



Genetička varijabilnost i korelaciona analiza za prinos zrna sintetičke populacije kukuruza NSA15

Dušan Stanisavljević · Sanja Treskić · Bojan Mitrović ·
Aleksandra Nastasić · Goran Bekavac · Mile Ivanović

primljeno / received: 20.04.2010. prihvaćeno / accepted: 10.05.2010.
© 2010 IFVC

Izvod: S_1 potomstva populacije uže genetičke osnove NSA15 nastale ukrštanjem inbred linija NS15 x NS61, testirana su istovremeno sa dva nesrodna inbred-testera: NS732 (ID genetičke osnove) i NS27 (BSSS osnove). Proizvedeno je po 40 parova HS potomstava, tako da svaki par ima zajedničku majčinsku komponentu (S_1 liniju). Porodice su posebno randomizirane i zasejane u dva nezavisna ogleda, po modelu nepotpunog blok dizajna, svaki u dva seta, sa dva ponavljanja u okviru seta i 20 HS familija u setu. Ogledi su izvedeni tokom 2008. (četiri lokaliteta) i 2009. (tri lokaliteta). Primenjena je standardna tehnologija gajenja. Veći prosečan prinos u većini kombinacija S_1 familija x tester ostvaren je sa linijom NS27. Oko 50% testiranih familija sa oba testera ostvarilo je veći prinos zrna od proseka odgovarajućih standarda. Heritabilnost za prinos zrna kod HS-1 potomstava nastalih ukrštanjem sa testerom NS732 bila je signifikantna ($h^2=0,519\pm 0,228$), dok je kod HS-2 potomstava nastalih ukrštanjem sa testerom NS27 zabeležena niža i nesignifikantna vrednost ($h^2=0,337\pm 0,231$). Genetička korelacija između dve grupe HS potomstava za prinos zrna je bila nesignifikantna ($r_g=0,309\pm 0,253$). Visoke vrednosti standardnih greški za heritabilnost i genetičku korelaciju uslovljene su najvećim delom driftom nastalim slučajnom koncentracijom rodnijih genotipova u II setu HS-2 ogleda. Na osnovu dobijenih rezultata za prinos zrna, inbred-tester NS27 je pokazao perspektivnije rezultate za budući oplemenjivački program sa populacijom NSA15.

Cljučne reči: genetičke korelacije, half-sib (HS), heritabilnost, kukuruz, tester, *Zea mays* L.

Uvod

Poznavanje korelacione povezanosti između različitih svojstava od velikog je značaja u primenjenim (oplemenjivačkim) i biološkim istraživanjima. Falconer (1981) navodi tri osnovna razloga za to: genetičku determinaciju korelacija, pre svega plejotropski efekat; uticaj promene jednog na nivo (istovremene) promene drugog karaktera; i najzad, značaj korelativnih odnosa metričkih svojstava i adaptivne vrednosti sa stanovišta prirodne selekcije.

U programima oplemenjivanja organizama, korelacionoj analizi je posvećena velika pažnja primenom različitih parametrijskih i neparametrijskih metoda. Od posebnog značaja su genetička (pre svega aditivna) i fenotipska korelacija između svojstava. Jačina korelacione veze (obično između osnovnog i pratećih svojstava) i heritabilnost ključni su parametri pri izboru početnog materijala, metoda selekcije i nivoa selekcionog intenziteta.

Kod kukuruza je prinos zrna, zbog ekonomskog značaja, najčešće korelirano svojstvo (u okviru populacije) sa komponentama prinosa, morfološkim i fiziološkim karakteristikama biljke. Korišćene su populacije uže ili šire genetičke osnove, kao i različiti tipovi potomstava (puni srodnici, FS; polusrodnici, HS; samooplodna potomstva, S_1 , S_2 ; Hallauer & Miranda 1988). Iako mogu biti od velikog praktičnog i teorijskog značaja, korelacije za jedno svojstvo (npr. prinos zrna) između različitih tipova potomstava, ili odgovarajućih familija u okviru istog potomstva (npr. HS) znatno se ređe sreću u literaturi.

Cilj ovog rada je bilo proučavanje varijabilnost i genetičke korelacije za prinos zrna između dve grupe polusrodnika (HS), potomaka populacije kukuruza uže genetičke osnove.

Materijal i metod rada

Za istraživanja u ovom radu korišćena je populacija kukuruza uže genetičke osnove NSA15, standardnog kvaliteta zrna, srednje kasne vegetacije (FAO grupe zrenja 700). Tokom 2005. izvršeno je ukrštanje dve inbred linije NS15 (nastala kombinacijom 25% materijala iz Južne Amerike i

D. Stanisavljević (✉) · S. Treskić · B. Mitrović · A. Nastasić · G. Bekavac · M. Ivanović
Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Maksima Gorkog 30, 21000 Novi Sad, Srbija
e-mail: dusan.stanisavljevic@ifvcns.ns.ac.rs

75% adaptiranih izvora, nesrodnih sa drugim heterotičnim grupama) i NS61 (Lancaster osnove). Samooplodnjom F_1 biljaka u zimskoj generaciji (2005/2006) dobijeno je seme F_2 generacije, od koga je proizvedeno oko 300 F_2 biljaka u 2006. na oglednom polju Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu. Metodom slučajnog izbora samooplođeno je 100 biljaka, a odabrano 50 klipova (biljaka) u berbi, koji su imali dovoljan broj zrna za setvu naredne godine. Tokom 2007. zasejano je svih 50 S_1 familija metodom klip na red. Po 15 slučajno odabranih biljaka od svake S_1 familije (majčinske komponente) ukršteno je sa svakim od dva međusobno i u odnosu na populaciju, genetički nesrodna testera - inbred linije NS 732 i NS 27 (očinske komponente). Linija NS732 (FAO grupa zrenja 500) pripada ID heterotičnoj grupi, dok je NS 27 (FAO grupa zrenja 500), BSSS osnove. Dve grupe HS potomstava, svaka sa 40 genotipova (familija), sa dovoljnom količinom izbalansiranog semena, formirane su tako da svaka S_1 familija bude istovremeno zastupljena (ukrštena) sa oba testera.

Poljski ogledi po modelu nepotpunog blok dizajna, sa ponavljanjima u okviru seta (Cochran & Cox 1957), posejani su tokom 2008. i 2009. na četiri lokaliteta: Rimski Šančevi, Srbobran, Sremska Mitrovica i Kikinda. Usled jake suše i neujednačenog nicanja i razvoja biljaka ogledi u Kikindi 2009. nisu korišćeni, tako da je analiza obuhvatila 7 lokaliteta (četiri u 2008. i tri u 2009). Za svaki tip HS potomstava postavljeni su nezavisni ogledi, sa dva seta (u svakom setu po 20 slučajno odabranih potomstava) i dva ponavljanja po setu. U okviru svakog oglada bila su zastupljena po četiri hibrida - standarda (dva inbred-testera x linije koje su formirale populaciju): NS732 x NS61, NS27 x NS61, NS732 x NS15 i NS27 x NS15. Standardi su korišćeni samo radi poređenja vrednosti proučavanih svojstava u odnosu na odgovarajuća testirana potomstva, te nisu uključeni u analizu i procenu genetičkih parametara. Površina elementarne parcele iznosila je 8,1 m² za svaki genotip (dva reda, svaki dužine 5,4 m), sa rastojanjem od 0,75 m između redova i 0,22 m između biljaka u redu. Gustina useva iznosila je 60.606 biljaka/ha. Setva i berba oglada (za procenu prinosa zrna) obavljena je mašinski. Primljena je uobičajena tehnologija gajenja, koja je prilagođena agroekološkim uslovima lokaliteta. Proučavan je veći broj svojstava biljke i klipa, ali su u radu prikazani samo rezultati za prinos zrna (t ha⁻¹ sa 14% vode).

Analiza i komponente varijanse, kovarijanse i heritabilnost (u širem smislu) nekompletnog blok dizajna urađena je na principu modela II (Hallauer

& Miranda 1988). Genetičke korelacije za prinos zrna između dve grupe HS familija izračunate su po standardnoj proceduri, iz odnosa genetičkih kovarijansi i varijansi (Falconer 1981). S obzirom da je randomizacija svake HS grupe (2 x 20 familija) bila međusobno nezavisna, analiza isključuje mogućnost procene komponenti fenotipskih varijansi, jer je njihova fenotipska kovarijansa jednaka genetičkoj kovarijansi (Bradshaw 1983).

Rezultati i diskusija

U tabeli 1. prikazan je prosečan prinos zrna (t ha⁻¹) dve grupe (HS-1 i HS-2) potomstava sa 7 lokaliteta (četiri u 2008. i tri u 2009). Na osnovu rezultata ANOVA-e (nisu prikazani u ovom radu) utvrđena je signifikantna razlika između setova kod HS-2 familija. Zbog toga su rezultati upoređivani za svaki set posebno, kod oba oglada, između prinosa familija i prosečnog prinosa odgovarajućih standarda. Kod HS-1 potomstava za poređenje je služio prosek hibrida NS732 x NS15 i NS732 x NS61, a za drugu grupu oglada (HS-2) korišćen je prosek standarda NS27 x NS15 i NS27 x NS61. Drugim rečima, standardi su odgovarali HS potomstvima prema izabranom testeru (NS732 ili NS27, kao majčinske komponente hibrida), dok su očinske linije u standardnim hibridima (NS15 i NS61) korišćene kao komponente pri stvaranju početne populacije.

Direktno poređenje prosečnih i pojedinačnih prinosa HS-1 i HS-2 grupe genotipova nije pouzdano zbog nezavisne randomizacije, iako se jasno uočavaju veće vrednosti za setove, standarde i većinu familija HS-2 grupe, posebno u drugom setu (Tab. 1). Dobijeni rezultati ukazuju da inbred-tester NS27 ima prednost u odnosu na NS732 za nastavak oplemenjivačkog programa sa navedenom populacijom (NSA15). Od ukupno 40 testiranih familija, 22 u HS-1 i, 19 u HS-2 (ili oko 50% po grupi), ostvarile su veći prinos (Tab. 1) u odnosu na odgovarajući prosek standarda. Istovremeno, 11 familija (27,5% od ukupno testiranih) pripada grupi najrodnijih sa oba testera (npr. S1 familije br. 5, 7, 8, itd.). Korišćenje elitnih linija kao testera svakako ima praktični značaj. Ipak, u hibridnim kombinacijama ove linije mogu izazvati maskirajući efekat (Ivanović et al. 1987), koji je utoliko veći ukoliko su performanse testera bolje (Smith 1986). Detekcija značajnog broja „zajedničkih“ (za HS-1 i HS-2 grupe) najrodnijih kombinacija, u konkretnom slučaju se samo delimično može objasniti maskirajućim efektom testera, tim pre što se radi o genetički nesrodnim linijama, čije F_1 potomstvo (NS732 x NS27) predstavlja hibrid sa

Tabela 1. Prosečan prinos zrna ($t\ ha^{-1}$) dve grupe HS potomstava NSA15 populacije kukuruza ($S_1 \times NS732 = HS-1$ i $S_1 \times NS27 = HS-2$)

Table 1. Average grain yield ($t\ ha^{-1}$) of two HS progeny groups of NSA15 maize population ($S_1 \times NS732 = HS-1$ i $S_1 \times NS27 = HS-2$)

Setovi Sets	S_1 familije (φ) S_1 families	Tester (♂)	
		NS732 (HS-1)	NS27 (HS-2)
I	1	11,10*	10,78
	2	10,90*	11,18
	3	10,78*	10,38
	4	9,74	10,82
	5	10,84*	11,26*
	6	11,27*	11,11
	7	11,58*	11,42*
	8	10,77*	11,60*
	9	9,88	10,78
	10	10,78*	10,97
	11	10,96*	10,54
	12	11,29*	11,22
	13	11,56*	10,48
	14	11,36*	10,04
	15	10,40	11,26*
	16	10,34	10,95
	17	10,36	10,70
	18	11,48*	11,58*
	19	11,17*	11,36*
	20	10,62	10,85
	Prosek seta Set mean	10,86	10,96
	Prosek standarda Mean values of checks	10,62	11,24
II	21	10,45	11,33*
	22	11,73*	12,10*
	23	10,72	11,32*
	24	10,87*	11,68*
	25	10,95*	11,74*
	26	10,71	11,11
	27	10,80	10,89
	28	11,42*	11,30
	29	10,44	11,33*
	30	10,45	11,38*
	31	10,94*	11,14
	32	11,06*	11,87*
	33	11,15*	12,27*
	34	10,34	11,39*
	35	10,58	11,16
	36	10,81	10,73
	37	10,76	11,71*
	38	10,53	11,51*
	39	10,24	11,44*
	40	10,89*	11,79*
	Prosek seta Set mean	10,79	11,46
	Prosek standarda Mean value of checks	10,84	11,30

* Prinos veći od proseka standarda
Yields higher than mean values of checks

Standardi za HS-1: NS732 x NS15
NS732 x NS61
za HS-2: NS27 x NS15
NS27 x NS61

Checks for HS-1: NS732 x NS15
NS732 x NS61
for HS-2: NS27 x NS15
NS27 x NS61

komercijalnim performansama, što podrazumeva i razlike u frekvenciji poželjnih alela između roditelja. Verovatno da respektujuću ulogu u objašnjenju navedenih rezultata igra i genetička struktura početne populacije (NSA15). Rekombinanti (S_1 familije) između pretežno „starijih“ Lancaster izvora i južnoameričkih tvrdunaca, donori su poželjnih alela za prinos zrna, komplementarni inbred linijama novijih ciklusa selekcija.

između ova dva tipa potomstava. Bekavac i sar. (2007) su ispitivali varijabilnost i međuzavisnost većeg broja agronomski značajnih svojstava kod dve sintetičke populacije kukuruza, koristeći S_1 i HS (inbred-tester) potomstva. Utvrđena je relativno visoka heritabilnost (u širem smislu) za većinu proučavanih svojstava, ali i niska genetička korelacija za prinos zrna između S_1 i HS potomstava.

Tabela 2. Genetička korelacija (r_g) i heritabilnost (h^2) za prinos zrna, HS potomstava NSA15 populacije kukuruza

Table 2. Genetic correlation (r_g) and heritability (h^2) for grain yield of HS progeny groups of NSA15 maize population

	HS-1	HS-2
Genetička varijansa (V_g) Genetic variance (V_g)	0,105	0,060
Heritabilnost (h^2) $\pm S_e$ Heritability (h^2) $\pm S_e$	0,519 \pm 0,228	0,377 \pm 0,231
Koeficijent varijacije (CV_g) Coefficient of variation (CV_g)	3,000	2,183
Genetička korelacija HS-1:HS-2 (r_g) $\pm S_e$ Genetic correlation HS-1:HS-2 (r_g) $\pm S_e$	0,309 \pm 0,253	

HS-1= S_1 x NS732

HS-2= S_1 x NS27

S_e = standardna greška/standard error

Maskirajući efekat dominantnih alela posebno može biti izražen kod korelacione analize (Smith 1986). Različita genetička struktura početne populacije (uže ili šire genetičke osnove) primenjeni metod selekcije, efektivna veličina populacije, genetički drift, kao i drugi faktori koji dovode do promene frekvencije alela, mogu drastično da menjaju genetičke korelacije između svojstava (Bohren et al. 1966, Falconer 1981).

Problem se dodatno komplikuje kod korelacija između različitih tipova familija (S_1 , S_2 , HS, FS). Ivanović et al. (1987) su utvrdili jače korelacione veze za prinos zrna kukuruza između familija u okviru populacije (S_1 , S_2 , FS) u odnosu na HS potomstva (inbred-tester), korelirana sa navedenim tipovima porodica. Ovaj zaključak odnosi se na ispitivane populacije, uže i šire genetičke osnove. Ovakve korelacione odnose autori objašnjavaju maskirajućim efektom inbred-testera (HS porodica). Korelirajući prinos zrna između S_1 i HS potomstava (u okviru populacije), Vančetović i sar. (2001) konstatuju da korelaciona povezanost zavisi od populacije (varira od 0,359 do 0,663), te predlažu naizmeničnu cikličnu selekciju (S_1 , HS), ali samo kod kompozita sa visokom korelacijom za prinos zrna

Dobijeni rezultati u ovom radu za heritabilnost prinosa zrna ($h^2=0,519$ za HS-1 i $h^2=0,377$ za HS-2) i genetičku korelaciju između dve grupe HS potomaka ($r_g=0,309$; Tab. 2) kreću se u granicama vrednosti većine rezultata koje navode Hallauer & Miranda (1988) i Srećkov et al. (2007). Signifikantna vrednost heritabilnosti utvrđena je samo za HS-1 potomstva, dok je kod HS-2 grupe heritabilnost nepouzdana ($0,377 < (2 \times 0,231)$). Relativno visoke standardne greške za heritabilnost i korelaciju posledica su svakako efekta drifta, koji uglavnom uzrokuju rezultati II seta kod HS-2 potomstava (veća koncentracija rodnijih genotipova u odnosu na I set). Homogenost životne sredine je manje verovatan uzrok, obzirom da je bilo 7 lokaliteta u dve godine ispitivanja (4+3), koji u velikoj meri mogu da izbalansiraju efekat sredine.

Zaključak

U radu je proučavan prinos zrna dve grupe HS potomstava (S_1 x inbred-tester) sintetičke populacije kukuruza uže genetičke osnove NSA15. Od ukupno 40 testiranih familija, 11 pripada grupi genotipova rodnijih od proseka odgovarajućih standarda u ukrštanju sa oba testera. Zbog

neizbalansirane distribucije genotipova između setova, vrednost genetičke korelacije za prinos zrna između dve grupe HS potomstava je bila ne-signifikantna, opterećena visokom standardnom greškom ($r_g = 0,309 \pm 0,253$).

Dobijeni rezultati u ovim istraživanjima pokazuju da početna populacija (genetički nesrodna sa drugim heterotičnim grupama) može biti donor poželjnih alela, komplementarnih, pre svega ID i BSSS genetičkoj osnovi.

Literatura

- Bekavac G, Purar B, Stojaković M, Jocković Đ, Ivanović M, Nastasić A (2007): Varijabilnost i međuzavisnost svojstava u sintetičkim populacijama kukuruza. Zbornik radova Instituta za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad 43: 103-113
- Bradshaw J E (1983): Estimating the predicted response to S_1 family selection. *Hered.* 51: 415-418
- Bohren B B, Hill W G, Robertson A (1966): Some observations on asymmetrical correlation responses. *Genet. Res.* 7: 44-57
- Cochran W G, Cox M G (1957): *Experimental designs*. 2nd ed. John Wiley and Sons, Inc., New York
- Falconer D S (1981): *Introduction to quantitative genetics*. 2nd ed. Longman, New York, USA
- 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 populations of maize (*Zea mays* L.). *Genet.* 19: 37-45
- Hallauer A R, Miranda J B (1988): *Quantitative genetics in maize breeding*. 2nd ed. Iowa State Univ. Press. Ames
- Smith O S (1986): Covariance between line per se and testcross performance. *Crop Sci.* 26: 540-543
- Srećkov Z, Bočanski J, Ivanović M (2007): Genetic and phenotypic correlations between oil content and morphological traits in high oil maize population NSU. *Genet.* 39: 103-112
- Vančetović J, Rošulj M, Pajić Z (2001): Genetičke korelacije za važnija agronomska svojstva između S1 i HS familija u dva kompozita kukuruza (*Zea mays* L.). *Sel. Semen.* 8: 57-61

Genetic Variability and Correlation Analysis for Grain Yield of a Narrow Base Synthetic Maize Population NSA15

Dušan Stanisavljević · Sanja Treskić · Bojan Mitrović ·
Aleksandra Nastasić · Goran Bekavac · Mile Ivanović

Institute of Field and Vegetable Crops, Maksima Gorkog 30, 21000 Novi Sad, Serbia

Summary: S_1 progenies of a narrow base maize population NSA15 unrelated to other heterotic sources, derived from a cross of NS15 x NS61 inbred lines, were tested simultaneously with two unrelated inbred-testers: NS732 (ID genetic background) and NS27 (BSSS background). Forty pairs of each HS progenies were made in such a manner that every pair has female parent (S_1 line) in common. The families were separately randomised and planted in two trials, using incomplete block design, in two sets each with two replications per set and 20 HS families within a set. In each set, four hybrid checks, which represent a combination of tester lines and component lines of the populations, were planted. The trials were carried out during 2008 (at four locations) and 2009 (at three locations). The standard crop management practices were applied. Higher average yield in most combinations of S_1 families x tester were obtained with NS27 line. Approximately 50% of families tested with both testers achieved grain yield higher than average value of the corresponding checks. Heritability for grain yield of HS-1 progeny group (NS732) was significant ($h^2=0.519\pm 0.228$), whereas HS-2 progeny group (NS27) had lower and insignificant heritability ($h^2=0.337\pm 0.231$). At the same time, genetic correlation between two groups of HS progenies for grain yield was also insignificant ($r_g=0.309\pm 0.253$). High values of standard errors for heritability and genetic correlation were mainly caused by drift due to random concentration of more productive genotypes in the set II of the HS-2 trial. The results for grain yield indicated that NS27 inbred-tester is of a greater value for further breeding programme with the population NSA15.

Key words: genetic correlations, half-sib (HS), heritability, maize, tester, *Zea mays* L.