затим поново заједно анализирао, док *SREG* модел истовремено анализира ефекте $G + GE$ (*Yan et al.*, 2007).

Yan et al. (2007) истичу да побољшање прецизности предвиђања правилним одабиром модела (*AMMI* или *SREG*) не треба прецењивати јер се може очекивати да се у наредним годинама вредности генотипова у спољашњим срединама не понове на исти начин услед готово неминовних генотип \times година и генотип \times спољашња средина \times година интеракција. Оплемењивачи одабирају генотипове на основу више особина јер су обично оплемењивачки задаци сложени и одабрани генотипови треба да задовоље већи број постављених циљева. Готово никада се не одабира само један генотип због тога што су циљеви оплемењивања обично опречни тј. особине на које се врши селекција су често у негативној корелацији, и веома ретко се проналази генотип најбољи у свему - идеални победник.

Cornelius and Crossa (1999) и *Dias and Krzanowski* (2003) су поредили разлике метода за избор оптималног *AMMI* и *SHMM* модела. На основу анализе неколико мултилокацијских сетова података, различити *LB* модели са приближно

једнаким бројем параметара постигли су скоро исто повећање прецизности. Аутори закључују да су разлике у прецизности мале и недоследне, па се не може генерално фаворизовати ни један од модела.

Основни циљ *АММИ* модела је да: 1) елиминише несистематско варирање из података, односно разграничи систематско од несистематског варирања; 2) сажме податке; и 3) представи резултате на разумљивији начин. Насупрот методама класичне статистике, сврха мултиваријационих метода је да разјасне унутрашњу структуру података.

Пошто се *АММИ* модел односи на дизајн третмана, структура блокова се односи на дизајн експеримента, статистичка анализа која би узела у обзир оба дизајна, *ANOVA* има следећу поделу извора варијације (*Gauch*, 1990):

Укупно

Третмани

Модел

Остатак модела

Укупна грешка

Блокови

Чиста грешка.

У циљу повећања прецизности процене вредности генотипа дизајн третмана се може унапредити применом *АММИ* и сродних *LB* модела, а дизајн експеримента применом напреднијих експерименталних планова огледа (нпр. некомплетни блок дизајн, латис и др.) који редукују чисту експерименталну грешку (*DeLacy et al.*, 1990). *Crossa et al.* (1990) истичу ефикасност *АММИ* модела у анализи *GE* података, наводећи да процена приноса уз помоћ *АММИ* модела са два понављања има исту прецизност као процена на основу простог просека из 8,61 понављања тј. 4,3 пута више понављања.

Gauch (2013) је дао једноставни протокол *АММИ* модела за анализу мутилокацијских огледа који се састоји из четири корака: (1) анализа варијансе, (2) дијагноза модела – одабир оптималног *АММИ* модела, (3) раздвајање спољашњих средина у мега–средине, (4) одабир/препоруча генотипова.

Пошто *АММИ* модел сачињава читаву породицу модела, који се у зависности од броја мултипликативних компоненти које учествују у моделу обележавају као: *АММИ1* - модел са једном мултипликативном компонентом, *АММИ2* – модел са две мултипликативне компоненте, итд. Модел који поред главних ефеката *G* и *E* не садржи ни једну мултипликативну интеракцијску компоненту обележава се са *АММИ0*, а потпуни (енгл. *full*) модел који не оставља остатак, и садржи максималан број мултипликативних компоненти, означава се са *АММИF*. Процењене вредности код потпуног модела (*АММИF*) су једнаке простим просечним вредностима (*Gauch*, 2013).

После утврђивања оптималног *АММИ* модела, врши се корекција приноса тј. израчунавање номиналних приноса генотипа у спољашњим срединама. Генотипови се потом рангирају и доносе се закључци о груписању средина које имају исти генотип као најприносији у заједничку мега–средину. Често се, ако је реч о мањем броју средина, дешава да се све спољашње средине сврстају у исту мега–средину. Међутим, уколико је велики број мултипликативних компоненти укључен у модел добијају се супротни резултати, односно свака средина има свог „победника“, па се мега–средине не могу формирати (*Gauch*, 2013). Зато се, кад је могуће, инсистира на једноставнијим (тј. штедљивијим) моделима пошто поједностављују груписање спољашњих средина у мега–средине и препоруке хибрида.

Главни циљ мултилокацијских огледа је одабир најбољих генотипова за даљи рад у оплемењивачким програмима, или препорука најбољих хибрида за гајење у одређеним производним рејонима. Одабир генотипова је веома комплексно питање јер су најбољи генотипови често прикривени „шумом“ у подацима (*Gauch*, 1992).

Концепт стабилности се односи на стабилност реакције генотипа кроз године на одређеним локацијама или мега–срединама. *Gauch* (2013) сматра да је стабилност оправдан циљ само у оквиру једне мега–средине, а не у већем броју мега–средине, и напомиње да многи истраживачи не узимају у обзир овај кључни услов. *Annicchiarico* (2002) сматра да је у оквиру сваке мега–средине неопходно

поставити оглед на бар осам локација да би стабилност генотипова могла бити поуздано процењена.

3.8. Избор оптималног *АММИ* модела

Важан аспект примене *АММИ* модела представља одређивање оптималног броја мултипликативних компоненти који ће служити за тумачење интеракције. До сада су публиковани бројни приступи који врло често дају контрадикторне закључке за исти сет података.

Gauch and Zobel (1988) деле све приступе:

- (1) постдикциони критеријум којим се статистички модел накнадно одређује, и
- (2) предикциони критеријум код кога се подаци деле на оне који се користе за постављање статистичког модела (*training*) и на оне који се користе за оцену (*validation*) постављеног модела.

У постдикционе критеријуме спадају различити *F*-тестови којима се тестира значајност мултипликативних компоненти. Класичан *F*-тест на основу система степени слободе израчунатих по *Gollob*-у (1968) се често користи за одређивање значајности мултипликативних компоненти због једноставности израчунавања. Овај тест се одликује високим степеном грешке другог типа, односно укључују сувише велики број мултипликативних компоненти у модел (*Cornelius*, 1993). Из тог разлога развијено је још неколико *F*-тест заснованих метода који су показали већи степен робусности - F_{GH1} , F_{GH2} , F_R , F_{sim} (*Cornelius et al.*, 1992; *Piepho*, 1995; *Cornelius et al.*, 1996).

Пошто се класичан *F*-тест на основу степени слободе израчунатих по *Gollob* систему (*Gollob*, 1968) користи услед лаког израчунавања, *Gauch and Zobel* (1996) предлажу додатни једноставни постдикциони метод за утврђивање оптималног *АММИ* модела. На основу овог метода врши се поцена шума у суми квадрата *GE* интеракције, тако што се број степени слободе интеракције множи са средином квадрата експерименталне грешке. Након тога се рачуна део суме квадрата интеракције који представља систематско варирање. Оптимални *АММИ*

модел је онај чија сума квадрата једне или више мултипликативних компоненти у моделу одговара суми квадрата систематске варијације. *Gauch and Zobel* (1996) препоручују избор „штедљивијег“ модела, међутим у неким случајевима је могуће изабрати модел са више мултипликативних компоненти уколико постоји биолошка основа за његово тумачење.

Код предикционог критеријума оригинални сет података се дели на податке за моделирање, односно успостављање модела и податке за оцену модела. *AMMI* модел код кога је највећи степен сагласности података за моделирање и оцену, односно који има најмању вредност *RMSPD* (енгл. *Root Mean Squared Predictive Difference*), се сматра оптималним (*Gauch*, 1992). *RMSPD* вредност сваког од *AMMI* модела се добија као квадратни корен из суме квадрата разлика између сета података за моделирање и сета за оцену података подељених са бројем опсервација. Главна критика овом приступу је заснована на чињеници да најбољи предикциони модел израчунат из непотпуног сета података не мора бити у сагласности са проценом из потпуног сета података (*Cornelius and Crossa*, 1999).

Moreno-Gonzales et al. (2004) су предложили *RMSPD_{EVP}* метод који представља унапређење класичног *RMSPD* метода (*Gauch*, 1992) за утврђивање броја мултипликативних компоненти у *AMMI* моделу, а заснива се на подели карактеристичних вредности. Предност овог метода је што не захтева поделу оригиналног сета података.

Dias and Krzanowski (2006) су проучавали методе за одређивање оптималног *AMMI* модела користећи симулиране податке. Поређена су четири најчешће коришћена метода: два метода заснована на предикционом критеријуму (*Gabriel*, 2002; *Eastment and Krzanowski*, 1982) и два метода заснована на *F*-тест статистици (*Gollob*, 1968; *Cornelius et al.*, 1992). Аутори нису нашли сагласност у резултатима примењених метода у избору оптималног *AMMI* модела. Методе засноване на *F*-тест статистици су остављале велики број мултипликативних компоненти, док је *Eastment-Krzanowski* метод, био „најштедљивији“ (пасимониус), односно никад није препоручивао број мултипликативних компоненти већи од три, а најчешће је препоручивао једну или две мултипликативне компоненте. На основу резултата аутори сматрају да је најбоље

користити *Eastment-Krzanowski* метод од предикционих метода, а као најбољи постдикциони метод препоручују F_R -тест (*Cornelius et al.*, 1992). Предикциони метод се препоручује уколико се инсистира на једноставности, а постдикциони уколико се очекује већи број мултипликативних компоненти за које је могуће дати биолошко објашњење. На основу постдикционог F -теста, *Romagosa et al.* (1993) су испитивали GE интеракцију седам изогених линија јечма на 15 спољашњих средина у Шпанији; и нису нашли сагласност између резултата предикционог и постдикционог критеријума. Постдикциони критеријум је изабрао као оптимални *AMMI3* модел, док су на основу *RMSPD* вредности одабрани *AMMI1* или *AMMI2* модели. *Annicchiarico* (1997) је за одабир оптималног из *AMMI* модела користио класичан F -тест (*Gollob*, 1968), F_{GH2} и F_R -тест (*Cornelius et al.*, 1992; *Piepho*, 1995) и критеријум заснован на односу сигнала и шума (*Gauch*, 1992). Класичан F -тест се показао као најлибералнији, F_{GH2} нешто робуснији од њега, али код два сета података либералнији од F_R теста. Тест заснован на односу сигнал – шум је био у сагласности са F_R тестом ако се за тестирање узме ниво значајности од 99%. Закључио је да се различити тестови могу препоручити у зависности од броја година, локалитета и генотипова. За веће сетове података треба користити предикционе критеријуме, а код мањих сетова података сасвим задовољавајући учинак сличан предикционом могу дати и F_{GH2} и F_R тестови, као и тест заснован на односу сигнал – шум.

3.9. *AMMI* биplot

Након утврђивања најбољег модела са неким од предложених приступа следи графичко представљање резултата путем биplot графикана који пружа могућност графичког представљања специфичних интеракција генотипова и спољашњих средина и важности њихових интеракција (*Gabriel*, 1971; *Kempton*, 1984). Биplot омогућава представљање карактеристичних вектора генотипова и спољашњих средина за прве две мултипликативне компоненте, тако да су модели са већим број мултипликативних компоненти од малог практичног значаја у визуеланој интерпретацији интеракције. У највећем броју радова за проучавање интеракције се користи *AMMI1* биplot, иако га *Kroonenberg* (1995) не сматра стандардним биplotом, јер нема геометријска (енг. *inner-product*) својства

класичног биплота. *АММ1* биplot представља главне ефекте генотипа и спољашњих средина у односу на део *GE* интеракције садржане у првој мултипликативној компоненти. Веома је поуздан јер обично главним ефектима генотипа и спољашње средине и делом *GE* интеракције обухвата више од 90% укупне варијације података (*Yan and Hunt, 1998*).

Тумачење *GE* интеракције помоћу *АММ1* биплота заснива се на положају појединачних генотипова и спољашњих средина у дводимензионалном простору. Генотипови и спољашње средине са високим вредностима интеракцијских скорова прве мултипликативне компоненте (*IPC1*) имају тенденцију да производе велики интеракцијски ефекат у односу на генотипове и средине чије се вредности налазе близу нулте вредности и имају мали интеракцијски ефекат. Генотипови и спољашње средине са *IPC1* скоровима истог знака било позитивни или негативни имају позитивну интеракцију, док они са супротним знаком имају негативну интеракцију (*Crossa et al, 1990*). *Zobel et al. (1988)* истичу да се процењени *АММ1* приноси генотипова у одређеној спољашњој средини могу израчунати директно са *АММ1* биплота. Адитивни део се добија једноставним сабирањем главних ефеката генотипа и спољашње средине и одузимањем општег просека, а интеракцијски део множењем *IPC1* скорова за генотип и спољашњу средину.

АММ2 биplot у однос ставља скорове прве две интеракцијске компоненте (*IPC1* и *IPC2*) за генотипове и спољашње средине. Односи између генотипова и спољашњих средина на *АММ2* биplotу одређени су величином угла између њихових вектора и удаљеношћу генотипова од координатног почетка. Величина угла између вектора генотипа и средине, указује на степен њихове интеракције. Што је угао између вектора мањи то је њихова интеракција позитивнија. Дужина вектора за сваки генотип, односно спољашњу средину, указује на допринос укупној интеракцији датог генотипа или спољашње средине.

3.10. Примена *АММ1* модела у анализи мултилокацијских огледа кукуруза и других биљних врста

Користећи *АММ1* модел *Crossa et al. (1990)* су анализирали адитивне ефекте генотипа и спољашње средине и мултипликативну *GE* интеракцију код два

интернационална мутилокацијска огледа из *CIMMYT*-овог програма оплемењивања кукуруза. У првом огледу тестирано је 17 генотипова 36 спољашњих средина, а у другом 9 генотипова у 38 спољашњих средина у умереном, субтропском и тропском климату. На основу *RMSPD* критеријума *AMMI1* је идентификован као оптималан модел, који је објаснио 93% укупне суме квадрата третмана. Одабрани модел на потпуним подацима (са 4 понављања), је задржао више од половине суме квадрата варијације *GE* интеракције (54,6%) са 8,9% степени слободе. Спољашње средине показале су већу варијабилност у односу на генотипове. Структура груписања генотипова на *AMMI1* графикону објашњена је генетичком композицијом и пореклом испитиваних генотипова. Код другог огледа *F*-тестом је утврђено да чак четири мултипликативне компоненте учествују у оптималном моделу. Међутим, на основу *RMSPD* критеријума препоручен је *AMMI0* модел. Модел препоручен предикцијоним критеријумом са 45 степени слободе био је 4,6 пута штедљивији од *AMMI4* модела са 209 степени слободе. С обзиром да је сума квадрата *GE* интеракције у овом огледу била релативно ниска, није утицала на успех у повећању прецизности процене генотипова.

Gauch and Zobel (1989) су покушали да одреде у којој мери прецизност процене утиче на успех селекције на основу података из огледа за принос соје. Установљено је да *AMMI* модел значајно утиче на вероватноћу успешности селекције, тј. да се уз помоћ *AMMI1* и *AMMI1F* модела одабирају различити најбољи генотипови у преко 50% спољашњих средина. *Crossa et al.* (1990) су закључили да се одабир најбољег генотипа разликује чак у 72% спољашњих средина. На основу процењене добити у прецизности постигнутој у огледима на соји и кукурузу (*Gauch and Zobel*, 1989; *Crossa et al.*, 1990), може се закључити да *AMMI* модел представља одличан "алат" за одабир бољих генотипова и на тај начин постизање већег напретка у оплемењивању.

Sneller and Dombek (1995), су испитивали рангирање сорти соје код пет двогодишњих сетова података на пет локација у Арканзасу, на основу оптималног *AMMI* модела утврђеног предикцијоним критеријумом и *AMMI1F* модела. Једна година је служила за процену вредности и одабир 15% најбоље ранжираних

генотипова, а друга за оцену успешности селекције, и обрнуто. Нису нађене разлике у успешности процене рангирања на основу оптималног *АММИ* и *АММИF* модела, тј. корелације ранга између два модела биле су значајне. Интеракцијска структура идентификована *АММИ* моделом у њиховом истраживању није била довољно поновљива кроз године да би се предвиђањима будућих реакција генотипова на основу *АММИF* модела могла дати предност у односу на процене на основу просека, тј. *АММИF* модела.

Тестирајући на принос генотипове соје, *Gauch and Zobel* (1988) закључују да се предикциона тачност *АММИ* модела са само два понављања може изједначити са прецизношћу предикције на основу средњих вредности добијених из пет понављања. Такође, предикциона тачност *АММИ* модела се повећава са повећањем величине огледа, броја третмана, као и са смањењем квалитета огледа тј. повећањем шума у подацима.

Annicchiarico et al. (1995) испитивали су *GE* интеракцију *АММИ* моделом на два сета средње касних и касних хибрида кукуруза на 11 локација у северној Италији током трогодишњег периода. Тестирање хибрида вршено је у већем броју спољашњих средина које су представљене комбинацијом локација \times година па је било могуће *GE* интеракцију раздвојити на интеракцију генотип \times локалитет (*GL*), генотип \times сезона (*GS*) и интеракцију генотип \times локалитет \times сезона (*GLS*). Утврђена је значајност *GL* и *GS* интеракције у *ANOVA*, а само је *GL* интеракција анализирана *АММИ* моделом. Нађене су значајне прве две мултипликативне компоненте *GL* интеракције код оба сета података, и објасниле су 48% и 63% варијације *GL* интеракције. Аутори нису могли јасно да дефинишу мега-средине услед непредвидивих ефеката *GS* и *GLS* интеракција, али истичу да је вишегодишње тестирање генотипова на више локација апсолутно неопходно како у оплемењивачке сврхе, тако и за препоруку хибрида за гајење.

Vasić et al. (2006) испитивали су *АММИ* моделом принос и влагу зрна хибрида кукуруза са различитим процентом егзотичне гермплазме (0, 25, 50, 75 и 100%) у очинској компоненти у четири спољашње средине. Класичним *F*-тестом одредили су одговарајући *АММИ* модел за процену интеракције, и то *АММИ1* за принос зрна и *АММИ3* за влагу зрна. Аутори нису утврдили значајну везу између

процента егзотичне гермплазме у генотипу и стабилности приноса, па закључују да са практичне оплемењивачке тачке гледишта индивидуална стабилност генотипова не треба да има кључну улогу у одабиру пожељних генотипова са различитим процентом егзотичне гермплазме.

Samonte et al. (2006) су испитивали хибриде кукуруза у седам кишних и седам сушних сезона на Филипинима и дали препоруке најбољих генотипова на основу *АММИ* модела. У свих 14 сезона добили су да су главни ефекти генотипова, спољашњих средина и *GE* интеракције статистички значајни. На основу ових резултата аутори истичу да *GE* интеракцију треба узети у обзир када се испитује принос хибрида кукуруза на већем броју локалитета, или када се бирају одговарајући, најбољи генотипови за одређене локалитете због тога што је већи проценат варијације објашњен управо *GE* интеракцијом у односу на главни ефекат генотипа. Аутори су израчунали номиналне вредности приноса генотипова (*Gauch and Zobel*, 1997) по спољашњим срединама, комбинујући адитивне ефекте генотипова са скоровима генотипова и спољашњих средина значајних мултипликативних компоненти *АММИ* модела. Груписање спољашњих средина у мега-средине је урађено тако што су у исту мега-средину сврстане све средине са истим најбољим генотипом, тј. генотипом са највећим номиналним приносом.

Ilker et al. (2009) су испитивали утицај *GE* интеракције на принос 17 хибрида кукуруза тестираних на четири локације у две године применом *АММИ* и *SREG* модела. Комбинацију године и локалитета су посматрали као спољашњу средину. Аутори су утврдили да је поред стандардног генотипа задовољавајући принос и стабилност постигао један експериментални хибрид. Такође, одредили су алтернативну сувишну спољашњу средину (*E3*) коју би могли ислучити из даљих мутилокацијских огледа, а да се адекватна слика интеракције и рангирања хибрида не промени, односно квалитет испитивања не смањи.

Kandus et al. (2010) су уз помоћ *АММИ* и *SREG* модела испитивали *GE* интеракцију код 6 линија кукуруза са балансним леталним системом (*BLS*) и две нормалне линије и код хибрида добијених диалелним укрштањем. Огледи су изведени на укупно пет спољашњих средина, односно у две године на три локације у Аргентини. Оба модела су објаснила високу пропорцију укупне

варијабилности код линија и релативно ниску пропорцију варијабилности код хибрида. Уочена је структура односа типа хибрида и њихове стабилности, наиме хибриди између линија *BLS-BLS* и *BLS-Нормална* су се показали стабилнијим од хибрида *Нормална-Нормална* за принос зрна.

На 11 локалитета у Бразилу у две сезоне, *de Oliveira et al.* (2010) су испитивали 20 експерименталних хибрида кукуруза и три комерцијална. Уз помоћ *AMMI* и *GGE* модела проучавали су адаптабилност и стабилност генотипова, груписали спољашње средине у мега-средине, уједно поредећи ефикасност статистичких модела. *Gabriel*-овом (2002) методом унакрсног вредновања одређен је као оптимални *AMMI* модел и на основу овог модела су израчунате номиналне вредности генотипова. Груписање спољашњих средина је извршено на основу најприноснијег генотипа - "победника" (*Gauch and Zobel*, 1997). Све спољашње средине са истим победником сврстане су у исту групу, и на тај начин су формиране две групе са 5 и 17 спољашњих средина. Слично је и на основу *SREG* модела извршено груписање спољашњих средина у две групе, са 6 и 16 спољашњих средина. Аутори на основу приноса и стабилности приноса из *AMMI* и *SREG2* модела издвајају као најпожељније различите генотипове. У *SREG2* моделу садржан је већи део суме квадрата генотипа и *GE* интеракције, 51,53% и 27,17%, редом, у односу на *AMMI*, 48,52% и 21,88%. Међутим предикциона корелација (*Gabriel*, 2002), па тиме и ефикасност модела је била већа за *AMMI* (*PRESS corr* = 0,88), него за *SREG2* модел (*PRESS corr* = 0,86). Аутори ову разлику објашњавају претпоставком да је са додатном сумом квадрата *G + GE* варијације у *SREG* моделу унесен део варијација богатих шумом. У овом случају већи проценат задржане суме квадрата у моделу није резултирао повећањем прецизности.

Babić et al. (2010) *AMMI* моделом су анализирали податке из огледа са 15 комерцијалних хибрида кукуруза различитих група зрења у 24 спољашње средине у циљу идентификације систематског дела варирања *GE* интеракције. Сума квадрата укупне варијације третмана објашњена *GE* интеракцијом износила је 6,4%, а главним ефектом 2,2%. Број мултипликативних компоненти које су укључене у *AMMI* модел одређен је на основу процента шума у суми квадрата

мултипликативне компоненте (*Gauch*, 1992) и у модел су укључене прве две компоненте, оптерећене са 9,7% и 26,7% шума редом, које су са 36 и 34 степена слободе садржале 65% и 22,5% суме квадрата *GE*. *AMMI2* моделом је обухваћено 97,2% укупне суме квадрата третмана. *PCI* скорови за локације су били у позитивној корелацији са сумом падавина у току вегетационе сезоне као и са просечним приносом оствареним на локацијама, са коефицијентима корелације од 0,88 и 0,66, редом. Скорови локација друге интеракцијске компоненте нису се могли довести у везу ни са једним познатим фактором.

4. Радна хипотеза

Полази се од претпоставке да ће се на основу процене генетичких параметара две полусродничке популације кукуруза издвојити један од два коришћена тестера као перспективнији за даљи оплемењивачки рад са НСА15 популацијом. Претпоставља се такође да популација НСА15 садржи у себи довољно пожељних алела који се разликују од оних које садрже тестери, и да је захваљујући томе популацију могуће користити у даљем оплемењивачком раду, било за директно извођење инбред линија из ње, било као донора за унапређење већ постојећих супериорних хибридних комбинација.

Такође, претпоставља се да избор тестера утиче на генетичке показатеље, и да ће се полусродничке популације кукуруза добијене са различитим тестерима значајно разликовати по истим.

Применом *АММ* модела за процену интеракције генотип \times спољашња средина и стабилности генотипова очекује се издвајање појединачних генотипова из обе групе потомстава са највећим потенцијалом за принос зрна, који се уједно одликују стабилношћу исте особине.

5. Материјал и метод рада

5.1. Материјал

За истраживање је коришћена популација кукуруза уже генетичке основе НСА15, стандардног квалитета зрна, средње касне вегетације (*FAO* групе зрења 700). Током 2005. год. извршено је укрштање две инбред линије НС15 (настала комбинацијом 25% материјала из Јужне Америке и 75% адаптираних извора, несродних са другим хетеротичним групама) и НС61 (*Lancaster* основе). Самооплодњом F_1 биљака у зимској генерацији (2005/2006. год) добијено је семе F_2 генерације од кога је произведено око 300 F_2 биљака у 2006. год. на огледном пољу Института за ратарство и повртарство у Новом Саду (граф. 1). Методом случајног избора самооплођено је 100 биљака, а одабрано 50 клипова (биљака) у берби, који су имали довољан број зрна за сетву наредне године. Током 2007. год., засејано је, методом клип на ред, свих 50 S_1 потомстава. По 15 случајно одабраних биљака од сваког S_1 потомства (мајчинске компоненте) укрштено је са сваким од два међусобно и у односу на популацију, генетички несродна тестера - инбред линије НС732 и НС27 (очинске компоненте). Линија НС732 (*FAO* група зрења 400) припада *Iodent* хетеротичној групи, док је НС27 (*FAO* група зрења 500), *BSSS* основе. Две групе полусродничких потомстава (*HS*), свака са 40 генотипова, са довољном количином избалансираног семена, формиране су тако да свако S_1 потомство буде истовремено укрштена са оба тестера.

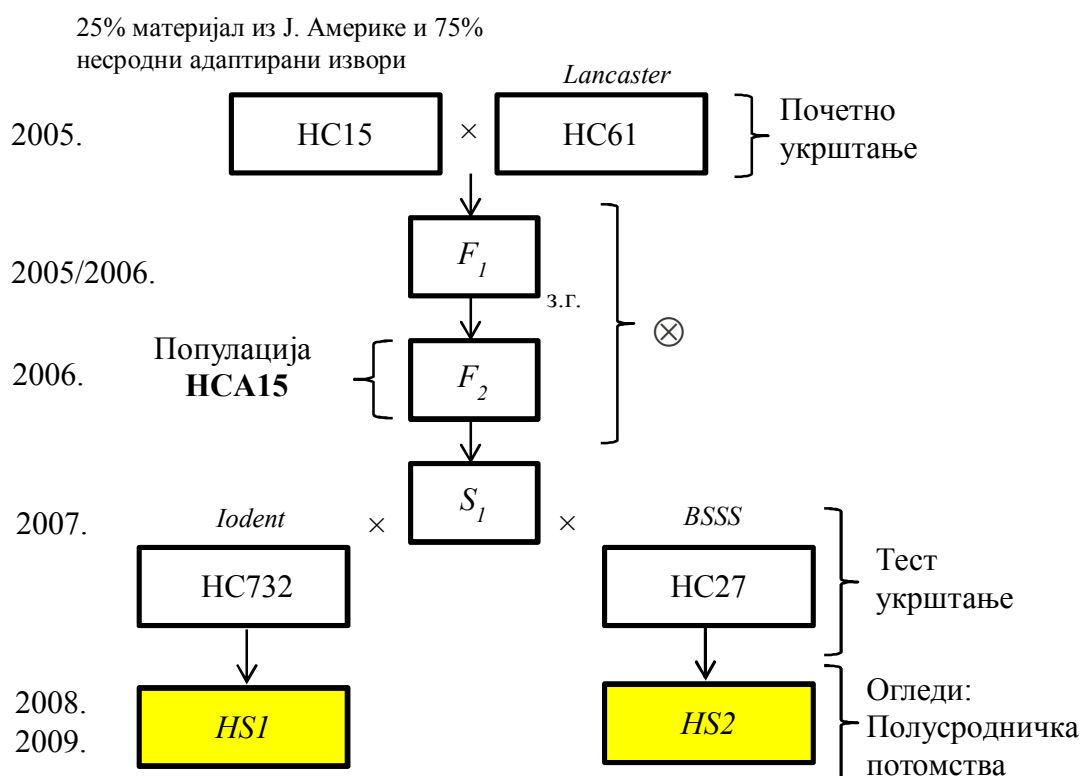
5.2. Пољски огледи

Огледи по моделу непотпуног блок дизајна (*Nested design*), са понављањима у оквиру сета (*Cochran and Cox*, 1957; *Hallauer and Miranda*, 1988; по модификацији *Ивановић*, 1995, необјављено), посејани су током 2008. и 2009. год. на четири локалитета: Римски Шанчеви, Србобран, Сремска Митровица и Кикинда. Услед јаке суше и неуједначеног ницања и развоја биљака током вегетације подаци из огледа у Кикинди 2009. год. нису коришћени, тако да је анализа обухватила 7 спољашњих средина (четири локалитета у 2008. и три у 2009. години). За сваку групу полусродничких потомстава постављени су независни огледи, са два сета (у сваком сету по 20 случајно одабраних

потомстава), и два понављања у оквиру сета. У оквиру сваког огледа, била су заступљена по четири хибрида - стандарда (два инбред-тестера \times линије које су формирале популацију): $st1 = HC732 \times HC61$, $st2 = HC27 \times HC61$, $st3 = HC732 \times HC15$ и $st4 = HC27 \times HC15$. Стандарди су коришћени само ради поређења вредности проучаваних особина у односу на одговарајућа тестирана потомства, и нису укључени у анализу и процену генетичких параметара. Површина елементарне парцеле износила је $8.1 m^2$ за сваки генотип (два реда, сваки дужине $5.4 m$), са растојањем $0.75 m$ између редова и $0.22 m$ између биљака у реду. Густина усева износила је $60\ 606 biljaka/ha$. Сетва и берба огледа (за процену приноса зрна) обављена је машински. Примењена је уобичајена технологија гајења, која је прилагођена агроколошким условима локалитета. Проучаване су следеће особине:

- 1) Принос зрна (t/ha са 14 % влаге)
- 2) Компоненте приноса зрна
 - дужина клипа (cm)
 - број редова зрна
 - број зрна у реду
 - маса 1000 зрна (g)
- 3) Морфолошке особине
 - висина биљке до врха метлице (cm)
 - висина биљке до основе горњег клипа (cm)
 - број листова изнад горњег клипа
- 4) Влага зрна у берби (%)
- 5) Процент полеглих и сломљених биљака (%).

Берба огледа је обављена машински при чему су мерени принос и влага зрна по елементарној парцелици за оба проучавана *HS* потомства. Непосредно пред бербу, са компетитивних биљака узет је узорак од 10 клипова по елементарној парцели за анализу компоненти приноса, осушен у сушници са протоком топлог ваздуха до стандардног садржаја влаге од 14%, а након тога извршена је анализа компоненти приноса. Морфолошке особине су мерене 15 дана након завршетка фазе цветања на 10 компетитивних биљака по елементарној парцели. За све особине компонентата приноса и морфолошке особине, вредности коришћене у току статистичке обраде података заснивају се на просечним вредностима по парцели. Број полеглих и сломљених биљака је утврђен непосредно пре бербе.



Графикон 1. Стварање испитиваног материјала

5.3. Статистичка анализа

Израчунате су средње вредности особина (\bar{x}) и њима одговарајуће стандардне грешке ($SE_{\bar{x}}$). Затим је за све проучаване особине урађена анализа варијансе и коваријансе по моделу непотпуног блок дизајна (случајни модел). У моделу су случајни ефекти спољашњих средина као и ефекти генотипа (потомстава). У анализи варијансе очекиване средине квадрата означене су са MS (таб. 1).

Табела 1. Анализа варијансе по моделу непотпуног блок дизајна

Извор варирања	Степени слободе*	Средина квадрата	Очекивана средина квадрата
Локације (L)	$l-1$	MS_7	$\sigma_e^2 + r \sigma_{fl/s}^2 + f \sigma_{r/sl}^2 + rf \sigma_{ls}^2 + rfs \sigma_l^2$
Сетови (S)	$s-1$	MS_6	$\sigma_e^2 + r \sigma_{fl/s}^2 + f \sigma_{r/sl}^2 + rf \sigma_{ls}^2 + rfs \sigma_{ls}^2 + rfl \sigma_s^2$
Лок. \times Сет	$(l-1)(s-1)$	MS_5	$\sigma_e^2 + r \sigma_{fl/s}^2 + f \sigma_{r/sl}^2 + rf \sigma_{ls}^2$
Понављање/ S/L	$ls(r-1)$	MS_4	$\sigma_e^2 + f \sigma_{r/sl}^2$
Потомства/ S	$s(f-1)$	MS_3	$\sigma_e^2 + r \sigma_{fl/s}^2 + rl \sigma_{fs}^2$
Потом. $\times L/S$	$s(f-1)(l-1)$	MS_2	$\sigma_e^2 + r \sigma_{fl/s}^2$
Грешка	$ls(f-1)(r-1)$	MS_1	σ_e^2
Укупно	$rslf-1$		

* r – број понављања, f – број потомстава по сету, l – број локација, s – број сетова

На основу вредности из анализе варијансе и коваријансе израчунати су апсолутни показатељи варијабилности - генетичка и фенотипска варијанса.

Генетичка варијанса (σ_g^2) израчуната је коришћењем следећег израза:

$$\sigma_g^2 = \frac{MS_3 - MS_2}{rl}$$

Фенотипска варијанса (σ_f^2) представљена је као збир генетичке и еколошке варијансе:

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gl}^2}{l} + \frac{\sigma_e^2}{r \cdot l} = \frac{MS_3 - MS_2}{r \cdot l} + \frac{MS_2 - MS_1}{r \cdot l} + \frac{MS_1}{r \cdot l}$$

Херитабилност у ширем смислу (h^2) представља однос између генетичке и фенотипске варијансе и израчуната је следећим изразом:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

Релативни показатељи варијабилности као што су коефицијенти генетичке (CV_g) и фенотипске (CV_f) варијације који омогућавају поређење варијације особина изражених различитим јединицама мере израчунати су применом следећих израза:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{x}} \cdot 100 \qquad CV_f = \frac{\sqrt{\sigma_f^2}}{\bar{x}} \cdot 100$$

Из односа коваријансе и одговарајућих варијанси израчунате су генетичке (r_g) и фенотипске (r_f) корелације:

$$r_{g_{xy}} = \frac{COV_{g_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{g_x}^2 + \sigma_{g_y}^2}} \qquad r_{f_{xy}} = \frac{COV_{f_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{f_x}^2 + \sigma_{f_y}^2}}$$

Поређење генетичких, односно фенотипских варијанси, између различитих огледа урађено је применом *Hartley* теста (1955), на следећи начин:

$$F = \frac{\sigma_{g(f)}^2(\text{већа})}{\sigma_{g(f)}^2(\text{мања})}$$

за степене слободe:

$$n_1 = f \times s \text{ (већа варијанса)}, n_2 = f \times s \text{ (мања варијанса)}.$$

Тестирање сигнификантности интеракција са изменом ранга извршено је *Azzalini-Cox* тестом (*Azzalini and Cox, 1984*), који тестира нулту хипотезу о постојању интеракције са изменом ранга узимајући у обзир разлике између свих могућих парова генотипова у свим могућим паровима спољашњих средина и обрнуто. Број таквих разлика израчунава се према следећем изразу:

$$g(g - 1)e(e - 1)/4,$$

где је g - број генотипова, а e - број спољашњих средина). Према дефиницији, интеракција са изменом ранга постоји уколико за било који пар генотипова и спољашњих средина апсолутне разлике вредности - разлике генотипова прелазе критичну вредност у обе спољашње средине и имају супротан предзнак разлика код једне и друге спољашње средине. Израз за израчунавање критичне вредности *Azzalini-Cox* теста дат је у *Cornelius et al.* (1992).

За анализу интеракције генотип \times спољашња средина (GE) примењен је линеарно билинеарни модел адитивних ефеката и мултипликативне интеракције (*AMMI - Additive main effects and multiplicative interactions effects*) за оне огледе и особине (принос зрна) код којих се варијанса између сетова није статистички значајно разликовала од нуле, па је оглед, уместо као *Nested*, посматран као потпуно случајни блок дизајн (*RCBD - Randomized Complete Block Design*); тј. као општији случај под који може подвести *Nested* дизајн као непотпуни блок дизајн са понављањима у оквиру сета.

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

где је:

Y_{ij} – вредност i -тог генотипа у j -тој средини ($i = 1, \dots, g; j = 1, \dots, e$);

μ - општа средина;

τ_i – ефекат i -тог генотипа;

δ_j – ефекат j -те средине;

$(ge)_{ij} = \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \theta_{ij}$ - ефекат интеракције уколико се уведу рестрикције:

$$\sum_{i=1}^g \tau_i = \sum_{j=1}^e \delta_j = \sum_{i=1}^g (ge)_{ij} = \sum_{j=1}^e (ge)_{ij} ;$$

λ_k ($k = 1, \dots, t$; $t \leq r = \min\{g - 1, e - 1\}$) ($\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_t$) је k -та највећа јединствена вредност матрице $(GE)_{g \times e} = [(ge_{ij})]$ тј. је λ_k^2 k -та највећа карактеристична вредност матрица $(GE)(GE)'$ и $(GE)'(GE)$;

t - је број статистички значајних вредности λ_k^2 тј. број компонената које значајно ($p < 0.05$) објашњавају интеракцију генотип \times спољашња средина;

α_{ik} је k -та компонента вектора генотипова; $\alpha_{ik} = (\alpha_{1k}, \dots, \alpha_{gk})'$ који је карактеристични вектор (k -та главна компонента) матрице $(GE)(GE)'$, а одговара карактеристичној вредности λ_k^2 ;

γ_{jk} је j -та компонента вектора спољашњих средина; $\gamma_{jk} = (\gamma_{1k}, \dots, \gamma_{ek})'$ који је карактеристични вектор (k -та главна компонента) матрице $(GE)'(GE)$, а одговара карактеристичној вредности λ_k^2 ;

$\theta_{ij} = \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}$ - остатак интеракције који није обухваћен значајним ($p < 0,05$) главним компоненатама;

ε_{ij} – случајна грешка.

Тестирање значајности свих извора варијације у *АММИ* моделу, као и главних компонената изведено је помоћу F -теста. Број степени слободе за тестирање статистичке значајности главних компонената у моделу одређен је према методи предложеној од стране *Gollob*-а (1968), дат је изразом: $df = G + E - 1 - 2n$, где је G – број генотипова, E - број спољашњих средина, а n – број главних компонената задржаних у моделу. Такође, у циљу утврђивања оптималног броја мултипликативних компоненти које треба укључити у *АММИ* модел, примењени су тестови засновани на F односу (F_{GH1} , F_{GH2} , F_R и F_{sim} ; *Cornelius et al.*, 1992).

Процена реалне структуре интеракције која је садржана у суми квадрата интеракције генотип \times спољашња средина извршена је према поступку који су дали *Gauch and Zobel* (1996), и на основу односа сигнала и шума (необјашњене

варијабилности) у интеракцији одређен је број мултипликативних компоненти у оптималном *АММИ* моделу.

Интеракција је представљена помоћу *АММИ* биplot графикана где су главни ефекти генотипа и спољашње средине представљени на апсциси, а вредности прве главне компоненте за генотипове и спољашње средине (*IPCI*) на ординати. Приликом конструкције *АММИ* биplot графикана карактеристична вредност главне компоненте (λ_k) подељена је симетрично између карактеристичних вектора генотипа (α_{ik}) и спољашње средине (γ_{ik} ; *Yan and Kang, 2003*).

Средње вредности, показатељи варијабилности, анализа варијансе по моделу непотпуног блок дизајна и генетичке корелације израчунати су у програму *Microsoft Office Excel, 2010*, а *АММИ* анализе урађене су у *R* програму (*R Development Core Team, 2010*).

5.4. Метеоролошки показатељи

Вегетациони период у 2008. години карактерисало је топлије време од уобичајеног и врло неуједначен прилив падавина од места до места. Укупне суме падавина у периоду април-септембар достигле су ниво од 89% просечних вредности за територију Србије уз промене које су биле израженије у Војводини, него у централним деловима Републике. Значајан дефицит падавина у првој половини јула и у августу, као и високе температуре ваздуха, условили су у појединим деловима Војводине (Банат) и централне Србије убрзано протицање фаза зрења јарих усева. Акумулирана сума ефективних температура изнад 10°C током јула и августа имала је значајно позитивно одступање, што је допринело скраћењу вегетације за око 18 дана у односу на просечне услове. То се у одређеној мери неповољно одразило на принос каснијих хибрида кукуруза.

Табела 2. Вредности климатских показатеља у вегетационом периоду кукуруза за испитиване спољашње средине

Месец	Спољашња средина						
	<i>RŠ08</i>	<i>SR08</i>	<i>SM08</i>	<i>KI08</i>	<i>RŠ09</i>	<i>SR09</i>	<i>SM09</i>
максимална температура (°C)							
Април	25.0	19.1	25.7	23.7	24.3	21.7	25.0
Мај	28.7	25.1	29.7	29.0	31.3	25.4	31.3
Јун	31.0	28.0	32.0	31.3	29.7	26.7	31.0
Јул	33.7	28.4	35.0	33.7	33.3	30.2	34.3
Август	35.7	30.3	35.3	35.7	35.0	30.4	35.0
Септембар	29.3	22.2	30.0	29.0	30.0	27.0	30.7
Октобар	24.3	20.2	25.3	24.0	23.7	17.4	24.3
минимална температура (°C)							
Април	4.0	7.6	3.7	2.3	4.7	8.8	3.3
Мај	8.0	11.5	7.7	6.7	8.0	11.6	7.3
Јун	13.7	16.7	12.7	13.3	10.7	14.4	9.3
Јул	13.0	16.0	12.0	13.0	12.3	16.5	10.3
Август	10.7	15.5	9.7	10.3	13.3	16.4	11.7
Септембар	5.3	10.9	4.7	7.3	10.3	13.4	9.3
Октобар	3.7	7.8	2.7	4.0	1.3	7.5	1.7
температурна варијација (°C)							
Април	21.0	11.5	22.0	21.3	19.7	12.9	21.7
Мај	20.7	13.6	22.0	22.3	23.3	13.8	24.0
Јун	17.3	11.3	19.3	18.0	19.0	12.3	21.7
Јул	20.7	12.4	23.0	20.7	21.0	13.7	24.0
Август	25.0	14.8	25.7	25.3	21.7	14.0	23.3
Септембар	24.0	11.3	25.3	21.7	19.7	13.6	21.3
Октобар	20.7	12.4	22.7	20.0	22.3	9.9	22.7
падавине (mm)							
Април	21.9	20.0	51.0	18.0	3.6	10.6	12.0
Мај	46.2	53.7	40.0	30.0	50.4	95.3	44.0
Јун	115.9	98.1	56.0	123.0	127.2	153.4	81.0
Јул	41.6	45.4	58.0	35.0	57.0	28.2	24.0
Август	14.0	38.0	23.0	23.0	19.1	34.0	42.0
Септембар	93.6	104.5	77.0	61.0	13.1	22.8	3.0
Октобар	18.4	24.2	12.0	20.0	81.9	70.4	82.0
Сума	351.6	383.9	317.0	310.0	352.3	414.7	288.0

Вегетациони период 2009. године у целини гледано имао је топлотне услове који су мало одступали од уобичајених. Акумулирана температурна сума

изнад прага од 10°C имала је нешто вишу вредност од просечне. Одступање је било највеће на територији Војводине, а најмање у деловима југозападне, југоисточне и источне Србије. Услови влажности у овом периоду су у северном делу земље имали карактер суше, а на подручју западног Срема и екстремне суше. Изузетак је крајњи север Војводине где су услови влажности били нормални, као и на већем делу територије јужно од Саве и Дунава. Јака и умерена суша захватила је део источне, док је повећану влажност имао само мали део западне Србије. На крају производне године може се рећи да су на квалитет и квантитет приноса кукуруза више утицали описани услови влажности него топлотни услови (Агрометеоролошки годишњак, 2008 и 2009).

Након увида у вредности климатских показатеља за спољашње средине у којима су изведени огледи (таб. 2), може се закључити да је на принос зрна кључни утицај имала количина падавина у три летња месеца (јуну, јулу и августу) која представљају критичан период за кукуруз. У шест од седам спољашњих средина се просечан принос за обе групе полусродника изнад 11.5 *t/ha*, односно испод 10 *t/ha*, може повезати са количином падавина у наведена три месеца вишом од 170 *mm*, односно нижом од 150 *mm*. Једино је у спољашњој средини *SR08* и поред 181,5 *mm* падавина остварен просечан принос од 9,1 *t/ha*. Ово смањење приноса може се објаснити штетним утицајем корова који су постојали у усеву у почетним фазама раста и развића.

6. Резултати истраживања и дискусија

6.1. Средње вредности приноса зрна и агрономских особина две групе полусродника кукуруза

Један од веома важних параметара за процену оплемењивачког потенцијала сваке популације је средња вредност особина на које се врши селекција. Важно је утврдити средњу вредност за сваку особину од значаја јер уколико је она релативно ниска (неодговарајућа) биће потребно уложити више селекционог напора и времена, односно урадити већи број циклуса да би се она повећала (*Hallauer and Miranda, 1988*).

Принос зрна је особина која је од изузетног значаја код кукуруза, па се све друге особине посматрају кроз принос, у односу на принос и у функцији приноса. Пошто се у овом раду генетичка анализа популације НСА15 врши на основу две групе полусродничких потомстава (*HS – half-sib*, у даљем тексту *HS1* и *HS2*) и резултати ће за обе групе полусродника бити приказани заједно.

Просечан принос зрна прве групе *HS* потомстава (10,83 t/ha) био је нижи у поређењу са приносом друге групе *HS* потомстава (11,19 t/ha). Међутим, ова разлика, иако не мала (360 kg/ha), није била статистички значајна (таб. 3). Интервал варирања приноса зрна био је шири код *HS2* у односу на *HS1*. Такође, поред приноса, код другог *HS* забележене су више просечне вредности у односу на *HS1* за скоро све друге посматране особине: дужина клипа, број редова зрна, маса 1000 зрна, висина биљке до врха метлице (висина биљке у даљем тексту), висина биљке до основе горњег клипа (висина клипа у даљем тексту), број листова изнад клипа (број листова у даљем тексту), влага зрна у берби и проценат полеглих и сломљених биљака. Утврђене разлике средњих вредности за већину особина биле су статистички значајне (сем за дужину клипа и број редова зрна). За особину број зрна у реду *HS1* је имао сигнификантно већу просечну вредност у односу на *HS2*. Просечне вредности дужине клипа су биле скоро једнаке за обе групе потомстава, а *HS1* је имао већи интервал варијације и максималну вредност.

Табела 3. Средње вредности, стандардне грешке, интервали варирања испитиваних особина и значајност разлика средњих вредности две групе *HS* потомстава кукуруза

Особина	Група потомстава	Средња вредност	Стандардна грешка	Интервал		<i>HS1:HS2</i>
				мин.	макс.	
Принос зрна (<i>t/ha</i>) са 14% влаге	<i>HS1</i>	10.83	0.07	6.83	15.10	нз
	<i>HS2</i>	11.19	0.07	7.20	15.82	
Дужина клипа (<i>cm</i>)	<i>HS1</i>	20.20	0.05	18.03	25.37	нз
	<i>HS2</i>	20.23	0.06	17.24	23.00	
Број редова зрна	<i>HS1</i>	15.43	0.06	13.10	22.45	нз
	<i>HS2</i>	15.67	0.04	14.10	17.50	
Број зрна у реду	<i>HS1</i>	40.82	0.11	34.65	45.15	*
	<i>HS2</i>	39.75	0.13	32.45	44.60	
Маса 1000 зрна (<i>g</i>)	<i>HS1</i>	319.79	1.26	272.50	400.00	**
	<i>HS2</i>	345.44	1.17	275.00	410.00	
Висина биљке до врха метлице (<i>cm</i>)	<i>HS1</i>	292.10	0.39	243.00	330.50	**
	<i>HS2</i>	316.98	0.51	275.00	364.50	
Висина биљке до основе горњег клипа (<i>cm</i>)	<i>HS1</i>	121.72	0.33	92.75	150.75	**
	<i>HS2</i>	126.62	0.39	104.00	161.75	
Број листова изнад горњег клипа	<i>HS1</i>	5.92	0.01	5.15	6.55	**
	<i>HS2</i>	6.66	0.02	6.00	7.20	
Влага зрна у берби (%)	<i>HS1</i>	18.21	0,08	11.80	26.40	**
	<i>HS2</i>	19.80	0,10	12.30	29.70	
Полегле и сломљене биљке (%)	<i>HS1</i>	2.64	0,20	0.00	28.80	*
	<i>HS2</i>	5.32	0,34	0.00	38.96	

нз – није значајна, * - $p < 0.05$, ** - $p < 0.01$

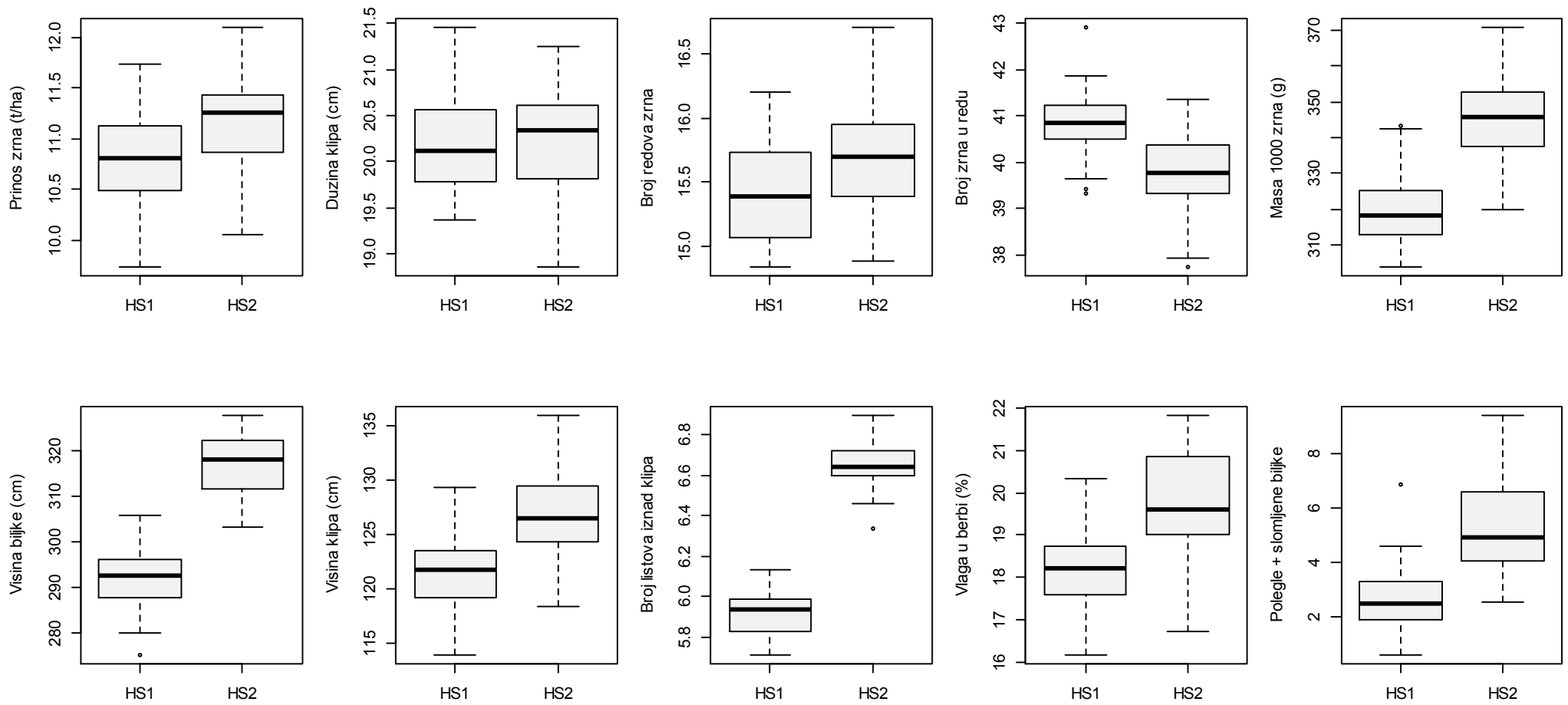
За особину број редова зрна је утврђен већи интервал варирања код првог *HS*, где су се просечне вредности кретале од 13,1 до чак 22,45. Код *HS2* интервал варијације био је много мањи, а минималне и максималне вредности су износиле 14,1 и 17,5. Код особине број зрна у реду је забележен нешто већи интервал варијације код *HS2*, слично као и код особина маса 1000 зрна и висина биљке. Други *HS* је имао статистички сигнификантно већу просечну вредност забележену код особина висина биљке до основе горњег клипа и број листова изнад клипа

иако је интервал варирања код *HS2* био нешто мањи него код *HS1* за исте особине. *HS2* је имао значајно веће средње вредности од *HS1* за влагу зрна у берби и проценат полеглих и сломљених биљака док су и интервали варирања код другог *HS* били шири.

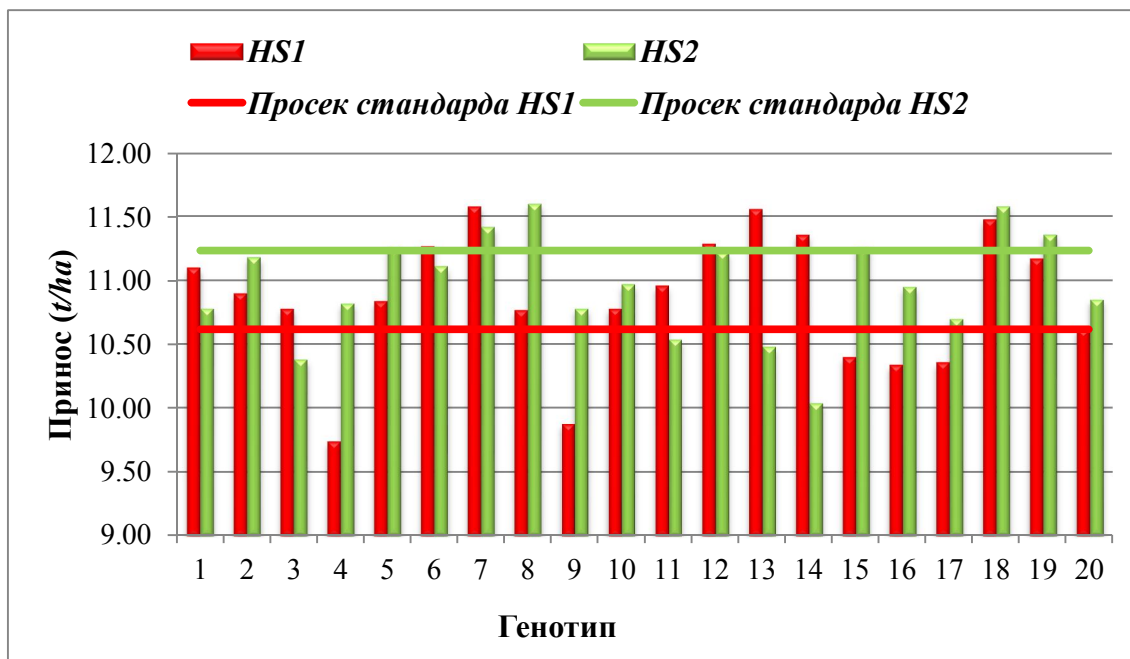
Више медијане за све испитиване особине, осим за број зрна у реду, уочљиве су код друге групе *HS* потомстава и на *boxplot* приказима (граф. 2). Разлике између потомстава у приносу зрна, дужини клипа и броју редова зрна нису биле значајне. Значајно више вредности медијане забележене су код другог *HS* за висину биљке и клипа, масу 1000 зрна, број листова изнад клипа, влагу зрна у берби и проценат полеглих и сломљених биљака, док је код првог *HS* установљена значајно виша вредност медијане за број зрна у реду.

Разлике у средњим вредностима и интервалима варирања добијене за *HS1* и *HS2* указују на утицај тестера са којима су дате полусродничке популације створене, а могу се тумачити и тиме да један (у овом случају HC27) тестер има већи број пожељних алела па њиховим деловањем маскира утицај одговарајућих алела у проучаваној HCA15 популацији.

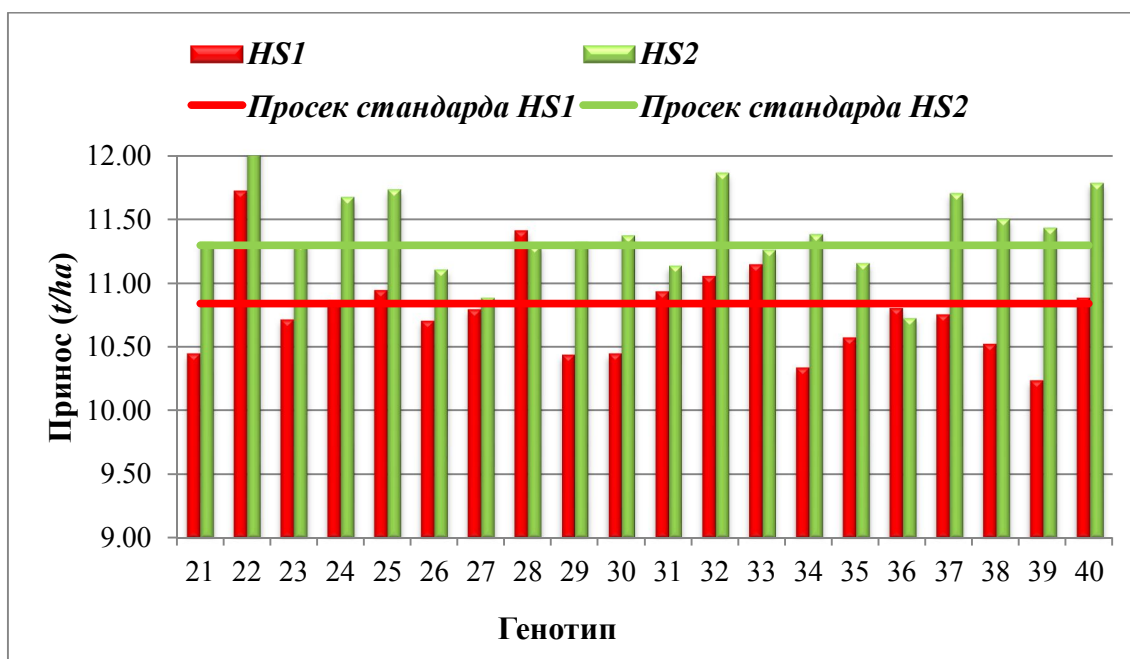
На графиконима 3. и 4. приказани су просечни приноси две групе потомстава (*HS1* и *HS2*) са 7 спољашњих средина (четири у 2008. и три у 2009.) Пошто је на основу резултата *ANOVA*-е утврђена сигнификантна разлика између сетова код *HS2* потомстава, упоређивани су резултати просечних приноса појединих *HS* потомстава и просечног приноса одговарајућих стандарда, за сваки сет посебно код оба огледа. Код *HS1* потомстава за поређење је служио просек хибрида HC732 × HC15 и HC732 × HC61, а за другу групу потомстава коришћен је просек стандарда HC27 × HC15 и HC27 × HC61, и на тај начин стандарди су одговарали *HS* потомствима према коришћеном тестеру (HC732 или HC27) као мајчинска компонента, док су очинске линије у хибридима стандардима (HC15 и HC61) коришћене у стварању почетне популације HCA15.



Графикон 2. *Boxplot* приказ медијана, првог и трећег квартила и минималних и максималних вредности испитиваних особина *HS* потомстава кукуруза



Графикон 3. Просечни приноси 20 генотипова сврстаних у први сет за обе групе HS потомстава кукуруза



Графикон 4. Просечни приноси 20 генотипова сврстаних у други сет за обе групе HS потомстава кукуруза

Директно поређење појединачних приноса између HS1 и HS2 генотипова није поуздано због независне рандомизације, иако се јасно уочавају веће

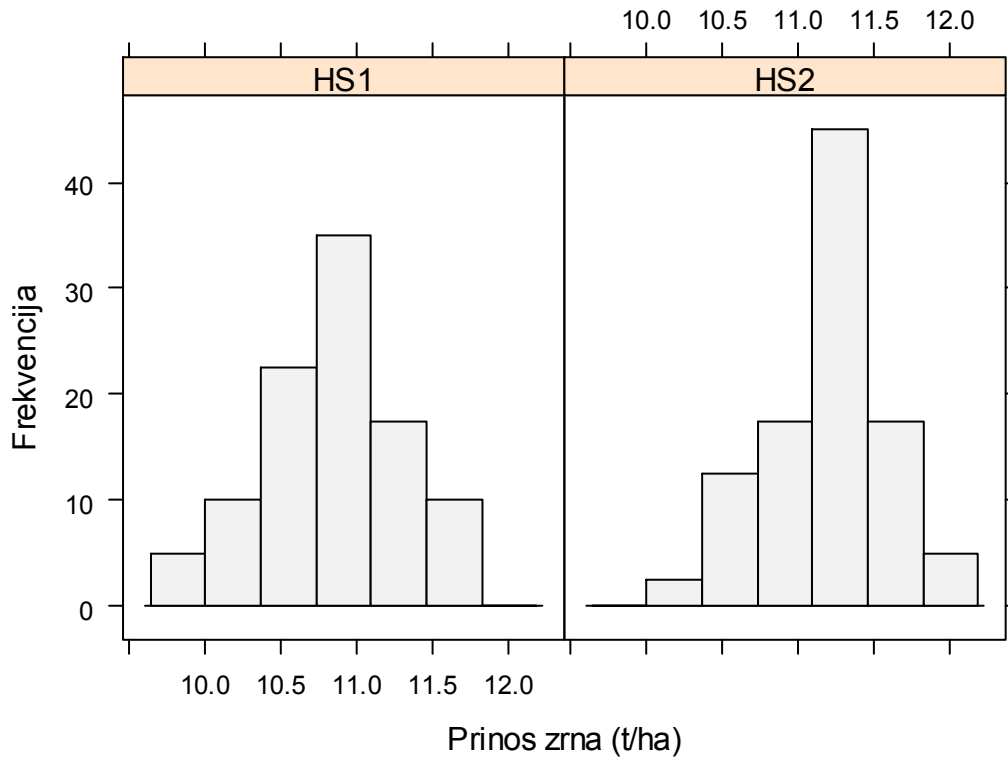
вредности за сетове, стандарде и већину потомстава *HS2* групе, посебно у другом сету. Добијени резултати указују да инбред тестер *HC27* има предност у односу на *HC732* за наставак оплемењивачког програма са наведеном популацијом (*HCA15*). Од укупно 40 тестираних потомстава, 22 у *HS1* и 19 у *HS2* (или око 50% по групи), остварила су већи принос у односу на одговарајући просек стандарда. Истовремено 11 *S_I* потомстава (или 27,5%) могу се сврстати у групу најроднијих са оба тестера, а то су бројеви (генотипови) 5, 7, 8, 18, 19, 22, 24, 25, 32, 33 и 40. Коришћење елитних линија као тестера свакако има практични значај. Ипак, у хибридним комбинацијама ове линије често изазивају маскирајући ефекат (*Ivanović et al.*, 1987), који је утолико већи уколико су перформансе тестера боље (*Smith*, 1986). Детекција значајног броја заједничких (за *HS1* и *HS2*) најроднијих комбинација, у конкретном случају се само делимично може објаснити маскирајућим ефектом тестера, тим пре што су инбред-тестери међусобно несродни, што подразумева разлике у фреквенцији пожељних алела на различитим генским локусима, и чије *F_I* потомство (*HC732* × *HC27*) представља хибрид комерцијалних перформанси. Вероватно запажену улогу у објашњењу наведених резултата игра и гентичка структура почетне популација (*HCA15*). Рекомбинанти (*S_I* потомства) између претежно „старијих“ *Lancaster* извора (75% гермплазме) и јужноамеричких тврдунаца (25% гермплазме), могу бити добри донори пожељних алела за принос зрна јер су комплементарни инбред линијама новијих циклуса селекције (*Stanisavljević i sar.*, 2010).

6.2. Анализа варијансе приноса зрна и агрономских особина две групе полусродника кукуруза

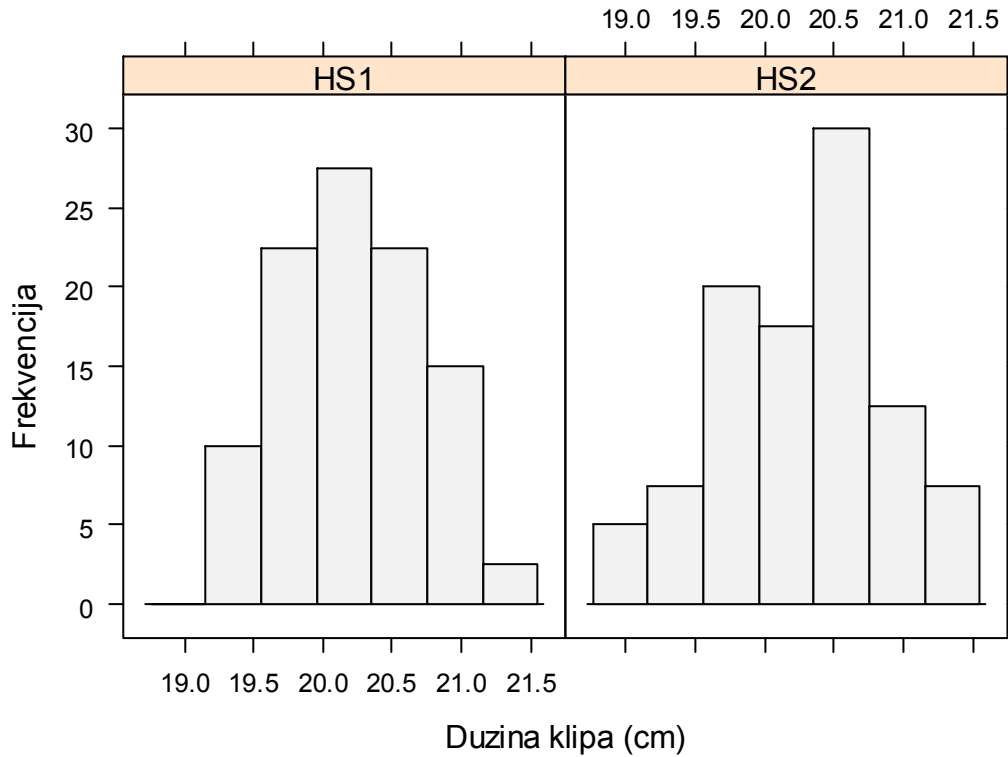
Један од основних услова за примену анализе варијансе је да емпиријска дистрибуција за одређену особину не одступа значајно од нормалне расподеле. На хистограмима (граф. 5-14) представљене су дистрибуције фреквенција за све испитиване особине код обе групе *HS* потомстава, а *Jarque-Bera* тестови нормалитета за све испитиване особине дати су у табели 4 (*Jarque and Bera*, 1980). Емпиријске расподеле свих испитиваних особина код обе групе потомстава биле су у сагласности са нормалном теоријском расподелом, изузев полеглих и сломљених биљака код прве групе *HS* потомстава.

Анализа варијансе је једна од најчешћих метода за утврђивање генетичких показатеља варијабилности популације, а један од најчешће примењиваних експерименталних дизајна је потпуно случајни блок дизајн (*Randomized Complete Block Design - RCBD*). Међутим, у оплемењивачким програмима се често испитује већи број генотипова, односно већи број третмана у оквиру блока што повећава величину блокова па самим тим и експерименталну погрешку. Број генотипова које је могуће испитати у оквиру једног блока код кукуруза најчешће се креће између 20 и 30, у зависности од хомогености земљишта (*Srećkov, 2009*), што може да буде проблем када је потребно испитати већи број потомства експерименталних популација. Непотпунини блок дизајн са понављањима у оквиру сетова превазилази овај проблем и омогућује испитивање већег броја генотипова у оквиру истог огледа.

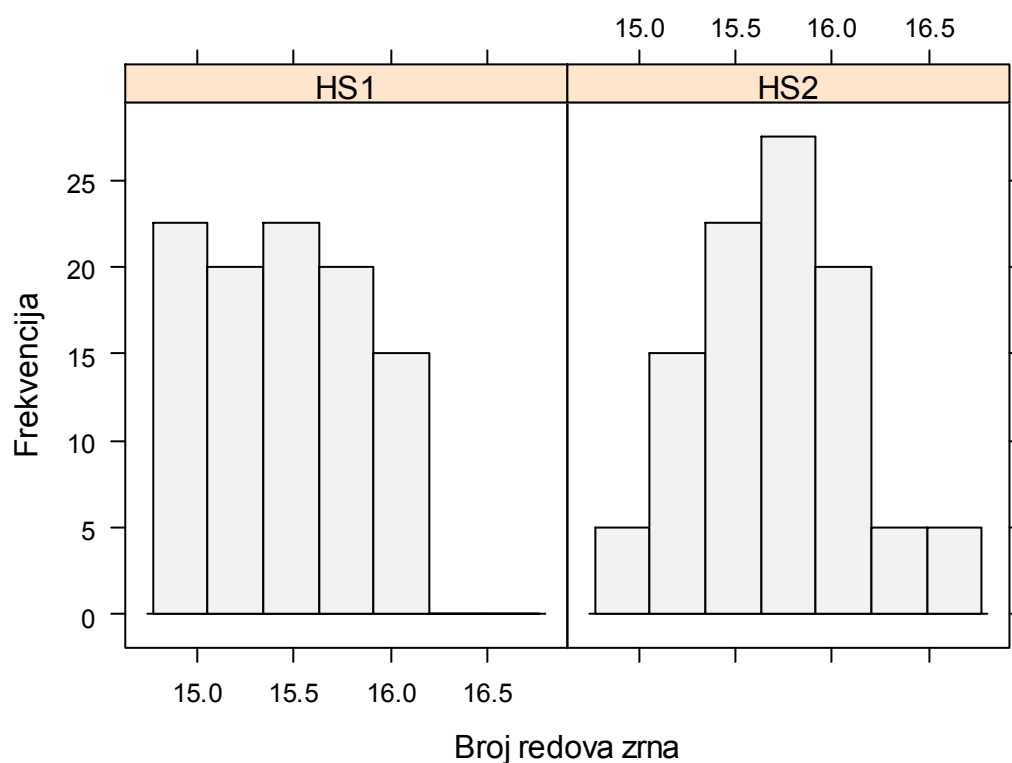
Средине квадрата са степенима слободе и изворима варирања за анализу варијансе непотпуног блок дизајна и одговарајућим нивоима значајности приказане су у табели 5. (за *HS1*) и табели 6. (за *HS2*). Код обе групе *HS* потомстава анализом варијансе утврђене су високо сигнификантне и сигнификантне разлике између локалитета за све испитиване особине, сем за број листова изнад клипа код *HS2*, што указује на јак утицај агроколошких услова спољашњих средина на испољавање готово свих особина.



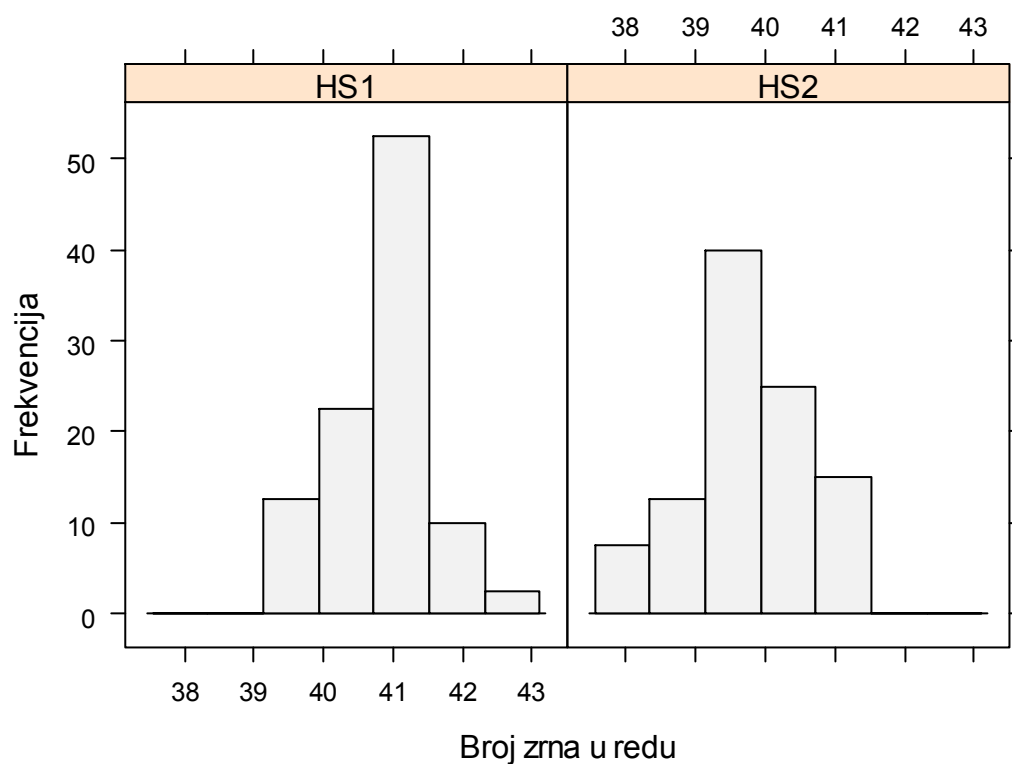
Графикон 5. Дистрибуција фреквенција за принос зрна (*t/ha*) две групе *HS* потомстава кукуруза



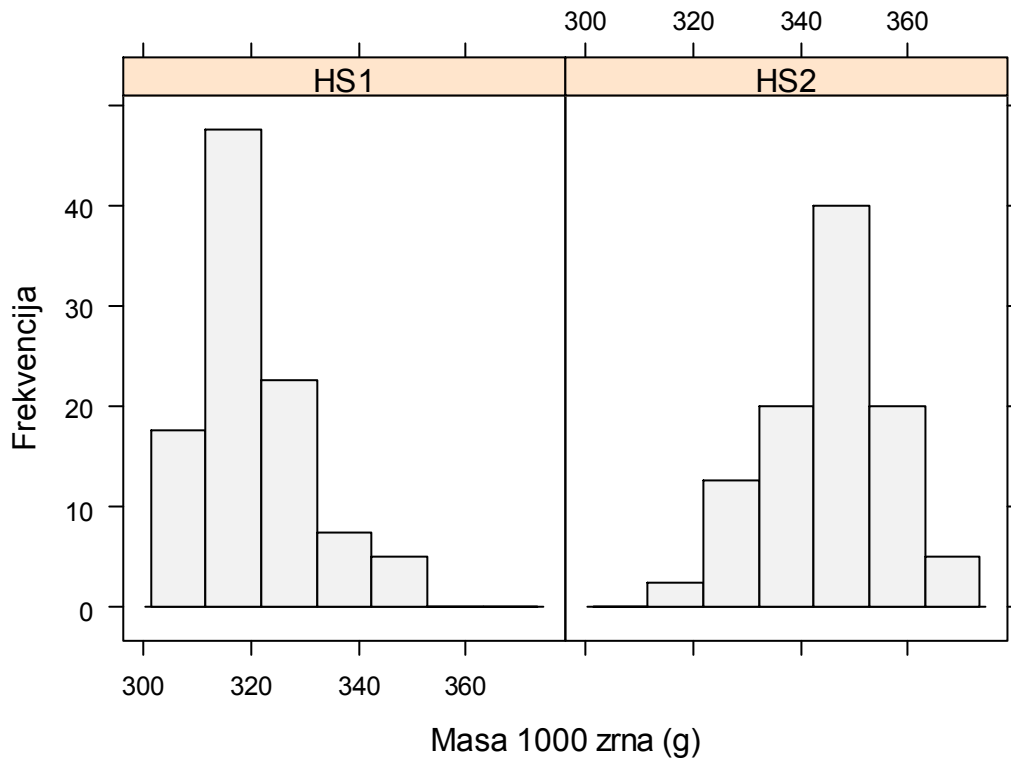
Графикон 6. Дистрибуција фреквенција за дужину клипа (*cm*) две групе *HS* потомстава кукуруза



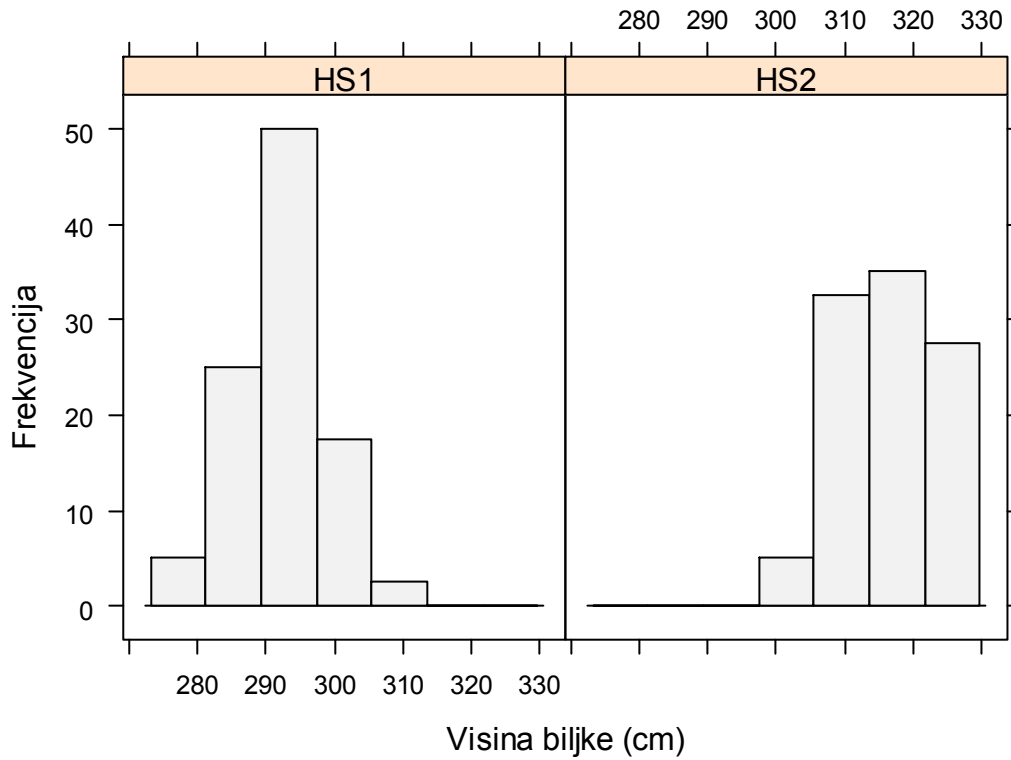
Графикон 7. Дистрибуција фреквенција за број редова зрна две групе *HS* потомстава кукуруза



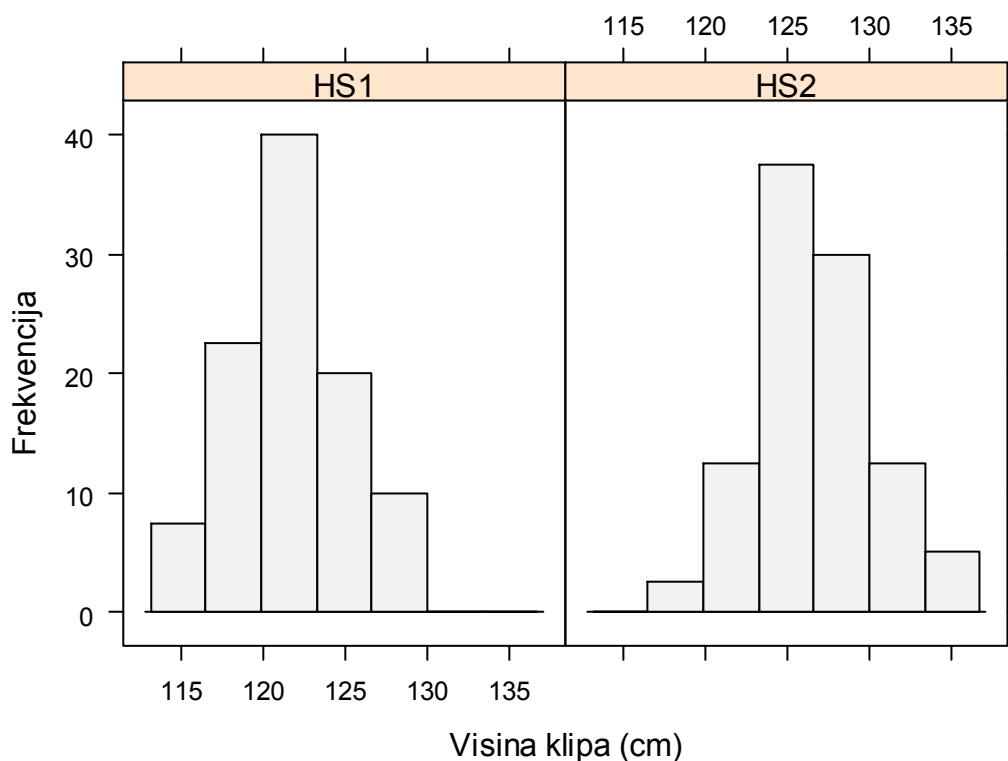
Графикон 8. Дистрибуција фреквенција за број зрна у реду две групе *HS* потомстава кукуруза



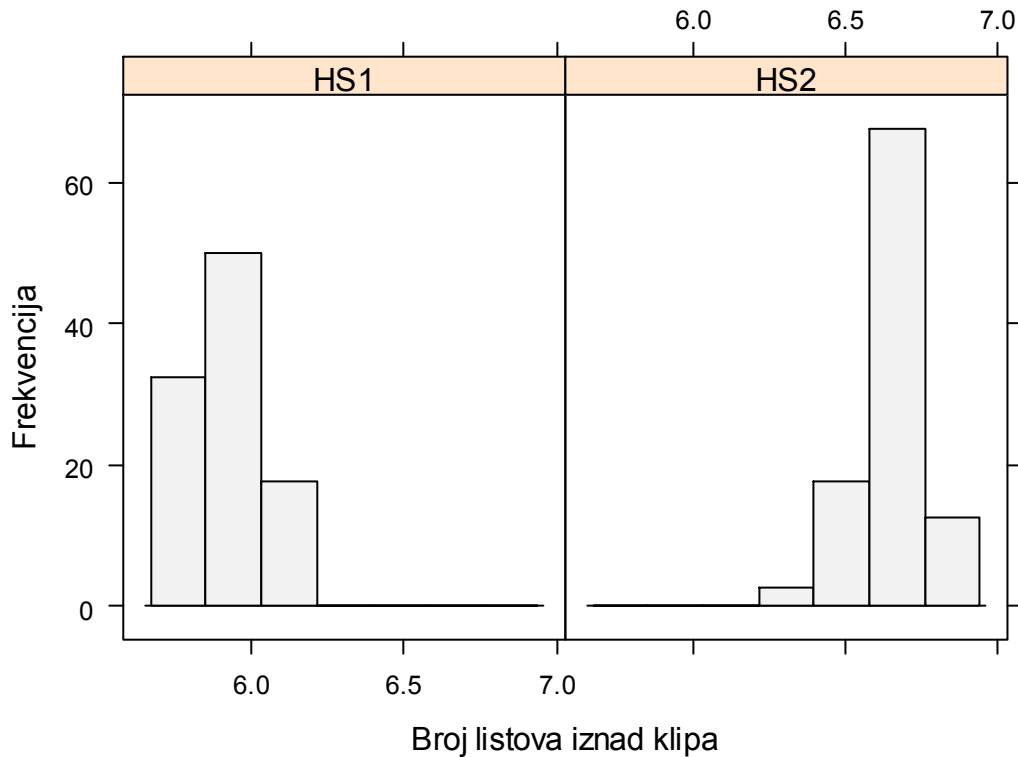
Графикон 9. Дистрибуција фреквенција за масу 1000 зрна (g) две групе *HS* потомстава кукуруза



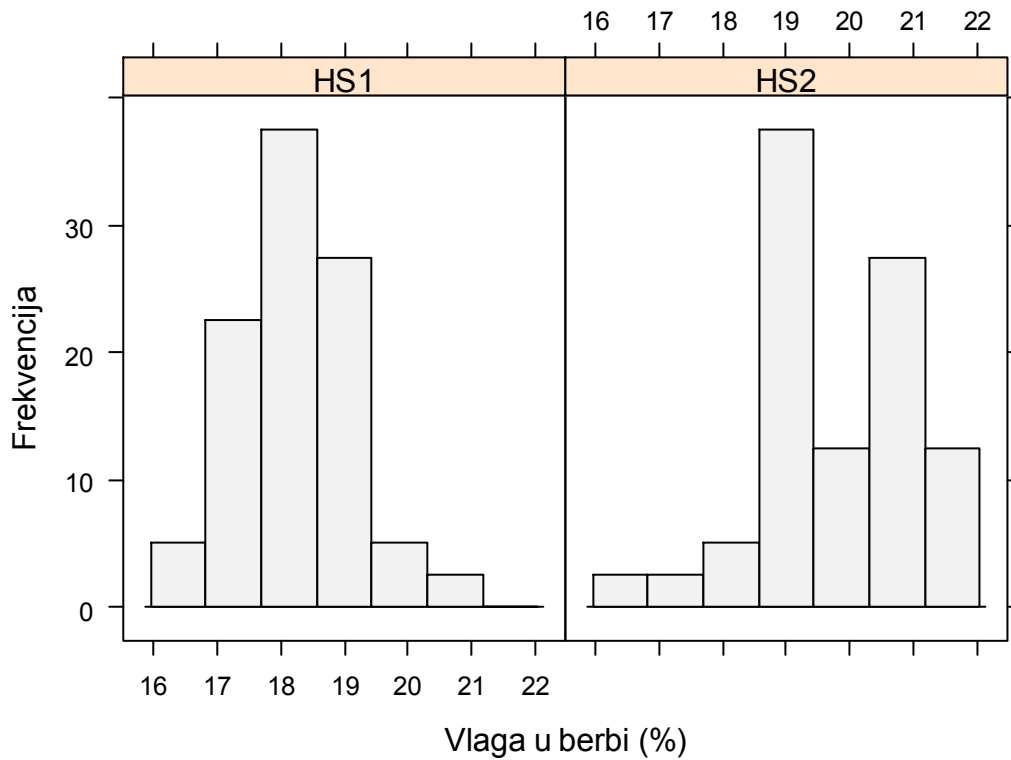
Графикон 10. Дистрибуција фреквенција за висину биљке до врха метлице (cm) две групе *HS* потомстава кукуруза



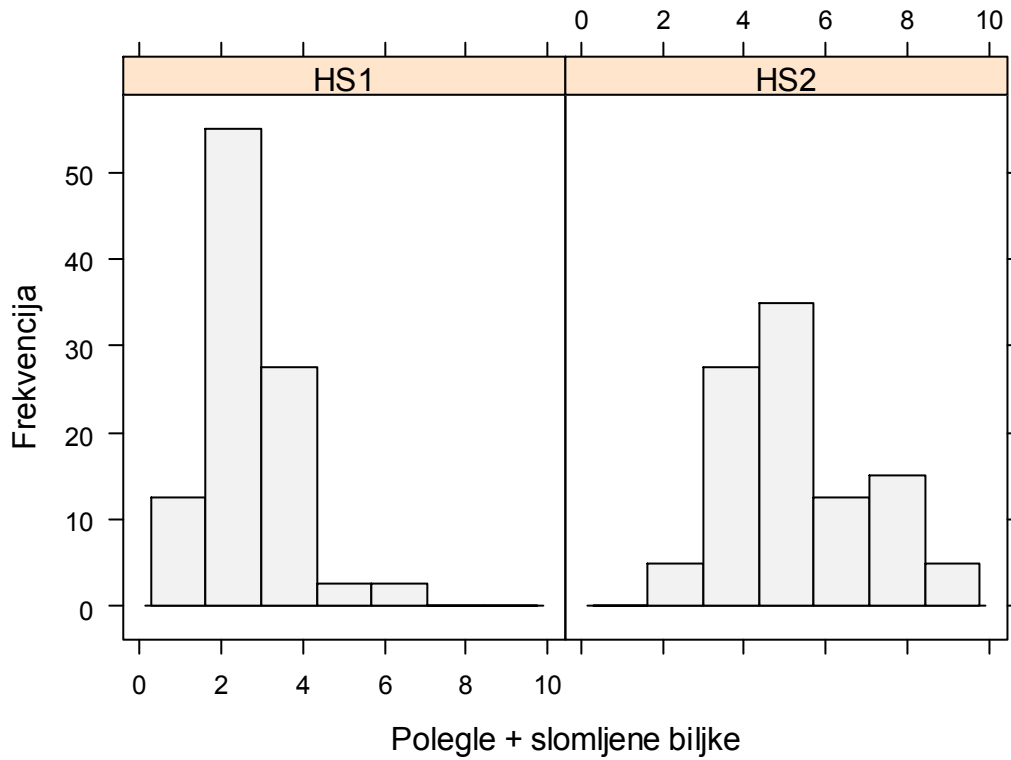
Графикон 11. Дистрибуција фреквенција за висину биљке до основе горњег клипа (cm) две групе HS потомстава кукуруза



Графикон 12. Дистрибуција фреквенција за број листова изнад горњег клипа две групе HS потомстава кукуруза



Графикон 13. Дистрибуција фреквенција за влагу зрна у берби (%) две групе *HS* потомстава кукуруза



Графикон 14. Дистрибуција фреквенција за полегле и сломљене биљке (%) две групе *HS* потомстава кукуруза

Табела 4. *Jarque-Bera* тест нормалитета за испитиване особине кукуруза (*Jarque and Bera, 1980*)

Особина	<i>HS1</i>			<i>HS2</i>		
	χ^2	<i>df</i>	<i>P</i> - вредност	χ^2	<i>df</i>	<i>P</i> - вредност
Принос зрна (<i>t/ha</i>)	0.127	2	0.939	0.923	2	0.630
Дужина клипа (<i>cm</i>)	1.841	2	0.398	1.134	2	0.567
Број редова зрна	2.271	2	0.321	0.570	2	0.752
Број зрна у реду	0.681	2	0.712	0.741	2	0.691
Маса 1000 зрна (<i>g</i>)	3.312	2	0.191	0.251	2	0.882
Висина биљке (<i>cm</i>)	0.496	2	0.781	2.194	2	0.334
Висина клипа (<i>cm</i>)	0.244	2	0.885	0.193	2	0.908
Број листова изнад клипа	1.240	2	0.538	3.591	2	0.166
Влага зрна у берби (%)	0.103	2	0.950	0.850	2	0.654
Полегле и сломљене биљке (%)	33.423	2	0.000	2.628	2	0.269

df - степени слободе; *p* – вероватноћа

Разлике између сетова код прве групе *HS* потомстава нису биле статистички значајне за све особине, сем за влагу зрна у берби, где су се сетови значајно разликовали на нивоу од 95%. Код друге групе *HS* потомстава разлике између сетова биле су високо сигнификантне за већи број особина и то: дужина клипа, број редова зрна, маса 1000 зрна и висина клипа. Сетови код *HS2* су били значајни и за принос зрна на нивоу од 0,05. Значајност сетова код *HS2* за принос зрна и још пет од осам осталих особина може се објаснити неравномерним распоредом генотипова односно дрифтом при случајном одабиру потомстава за формирање сетова и специфичном интеракцијом S_I генотипова са другим тестером, односно HC27 (*Stanisavljević i sar., 2010; Mumповић, 2013*).

Установљена је значајна средина квадрата интеракције потомства (односно генотип) \times сет код *HS1* потомстава за особине: маса 1000 зрна, висина биљке, висина клипа, број листова изнад клипа, влага зрна и код *HS2* за принос зрна, висина биљке, висина клипа, број листова изнад клипа, влага зрна, што указује на

разлику средњих вредности појединих сетова у оквиру различитих спољашњих средина за наведене особине.

Највећи значај за процену генетичких параметара популације имају средине квадрата потомстава тј. генотипова у оквиру сета (потомство/сет) јер указују на разлике између испитиваних генотипова и на присуство генетичке варијабилности у испитиваној популацији. Варијабилност материјала за селекцију је први предуслов успешног обављања процеса оплемењивања биљака. Пошто је оплемењивање условљено постојањем варијабилности почетног материјала, значајност средње квадрата овог извора варирања стога је предуслов за даљу успешну примену планираних метода оплемењивања на проучаваном материјалу. Значајност средина квадрата овог извора варирања на нивоу од 99% утврђена је за скоро све особине код обе групе *HS* потомстава, само је средина квадрата за принос зрна код *HS2* била значајна на нивоу од 95%. Ова нешто мања значајност потомства/сет код *HS2* се може протумачити тиме што је део варијабилности потомстава у оквиру сета приписан варијабилност сетова (код *HS2* средина квадрата сетова значајна на нивоу од 0,05) услед већ поменутог дрифта у распореду генотипова у сетовима код *HS2*. Несигнификантне разлике између потомства у оквиру сета утврђене су само за проценат полеглих и сломљених биљака код обе групе *HS* потомстава, тако да даље анализе генетичких показатеља за ову особину нису вршене. Несигнификантне ефекте потомстава односно генотипа у анализи варијансе добили су и други аутори који су испитивали проценат полеглих и сломљених биљака (*Bekavac*, 1996; *Стојковић*, 2007; *Митровић*, 2013).

Средине квадрата интеракције потомства (тј. генотип) \times спољашња средина/сет су се код *HS1* показале сигнификантним или високо сигнификантним за принос зрна, дужину клипа, број зрна у реду, масу 1000 зрна, висину биљке и влагу зрна, односно задужину клипа, број зрна у реду, висину клипа и влагу зрна код *HS2*, указујући на утицај интеракције генотипова са спољашњим срединама. Ефекат интеракције потомства (тј. генотип) \times спољашња средина/сет за принос зрна код друге групе *HS* потомстава показао се несигнификантним.

Табела 5. Средина квадрата из *ANOVA* непотпуног блок дизајна код *HSI*

Извори варирања	Степени слободе	Принос зрна (<i>t/ha</i>) са 14% влаге	Дужина клипа (<i>cm</i>)	Број редова зрна	Број зрна у реду	Маса 1000 зрна (<i>g</i>)	Висина биљке до врха метлице (<i>cm</i>)	Висина биљке до основе горњег клипа (<i>cm</i>)	Број листова изнад горњег клипа	Влага зрна у берби (%)	Полегле и сломљене биљке (%)
Локације (<i>L</i>)	6	271.586**	10.036**	11.309*	140.112**	8755.5*	24727.8**	6066.0**	1.754**	0.1342**	561,21**
Сетови (<i>S</i>)	1	0.643	0.061	10.018	12.811	322.5	11379.0	870.0	0.553	0.0016*	154,34
<i>L</i> × <i>S</i>	6	2.356	0.269	1.626	1.963	1345.7**	240.0**	96.1**	0.204**	0.0007*	49,84**
Понављања/ <i>S/L</i>	14	0.550	1.387**	0.354	3.119**	103.4	1062.3**	368.1**	0.370**	0.0005**	5,94
Потомства / <i>S</i>	38	2.851**	3.886**	1.894**	7.268**	1262.4**	308.0**	162.3**	0.155**	0.0017**	13,81
Потомства × <i>L/S</i>	228	1.499**	0.835**	0.879	3.196**	443.3**	43.6*	30.0	0.057	0.0003**	10,90**
Грешка	266	0.578	0.491	0.876	1.396	131.4	35.1	28.6	0.048	0.0002	6,78

* - $p < 0.05$; ** - $p < 0.01$

Табела 6. Средине квадрата из *ANOVA* непотпуног блок дизајна код *HS2*

Извори варирања	Степени слободе	Принос зрна (<i>t/ha</i>) са 14% влаге	Дужина клипа (<i>cm</i>)	Број редова зрна	Број зрна у реду	Маса 1000 зрна (<i>g</i>)	Висина биљке до врха метлице (<i>cm</i>)	Висина биљке до основе горњег клипа (<i>cm</i>)	Број листова изнад горњег клипа	Влага зрна у берби (%)	Полегле и сломљене биљке (%)
Локације (<i>L</i>)	6	279.277**	34.893**	5.552**	148.359**	40184.3**	27968.3**	7841.1**	1.076	0.1585**	1976,79**
Сетови (<i>S</i>)	1	27.590*	6.431**	2.800*	29.257**	1275.0**	13701.6**	243.7	0.017	0.0001	2,10
<i>L</i> × <i>S</i>	6	7.861**	2.065	0.367	7.316	516.9	482.1**	328.2**	0.469**	0.0023**	87,66*
Понављања/ <i>S/L</i>	14	3.406**	1.855**	0.205	7.322*	612.1	343.8**	214.6**	0.165**	0.0005*	137,19**
Потомства / <i>S</i>	38	1.972*	4.968**	2.417**	9.866**	1854.1**	270.5**	179.4**	0.155**	0.0032**	41,91
Потомства × <i>L/S</i>	228	1.314	1.121**	0.410	4.521*	385.4	73.9	43.2*	0.067	0.0004**	32,58
Грешка	266	1.183	0.633	0.411	3.514	358.8	60.4	34.5	0.070	0.0003	27,02

* - $p < 0.05$; ** - $p < 0.01$

6.3. Компоненте варијансе, херитабилност и коефицијент варијације

Различити типови потомстава кукуруза коришћени су за проучавање структуре генетичке варијансе присутне у испитиваном материјалу. Генетичка варијанса, због тога што зависи од фреквенције алела на различитим локусима, процењује се на основу узорка потомстава узетог из дате популације и односи се само на дату популацију (*Falconer and Mackay, 1996*). На тај начин, генетичка и фенотипска варијанса, херитабилност и други генетички параметри популације се само условно могу поредити са показатељима које су обавили други аутори на основу сличних истраживања на другим популацијама јер су процењени из узорка дате популације и односе се само и искључиво на дату популацију у датим условима спољашњих средина.

Узима се да су генетичке варијансе сигнификантне уколико су двоструко веће од стандардне грешке дате варијансе. Генетичке и фенотипске варијансе за обе групе *HS* потомстава за све испитивање особине показале су се значајним, сем генетичке варијансе за принос зрна код другог *HS* (таб. 7). Фенотипска варијанса за исту особину код истог потомства била је значајна, а велику разлику фенотипске и генетичке варијансе објашњавамо истим узроцима којима смо објаснили значајност сетова на нивоу од 95% и значајност потомство/сет/спољашња средина на нивоу од 95% за принос зрна код *HS2*. Реч је наиме о томе да је вероватно услед случајне расподеле генотипова при формирању сетова, дошло до дрифта, услед кога се већи број приноснијих генотипова од стандарда нашао у другом сету (*Stanisavljević i sar., 2010*).

Табела 7. Показатељи варијабилности и херитабилност у ужем смислу за принос зрна и остале испитиване особине код две групе *HS* потомстава кукуруза

Група потомстава	Показатељи варијабилности	Принос зрна	Дужина клипа	Број редова зрна	Број зрна у реду	Маса 1000 зрна	Висина биљке до врха метлице	Висина биљке до основе горњег клипа	Број листова изнад горњег клипа	Влага зрна у берби
<i>HS1</i>	σ^2g	0.105	0.218	0.072	0.291	58.507	18.885	9.452	0.007	0.617
	$SE\sigma^2g$	0.047	0.062	0.031	0.118	20.377	4.927	2.600	0.003	0.164
	CVg (%)	3.000	2.311	1.745	1.321	2.392	1.488	2.526	1.418	4.315
	σ^2f	0.202	0.278	0.135	0.519	90.169	21.997	11.592	0.011	0.731
	$SE\sigma^2f$	0.048	0.063	0.032	0.121	20.622	4.945	2.619	0.003	0.164
	CVf (%)	4.168	2.608	2.384	1.765	2.969	1.606	2.797	1.779	4.696
	h^2	0.519	0.785	0.536	0.560	0.649	0.859	0.815	0.635	0.844
SEh^2	0.228	0.225	0.228	0.227	0.226	0.224	0.224	0.226	0.224	
	$\Delta \sigma^2g$	1.750*	1.261	1.978*	1.312	1.793*	1.345	1.029	1.125	1.971*
	$\Delta \sigma^2f$	1.270	1.278	1.276	1.357	1.469	1.138	1.105	1.005	1.930*
<i>HS2</i>	σ^2g	0.060	0.275	0.143	0.382	104.907	14.043	9.723	0.006	1.217
	$SE\sigma^2g$	0.033	0.080	0.039	0.160	29.724	4.349	2.879	0.003	0.316
	CVg (%)	2.183	2.591	2.416	1.554	2.965	1.182	2.463	1.189	5.571
	σ^2f	0.159	0.355	0.173	0.705	132.435	19.322	12.812	0.011	1.410
	$SE\sigma^2f$	0.035	0.080	0.039	0.166	29.999	4.408	2.909	0.003	0.317
	CVf (%)	3.355	2.945	2.651	2.112	3.331	1.387	2.827	1.580	5.999
	h^2	0.377	0.774	0.830	0.542	0.792	0.727	0.759	0.567	0.862
SEh^2	0.231	0.225	0.224	0.228	0.224	0.224	0.225	0.227	0.224	

* - $p < 0.05$

Генетичке варијансе између две групе *HS* потомстава нису се статистички значајно разликовале за особине: дужина клипа, број зрна у реду, висина биљке до врха метлице, висина биљке до основе горњег клипа и број листова изнад клипа. За особине: принос зрна, број редова зрна, маса 1000 зрна и влага у берби су установљене статистички сигнификантне разлике између *HS* потомстава. Фенотипске варијансе имале су више вредности од генетичких код обе групе потомстава за све особине, што је и очекивано с обзиром да висини фенотипских варијанси много доприносе и фактори спољашње средине и интеракција генотип – спољашња средина. Између група *HS* потомстава, фенотипске варијансе се нису значајно разликовале за све особине сем за влагу зрна у берби.

За другу групу *HS* потомстава су установљене скоро два пута веће генетичке варијансе за све особине код којих су постојале значајне разлике између потомстава (број редова зрна, маса 1000 зрна, и влага зрна у берби) сем за принос зрна. С друге стране генетичка варијанса за принос зрна код *HS1* је била 1,75 пута већа од варијансе код *HS2*.

Генетичка варијабилност за дужину клипа код обе групе *HS* потомстава је била приближно на истом нивоу, разлика између генетичких варијанси није била значајна. Скоро двоструко већа генетичка варијанса за број редова зрна установљена је код *HS2* у односу на *HS1*, док је разлика између фенотипских варијанси *HS1* и *HS2* била мања и несигнификантна. Друга група *HS* потомстава имала је нешто већу фенотипску варијансу за дужину клипа од прве, међутим разлика није била статистички значајна. За особину број зрна у реду утврђена је нешто већа генетичка и фенотипска варијанса код *HS2* у односу на *HS1*, али ова разлика није била статистички значајна. Виши ниво варијабилности за масу 1000 зрна забележен је код *HS2*. Генетичке варијансе између два *HS* су се значајно разликовале, док разлика фенотипских варијанси није показала статистичку значајност. За висину биљке до врха метлице установљена је нешто виша генетичка и фенотипска варијанса код *HS1* у односу на *HS2*, међутим разлике варијанси нису биле статистички значајне. Генетичке и фенотипске варијансе за висину биљке до основе горњег клипа код *HS1* и *HS2* се нису значајно разликовале. Код *HS2* је установљена већа и генетичка и фенотипска варијанса.

Израчунате генетичке и фенотипске варијансе за број листова изнад клипа код *HS1* и *HS2* нису се у великој мери разликовале, а разлике нису биле статистички значајне (фенотипске варијансе су биле готово идентичне). Генетичке варијансе за влагу зрна у берби сигнификантно су се разликовале између потомстава. Код прве групе *HS* потомстава генетичка варијанса (0,617) била је скоро двоструко мања у односу другу групу потомстава (1,217).

Вредности генетичких варијанси за све испитиване особине код обе групе потомстава биле су сличне са резултатима које је већина аутора добила код истог типа потомстава, односно код полусродничких тест-потомстава (*Vančetović*, 1994; *Bekavac*, 1996; *Austin et al.*, 2000; *Mihaljević et al.*, 2004; *Стојковић*, 2007; *Srečkov*, 2009; *Ali et al.*, 2011; *Ali et al.*, 2012; *Мутровић*, 2013). Ниске вредности генетичких варијанси код *HS* потомстава могу се објаснити утицајем тестера, односно тиме што половина гена тест-потомстава долази од коришћеног тестера, што знатно утиче на смањење варијабилности.

Више вредности генетичке варијансе за већину проучаваних особина код друге групе потомстава (скоро све осим приноса зрна, броја зрна у реду и висине биљке) указују на мањи утицај тестера (мањи маскирајући ефекат алела који потичу од тестера) на наведене особине, односно велики утицај тестера *HC27* на принос, као и на то да се у даљој корелационој анализи код *HS2* не могу очекивати пресудни (преовлађујући) утицаји ни једне од компоненти приноса и других морфолошких особина на принос зрна (сем броја зрна у реду и висине биљке). *Lopez-Perez* (1979, по *Hallauer and Miranda*, 1988) је у свом истраживању поредио утицај пет различитих тестера, одабраних на основу њихове очекиване различите фреквенције пожељних алела за принос зрна, на процену вредности неселекционисаних линија. *BS13(S)C1* (побољшана верзија *BSSS*) и *B73* (елитна линија) су имале мању варијабилност у тест-укрштањима од *BSSS* (изворна родитељска популација) и *BSSS-222* (линија изведена из *BSSS* популације, једна од линија са најслабијим перформансама *per se*). Процене указују да је варијабилност код тест-укрштања мања за тестере код којих је фреквенција пожељних алела већа и који су у сродству са испитиваним линијама. Код *Mo17*, елитног тестера несродног са испитиваним линијама, варијабилност S_i тест-укрштања је била

слична као код тест-укрштања са *BSSS* и *BSSS-222*, код којих је процењена мања фреквенција пожељних алела за принос зрна.

Релативни показатељи варијабилности, генетички и фенотипски коефицијенти варијације, омогућавају поуздано поређење варијабилности између различитих особина, типова потомстава и огледа. Вредности коефицијената генетичке варијације су се кретале између 1,321 и 4,315% код прве, односно између 1,182 и 5,571% код друге групе полусродничких потомстава. Највиша варијабилност уз помоћ овог показатеља установљена је за влагу зрна у берби код обе групе потомстава, а најниже за број зрна у реду (1,321% код *HS1*, односно 1,554% код *HS2*), висину биљке (1,488% код *HS1*, односно 1,182% код *HS2*) и број листова изнад клипа (1,418% код *HS1*, односно 1,189% код *HS2*). Варијабилност приноса је и што се тиче овог показатеља варијабилности била већа код прве групе потомстава (3,000%) у односу на другу (2,183%), док су се вредности коефицијента фенотипске варијације мање разликовале, за износе 4,168% и 3,355%, редом. *Bekavac* (1996) је на основу коефицијената генетичке (5,30 и 4,72%) и фенотипске варијације (6,13 и 5,46%) код *HS* потомстава установио нешто вишу варијабилност за принос зрна, што је и логично с обзиром да је испитивао две популације шире генетичке основе. Друга група *HS* потомстава имала је више вредности генетичких и фенотипских коефицијената варијације за све компоненте приноса и влагу зрна у берби, што је у складу са апсолутним показатељима варијабилности. Коефицијенти фенотипске варијације кретали су се интервалу од 1,606 до 4,696 код *HS1* и од 1,37 до 5,999% код *HS2*. *Стојковић* (2007) је у свом истраживању добио више вредности коефицијената генетичке и фенотипске варијације за принос и друге испитиване особине код истог типа потомстава, док су вредности коефицијената генетичких и фенотипских варијација које су установили *Митровић* (2013) и *Srećkov* (2009) биле на приближно истом нивоу.

Херитабилност означава меру вероватноће са којом ће се особине родитеља одабраних у једној генерацији испољити у следећој генерацији. Херитабилност у ширем смислу представља удео генетичке у укупној фенотипској варијанси. Вредности херитабилности у ширем смислу, за све

проучаване особине код обе групе *HS* потомстава, могу се сматрати значајним јер два пута превазилазе одговарајуће стандардне грешке, сем за принос зрна код другог *HS* потомства. *Митровић* (2013) је у свом истраживању установио несигнификантну вредност херитабилности за принос зрна једне од две испитиване групе полусродничких потомстава. Ниска и несигнификантна херитабилност код *HS2* може се објаснити дрифтом, до кога је дошло при формирању сетова, односно већом концентрацијом роднијих генотипова у другом сету.

Релативно високе вредности херитабилности у ширем смислу код обе групе *HS* потомстава установљене су за дужину клипа (0,785 за *HS1*, односно 0,774 за *HS2*), висину биљке до врха метлице (0,859 и 0,727), висину биљке до основе горњег клипа (0,815 и 0,759) и влагу зрна у берби (0,844 и 0,862), док су средње биле за број зрна у реду (0,560 и 0,542) и број листова изнад клипа (0,635 и 0,567). Добијене високе вредности херитабилности за висину биљке и клипа су у складу са резултатима које су добили *Lopandić* (1995), *Ali et al.* (2011), *Mihaljević et al.* (2004) и *Živanović* (1997) док су се разликовали од резултата које је добио *Стојковић* (2007). Високу херитабилност за влагу зрна, слично нашем резултату, бележе *Bernardo* (1996), *Živanović* (1997) и *Mihaljević et al.* (2004), док су *Ali et al.* (2012) супротно овоме, установили најниже вредности херитабилности управо за ову особину (0,37).

Вредности херитабилности за обе групе потомстава су биле на приближно истом нивоу за све особине осим за број редова зрна и масу 1000 зрна. Код *HS2* установљене су релативно високе вредности херитабилности за ове особине (0,830 и 0,792), док су код *HS1* биле знатно ниже (0,536 и 0,649). Вредности херитабилности установљене за компоненте приноса су се кретале у очекиваним оквирима на основу резултата других истраживања (*Hallauer and Miranda*, 1988; *Stojnić*, 1995; *Živanović*, 1997; *Стојковић*, 2007; *Srećkov*, 2009; *Ali et al.*, 2011; *Митровић*, 2013).

Принос зрна је, као најкомплекснија од посматраних особина, имао очекивано најнижу вредност херитабилности код обе групе *HS* потомстава, и то нешто вишу за *HS1* (0,519) и нижу за *HS2* (0,337), а добијени резултати се крећу у

границама вредности које наводи већина аутора (*Hallauer and Miranda*, 1988; *Bernardo*, 1996; *Srećkov*, 2009; *Hallauer et al.*, 2010). Овакве релативно ниске вредности херитабилности за принос зрна, поготово ниже од вредности херитабилности код компоненти приноса износе и многи други аутори у литератури (*Walters et al.*, 1991; *Husić et al.*, 1995; *Vančetović*, 1994; *Mihaljević et al.*, 2004; *Стојковић*, 2007). Овакав однос вредности херитабилности приноса зрна и других особина, у литератури је објашњен комплексношћу приноса као особине, односно утицајем великог броја генетичких и фактора спољашње средине на принос кроз готово читав период вегетације кукуруза, од органогенезе до сазревања зрна. Иако се аутори слажу да принос у односу на друге посматране особине бележи ниже вредности херитабилности, наведене вредности херитабилности приноса веома варирају у конкретним истраживањима. *Mihaljević et al.* (2004), *Živanović* (1997), *Stojnić* (1995) и *Bekavac* (1996) наводе релативно високе вредности херитабилности за исти тип потомстава (*HS* потомства), од 0,61 до 0,84, знатно више од забележених у нашем раду. Добијене вредности херитабилности приноса у нашем раду су у сагласности са вредностима које су установили *Walters et al.* (1991), *Lopandić* (1995), *Bernardo* (1996) и *Mumrović* (2013) у својим истраживањима, док *Hallauer et al.* (2010) у свом сумарном раду наводе знатно нижу вредност херитабилности за ову особину (0,187).

6.4. Корелациона анализа приноса зрна и агрономских особина две групе полусродника кукуруза

Различита структура почетне популације (уже и шире основе), примењени метод селекције, ефективна величина популације, генетички дрефт, као и други фактори који доводе до промене фреквенције алела, могу драстично да утичу на промену корелационих односа између особина (*Bohren et al.*, 1966; *Falconer*, 1981). Генетичке корелације код оба *HS* између приноса, компоненти приноса и других испитиваних особина представљене су коефицијентима генетичке корелације (таб. 8).

Између приноса зрна и дужине клипа код прве групе *HS* потомстава утврђене су сигнификантне средње јаке негативне корелације (-0,481*) на нивоу значајности од 95%. Овакав корелациони однос је у супротности са резултатима

Lakany and Russell (1971), *Martin and Russell* (1984), *Stojnić* (1995), *Živanović* (1997) и *Стојковић* (2009), који су утврдили средње и јаке позитивне везе између ове две особине. Негативне корелације између дужине клипа и приноса могу се објаснити тиме да су дужи клипови имали само дужу незавршену кочанку (окласак), јер је број зрна у реду био у позитивној корелацији са приносом. *Ивановић* (2012) сматра да ниједан екстрем, што се тиче компоненти приноса, не може утицати позитивно на повећање приноса. У овом случају генотипови који су имали сувише дуг клип нису остварили високе приносе. Принос и маса 1000 зрна били су у позитивној сигнификантној односно високо сигнификантној корелацији код оба *HS*, само што је код другог *HS* корелативна веза била јаче изражена (0,631**) него код првог *HS* (0,474*). Добијени резултати су у сагласности са резултатима које су добили *Stojnić* (1995) и *Srećkov* (2009), али и у супротности са резултатима *Стојковић* (2007) и *Мумровић* (2013) који су добили негативне и несигнификантне корелационе коефицијенте између наведених особина. Између приноса и броја зрна у реду утврђена је средње јака значајна позитивна корелација само код *HS1* (0,467*) док је код другог *HS* веза између ове две особине била слаба негативна и несигнификантна. Позитивна корелативна веза приноса са бројем зрна у реду утврђена код *HS1* је у складу са просечним вредностима коефицијента корелације (0,45) које наводе *Hallauer et al.* (2010) у свом сумарном раду на основу 6 огледа. Принос зрна је био у позитивној генетичкој корелацији са висином биљке и висином клипа код оба *HS*, међутим само је између приноса и висине биљке код другог *HS* ова веза била сигнификантна (0,448*). Јаке и средње јаке позитивне сигнификантне корелативне везе између приноса зрна и висине биљке и клипа забележили су многи аутори (*El-Lakany and Russell*, 1971; *Dorđević and Ivanović*, 1996; *Lopandić*, 1995; *Стојковић*, 2007; *Мумровић*, 2013 и др.). *Hallauer et al.* (2010) у свом сумарном прегледном раду на основу чак 23 истраживања износи ниже позитивне коефицијенте корелације висине биљке и клипа са приносом (0,26 и 0,31), а корелационе везе утврђене у нашем раду су на приближно истом нивоу, са том разликом што је корелација између приноса и висине биљке већа од корелације приноса са висином клипа.

Статистички високо значајне корелације забележене су између висине биљке и висине клипа код оба *HS* (0,644** и 0,764** редом), као и између висине

биљке и броја листова изнад клипа ($0,630^{**}$ и $0,531^{**}$, редом), док су корелације установљене између висине биљке и броја листова изнад клипа биле значајне на нивоу од 95% и износиле $0,405^*$ и $0,400^*$, редом. Средње и јаке корелације између висине биљке и клипа установили су бројни аутори (*Dorđević and Ivanović*, 1996; *Srećkov*, 2009; *Стојковић*, 2007; *Митровић*, 2013), а наши резултати су у сагласности и са сумарним приказом већег броја огледа (*Hallauer et al.*, 2010), где су две наведене особине у јакој корелационој вези ($0,81$).

Влага зрна у берби са висином биљке и клипа код *HS1* је била у средње јаком позивном корелационом односу ($0,438^{**}$, $0,495^{**}$, редом), што је и логично с обзиром да су виши генотипови и обично каснији (спорије отпуштају влагу) услед дужег раста вегетативних делова биљке односно стабла, док је код *HS2* ова особина била у високо сигнификантној позитивној корелацији са масом 1000 зрна ($0,516^{**}$), бројем листова изнад клипа ($0,453^{**}$) и сигнификантној са висином биљке ($0,381^*$). Корелациона повезаност влаге са масом 1000 зрна код *HS2*, код кога је забележена већа просечна вредност влаге и масе 1000 зрна, указује на то да су генотипови са мањом масом 1000 зрна (вероватно и величином зрна, односно ситнијим зрном) брже отпуштали влагу, односно имали мању влагу у берби. Генетичке корелације између влаге зрна и других особина биле су ниске и несигнификантне.

Између дужине клипа и броја зрна у реду код друге групе *HS* потомстава добијене су јаке и високо сигнификантне позитивне корелације ($0,717^{**}$), што је логично с обзиром да су зрна у реду распоређена на клипу по дужини. Корелације између броја редова зрна и масе 1000 зрна биле су средње јаке, негативне и високо сигнификантне ($-0,406^{**}$), што је у сагласности са резултатима које су добили *Andelković* (2000) и *Митровић* (2013).

Средње јаке, позитивне и високо сигнификанте корелације забележене су и између масе 1000 зрна и висине биљке и клипа, и то $0,433^{**}$ и $0,493^{**}$, редом.

Осим у неколико случајева где су се интензитет и статистичка значајност корелационих односа код оба *HS* сагласили (принос и маса 1000 зрна, однос висина биљке, висине клипа и број листова изнад клипа), у већини случајева

нивои корелационих веза код *HS1* и *HS2* су се веома разликовали, а понекад чак били и супротног знака (принос са дужином клипа нпр). Забележене разлике указују на значајан утицај тестера код сваке групе *HS* потомстава и на специфичну интеракцију алела из популације НСА15 са алелима тестера, било да је реч о интер- или интра-локусној интеракцији. Кад се узме у обзир и интеракција генотипова са различитим условима спољашњих средина односи се додатно компликују.

Табела 8. Генетичке корелације између испитиваних особина код *HS1* (изнад дијагонале) и *HS2* (испод дијагонале)

Особина	Принос зрна	Дужина клипа	Број редова зрна	Број зрна у реду	Маса 1000 зрна	Висина биљке до врха метлице	Висина биљке до основе горњег клипа	Број листова изнад горњег клипа	Влага зрна у берби
Принос зрна		-0.481*	0.351	0.467*	0.474*	0.276	0.233	0.316	0.252
Дужина клипа	0.192		-0.037	0.189	0.235	0.121	0.118	-0.117	-0.104
Број редова зрна	0.116	0.002		-0.097	-0.167	-0.061	-0.079	-0.017	0.130
Број зрна у реду	-0.138	0.727**	0.125		0.281	0.313	0.054	-0.028	0.262
Маса 1000 зрна	0.631**	0.280	-0.406**	-0.303		0.325*	0.270	-0.012	0.310
Висина биљке до врха метлице	0.448*	0.291	-0.306	0.228	0.433**		0.644**	0.630**	0.438**
Висина биљке до основе горњег клипа	0.372	0.171	-0.394*	-0.136	0.493**	0.764**		0.405*	0.495**
Број листова изнад горњег клипа	-0.031	-0.023	0.051	0.027	0.084	0.531**	0.400*		0.258
Влага зрна у берби	-0.066	0.246	-0.136	-0.051	0.516**	0.292	0.381*	0.453**	

** $p < 0.01$, * $p < 0.05$

6.5. Анализа *GE* интеракције

6.5.1. Тестирање интеракције са изменом ранга

Тестирањем значајности интеракција са изменом ранга помоћу *Azzalini-Cox* теста (*Azzalini and Cox*, 1984), од укупно могућих 16382 (2×2) комбинација код *HS1* утврђено је за 1861 (11,4%), односно 827 (5,1%) код *HS2* постојање интеракције са изменом ранга (таб. 9 и 10). Такође применом овог теста утврђен је број значајних 2×2 интеракција са изменом ранга између парова спољашњих средина. Највећи проценат 2×2 интеракција са изменом ранга забележен је код *HS1* између *KI08* и *SR08* (19,2%) и *SM09* и *KI08* (19,1%). Код другог *HS* утврђен је мањи број 2×2 интеракција са изменом ранга у односу на *HS1*. Највише су се по рангирању генотипова разликовале *KI08* и *RS08* (11,3%) и *SM08* и *RS08* (10,3%), док између *SM09* и *SR09* није било 2×2 интеракција са изменом ранга на нивоу значајности од 0,05. Мањи проценат интеракција са изменом ранга код *HS2* у односу на *HS1* може се објаснити мањом генетичком варијансом за принос зрна код *HS2*, односно маскирајућим ефекатом алела који потичу од тестера HC27.

Табела 9. Анализа 2×2 интеракција са изменом ранга за принос зрна код *HS1* применом *Azzalini-Cox* теста

Спољашња средина	Број 2×2 интеракција са изменом ранга/Број 2×2 комбинација (Процент интеракција са изменом ранга)					
	<i>SR08</i>	<i>SM08</i>	<i>KI08</i>	<i>RS09</i>	<i>SR09</i>	<i>SM09</i>
<i>RS08</i>	128/780 (16,4%)	52/780 (6,7%)	68/780 (8,7%)	94/780 (12,1%)	45/780 (5,8%)	87/780 (11,2%)
<i>SR08</i>	–	42/780 (5,4%)	150/780 (19,2%)	93/780 (11,9%)	96/780 (12,3%)	91/780 (11,7%)
<i>SM08</i>	–	–	100/780 (12,8%)	78/780 (10,0%)	59/780 (7,6%)	62/780 (8,0%)
<i>KI08</i>	–	–	–	132/780 (16,9%)	122/780 (15,6%)	149/780 (19,1%)
<i>RS09</i>	–	–	–	–	59/780 (7,6%)	77/780 (9,9%)
<i>SR09</i>	–	–	–	–	–	77/780 (9,9%)
$p < 0.05$	Укупан бр. 2×2 интеракција са изменом ранга/ Укупан бр. 2×2 комбинација (Процент интеракција са изменом ранга)					1861/16380 (11,4%)

Табела 10. Анализа 2×2 интеракција са изменом ранга за принос зрна код *HS2* применом *Azzalini–Cox* теста

Спољашња средина	Број 2×2 интеракција са изменом ранга/Број 2×2 комбинација (Процент интеракција са изменом ранга)					
	<i>SR08</i>	<i>SM08</i>	<i>KI08</i>	<i>RS09</i>	<i>SR09</i>	<i>SM09</i>
<i>RS08</i>	29/780 (3,7%)	80/780 (10,3%)	88/780 (11,3%)	15/780 (1,9%)	55/780 (7,1%)	12/780 (1,5%)
<i>SR08</i>	–	57/780 (7,3%)	73/780 (9,4%)	48/780 (6,2%)	56/780 (7,2%)	19/780 (2,4%)
<i>SM08</i>	–	–	66/780 (8,5%)	19/780 (2,4%)	37/780 (4,7%)	3/780 (0,4%)
<i>KI08</i>	–	–	–	56/780 (7,2%)	75/780 (9,6%)	19/780 (2,4%)
<i>RS09</i>	–	–	–	–	17/780 (2,2%)	3/780 (0,4%)
<i>SR09</i>	–	–	–	–	–	0/780 (0,0%)
<i>p</i> <0.05	Укупан бр. 2×2 интеракција са изменом ранга/ Укупан бр. 2×2 комбинација (Процент интеракција са изменом ранга)					827/16380 (5,1%)

6.5.2. *AMMI* модел

У анализу интеракције су поред полусродничких потомстава укључени и одговарајући стандарди, наведени у материјалу и методу, у циљу поређења приноса и стабилности. Резултати анализе варијансе за принос зрна код *HS1* потпуно случајном блок дизајну показали су високо значајне ефекте ($p < 0,01$) спољашњих средина, генотипова и интеракције генотип × спољашња средина на принос зрна (таб. 11). Највећи допринос у експресији приноса зрна имао је главни ефекат спољашњих средина (78,5%). Ефекат генотипа је имао 3,8 пута мању суму квадрата (4,5%) у односу на *GE* интеракцију (17,1%). Овакаво учешће извора варијације у укупној варијанси третмана је у складу са резултатима које су добили *Crossa et al.* (1990), *de Oliveira et al.* (2003), *Samonte et al.* (2005) и *Mitrović et al.* (2012). Такође, *Gauch and Zobel* (1996) истичу да је, код стандардних мутилокацијских огледа за принос, 80% укупне варијансе третмана узроковано ефектом спољашње средине, док ефекти генотипа и *GE* интеракције доприносе варијанси са по 10%.

Разлагањем суме квадрата GE интеракције методом SVD добијено је шест интеракцијских мултипликативних компоненти. Прве две компоненте, на које се односи приближно исти број степени слободe (52 и 50) као и на ефекат генотипа, објасниле су приближан проценат суме квадрата (6,1% и 3,2%). На основу постдикционих тестова F , F_{GH1} , F_{GH2} , F_R и F_{SIM} утврђено је да у оптимални $AMMI$ модел треба укључити пет од шест мултипликативних компоненти. С обзиром да је из литературе познато да су постдикциони методи сувише либерални, (Cornelius, 1993; Gauch and Zobel, 1996), одређивање броја мултипликативних компоненти које се укључују у оптимални $AMMI$ модел утврђено је и према једноставном поступку који су описали Gauch and Zobel-а (1996), а који се заснива на процени односа сигнала и шума. Утврђено је да оптимални $AMMI$ модел треба да садржи две мултипликативне компоненте за први HS .

На основу анализе варијансе непотпуног блок дизајна код $HS2$ сетови су се показали значајним (таб. 6), па се зато приступило анализи интеракције за појединачне сетове. Код првог сета $HS2$ ефекти генотипа и спољашње средине испољили су високо сигнификантан утицај ($p < 0,01$) на принос зрна (таб. 12), док F -тестом није утврђен сигнификантан утицај GE интеракције. У прилог томе, постдикциони тестови (F_{GH1} , F_{GH2} , F_R и F_{SIM}) су указали на $AMMI0$ као оптималан, те стога даља процена стабилности генотипова код првог сета $HS2$ није вршена. На основу односа сигнала и шума у GE интеракцији као оптималан је потврђен $AMMI0$ модел.

Анализом варијансе за принос зрна по потпуно случајном блок дизајну код другог сета $HS2$ утврђен је високо значајан ($p < 0,01$) утицај спољашње средине, генотипа и GE интеракције (таб. 13). Слично $HS1$ највећи допринос у варијабилности приноса зрна имао је утицај спољашње средине (78,3%). Ефекат генотипа је имао 5,2 пута мању суму квадрата (3,5%) у односу на суму квадрата интеракције (18,2%). Сума квадрата интеракције је разложена на шест мултипликативних компоненти. Постдикционим тестовима утврђена је значајност прве мултипликативне компоненте, којом је објашњено 6,7% суме квадрата третмана, два пута више од главног ефекат генотипа, тј. 23,8% суме квадрата GE интеракције користећи 28 од укупно 138 интеракцијских степени слободe. На

основу свих примењених метода утврђено је да би максимално једну мултипликативну компоненту требало укључити у оптимални *АММ1* модел.

На основу великог броја литературних извора *Gauch and Zobel* (1996) закључују да је у већини истраживања (70 %), *АММ1* модел идентификован као оптимални, док се по учесталости примене *АММ2* налази на другом месту. Резултати наших истраживања су у складу са изнетим закључком.

Табела 11. ANOVA AMMI модела за потпуно случајни блок дизајн код HSI

Извори варијације	<i>df</i>	<i>SS</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>		<i>G+E+GE</i> <i>SS (%)</i>	<i>GE SS</i> <i>(%)</i>	Сума <i>GE SS</i> <i>(%)</i>	Сума <i>GE SS</i>				
Укупно	671	2739,2	4,08										
Третмани	335	2538,8	7,58	12,74	**								
Спољашња средина (<i>E</i>)	6	1992,0	332,0	505,7	**	78,5							
Генотип (<i>G</i>)	47	113,5	2,42	4,06	**								
Интеракција (<i>G</i> × <i>E</i>)	282	433,3	1,54	2,58	**								
						Постдикциони тестови							
						<i>F_{GHI}</i>	<i>F_{GH2}</i>	<i>F_R</i>	<i>F_{SIM}</i>	17,1			
<i>IPC1</i>	52	155,6	2,99	5,03	**	**	**	**	**	6,1	35,9	35,9	155,6
<i>IPC2</i>	50	82,4	1,65	2,77	**	**	**	**	**	3,2	19,0	54,9	238,0
<i>IPC3</i>	48	71,1	1,48	2,49	**	**	**	**	**	2,8	16,4	71,3	309,1
<i>IPC4</i>	46	55,7	1,21	2,03	**	**	**	**	**	2,2	12,9	84,2	364,8
<i>IPC5</i>	44	42,0	0,96	1,61	*	*	*	*	*	1,7	9,7	93,9	406,8
<i>IPC6</i>	42	26,5	0,63	1,06	нз	нз	нз	нз	нз	1,0	6,1	100,0	433,3
Понављање	7	4,6	0,66	1,1	нз								
Погрешка	273	195,8	0,60										

GE SS сигнал = 264,1
GE SS шум = 169,2

нз – није значајно; * $p < 0.05$; ** $p < 0.01$

Табела 12. ANOVA AMMI модела за потпуно случајни блок дизајн код првог сета HS2

Извори варијације	<i>df</i>	<i>SS</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>		Постдикциони тестови				<i>G+E+GE SS (%)</i>	<i>GE SS (%)</i>	Сума <i>GE SS (%)</i>	Сума <i>GE SS</i>
						<i>F_{GHI}</i>	<i>F_{GH2}</i>	<i>F_R</i>	<i>F_{SIM}</i>				
Укупно	335	1450,3	4,33										
Третмани	167	1234,5	7,39	6,52	**								
Спољашња средина (<i>E</i>)	6	1022,7	170,45	35,7	**					82,8			
Генотип (<i>G</i>)	23	60,9	2,65	2,34	**					4,9			
Интеракција (<i>G</i> × <i>E</i>)	138	150,9	1,09	0,96	нз					12,2			
<i>IPC1</i>	28	47,6	1,70	1,50	нз	нз	нз	нз	нз	3,9	31,5	31,5	47,6
<i>IPC2</i>	26	39,4	1,52	1,34	нз	нз	нз	нз	нз	3,2	26,1	57,7	87,0
<i>IPC3</i>	24	22,5	0,94	0,83	нз	нз	нз	нз	нз	1,8	14,9	72,6	109,5
<i>IPC4</i>	22	22,0	1,00	0,88	нз	нз	нз	нз	нз	1,8	14,6	87,1	131,5
<i>IPC5</i>	20	11,4	0,57	0,50	нз	нз	нз	нз	нз	0,9	7,6	94,7	142,9
<i>IPC6</i>	18	7,9	0,44	0,39	нз	нз	нз	нз	нз	0,6	5,2	100,0	150,8
Понављање	7	33,4	4,77	4,21	**								
Погрешка	161	182,4	1,13										

<i>GE SS</i> сигнал =	-5,04
<i>GE SS</i> шум =	155,94

нз – није значајно; ** $p < 0.01$

Табела 13. ANOVA AMMI модела за потпуно случајни блок дизајн код другог сета HS2

Извори варијације	<i>df</i>	<i>SS</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>		Постдикциони тестови				<i>G+E+GE</i> <i>SS (%)</i>	<i>GE SS</i> <i>(%)</i>	Сума <i>GE SS</i> <i>(%)</i>	Сума <i>GE SS</i>
						<i>F_{GHI}</i>	<i>F_{GH2}</i>	<i>F_R</i>	<i>F_{SIM}</i>				
Укупно	335	1437,3	4,29										
Третмани	167	1230,1	7,37	5,94	**								
Спољашња средина (<i>E</i>)	6	963,4	160,57	146	**					78,3			
Генотип (<i>G</i>)	23	42,5	1,85	1,49	**					3,5			
Интеракција (<i>G</i> × <i>E</i>)	138	224,2	1,62	1,31	нз					18,2			
<i>IPC1</i>	28	82,5	2,95	2,38	нз	нз	нз	нз	нз	6,7	36,8	36,8	82,5
<i>IPC2</i>	26	46,0	1,77	1,43	нз	нз	нз	нз	нз	3,7	20,5	57,3	128,5
<i>IPC3</i>	24	40,4	1,69	1,36	нз	нз	нз	нз	нз	3,3	18,0	75,3	168,9
<i>IPC4</i>	22	31,9	1,45	1,17	нз	нз	нз	нз	нз	2,6	14,2	89,6	200,8
<i>IPC5</i>	20	15,2	0,76	0,61	нз	нз	нз	нз	нз	1,2	6,8	96,3	216,0
<i>IPC6</i>	18	8,3	0,46	0,37	нз	нз	нз	нз	нз	0,7	3,7	100,0	224,3
Понављање	7	7,7	1,1	0,89	**								
Погрешка	161	199,5	1,24										

GE SS сигнал = 53,08
GE SS шум = 171,12

нз – није значајно; ** *p* < 0.01

Табела 14. Најбоље рангирани генотипови код *HS1* и другог сета *HS2* према различитим *AMMI* моделима

Спољашња средина	<i>HS1</i>		<i>AMMI0</i> ранг					<i>AMMI1</i> ранг					<i>AMMI2</i> ранг					<i>AMMI3</i> ранг				
	Просечан принос	<i>PCI</i> скор	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
<i>SM09</i>	9.01	0.939	22	7	13	18	28	25	13	12	32	5	25	13	31	3	32	25	3	31	24	8
<i>SR08</i>	9.31	0.891	22	7	13	18	28	13	25	12	32	31	12	18	24	11	19	12	18	19	32	11
<i>RS09</i>	12.47	0.644	22	7	13	18	28	13	12	25	22	32	13	25	22	12	31	st4	st3	14	1	40
<i>SR09</i>	13.18	0.354	22	7	13	18	28	13	22	12	7	18	13	22	25	28	14	22	7	13	28	25
<i>SM08</i>	8.57	0.147	22	7	13	18	28	22	13	7	18	28	22	18	7	13	12	13	18	7	22	12
<i>RS08</i>	12.15	-0.447	22	7	13	18	28	22	7	18	28	14	22	27	13	28	14	st2	13	27	22	14
<i>KI08</i>	11.07	-2.527	22	7	13	18	28	7	22	27	14	28	7	18	22	14	28	7	18	23	28	22

Спољашња средина	<i>HS2</i> сет2		<i>AMMI0</i> ранг					<i>AMMI1</i> ранг					<i>AMMI2</i> ранг					<i>AMMI3</i> ранг				
	Просечан принос	<i>PCI</i> скор	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
<i>RS09</i>	12.85	0.677	22	32	40	25	37	32	22	st2	25	40	32	st2	25	40	22	25	32	st2	40	21
<i>SR09</i>	13.29	0.581	22	32	40	25	37	32	22	st2	25	40	22	32	st2	25	39	22	32	G25	39	23
<i>RS08</i>	12.28	0.534	22	32	40	25	37	32	22	st2	25	40	22	32	st2	25	40	st2	39	st4	22	40
<i>SM08</i>	10.92	0.457	22	32	40	25	37	32	22	25	st2	40	40	25	32	st2	39	32	40	st2	30	22
<i>SM09</i>	8.85	0.317	22	32	40	25	37	22	32	25	st2	40	22	32	25	st2	40	25	32	26	22	29
<i>SR08</i>	8.93	-0.350	22	32	40	25	37	37	22	24	40	21	39	22	35	38	st1	31	35	st3	22	38
<i>KI08</i>	12.3	-2.216	22	32	40	25	37	37	21	24	31	38	37	21	24	31	39	37	21	24	29	31

6.5.3. Одређивање најпожељнијих генотипова за спољашње средине на основу номиналних вредности приноса и груписање спољашњих средина

На основу највиших номиналних приноса, процењених на основу ефекта генотипа (G) и значајних интеракцијских оса, идентификовани су генотипови са номинално највишим приносима за појединачну спољашњу средину код $HS1$. У табели 15. су представљени најбољи генотипови на основу израчунатих номиналних вредности приноса за $AMMI1$, $AMMI2$ и $AMMIF$. Због једноставнијег дефинисања мега-средина, спољашње средине су рангиране по PCI вредностима у опадајућем смеру. Код $AMMIF$ модела у појединачним срединама је као најбоље рангирано седам генотипова, што је и било очекивано с обзиром на укупну комплексност овог $AMMI$ модела. Код $AMMI2$ модела, генотипови 13 и 22 су најбоље рангирани у две спољашње средине, а поред наведених утврђена су још три најбоље рангирана генотипа у појединачним срединама. Код $AMMI1$ модела рангирање се додатно поједностављује и врши груписање спољашњих средина. Генотип 13 је први по рангу у $SR08$, $RS09$ и $SR09$, а други у $SM09$ и $SM08$, док се у $KI08$ и $RS08$ не налази у првих пет најбоље ранжираних генотипова. Генотип 22 био је најбољи у $SM08$ и $RS08$, а генотип 7 у $KI08$.

Међутим, с обзиром на релативно мали број спољашњих средина, као и на то да су локалитети у различитим годинама третирани као спољашње средине, није могуће извршити поуздано груписање средина у мега-средине. За поуздано груписање неопходно је извести огледе на већем броју локација током више година. Ипак, може се закључити да је $KI08$ средина која се од осталих највише разликовала, па би за дату локацију требало препоручити различите генотипове у односу на остале испитиване локације.

У раду, $AMMI1$ или $AMMI2$ модел се одабирају као најпрецизнији, ређе је оптималан неки од комплекснијих модела. У неким случајевима је једноставни адитивни модел, $AMMI0$, најбољи, што значи да један генотип најбољи у свим спољашњим срединама (*Gauch and Zobel*, 1988). Такав резултат је добијен код првог сета $HS2$, где је хибрид стандард $st2$ најбоље рангиран у свим спољашњим срединама па се све средине могу сврстати у једну мега-средину.

Код другог сета *HS2*, најбоље ранжирани генотипови на основу номиналних приноса процењених уз помоћ модела *AMMI2* и *AMMIF* приказани су само да би се показало груписање и поједностављење које доноси *AMMI1* модел, с обзиром да је *AMMI1* модел утврђен као најпогоднији за прецизнију процену приноса. Код оригиналних података, тј. процене на основу *AMMIF* модела седам генотипова су најбоље ранжирани на седам локација. Затим, код *AMMI2* модела рангирање је такво да су пет генотипова победници у пет спољашњих средина, са изузетком генотипа 22 који је најбоље ранжирани у три спољашње средине. Код *AMMI1* модела јављају се три победника. Генотип 32 је најбољи у четири спољашње средине (*RS08*, *RS09*, *SR09* и *SM08*) и други по рангу у *SM09*, док је генотип 37 најбољи у две спољашње средине (*KI08* и *SR08*). Генотип 22 био је најбоље ранжирани у *SR08*, док је у још пет спољашњих средина други по рангу.

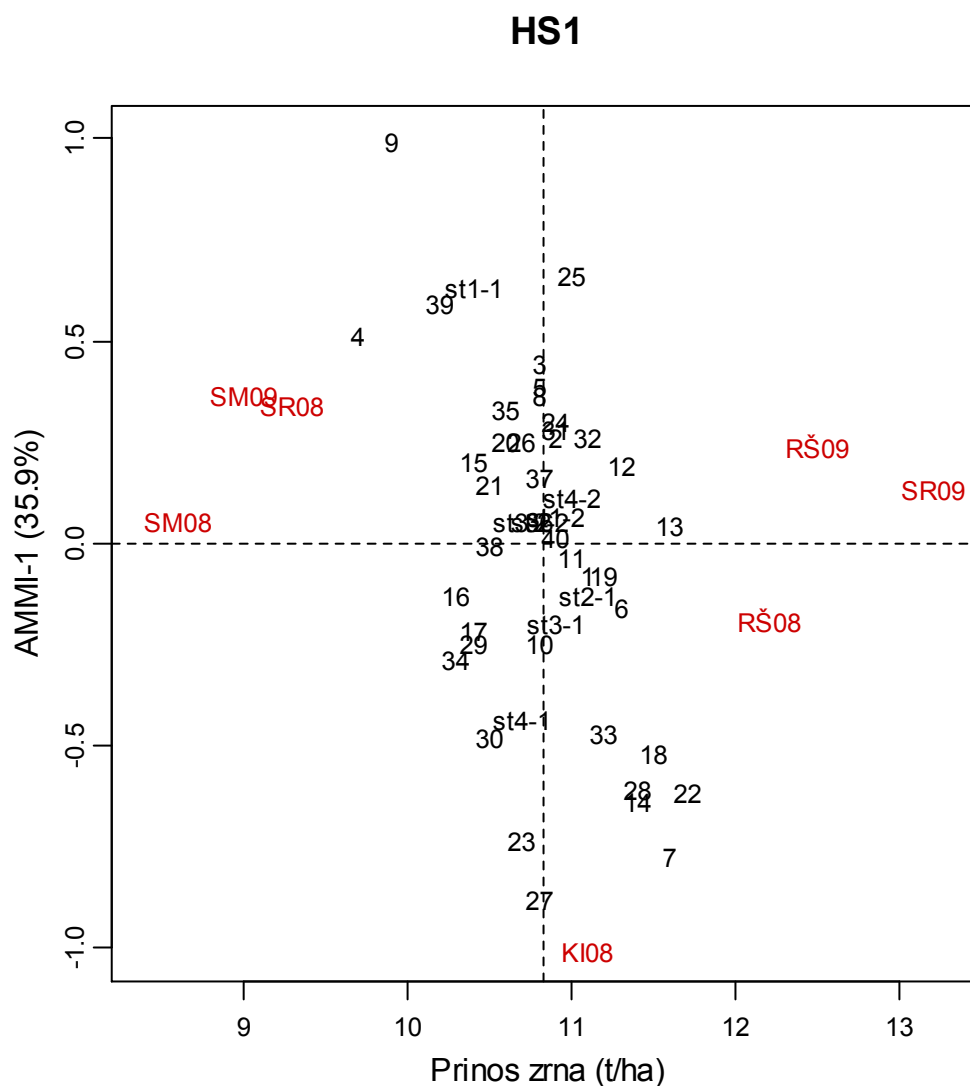
С обзиром на резултате рангирања на основу номиналних вредности приноса генотипова код оба *HS*, и с обзиром на чињеницу да су огледи за *HS1* и *HS2* изведени на истим локацијама и у истим годинама, може се извести општи закључак о раздвајању спољашњих средина. Код оба *HS* *KI08* се истиче као локација различита од других.

6.5.4. Визуелизација стабилности генотипова применом *AMMI* модела

AMMI1 биplot приказује средње вредности главних ефеката генотипа и спољашњих средина на апсциси и *PCI* вредности на ординати, тако да генотипови и спољашње средине који се налазе на истој вертикалној линији имају сличне средње вредности, а они који се налазе на истој хоризонтални линији сличан интеракцијски одговор. Генотипови са негативним вредностима *PCI* скорова имају позитивну интеракцију са спољашњим срединама које имају негативне *PCI* вредности, али зато имају негативну интеракцију са спољашњим срединама које имају позитивне *PCI* скорове. Исто се односи и на генотипове са позитивним *PCI* скоровима ($PCI > 0$) који показују позитивну интеракцију са спољашњим срединама чији су скорови истог знака ($PCI > 0$), а негативну са спољашњим срединама чији су скорови различитог знака ($PCI < 0$). Разлике између генотипова могу се уочити на основу смера и интензитета удаљености по апсциси и ординати. Генотипови са мањим *PCI* апсолутним вредностима имају мање *GE*

интеракцијске ефекте од оних са већим *PCI* апсолутним ефектима. На *AMMI* графикану су то генотипови који се налазе на или веома близу апсцисе.

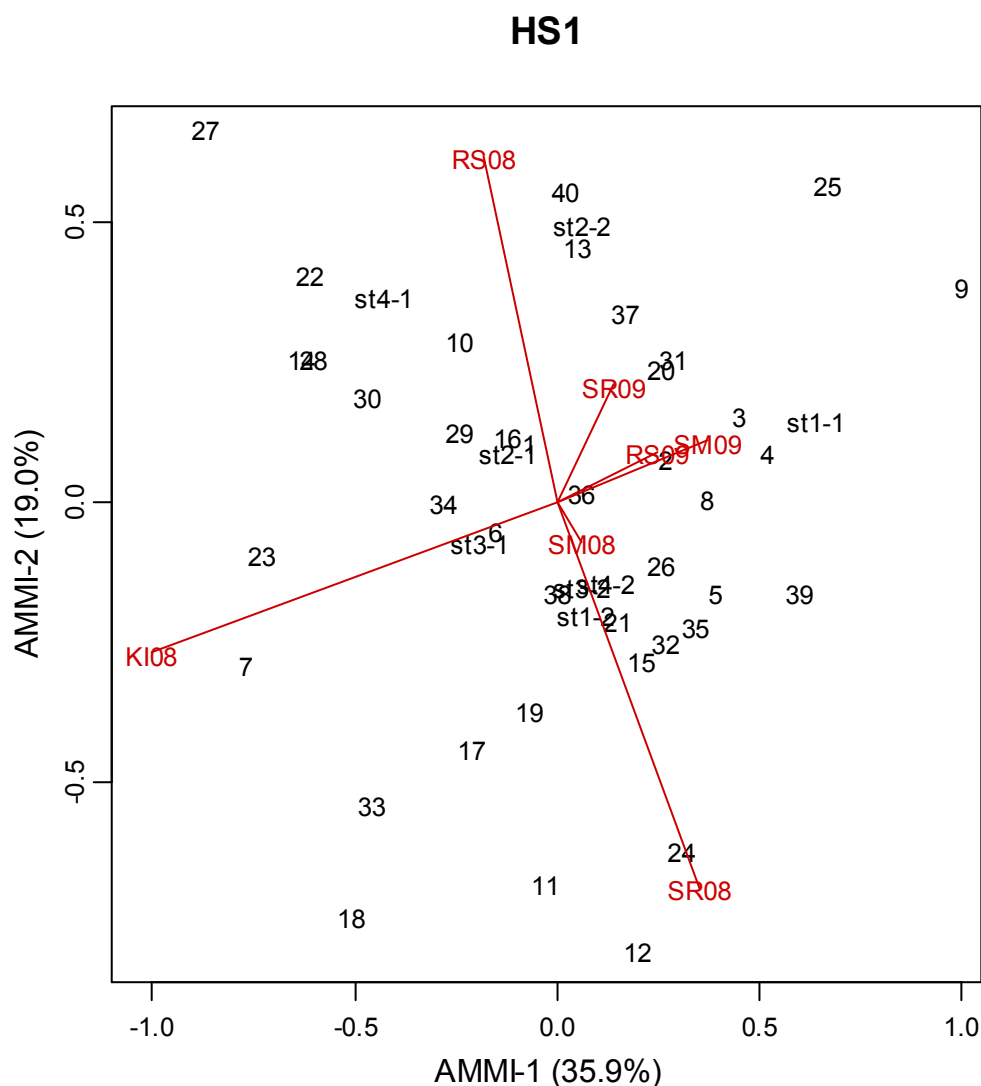
Код првог *HS* генотипови 12, 32, 25, 37, 32 боље су адаптирани на *SM08*, *SM09*, *SR08*, *SR09*, *RS09*, док генотипови 27, 23, 22, 7, 28, 18, 14 имају позитивну интеракцију са *KI08* и *RS08* (граф. 15).



Графикон 15. *AMMI* биplot за принос зрна првог *HS*

Пошто идеалан генотип треба да се одликује високим и стабилним приносима у различитим спољашњим срединама, код *HS1*, од првих осам најприноснијих генотипова, генотип 13 се издваја као одговарајући јер по приносу заузима треће место, а по стабилности приноса друго место. Он се на *AMMI* биplotу налази скоро на самој апсциси и има *PCI* скор 0.053. Генотипови

22 и 7 су најприноснији, али су по стабилности рангирани тек на шестом, односно осмом месту, са *PCI* скоровима -0.637 и -0.808.

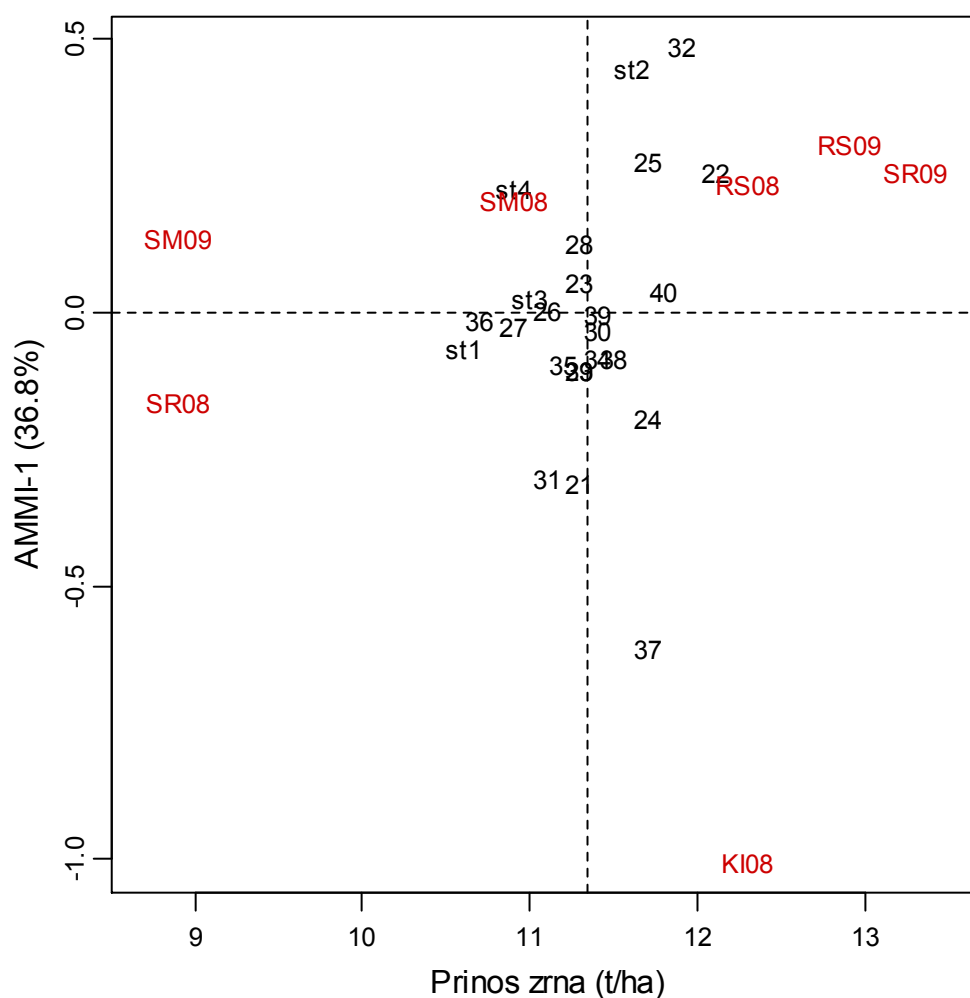


Графикон 16. *AMMI2* биplot за принос зрна првог *HS*

На *AMMI2* биplotу (граф. 16) приказани су генотипови и спољашње средине на основу вредности прве две мултипликативне интеракцијске компоненте за принос зрна првог *HS*. Удаљеност од координатног почетка представља допринос датог генотипа односно спољашње средине укупној интеракцији. Спољашње средине *KI08*, *SR08* и *RS08* су имале већи допринос укупној инетеракцији у односу на *SM08*, *SM09*, *RS09* и *SR09*. Стабилнији генотипови се налазе ближе координатном почетку. Генерално, када се посматрају сви испитивани генотипови, може се уочити да се генотипови са

највишим приносима могу сврстати у групу са мањом стабилношћу. Пошто најприноснији генотипови имају највећи оплемењивачки значај, потребно је посебну пажњу поветити њиховој стабилности приноса. Генотип 6, који је рангиран као осми по приносу, налази се најближе координатном почетку и може се сматрати најстабилнијим. Генотипови 13, 28, 14 и 22 показали су средњи ниво стабилности док су генотипови 7 и 12 показали најмању стабилност. Уколико узмемо у обзир и принос и стабилност, генотипови 22 и 13 се могу истаћи као најперспективнији за даљи оплемењивачки рад.

HS2-Set 2



Графикон 17. *AMMI* биplot за принос зрна другог сета *HS2*

Код другог сета *HS2* генотипови 37, 21, 31, 24 имали су позитивну интеракцију са спољашњим срединама *KI08* и *SM08*, док су спољашњим

срединама *RS08*, *RS09*, *SR08*, *SR09*, *SM09* били боље прилагођени генотипови 32, 25, 22, *st4*, 28, 40. (граф.17).

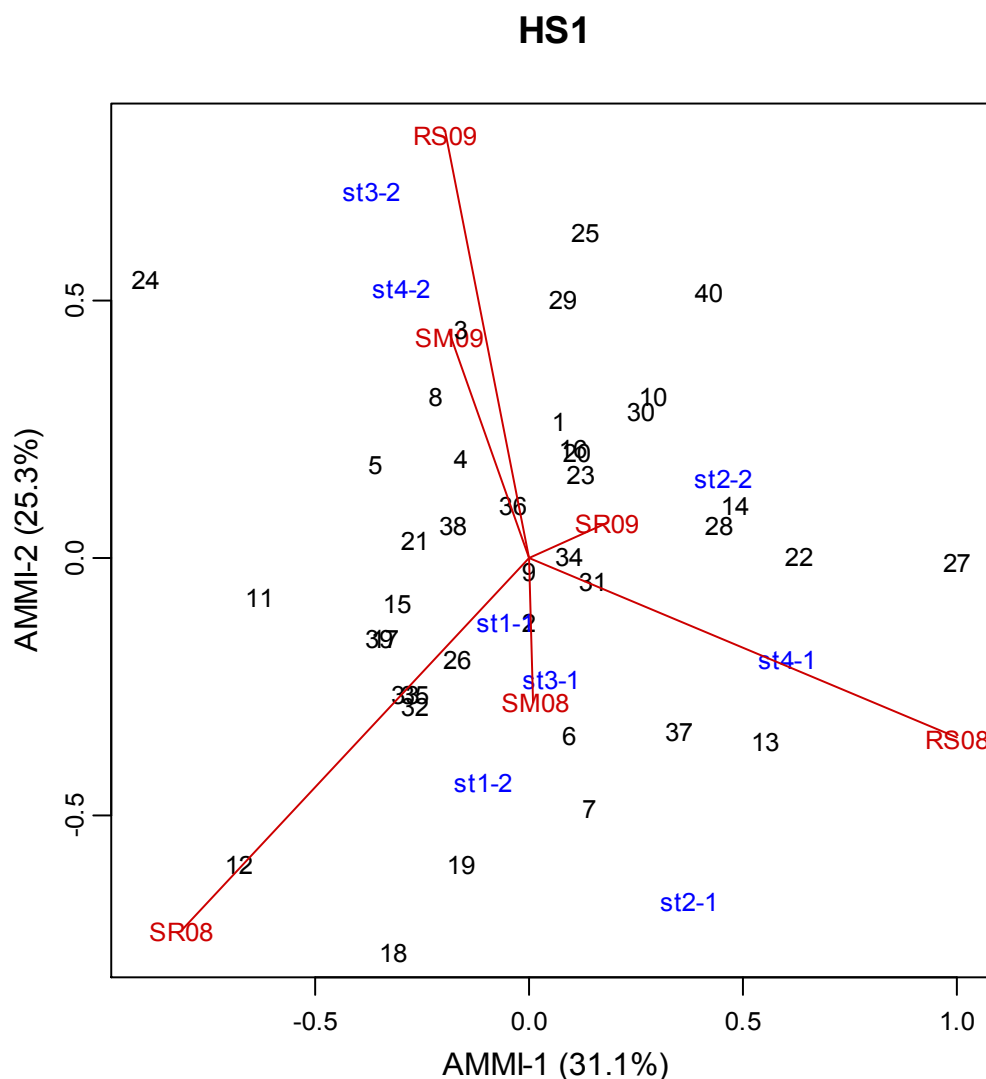
Уколико се посматра осам најприноснијих генотипова код другог сета *HS2*, најприноснији генотип 22 је рангиран као четврти по стабилности, други по приносу, генотип 32 је седми по стабилности, а трећи по приносу, генотип 40 има ранг стабилности један. Уколико би фаворизовали принос у односу на стабилност, генотип 22 би се могао препоручити за даље оплемењивање за дате спољашње средине, а уколико је стабилност од већег значаја генотип 40 се може издвојити као најпогоднији.

Ако се узму у обзир приноси зрна обе групе *HS* потомстава, *S₁* потомство број 22, даје са оба тестера генотипове са највишим приносима, па се може закључити да поред тога што ти генотипови нису међу првима по стабилности, завређују пажњу у даљем оплемењивачком раду.

Различитост спољашњих средина и дивергентност испитиваног биљног материјала повећавају комплексност *GE* интеракције (*Crossa et al.*, 1990). Кикинда је локалитет који се највише разликовао по рангирању генотипова, што је и очекивано с обзиром да је, на основу вишегодишњих проучавања рејона гајења кукуруза у Србији, Кикинда сврстана у трећи рејон гајења, док су Римски Шанчеви, Србобран и Сремска Митровица у првом најпродуктивнијем рејону (*Stojaković i sar.*, 2010). Уколико се *KI08*, као спољашња средина која је највише допринела интеракцији код оба *HS*, искључи из анализе може се извршити процена стабилности генотипова у преосталим спољашњим срединама. Код *HS1*, на основу односа сигнала и шума у *GE* интеракцији, у оптимални модел треба укључити прве две мултипликативне компоненте, којима је објашњено 31,1% и 25,3% суме квадрата интеракције, редом.

Најприноснији генотипови првог *HS* (13, 22, 12, 25 и 7) доприносе интеракцији више од просека, односно могу се сврстати у групу мање стабилних генотипова (граф. 18). Када се посматра стабилност само најприноснијих генотипова, генотипови 7 и 22 се издвајају као најстабилнији. Постоје извесне сличности у интеракцијском одговору између два најприноснија генотипа (13 и

22). Генотип 12 показује специфичну позитивну интеракцију са спољашњом средином *SR08*.

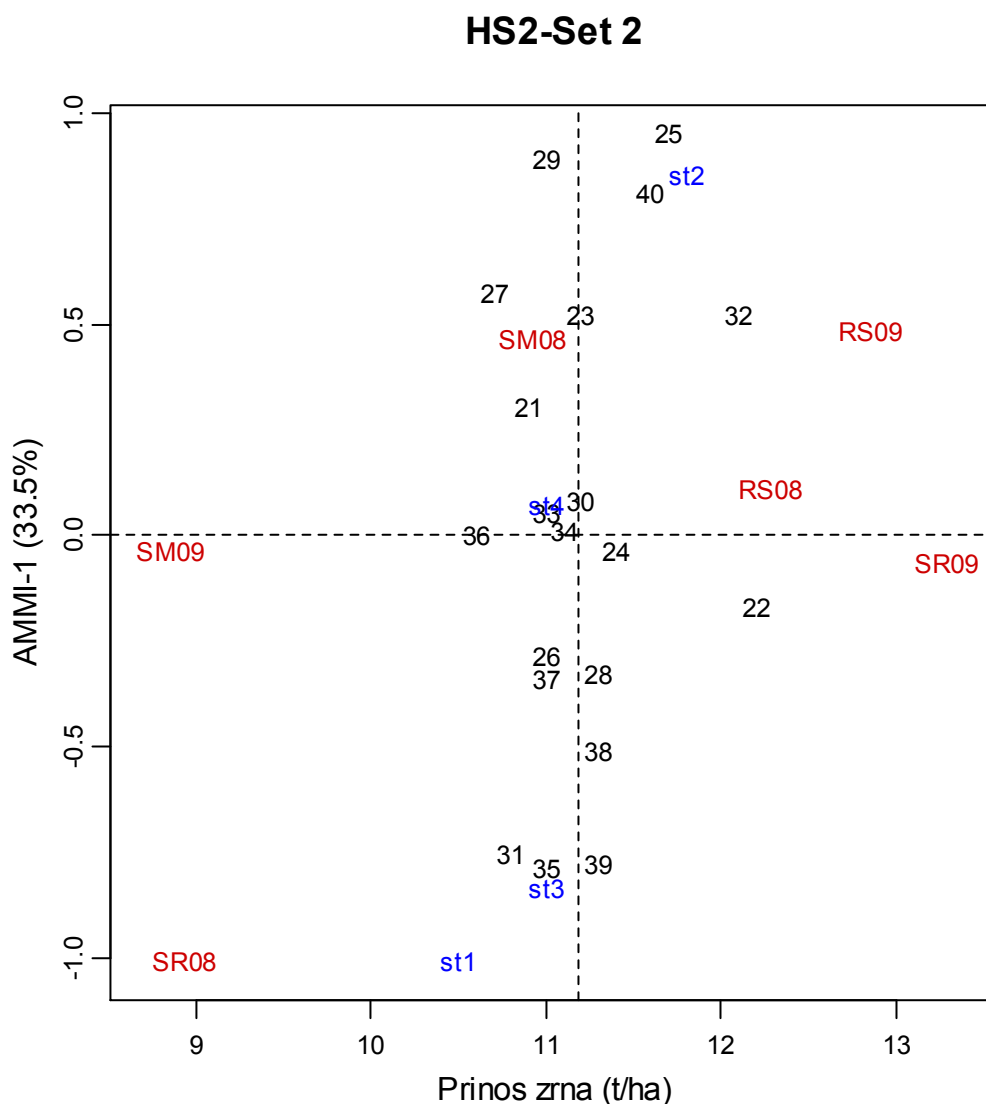


Графикон 18. AMMI2 биplot за принос зрна првог *HS* (након искључења *KI08* из анализе)

Код првог сета *HS2* и у случају када се *KI08* искључи из анализе као оптимални идентификован је *AMMI0*, односно адитивни модел без укључивања интеракцијских компоненти. Као најприноснији, поред стандарда *st2*, издвајају се генотипови 8, 15, 19, 7, 18, 12 и 2.

Код другог сета *HS2* утврђено је да прву мултипликативну компоненту, која објашњава 33,5% суме квадрата *GE* интеракције, треба укључити у оптимални модел. Као најприноснији истичу се генотипови 22, 32, *st2*, 25 и 40,

док се из ове групе најприносијих генотип 22 издваја као најстабилнији (граф. 19). Генотипови 25, 40 и *st2* су показали сличну интеракцију.



Графикон 19. АММІ1 биplot за принос зрна другог сета *HS2* (након искључења *KI08* из анализе)

По приносу и стабилности приноса истичу се S_I потомства 22 и 25 која се налазе међу првих пет најбоље ранжираних са оба тестера, и могу се означити као перспективна за даљи оплемењивачки рад са оба тестера, односно са *BSSS* и *Iodent* хетеротичним групама. Такође S_I потомства 13, 12, 32, 40 и 7 истичу се као носиоци пожељних алела за принос зрна, али се при даљим оплемењивачким активностима мора водити рачуна о одабиру адекватног комплементарног пара, односно инбред линије из одређене хетеротичне групе.

7. Закључак

- ❖ Средња вредност приноса зрна забележена код прве групе *HS* потомстава (10,83 t/ha) била је за 360 kg нижа у односу на средњу вредност утврђену код другог *HS*, али разлика није била статистички значајна.
- ❖ Код другог *HS* забележене су значајно више средње вредности у односу на *HS1* за већину посматраних особина: маса 1000 зрна (345,44:319,79 g), висина биљке (316,98:292,10 cm), висина клипа (126,62:121,72 cm), број листова изнад клипа (6,66:5,92), влага зрна у берби (19,80:18,21 %) и проценат полеглих и сломљених биљака (5,32:2,64 %). Док је значајно нижу средњу вредност *HS2* у односу на *HS1* остварила само за број зрна у реду (39,75:40,82). Средње вредности група потомстава за дужину клипа, и број редова зрна се нису статистички значајно разликовале.
- ❖ Од укупно 40 тестираних потомстава, 22 у *HS1* и 19 у *HS2* (око 50% по групи), остварила су већи принос у односу на одговарајући просек стандарда. Истовремено 11 *S_i* потомстава (27,5%) могу се сврстати у групу најроднијих са оба тестера, а то су генотипови: 5, 7, 8, 18, 19, 22, 24, 25, 32, 33 и 40.
- ❖ Рекомбинанти (*S_i* потомства) између претежно „старијих“ *Lancaster* извора (75% гермплазме) и јужноамеричких тврдунаца (25% гермплазме), могу бити добри донори пожељних алела за принос зрна јер су комплементарни инбред линијама новијих циклуса селекције.
- ❖ Генетичка варијанса за принос зрна код *HS1* је била 1,75 пута већа од варијансе код *HS2*, док су за другу групу *HS* потомстава установљене скоро два пута већа генетичке варијансе за све особине код којих су постојале значајне разлике између потомстава сем за принос зрна.
- ❖ Више вредности генетичке варијансе за већину проучаваних особина код друге групе потомстава (осим приноса зрна, броја зрна у реду и висине биљке) указују на мањи маскирајући ефекат алела који потичу од тестера на наведене особине, односно велики утицај тестера HC27 на принос.
- ❖ Херитабилност у ширем смислу била је сигнификантна за све особине изузев за принос зрна код друге групе потомства. Њене вредности су се кретале у интервалу од 0,519 за принос зрна до 0,859 за висину биљке код

прве групе, и од 0,377 за принос зрна до 0,862 за влагу зрна у берби код друге групе потомства.

- ❖ Сигнификантне позитивне корелационе везе средње јачине приноса зрна установљене су са бројем зрна у реду (0,549**) и масом 1000 зрна (0,474*) код прве групе и приноса зрна са висином биљке (0,448**) и са масом 1000 зрна (0,631**) код друге групе потомства.
- ❖ Према једноставном поступку који се заснива на процени односа сигнала и шума утврђено је да је оптимални *АММ12* модел за процену *GE* интеракције код *HS1*, односно *АММ10* код првог сета *HS2* и *АММ11* код другог сета.
- ❖ Код првог *HS* генотипови 22 и 7 су најприноснији, али су по стабилности заузели шесто, односно осмо место, док се генотип 13 издваја као одговарајући и по приносу (треће рангиран), а по стабилности приноса (други рангиран). Уколико се узме у обзир и принос и стабилност, генотипови 22 и 13 се могу истаћи као најперспективнији за даљи оплемењивачки рад.
- ❖ Код другог сета *HS2* најприноснији генотип 22 је рангиран као четврти по стабилности, други по приносу, генотип 32 је седми по стабилности, а трећи по приносу, генотип 40 има ранг стабилности један.
- ❖ *S₁* потомство 22 показало се супериорним са оба тестера, односно у обе групе полусродничких потомстава, што указује на то да оно поседује највећи број пожељних алела, па се као најперспективније може укључити у даљи оплемењивачки рад.

8. Литература

- Agrometeorološki godišnjak, Republički Hidrometeorološki Zavod Srbije, preuzeto sa:
<http://www.hidmet.gov.rs/latin/meteorologija/agrometeorologija.php>
- Ali, F., Muneer, M., Rahman, H., Noor, M., Durrishawar, Shaukat, S., Yan, J.B. (2011) Heritability estimates for yield and related traits based on test cross progeny performance of resistance maize inbred lines, *J. Food Agric. Environment*. 9(3): 438-443.
- Ali F., Shah, I.A., Rahman, H., Noor, M., Durrishahwar, Khan, M.Y., Ullah, I., Yan, J.B. (2012) Heterosis for yield and agronomic attributes in diverse maize germplasm, *Aust. J. Crop. Sci.* 6: 455-462.
- Allard, R.W. (1960) Hybrid varieties. pp. 274-275 In: Principles of plant breeding. John Wiley and Sons, Inc. USA
- Allard, R.W., Bradshaw, A.D. (1964) Implication of genotype-environmental interaction in applied plant breeding, *Crop Sci.* 5: 503-506.
- Anđelković, V. (2000) Identifikacija pokazatelja otpornosti kukuruza (*Zea mays* L.) prema suši kod potomstva sa egzotičnom germplazmom, Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Novi Sad.
- Annicchiarico, P. (1997) Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of genotype-location interaction in variety trials repeated over years. *Theor Appl Genet.* 94: 1072-1077.
- Annicchiarico, P. (2002) Genotype by environment interaction - Challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. FAO, Rome, 5-12.
- Annicchiarico, P., Bertolini, M., Mazzinelli, G. (1995) Analysis of genotype-environment interactions for maize hybrids in Italy. *J. Genet. Breed.* 49: 61-67.
- Austin, D.F., Lee, M., Veldboom, L.R., Hallauer, A.R. (2000) Genetic mapping in maize with hybrid progeny across testers and generations: grain yield and grain moisture. *Crop Sci.* 40: 30-39.

- Azzalini, A., Cox, D.R. (1984) Two new tests associated with analysis of variance. *J. R. Stat. Soc.* 46: 335–343.
- Babić, V., Babić, M., Ivanović, M., Kraljević-Balalić, M., Dimitrijević, M. (2010): Understanding and utilization of genotype-by-environment interaction in maize breeding. *Genetika.* 42 (1): 79-90.
- Bauman, L.F. (1981) Review of methods used by breeders to develop superior inbreds. *Proc. Corn and Sorghum Ind. Res. Conf.* 36: 199-208
- Bekavac, G. (1996) Genetičke korelacije za prinos zrna i dužinu trajanja lisne površine sintetičkih populacija kukuruza (*Zea mays* L). Novi Sad: Poljoprivredni fakultet, Doktorska disertacija
- Bernardo, R. (1996) Testcross selection prior to further inbreeding in maize: mean performance and realized genetic variance. *Crop Sci.* 36: 867-871.
- Bernardo, R., Yu, J. (2007) Prospects for genome wide selection for quantitative traits in maize. *Crop Sci.* 47: 1082-1090.
- Bohren, B.B., Hill, W.G., Robertson, A. (1966) Some observation on asymmetrical correlated response to selection. *Genet. Res. (Camb).* 7: 44-57.
- Buren, L.L., Mock, J.J. Anderson, I.C. (1974) Morphological and physiological traits in maize associated with tolerance to high plant density. *Crop Sci.* 14(3): 426-429.
- Cochran, W.G., Cox, M.G. (1957) *Experimental designs.* John Wiley and Sons, Inc., New York, Chichester, Brisbane, Toronto, Singapore
- Crossa, J. (1990). Statistical analyses of multi-location trials. *Adv. Agron.* 44: 55-85.
- Cornelius, P.L. (1993) Statistical tests and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. *Crop Science* 33: 1186–1193.

- Crossa, J., Cornelius, P.L. (1997) Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Sci.* 37: 405–415.
- Cornelius, P.L., Crossa, J. (1999) Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative model for multi-environment cultivar trials. *Crop Sci.* 39: 998-1009.
- Crossa, J., Gauch, H.G., Zobel, R.W. (1990) Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis of Two International Maize Cultivar Trials. *Crop Sci.* 30: 493-500.
- Cornelius, P.L., Seyedsadr, M.S., Crossa, J. (1992) Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials. *Theo. Appl. Genet.* 84: 161–172.
- Cornelius, P.L., Crossa, J., Seyedsadr, M.S. (1996) Statistical test and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. pp: 199-234. In: Kang, M.S. and Gauch, H.G. (eds.). *Genotype-by-environment interaction*. Boca Raton, FL, CRC Press.
- Crossa, J., Cornelius, P.L., Yan, W. (2002) Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype-environment interaction. *Crop Sci.* 42: 619-633.
- Crow, J.F. (1999) Dominance and overdominance. p. 49–58. In J.G. Coors and S. Pandey (ed.) *Genetics and exploitation of heterosis in crops*. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI
- de Oliveira, J.P., Moreira, W.N.Jr., Duarte, J.B., Chaves, L.J., Pinheiro, J.B. (2003) Genotype-environment interaction in maize hybrids: an application of the AMMI model. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 3(3): 185-192.
- de Oliveira, R.L., Von Pinho, R.G., Balestre, M., Ferreira, D.V. (2010) Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 10: 247-253.

- de Vilmorin, L. (1850) Note sur un projet d'expérience ayant pour but d'augmenter la richesse saccharine de la betterave. Bulletin des Séances de la Société Impériale d'Agriculture, 2: 6-169.
- DeLacy, I.H., Eisemann, R.L., Cooper, M. (1990) The importance of genotype-by-environment interaction in regional variety trials. p. 287-300. In M.S. Kang (ed) Genotype-by-environment interaction and plant breeding. Louisiana State University Agricultural Center, Baton Rouge, Louisiana.
- Dias, C.T. dos S., Krzanowski, W.J. (2003) Model Selection and Cross Validation in Additive Main Effect and Multiplicative Interaction Models. Crop Sci. 43:865-873.
- Dias, C.T. dos S., Krzanowski, W.J. (2006) Choosing components in the additive main effect and multiplicative interaction models. Sci. Agric. 63 (2): 169- 175.
- Dorđević, J.S., Ivanović, M.R. (1996) Genetic analysis for stalk lodging resistance in narrow-base maize synthetic population ZPS14. Crop Sci. 36: 909–913.
- Dudley, J.W. (1982) Theory for transfer alleles. Crop Sci. 22: 631-637.
- Dudley, J.W. (1993) Molecular markers in plant improvement: manipulation of genes affecting quantitative traits. Crop Sci. 33: 660-668.
- Duvick, D.N. (1992) Genetic contributions to advances in yield of U.S. maize. Maydica. 37: 69-79.
- Eastment, H.T., Krzanowski, W.J. (1982) Cross-Validatory Choice of the Number of Components From a Principal Component Analysis, Technometrics, 24: 73-77.
- Eberhart, S.A., Russell, W.A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci. 6: 36-40.
- Eckart, C., Young, G. (1936) The approximation of one matrix by another of lower rank. Psychometrika, 1 (3): 211–218.

- El-Lakany, M.A., Russell, W.A. (1971) Relationship of maize characters with yield in test crosses of inbreds at different plant densities. *Crop Sci.*, 11: 698-701.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*. Fourth edition. Addison Wesley Longman, Harlow, Essex, UK.
- Finlay, K.W., Wilkinson, G.N. (1963) Analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Aust. J. Agr. Res.* 14: 742-754.
- Fisher, R. A. 1918. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. R. Soc. Edinb.* 52:399–433.
- Freeman, G.H. (1973) Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. *Heredity* 31: 339-354.
- Freeman, G.H., Perkins, J.M. (1971) Environmental and genotype-environmental components of variability VIII. Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments. *Heredity.* 27 (1): 15–23.
- Frutos, E., Galindo, M.P., Leiva, V. (2013). An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. *Stochastic Environmental Research and Risk Assessment*. <http://link.springer.com/article/10.1007/s00477-013-0821-z>.
- Fountain, M.O., Hallauer, A.R. (1996) Genetic Variation Within Maize Breeding Populations. *Crop Sci.* 36: 26-32.
- Gabriel, K.R. (1971) The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika.* 58: 453-467.
- Gabriel, K.R. (2002) Le biplot– outil d’exploration de données multidimensionnelles. *J. Soc. Fr. Statistique.* 143: 5-55.
- Gallais, A. (1997) Combined testcross and S1 selection for the improvement of testcross and inbred performances. *Crop Sci.* 37: 1126–1133.

- Gauch, H.G. (1988) Model Selection and Validation for Yield Trials with Interaction. *Biometrics* 44: 705-715.
- Gauch, H.G. (1992): Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier science publishers B.V. Amsterdam, Netherlands.
- Gauch, H.G. (1993) MATMODEL Version 2.0: AMMI and related analysis for two-way data matrices. Microcomputer Power, Ithaca, New York. p. 59.
- Gauch, H.G. (2006) Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46: 1488–1500.
- Gauch, H.G. (2013) A Simple Protocol for AMMI Analysis of Yield Trials. . *Crop Sci.* 53 (5): 1860-1869.
- Gauch, H.G. Zobel, R.W. (1989) Accuracy and selection success in yield trial analyses. *Theor. Appl. Genet.* 77: 473-481.
- Gauch, H.G., Zobel, R.W. (1988) Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. *Theor. Appl. Genet.* 76: 1-10.
- Gauch, H.G., Zobel, R.W. (1996) AMMI analysis of yield trials. Pages 1-40 in M.S. Kang and H.G. Gauch, eds. *Genotype by environment interaction*. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Gauch, H.G., Zobel, R.W. (1997) Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci.* 37: 311-326.
- Gollob, H.F. (1968). A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques, *Psychometrika*, 33: 73-116.
- Goodman, M.M. (1999) Broadening the genetic diversity in maize breeding by use of exotic germplasm, p. 139–148. In J. G. Coors and S. Pandey (eds.) *The genetics and exploitation of heterosis in crops*. ASA, CSSA, SSSA, Madison, WI.
- Guzman, P.S., Lamkey, K.R. (2000) Effective population size and genetic variability in the BS11 Maize population. *Crop Sci.* 40: 338-346.

- Hallauer, A.R. (1985) Compendium of recurrent selection methods and their application. *Critical Reviews in Plant Sci.* 3: 1-33.
- Hallauer, A.R. (1989) Fifty years of recurrent selection in corn. in: 25th Silver Anniversary Illinois Corn Breeders School, 25: 39-64
- Hallauer, A.R. (1990) Methods used in developing maize inbreds. *Maydica.* 55: 1-16.
- Hallauer, A.R. (1992) Recurrent selection in maize. *Plant Breed. Rev.* 9: 115-179.
- Hallauer, A.R., Lopez-Perez, E. (1979) Comparisons among testers for evaluating lines of corn. in: Annual corn and sorghum industry research conference (34th), Proceedings, 34: 57-75.
- Hallauer, A.R., Miranda, J.B. (1988) *Quantitative Genetics in Maize Breeding.* 2nd ed. Iowa State University Press. Ames, IA
- Hallauer, A.R., Carena, M.J. (2009) Maize breeding. p. 3-98. In Carena MJ (ed.) *Handbook of plant breeding: Cereals.* Springer, New York
- Hallauer, A.R., Miranda F.J.B., Carena, M.J. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding.* Springer, New York, 663p
- Hallauer, A.R., Russell, W.A., Lamkey, K.R. (1988) Corn breeding. pp. 463-564. In G.F. Sprague and J.W. Dudley (ed). *Corn and Corn Improvement.* 3rd ed. Agron., Monogr. 18. Madison, WI, USA.
- Hartley, H.O. (1955) Some recent developments in analysis of variance. *Comm. Pure Appl. Math.* 8: 47-72.
- Hartwig, H., Geiger, G., Gordillo, A., Koch, S. (2013) Genetic correlations among haploids, doubled haploids, and testcrosses in maize. *Crop Sci.* 53 (6): 2313-2320
- Hayes, H.K. (1963). *A professor's story of hybrid corn.* Burgess Publishing Co., Minneapolis.

- Hopkins, C.G. (1899) Improvement in the chemical composition of the corn kernel. Ill. Agric. Exp. Stn. Bull. 55: 205–240.
- Horner, E.S. (1985) Effects of selection for S2 progeny versus testcross performance in corn. Annual Corn & Sorghum Research Conference (40th), 142-150.
- Horner, E.S., Lundy, H.W., Luttick, M.C., Chapman, W.H. (1973) Comparisons of three methods of recurrent selection in maize. Crop Sci. 13: 485-489.
- Horner, E.S., Magloire, E., Morera, J.A. (1989) Comparison of selection for S2 progeny vs. testcross performance for population improvement in maize. Crop Sci. 29: 868–874.
- Horner, E.S., Robinson, S.L., Ameha, M. (1977) S2 line per se versus testcross yields in corn. Proc. Annu. Corn Sorghum Ind. Res. Conf. 32: 21-31.
- Hühn, M. (1979) Beiträge zur Erfassung der phänotypischen Stabilität. I. Vorschlag einiger auf Ranginformationen beruhenden Stabilitätsparameter. EDV in Medizin und Biologie. 10: 112–117.
- Hühn, M. (1990) Nonparametric Estimation and Testing of Genotype x Environment Interactions by Ranks. pp. 69-93. In: Kang, M.S. (eds.) Genotype-by-environment interaction and plant breeding, Louisiana State University Agricultural Center, Baton Rouge, Louisiana.
- Hühn, M., (1996) Non-parametric analysis of genotype x environment interactions by ranks. In: Genotype by Environment Interaction. Kang & Gauch.(eds). CRC Press, Boca Raton, New York. pp. 213-228.
- Hull, H.F. (1945) Recurrent selection for specific combining ability in corn. J. Am. Soc. Agron. 37: 134-145.
- Hull, F.H. (1946) Overdominance and corn breeding where hybrid seed is not feasible. Journ. Amer. Soc. Agron. 38: 1100–1103.

- Hull, F.H. (1952) Recurrent selection and overdominance. 451–473. In: Gowen, J.W. (ed.) Heterosis. Iowa State College Press. Amsterdam
- Hunter, R.B., Daynard, T.B., Hume, D.J., Tanner, J.W., Curtis, J.D., Kannenberg, L.W. (1969) Effect of tassel removal on grain yield of corn (*Zea mays* L.). Crop Sci. 9: 405-406.
- Husić, I., Kojić, L., Ivanović, M., Stojnić, O. (1995) Components of variance and heritability for grain yield and yield components for S1 and HS progenies in two early maturity synthetic populations of maize. Genetika. 27: 25-34.
- Hussein, M.A., Bjornstad, A., Aastveit, A.H. (2000) SASG x ESTAB, a SAS program for computing genotype x environment stability statistics. Agron. J. 92: 454–459.
- Ilker, E., Aykut Tonk, F., Caylak, O., Tosun M., Ozmen, I. (2009) Assessment of genotype x environment interactions for grain yield in maize hybrids using AMMI and GGE biplot analyses. Turk. J. Field Crops. 14(2): 123-135.
- Ivanović, M. (1986) Značaj egzotične germplazme u oplemenjivanju kukuruza. Genetika i oplemenjivanje kukuruza. Beograd-Zemun: Institut za kukuruz „Zemun Polje“.
- Ивановић, М (1995) Без наслова. Институт за кукуруз „Земун Поље“, Београд – Земун. Необјављено.
- Ивановић, М (2012) Лична комуникација. Институт за ратарство и повртарство, Нови Сад.
- Ivanović, M., Stojnić, O., Greder, R.R. (1987) Correlations among grain yields of full-sib, half-sib, and selfed progenies in broad and narrow base population of maize (*Zea mays* L.). Genetika, 19 (1): 37-45.
- Jarque, C., Bera, A. (1980) Efficient tests for normality homoscedasticity and serial independence of regression residuals. Econometric Letters 6: 255–259.

- Jenkins, M.T. (1935) The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. Iowa State College J. Sci. 3: 677-721.
- Jenkins, M.T. (1940) The segregation of genes affecting yield of grain in maize. J. Am. Soc. Agron. 32: 55-63.
- Jensen, S., McConnell, R., Kuhn, W. (1983) Combining ability studies in elite U. S. maize germplasm. Proc. Ann. Corn Sorghum Ind. Res. Conf. 38: 87-96.
- Kandus, M., Almorza, D., Boggio Ronceros, R., Salerno, J.C. (2010) Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize. *PHYTON* 79: 39-46.
- Kang, M. S. (1997) Using Genotype-by-Environment Interaction for Crop Cultivar Development, *Advances in Agronomy*, 62: 199-252.
- Kang, M.S. (2003) *Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders*. New York: Haworth Press Inc. p. 352
- Kang, M.S. (2004) Breeding: Genotype-by-environment interaction. p. 218-221 in: Goodman R.M. (ed.) *Encyclopedia of Plant and Crop Science*, New York: Marcel Decker, Inc.
- Kang, M.S., (1988) A rank-sum method for selecting high-yielding, stable corn genotypes. *Cereal Research Communications* 16: 113-115.
- Kempton, R.A. (1984) The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *J. Agr. Sci.* 103: 123–135.
- Kroonenberg, P.M. (1995) Introduction to biplots for G×E tables. Research Report No. 51. Centre for statistics, the Uni. of Queensland, Brisbane, Qld.
- Lamkey, K.R. (1992) 50 years of recurrent selection in the Iowa Stiff Stalk Synthetic maize population. *Maydica*. 37: 19-28.

- Lamkey, K.R., Hallauer, A.R. (1987) Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. *Maydica*, 32: 61-78.
- Lile, S.M., Hallauer, A.R. (1994) Relation between S2 and later generation testcrosses of two corn populations. *J. Iowa Acad. Sci.* 101: 19–23.
- Lin, C.S., Binns, M.R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivars x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, Ottawa, 68 (1): 193-198.
- Lonnquist, J.H. (1974) Consideration and experiences with recombinations of exotic and Corn Belt germplasm. *Ann. Corn and Sorghum Research Conf. Proc.*, 29: 102 - 117.
- Lopandić, D. (1995) Stabilnost komponenti prinosa sintetičkih populacija kukuruza različitih ciklusa selekcije. *Doktorska disertacija*. Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Novom Sadu.
- Lopez-Perez, E. (1979) Comparisons among five different testers for the evaluation of unselected lines of maize (*Zea mays* L.). Ph.D. dissertation, Iowa State University, Ames, IA.
- Martin, M.J., Russel, A.W. (1984) Correlation response of yield and other agronomic traits to recurrent selection for stalk quality in maize synthetics. *Crop Sci.*, 24: 746–50.
- Mendiburu, F. (2007) *Agricolae: Statistical procedures for agricultural research*. <http://www.r-project.org>
- Melchinger, A.E. (1999) Genetic Diversity and Heterosis. p. 99–118. In: Coors J.G. and Pandery S. (eds), *The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*. Crop Science Society of America, Inc., Madison, USA
- Mihaljević, R. (2005) Biometrical Analyses of Epistasis and the Relationship between Line *per se* and Testcross Performance of Agronomic Traits in Elite Populations of European Maize (*Zea mays* L.), *Dissertation zur Erlangung des Grades eines*

- Doktors der Agrarwissenschaften der Fakultät Agrarwissenschaften der Universität Hohenheim.
- Mihaljević, R., Utz, H.F., Melchinger, A.E. (2004) Congruency of quantitative trait loci detected for agronomic traits in testcrosses of five populations of European maize. *Crop Sci*, 44: 114-124.
- Mikel, M.A., Dudley, J.W. (2006) Evolution of North American dent corn from public to proprietary germplasm. *Crop Sci*. 46: 1193–1205.
- Митровић, Б. (2013) Генетичка варијабилност и мултиваријациона анализа важнијих агрономских особина популације кукуруза уске гентичке основе, Докторска дисертација, Пољопривредни факултат. Универзитет у Београду.
- Mitrović, B., Stanisavljević, D., Treskić Sanja, Stojaković, M., Ivanović, M., Bekavac, G., Rajković, M. (2012) Evaluation of experimental maize hybrids tested in multi-location trials using AMMI and GGE biplot analyses, *Turkish Journal of Field Crops*, 17 (1): 35-40.
- Mock, J.J., Shuetz, S.H. (1974) Inheritance of tassel branch number in maize. *Crop Sci*. 14: 885-888.
- Moreno-Gonzalez, J., Crossa, J., Cornelius, P.L. (2004) Genotype × Environment Interacion in multi-environment Trials using shrinkage factors for ammi models. *Euphytica*. 137: 119-127.
- Nastasić, A. (2001) Генетичка варијабилност и међузависност prinosa i komponenti prinosa NSB sintetičke populacije kukuruza (*Zea mays* L.). Novi Sad: Poljoprivredni fakultet, Doktorska disertacija
- Perkins, J.M., Jinks, J.L. (1968) Environmental and genotype-environmental components of variability. *Heredity*, 23(3): 339–356.
- Piepho, H.P. (1995) Robustness of statistical test for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial. *Theor. Appl. Genet.* 90: 438-443.

- R Development Core Team (2013) R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria
- Rawlings, J.O., Thompson, D.L. (1962) Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Sci* 2: 217–220.
- Rodriguez, O.A., Hallauer, A.R. (1988) Effects of recurrent selection on corn populations. *Crop Sci*. 28: 796–800.
- Romagosa, I., Fox, P.N., Garcia Del Moral, L.F., Ramos, J.M., Roca De Togores, F., Molina Cano J.L. (1993) Integration of statistical and physiological analyses of adaptation of near-isogenic barley lines. *Theor. Appl. Genet.* 86: 822-826
- Romagosa, I., Ullrich, S.E., Han, F., Hayes, P.M., (1996) Use of the additive main effects and multiplicative interaction model in QTL mapping for adaptation in barley. *Theor. Appl. Genet.* 93: 30-37.
- Russell, W.A. (1961) A comparison of five types of testers in evaluating the relationship of stalk rot in corn inbred lines and stalk strength of the lines in hybrids combinations. *Crop Sci.* 1: 393-397.
- Russell, W.A. (1983) Agronomic performance of maize cultivars representing different eras of breeding. *Maydica.* 29: 375-390.
- Samonte, S.O.P.B., Wilson, L.T., McClung, A.M., Medley, J.C. (2005) Targeting cultivars onto rize growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analysis. *Crop Sci.* 45: 2414-2424.
- Samonte, S.O.P.B., Lales, J.S., Tagle, S. A. L., Villegas, G.M. (2006) Genotype Recommendations for Multi-Environments Based on AMMI Analysis. *The Philippine Agricultural Scientist* 89 (2): 116-124.
- Schnable, P.S., Ware, D., Fulton, R.S., Stein, J.C., Wei, F., et al. (2009) The B73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. *Science.* 326: 1112–1115.
- Schulz-Streeck, T., Ogutu, J.O., Gordillo, A., Karaman, Z., Knaak, C., Piepho, H.P. (2012) Genomic selection using multiple populations. *Crop Sci.* 52: 2452-2461.

- Shukla, G. K. (1972) Some statistical aspects of partitioning genotype x environmental components of variability. *Heredity*. 29: 237-245.
- Shull, G.H. (1952) Beginnings of the heterosis concept. p. 14-48. In: J. W. Gowen (ed.). *Heterosis*. Iowa State College Press, Ames.
- Smith, O.S. (1986) Covariance between line per se and testcross performance. *Crop Sci*. 26: 540-543.
- Smith, O.S., Smith, J.S.C., Bowen, S.L., Tenborg, R.A., Wall, S.J. (1990) Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F1 grain yield, grain yield, heterosis and RFLPs. *Theor. Appl. Genet*. 80: 833-840.
- Sneller, C.H., Dombek, D. (1995) Comparing soybean cultivar ranking and selection for yield with AMMI and full-data performance estimates. *Crop Sci*. 35: 1536-1541.
- Sprague, G.F. (1939) An estimation of the number of top-crossed plants required for adequate representation of a corn variety. *J. Amer. Soc. Agron*. 31: 11-16.
- Sprague, G.F. (1946) Early testing of inbred lines of corn. *J. Am. Soc. Agron*. 38: 108-117.
- Sprague, G.F., Tatum, L.A. (1942) General vs specific combining ability in single crosses of corn. *J. American Soc. Agron.*, 34: 923-932.
- Srećkov, Z. (2009): *Genetički potencijal visokoumljane populacije kukuruza NSU1*. Biblioteka ACADEMIA, Zadužbina Andrejević. Beograd
- Stanisavljević, D., Treskić Sanja, Mitrović, B., Nastasić, A., Bekavac, G., Ivanović, M. (2010) Genetička varijabilnost i korelaciona analiza za prinos zrna sintetičke populacije kukuruza NSA15, *Ratarstvo i povrtarstvo*. 47(2): 467-472.
- Stojaković, M., Ivanović, M., Jocković, Đ., Bekavac, G., Purar, B., Nastasić, A., Stanisavljević, D., Mitrović, B., Treskić, S., Lajšić, R. (2010) NS hibridi kukuruza u proizvodnim rejonima Srbije, *Ratarstvo i povrtarstvo* 47(1): 93-102.

- Стојковић, С. (2007) Генетска и фенотипска варијабилност компоненти приноса код S1 и HS потомстава једне F3 популације кукуруза. Докторска дисертација, Пољопривредни факултет Зубин поток, Универзитет у Приштини.
- Stojnić, O. (1995) Genetičke i fenotipske korelacije između prinosa i komponenti prinosa zrna kod BSSS populacija kukuruza (*Zea mays* L.), Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Novi Sad
- Stuber, C.W. (1994) Success in the use of molecular markers for yield enhancement in com. Proc. 49th Annual Corn and Sorghum Industry Res. Conf., American Seed Trade Assoc. 49: 232-238.
- Stuber, C.W., Williams, W.P., Moll, R.H. (1973) Epistasis in maize (*Zea mays* L.): III. Significance in predictions of hybrid performances. Crop Sci. 13: 195-200.
- Tai, G.C. (1971) Genotypic stability analysis and application to potato regional trials. Crop Sci. 11 (1): 184–190.
- Tanner, A.H., Smith, O.S., (1987). Comparison of half-sib and S1 recurrent selection in the krug yellow dent maize populations. Crop Sci. 27: 509-513.
- Tinker, N.A., Mather, D.E., Rosnagel, B.G., Kasha, K.J., Kleinhofs, A., Hayes, P.M., Falk, D.E., Ferguson, T., Shugar, L.P., Legge, W.G., Irvine, R.B., Choo, T.M., Briggs, K.G., Ullrich, S.E., Franckowiak, J.D., Blake, T.K., Graf, R.J., Dofing, S.M., Saghai Maroof, M.A., Scoles, G.J., Hoffmann, D., Dahleen, L.S., Kilian, A., Chen, F., Biyashev, R.M., Kudrna, D.A., Steffenson, B.J. (1996) Regions of the genome that affect agronomic performance in two-row barley. Crop Sci. 36: 1053–1062.
- van Eeuwijk, F. A. (1996) Between and beyond additivity and non-additivity; the statistical modelling of genotype by environment interaction in plant breeding. Ph.D. Thesis, Agricultural University, Wageningen
- Vančetović, J. (1994) Genetička varijabilnost kvantitativnih svojstava kod kompozita kukuruza (*Zea mays* L.). Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Novi Sad

- Vasal, S.K., Srinivasan, G., Crossa, J., Beck, D.L. (1992) Heterosis and combining ability of CIMMYT's subtropical and temperate early maturity maize germplasm. *Crop Sci.* 32: 884–890.
- Vasić, N., Ivanović, M., Brkić, I., Bekavac, G., Zdunić, Z., Jambrović, A. (2006): Evaluation of maize hybrids containing different proportion of NC298 tropical germplasm line in their male parents. *Maydica* 51: 79-88.
- Voltas, J., Van, E.F., Igartua, E., García del Moral, L.F., Molina-Cano, J.L., Romagosa, I., (2002). Genotype by environment interaction and adaptation in barley breeding: Basic concepts and methods of analysis. p. 205-241. In Slafer, G.A., Molina-Cano, J.L., Savin, R., Araus, J.L., Romagosa, I. (eds.). *Barley Science: Recent Advances from Molecular Biology to Agronomy of Yield and Quality*. The Harworth Press Inc., New York
- Walters, S.P., Russell, W.A., Lamkey, K.R., White, P.R. (1991) Performance and inbreeding depression between a synthetic and three improved populations of maize. *Crop Sci.* 31 (1): 80-83.
- Weber, W.E., Wricke, G. (1990) Genotype-environment interaction its implications in plant breeding. pp. 1-19. In: Kang, M.S. (eds.) *Genotype-by-environment interaction and plant breeding*, Louisiana State University Agricultural Center, Baton Rouge, Louisiana.
- Weyhrich, R.A., Lamkey, K.R., Hallauer, A.R. (1998) Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. *Crop Sci.* 38: 308-321.
- Wricke, G. (1964) Zur berechnung der ökovalenz bei sommerweizen und hafer. *Z. Pflanzzüchtg.* 52: 127-138.
- Yan, W. (2014) *Crop Variety Trials: Data Management and Analysis*. Wiley Blackwell
- Yan, W., Hunt, L.A. (1998) Genotype by environment interaction and crop yield. *Plant Breed. Rev.* 16: 135-178.

- Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q., Szlavnic, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Sci.* 40 (3): 597-605.
- Yan, W., Kang, M.S. (2003) GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL: 63-88.
- Yan, W., Kang, M.S., Ma, B., Woods, S., Cornelius, P.L. (2007) GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci.* 47: 643-655.
- Yan, W., Tinker, N.A. (2005) An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype-by-environment interactions. *Crop Sci.* 45: 1004-1016.
- Yates, F., Cochran, W.G. (1938) The analysis of groups of experiments. *J. Agric. Sci.* 28: 556–580.
- Ziyomo, C., Bernardo, R. (2013) Drought tolerance in maize: Indirect selection through secondary traits versus genomewide selection. *Crop Sci.* 53(4): 1269-1275.
- Zobel, R.W., Wright, M.J., Gauch, H.G. (1988) Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-393.
- Zorić, M. (2008) Analiza interakcije genotipa i spoljašnje sredine u oplemenjivanju kukuruza primenom multivarijacionih modela, Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Beogradu.
- Živanović, T. (1997) Uticaj rekombinacija gena na varijabilnost kvantitativnih osobina ZPSinEP populacije kukuruza (*Zea mays* L), Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Beograd-Zemun

9. Биографија

Душан Ж. Станисављевић рођен је 04. септембра 1980. год. у Земуну. Основну школу завршио је у Батајници, а гимназију природно-математичког смера у Земуну. Основне студије уписао је школске 2000/2001. године на Пољопривредном факултету Универзитета у Београду, смер ратарство. Дипломски рад одбранио је из предмета Оплемењивање биљака, 29. јуна 2005. год., са оценом 10. Наслов дипломског рада био је „Дескрипција савремених европских сорти пшенице”. Просечна оцена током основних студија износила је 8,58.

Докторске академске студије на модулу - Ратарство и повртарство уписао је школске 2008/2009. год. на Пољопривредном факултету, Универзитета у Београду. Све испите предвиђене планом и програмом докторских студија положио је са просечном оценом 9,63.

Од 15. јула 2006. до 08. фебруара 2007. год. био запослен у Институту за кукуруз „Земун Поље” у Земуну на одељењу за оплемењивање биљака. Од 12. фебруара 2007. год. запослен је као истраживач приправника на Институту за ратарство и повртарство у Новом Саду на Одељењу за кукуруз, где и сада ради. У звање истраживач сарадник изабран је 21.09.2010. год.

У току истраживачког рада био је ангажован на два пројекта Министарства за науку и технолошки развој Републике Србије: пројекта ТР 6897 под називом „Оплемењивање кукуруза на толерантност према стресним факторима” (2007-2008.год.) и ТР 20101 под називом „Стварање хибрида кукуруза толерантних према биотичким и абиотичким факторима стреса” (2008-2011.год.). Тренутно је ангажован на пројекту Министарства за просвету и науку Републике Србије ТР31073 „Унапређење производње кукуруза и сирка у условима стреса“ (2011-2014).

До сада је као аутор или коаутор објавио је 25 научних радова и саопшетења са научних скупова. Говори енглески и руски језик.

Прилог 1.

Изјава о ауторству

Потписани-а _____ Душан Ж. Станисављевић _____

Број индекса или пријаве докторске дисертације 08/59 _____

Изјављујем

да је докторска дисертација под насловом:

_____ Генетичка анализа и адаптабилност важнијих агрономских _____
_____ особина две групе полусродника кукуруза _____

- резултат сопственог истраживачког рада,
- да предложена докторска дисертација у целини ни у деловима није била предложена за добијање било које дипломе према студијским програмима других високошколских установа,
- да су резултати коректно наведени и
- да нисам кршио/ла ауторска права и користио/ла интелектуалну својину других лица.

Потпис докторанда

У Београду, 26.6.2014. _____

Прилог 2.

**Изјава о истоветности штампане и електронске
верзије докторске дисертације**

Име и презиме аутора _____ Душан Ж. Станисављевић _____

Број индекса или пријаве докторске дисертације 08/59 _____

Студијски програм Пољопривредне науке _____

Наслов докторске дисертације Генетичка анализа и адаптабилност важнијих
агрономских особина две групе полусродника кукуруза _____

Ментор Проф. др Гордана Шурлан-Момировић _____

Потписани/а _____ Душан Ж. Станисављевић _____

Изјављујем да је штампана верзија моје докторске дисертације истоветна електронској верзији коју сам предао/ла за објављивање на порталу **Дигиталног репозиторијума Универзитета у Београду**.

Дозвољавам да се објаве моји лични подаци везани за добијање академског звања доктора наука, као што су име и презиме, година и место рођења и датум одбране рада.

Ови лични подаци могу се објавити на мрежним страницама дигиталне библиотеке, у електронском каталогу и у публикацијама Универзитета у Београду.

Потпис докторанда

У Београду, 26.06.2014. _____

Прилог 3.

Изјава о коришћењу

Овлашћујем Универзитетску библиотеку „Светозар Марковић“ да у Дигитални репозиторијум Универзитета у Београду унесе моју докторску дисертацију под насловом:

Генетичка анализа и адаптабилност важнијих агрономских

особина две групе полусродника кукуруза

која је моје ауторско дело.

Дисертацију са свим прилозима предао/ла сам у електронском формату погодном за трајно архивирање.

Моју докторску дисертацију похрањену у Дигитални репозиторијум Универзитета у Београду могу да користе сви који поштују одредбе садржане у одабраном типу лиценце Креативне заједнице (Creative Commons) за коју сам се одлучио/ла.

1. Ауторство
2. Ауторство - некомерцијално
3. Ауторство – некомерцијално – без прераде
4. Ауторство – некомерцијално – делити под истим условима
5. Ауторство – без прераде
6. Ауторство – делити под истим условима

(Молимо да заокружите само једну од шест понуђених лиценци, кратак опис лиценци дат је на крају).

Потпис докторанда

У Београду, 26.06.2014.

1. Ауторство - Дозвољавате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце, чак и у комерцијалне сврхе. Ово је најслободнија од свих лиценци.

2. Ауторство – некомерцијално. Дозвољавате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела.

3. Ауторство - некомерцијално – без прераде. Дозвољавате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, без промена, преобликовања или употребе дела у свом делу, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела. У односу на све остале лиценце, овом лиценцом се ограничава највећи обим права коришћења дела.

4. Ауторство - некомерцијално – делити под истим условима. Дозвољавате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце и ако се прерада дистрибуира под истом или сличном лиценцом. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела и прерада.

5. Ауторство – без прераде. Дозвољавате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, без промена, преобликовања или употребе дела у свом делу, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца дозвољава комерцијалну употребу дела.

6. Ауторство - делити под истим условима. Дозвољавате умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце и ако се прерада дистрибуира под истом или сличном лиценцом. Ова лиценца дозвољава комерцијалну употребу дела и прерада. Слична је софтверским лиценцама, односно лиценцама отвореног кода.