



Vizuelna ocena fenotipa po UPOV deskriptoru i srodnost linija kukuruza

Vojka Babić • Milosav Babić • Milomir Filipović • Nenad Delić • Božana Purar

primljeno / received: 03.12.2010. prerađeno / revised: 14.04.2011. prihvaćeno / accepted: 25.05.2011.
© 2011 IFVC

Izvod: Informacije o međusobnim odnosima oplemenjivačkog materijala i genetičke udaljenosti raspoložive germplazme su značajne za odluku o načinu korišćenja u oplemenjivačkim programima. Za dato istraživanje je po principima UPOV deskriptora uzet fenotipski opis 28 linija koje su roditeljske komponente 20 ZP hibrida kukuruza, poznatog pedigrea, iz jedne godine i dva ponavljanja. Urađena je klaster analiza sa ciljem da se utvrdi da li se može iskoristiti fenotipska karakterizacija genotipova po principima UPOV deskriptora za definisanje homogenih grupa po srodnosti i koliko su rezultati u saglasnosti sa poznatim informacijama o pedigreu ispitivanog materijala. Klaster analiza (Ward method) je dala najbolje slaganje sa informacijama o pedigreu ispitivanih linija kukuruza, pa su ti rezultati korišćeni za korespondencionu analizu.

Ključne reči: fenotip, klaster, korespondenciona analiza, linije kukuruza

Uvod

U cilju zaštite prava oplemenjivača UPOV (International Union for the Protection of New Varieties of Plants) preporučuje da se ocenjuju 34 osobine genotipova kukuruza. Da bi se obezbedila pravilna upotreba svojstava u DUS (Distinctness, Uniformity and Stability) testiranju važno je da se razumeju različiti načini ekspresije svojstava. Kvalitativna svojstva su ona koja se ispoljavaju u malom broju diskontinuiranih formi (pol biljke, boja cveta, oblik ploda i sl.). Kvantitativna svojstva su ona koja pokazuju kontinuiranu varijabilnost. Rang ekspresije, u cilju deskripcije, deli se u određen broj stadijuma koji su rangirani i nose određenu ocenu (UPOV/TG/1/3). Do ocene se može doći na više načina: merenjem grupe biljaka, merenjem pojedinačnih biljaka, vizuelnom ocenom pojedinačnih biljaka i vizuelnom ocenom grupe biljaka (UPOV/DATA/BEI/04/5). Veliki broj autora (Smit & Smit 1989, Dillmann et al. 1997, Roldan-Ruiz et al. 2001) smatra da su morfološki podaci, nastali obimnim merenjima većeg broja biljaka, nepouzdati zato što su ispitivane karakteristike najčešće pod uticajem nepoznatog mehanizma genetičke kontrole, a takođe su pod velikim uticajem spoljašnje sredine. Morfološke osobine se tradicio-

nalno koriste u deskripciji i taj će se trend sigurno nastaviti u agronomskim istraživanjima. Kvalitet deskriptora se može povećati prikupljanjem podataka iz više ponavljanja i više godina, odbacivanjem osobina koje su pod jakim uticajem spoljašnje sredine, kao i onih osobina koje su u visokoj međusobnoj korelaciji. Poređenje morfoloških opisa koji su rađeni u različitim lokacijama ili različitim godinama nije uvek ispravno (Smith & Smith 1989).

Organizacija germplazme u genetički divergentne grupe od ključne je važnosti za optimalno iskorišćenje fenomena heterozisa. Ovo je posebno važno prilikom stvaranja hibridnih sorti, gde je definisanje i iskorišćavanje heterozisa važno za krajnji ishod oplemenjivanja, ali se može primeniti i za oplemenjivanje klonova i slobodno-oprašujućih sorti i sintetika. Pri tome se nameću dva važna pitanja: (1) koliko su udaljene linije iz istih i različitih heterotičnih grupa i (2) koji kriterijumi i biometrijski metodi u zadovoljavajućoj meri omogućuju grupisanje germplazme (Melchinger 1999).

Pojava recesivnih homozigotnih alela u elitnom selekcionom materijalu kukuruza u mnogome otežava karakterizaciju istog upotrebom morfoloških markera. Homozigotni recesivni aleli daju prepoznatljive fenotipske ekstreme, međutim frekvencija pojavljivanja ovih alela u elitnom selekcionom materijalu je relativno niska (Lee 1989). Danas se molekularni markeri smatraju najkvalitetnijim alatom u genetičkim istraživanjima, pre svega zbog mogućnosti da razlikuju genotipove na DNA nivou i u situacijama kada su veoma uske genetičke osnove. Dodatna prednost molekularnih markera je što su pod malim

V. Babić (✉) • M. Babić • M. Filipović • N. Delić
Institut za kukuruz Zemun Polje, Slobodana Bajića 1, 11085 Zemun-
Beograd, Srbija
e-mail: vbabic@mrizp.rs

B. Purar
Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Maksima Gorkog 30, 21000 Novi
Sad, Srbija

uticajem spoljašnje sredine. DNK analizom se najčešće pokriva samo mali deo genoma, dok pedigree podaci i podaci o heterozisu obezbeđuju procenu genetičke srodnosti uslovljenu većim brojem lokusa. Međutim, nepreciznost ovog pristupa zasniva se na korišćenju pretpostavke o jednakoj distribuciji gena oba roditelja koji formiraju F_1 (Kempthorne 1969, Delannay et al. 1983). Podaci o heterozisu između inbred linija, za različite osobine, su u velikoj saglasnosti sa očekivanim heterozisom na osnovu empirijskih podataka o pedigreu. Stoga se heterozis generalno smatra indikatorom genetičkih odnosa, barem u okvirima relativno ograničenog ranga germplazme, kakav je najčešće slučaj sa elitnim oplemenjivačkim materijalom (Moll et al. 1965).

Klaster analiza ima mnogo kvaliteta koji je čine atraktivnom za oplemenjivače biljaka, ali ima i neke nedostatke. Grupe formirane u klaster analizi nisu uvek jedinstvene i njihova kompozicija može da se menja uvođenjem novih individua u analizu. Predložen je veliki broj metoda grupisanja, pa je klaster analiza kritikovana i zbog toga što je kvalitet izbora različitih opcija teško proveriti (Bull & Hogarth 1990). Takođe, dendrogrami prikazuju podatke u vidu diskretnih grupa čak i onda ako postoji kontinuirana varijabilnost u podacima. U tom slučaju se malo toga može zaključiti o odnosima genotipova koji se nalaze unutar istog klastera, kao i kolika je međusobna udaljenost jedinica posmatranja koje se nalaze u različitim klasterima. Korespondencijska analiza je komplementarna klaster analizi. Na osnovu teorije se očekuje da su dobijeni rezultati korespondencijske analize u saglasnosti sa rezultatima klaster analize, ali je u prednosti što ima mogućnost da rezultate predstavlja na grafikonima u obliku kontinuirane varijabilnosti. Takođe ima sličnosti sa PCA (Principal Component Analysis) analizom, ali je fleksibilnija u smislu da je dizajnirana pre za kategorijske nego za kontinuirane promenljive (Greenacre & Hastie 1987).

Cilj rada je bio da se ispita koliko informacije dobijene vizuelnom ocenom grupe biljaka mogu biti realan pokazatelj genetičkih odnosa ispitivanih linija kukuruza. Stoga su za rad odabrane elitne komercijalne linije poznatog pedigreea. Pošlo se od nekoliko pretpostavki: (1) linije kukuruza su nastale kroz proces samooplodnje i stoga su homozigotne u visokom procentu, pa je vizuelna ocena grupe biljaka dovoljno pouzdana, (2) iako su određene osobine po svojoj suštini kvantitativne nije ih moguće meriti (intenzitet antocijanske obojenosti različitih delova biljke) već samo dati ocenu stepena ekspresije svojstva u poređenju sa kontrolnim varijetetom, (3) neke druge osobine (visina i sl.) je moguće meriti, ali se pretpostavilo da će se zbog uticaja faktora sredine veća preciznost postići ukoliko se degradira

merna skala na ordinarni nivo merenja (rang u poređenju sa kontrolnim varijetetom), i (4) daleko je jeftinije i brže ocenjivati ekspresiju nekog svojstva svrstavanjem posmatranog genotipa u određenu kategoriju nego vršiti obimna merenja većeg broja biljaka u više ponavljanja i spoljnih sredina, a onda vršiti poređenja sa standardom ili kontrolnim varijetetom za to svojstvo. Postojanje baze podataka o fenotipskim ocenama po principima UPOV deskriptora omogućava i poređenje genotipova koji su ispitivani u različitim vremenskim periodima.

Materijal i metod

Za istraživanje je odabrano 28 elitnih linija kukuruza poznatog pedigreea koje predstavljaju roditeljske komponente 20 hibrida stvorenih u Institutu za kukuruz - Zemun Polje (Tab. 1). Ogled je postavljen u Zemun Polju u uslovima navodnjavanja. Linije su sejane u 2 reda po 10 biljaka u redu i dva ponavljanja. Fenotipski opis je rađen po UPOV deskriptoru vizuelnom ocenom grupe biljaka. U UPOV deskriptoru jasno su definisana svojstva koja se ocenjuju, stadijumi razvoja biljke u kojima se ocenjuju pojedina svojstva, kao i reper varijeteti za stepen ekspresije svojstava. Jedan broj reper varijeteta je posejan istovremeno sa ispitivanim linijama. Prisustvo reper varijeteta, kao i deskriptora sa fotografijama u boji, u mnogome je doprinelo kvalitetu ocenjivanja linija kukuruza. Na osnovu urađene deskripcije sprovedena je klaster analiza sa ciljem da se utvrdi da li se može iskoristiti fenotipska karakterizacija po UPOV deskriptoru za definisanje homogenih grupa po srodnosti, koliko su rezultati u saglasnosti sa poznatim informacijama o pedigreu ispitivanog materijala i da li distance dobijene na osnovu ocena fenotipa mogu biti eventualni indikator heterozisa. Upotrebljen je kvadrat euklidskog rastojanja kao mera različitosti. Urađena je klaster analiza Wards metod grupisanja. Upotrebljeno je 30 karakteristika: prisustvo antocijana na rukavcu prvog lista, oblik vrha prvog lista, ugao stabla i prvog lista iznad klipa, položaj lista iznad klipa, antocijan na osnovi pleve, antocijan na plevama bez osnove, antocijan na svežim anterama, gustina plevica, ugao glavne i bočnih grana metlice, položaj bočnih grana, broj primarnih bočnih grana, intenzitet antocijana na svili, stepen cik-caka stabla, antocijan na vazдушnim korenovima, antocijan na rukavcu lista, dužina glavne ose metlice od najniže bočne grane, dužina glavne ose metlice iznad najviše bočne grane, dužina bočnih grana, visina biljke, odnos visine biljke i visine klipa, širina lista, dužina drške klipa, dužina klipa, prečnik klipa, oblik klipa, broj redova zrna, tip zrna, boja na vrhu zrna, boja u osnovi zrna, intenzitet antocijanske obojenosti koćanke.

Rezultati klaster analiza (Wardsov metod) su predstavljeni dendrogramom. Matrica distanci dobijena u klaster analizi korišćena je za korendencionu analizu. Rezultati korespondencione analize predstavljeni su grafikonom. Podaci su obrađeni u programu SPSS 15.0 for Windows Evaluation Version.

Rezultati i diskusija

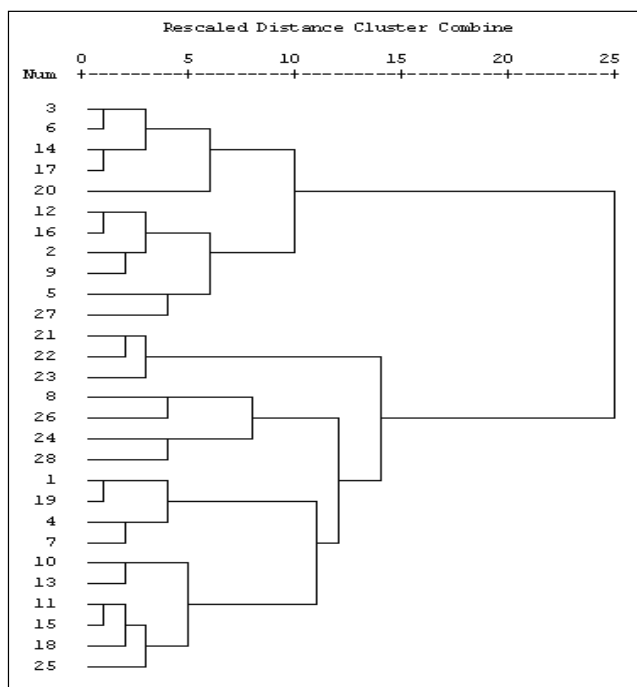
Rezultati klaster analize (Wards metod) su u visokoj saglasnosti sa pedigreom ispitivanih linija (Sl. 1). Ispitivane linije su se grupisale u dva velika klastera. U prvom klasteru (A) nalaze se linije čiste Lancaster osnove (L3, L6, L14, L17, L16, L2, L5, L27), jedna linija (L20) Iowa dent osnove, jedna linija nastala iz ukrštanja linije Lancaster osnove i linije domaćeg porekla (L12) i linije L9 nastale iz pionirovog hibrida Pr 3110. U drugom klasteru (B) nalaze se linije BSSS (Stiff Stalk Synthetic) osnove (L21, L22, L23, L26, L28, L19, L4, L7, L10, L13, L11, L15, L18, L25), jedna linija (L8) koja u sebi sadrži 50% egzotične germplazme poreklom iz populacije argentinskog tvrduca, 25% germplazme iz populacije Pečkog zubana i 25% germplazme Lancaster osnove. Tu su i dve Iowa dent linije (L1, L24). Interesantno je takođe istaći da linija L9 na

osnovu površnog morfološkog izgleda biljke i klipa više liči na linije BSSS osnove, a rezultati testiranja i ove analize svrstale su je u klaster sa linijama Lancaster osnove. Obrnuta je situacija sa linijom L8. Grupisanje ispitivanih linija je u saglasnosti sa informacijama o pedigreu. Roditeljske komponente 18 od 20 posmatranih hibrida grupisale su se u različite klasterne, a sve je u saglasnosti sa pedigreom ispitivanih linija. Ono što je takođe interesantno je da su se linije Iowa dent osnove grupisale jedna sa Lancaster, a druge dve sa BSSS linijama. Praksa je potvrdila da linije iz ove heterotične grupe daju hibride i sa linijama Lancaster i BSSS osnove.

Rezultati klaster analize predstavljeni dendrogramom svrstavaju ispitivane linije u diskretne grupe, klasterne, iako između njih postoji kontinuirana varijabilnost. Na osnovu dendrograma ne može se mnogo zaključiti o odnosima linija unutar i između klastera. Recimo, na osnovu datog dendrograma (Sl. 1) ništa ne možemo zaključiti o međusobnom odnosu ili fenotipskoj sličnosti linija L6 i L23 ili L8 i L20. Iako genotipovi pripadaju istim klasterima, postoje manje ili veće razlike/sličnosti između njih, kao i manje ili veće razlike/sličnosti između pripadnika različitih klastera. Predložen je i veliki broj metoda grupisanja čiji kvalitet nije uvek lako proveriti, zato je pri tumačenju rezultata klaster analize od velikog

Tabela 1. Formule hibrida ispitivanih linija kukuruza
Table 1. Hybrids of the examined maize inbred lines

Hibrid Hybrid	Formula hibrida Hybrid formula
ZP-1	ZPL19 x ZPL3
ZP-2	ZPL25 x ZPL17
ZP-3	ZPL23 x ZPL6
ZP-4	ZPL23 x ZPL3
ZP-5	ZPL10 x ZPL5
ZP-6	ZPL6 x ZPL1
ZP-7	ZPL13 x ZPL2
ZP-8	ZPL5 x ZPL4
ZP-9	ZPL5 x ZPL7
ZP-10	ZPL9 x ZPL8
ZP-11	ZPL12 x ZPL10
ZP-12	ZPL15 x ZPL14
ZP-13	ZPL1 x ZPL16
ZP-14	ZPL18 x ZPL17
ZP-15	ZPL22 x ZPL17
ZP-16	ZPL21 x ZPL20
ZP-17	ZPL21 x ZPL24
ZP-18	ZPL14 x ZPL26
ZP-19	ZPL26 x ZPL27
ZP-20	ZPL28 x ZPL22



Slika 1. Dendrogram klaster analize fenotipskih distanci ispitivanih linija kukuruza

Figure 1. Dendrogram of cluster analysis for phenotype distances of the examined maize lines

Tabela 2. Matrica fenotipskih distanci ispitivanih linija kukuruza
Table 2. Phenotypic distance matrix of the maize inbreds

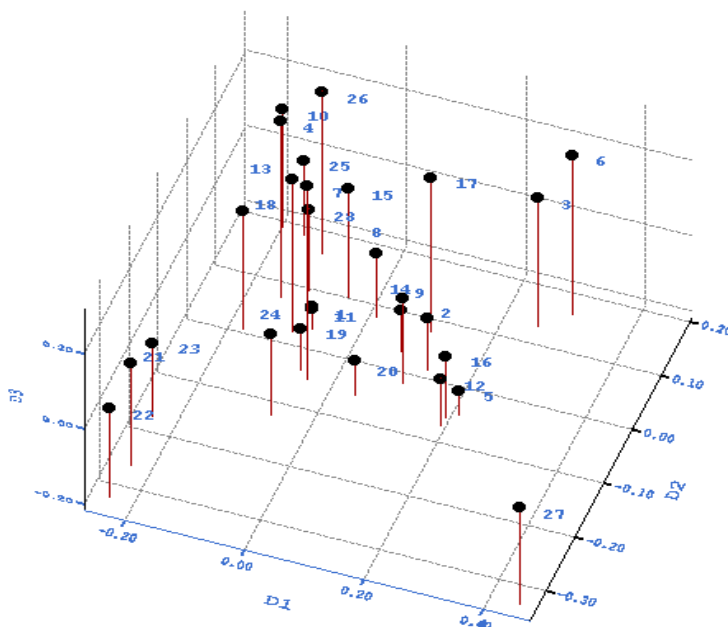
Linije Lines	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	L14	L15	L16	L17	L18	L19	L20	L21	L22	L23	L24	L25	L26	L27	L28								
L1	0																																			
L2	130	0																																		
L3	127	117	0																																	
L4	100	178	189	0																																
L5	148	140	99	160	0																															
L6	164	112	27	200	108	0																														
L7	111	137	128	69	103	127	0																													
L8	156	68	165	204	204	142	147	0																												
L9	140	66	125	230	144	112	157	140	0																											
L10	133	145	214	123	229	187	128	157	157	0																										
L11	119	141	130	151	139	131	82	143	111	116	0																									
L12	176	66	143	164	128	114	109	152	92	179	157	0																								
L13	116	120	151	108	120	152	79	158	116	63	63	130	0																							
L14	113	91	84	113	93	67	46	135	95	122	86	69	75	0																						
L15	171	111	168	205	191	145	126	137	89	104	36	127	89	138	0																					
L16	138	62	103	158	88	90	93	146	80	183	111	40	118	65	103	0																				
L17	135	79	56	141	111	47	80	111	89	144	90	89	99	34	110	83	0																			
L18	79	143	158	131	145	179	92	139	123	130	46	171	71	120	84	143	134	0																		
L19	45	113	96	81	131	163	66	137	129	148	120	137	107	80	168	119	104	92	0																	
L20	104	144	107	208	152	118	133	192	98	159	139	184	114	119	183	146	121	127	133	0																
L21	179	165	256	165	199	275	100	179	171	208	144	149	115	152	174	153	184	98	128	181	0															
L22	175	201	264	205	207	283	92	203	183	200	124	185	131	160	162	181	188	114	128	161	68	0														
L23	136	164	219	178	206	254	131	198	132	165	133	188	98	165	173	176	161	101	135	124	73	97	0													
L24	188	188	221	228	208	198	143	160	152	257	191	212	190	143	225	206	151	143	145	152	159	191	182	0												
L25	140	168	157	114	182	174	109	202	140	123	71	196	78	95	91	180	103	83	133	184	199	207	156	202	0											
L26	199	125	206	203	201	193	150	113	161	186	94	185	117	116	98	173	124	118	168	241	164	220	201	209	107	0										
L27	236	130	175	260	112	172	155	230	142	315	209	98	192	133	213	72	167	243	183	190	203	195	234	226	282	265	0									
L28	145	153	160	151	187	163	120	149	155	168	126	185	127	108	158	161	110	114	110	187	144	236	153	121	135	128	265	0								
prosek l.	141	128	151	164	153	152	112	158	131	165	119	142	115	103	138	125	113	123	124	152	162	176	160	185	149	165	196	153								
opšta dist.	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141	141								
razlika	0	-13	10	23	12	11	-29	17	-10	24	-22	1	-26	-38	-3	-16	-28	-18	-17	11	21	35	19	44	8	24	55	14								

značaja iskustvo analitičara u kontekstu cilja istraživanja. Korespondenciona analiza je analogna klaster analizi, s tim da ima mogućnost predstavljanja rezultata u obliku kontinuirane varijabilnosti. Podaci o morfološkim distancama ispitivanih linija, dobijeni u klaster analizi, upotrebljeni su za korespondencionu analizu. Prve tri dimenzije korespondencione analize obuhvatile su 38%, 22% i 11% inercije („varijanse“) respektivno. Distance ispitivanih linija su se kretale od 27 do 315. Prosečna distanca je iznosila 141. Kako su u istraživanje uključene roditeljske linije 20 hibrida, njihove distance su se kretale od 96 do 265 sa prosekom od 165. Dva hibrida čije linije nisu ispoljile velike međusobne distance i daleko su ispod proseka (96 za hibrid ZP-1 (L19 x L3) i 103 za hibrid ZP-2 (L25 x L17)) nisu prošla testiranja Sortne komisije, dok su se hibridi ZP-3 (L23 x L6) i ZP-4 (L23 x L3) pokazali izuzetno dobro i bili zapaženi već u prvoj godini testiranja. Distance između njihovih roditeljskih linija su iznosile 254 i 219, što je daleko iznad proseka. Poznata kombinacija linija Mo17 (L5) i B73 (L10) takođe ima veliku fenotipsku distancu (229). Izračunata su odstupanja prosečnih distanci pojedinačnih linija od opšteg proseka. Uočava se da određene linije (L4, L10, L21, L22, L24, L26 i L27) imaju velika odstupanja (23, 24, 21, 35, 44, 24 i 55 respektivno) svojih prosečnih distanci od opšte sredine, na osnovu čega se može pretpostaviti da su ove linije dobri testeri, što je dobrim delom već potvrđeno u praksi (Tab. 2).

Fenotipske distance u obliku kontinuirane varijabilnosti (Sl. 2) daju jednu kompletniju sliku međusob-

nih odnosa ispitivanih linija kukuruza. Linija L8, koja sadrži egzotičnu germplazmu i linija L20, Iowa dent osnove nalaze se u prostoru između linija BSSS osnove (levo) i linija Lancaster osnove (desno). Praksa je pokazala da ove linije daju hibride sa linijama obe heterotične grupe. Takođe se uočava jasno izdvajanje linija L21, L22 i L23 koje su veoma srodne. U stvaranju ovih linija učestvovao je jedan zajednički roditelj koji u sebi ima egzotičnu germ plazmu. Na grafikonu se uočava izdvajanje linije L27 Lancaster osnove sa najvećom prosečnom distancom. Takođe se uočava jasno izdvajanje linija L3 i L6 Lancaster osnove od ostalih linija iste heterotične grupe. Iz prakse je poznato da su ove, inače srodne linije, dobri testeri i u kombinaciji sa opozitnom heterotičnom grupom najčešće daju dobre hibride. Ove linije su komponente komercijalnih hibrida ZP-434 i ZP-341.

Razvoj informacionih tehnologija omogućio je jednostavnu primenu metoda multivarijacione analize (Ruiz & Alvarez 2001). Ukoliko se u bazi podataka nalazi fenotipska karakterizacija selekcionog materijala po principima UPOV deskriptora, jednostavnim skriningom željenih osobina, uz primenu neke od metoda multivarijacionih analiza mogu se dobiti važne informacije. U oplemenjivanju biljaka ovakve informacije mogu biti korisne za jasniju deskripciju postojećih heterotičnih grupa, kao i za grupisanje linija nepoznatog genetičkog porekla i time definisanje poželjnog testera. Zbog sužavanja genetičke varijabilnosti i potrebe ubacivanja nove egzotične germ plazme u dosta korišćene i adaptirane heterotične grupe, ova procedura bi bila korisna



Slika 2. Grafikon korespondencione analize fenotipskih sličnosti ispitivanih linija kukuruza
Figure 2. Graph of correspondence analysis for phenotype similarities of the examined maize lines

i za odabir genotipova za zasnivanje F_2 populacija. Takođe, u slučajevima kada se unosi neko poželjno svojstvo ili otpornost na sušu ili bolesti iz materijala nepoznatog porekla, važno je izvršiti ukrštanja sa istom ili najrodnijom heterotičnom grupom da bi se zadržao što veći broj poželjnih svojstava, a očuvala kombinacione sposobnosti (Babić i sar. 2008).

Zaključak

Selekcioneri su često u dilemi kako proveriti kombinacionu vrednost linije u procesu selekcije, odnosno koji tester ili koje testere je najbolje uzeti u slučaju kada se testira linija dobijena iz hibrida čija je genetička konstitucija nepoznata ili u slučaju linije nastale ukrštanjem roditelja iz različitih heterotičnih grupa. Vizuelnim ocenama se često zamera na subjektivnosti ocenjivača. Međutim, one mogu biti od koristi za oplemenjivače biljaka posebno kada se radi sa obimnim materijalom ili sa materijalom o kojem se malo zna. Rezultati ovog rada pokazuju da se može upotrebiti fenotipska karakterizacija linija kukuruza vizuelnom ocenom grupe biljaka po UPOV deskriptoru za definisanje homogenih grupa po srodnosti. Dobijeni rezultati su u visokoj saglasnosti sa poznatim informacijama o poreklu i nekim iskustvima iz prakse. Izdvojene su linije (L4, L10, L21, L22, L24, L26 i L27) koje su ispoljile najveća odstupanja prosečnih distanci od opšteg proseka. U praksi je potvrđeno da su ove linije dobri testeri. Iako je u ovom radu utvrđeno da su dobijeni izuzetno dobri hibridi iz ukrštanja linija sa velikom morfološkom distancom ZP-3 (L23 x L6) i ZP-4 (L23 x L3) dodatna sistematska istraživanja u ovom pravcu su potrebna da bi se sa većom sigurnošću moglo tvrditi da fenotipska distanca može biti i pouzdan indikator heterozisa.

Literatura

- Babić V, Babić M, Filipović M, Delić N, Anđelković V (2008): Fenotipska karakterizacija i srodnost linija kukuruza. *Genetika* 40: 227-236
- Bull JK, Hogarth DM (1990): The implications of Genotype x Environment interactions for evaluation of sugarcane families. Genotype-by-environment interaction and plant breeding. Louisiana State University Agricultural Center LA 70803-2110, USA, 52-68
- Delannay X, Rodgers DM, Palmer RG (1983): Relative Genetic Contributions Among Ancestral Lines to North American Soybean Cultivars. *Crop Sci.* 23: 944-949
- Dillmann C, Bar-Hen A, Guerin D, Charcosset A, Murigneux A (1997): Comparison of RFLP and morphological distances between maize *Zea mays* L. Inbred lines. Consequences for germplasm protection purposes. *Theor. Appl. Genet* 95: 92-102
- Greenacre M, Hastie T (1987) The Geometric Interpretation of Correspondence Analysis. *J. Amer. Assoc.* 82: 437-447
- Kempthorne O (1969) An introduction to Genetic Statistics. Iowa State University Press
- Lee EA (1989): Molecular marker analysis of Iowa Stiff Stalk Synthetic maize populations. M.S. thesis. Iowa State University, Ames
- Melchinger AE (1999): Genetic diversity and heterosis. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crop. ASA-CSSA-SSSA, Madison, USA, 99-117
- Moll RH, Lonnquist JH, Vélez Fortuno J, Johnson EC (1965): The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. *Genetics* 52: 139-144
- Roldan-Ruiz I, van Eeuwijk FA, Gilliland TJ, Dubreuil P, Dillmann C, Lalleman J, De Loose M, Baril CP (2001): Comparative study of molecular and morphological methods of describing relationship between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. *Theor. Appl. Genet* 103: 1138-1150
- Ruiz JI de Galarreta, Alvarez A (2001): Morphological classification of maize landraces from northern Spain. *Genet. Resour. Crop Evol.* 48: 391-400
- Smith JSC, Smith OS (1989): The description and assessment of distances between inbred lines of maize: I the use of morphological traits as descriptors. *Maydica* 34: 141-150
- UPOV, TG/1/3 (2002): General introduction to the examination of Distinctness, Uniformity and Stability and the development of Harmonized Descriptions of new Varieties of Plants
- UPOV, UPOV/DATA/BEI/04/5 (2004): Outlier detection and data validation

Visual Assessment of Phenotype by UPOV Descriptor and Relatedness of Maize Lines

Vojka Babić¹ • Milosav Babić¹ • Milomir Filipović¹ • Nenad Delić¹ • Božana Purar²

¹Maize Research Institute Zemun Polje, Slobodana Bajića 1, 11085 Zemun-Belgrade, Serbia

²Institute of Field and Vegetable Crops, Maksima Gorkog 30, 21000 Novi Sad, Serbia

Summary: The information on inter-relations of breeding material and genetic distinctness of available germplasm is important for deciding on the usage mode in breeding programmes. For the given research, phenotype description according to principles of UPOV descriptors was taken from 28 maize lines that are parental components of 20 ZP maize hybrids of known pedigree, from one year and two repetitions. Cluster analysis was conducted in order to establish whether the phenotype characterization of genotypes can be used for defining homogenous groups by relatedness, and to what extent the results are in accordance with the known information on the examined material's pedigree. The cluster analysis, Ward method, based on Squared Euclidian Distance, provided the best concordance with the information on the pedigree of the examined maize lines, so those results are presented in this paper and used for correspondence analysis.

Keywords: cluster, correspondence analysis, maize lines, phenotype