

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ
ПОЉОПРИВРЕДНИ ФАКУЛТЕТ

Бојан М. Митровић

ГЕНЕТИЧКА ВАРИЈАБИЛНОСТ И
МУЛТИВАРИЈАЦИОНА АНАЛИЗА
ВАЖНИЈИХ АГРОНОМСКИХ ОСОБИНА
ПОПУЛАЦИЈЕ КУКУРУЗА УСКЕ
ГЕНЕТИЧКЕ ОСНОВЕ

Докторска дисертација

Београд, 2013.

UNIVERSITY OF BELGRADE
FACULTY OF AGRICULTURE

Bojan M. Mitrović

GENETIC VARIABILITY AND
MULTIVARIATE ANALYSIS OF
IMPORTANT AGRONOMIC TRAITS OF A
GENETICALLY NARROW-BASED MAIZE
POPULATION

Doctorial Dissertation

Belgrade, 2013.

УНИВЕРЗИТЕТ У БЕОГРАДУ
ПОЉОПРИВРЕДНИ ФАКУЛТЕТ

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

Чланови комисије:

1. Др Славен Продановић, редовни професор Пољопривредног факултета, Универзитета у Београду

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

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

4. Др Милисав Стојаковић, научни саветник Института за ратарство и повртарство, Нови Сад

Датум одбране: _____

Најискреније се захваљујем проф. др Милету Ивановићу на несебично пруженој помоћи приликом израде дисертације.

Велику захвалност дугујем и свом ментору на Институту за ратарство и повртарство, др Милицаву Стојаковићу, на великој подршци и разумевању.

Ментору, проф. др Гордани Шурлан-Момировић, захваљујем на многобројним корисним саветима и сугестијама пруженим приликом израде дисертације.

Захваљујем се и члановима оплемењивачке групе бр. 2, Одељења за кукуруз, Института за ратарство и повртарство, за велику помоћ при реализацији експерименталног дела дисертације.

Посебно се захваљујем својој породици.

Бојан Митровић

Генетичка варијабилност и мултиваријациона анализа важнијих агрономских особина популације кукуруза уске генетичке основе

Бојан М. Митровић

Сажетак: У раду је проучавана генетичка варијабилност важнијих агрономских особина две полусродничке популације кукуруза стандардним статистичким методама и методама мултиваријационе анализе. За проучавање је одабрана популација кукуруза уске генетичке основе НС2Б, чија су S_2 потомства укрштена са сваком од два међусобно, и у односу на популацију генетички несродна тестера (очинске компоненте). Након укрштања добијене су две популације полусродника са по 40 генотипова у свакој. Огледи су постављени по моделу непотпуног блок дизајна са понављањима у оквиру сета у току 2009, 2010. и 2011. године на три локалитета; Римски Шанчеви, Србобран и Бачки Петровац. Анализиране су све важније агрономске особине. На основу добијених података израчунате су просечне вредности, показатељи варијабилности, генетичке корелације. Посебна пажња посвећена је анализи стабилности испитиваних генотипова, односно утицају изабраног тестера на стабилност генотипова унутар популације. За процену стабилности коришћена су два метода; метод преко непараметријских показатеља стабилности добијених на основу рангирања генотипова у спољашњим срединама и метод *GGE* биplot анализе. Прва група потомства остварила је више просечне вредности за већину испитиваних особина у односу на другу групу чиме је дата предност првом тестеру (26НС) у односу на други (72НС) за даљи рад са популацијом. Вредности показатеља варијабилности нису се сигнификантно разликовале између потомства и биле су уобичајене за полусроднички (*HS*) тип популације. Генетичке корелације између приноса зрна и других агрономских особина углавном су биле слабе и несигнификантне. Јаке сигнификантне позитивне корелације установљене су између појединих агрономских особина код обе групе потомства. Мултиваријационом методом Генотип-особина биplot анализе установљене су корелације у великој мери сагласне са израчунатим корелацијама преко одговарајућих варијанси и коваријанси. На основу вредности непараметријских показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ између прве и друге групе потомства нису установљене сигнификантне разлике у стабилности. Обе методе за процену стабилности издвојиле су сличне генотипове са становишта приноса и стабилности. Два генотипа показали су се као најперспективнији за даљи наставак селекције са било којим од два коришћена тестера што указује да се у њима налази највећи број пожељних алела. Остали издвојени генотипови се такође могу сматрати перспективним али у комбинацији са њима одговарајућим тестером.

Кључне речи: кукуруз, мултиваријациона анализа, стабилност, принос зрна.

UNIVERSITY OF BELGRADE
FACULTY OF AGRICULTURE
SCIENTIFIC FIELD: Biotechnical Sciences
SPECIAL TOPIC: Genetics and Breeding
Doctorial Dissertation,
Submitted in 2013

UDC: 633.15:631.527(043.3)

Genetic variability and multivariate analysis of important agronomic traits of a genetically narrow-based maize population

Bojan M. Mitrović

Abstract: This study investigated the genetic variability of important agronomic traits of two half-sib maize populations using standard statistical methods and multivariate analysis methods. The population chosen for the study was NS2B, a genetically narrow-based maize population, whose S_2 progenies were crossed with two testers (male parents), genetically unrelated to each other and to the population. Two half-sib populations each containing 40 genotypes were obtained by the crossing. The trials were established using the incomplete block design with replications within a set during 2009, 2010 and 2011 in three locations - Rimski Šančevi, Srbobran and Bački Petrovac. All important agronomic traits were analysed. The obtained data was used to calculate the average values, measures of variability and genetic correlations. The stability of genotypes, i.e. the effect of the tester on the genotype stability within the population was also investigated. Two methods were used for this purpose - the method using non-parametric indicators of stability based on genotype ranking and GGE biplot analysis method. The first progeny group had higher average values for most traits than the second group, favouring the first tester (26NS) for the further population improvement. The measures of variability had not significantly different values between the progenies and were usual for a half-sib population type. Genetic correlations between the grain yield and other agronomic traits were mostly weak and not significant. Strong significant positive correlations were found between some traits for both progeny groups. The correlations obtained by multivariate method Genotype-trait biplot analysis are to great extent in accordance with calculated correlations obtained by corresponding variances and covariances. Non-parametric stability indicators $S_i^{(1)}$ and $S_i^{(2)}$ between the first and the second progeny group did not show significant differences. Both methods for stability estimation identified similar genotypes in terms of yield and stability. Two genotypes proved to be most promising for further selection with both testers, suggesting that they might have the greatest number of favourable alleles. The other selected genotypes can also be promising when combined with their corresponding tester.

Keywords: maize, multivariate analysis, stability, grain yield.

Садржај

1. УВОД.....	1
2. ЦИЉ ИСТРАЖИВАЊА.....	3
3. ПРЕГЛЕД ЛИТЕРАТУРЕ.....	4
3.1. Педигре метод селекције кукуруза.....	4
3.2. Рано тестирање инбред линија кукуруза и избор тестера.....	5
3.3. Корелациони односи између особина.....	7
3.4. Интеракција генотип-спољашња средина.....	9
3.5. Адаптабилност и стабилност.....	11
3.6. Модели за процену интеракције.....	13
4. РАДНА ХИПОТЕЗА.....	20
5. МАТЕРИЈАЛ И МЕТОД.....	21
5.1. Материјал.....	21
5.2. Пољски огледи.....	21
5.3. Статистичка анализа.....	22
5.4. Метеоролошки показатељи.....	27
6. РЕЗУЛТАТИ ИСТРАЖИВАЊА И ДИСКУСИЈА.....	30
6.1. Просечне вредности приноса зрна и осталих агрономских особина две групе потомства кукуруза.....	30
6.2. Анализа варијансе приноса зрна и агрономских особина две групе потомства кукуруза.....	33
6.3. Показатељи варијабилности за принос зрна и агрономске особине две групе потомства кукуруза.....	36
6.4. Корелациони односи између приноса зрна и агрономских особина две групе потомства кукуруза.....	40
6.5. Интеракција генотип-спољашња средина и стабилност приноса зрна две групе потомства кукуруза.....	46
7. ЗАКЉУЧАК.....	64
8. ЛИТЕРАТУРА.....	66
9. БИОГРАФИЈА.....	77

1. Увод

Хибридни кукуруз, као доминантни облик гајеног кукуруза у свету, настао је почетком 20. века у истраживањима хетерозиса и инбридинга вођених од стране *G.H. Shull*-а (1908, 1909) и *E.M. East*-а (1909). Метод „инбридинг-хибридизација“, као нови начин производње семена кукуруза, подразумевао је самооплодњу појединачних биљака и стварање инбред линија, а затим укрштање инбред линија и добијање хибрида приноснијих од оба родитеља. То је допринело разрешењу феномена хетерозиса, а теоријске основе производње хибридног семена остале су непромењене до данас.

Иако истраживања *Shull*-а у почетку нису наишла на одобравање, пре свега због производње мале количине хибридног семена, овај проблем је превазиђен предлозима *Jones*-а (1918) да једноструки хибриди постану родитељске компоненте, односно да се у производњу уведу четворoliniјски хибриди. Међутим, интензивном селекцијом дошло је до поправки линија *per se* што је омогућило да у производњу буду уведени приноснији и униформнији једноструки хибриди (*Lee and Tracy*, 2009).

Први извори за добијање инбред линија биле су локалне популације и популације слободне оплодње. Данас, у највећем броју комерцијалних оплемењивачких програма, као извори за добијање елитних инбред линија користе се популације уске генетичке основе, добијене из укрштања елитних инбред линија које припадају истој хетеротичној групи. Овакав приступ познат је под називом педигре метод селекције и један је од најчешће коришћених метода у оплемењивању кукуруза.

Да би се проценила вредност новоствореног потомства неопходно је иститати њихово понашање у хибридним комбинацијама. У том случају потребно је донети две важне одлуке: на ком нивоу инбридинга вршити тестирање у циљу процене њихових комбинационих способности и коју врсту тестера у ту сврху одабрати. У највећем броју случајева тестирање се врши у раним генерацијама инбридинга, а као тестери се користе елитне инбред линије супротних

хетеротичних група које омогућавају идентификацију најбољих парова укрштања (Hallauer, 1990).

Идентификација високо приносних и стабилних генотипова један је од водећих изазова у свим оплемењивачким програмима. Правилна процена је често веома отежана услед присуства интеракције генотип-спољашња средина. Интеракција генотип-спољашња средина је присутна када фенотипске перформансе генотипова варирају у различитим спољашњим срединама, односно када су реакције генотипова различите у зависности од спољашње средине (Malosetti et al., 2013). Један од начина да се елиминишу негативне последице интеракције је да се применом поузданих статистичких модела издвоје стабилни, високо приносни генотипови, који позитивно реагују на побољшање услова у којима се гаје. Овај концепт познат је као динамички концепт стабилности и широко је прихваћен у комерцијалним оплемењивачким програмима.

2. Циљ истраживања

Циљ ових истраживања је да се испита генетичка варијабилност важнијих агрономских особина две полусродничке популације кукуруза. Затим, да се установи појединачан или заједнички утицај агрономских особина на принос зрна и на тај начин дефинишу даљи правци селекције. Међусобни односи између особина биће анализирани и методом мултиваријационе анализе.

Непараметријским и мултиваријационим методама испитаће се и интеракција генотип-спољашња средина. Анализа интеракције треба да омогући издвајање појединачних генотипова који су показали највећу стабилност и потенцијал за принос зрна у различитим условима гајења.

Поред тога, резултати ових истраживања треба да пруже информације који од два коришћена тестера има предност у односу на други за даљи рад са популацијом и да ли избор тестера утиче на стабилност приноса две групе потомства.

3. Преглед литературе

3.1. Педигре метод селекције кукуруза

Стварање инбред линија системом самооплодње и процена њихових вредности у хибридним комбинацијама чини основу свих оплемењивачких програма кукуруза (*Hallauer et al.*, 1988). Оплемењивање кукуруза засновано на инбридинг-хибридизацији утемељено је почетком 20. века, а као почетни материјал за стварање инбред линија коришћене су искључиво сорте и популације слободне оплодње. Након што је створен велики број инбред линија које су се одликовале повољним карактеристикама, вероватноћа да се из истих извора добију нове линије, боље од постојећих, нагло је опала (*Jenkins*, 1978). Поред тога, ни једна од линија створених на овај начин није задовољавала све критеријуме у потпуности, посебно по питању особина као што су стабилност приноса, комбинационе способности, отпорност према инсектима и др. Иако се радило о елитним линијама, поједине њихове особине је требало унапредити. Следећи логичан корак био је укрштање елитних линија које се међусобно допуњују у одређеним особинама, а затим издвајање нових линија из генерације раздвајања (F_2) које поседују пожељне особине од оба родитеља (*Hallauer*, 1990). Најчешће коришћени метод оплемењивања кукуруза је педигре метод селекције. Он подразумева детаљно познавање селекционог материјала, избор родитеља за укрштање који поседују жељене особине и чување детаљних информација о потомствима и њиховој повезаности (*Troyer*, 2001). Назив „педигре метод селекције“ користи се када је у питању било који тип популације у процесу самооплодње или селекције, али се углавном везује за селекцију из F_2 популација добијених укрштањем елитних хомозиготних родитеља (*Hallauer and Carena* 2009).

Према *Vauman*-у (1981), најчешће коришћене популације за стварање инбред линија су управо F_2 популације. Највећи број новостворених елитних линија створен је краткорочним програмима селекције уз коришћење популација уске генетичке основе. Претпоставља се да ови извори имају већу фреквенцију пожељних алела него сорте, локалне популације и синтетичке популације широке генетичке основе. На тај начин повећава се вероватноћа за добијање елитних

инбред линија у најкраћем року захваљујући добијању трансгресивних комбинација које превазилазе своје родитеље (Živanović, 1997). Према Duvick et al., (2004) највећи број инбред линија које су обележиле еру хибридног кукуруза добијене су педигре методом селекције. Исти аутори наводе да је већина хибридног кукуруза у САД заснована на генетичкој основи свега неколико јавних, широко распрострањених инбред линија (B14, B37, B73, Mo17, Oh43).

У случају педигре метода селекције, избор родитељских компоненти за укрштање је од највећег значаја. Од њега ће зависити генетичка конституција изворне популације а самим тим и вероватноћа издвајања супериорних инбред линија. Да би се олакшао избор родитељских компоненти, неопходно је познавање карактеристика линија односно њихових перформанси у хибридним комбинацијама, њихових слабости и предности у односу на друге линије и сл. (Trifunović et al., 2003). Smith et al., (1996) истичу да једино линије које поседују високу оплемењивачку вредност и друге особине од интереса треба да буду реселекционисане у оплемењивачким програмима. Такође, избор родитеља требало би да омогући да се они међусобно допуњују и на тај начин елиминишу евентуалне слабости у одређеним особинама од интереса. Избор родитељских компоненти (углавном елитних линија) за стварање F_2 популација зависи од циљева оплемењивања, фазе у којој се оплемењивачки програм налази и доступности оплемењивачког материјала (Hallauer et al., 1988).

Основни принцип педигре метода селекције подразумева укрштање инбред линија које припадају истој хетеротичној групи. Линије из других хетеротичних група користе се као тестери за избор најбољег потомства из датог укрштања. На овај начин омогућено је истовремено повећање и адитивних и неадитивних генетичких ефеката што резултира повећањем генетичке добити (Lee and Tracy, 2009).

3.2. Рано тестирање инбред линија кукуруза и избор тестера

Процена вредности новостворених инбред линија може се извршити на основу њихових перформанси *per se* и на основу понашања у тест укрштањима. На самим почецима савременог оплемењивања кукуруза тестирање инбред линија

вршено је тек када оне постигну висок степен хомозиготности. *Jenkins* (1935) и *Sprague* (1939, 1946) предложили су метод раног тестирања инбред линија. *Jenkins* (1935) је испитивао топ-крос укрштања већег броја линија *Lancaster* и *Iodent* извора у различитим фазама инбридинга ($S_1 - S_8$, изузев S_7). Варијанса између приноса инбред линија била је сигнификантно већа него варијанса интеракције линија и генерације инбридинга што је довело до закључка да линије показују разлике у раним фазама инбридинга. То је оправдало метод раног тестирања и одбацивања линија које нису постигле одговарајуће резултате у овим укрштањима. *Sprague* (1946) тестирао је 167 S_0 биљака *BSSS*-а са четворолинијским хибридом *Iowa 13*. Између потомства су установљене високо сигнификантне разлике у висини приноса. Одабраних 10% потомства је самооплођено и као S_1 генерација поново укрштено са истим тестером. Њихов принос одговарао је приносу тест укрштања њихових одабраних родитеља. Корелације између S_0 и S_1 биљака износиле су 0,85. *Bauman* (1981) процењује да се у САД у 18% оплемењивачких програма тестирање врши у S_2 генерацији, 33% у S_3 , 9% у S_4 , и 9% у генерацијама каснијим од S_5 . Поборници раног тестирања сматрају да је најзначајније у ранијим фазама утврдити који генотипови су најприноснији и њих пажљиво одржавати кроз самооплодњу до постизања пуне хомозиготности. У овом случају перформансе генотипова *per se* имају мањи значај. Насупрот томе, постоје мишљења да се потенцијал за принос мења као последица сегрегације гена у процесу стварања инбред линија те да се у каснијим фазама, када је већи број локуса фиксиран, добијају прецизнији резултати тестирања (*Troyer*, 2001). *Bernardo* (1991) налази да је ефикасност раног тестирања ограничена углавном негенетичким ефектима и да у таквим случајевима постоји могућност одбацивања линија које могу бити генетички супериорније у потпуној хомозиготности. Ипак, највећи број оплемењивача прави компромис између раног тестирања и тестирања у каснијим фазама самооплодње. *Hallauer* (1990) сматра да моменат тестирања није одлучујући фактор у стварању елитних линија и као пример наводи да су неке од најпознатијих инбред линија добијене методом раног тестирања (В14, В37, В73, В84), а неке методом тестирања у каснијим фазама самооплодње (Oh43, С103).

Без обзира да ли се ради о раном тестирању или тестирању у каснијим фазама самооплодње, избор тестера има кључну улогу у оцени комбинационих способности испитиваних линија. Постоји више врста тестера који могу бити класификовани на следећи начин: тестери уске или широке генетичке основе, тестери који у генетичком смислу немају везе или су повезани са линијама које се тестирају, тестери са већим или мањим бројем пожељних алела и тестери који имају висок или низак потенцијал за принос *per se* (Rissi and Hallauer, 1991). Дobar тестер за процену вредности инбред линија по дефиницији треба да на што прецизнији начин класификује и раздваја линије у зависности од њиховог понашања у укрштањима (Rawlings and Thompson, 1962; Hallauer 1990; Li et al., 2007). За оцену општих комбинационих способности испитиваног потомства већи значај имају тестери са нижом фреквенцијом пожељних алела без обзира што је вероватноћа проналажења најбоље хибридне комбинације мања. У том случају, за проналажење најбољег потомства, рецесивне хомозиготне линије и популације са ниском фреквенцијом пожељних алела представљају најбољи избор тестера (Smith, 1986; Allison and Cunrow, 1966; Hallauer, 1990). Међутим, у краткорочним оплемењивачким програмима, чији је циљ стварање хибрида намењених тржишту у најкраћем временском року, као тестери се користе углавном елитне линије (Hallauer, 1990). Елитне линије, као тестери са високом фреквенцијом пожељних алела, омогућавају идентификацију најбољих парова укрштања односно потомства са најбољим посебним комбинационим способностима (Guimaraes et al., 2012). За разлику од ранијих година, када није постојао концепт хетеротичних група, данас се као тестери користе углавном елитне линије које припадају супротној хетеротичној групи него потомства која се тестирају (Hallauer and Carena, 2009). У истраживањима која су предмет ове докторске дисертације, испитивана потомства припадају BSSS хетеротичној групи док су као тестери коришћене елитне линије које припадају Iodent односно Lancaster хетеротичној групи.

3.3. Корелациони односи између особина

Обзиром да се оплемењивање биљака врши истовремено на већи број особина, веома је значајно утврдити степен њихове међузависности. Генетичке, а

посебно адитивне корелације имају велики значај у селекцији, јер указују на степен сагласности између особина условљен адитивном, односно селекционом вредношћу индивидуа, као и на правац промена проучаваних особина под утицајем селекције (*Hallauer and Miranda*, 1988). Као главни узроци постојања корелација истичу се дејство плејотропних и присуство везаних гена (*Falconer*, 1989). Принос, као најкомплекснија особина, је под великим утицајем спољашње средине, а карактерише га и ниска вредност коефицијената херитабилности. Према *Robinson et al.*, (1951), селекција на поједине особине које имају високу херитабилност даје боље резултате него селекција на сам принос.

Променом једне особине оплемењивањем, мењају се и остале особине у зависности од јачине коефицијената корелационе везе са посматраном особином. Због тога је веома важно познавати степен међузависности појединих особина да у процесу оплемењивања не би дошло до нарушавања других корелационих односа који могу бити значајни. Зато се препоручује паралелна селекција на две или више особина са акцентом на принос зрна. Треба истаћи да коефицијенти корелације нису константни и да се мењају под различитим условима гајења.

На основу бројних истраживања, *Hallauer and Miranda*, (1988) закључују да се најјаче корелационе везе јављају између приноса и дубине зрна (0,510). Средње јаке корелационе везе установљене су између приноса зрна и висине биљке до клипа (0,310), броја клипова по биљци (0,430), дужине клипа (0,380), пречника клипа (0,410) и броја зрна у реду (0,450). Слабе корелационе везе присутне су између приноса зрна и висине биљке (0,260), пречника окласка (0,100), броја редова зрна (0,240), масе зрна (0,250) и времена цветања (0,140).

Alvi et al., (2003) установили су најјаче генетичке корелационе везе између приноса зрна са једне стране и дужине клипа и броја зрна у реду са друге. Јаке корелационе везе утврђене су и између приноса и висине биљке, висине биљке до клипа, масе 1000 зрна, броја редова зрна и пречника клипа. *Gautam et al.*, (1999) налазе јаке корелационе везе између приноса зрна и броја зрна у реду, површине листа, висине биљке, дужине метлице и дужине клипа. *Khatun et al.*, (1999) установили су да је принос зрна у јакој и сигнификантној корелационој вези са масом 1000 зрна, бројем зрна на клипу, обимом и дужином клипа.

3.4. Интеракција генотип – спољашња средина

Опемењивачи биљака се годинама уназад сусрећу са појавом да одређене сорте или хибриди исказују различите перформансе када се гаје у већем броју спољашњих средина. Термин спољашња средина односи се на разлике у погледу услова производње било да се ради о различитим локалитетима, различитим годинама на истом локалитету или комбинацији година и локалитета. Ако неки генотип показује добре перформансе у једној спољашњој средини, не подразумева се да ће се тако понашати и у осталим срединама у којима се гаји. Стога, за већину опемењивачких програма мулти-локацијски огледи имају велики значај. Мулти-локацијски огледи за принос подразумевају тестирање већег броја генотипова у различитим спољашњим срединама и једни су од најчешће извођених експеримената у пољопривреди (*Gauch, 2006*). На овај начин добијају се веома корисне информације о томе како одређена сорта или хибрид реагује на различите услове спољашње средине (*Yan et al., 2001*). Подаци из овакве врсте огледа имају за циљ: i) да омогуће прецизну процену перформанси генотипа на основу експерименталних података, ii) да испитају стабилност и модел понашања генотипа у различитим спољашњим срединама и iii) да омогуће што поузданији избор „најбољег“ генотипа за гајење у наредним годинама и у новим срединама (*Crossa, 1990*).

Већина агрономских, економски значајних особина су квантитативне по природи и исказују интеракцију генотип-спољашња средина. Експресија квантитативних особина је условљена ефектом генотипа, спољашње средине и њиховом међусобном интеракцијом, која се јавља као резултат одговора на промене у спољашњој средини (*Becker and Leon, 1988; Kang, 1998*). Игнорисање присуства интеракције може бити веома проблематично када је она сигнификантна и када је њен ефекат већи од ефекта генотипа што је чест случај у огледима за принос (*Gauch and Zobel, 1996*). Присуство интеракције компликује процес селекције и смањује међузависност фенотипских и генотипских вредности чиме се успорава напредак селекције (*Comstock and Moll, 1963*). Интеракција генотип-спољашња средина има негативан утицај на коефицијенте херитабилности особина што умногоме отежава њихово побољшање. Уколико је

коефицијент херитабилности особине мањи, веће су тешкоће у поправци те особине процесом селекције (Yan and Kang, 2003). Постоји више видова интеракције у зависности од начина понашања генотипова у различитим срединама. Интеракција може бити неунакрсна (*non crossover*), када је ранг генотипова константан на свим локалитетима и унакрсна (*crossover*), када се рангови разликују од локалитета до локалитета. Peto (1982) ове две форме интеракције дефинише као квалитативну интеракцију (са изменом ранга) и квантитативну интеракцију (апсолутне разлике између генотипова). Cornelius et al., (1993) наводи да већи практични значај има унакрсна од неунакрсне интеракције. У случају када је присутна унакрсна интеракција, постоје три могуће манифестације исте; унакрсна интеракција првог реда (измена ранга генотипова унутар спољашњих средина) или $Gx(E)$, унакрсна интеракција другог реда (измена ранга спољашњих средина унутар генотипова) или $Ex(G)$ и истовремено присуство и $Gx(E)$ и $Ex(G)$ (Truberg and Hühn, 2000).

Када је интеракција генотип-спољашња средина присутна, већину истраживача занимају узроци који су довели до њене појаве, а све у циљу што прецизније процене перформанси генотипова у различитим срединама. Разлози за појаву интеракције могу бити многобројни. Weber and Wricke, (1990); Kang and Gauch, (1996) сматрају да су то: i) велика варијабилност морфо-физиолошких особина генотипова, које утичу на отпорност на стрес и ii) различитост средина за вероватноћу дешавања различитих стресова, што је одређено климатским, земљишним, биотичким и агротехничким факторима. Поједини аутори сматрају да је за анализу интеракције од великог значаја познавање фактора спољашње средине који је узрокују (Federer and Scully, 1993). Annicchiarico, (2002) наводи да истовремено познавање информација о климатским, земљишним, биотским или агрономским факторима спољашње средине и информација о морфо-физиолошким особинама генотипова може допринети утврђивању узрока интеракције, давању значаја формирању субрегиона и примени резултата на нове регионе, повећању броја статистичких модела у анализи података и идентификацији адаптивних особина са оценом њиховог потенцијала у индиректној селекцији. Према Prado et al., (2001), постоји три основна начина да се смање негативни ефекти интеракције а то су: препорука генотипова

специфичних за сваку спољашњу средину, рејонизација производног подручја и идентификација генотипова са већом фенотипском стабилношћу.

3.5. Адаптабилност и стабилност

Појам адаптабилност представља способност одређеног генотипа да оствари стабилан и висок принос у различитим условима спољашње средине (*Finley and Wilkinson, 1963*), док појам стабилност приноса у агрономском смислу представља способност генотипа да увек постигне уједначен принос без обзира на деловање услова спољашње средине (*Becker, 1981*). Често се сматра се да се оплемењивање на широку адаптабилност и високу стабилност приноса може вршити истовремено. Међутим, неки аутори концепт стабилности везују за неизмењено понашање генотипа у времену док појам адаптабилност више везују за простор. С`обзиром да је понашање генотипова у простору предвидиво а у времену непредвидиво, адаптабилност представља одговор на предвидиве а стабилност на непредвидиве услове средине (*Lin and Binns, 1988; Barah et al., 1981*).

Са становишта адаптабилности, оплемењивање биљака може ићи у два основна правца: оплемењивање на широку адаптабилност, чији је циљ стварање генотипова који ће бити погодни за гајење у широком подручју и оплемењивање на специфичну адаптабилност, која подразумева да ће генотипови бити погодни за гајење у одређеним спољашњим срединама унутар циљног подручја. Најчешћи случај је да генотипови широке адаптабилности имају нижи принос, док они са високим приносом показују уску адаптабилност (*Borojević, 1981; Babić, 2011*). Према *Borojeviću* (1981), коришћењем оба типа адаптабилности могу се боље искористити различити агроколошки и агротехнички услови и на тај начин смањити негативан утицај интеракције сорте и средине. Оплемењивачи биљака често су супротстављени са произвођачима по питању адаптабилности и стабилности сорте. Док је за произвођача од највећег значаја да сорта постиже високе и стабилне приносе на његовом локалитету из године у годину, односно да показује малу интеракцију генотип \times година, циљ оплемењивача је да створе сорту која ће постизати високе приносе на ширем подручју гајења, односно показивати малу интеракцију генотип \times локалитет. Један од начина да се постигне

компромис и задовоље интереси и произвођача и оплемењивача јесте подела подручја гајења неке културе на рејоне на основу географских, климатских и земљишних услова који их карактеришу и препорука одређених сората за сваки рејон посебно (Babić, 2011). Eskridge, (1990) (цитат према Piepho, 1996) сматра да у условима када постоји довољно финансијских средстава и економска оправданост за оплемењивање у датој спољашњој средини већи значај има принос него адаптабилност генотипа. Међутим, када се генотипови стварају за гајење у већем броју спољашњих средина, тада је много значајнија адаптабилност генотипа у свим срединама него висина приноса у појединим.

До сада су у оквиру пољопривредних истраживања развијени различити концепти и дефиниције стабилности који се примењују у оплемењивачким програмима и у евалуацији мулти-локацијских огледа (Lin et al., 1986; Becker and Leon, 1988; Westcott, 1986; Piepho, 1996).

Becker and Leon, (1988) разликују два концепта стабилности: i) статички концепт према коме перформансе генотипа остају непромењене без обзира на варијансу спољашње средине. То значи да је варијанса генотипа кроз спољашње средине нула. Овај концепт стабилности познат је и као биолошки концепт и није пожељан у пољопривредној производњи и ii) динамички концепт који подразумева да је генотип стабилан ако у свакој спољашњој средини његове перформансе одговарају процењеним односно предикционим вредностима. Процењене или предикционе вредности и стварне перформансе генотипа треба да се подударају. Овај концепт назван је агрономски концепт. Према биолошком концепту стабилности, генотип не реагује ефикасно на побољшане услове гајења јер се ради о генотиповима прилагођеним ширем производном подручју. Овакви генотипови не омогућавају интензивну производњу и имају нижи генетички потенцијал. Насупрот томе, према агрономском концепту стабилности, генотипови повољно реагују на побољшане услове гајења и омогућавају производњу у интензивним условима (Dimitrijević i Petrović, 2000).

Lin et al., (1986) разликују три типа стабилности: i) генотип се сматра стабилним ако је његова варијанса кроз спољашње средине мала, ii) генотип се сматра стабилним ако је његов одговор кроз спољашње средине паралелан

одговору просечне вредности свих генотипова у тесту и iii) генотип се сматра стабилним ако је средина квадрата (MS) одступања од регресије мала. Исти аутори предлажу четири групе статистичких модела за оцену претходно наведених типова стабилности: група А – заснована је на одступању од просечног ефекта генотипа, група Б – заснована је на интеракцији генотип-спољашња средина и групе Ц и Д – засноване или на одступању од просечног ефекта генотипа или на интеракцији генотип-спољашња средина. Група А се односи на први тип стабилности, групе Б и Ц на други тип док се група Д односи на трећи тип стабилности. *Lin and Binns*, (1988) предлажу и четврти тип стабилности заснован на предвидивој и непредвидивој негенетичкој варијанси. Предвидива компонента варијансе односи се на локалитете а непредвидива на године. За предвидиви део варијансе препоручују регресиони приступ, док као меру непредвидивог дела варијансе предлажу средину квадрата година \times локалитет за сваки генотип.

3.6. Модел за процену интеракције

Подаци из мулти-локацијских огледа су изразито комплексне природе и обухватају три основна аспекта: систематско варирање, несистематско варирање (шум) и однос између генотипова, спољашњих средина као и генотипова и спољашњих средина посматраних истовремено. Основна улога експерименталног дизајна и статистичких модела је да у што већој мери елиминишу необјашњиву варијабилност - шум који је присутан у подацима (*Crossa*, 1990). До сада су развијене бројне статистичке методе за објашњење интеракције које могу бити засноване на анализи варијансе, линеарној регресији, нелинеарној анализи, мултиваријационој анализи, биплот анализи, као и на методама непараметријске статистике (*Balestre et al.*, 2009).

Анализа варијансе представља један од најчешће употребљаваних модела за процену интеракције генотип-спољашња средина. Анализом варијансе, укупна варијабилност огледа дели се на више извора варирања као што су: варирање унутар ефеката генотипа, варирање унутар ефеката спољашње средине и варирање унутар ефеката интеракције. Основни недостатак анализе варијансе је тај што као адитивни модел не пружа довољно информација о индивидуалним

генотиповима или локалитетима који доводе до интеракције, него нам само пружа увид да ли је интеракција сигнификантна или не (*Samonte et al.*, 2005). Такође, често се дешава да се, услед великог броја степени слободе, интеракција појављује као несигнификантан извор варијације иако обухвата велики део варијабилности укупне суме квадрата (*Crossa*, 1990).

Wricke, (1962) предлаже употребу ековаленце (W_i) као мере стабилности генотипа. Ековаленца представља допринос појединачног генотипа укупној интеракцији. Генотип се сматра стабилнијим уколико има мању вредност (W_i), односно већу ековаленцу. *Shukla*, (1972) уводи у употребу варијансу стабилности генотипа (S_i^2) која представља варијансу генотипа кроз спољашње средине након уклањања ефекта просека спољашњих средина. Према овоме, генотип се сматра стабилним ако је варијанса стабилности једнака варијанси спољашње средине односно једнака нули. *Lin and Binns*, (1994) се залажу за меру супериорности генотипа (P_i) која се израчунава као просек квадрата разлика између учинка тест генотипа и максималног учинка испитиваног генотипа у свакој од средина. Ниска вредност овог параметра указује на релативно високу стабилност генотипа. *Francis and Kannenberg*, (1978) предлажу графички приказ коефицијента варијације насупрот средњих вредности приноса као меру стабилности генотипа. Пожељни генотипови су они који имају високу средњу вредност приноса и низак коефицијент варијације.

Један од највише коришћених метода у анализи интеракције генотип-спољашња средина свакако је метод регресионе анализе. Метод регресионе анализе први пут уводе *Yates and Cochran*, (1938) након чега следе различите модификације поменутог метода. *Finley and Wilkinson*, (1963) стабилност генотипа мере коефицијентом регресије генотипа у односу на индекс спољашње средине (просечна вредност генотипа у спољашњим срединама). Према овом моделу највећу стабилност има генотип чији је коефицијент регресије близу нуле. *Eberhart and Russel*, (1966) допуњују дати модел додавањем параметра девијација од регресије. Према истим ауторима најпожељнији генотип је онај који поред високог приноса има коефицијент регресије око 1 и што нижу вредност девијације од регресије. *Perkins and Jinks*, (1968) предлажу регресију интеракције генотипа и

спољашње средине у односу на еколошки индекс. Иако је регресиони приступ био један од највише употребљаваних у анализи интеракције, бројни аутори су изнели многе критике и ограничења истог (*Freeman and Perkins, 1971; Hill, 1975; Westcott, 1986*).

Поред поменутих метода који спадају у домен параметријске статистике, за анализу интеракције развијено је неколико метода заснованих на непараметријској статистици. Овакве методе заснивају се на рангу генотипа а не на његовим вредностима. Стабилним генотипом сматра се онај који има релативно константан ранг у спољашњим срединама (*Flores et al., 1998*). *Hühn, (1996)* наводи неке од предности метода непараметријске статистике као што су: смањена пристрасност у анализи интеракције изазвана екстремним вредностима, није потребна нормална расподела дистрибуције фреквенција, није неопходна хомогеност варијанси и додавање или брисање једног или више генотипова не утиче на крајњи резултат анализе (ортогоналност модела).

Scapim et al., (2000) анализирали су стабилност 20 сорти кукуруза на осам локалитета у току две године у Бразилу користећи *Eberhart and Russel, Lin and Binns* и *Hühn*-ов модел. На основу добијених резултата закључено је да непараметријски модели могу бити веома корисна и поуздана замена за параметријске моделе при чему за њихову примену није неопходна нормална дистрибуција и хомогеност варијанси.

Delić et al., (2009) користили су *Hühn*-ове непараметријске показатеље стабилности $S_i^{(1)}$ (просечна разлика рангова генотипова у посматраним срединама), $S_i^{(2)}$ (варијанса рангова генотипова у спољашњим срединама) и $S_i^{(3)}$ (релативна девијација од просечног ранга) за процену стабилности 24 хибрида кукуруза. Пре тога, непараметријским тестовима *de Kroon and Van der Laan*-а утврђено је присуство унакрсне интеракције што представља предуслов за примену наведених модела. Исти аутори закључују да хибриди који су постигли највише приносе нису увек и најстабилнији и да у оплемењивачким програмима посебну пажњу треба посветити процени стабилности.

Поред униваријационих, у проблематици интеракције генотип-спољашња средина велику примену налазе и мултиваријациони модели. Према *Crossa*, (1990) мултиваријациони модели објашњавају унутрашњу структуру интеракције и могу се поделити у две основне групе: i) ординациони модели, којима се однос генотипа и спољашње средине представља у дво или тро - димензионалном простору, као што су анализа главних компонената, факторска анализа, анализа главних координата и ii) класификациони модели, који групишу сличне ентитете у групе или кластере у циљу смањења интеракције као што су дискриминациона и кластер анализа. Посебан значај у истраживањима имају такозвани линеарно-билинеарни модели који представљају комбинацију униваријационих и мултиваријационих модела (*Crossa et al.*, 2002; *Crossa and Cornelius*, 2002). Главни ефекти генотипа и спољашње средине представљају линеарни део док је интеракција објашњена са једном или више мултипликативних компоненти (*van Eeuwijk*, 1996). Неки од најзначајнијих линеарно-билинеарних модела према *Cornelius et al.*, (1996) су: *AMMI* (*Additive main effects and multiplicative interaction*), *SHMM* (*Shifted multiplicative model*), *SREG* (*Sites regression*) и *COMM* (*Completely multiplicative*).

AMMI анализа (*Gauch and Zobel*, 1996) као модел који комбинује и адитивну и мултипликативну компоненту дводимензионалних података, нашла је веома велику примену у интерпретацији података из мулти-локацијских огледа. У *AMMI* анализи, прво се применом анализе варијансе издваја адитивни део, а затим се анализом главних компонентата (*PCA*), као мултипликативним моделом, анализира интеракција. Често се из статистички незначајне суме квадрата интеракције *AMMI* анализом издвоји једна или више статистички значајних главних компонентата (*PCA* оса). За интерпретацију резултата анализе користи се биplot графикон (*Gabriel*, 1971) који ставља у однос средње вредности особина генотипова и прву, односно неку од главних компонената (*PC*) интеракције. Најчешће је за адекватну дескрипцију интеракције довољна само прва главна компонента па се тако у највећем броју случајева користи *AMMI* биplot графикон (*Zobel et al.*, 1988). Према *Yan and Hunt*, (1998), *AMMI* анализом се могу добити одговори на следећа питања: који од испитиваних генотипова је постигао највећи принос у односу на испитиване средине, у којој средини је постигнут

највећи просечан принос, идентификација позитивних/негативних комбинација интеракција између генотипова и средина, поновљивост интеракције, могућност груписања средина у такозване мега-средине и која од средина прави највеће разлике између испитиваних генотипова за посматрану особину.

Поред *AMMI* модела, велику примену последњих година налази и метода *GGE* биplot анализе (*Genotype and genotype by environment interaction*) која такође омогућава визуелни (графички) приказ процене интеракције (*Yan et al., 2000*). Ова метода заснована је линеарно-билинеарном моделу *SREG* (*Sites regression*) (*Cornelius et al., 1992*), а њена модификација, која укључује две главне компоненте (*PC*), представља модел *SREG₂* или *GGE* биplot (*Yan et al., 2001*). Према овој методи, у процени генотипова релевантни су једино ефекти генотипа и интеракције тако да се они посматрају истовремено (*G+GE*) док се за приказ и процену генотипова у различитим срединама користи биplot техника. Осе *GGE* биplot графикана представљају прве две главне компоненте (*PC₁* и *PC₂*) које су добијене декомпозицијом појединачних вредности дводимензионалних података. У поређењу са *AMMI* моделом, *GGE* биplot анализа главне ефекте генотипа посматра као мултипликативну компоненту. Пошто су вредности прве главне компоненте (*PC₁*) у високој корелацији са главним ефектима генотипа, они могу послужити као њихова замена иако су концепцијски веома различити. По дефиницији, главни ефекти генотипа су константни у свакој спољашњој средини за разлику од предикције приноса генотипова на основу вредности прве главне компоненте (*PC₁*) који варирају у зависности од вредности прве главне компоненте спољашњих средина (*PC₁*) (*Yan et al., 2000*). Исти аутори сматрају да је овакав концепт у логичком и биолошком смислу веродостојнији од концепта адитивних главних ефеката. Поређења између *AMMI* модела и *GGE* биplot анализе разматрана су у великом броју научних радова (*Samonte et al., 2005; Gauch, 2006; Yan et al., 2007; Oliveira et al., 2010; Mitrović et al., 2012*). Положај генотипова и спољашњих средина на дводимензионалном *GGE* биplot графикону омогућава идентификацију најприноснијих и најстабилнијих генотипова у различитим срединама, поређење перформанси генотипова у различитим срединама, идентификацију такозваног „идеалног“ генотипа и „идеалне“ тест локације као и идентификацију такозваних мега-средине (модел рејонизације).

Yan et al., (2000) публиковали су један од првих радова у коме је коришћен метод *GGE* биplot анализе. Метод је примењен на подацима из огледа за принос озиме пшенице у Онтарију од 1989. до 1998. године. На биplotима су јасно, по годинама, издвојени најбољи генотипови и њима одговарајући локалитети. Истовремено, на основу вишегодишњих испитивања, издвојене су две мега-средине у Онтарију: мања (источни Онтарио) и већа (јужни и западни Онтарио). Услед константног присуства унакрсне интеракције у већој мега-средини, ово подручје не може бити ефикасно искоришћено због непоновљивости кроз године. Једини начин да се овај недостатак отклони, према истим ауторима, био би да се одабере мањи број бољих локалитета на којима ће се вршити даља тестирања.

Fan et al., (2007) испитивали су принос и стабилност 13 хибрида кукуруза на 10 локалитета у Кини током 2002. и 2003. године. Методом *GGE* биplot анализе извршено је рангирање хибрида са изнад-просечним приносом и са највећом стабилношћу. Два хибрида су показала високу адаптабилност у већем броју спољашњих средина (први од њих је био први по приносу у 10 а други у 7 спољашњих средина). Такође, у току обе посматране године, издвојила су се три најмање репрезентативна локалитета и три локалитета са најмањом дискриминационом способношћу.

Oliveira et al., (2010) применили су метод *GGE* биplot анализе у испитивању стабилности и адаптабилности приноса кукуруза као и у груписању локалитета за тестирање. Подаци су обухватили 20 експерименталних и 3 комерцијална хибрида гајена током 2 вегетационе сезоне на 11 локалитета. На основу *GGE* биplot полигон графикона издвојен је хибрид који највише одговара локалитетима за тестирање. На основу истог графикона, хибриди су ранжирани по стабилности. У погледу груписања локалитета, издвојене су две мега-средине са по два хибрида који су се показали као најпродуктивнији у локалитетима који чине те мега-средине. Прву мега-средину чине 16, а другу 6 локалитета.

Анализирајући принос 17 хибрида кукуруза тестираних на 4 локалитета, две вегетационе сезоне у условима наводњавања, *Ilker et al.*, (2009) добили су сигнификантне вредности обе главне компоненте при чему прва објашњава 55,7% а друга 17,1% *GGE* варијације. На основу графикона издвојене су две групе

генотипова, прва коју чине 5 и друга коју чине 4 генотипа са високим приносом. Генотипови из прве групе показали су високу стабилност док су се генотипови из друге групе показали као нестабилни. Анализом спољашњих средина утврђено је присуство и позитивних и негативних вредности прве главне компоненте (PC_1) што указује на присуство и унакрсне и неунакрсне интеракције. Две спољашње средине су се показале као повољније за тестирање од осталих јер су се одликовале већом репрезентативношћу и дискриминационом способношћу.

Alwala et al., (2010) испитивали су стабилност 24 хибрида кукуруза на 24 локалитета у току 2007. године. Анализом варијансе утврђено је да главни ефекти спољашње средине обухватају највећи део укупне варијансе (80%) док остатак (20%) чине ефекти генотипа и интеракције заједно. На основу *GGE* биplot графикона, издвојено је 3 хибрида који су се одликовали високим приносом и стабилношћу и 2 хибрида ниског приноса. Такође, идентификовани су и хибриди који одговарају специфичним локацијама.

Mitrović i sar., (2011) закључују на основу двогодишњег испитивања 20 хибрида кукуруза на 5 локалитета у Србији, да су за правилну процену постојања мега-средина на одређеном подручју неопходна вишегодишња испитивања одговарајућих генотипова на већем броју локалитета. Наиме, у посматране две године није било подударња у груписању локалитета. У првој години једну групу чинили су локалитети Римски Шанчеви, Панчево и Србобран, а другу Сремска Митровица и Сомбор. У наредној години, прву групу чинили су локалитети Римски Шанчеви и Сомбор, а другу Сремска Митровица и Панчево, док Србобран није припадао ниједној од група. Овакву неправилност аутори објашњавају различитим климатским условима који су карактерисали две посматране године.

4. Радна хипотеза

У раду се полази од претпоставке да ће се на основу процене генетичких параметара две полусродничке популације кукуруза издвојити један од два коришћена тестера као перспективнији за даљи рад са популацијом.

Такође, претпоставља се да ће избор тестера утицати на стабилност полусродничких популација кукуруза. Применом непараметријских и мултиваријационих метода за процену стабилности очекује се издвајање појединачних генотипова из обе групе потомства који су испољили највећи потенцијал за принос зрна и стабилност.

5. Материјал и метод

5.1. Материјал

За проучавање је одабрана популација кукуруза уске генетичке основе НС2Б, стандардног квалитета зрна, средње касне дужине вегетационог периода (FAO 600). Стварање популације започето је 2006. године укрштањем две инбред линије 260341НС (75% B84 и 25% Вуковарски жути зубан) и 462НС (BSSS основе). Самооплодњом F_1 биљака у зимској генерацији (2006/2007) добијено је семе F_2 генерације. У 2007. години на огледном пољу Института за ратарство и повртарство у Новом Саду произведено је око 500 F_2 биљака. На 150 биљака извршена је самооплодња случајним избором, а око 50 биљака је одабрано на основу пожељних фенотипских особина. У зимској генерацији 2007/2008 године извршена је самооплодња одабраног S_1 потомства. Добијено семе S_2 потомства у току 2008 засејано је методом клип на ред. По 20 случајно одабраних биљака од сваког S_2 потомства укрштено је са сваким од два међусобно, и у односу на популацију генетички несродна тестера (очинске компоненте). Оба тестера представљају елитне линије створене у Институту за ратарство и повртарство из Новог Сада, при чему један тестер припада у основи *Iodent* (72НС), а други *Lancaster* (26НС) хетеротичној групи. Након укрштања добијене су две популације полусродника, свака са 40 генотипова (фамилија), са довољном количином избалансираног семена при чему је свака S_2 фамилија истовремено укрштена са оба тестера.

5.2. Пољски огледи

Огледи су постављени по моделу непотпуног блок дизајна са понављањима у оквиру сета (*Cochran and Cox*, 1957) у току 2009, 2010. и 2011. године. Огледи су изведени на три локалитета; Римски Шанчеви, Србобран и Бачки Петровац. За сваку од популација полусодника постављени су независни огледи са два сета (укључујући 20 случајно одабраних потомства) и два понављања по сету. У оквиру сваког огледа била су заступљена четири хибрида стандарда настала укрштањем оба тестера са линијама које су учествовале у стварању популације (260341НС × 26НС, 462НС × 26НС, 260341НС × 72НС и 462НС × 72НС).

Стандарди нису укључени у анализу и процену генетичких параметара већ су служили само за поређење вредности проучаваних особина у односу на тестирана потомства. Сетва је обављена машински са међуредним растојањем од 0,75 m и растојањем у реду од 0,22 m. Густина усева износила је 60 606 *bilj./ha*. Површина елементарне парцелице износила је 9,8 m² за сваки генотип (два реда дужине по 5,4 m). Примењена је уобичајена технологија гајења прилагођена условима средине у којој су изведени огледи. Проучаване су следеће особине: висина биљке (*cm*), висина биљке до клипа (*cm*), укупан број листова, број листова изнад клипа, дужина клипа (*cm*), број редова зрна, број зрна у реду, принос зрна (*t/ha*), број полеглих биљака (%), маса 1000 зрна (*g*). Берба огледа је обављена машински при чему су мерени принос и садржај влаге у зрну по елементарној парцелици за свако проучавано потомство.

За анализу компоненти приноса (број зрна у реду, број редова зрна, маса 1000 зрна, дужина клипа) узет је узорак од десет клипова по елементарној парцели са компетитивних биљака, осушен до влаге од 14% а потом је извршена анализа. Висина биљке и висина биљке до клипа, укупан број листова и број листова изнад клипа мерене су двадесет дана након цветања на десет компетитивних биљака по елементарној парцели.

5.3. Статистичка анализа

Прво су израчунате 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 (рандом модел). У анализи варијансе очекиване средине квадрата означене су са *MS* (таб.1).

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:

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

Табела 1. Анализа варијансе по моделу непотпуног блок дизајна

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

* r – број понављања, f – број фамилија, l – број локација, s – број сетова

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 особина изражених различитим јединицама мере израчунати су применом следећих израза:

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

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

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

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

За оцену јачине корелационе везе коришћена је следећа скала:

0,00 – 0,30 слаба корелациона веза

0,31 – 0,60 средње јака корелациона веза

0,61 – 0,99 јака корелациона веза

Непараметријска тестирања интеракције генотип-спољашња средина урађена су методама по *Bredencamp*-у и *de Kroon and Van der Laan*-у (*Hühn*, 1996). Метод који је описао *Bredencamp*, (1974) заснован је на уобичајеном линеарном моделу за интеракцију у коме она представља одступање од адитивности главних ефеката и у овом случају је коришћен за тест неунакрсне интеракције. Метод који су описали *de Kroon and Van der Laan*, (1981) коришћен је за тестирање унакрсне интеракције. Овај метод заснован је на трансформацији оригиналних података у рангове чије се вредности затим анализирају.

Стабилност приноса обе групе потомства анализирана је непараметријском методом преко показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ (*Nassar and Hühn*, 1987). Непараметријски показатељ стабилности $S_i^{(1)}$ представља просечну разлику рангова генотипова у посматраним срединама и израчунат је следећим изразом:

$$S_i^{(1)} = 2 \sum_{j=1}^{N-1} \sum_{j'=j+1}^{N-1} \frac{|r_{ij} - r_{ij'}|}{[N(N-1)]}$$

где је r_{ij} ранг генотипа i у спољашњој средини j .

$S_i^{(2)}$ представља варијансу рангова генотипова у спољашњим срединама и израчунава се преко следећег израза:

$$S_i^{(2)} = \sum_{j=1}^N \frac{(r_{ij} - \bar{r}_i.)^2}{N-1}$$

где је: $r_i. = \sum_{j=1}^N \frac{r_{ij}}{N}$

На основу непараметријских показатеља генотип i се сматра стабилним ако му је ранг приближно једнак у свим спољашњим срединама, а максималну стабилност има генотип чије су вредности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)} = 0$ односно који је једнако рангиран у свим спољашњим срединама.

Тестирање сигнификантности за вредности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ могуће је извршити применом следећег израза (*Nassar and Hühn*, 1989):

$$Z_i^{(m)} = \frac{[S_i^{(m)} - E\{S_i^{(m)}\}]^2}{\text{var}\{S_i^{(m)}\}}, m = 1, 2$$

где $Z_i^{(m)}$ има приближну χ^2 дистрибуцију са 1 степеном слободe. Да би се омогућило спровођење теста потребно је одредити средњу вредност $E\{S_i^{(m)}\}$ и варијансу $\text{var}\{S_i^{(m)}\}$ при чему је за стабилан генотип $S_i^{(m)} < E\{S_i^{(m)}\}$, а за нестабилан $S_i^{(m)} > E\{S_i^{(m)}\}$.

Међусобно поређење показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ извршено је применом *Spearman*-ових корелација ранга.

За процену стабилности приноса испитиваних фамилија обе популације полусродника (*HS1* и *HS2*) и коришћена је и *GGE* биplot анализа (*Yan et al.*, 2000). Ова метода заснована је *SREG* моделу (*Cornelius et al.*, 1992) и омогућава графичку визуелизацију података из мулти-локацијских огледа.

Ова метода комбинује анализу варијансе и *PCA* анализу тако што се суме квадрата генотипова и суме квадрата $G \times E$ интеракције (који су једино релевантни у процени генотипова) заједно разлажу методом главних компоненти. За приказ и процену генотипова у различитим срединама користи се биplot техника (*Gabriel*, 1971). *GGE* биplot конструише се на основу вредности прве две главне

компоненте (PC_1 и PC_2) које настају након декомпозиције појединачних вредности матрице података из мулти-локацијских огледа.

GGE биplot модел заснован на декомпозицији појединачних вредности матрице прве две главне компоненте представљен је следећим изразом:

$$Y_{ij} - \mu - E_j = \lambda_1 \varepsilon_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \varepsilon_{i2} \eta_{2j} + e_{ij}$$

где је Y_{ij} одговарајућа променљива i -тог генотипа на j -том окружењу (локалитету); μ представља општи просек; E_j је главни ефекат j -тог окружења; λ_1 и λ_2 појединачне вредности главних компоненти PC_1 и PC_2 ; ε_{i1} и ε_{i2} су еигенвектори (карактеристичне вредности) i -тог генотипа за PC_1 и PC_2 ; η_{1j} и η_{2j} су еигенвектори j -тог окружења (локалитета) за PC_1 и PC_2 ; e_{ij} је општи остатак генотипа i и окружења j .

Декомпозиција појединачних вредности матрице у одговарајуће карактеристичне вредности генотипа и окружења представљена је следећим изразима:

$$g_{i1} = \lambda_1^{fl} \varepsilon_{i1} \quad \text{и} \quad e_{1j} = \lambda_1^{1-fl} \eta_{1j}$$

где l може представљати главну компоненту 1 или 2, а f фактор раздвајања ($0 < f < 1$).

За конструисање GGE биplotа, вредности главних компоненти за i -ти генотип и e -то окружење исказане су на следећи начин:

$$Y_{ij} - \mu - E_j = g_{i1} e_{1j} + g_{i2} e_{2j} + e_{ij}$$

где је Y_{ij} одговарајућа променљива i -тог генотипа на j -том окружењу (локалитету); μ представља општи просек; g_{i1} и g_{i2} су PC вредности генотипа i ; e_{1j} и e_{2j} су PC вредности окружења j .

Најпогоднији облик GGE биplot графикана за евалуацију генотипова и њихово међусобно поређење, узимајући у обзир вредности анализираних особина и стабилност генотипа у посматраним спољашњим срединама, је такозвани „*Mean vs. Stability*“ приказ (Yan, 2011). Обзиром да је у овим истраживањима пажња

усмерена на генотипове и процену њихове стабилности, сви графикони су конструисани методом декомпозиције појединачних вредности матрице према генотипу „*genotype focused SVP*“.

Генотип-особина (*genotype-by-trait*) биplot (*Yan and Rajcan, 2002*) употребљен је за анализу међусобних односа приноса зрна и најважнијих агрономских особина код обе групе потомства. При конструисању биplotа извршена је трансформација података одговарајућа датом моделу да би се омогућило поређење особина изражених у различитим јединицама мере.

У свим анализама обе групе потомства комбинација локалитета и године посматрана је као једна спољашња средина (3 локалитета × 3 године) осим код *GGE* биplot анализе где је због поузданости модела анализа приноса и стабилности приноса појединачних генотипова вршена за сваку годину посебно.

GGE биplot и генотип-особина (*genotype-by-trait*) биplot анализа урађене су у *R* програму (*R Development Core Team 2010*). Просечне вредности, анализа варијансе, показатељи варијабилности, генетичке корелације као и непараметријске методе у процени интеракције и стабилности генотипова израчунате су у програму *Microsoft Office Excel, 2010*.

5.4. Метеоролошки показатељи

Током извођења огледа праћени су најзначајнији метеоролошки показатељи (максималне, минималне и просечне температуре ваздуха, падавине, релативна влажност) чије вредности се налазе у табелама 2, 3 и 4:

Табела 2. Метеоролошки услови у вегетационом периоду на локалитету Римски Шанчеви у току три посматране године

	Године	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
<i>T max</i> (°C)		21.6	24.9	24.8	29.4	30.2	26.8	17.2
<i>T min</i> (°C)		8	12	14.1	15.8	16.1	13	7.6
<i>T sr</i> (°C)	2009	14.6	18.6	19.6	22.8	23	19.3	11.7
<i>P</i> (mm)		3.6	50.4	127	58.1	19.1	13.1	81.9
<i>RV</i> (%)		59	64	75	67	65	65	79
<i>T max</i> (°C)		17.8	22	25.2	28.8	28.1	21.6	14.3
<i>T min</i> (°C)		7.1	12.3	15.3	17.8	16.2	11.7	5.2
<i>T sr</i> (°C)	2010	12.3	17	20.2	23.1	21.9	16.1	9.1
<i>P</i> (mm)		63.7	114	172	99	169	67.7	66.6
<i>RV</i> (%)		74	74	78	76	75	80	81
<i>T max</i> (°C)		18.9	22.6	26.9	28.2	30.2	28.4	17.3
<i>T min</i> (°C)		7.6	10.9	15	16.1	16	13.9	5.4
<i>T sr</i> (°C)	2011	13.2	16.8	20.9	22.1	23	20.4	10.7
<i>P</i> (mm)		22.8	63	36.9	61.5	1.5	25.4	34.5
<i>RV</i> (%)		63	71	69	70	64	66	75

Табела 3. Метеоролошки услови у вегетационом периоду на локалитету Србобран у току три посматране године

	Године	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
<i>T max</i> (°C)		21.7	25.4	25.8	30.3	30.6	27.2	17.4
<i>T min</i> (°C)		8.8	11.6	14.4	16.5	16.4	13.4	7.5
<i>T sr</i> (°C)	2009	15.5	19.2	20.7	24	24	20	11.9
<i>P</i> (mm)		5.5	52.1	95.8	32.1	34.6	11.4	64.4
<i>RV</i> (%)		52	55	63	54	55	54	70
<i>T max</i> (°C)		18.4	22.5	25.5	29.2	28.5	21.9	14.8
<i>T min</i> (°C)		7.3	12.5	15.8	17.7	16	11.4	5.1
<i>T sr</i> (°C)	2010	11.8	17.4	21.2	23.6	22.3	16	9.4
<i>P</i> (mm)		37	92.5	159	87.6	130	73	43.7
<i>RV</i> (%)		59	67	66	63	64	71	71
<i>T max</i> (°C)		19.4	23.3	27.4	28.7	30.6	28.5	17.6
<i>T min</i> (°C)		7.5	10.8	15.5	16.7	16.3	14	5.6
<i>T sr</i> (°C)	2011	14	17.7	22.4	22.9	24.5	21.4	10.9
<i>P</i> (mm)		13	55.2	32.3	83.7	6.7	27.1	38.8
<i>RV</i> (%)		51	59	55	57	52	55	65

Табела 4. Метеоролошки услови у вегетационом периоду на локалитету Бачки Петровац у току три посматране године

	Године	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
<i>T max</i> (°C)		22.9	25.5	25.8	30.6	30.7	27.1	17.7
<i>T min</i> (°C)		6.8	11.1	12.8	14.5	14.7	11.4	6
<i>T sr</i> (°C)	2009	14.7	18.9	19.7	23	23.2	19.5	11.7
<i>P</i> (mm)		5.3	67.4	89.7	22.3	17.6	4.5	71.9
<i>RV</i> (%)		69	70	78	70	70	71	84
<i>T max</i> (°C)		18.8	23.3	26.1	29.5	29.1	22	15
<i>T min</i> (°C)		5.5	10.7	13.8	15.9	14.5	9.8	3.4
<i>T sr</i> (°C)	2010	12.7	17.4	20.7	23.3	22	16.3	9.5
<i>P</i> (mm)		46.8	81.7	191	98.5	58.5	104	60.8
<i>RV</i> (%)		80	78	80	80	78	86	86
<i>T max</i> (°C)		20	23.6	27.8	29.1	30.7	28.6	17.4
<i>T min</i> (°C)		5.9	8.9	13.6	14.2	15.6	13.5	5.7
<i>T sr</i> (°C)	2011	13.7	17.2	21.2	22.2	23	20.3	10.6
<i>P</i> (mm)		24	59.9	56.1	87.5	1.3	25.7	0
<i>RV</i> (%)		72	76	75	78	74	72	83

6. Резултати истраживања и дискусија

6.1. Просечне вредности приноса зрна и осталих агрономских особина две групе потомства кукуруза

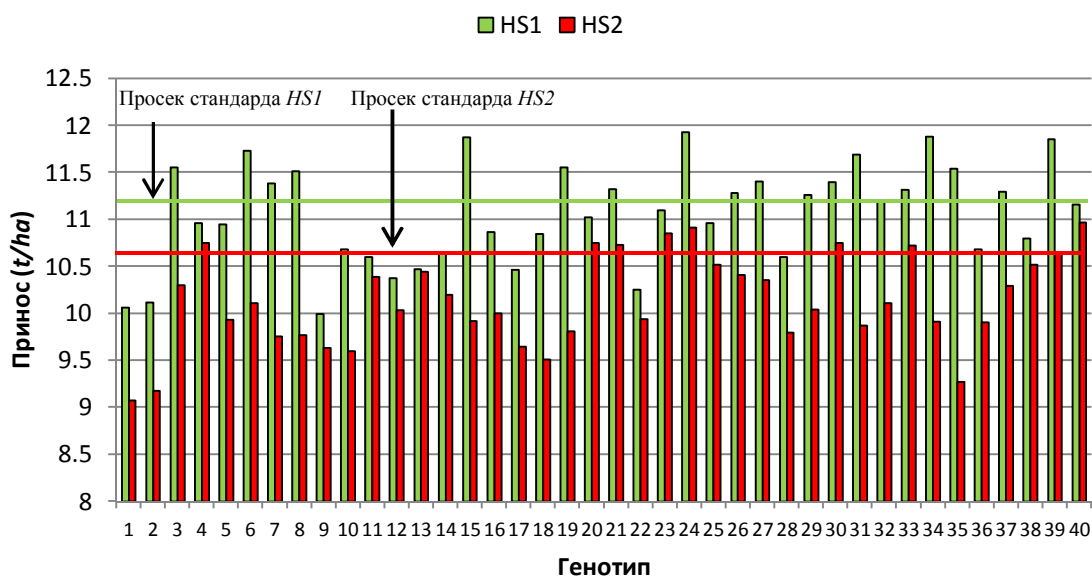
Просечан принос зрна прве групе потомства био је сигнификантно виши (11,06) у поређењу са приносом зрна друге групе (10,13). Поред приноса зрна, прва група потомства остварила је сигнификантно више просечне вредности у односу на другу групу за: висину биљке (292,81:276,1), број листова изнад клипа (5,9:5,59), број зрна у реду (39,85:36,89), дужину клипа (18,6:17,59) и масу 1000 зрна (371,92:325,82); док је друга група потомства остварила сигнификантно више просечне вредности за број редова зрна (16,64:14,94). Несигнификантне разлике између прве и друге групе потомства утврђене су за висину биљке до клипа (122,07:119,66), број листова (13,58:13,61) и проценат полеглих биљака (5,81:7,65; таб. 5).

Табела 5. Просечне вредности приноса зрна и осталих агрономских особина две групе потомства (*HS1* и *HS2*) кукуруза

Особина	Потомство	\bar{x}	$SE_{\bar{x}}$	Интервал		<i>HS1:HS2</i>
				мин.	макс.	
Принос зрна (<i>t/ha</i>)	<i>HS1</i>	11.06	0.0736	5.20	15.94	**
	<i>HS2</i>	10.13	0.0755	4.30	15.72	
Висина биљке (<i>cm</i>)	<i>HS1</i>	292.81	0.4564	244.25	342.00	**
	<i>HS2</i>	276.10	0.4830	219	328.00	
Висина биљке до клипа (<i>cm</i>)	<i>HS1</i>	122.07	0.3456	92.75	150.75	нс
	<i>HS2</i>	119.66	0.4830	82.50	185.75	
Бр. листова	<i>HS1</i>	13.58	0.0272	11.60	15.00	нс
	<i>HS2</i>	13.61	0.0283	11.85	16.05	
Бр. листова изнад клипа	<i>HS1</i>	5.90	0.0131	4.95	6.75	**
	<i>HS2</i>	5.59	0.0108	4.45	6.50	
Број редова зрна	<i>HS1</i>	14.94	0.0278	13.10	17.00	**
	<i>HS2</i>	16.64	0.0327	13.80	18.80	
Број зрна у реду	<i>HS1</i>	39.85	0.1443	27.40	48.60	**
	<i>HS2</i>	36.89	0.1236	25.95	44.15	
Дужина клипа (<i>cm</i>)	<i>HS1</i>	18.60	0.0701	14.76	29.45	**
	<i>HS2</i>	17.59	0.0540	13.30	20.54	
Маса 1000 зрна (<i>g</i>)	<i>HS1</i>	371.92	1.3197	247.50	467.50	**
	<i>HS2</i>	325.82	1.0206	217.50	400.00	
Полегле биљке (%)	<i>HS1</i>	5.81	0.3028	0	29.32	нс
	<i>HS2</i>	7.65	0.3028	0	42.70	

** $p < 0,01$; нс – није сигнификантно

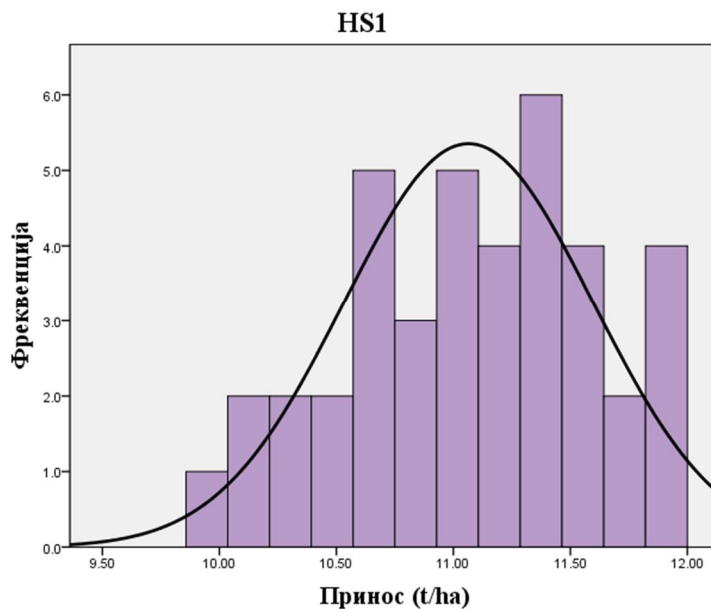
У односу на просечне вредности одговарајућих стандарда, прва група потомства остварила је нижи просечан принос од просека стандарда за 2%, а друга група за 4%. У првој групи потомства 18 од 40 (45%) генотипова остварило је виши просечан принос од просека стандарда; док је у другој групи виши просечан принос од просека стандарда остварило 9 потомства (22,5%).



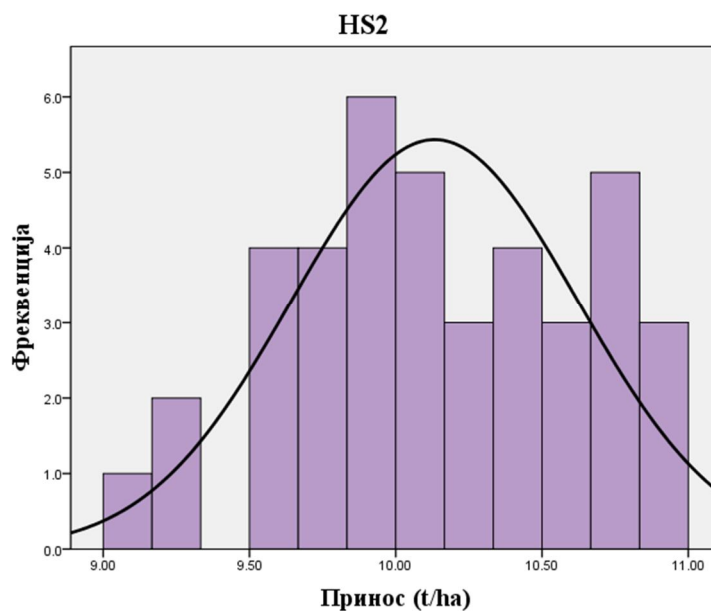
Графикон 1. Просечне вредности 40 генотипова прве и друге групе потомства (*HS1* и *HS2*) у поређењу са одговарајућим просеком стандарда

Истовремено, 5 потомства (12,5% од укупно тестираних) може се сврстати у групу најприноснијих са оба тестера (граф. 1). Добијени резултати указују да за наставак оплемењивачког програма са проучаваном популацијом (НС2Б) већи значај има инбред тестер 26НС него 72НС. До сличних резултата дошли су и *Stanisavljević i sar.*, (2010) испитујући популацију кукуруза НСА15. Исти аутори дали су предност једном од два коришћена тестера (НС27) објашњавајући такве резултате генетичком структуром почетне популације која представља рекомбинанте (S_I фамилије) између старијих *Lancaster* извора и јужноамеричких тврдунаца, и комплементарна је инбред линијама новијих циклуса селекција. Генетичка структура популације НС2Б води порекло од линија *BSSS* основе комбинованих са линијом изведеном из локалне популације (Вуковарски жути

зубан), и већу перспективу за принос зрна показала је у комбинацији са линијом из *Lancaster* извора.



Графикон 2. Дистрибуција фреквенција приноса зрна генотипова прве групе потомства (*HS1*); *Shapiro-Wilk* $W = 0.971$, $p < 0.384$



Графикон 3. Дистрибуција фреквенција приноса зрна генотипова друге групе потомства (*HS2*); *Shapiro-Wilk* $W = 0.969$, $p < 0.333$

На графиконима 2 и 3 представљене су дистрибуције фреквенција за обе групе потомства. Применом *Shapiro-Wilk* теста установљено је да дистрибуција фреквенција приноса зрна обе групе потомства није сигнификантно одступала од нормалне дистрибуције.

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

Анализом варијансе непотпуног блок дизајна утврђене су високо сигнификантне разлике између локалитета за све посматране особине код обе групе потомства, што је последица специфичних агроколошких услова у којима су вршена истраживања (таб. 6 и 7). У првој групи потомства установљене су високо сигнификантне разлике између сетова за број редова зрна (7,76**) и масу 1000 зрна (1934**). У другој групи, сигнификантне разлике између сетова установљене су за висину биљке до клипа (431*) и масу 1000 зрна (5227*), док су високо сигнификантне разлике установљене за висину биљке (1864**), број листова изнад клипа (2,821**) и број редова зрна (1,419**). За остале особине код обе групе потомства разлике између сетова нису биле сигнификантне. Постојање несигнификантних разлика између сетова потврда је случајне расподеле генотипова по сетовима што представља основу примењеног „рандом“ модела.

Сигнификантне и високо сигнификантне разлике између средина квадрата локалитет \times сет установљене су за све особине код друге групе потомства и за већину особина код прве групе потомства осим за принос (3,54), број редова зрна (0,416), дужину клипа (3,19) и масу 1000 зрна (907).

Средине квадрата фамилија у оквиру сета биле су високо сигнификантне у обе групе потомства и за све посматране особине изузев процента полеглих и сломљених биљака код друге групе потомства (39). Постојање високо сигнификантних разлика између појединачног потомства је веома значајно за даљи наставак процеса селекције и оправдава анализе које имају за циљ детаљније испитивање појединачних генотипова.

Табела 6. Средине квадрата анализе варијансе непотпуног блок дизајна за принос зрна и остале агрономске особине прве групе потомства (*HSI*) кукуруза

Извор варијације	П.З.	В.Б.	В.К.	Б.Л.	Б.Л.И.К.	Б.Р.З.	Б.З.Р.	Д.К.	М.1000 З.	П.Б.
Локације (<i>L</i>)	255.98**	44846**	6117**	23.096**	3.629**	6.976**	974**	85.92**	86083**	3463**
Сетови (<i>S</i>)	23.61	287	60	2.969	0.017	7.769**	135.2	4.69	1934**	56
Лок. × Сет	3.54	589**	442**	3.602**	0.518**	0.416	37.2**	3.19	907	191**
Понављање/ <i>S/L</i>	4.82**	550**	313**	1.551**	0.241**	0.477*	27,6**	4.62**	1595**	71**
Фамилије/ <i>S</i>	4.61**	570**	389**	0.922**	0.357**	4.539**	22.4**	4.71**	3404**	52*
Фам. × <i>L/S</i>	1.95	75**	43**	0.266	0.062	0.279	7.5	1.77	627*	33*
Погрешка	1.78	56	33	0.24	0.054	0.25	6.8	1.52	510	26

** $p < 0,01$; * $p < 0,05$

П.З. - принос зрна, В.Б. - висина биљке, В.К. - висина биљке до клипа, Б.Л. - број листова, Б.Л.И.К. - број листова изнад клипа, Б.Р.З. - број редова зрна, Б.З.Р. - број зрна у реду, Д.К. - дужина клипа, М.1000 З. - маса 1000 зрна, П.Б. - проценат полеглих биљака

Табела 7. Средине квадрата анализе варијансе непотпуног блок дизајна за принос зрна и остале агрономске особине друге групе потомства (*HS2*) кукуруза

Извор варијације	П.З.	В.Б.	В.К.	Б.Л.	Б.Л.И.К.	Б.Р.З.	Б.З.Р.	Д.К.	М.1000 З.	П.Б.
Локације (<i>L</i>)	311.21**	55212**	8859**	25453**	7.75**	11.168**	1128.9**	137.02**	54798**	7323**
Сетови (<i>S</i>)	26.88	1864**	431*	8.697	2.821**	1.419**	14.6	9.15	5227*	27
Лок. × Сет	8.45**	541**	233**	1.939**	0.104*	0.791*	19.7**	3.79**	2360**	104**
Понављање/ <i>S/L</i>	4.7**	195**	245**	1.64**	0.051	0.5	5.8	1.26	1044**	90**
Фамилије/ <i>S</i>	3.72**	445**	442**	1.505**	0.446**	7.14**	20.2**	3.31**	3085**	39
Фам. × <i>L/S</i>	2.05	84*	84	0.288*	0.042	0.386*	5.5	1.05	375	33
Погрешка	1.92	70	77	0.229	0.048	0.319	5	0.89	368	31

** $p < 0,01$; * $p < 0,05$

П.З. - принос зрна, В.Б. - висина биљке, В.К. - висина биљке до клипа, Б.Л. - број листова, Б.Л.И.К. - број листова изнад клипа, Б.Р.З. - број редова зрна, Б.З.Р. - број зрна у реду, Д.К. - дужина клипа, М.1000 З. - маса 1000 зрна, П.Б. - проценат полеглих биљака

6.3. Показатељи варијабилности за принос зрна и агрономске особине две групе потомства кукуруза

Генетичке варијансе свих посматраних особина у обе групе потомства биле су сигнификантне јер су најмање двоструко превазилазиле вредности својих стандардних грешки (*Falconer*, 1989). Генетичке варијансе имале су приближно једнаке вредности код обе групе потомства што је потврђено и применом *Hartley* теста. Вредности генетичких варијанси прве групе потомства кретале су се у интервалу од 0,016 за број листова изнад клипа, до 154,28 за масу 1000 зрна. Код друге групе потомства најмање вредности генетичке варијансе установљене су такође за број листова изнад клипа (0,022), а највеће за масу 1000 зрна (150,56). Између две групе потомства нису установљене сигнификантне разлике генетичких варијанси изизев код броја листова, где је вредност варијансе друге групе потомства (0,068) била готово два пута већа него код прве групе (0,036). Вредности генетичких варијанси за све проучаване особине код обе групе потомства била су у сагласности са већином аутора (*Burton et al.*, 1971; *Vančetović*, 1994; *Bekavac et al.*, 2007; *Srećkov*, 2009; *Ajala et al.*, 2009; *Stanisavljević i sar.*, 2010). Ниске вредности генетичких варијанси између потомства могу се објаснити тиме што 50% гена потомства потиче од коришћеног тестера, што знатно утиче на смањење варијабилности између њих.

Фенотипске варијансе такође су биле сигнификантне за све особине код обе групе потомства. Њихове вредности су биле приближне и у првој и у другој групи и нису се сигнификантно разликовале. У првој групи потомства вредности фенотипских варијанси кретале су се у интервалу од 0,020 за број листова изнад клипа, до 189,11 за масу 1000 зрна. У другој групи најмања вредност фенотипске варијансе установљена је такође за број листова изнад клипа (0,025), а највећа за масу 1000 зрна (171,39). Фенотипске варијансе за све проучаване особине код обе групе потомства имале су више вредности од генетичких варијанси што је и очекивано обзиром да на експресију особина утичу и фактори спољашње средине.

Варијабилност особина процењена је и преко релативних показатеља варијабилности, коефицијената генетичке и фенотипске варијације. Њихове вредности су биле приближно једнаке код обе групе потомства и кретале су се у

интервалу од 1,53% до 3,65% за генетичке код прве групе и од 1,62% до 3,77% код друге групе. Коefицијенти фенотипске варијације кретали су се у интервалу од 1,70% до 4,21% код прве групе и од 1,80% до 4,49% код друге групе потомства. У првој групи потомства највеће вредности коefицијената генетичке варијације установљене су за: број редова зрна (4,1%), висину клипа (3,65%), масу 1000 зрна (3,29%) и принос зрна (2,75%). У другој групи потомства највеће вредности коefицијената генетичке варијације установљене су за масу 1000 зрна (3,77%), висину клипа (3,73%), број редова зрна (3,68%), принос зрна (3,01%). Добијене вредности коefицијената генетичке варијације у сагласности су са резултатима које је добио *Stojković*, (2007), а које су се кретале од 2,5% до 7,5% код *HS* потомства. *Srećkov*, (2009) у истраживањима морфолошких особина и приноса високо уљане популације кукуруза $НСУ_1$ укрштене са два различита тестера добила је вредности коefицијената генетичке варијације између 1,25% и 3,33%.

Херитабилност као мера наследности пружа информацију о томе колики је удео генетичких фактора, а колики фактора спољашње средине и њихове интеракције у фенотипској експресији неке квантитативне особине. Херитабилност у ширем смислу представља однос између генетичке и фенотипске варијансе, а у ужем смислу однос адитивне и фенотипске варијансе. У овим истраживањима израчуната је само херитабилност у ширем смислу и била је сигнификантна за све особине изузев за принос зрна код друге групе потомства. Несигнификантне вредности херитабилности за принос зрна код групе потомства полусродника (*HS*) установили су и *Stanisavljević i sar.*, (2010). Ову појаву аутори објашњавају ефектом дрифта који узрокују резултати другог сета код *HS* потомства (већа концентрација роднијих генотипова него у првом сету). Највеће вредности херитабилности код прве групе потомства установљене су за број редова зрна (0,94), висину биљке до клипа (0,89) и висину биљке (0,87), а најмање за принос зрна (0,58), дужину клипа (0,62) и број зрна у реду (0,67). У другој групи потомства највећа херитабилност установљена је за број редова зрна (0,95), број листова изнад клипа (0,91) и масу 1000 зрна (0,88) а најмања за дужину клипа (0,68) и број зрна у реду (0,73; таб. 4). Добијене вредности херитабилности су у сагласности са истраживањима *Sumathi et al.*, (2005). Исти аутори установили су високе вредности херитабилности за висину биљке (0,94), висину биљке до клипа

(0,97), број редова зрна (0,91) и масу 100 зрна (0,88). *Ahmad et al.*, (2012) испитујући 49 *HS* потомства установили су ниже вредности херитабилности за висину биљке (0,45), висину биљке до клипа (0,51) и број редова зрна (0,52) него у овим истраживањима, док су приближне вредности установљене за принос зрна (0,42), масу 1000 зрна (0,84) и дужину клипа (0,65). Супротно резултатима овог истраживања, ниске вредности херитабилности за већину посматраних особина установили су *Srećkov et al.*, (2007) и *Stojković*, (2007). Ниже вредности херитабилности за принос зрна у односу на друге агрономске особине уобичајена је појава и резултат је деловања великог броја гена на ову особину уз висок утицај фактора спољашње средине (таб. 8).

Табела 8. Показатељи варијабилности приноса зрна и осталих агрономских особина две групе потомства (*HS1* и *HS2*) кукуруза

		П.З.	В.Б.	В.К.	Б.Л.	Б.Л.И.К.	Б.Р.З.	Б.З.Р.	Д.К.	М.1000 З.
<i>HS1</i>	σ^2g	0.148	27.500	19.222	0.036	0.016	0.237	0.828	0.163	154.278
	$SE\sigma^2g$	0.058	7.089	4.836	0.012	0.004	0.056	0.280	0.059	42.380
	CVg (%)	2.753	1.529	3.653	1.914	2.540	4.100	2.268	1.905	3.299
	σ^2f	0.256	31.667	21.611	0.051	0.020	0.252	1.244	0.262	189.111
	$SE\sigma^2f$	0.060	7.105	4.844	0.012	0.004	0.056	0.285	0.060	42.583
	CVf (%)	4.109	1.698	4.059	2.129	2.668	4.215	2.659	2.306	3.520
	h^2	0.577	0.868	0.889	0.711	0.826	0.939	0.665	0.624	0.816
	SEh^2	0.226	0.224	0.224	0.225	0.224	0.224	0.225	0.226	0.224
	$\Delta \sigma^2g$	0.055	7.444	0.667	0.031*	0.006	0.139	0.011	0.038	3.722
	$\Delta \sigma^2f$	0.049	6.944	2.944	0.032	0.005	0.145	0.122	0.078	17.722
<i>HS2</i>	σ^2g	0.093	20.056	19.889	0.068	0.022	0.375	0.817	0.126	150.556
	$SE\sigma^2g$	0.047	5.541	5.504	0.019	0.006	0.089	0.252	0.041	38.361
	CVg (%)	3.006	1.622	3.727	1.910	2.682	3.682	2.450	2.014	3.766
	σ^2f	0.207	24.722	24.556	0.084	0.025	0.397	1.122	0.184	171.389
	$SE\sigma^2f$	0.049	5.570	5.536	0.019	0.006	0.089	0.255	0.042	38.461
	CVf (%)	4.487	1.801	4.141	2.124	2.818	3.785	2.872	2.438	4.018
	h^2	0.449	0.811	0.810	0.809	0.906	0.946	0.728	0.683	0.878
	SEh^2	0.228	0.224	0.224	0.224	0.224	0.224	0.225	0.225	0.224

* $p < 0,05$

П.З. - принос зрна, В.Б. - висина биљке, В.К. - висина биљке до клипа, Б.Л. - број листова, Б.Л.И.К. - број листова изнад клипа, Б.Р.З. - број редова зрна, Б.З.Р. - број зрна у реду, Д.К. - дужина клипа, М.1000 З. - маса 1000 зрна

6.4. Корелациони односи између приноса зрна и агрономских особина две групе потомства кукуруза

Познавање корелационих односа између особина од великог је значаја за успех оплемењивачког програма. Ако постоји генетичка повезаност између особина, селекција једне особине изазваће корелациони одговор, односно промену средњих вредности друге особине. У овом истраживању акценат је стављен само на генетичке коефицијенте корелације (таб. 9). У оквиру прве групе, где је као тестер коришћена линија 26НС, уочени су високо сигнификантни средње јаки позитивни корелациони коефицијенти између приноса зрна и висине биљке до клипа (0,549**) и сигнификантни средње јаки позитивни корелациони коефицијенти између приноса и висине биљке (0,322*). Ови резултати у сагласности су са резултатима других аутора (*Martin and Russell*, 1984; *Burak and Magoja*, 1991; *Singh and Dush*, 2000) али и у супротности са *Rather et al.*, (1999) и *Ojo et al.*, (2006) који су установили несигнификантне корелационе коефицијенте између ових особина. Између приноса зрна и осталих особина корелациони коефицијенти су били слаби и несигнификантни. Такође, уочени су високо сигнификантни јаки позитивни коефицијенти корелације између висине биљке и висине биљке до клипа (0,738**), броја листова и броја листова изнад клипа (0,669**) и сигнификантни јаки негативни коефицијенти корелације између броја редова зрна и масе 1000 зрна (-0,677*; таб. 6). Јаке корелационе везе између висине биљке и висине биљке до клипа установили су и *Hallauer and Miranda*, (1988); *Husuć*, (1992); *Boćanski*, (1995); *Sofi and Rather*, (2007); *Srećkov*, (2009). Супротно од резултата наведених аутора, слабе генетичке корелационе везе између ових особина установили су *Sumathi et al.*, (2005). Високо сигнификантне али средње јаке корелационе везе између броја листова и броја листова изнад клипа добио је *Boćanski*, (1995). Сигнификантне јаке негативне корелационе коефицијенте између масе 100 зрна и броја редова зрна, што је у сагласности са добијеним резултатима ових истраживања, установила је *Andelković*, (2000). Супротно томе, позитивне корелационе коефицијенте између масе 100 зрна и броја редова зрна установили су *Ojo et al.*, (2006) и *Alvi et al.*, (2003).

У другој групи потомства, где је као тестер коришћена линија 72НС, између приноса зрна и висине биљке (0,536**) и приноса зрна и висине биљке до клипа (0,518**) уочени су високо сигнификантни средње јаки позитивни коефицијенти корелације. Између приноса зрна и осталих особина коефицијенти корелације су били слаби и несигнификантни изизев дужине клипа где је постојала такође несигнификантна средње јака негативна корелациона веза (-0,574). Супротно томе, *Mahmood et al.*, (2004); *Malik et al.*, (2005) и *Alvi et al.*, (2003) нашли су позитивне и високо значајне корелационе коефицијенте између дужине клипа и приноса зрна. Високо сигнификантни јаки позитивни коефицијенти корелације уочени су између висине биљке и висине клипа (0,732**), броја листова и броја листова изнад клипа (0,705**) и дужине клипа и броја зрна у реду (0,645**). *Alvi et al.*, (2003) и *Malik et al.*, (2005) такође налазе високо значајне позитивне корелационе везе између дужине клипа и броја зрна у реду. Сигнификантни средње јаки позитивни корелациони коефицијенти нађени су између броја листова и висине биљке (0,305*), што је у сагласности са резултатима *Воćанског*, (1995), и између дужине клипа и броја листова изнад клипа (0,307*) док је између броја листова и масе 1000 зрна нађена сигнификантна слаба позитивна корелациона веза (0,294*; таб. 9).

Код обе групе потомства, између приноса зрна и осталих агрономских особина нису утврђене сигнификантне генетичке корелационе везе изизев за висину биљке (0,322* *HS1*; 0,536** *HS2*) и висину биљке до клипа (0,549** *HS1*; 0,518** *HS2*). На основу тога, индиректна селекција на принос зрна као веома комплексну особину није могућа. Најефикаснији метод за побољшање приноса зрна према *Stojniću*, (1995) је директна селекција на принос. На овај начин долази до промена коефицијената корелације међу компонентама приноса али су оне усмерене на добијање физиолошки ефикасног генотипа са високим приносом.

Табела 9. Генетичке корелације између особина прве групе (*HS1* изнад дијагонале) и друге групе потомства (*HS2* испод дијагонале) кукуруза

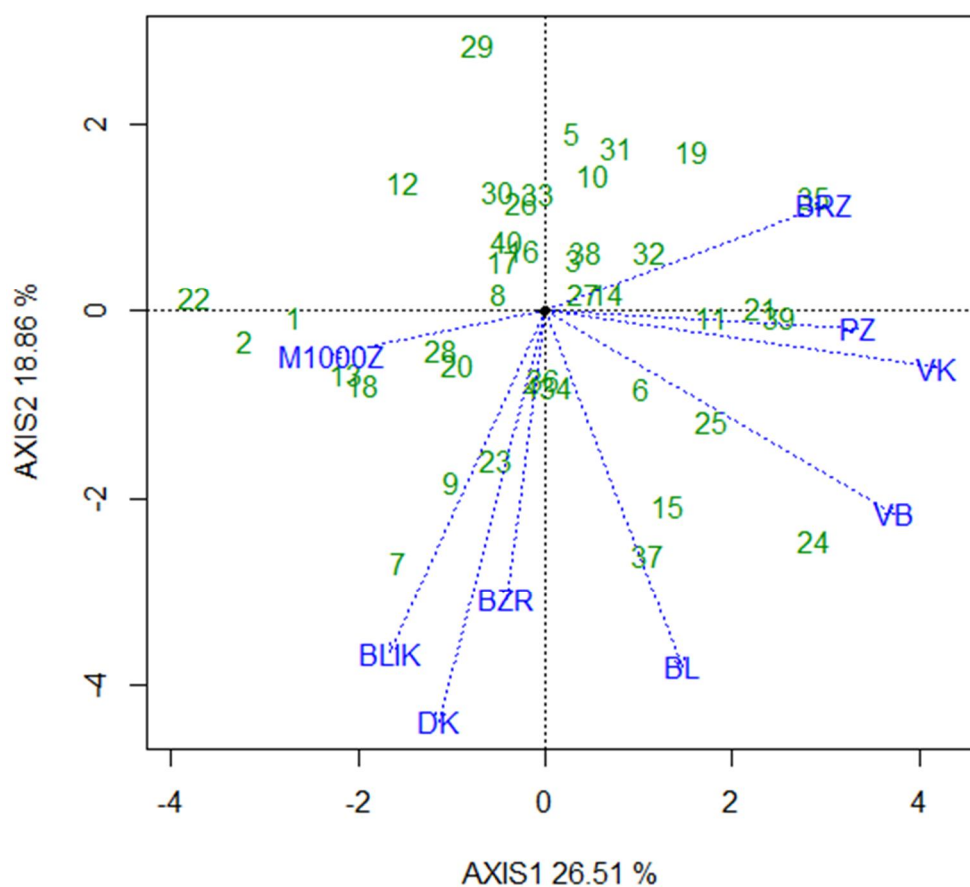
	П.З.	В.Б.	В.К.	Б.Л.	Б.Л.И.К.	Б.Р.З.	Б.З.Р.	Д.К.	М.1000 З.
П.З.		0.322*	0.549**	0.16	-0.274	0.282	0.035	-0.179	-0.138
В.Б.	0.536**		0.738**	0.176	-0.095	0.226	0.053	0.145	-0.102
В.К.	0.518**	0.732**		0.177	-0.509	0.127	0.154	-0.156	-0.076
Б.Л.	0.180	0.305*	0.402**		0.669**	0.036	0.023	0.117	-0.148
Б.Л.И.К.	0.016	0.149	-0.225	0.705**		-0.029	-0.118	0.298	0.012
Б.Р.З.	0.026	0.023	-0.089	-0.441	-0.066		-0.217	-0.641	-0.677*
Б.З.Р.	-0.118	-0.018	0.092	0.163	-0.042	-0.590		0.322	-0.275
Д.К.	-0.574	-0.127	-0.198	0.179	0.307*	-0.418	0.645**		0.083
М.1000 З.	-0.079	0.150	0.068	0.294*	0.160	-0.498	-0.034	0.145	

** $p < 0,01$; * $p < 0,05$

П.З. - принос зрна, В.Б. - висина биљке, В.К. - висина биљке до клипа, Б.Л. - број листова, Б.Л.И.К. - број листова изнад клипа, Б.Р.З. - број редова зрна, Б.З.Р. - број зрна у реду, Д.К. - дужина клипа, М.1000 З. - маса 1000 зрна

Метода мултиваријационе анализе која омогућава визуелни приказ односа особина и пружа информације о томе да ли су одређене особине у позитивној или негативној корелацији је метода генотип-особина (*genotype-by-trait*) биplot анализе (Yan and Tinker, 2005). Угао између вектора који повезују положај појединачних особина на биplotу и координатни почетак биplotа апроксимира корелациону повезаност две особине. Што је угао вектора између две особине мањи, већа је корелациона повезаност тих особина. Прав угао вектора указује да особине нису у корелацији, а туп угао означава негативну корелацију између особина.

На првом биplotу (граф. 4) представљени су подаци 40 генотипова прве групе потомства и 9 посматраних особина. На основу углова између вектора издвојене су две веће групе особина. У прву групу спадају принос зрна (*PZ*), висина биљке до клипа (*VK*), број редова зрна (*BRZ*) и висина биљке (*VB*).



Графикон 4. „генотип-особина“ биplot прве групе потомства (*HS1*) кукуруза

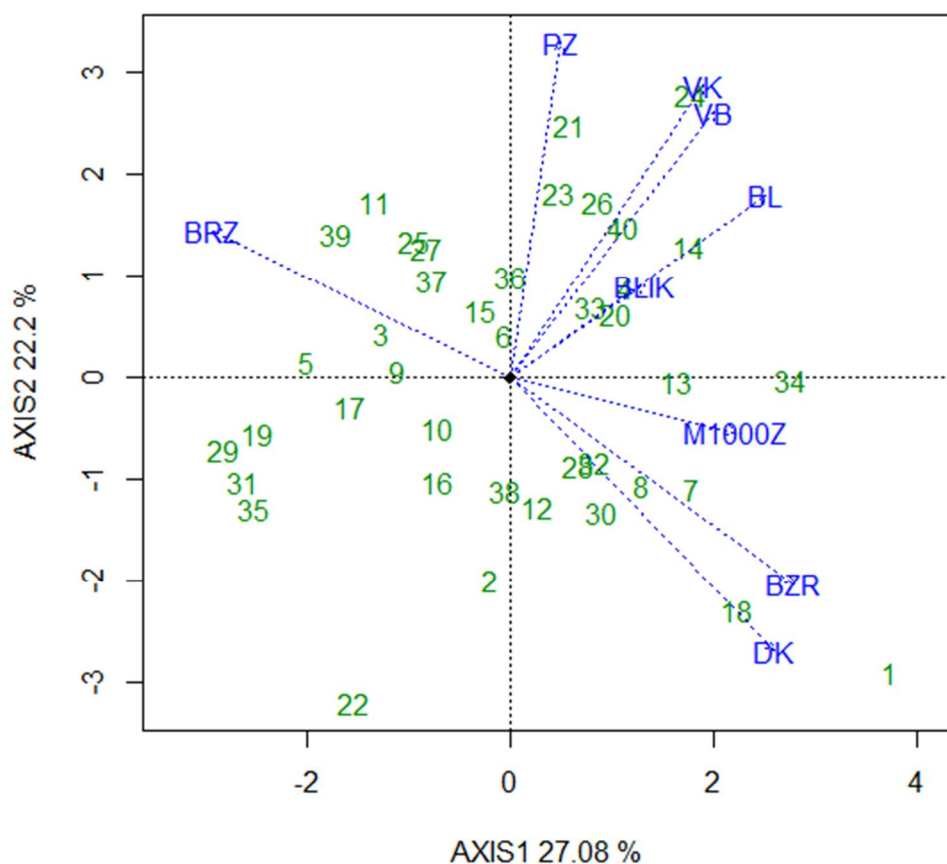
Између ових особина постоји позитивна генетичка корелација, а највећа је између приноса зрна и висине биљке до клипа. У другу групу особина спадају број листова изнад клипа (*BLIK*), дужина клипа (*DK*) и број зрна у реду (*BZR*). Између ове две групе особина корелације су слабо позитивне до слабо негативне. Јака негативна корелација установљена је између прве групе особина и масе 1000 зрна (*M1000Z*).

Резултати добијени генотип-особина (*genotype-by-trait*) биplot анализом код прве групе потомства у великој мери се слажу са резултатима генетичких корелационих коефицијената израчунатих из односа коваријанси и одговарајућих варијанси. Једине разлике могу се уочити када је у питању однос између приноса зрна и броја редова зрна. На биplotу, ове две особине налазе се у јакој корелационој вези за разлику од израчунате вредности коефицијента корелације који је био слаб и несигнификантан за ове две посматране особине.

На другом биplotу (граф. 5) приказано је 40 генотипова друге групе потомства и 9 посматраних особина. На биplotу се издвајају две групе особина између којих постоје позитивне корелације. Прву групу чине принос зрна (*PZ*), висина биљке до клипа (*VK*), висина биљке (*VB*), број листова (*BL*) и број листова изнад клипа (*BLIK*), при чему су у највећој корелацији број листова и број листова изнад клипа. Другу групу чине маса 1000 зрна (*M1000Z*), број зрна у реду (*BZR*), и дужина клипа (*DK*). Број редова зрна (*BRZ*) не спада ни у једну од постојећих група и са првом групом особина је у слабој позитивној или слабој негативној корелацији, а са другом групом у јакој негативној корелацији. Када се ради о другој групи потомства, резултати добијени методом генотип-особина у потпуности се слажу са израчунатим вредностима коефицијената корелације.

Испитујући корелационе односе између приноса зрна и осталих агрономских особина 14 хибрида кукуруза гајених у 9 спољашњих средина методом „генотип-особина“ биplot анализе, *Dolatabad et al.*, (2010) установили су позитивне корелационе односе између масе 1000 зрна и броја зрна у реду што је у сагласности са добијеним резултатима овог истраживања. Истовремено, негативни корелациони односи установљени су између броја редова зрна и броја

зрна у реду, и између броја редова зрна и масе 1000 зрна што је такође у сагласности са овде добијеним резултатима.



Графикон 5. „генотип-особина“ биplot друге групе потомства (*HS2*) кукуруза

„Генотип-особина“ биplot анализа представља веома ефикасну технику мултиваријационе анализе за визуелну интерпретацију међузависности особина (Yan and Rajcan, 2002). Иако се овај метод суштински разликује од метода израчунавања генетичких корелација преко коваријанси и одговарајућих варијанси, добијени резултати су у великој мери у сагласности чиме је потврђена ефикасност оба модела за процену међузависности особина. Међутим, Dolatabad *et al.*, (2010) у својим истраживањима закључују да прости корелациони коефицијенти нису у сагласности са апроксимираним корелационим односима између особина добијених методом „генотип-особина“ биplot анализе. Исти аутори предност дају „генотип-особина“ биplot анализи као мултиваријационој методи која анализира међузависност на бази свих испитиваних особина, док корелациони коефицијенти описују међузависност само између две особине.

6.5. Интеракција генотип-спољашња средина и стабилност приноса зрна две групе потомства кукуруза

Детаљнији увид у природу интеракције генотип спољашња средина од анализе варијансе пружају непараметријски тестови сигнификантности за неунакрсни (*non crossover*) и унакрсни (*crossover*) тип интеракције. Нулта хипотеза по методи *Bredenkamp* (1974), је одсуство неунакрсне интеракције, а по методи *de Kroon and van der Laan* (1981), одсуство унакрсне интеракције. За дводимензионалне податке који се састоје од редова (генотипови) и колона (спољашње средине), постоје два концепта унакрсне интеракције: различит ранг генотипова унутар спољашњих средина $Gx(E)$ и различит ранг спољашњих средина унутар генотипова $Ex(G)$ (*Truberg and Hühn*, 2000). На основу резултата представљених у табели 10 за обе групе потомства установљене су несигнификантне вредности неунакрсне интеракције по *Bredenkamp* методи, док су по методи *de Kroon and van der Laan* сигнификантне вредности ($P < 0,01$) установљене за $Gx(E)$ тип унакрсне интеракције, а несигнификантне за $Ex(G)$ тип унакрсне интеракције.

Табела 10. χ^2 тест вредности интеракције генотип-спољашња средина за принос зрна две групе потомства

Потомство	<i>Bredenkamp</i>	<i>de Kroon and van der Laan</i>	
		$G(E)$	$E(G)$
<i>HS1</i>	127,75 ^{нс}	102,27**	295,88 ^{нс}
<i>HS2</i>	126,08 ^{нс}	105,19**	306,14 ^{нс}

** $p < 0.01$; нс - није сигнификантно

До сличних резултата дошли су и *Delić et al.*, (2009) анализирајући интеракцију генотип-спољашња средина 24 хибрида кукуруза, *Čvarković et al.*, (2009) испитујући стабилност приноса зрна и масе 1000 зрна 24 хибрида кукуруза, *Knezović et al.*, (2002) испитујући стабилност приноса озиме пшенице и *Balalić et al.*, 2011 испитујући стабилност приноса хибрида сунцокрета.

Стабилност приноса обе групе потомства анализирана је преко непараметријских показатеља стабилности, $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$. $S_i^{(1)}$ представља средњу вредност апсолутних разлика ранга генотипова у различитим спољашњим срединама, док $S_i^{(2)}$ представља варијансу ранга појединачних генотипова у спољашњим срединама (Nassar and Hühn, 1987). Најстабилнијим генотипом се сматра онај са вредношћу $S_i^{(1)}=0$ и што мањом варијансом ранга $S_i^{(2)}$ у испитиваним срединама.

Фамилије у оквиру обе групе потомства имале су различите вредности параметара стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$, односно неке су биле више, а неке мање стабилне. Међутим, између две групе потомства нису уочене сигнификантне разлике у стабилности што је и потврђено *Mann-Whitney* тестом (таб. 11).

Табела 11. *Mann-Whitney* непараметријски тест значајности разлике стабилности приноса између група потомства

Групе потомства	$S_i^{(1)}$	$S_i^{(2)}$
HS1:HS2	0,689 ^{нс}	0,881 ^{нс}

нс - није сигнификантно

Živanović et al., (2012) такође су поредили стабилност приноса зрна, али код F_2 популација кукуруза различитих циклуса рекомбинација (R_0 , R_3 , R_5) преко показатеља стабилности $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ и $S_i^{(6)}$. *Mann-Whitney* тестом установљене су високо сигнификантне разлике у стабилности између R_0 и R_5 циклуса и сигнификантне разлике између R_3 и R_5 циклуса за $S_i^{(3)}$ вредности. Сигнификантне разлике за $S_i^{(6)}$ вредности установљене су између R_0 и R_5 циклуса, док разлике између циклуса рекомбинација нису биле сигнификантне за $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ вредности. Исти аутори наводе да су сигнификантни параметри $S_i^{(3)}$ и $S_i^{(6)}$ засновани и на приносу и на стабилности, тако да су добијене разлике највероватније последица разлика у самом приносу а не у стабилности.

Поређење појединачних генотипова на основу стабилности приноса зрна извршено је у оквиру и прве, и друге групе потомства. На основу вредности показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$, најмање измене ранга, а самим тим и највећу стабилност из прве групе потомства показали су генотипови 1, 39, 22 и 30, док је најмању стабилност показао генотип 4 (таб. 12). У другој групи потомства, као најстабилнији су се показали генотипови 40, 23, 10, 2. Најмање стабилан из друге групе потомства био је генотип 31 (таб. 13).

Nassar and Hühn, (1987) предложили су примену теста сигнификантности за $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$. На основу рангова коригованих $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ података добијене су $Z_i^{(1)}$ и $Z_i^{(2)}$ вредности чији збир се упоређује са критичним вредностима χ^2 теста. У првој групи потомства сума $Z_i^{(1)}$ вредности износила је 57,5 чиме је премашена критична вредност $\chi^2 = 55,8$ (таб. 12). У другој групи потомства, суме $Z_i^{(1)} = 49,8$ и $Z_i^{(2)} = 40,5$ биле су ниже од критичне вредности $\chi^2 = 55,8$ тако да у оквиру ове групе нису установљене сигнификантне разлике у стабилности између потомства (таб. 13).

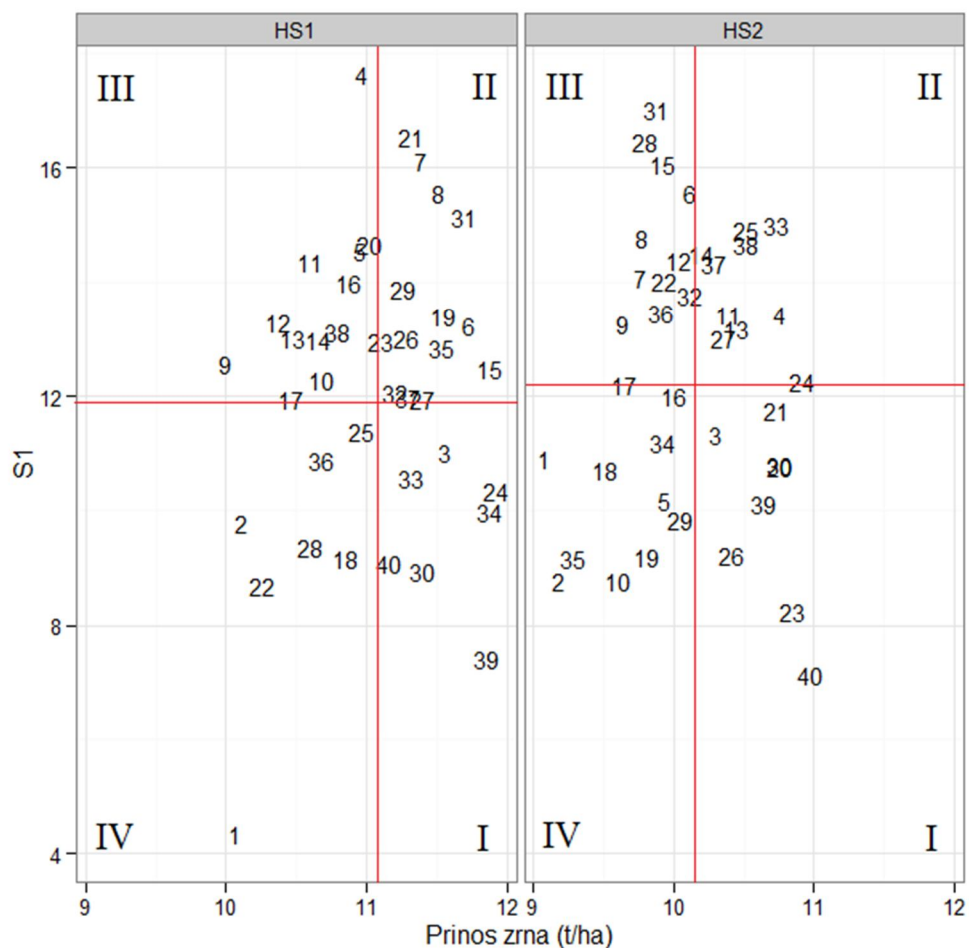
Табела 12. Показатељи стабилности прве групе потомства (*HSI*) кукуруза

Бр.	Пр. зрна (t/ha)	Просечан ранг	$S_i^{(1)}$	$Z_i^{(1)}$	$S_i^{(2)}$	$Z_i^{(2)}$
1	10.07	8.4	4.17	14.17	13.28	6.96
2	10.11	10.3	9.61	2.33	75.50	1.61
3	11.56	24.9	10.86	1.03	86.28	1.07
4	10.97	20.4	17.47	2.91	215.97	3.31
5	10.95	20.8	14.39	0.19	157.51	0.28
6	11.74	28.3	13.06	0.01	129.69	0.01
7	11.39	24.2	15.94	1.16	176.88	0.92
8	11.52	26.6	15.39	0.72	186.74	1.38
9	9.99	10.2	12.39	0.15	140.69	0.03
10	10.68	16.7	12.11	0.25	109.00	0.28
11	10.60	16.1	14.19	0.13	137.90	0.01
12	10.37	13.1	13.11	0.01	133.15	0.00
13	10.47	14.1	12.83	0.04	130.90	0.00
14	10.66	15.6	12.81	0.05	120.84	0.07
15	11.88	27.4	12.31	0.18	106.22	0.35
16	10.87	17.3	13.83	0.04	138.75	0.01
17	10.47	14.6	11.78	0.40	96.28	0.66
18	10.85	17.3	9.00	3.16	62.00	2.45
19	11.55	24.7	13.22	0.00	139.75	0.02
20	11.02	19.3	14.50	0.23	147.75	0.10
21	11.32	23.3	16.39	1.59	193.75	1.77
22	10.26	11.5	8.53	3.89	60.63	2.55
23	11.10	20.7	12.78	0.05	113.75	0.18
24	11.93	29.9	10.17	1.68	81.61	1.29
25	10.96	19.4	11.22	0.75	92.36	0.81
26	11.29	21.8	12.83	0.04	117.76	0.12
27	11.40	26.3	11.78	0.40	102.25	0.46
28	10.60	14.6	9.19	2.88	57.99	2.74
29	11.26	22.9	13.72	0.03	129.78	0.01
30	11.40	24.1	8.78	3.49	55.11	2.95
31	11.69	27.5	14.97	0.46	172.38	0.74
32	11.20	22.2	11.89	0.35	109.69	0.27
33	11.32	24.2	10.39	1.46	95.69	0.68
34	11.88	30.1	9.81	2.09	88.65	0.96
35	11.54	24.1	12.67	0.07	110.92	0.24
36	10.69	16.9	10.72	1.14	83.11	1.22
37	11.30	24.5	11.81	0.39	108.13	0.31
38	10.80	16.0	12.94	0.02	120.50	0.08
39	11.86	29.2	7.22	6.29	42.50	3.98
40	11.16	20.5	8.92	3.28	61.25	2.51
Сума				57.51		43.4
	$E(S_i^{(1)})=13.33$	$\text{Var } S_i^{(1)}=5.92$		$\chi^2_{Z_i^{(1)}, Z_i^{(2)}}=10.4$		
	$E(S_i^{(2)})=133.25$	$\text{Var } S_i^{(2)}=2068.5$		$\chi^2_{\text{sum}}=55.76$		

Табела 13. Показатељи стабилности друге групе потомства (HS_2) кукуруза

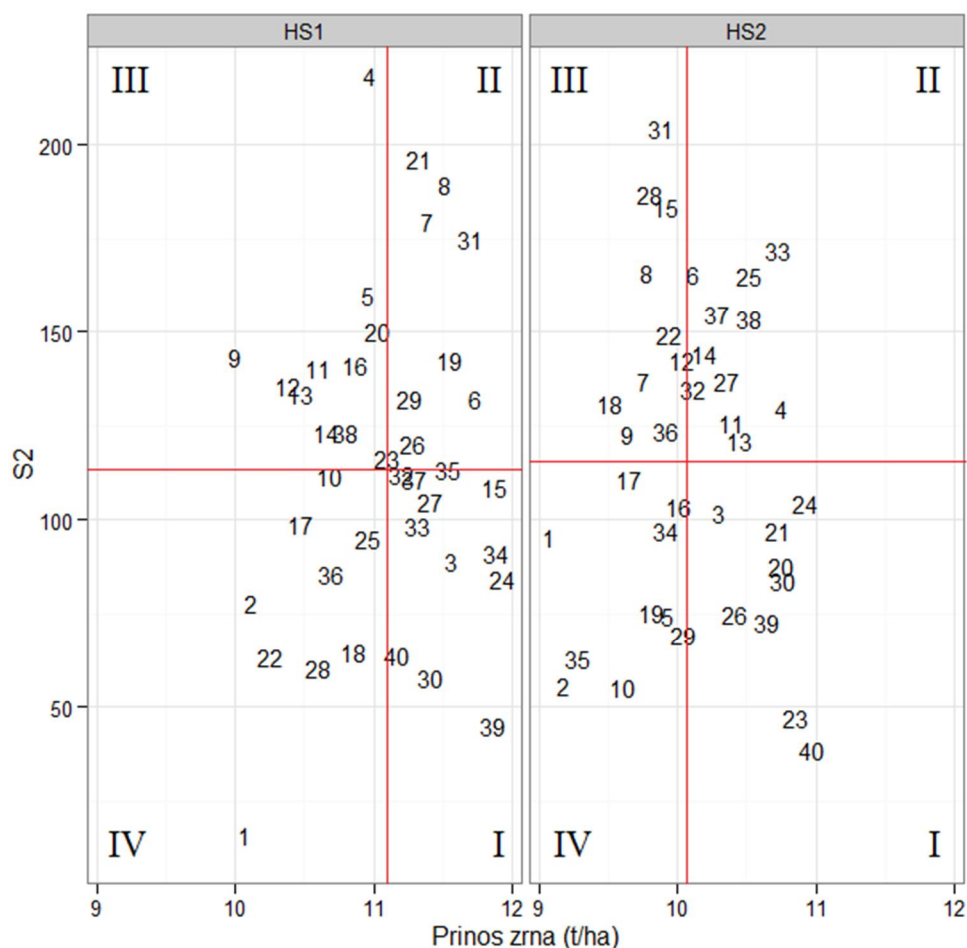
Бр.	Пр. зрна (t/ha)	Просечан ранг	$S_i^{(1)}$	$Z_i^{(1)}$	$S_i^{(2)}$	$Z_i^{(2)}$
1	9.08	9.4	10.75	1.12	92.74	0.79
2	9.17	9.5	8.61	3.75	53.25	3.09
3	10.30	20.6	11.17	0.79	99.28	0.56
4	10.75	26.5	13.25	0.00	127.25	0.02
5	9.93	17.4	10.00	1.87	71.78	1.83
6	10.11	18.6	15.39	0.72	162.99	0.43
7	9.76	17.4	13.92	0.06	134.47	0.00
8	9.77	16.3	14.61	0.28	163.32	0.44
9	9.64	15.0	13.08	0.01	120.31	0.08
10	9.60	13.1	8.61	3.75	52.61	3.14
11	10.39	25.3	13.25	0.00	123.06	0.05
12	10.04	20.7	14.22	0.14	139.69	0.02
13	10.45	24.3	13.00	0.02	118.50	0.11
14	10.20	21.3	14.33	0.17	141.50	0.03
15	9.92	18.3	15.89	1.11	181.00	1.10
16	10.01	18.6	11.83	0.38	101.03	0.50
17	9.65	14.1	12.03	0.28	108.28	0.30
18	9.51	11.2	10.53	1.32	128.25	0.01
19	9.81	14.3	9.03	3.12	72.63	1.78
20	10.75	27.9	10.58	1.27	85.03	1.12
21	10.73	27.9	11.58	0.51	94.40	0.73
22	9.94	17.9	13.86	0.05	146.78	0.09
23	10.85	28.9	8.08	4.64	44.59	3.80
24	10.92	27.8	12.08	0.26	101.63	0.48
25	10.52	25.7	14.75	0.34	162.57	0.42
26	10.42	23.8	9.06	3.08	72.19	1.80
27	10.36	25.6	12.83	0.04	134.34	0.00
28	9.80	19.5	16.31	1.50	184.13	1.25
29	10.04	17.9	9.67	2.26	66.61	2.15
30	10.76	26.7	10.61	1.24	81.50	1.29
31	9.88	19.7	16.86	2.11	201.69	2.26
32	10.11	19.3	13.61	0.01	132.00	0.00
33	10.73	27.3	14.83	0.38	169.25	0.63
34	9.92	19.7	11.03	0.89	94.69	0.72
35	9.28	10.3	9.00	3.16	60.50	2.56
36	9.91	18.3	13.28	0.00	120.94	0.07
37	10.29	22.9	14.17	0.12	152.40	0.18
38	10.52	24.6	14.50	0.23	151.03	0.15
39	10.64	25.5	9.94	1.93	70.00	1.93
40	10.97	30.7	6.94	6.88	35.94	4.58
Сума				49.81		40.50
	$E(S_i^{(1)})=13.33$	$Var S_i^{(1)}=5.92$		$\chi^2_{Z_i^{(1)}, Z_i^{(2)}}=10.4$		
	$E(S_i^{(2)})=133.25$	$Var S_i^{(2)}=2068.5$		$\chi^2_{sum}=55.76$		

Графикони који стављају у однос принос зрна испитиваних генотипова и показатеље стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ омогућавају визуелни приказ на основу кога је могуће издвојити, са аспекта приноса и стабилности, најпожељније генотипове. Средње вредности приноса зрна и показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ или $S_i^{(2)}$ деле графикон на четири сектора. У првом сектору налазе се генотипови који су остварили принос виши од просечног, а имају ниске $S_i^{(1)}$ или $S_i^{(2)}$ вредности што их истовремено чини и стабилним. У други сектор спадају генотипови који су остварили принос изнад просечног али имају високе $S_i^{(1)}$ или $S_i^{(2)}$ вредности и самим тим су нестабилни. У трећу и четврту групу спадају генотипови са приносом испод просечног за посматрану групу потомства.



Графикон 5. Однос приноса зрна и $S_i^{(1)}$ вредности две групе потомства (HS1) кукуруза

У првом сектору графикана 5. који ставља у однос принос зрна и $S_i^{(1)}$ вредност прве групе потомства налазе се генотипови 39, 34, 24, 3, 30, 40, 33 и 27. У другој групи потомства у поље првог сектора улазе генотипови 40, 23, 30, 20, 24, 21, 39, 26 и 3. Ови генотипови издвајају се као најстабилнији и са приносом изнад просечног у односу на остале генотипове из своје групе. Веома сличан распоред генотипова видљив је и на графикону који приказује однос приноса зрна и $S_i^{(2)}$ вредности (граф. 6). Основни разлог сличне класификације генотипова је веома висок и сигнификантан коефицијент корелације ранга између $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ вредности код обе групе потомства (таб. 14). Високе вредности коефицијената корелације ранга између $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ вредности установили су и многи други аутори (Delić et al., 2009; Flores et al., 1998; Scapim et al., 2000; Balalić et al., 2011; Yue et al., 1996).



Графикон 6. Однос приноса зрна и $S_i^{(2)}$ вредности две групе потомства (HS2) кукуруза

Табела 14. *Spearman* - ове корелације ранга између непараметријских показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$

Потомство	$S_i^{(1)}$ vs. $S_i^{(2)}$
HS1	0.975**
HS2	0.967**

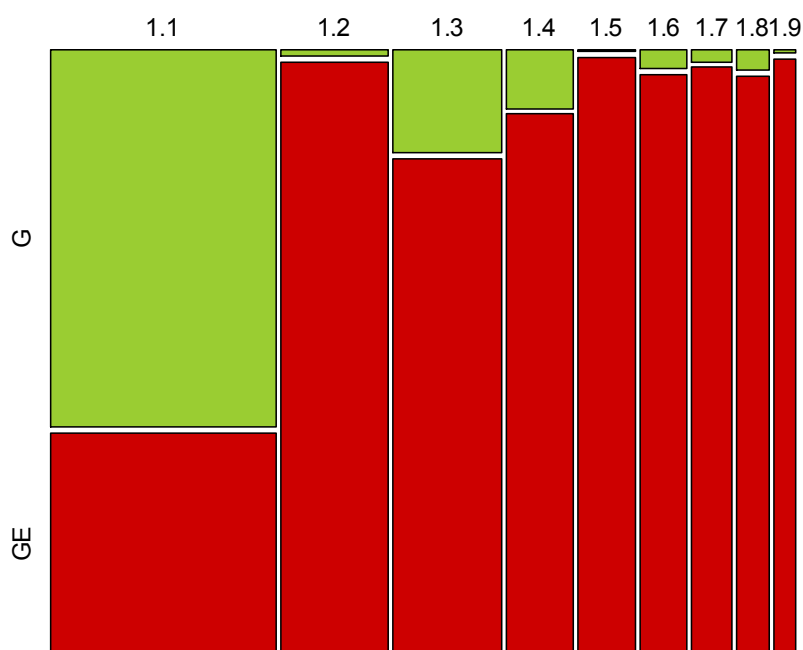
** $p < 0,01$

Постојање високих корелација ранга између показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ оправдава избор једног од њих за правилну процену стабилности. *Hühn*, (1990) предност даје параметру $S_i^{(1)}$ јер је једноставнији за израчунавање и интерпретацију резултата. Према *Scapim et al.* (2000) непараметријски показатељи стабилности представљају корисну алтернативу параметријским методама, при чему за њихову примену није потребно постојање нормалне расподеле и хомогености варијанси, а такође ни ортогоналности података. Основни недостатак показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$, према већини аутора јесте њихова везаност за статички (биолошки) концепт стабилности (*Farshadfar et al.*, 2012; *Nassar and Hühn*, 1987; *Scapim et al.*, 2000; *Mohammadi et al.*, 2009). Овај концепт стабилности углавном није прихватљив за већину оплемењивача и агронома који предност дају високо приносним генотиповима који позитивно реагују на побољшање технологије производње, као и на повољније услове спољашње средине (*Becker*, 1981). На мању поузданост ових показатеља може утицати и мали узорак (број генотипова), што треба избегавати када је то могуће (*Ivanović*, 2013, *personalna komunikacija*).

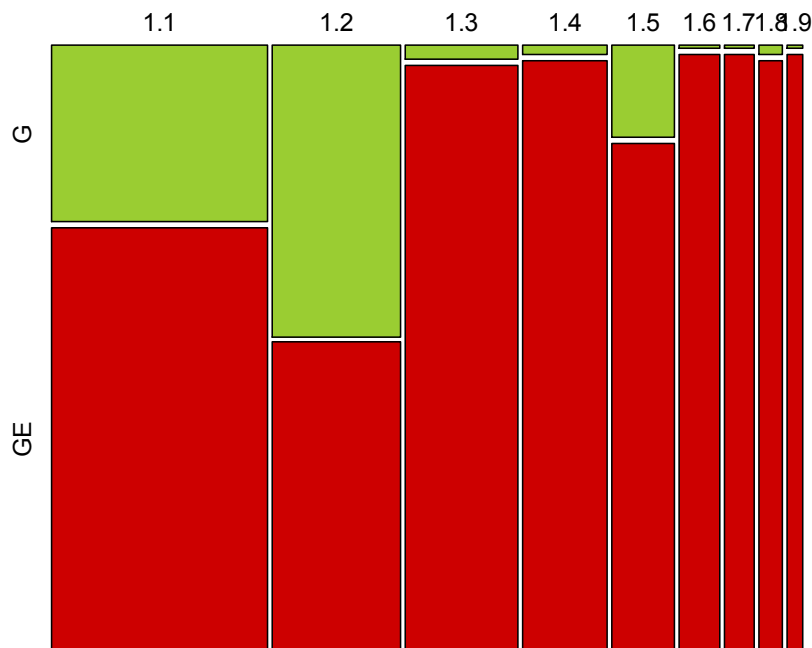
Перформансе генотипова у погледу приноса и стабилности приноса могуће је проценити и методом *GGE* биplot анализе користећи такозвани „*Mean vs. Stability*“ приказ (просечна вредност и стабилност приноса). Овај приказ заснован је на такозваној *AEC* (просечна координата спољашње средине) методи (*Yan*, 2001; *Yan and Hunt*, 2001). Просечна спољашња средина је дефинисана просечним PC_1 и PC_2 вредностима свих средина и представљена је кружићем. Линија која истовремено пролази кроз кружић и координатни почетак назива се просечна апсциса спољашње средине (*AEA*). Линија која је управна на *AEA* линију и пролази кроз координатни почетак назива се просечна ордината спољашње средине (*AEO*). Ова линија дели генотипове на оне који су имали вишу вредност

приноса (или друге анализирани особине) од просечног (десно од ње) и на генотипове са нижим вредностима од просечног (лево од ње). Пројекцијом генотипова на AE апсцису они се рангирају по вредностима посматране особине при чему та вредност расте у смеру стрелице. Стабилност генотипова зависи од њихове удаљености од AE апсцисе. Генотипови ближи овој апсциси су стабилнији од генотипова који су удаљенији од ње.

Применом GGE биplot анализе на 40 генотипова прве и друге групе потомства у 9 спољашњих средина (комбинације локалитета и година) установљен је низак проценат ефекта генотипа (G) у односу на интеракцију (GE) у првој главној компоненти PC_1 . У случају прве групе потомства ($HS1$) удео ефекта генотипа у првој главној компоненти износио је 24,2%, а у другој групи потомства ($HS2$) 19,6% (граф. 7 и 8). Овакав однос указује на постојање ниске корелације између PC_1 скорова генотипова и главног ефекта генотипа. Код прве групе потомства корелација је износила 0,909, а код друге групе свега 0,674. Ниске корелације указују на присуство изразито јаке и комплексне интеракције која се јавља у случају вишегодишњих података (комбинације локалитета и година), на шта година, по правилу, има примарни утицај.



Графикон 7. Удео ефекта генотипа (G) и интеракције (GE) у главним компонентама код прве групе потомства ($HS1$) кукуруза



Графикон 8. Удео ефеката генотипа (G) и интеракције (GE) у главним компонентама код друге групе потомства ($HS2$) кукуруза

Интеракција генотипа са годином (временска варијабилност) условљена је многобројним факторима, пре свега неповољним распоредом и количином падавина, док је интеракција генотипа и локације предвидљивије природе (*Allard and Bradshaw, 1964*). У том случају, графички приказ „*Mean vs. Stability*“ није довољно поуздан и не може да пружи релевантне информације о перформансама генотипова у погледу стабилности и висине приноса (*Yan et al., 2001*).

Један од начина да се проблем овакве природе превазиђе и да се методом GGE биplot анализе добију што прецизније информације о понашању генотипова јесте примена анализе на податке за сваку годину појединачно (2009, 2010, 2011).

Анализом варијансе установљен је високо сигнификантан утицај године, спољашње средине, генотипа и интеракције година \times спољашња средина код обе групе потомства и сигнификантан утицај интеракције генотип \times година код друге групе потомства. Високе вредности средине квадрата локалитета указују на

њихову велику хетерогеност. Поред локалитета присутан је и висок утицај године што указује да су се три посматране године међусобно веома разликовале (таб.15).

Табела 15. Средине квадрата анализе варијансе две групе потомства (*HS1* и *HS2*) кукуруза

Извор варијације	<i>df</i>	<i>MS</i>	
		<i>HS1</i>	<i>HS2</i>
Година (<i>A</i>)	2	212.621**	299.445**
Локалитет (<i>B</i>)	2	537.172**	824.853**
Генотип (<i>C</i>)	39	5.099**	4.311**
<i>A</i> × <i>B</i>	4	137.054**	60.279**
<i>B</i> × <i>C</i>	78	1.471	1.827
<i>A</i> × <i>C</i>	78	2.315	2.804*
<i>A</i> × <i>B</i> × <i>C</i>	156	2.095	2.108

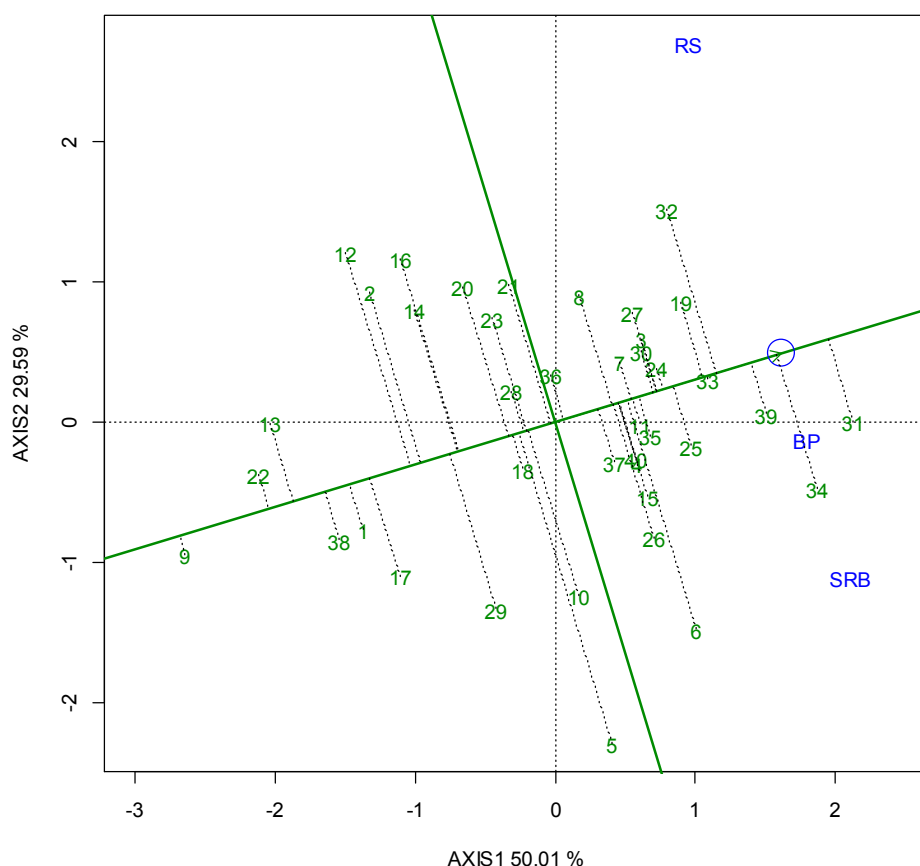
** $p < 0,01$; * $p < 0,05$

Добијени резултати анализе варијансе уобичајени су за вишегодишње мулти-локацијске огледе и у сагласности су са резултатима већине аутора (*Setimela et al.*, 2007; *Sharma et al.*, 2008; *Dehghani et al.*, 2009).

На основу метеоролошких података представљених у табелама 2, 3 и 4, уочљива су већа варирања основних метеоролошких показатеља између година него између локалитета. Вегетациони период 2009. године имао је уобичајена обележја метеоролошких показатеља за наш климат изузев одређених одступања у току пролећног и летњег периода. Топлотни услови су мало одступали од уобичајених, међутим услови влажности у северном делу земље (Војводина) имали су карактер блаже суше. У 2010. години, у току вегетационог периода, забележена су одређена одступања у односу на уобичајена обележја карактеристична за наш климат. Година је била топлија за око 1,3°C, али са знатно већим приливом влаге (око 40%) у односу на вишегодишњи просек. У 2011. години забележени су нешто топлији услови од вишегодишњег просека, али у погледу влажности забележен је дефицит у односу на уобичајене вредности од око 17%, што је окарактерисано као појава суше у већем делу земље (Агрометеоролошки годишњак). Различити климатски услови који су карактерисали три посматране године утицали су и на остварене приносе кукуруза. Највећи приноси обе групе потомства остварени су у 2009. години

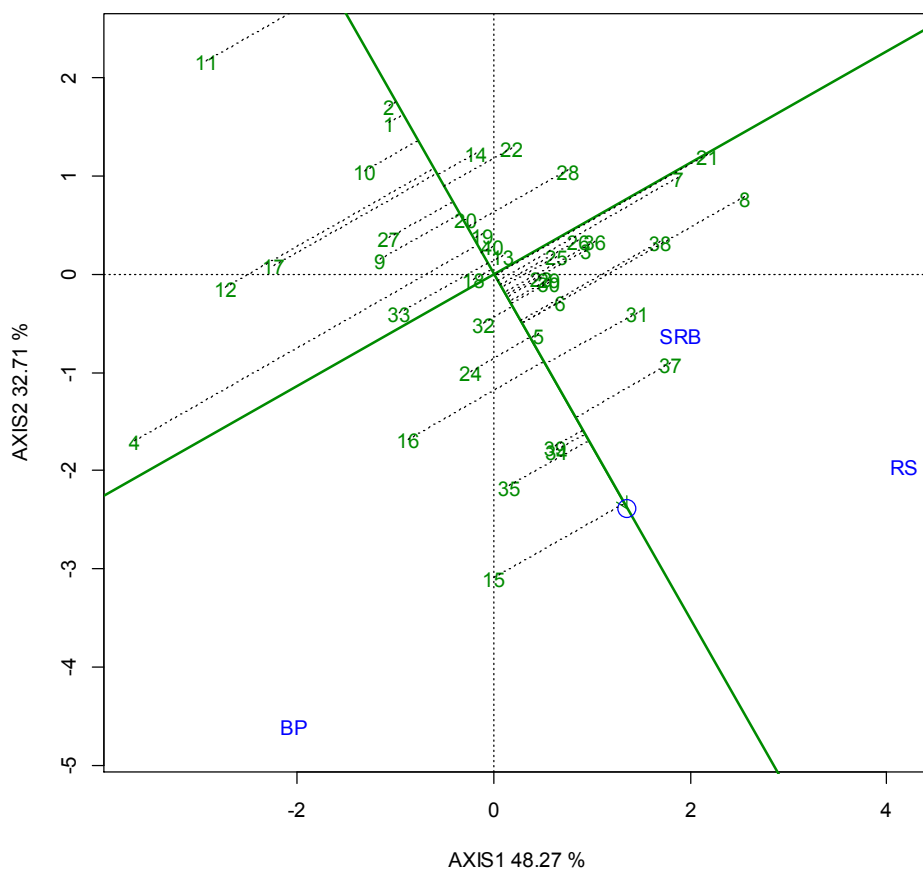
(12,79 t/ha за *HS1* и 12,18 t/ha за *HS2*). У 2010. години остварени су нижи приноси (10,29 t/ha за *HS1* и 9,65 t/ha за *HS2*) у односу на претходну годину, док су у 2011. години приноси обе групе потомства били најнижи од све три посматране године (10,11 t/ha за *HS1* и 8,57 t/ha за *HS2*).

Укупна варијанса генотипа и интеракције генотип-спољашња средина ($G+GE$) разложена је методом анализе главних компонената, при чему су у 2009. години, код прве групе потомства, прве две главне компоненте заједно обухватале 79,60% (50,01% PC_1 , 29,59% PC_2), 2010. године 80,98% (48,27% PC_1 , 32,71% PC_2) и 2011. године 79,05% (53,18% PC_1 , 25,87% PC_2) укупне варијације. У другој групи потомства у 2009. години прве две главне компоненте заједно су обухватале 81,20% (61,76% PC_1 , 19,44% PC_2) варијације, у 2010. 77,63% (48,86% PC_1 , 28,77% PC_2) и у 2011. години 76,34% (47,58% PC_1 , 28,76% PC_2).

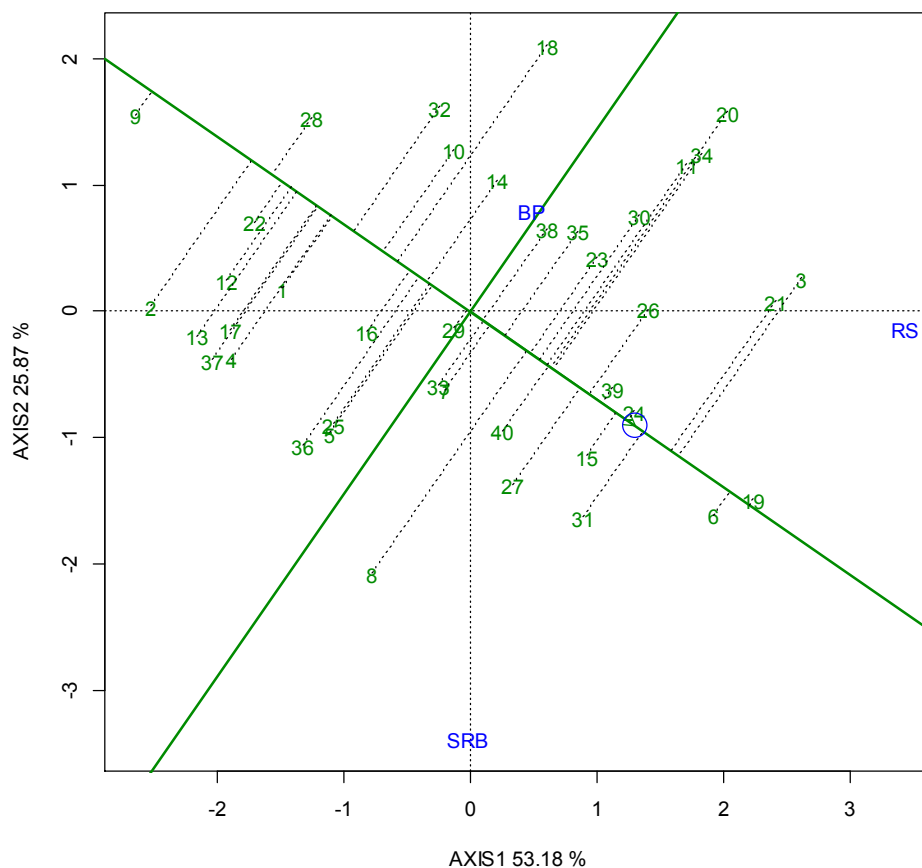


Графикон 9. Приказ просечних вредности и стабилности приноса (*Mean-vs-stability*) 40 генотипова прве групе потомства (*HS1*) кукуруза у 2009. години

У 2009. години, на биplotу који приказује просечне вредности и стабилност приноса (*Mean vs. Stability*) прве групе потомства, изнад просечне вредности приноса зрна и истовремено високу стабилност постигли су генотипови редом: 31, 39, 33, 19, 25, 24, 3, 27, 30, 35 (граф. 9). У 2010. години редослед генотипова је био следећи: 35, 34, 39, 37, 31, 5, 24, 6, 32, и 30, а у 2011. години 19, 6, 31, 24, 15, 39, 26, 40, 7, 33 (граф. 10 и 11).



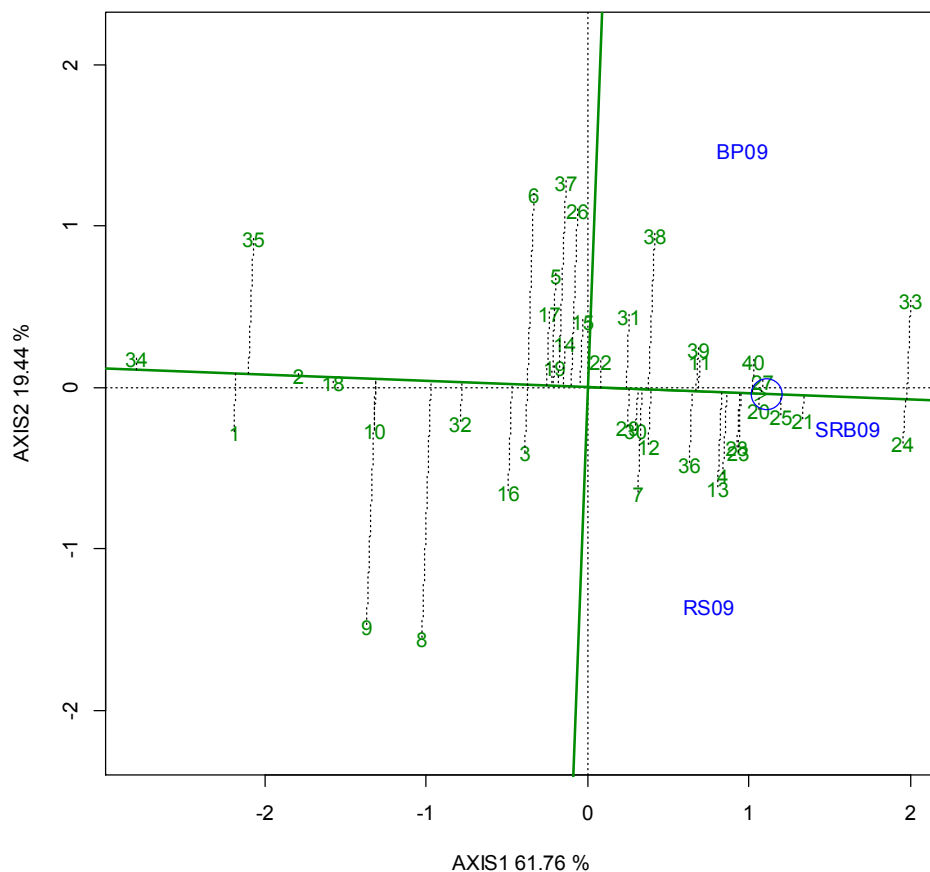
Графикон 10. Приказ просечних вредности и стабилности приноса (*Mean-vs-stability*) 40 генотипова прве групе потомства (*HSI*) кукуруза у 2010. години



Графикон 11. Приказ просечних вредности и стабилности приноса (*Mean-vs-stability*) 40 генотипова прве групе потомства (*HSI*) кукуруза у 2011. години

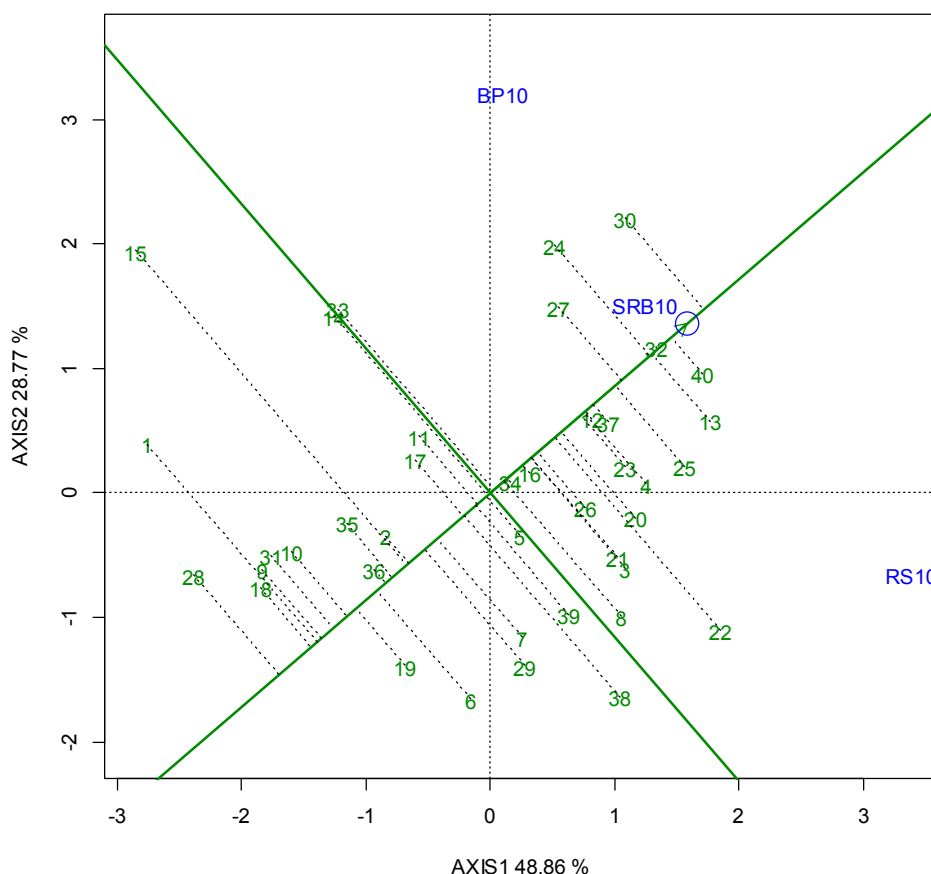
У све три посматране године редослед генотипова се разликовао из године у годину. Међутим, три генотипа су у току све три посматране године била у групи од 10 водећих, а то су 31, 39 и 24. У 2009. и 2010. години у исту групу спадају и генотипови 30 и 35, а за 2009. и 2011. годину заједнички су били генотипови 19 и 33.

У другој групи потомства, у 2009. години, редослед генотипова у зависности од постигнутог приноса и стабилности био је следећи: 24, 21, 25, 27, 20, 40, 23, 28, 4 и 39. У 2010. години најприноснији и истовремено стабилан био је генотип 40, па редом 32, 13, 27, 37, 12, 4, 23, 26 и 16. У 2011. години у групу од 10 најпожељнијих генотипова спадају: 4, 39, 24, 9, 23, 40, 29, 6, 10 и 13.



Графикон 12. Приказ просечних вредности и стабилности приноса (*Mean-vs-stability*) 40 генотипова друге групе потомства (*HS2*) кукуруза у 2009. години

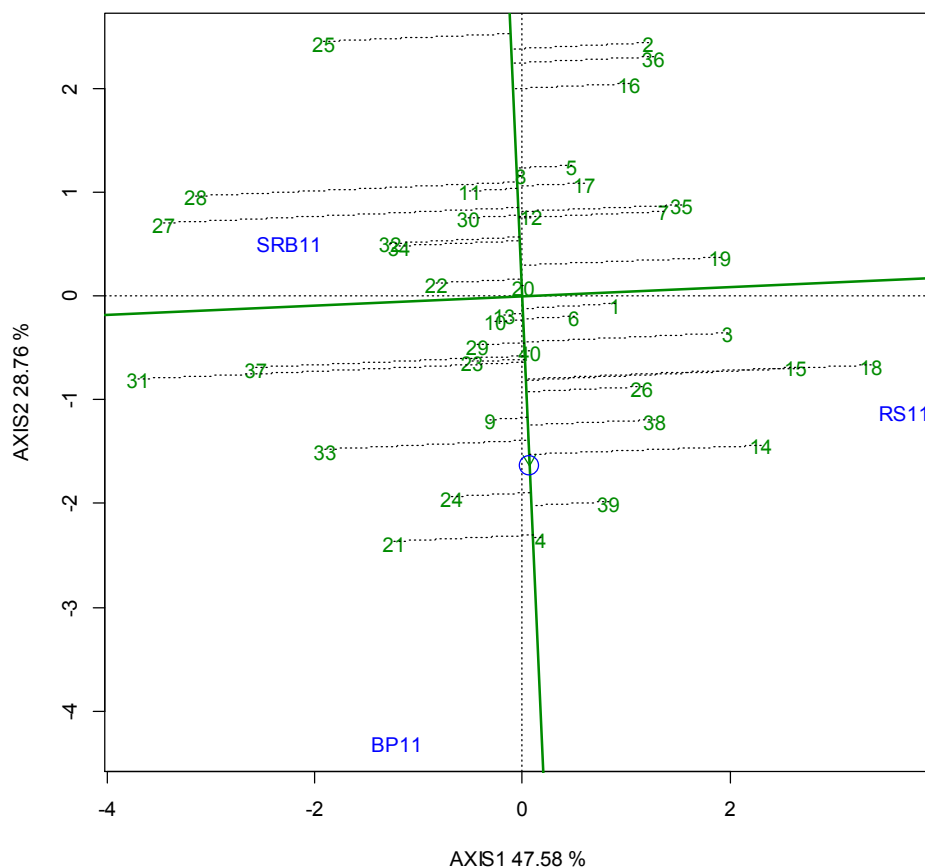
У све три посматране године у водећу групу спадају генотипови 4, 40 и 23. Поновљивост у две посматране године (2009 и 2011) показали су генотипови 39 и 24 (Граф.12,13 и 14).



Графикон 13. Приказ просечних вредности и стабилности приноса (*Mean-vs-stability*) 40 генотипова друге групе потомства (*HS2*) кукуруза у 2010. години

У случају када је *GGE* биplot анализом процењена свака од три године појединачно, код обе групе потомства у све три посматране године утврђене су високе корелације ($>0,95$) између ефекта генотипа (*G*) и прве главне компоненте (*PC1*). Овим је потврђена поузданост модела за оцену перформанси генотипова у погледу висине и стабилности приноса зрна. На овакве резултате утицала је и одговарајућа величина узорка, расподела блиска нормалној и консеквентно,

значајна пропорција прве главне компоненте (*PC1*) од око 50% код обе групе потомства.



Графикон 14. Приказ просечних вредности и стабилности приноса (*Mean-vs-stability*) 40 генотипова друге групе потомства (*HS2*) кукуруза у 2011. години

Идентификација стабилних и високо приносних генотипова је најбољи начин да се избегну негативне последице интеракције. Метод *GGE* биplot анализе омогућава јасну процену вредности генотипова у погледу њихове стабилности и потенцијала за принос. Посебан значај према *Alwala et al.*, (2010) овај метод има у селекцији супериорних генотипова у раним фазама тестирања, када је укључен велики број генотипова, и када је основни циљ елиминација мање перспективних генотипова из даљег процеса селекције. У овом истраживању, у свакој од три посматране године, издвојено је десет генотипова највећег

потенцијала за принос и стабилност приноса, односно генотипова са високим PC_1 и ниским PC_2 вредностима. У првој групи потомства, поновљивост у две, или све три године испитивања, показало је седам генотипова (три у току све три посматране године и по два са поновљивошћу у две године), а то су 31, 39, 24, 30, 35, 19 и 33. У другој групи потомства, поновљивост у све три или у две године испитивања показали су генотипови 4, 40, 23, 39 и 24. Две фамилије (39 и 24) су са оба тестера (26НС и 72НС) приказале висок потенцијал за принос и стабилност приноса, док су се у комбинацији са првим тестером (26НС) издвојиле фамилије 31, 30, 35, 19 и 33, а са другим (72НС) 4, 40 и 23. Добијени резултати указују на то да највећу перспективу за даљи процес селекције и са првим, и са другим тестером имају генотипови 39 и 24. Ове генотипове вероватно карактерише највећи број пожељних доминантних алела. Остали издвојени генотипови такође могу бити перспективни, међутим у комбинацији са њима одговарајућим тестером.

До данас је развијен велики број статистичких модела који се са успехом могу користити у процени адаптабилности и стабилности генотипова. Међутим, често се јављају потешкоће у одабиру најпогоднијег од њих. Избор адекватног модела најчешће зависи од: броја генотипова и спољашњих средина које учествују у анализи, разлика између спољашњих средина, математичког модела који одговара датом сету података, дефинисаног концепта стабилности и од могућности једноставне примене и интерпретације резултата (*Farshadfar et al.*, 2012). Када се упореде резултати непараметријских показатеља стабилности (граф. 5 и 6) који су анализирани кроз комбинацију година и локалитета (9 спољашњих средина), и резултати *GGE* биplot анализе за сваку годину појединачно (граф. 9-14), обе методе издвојиле су неколико истоветних генотипова. У првој групи потомства то су генотипови 39, 24, 30 и 33, а у другој 40, 23 и 24. Овакви резултати потврђују поузданост оба модела у издвајању стабилних и високо приносних генотипова у процесу селекције. Међутим, приликом њиховог избора треба узети у обзир и комплексност односа између генотипова, спољашњих средина и интеракције, као и евентуална ограничења примене датих модела.

7. Закључак

На основу изнетих резултата истраживања, могу се дефинисати следећи закључци:

- ❖ Прва група потомства (*HS1*) кукуруза остварила је више просечне вредности у односу на другу групу (*HS2*) за: принос зрна (11,06:10,13), висину биљке (292,81:276,1), број листова изнад клипа (5,90:5,59), број зрна у реду (39,85:36,89), дужину клипа (18,60:17,59) и масу 1000 зрна (371,92:325,82), а ниже за број редова зрна (16,64:14,94).
- ❖ Генетичке варијансе већине посматраних особина код обе групе потомства имале су приближно једнаке вредности и нису се сигнификантно разликовале, изузев за број листова, где је вредност генетичке варијансе друге групе потомства (0,068) била сигнификантно већа него код прве групе (0,036). Вредности генетичких варијанси кретале су се у интервалу од 0,016 за број листова изнад клипа, до 154,28 за масу 1000 зрна код прве групе, и од 0,022 за број листова изнад клипа, до 150,56 за масу 1000 зрна код друге групе потомства.
- ❖ 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 0,577 за принос зрна до 0,939 за број редова зрна код прве групе, и од 0,449 за принос зрна до 0,946 за број редова зрна код друге групе потомства.
- ❖ Генетички корелациони коефицијенти између приноса зрна и других агрономских особина углавном су били слаби и несигнификантни. Најјаче сигнификантне позитивне корелационе везе установљене су између приноса зрна и висине биљке до клипа (0,549**) код прве групе и између приноса зрна и висине биљке (0,536**) код друге групе потомства.
- ❖ Генетичке корелационе везе добијене методом Генотип-особина биplot анализе у великој мери су у сагласности са израчунатим коефицијентима корелација преко одговарајућих варијанси и коваријанси.

- ❖ Непараметријским тестовима за анализу интеракције генотип-спољашња средина по *Breedenkamp*-у и *de Kroon and van der Laan*-у установљено је присуство унакрсне (*crossover*) интеракције.
- ❖ На основу вредности непараметријских показатеља стабилности $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$ између прве и друге групе потомства нису установљене сигнификантне разлике у стабилности што је потврђено *Mann-Whitney* тестом ($S_i^{(1)}=0,689^{nc}$, $S_i^{(2)}=0,881^{nc}$)
- ❖ Непараметријском методом испитивања стабилности преко показатеља $S_i^{(1)}$ и $S_i^{(2)}$, у првој групи потомства најстабилнији генотипови са истовремено изнад просечним приносом били су: 39, 34, 24, 3, 30, 40, 33 и 27, а у другој групи: 40, 23, 30, 20, 24, 21, 39, 26 и 3.
- ❖ Методом *GGE* биplot анализе, када је стабилност приноса анализирана за сваку годину појединачно, поновљивост у оквиру све три, или две године испитивања показали су генотипови: 31, 39, 24, 30, 35, 19 и 33 у првој групи потомства и 4, 40, 23, 39, 24 у другој групи.
- ❖ Генотипови 39 и 24 показали су се као најперспективнији за даљи наставак селекције са било којим од два коришћена тестера што указује да се у њима налази највећи број пожељних алела. Остали издвојени генотипови се такође могу сматрати перспективним али у комбинацији са њима одговарајућим тестером.
- ❖ Метода *GGE* биplot анализе омогућава предикцију динамичког концепта стабилности и може бити од велике користи за анализу генотипова у раним генерацијама тестирања, када је примарни циљ одабир најперспективнијих и елиминација мање перспективних генотипова.

8. Литература

- Agrometeorološki godišnjak, Republički Hidrometeorološki Zavod Srbije, preuzeto sa: <http://www.hidmet.gov.rs/latin/meteorologija/agrometeorologija.php> (14.03.2013)
- Ahmad, N., Hidayat-ur-Rahman, Mahmood, F., Ahmad, S., Ali, R., Ali, A. (2012) Evaluation of Half -Sib Families Derived from Maize Variety Sarhad White for Grain Yield and Agronomic Traits, Middle-East Journal of Medicinal Plants Research 1(4): 80-85.
- Ajala, S.O., Ago, C.E., Olaoye, G. (2009) Comparison of predicted responses to three types of recurrent selection procedures for the improvement of a maize (*Zea mays* L.) population, Journal of Plant Breeding and Crop Science Vol. 1(8): 284-292.
- Allard, R.W., Bradshaw, A.D. (1964) Implication of genotype-environmental interaction in applied plant breeding. Crop Sci 5: 503-506.
- Allison, J.C.S., Curnow, R.W. (1966) On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci. 6: 641-644.
- Alvi, M.B., Rafique, M., Tariq, M.S., Hussain, A., Mahmood, T., Sarwar, M. (2003) Character association and path coefficient analysis of grain yield and yield components maize (*Zea mays* L.). Pak. J. Biol. Sci. 6:136-138.
- Alwala, S., Kwolek, T., McPferon, M., Pellov, J., Meyer, D. (2010) A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analysis to identify stable and high yielding maize hybrids. Field Crops Res.199: 225-230.
- Andelković, V. (2000) Identifikacija pokazatelja otpornosti kukuruza (*Zea mays* L.) prema suši kod potomstva sa egzotičnom germplazmom, Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Novi Sad.
- Annicchiarico, P. (2002) Genotype by environment interaction - Challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. FAO, Rome, 5-12.
- Babić, V. (2011) Genetičke komponente stabilnosti hibrida kukuruza (*Zea mays* L.), Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Beograd-Zemun.
- Balalić, I., Zorić, M., Miklič, V., Terzić, S., Radić, V. (2011) Nonparametric stability analysis of sunflower oil yield trials. Helia 34: 67-78.

- Balestre, M., Candido de Souza, J., Garcia von Pinho, R., Lunzzo de Oliveira, R., Muro Valente Paes, J. (2009) Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 9: 219-228.
- Barah, B.C., Binswanger, H.P., Rana, B.S., Rao, G.P. (1981) The use of risk aversion in plant breeding: concept and application. *Euphytica.* 30: 451-458.
- Bauman, L.F. (1981) Review of methods used by breeders to develop superior inbreds. *Proc. Corn and Sorghum Ind. Res. Conf.*, 36: 199.
- Becker, H. C. (1981) Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica* 30: 835-840.
- Becker, H.C., Leon, J. (1988) Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101: 1-23.
- Bekavac, G., B. Purar, M. Stojaković, Đ. Jocković, M. Ivanović, A. Nastasić (2007) Genetic analysis of stay-green trait in broad-based maize populations. *Cereal Research Communications*, 35 (1): 31-41.
- Bernardo, R. (1991) Correlation between testcross performance of lines in early and late selfing generations. *Theor. Appl. Genet.* 82:17-21.
- Boćanski, J. (1995) Genetička i fenotipska međuzavisnost morfoloških osobina i žetvenog indeksa kod BSSS populacija kukuruza (*Zea mays* L.). *Doktorska disertacija*, Poljoprivredni fakultet, Novi Sad.
- Borojević, S. (1981) Principi i metodi oplemenjivanja bilja. *Naučna knjiga*, Beograd.
- Bredenkamp, J. (1974) Nonparametrische Prüfung von Wechselwirkungen. *Psychologische Beiträge* 16: 398-416.
- Burak, R., J.L. Magoja, (1991) Yield and yield components of full-sib and half-sib families derived from a perennial teosinte introgression population. *Maize Genet. Corp Newslett.*: 67-76.
- Burton, J.W., Penny, L.H., Hallauer, A.R. and Eberhart, S.A. (1971) Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. *Crop Sci.*, 11: 361-365.
- Carena, M.J.(ed.) (2009) *Maize Breeding. Handbook Of Plant Breeding: Cereals. Vol. 3.* Springer Science + Business Media LLC. 3-98.
- Cochran, W.G., Cox, M.G. (1957) *Experimental designs.* John Wiley and Sons, Inc., New York, Chichester, Brisbane, Toronto, Singapore.

- Comstock, R.E., Moll, R.H. (1963) Genotype-environment interaction. In Statistical genetics and plant breeding, eds. W.D. Hanson and H.F. Robinson, 164-196. Washington/DC: National Academy of Science-National Research Council.
- Cornelius, P.L., Crossa, J., Seyedsadr, M.S. (1996) Statistical test and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: Kang, M.S. and Gauch, H.G. (eds.). Genotype-by-environment interaction. Boca Raton, FL, CRC Press. pp: 199-234.
- Cornelius, P.L., Seyedsadr, M.S., Crossa, J. (1992) Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials. Theoretical Applied Genetics 84: 161-172.
- Cornelius, P.L., Van Sanford, D.A., Seyedsadr, M.S. (1993) Clustering cultivars into groups without rank-change interactions, Crop Sci. 33: 1193-1200.
- Crossa, J. (1990). Statistical analyses of multi-location trials. Adv. Agron. 44: 55-85.
- Crossa, J., Cornelius, P.L. (2002) Linear-bilinear models for the analysis of genotype-environment interaction. p. 305-322. In M.S. Kang (ed.) Quantitative genetics, genomics and plant breeding. CAB Int., Oxford, UK.
- Crossa, J., Cornelius, P.L., Yang, W. (2002) Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype-environment interaction. Crop Sci. 42: 619-633.
- Čvarković, R., Branković, G., Čalić, I., Delić, N., Živanović, T., Šurlan-Momirović, G. (2009) Stability of yield and yield components in maize hybrids. Genetika, 41(2): 215-224
- de Kroon, J., van der Laan, P. (1981). Distribution-free test procedures in two-way layouts: A concept of rank-interaction. Stat. Neerl. 35: 189-213.
- 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 Breeding and Applied Biotechnology 10: 247-253.
- Dehghani, H., Sabaghnia, N., Moghaddam, M. (2009) Interpretation of Genotype-by-Environment Interaction for Late Maize Hybrids Grain Yield Using a Biplot Method. Tubitak, Turk. J. Agric., 33: 139-148.
- Delic, N., Stankovic, G., and Konstatinov, K. (2009) Use of non-parametric statistics in estimation of genotypes stability. Maydica 54: 155-160.
- Dimitrijević, M., Petrović, S. (2000) Adaptabilnost i stabilnost genotipa. Selekcija i semenarstvo, 7(1-2): 21-28

- Dolatabad, S.S., Choukan, R., Hervan, E.M., Dehghani, H. (2010) Biplot analysis for multi-environment trials of maize (*Zea mays* L.) hybrids in Iran. *Crop and Pasture Science* 61: 700–707.
- Duvick, D.N., J.S.C. Smith, M. Cooper, (2004) Long-term selection in a commercial hybrid maize breeding program. pp. 109-151. In: J. Janick (Ed.), *Plant Breeding Reviews. Part 2. Long Term Selection: Crops, Animals, and Bacteria*, Vol. 24. John Wiley & Sons, New York.
- East, E. M. (1908) Inbreeding in corn. *Connecticut Agric. Exp. Stn. Rep.* 1907. pp. 419-28.
- Eberhart, S.A., Russell, W.A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36-40.
- Eskridge, K.M. (1990). Selection of stable cultivars using a safety - first rule. *Crop Sci.*, 30: 369-374.
- Falconer, D.S. (1989) *Introduction to quantitative genetics*. Longman, London and New York
- Fan, X.M., Kang, M.S., Chen, H., Zhang, Y., Tan, Y., Xu, C. (2007) Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. *Agron. J.* 99(1): 220-228.
- Farshadfar, E., Mohammadi, R., Aghaee, M., Vaisi, Z. (2012) GGE biplot analysis of genotype \times environment interaction in wheat-barley disomic addition lines, *AJCS* 6(6):1074-1079.
- Federer, W. T., Scully, B.T. (1993) Parsimonious statistical design and breeding procedure for evaluating and selecting desirable characteristics over environments. *Theoretical and Applied Genetics* 86: 612-620.
- Finlay, K.W., Wilkinson, G.N. (1963) The analysis of adaptation in a plant-breeding program. *Aust. J. Agric. Res.* 14: 742-754.
- Firoza Khatun, Sajeda Begum, Abdul Motin Suraja Yasmin, Islam, M. R., (1999) Correlations coefficient and path analysis of some maize hybrids. *Bangladesh J. Bot.*, 28: 9-15.
- Flores, F., Moreno, M.T., Cubero, J.I. (1998) A comparison of univariate and multivariate methods to analyze environments. *Field Crops Research* 56: 271-286.
- Francis, T.R., Kannenberg, L.W. (1978) Yield stability studies in short-season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. *Can J Plant Sci* 58: 1029–1034.

- 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.
- Gabriel, K.R. (1971) The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrics* 58: 453-467.
- Gauch, H.G. (2006) Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46: 1488-1500.
- 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.
- Gautam, A.S., Mittal, R.K., Bhandari, J.C. (1999) Correlations and path coefficient analysis in maize (*Zea mays* L.). *Ann. Agric. Biotech. Res.*, 4: 169-171.
- Guimarães, L.J.M., Miranda, G.V., DeLima, R.O., Maia, C., de Oliveira, L.R., de Souza, L.V. (2012) Performance of testers with different genetic structure for evaluation of maize inbred lines, *Ciência Rural*, Santa Maria, v.42, (5): 770-776.
- Hallauer, A.R. (1990) Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* 55: 1-16.
- Hallauer, A.R. Miranda, J.B. (1988) *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. 2nd ed. Iowa State University Press. Ames, IA
- Hallauer, A.R., Russell, W.A., Lamkey, K.R. (1988) Corn breeding. pp. 463-564. In G.F. Sprague and JW Dudley (ed). *Corn and Corn Improvement*. 3rd ed. Agron., Monogr. 18. Madison, WI, USA.
- Hill, J. (1975) Genotype-Environment interactions - A challenge for plant breeding. *Journal of Agricultural Science (Cambridge)* 85: 477-493.
- Hühn, M., Nassar, R. (1989) On tests of significance for nonparametric measures of stability. *Biometrics* 45: 997-1000.
- 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.
- Husić, I. (1992) Nasleđivanje komponenti prinosa i genetička dobit od selekcije na bazi S1 i HS potomstava kukuruza. *Doktorska disertacija*, Poljoprivredni fakultet, Novi Sad.
- 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. *Turkish J. of Field Crops* 14(2): 123-135.

- Ivanović, M. (2013) Personalna komunikacija, Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad.
- 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. (1978) Maize breeding during the development and early years of hybrid maize, p: 13-28. In: D.B.Walden (Eds.). Maize Breeding and Genetics, Wiley, N.Y.
- Jones, D. F. (1918) The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. Connecticut Agric. Exp. Stn. Bull. 207: 5-100.
- Kang, M.S., (1998) Using genotype by environment interaction for crop cultivar development, Adv. Agron., 62: 199-252.
- Kang, M.S., Gauch, H.J. (eds.) (1996) Genotype-by-environment interaction. CRC Press, Boca Raton, FL: 1-15.
- Knezovic, Z., Gunjaca, J. (2002) Neparametrijska mjerila stabilnosti prinosa nekih sorata ozime pšenice. Agric. Conspectus Sci. 67: 143-148.
- Lee, E., Tracy, W.F. (2009) Modern Maize Breeding. pp: 141-162, in: The Handbook of Maize; Vol.2. Genetics and Genomics, eds. J. Bennetzen and S. Hake. Springer Science, New York, NY.
- Li, M.S., Li, X.H., Deng, L.W., Zhang, D.G., Bai, L., Zhang, S.H (2007) Comparisons of four testers in evaluating 27 CIMMYT and chinese maize populations, Maydica 52: 173-179.
- Lin, C.S. Binns, M.R. (1994) Concepts and methods of analyzing regional trial data for cultivar and location selection. Plant Breeding Reviews 12: 271-297.
- 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.
- Lin, C.S., Binns, M.R., Lefkovic, L.P. (1986) Stability analysis: where do we stand? Crop Sci. 26: 894-900.
- Mahmood, Z., Malik, S.R., Akhtar, R., Rafique, T. (2004) Heritability and genetic advance estimates from maize genotypes in Shishi Lusht, a valley of Karakuram. Int.l. J. Agric. Biol. 6 (5): 790-795.

- Malik, H.N., Malik, S.I., Chughtai, S.R., Javed, H.I. (2005) Genetic correlation among various quantitative characters in maize (*Zea mays* L.) hybrids. *J Agri Soc Sci* 1: 262-265.
- Malosetti, M., Ribaut, J.M., van Eeuwijk, F.A. (2013) The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in Physiology* 4: 1-17.
- 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.
- 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.
- Mitrović, B., Stanisavljević, D., Treskić, S., Stojaković, M., Bekavac, G., Nastasić, A., Ivanović, M. (2011): GGE biplot analiza multilokacijskih ogleda NS hibrida kukuruza, *Ratarstvo i povrtarstvo*. 48 (1): 77-82.
- Mohammadi, R., Aghae, M., Haghparast, R., Pourdard, S.S., Rostaii, M., Ansari, Y., Abdolahi, A., Amri, A. (2009) Association among Non-parametric measures of phenotypic stability in four annual crops, *Middle Eastern and Russian Journal of Plant Science and Biotechnology*, 3: 20-24.
- Nassar, R., Hühn, M. (1987) Studies on estimation of phenotypic stability: tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. *Biometrics* 43: 45-53.
- Ojo, D.K., Ominkunle, O.A., Oduwaye, O.A., Ajala, M.A., Ogunbayo, S.A. (2006) Heritability, character correlation and path coefficient analysis among six inbred lines of maize (*Zea mays* L.). *World J Agric Sci* 2: 352-358.
- Perkins, J.M., Jinks, J.L. (1968) Environmental and genotype-environmental components of variability III, Multiple lines and crosses. *Heredity* 23: 339-354.
- Peto, R. (1982) Statistical aspects of cancer trials. In: *Treatment of Cancer*, Eds. E.E Halnan, pp: 867-871. Chapman and Hall, London.
- Piepho, H. P. (1996) Analysis of genotype by environment interaction and phenotypic stability. In: M. S. Kang, and H. G. Zobel Jr (eds), *Genotype by Environment Interaction*, 151-174. CRC Press, Boca Raton.
- Prado, E. E., Hiromoto, D. M., Godinho, V. P. C., Utumi, M. M., Ramalho, A. R. (2001) Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de

- plántio no cerrado de Rondônia. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 36 (4): 625-635.
- R Development Core Team (2010) R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Rather, A.G., Sheikh, F.A., Wani, S.A. (1999) Variability and correlation studies in maize (*Zea mays* L.) under rainfed conditions. Adv. Plant Sci., 12: 539–42.
- Rawlings, J.O., Thompson, D.L. (1962) Performance level as criterion for the choice of maize testers. Crop Sci 2: 217–220.
- Rissi, R., Hallauer, A.R. (1991) Evaluation of four testers for evaluation maize (*Zea mays* L.) lines in a hybride development program. Revista brasileira de Genetica. 14: 467-481.
- Robinson, H.F., Comstock, R.E., Harvey, P.H. (1951) Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection, Agron. J., 43: 282.
- 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.
- Scapim, C.A., Oliveira, V.R., Bracinill, A.L., Cruz, C.D., Andrade, C.A.B., Vidigal, M.C.G. (2000) Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn methods. Genet. Mol. Biol. 23: 387-393.
- Setimela, P.S., Vivek, B., Banziger, M., Crossa, J., Maiden, F. (2007) Evaluation of early to medium maturing open pollinated maize varieties in SADC region using GGE biplot based on SREG model. Field Crops Res. 103: 161-169.
- Sharma, D., Sharma, R.C., Dhakal, R., Dhami, N.B., D. B. Gurung, D.B., Katuwal, R.B., Koirala, K.B., Prasad, R.C., Sah, S.N., Upadhyay, S.R., Tiwari, T.P., Ortiz-Ferrara, G. (2008) Performance stability of maize genotypes across diverse hill environments in Nepal, Euphytica 164: 689-698.
- Shukla, G. K. (1972) Some statistical aspects of partitioning genotype x environmental components of variability. Heredity 29: 237-245.
- Shull, G.H. (1908) The composition of a field of maize. Rept. Am. Breeders Assoc., 4: 296-301.
- Shull, G.H. (1909) A pure line method in corn breeding. Rept. Am. Breeders Assoc., 5: 51-59.

- Singh, J.M., Dash, B. (2000) Analysis of genetic variability and character association in maize. *African Crop Sci. J.*, 5: 1–8.
- Smith, O.S. (1986) Covariance between line per se and testcross performance. *Crop Sci.*, 26: 540-543.
- Smith, O.S., Hoard, K., Shaw, F., Shaw, R. (1996) Prediction of single cross performance: 67-74. In: D. Wilkinson, R. Brown (Eds), *Proceedings of 51st Annual Corn and Sorghum research Conference*, Chicago, Illinois, December 11-12, ASTA, Washington D.C.
- Sofi, P., Rather, A.G. (2007) Studies on genetic variability, correlation and path analysis. (accessed on www.agron.missouri.edu/mnl/81/04sofi.htm)
- Sprague, G. F. (1939) An estimation of the number of top-crosses 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. Amer. Soc. Agron.* 38: 108-117.
- Srećkov, Z. (2009): *Genetički potencijal visokouljane populacije kukuruza NSU1*. Biblioteka ACADEMIA, Zadužbina Andrejević. Beograd.
- Srećkov, Z., Boćanski, J., Ivanović, M. (2007) Genetičke i fenotipske korelacije za udeo ulja u zrnu i morfološka svojstva visokouljane populacije kukuruza NSU1. *Genetika*, vol. 39 (2): 103-112.
- 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: 467-472.
- Stojković, S. (2007) *Genetska i fenotipska varijabilnost komponenti prinosa kod S1 i HS potomstava jedne F3 populacije kukuruza*. Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Prištini - Kosovskoj Mitrovici.
- 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.
- Sumathi, P., Nirmalakumari, A., Mohanraj, K. (2005) Genetic variability and traits interrelationship studies in industrially utilized oil rich CYMMIT lines of maize (*Zea mays L.*). *Madras Agric J* 92: 612-617.
- Trifunovic, S., Córdova, H., Crossa, J., Pandey, S. (2003) Head-to-head and stability analysis of maize (*Zea mays L.*) inbred lines. *Maydica* 48: 263-269.

- Troyer, A. F. (2001) Temperate corn, pp: 393-466 in Specialty Corns, Sorghum Res. Conf. 55: 149-172. edited by A. Hallauer. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Truberg, B., Hühn, M. (2000) Contributions to the Analysis of Genotype x Environment Interactions: Comparison of Different Parametric and Nonparametric Tests for Interactions with Emphasis on Crossover Interactions. *Journal of Agronomy & Crop Science*. 185: 267-274.
- 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.
- Weber, W.E., Wricke, G. (1990) Genotype-environment interaction and its implications in plant breeding. In: Kang, M.S.(ed.). Genotype-by-environment interaction and plant breeding. Louisiana State University Agricultural Center, 1-19.
- Westcott, B. (1986) Some methods of analysing genotype-environment interaction. *Heredity* 56: 243-253.
- Wricke, G. (1962) On a method of understanding the biological diversity in field research. *Z. Pfl.-Zücht*, 47: 92-146.
- Yan, W. (2001) GGE biplot-a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two way data. *Agron. J.* 93: 1111-1118.
- Yan, W. (2011) GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*, 65(2): 181-193.
- Yan, W., Cornelius, P.L., Crossa, J., Hunt, L.A. (2001) Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. *Crop Sci.* 41: 656-663.
- Yan, W., Hunt, L.A. (1998) Genotype by environment interaction and crop yield. *Plant Breed. Rev.* 16: 135-178.
- Yan, W., Hunt, L.A. (2001) Interpretation of genotype by environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Sci.* 41: 19-25.
- Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q., Szlavnics, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Sci.* 40: 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., Rajcan, I. (2002) Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario, *Crop Sci.* 42: 11-20.
- 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.
- Yue, G.L., Heer, W.F., Moyer, J.L., Maddux, L.D., Sorensen, E.L., Liang, G.H. (1996) Comparison of nonparametric and parametric stability estimates to evaluate alfalfa cultivars. *J. Genet Breeding* 50: 67-74.
- Zobel, R.W., Wright, M.J., Gauch, H.G. (1988) Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388-393.
- Živanović, T. (1997) Uticaj rekombinacija gena na varijabilnost kvantitativnih osobina ZPSinEP populacije kukuruza (*Zea Mays* L), Doktorska disertacija, Poljoprivredni fakultet, Beograd-Zemun.
- Živanović, T., Branković, G., Zorić, M., Šurlan-Momirovic, G., Janković, S., Vasiljević, S., Pavlov, J. (2012) Effect of recombination in the maize breeding population with exotic germplasm on the yield stability. *Euphytica* 185: 407–417.

9. Биографија

Бојан М. Митровић рођен је 06.10.1982. године у Сремској Митровици. Основну школу и гимназију завршио је у Сремској Митровици.

Пољопривредни факултет, смер ратарско-повртарски, уписао је школске 2001/2002. године. Дипломски рад под насловом „Водни биланс као основа за анализу наводњавања паприке у периоду 2004-2006. године у п.п. „Митросрем“ из Сремске Митровице“ одбранио је 2007. године са оценом 10. Просечна оцена у току студирања износила је 8,71.

Докторске студије на Пољопривредном факултету, Универзитета у Београду, уписао је школске 2008/2009. године. Све испите предвиђене планом и програмом положио је са просечном оценом 9,38. Од 01.09.2008. запослен је у Институту за ратарство и повртарство у Новом Саду као истраживач приправник на пословима оплемењивања кукуруза. У звање истраживач сарадник изабран је 12.07.2011. године. У току 2013. године учествовао је у раду на зимској генерацији кукуруза у Мексику.

До сада је као аутор или коаутор објавио 20 научних радова и саопштења са научних скупова. Говори енглески и служи се руским језиком.

Прилог 1.

Изјава о ауторству

Потписани-а _____ Бојан М. Митровић _____

Број индекса или пријаве докторске дисертације 08/51 _____

Изјављујем

да је докторска дисертација под насловом:

Генетичка варијабилност и мултиваријациона анализа важнијих агрономских
особина популације кукуруза уске генетичке основе

- 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, 30.10.2013.

Bojan M. Mitrovic

Прилог 2.

Изјава о истоветности штампане и електронске верзије докторске дисертације

Име и презиме аутора Бојан М. Митровић

Број индекса или пријаве докторске дисертације 08/51

Студијски програм Пољопривредне науке

Наслов докторске дисертације Генетичка варијабилност и мултиваријациона
анализа важнијих агрономских особина популације кукуруза уске генетичке
основе

Ментор Проф. др Гордана Шурлан-Момировић

Потписани/а Бојан М. Митровић

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, 30.10.2013.



Прилог 3.

Изјава о коришћењу

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

Генетичка варијабилност и мултиваријациона анализа важнијих агрономских особина популације кукуруза уске генетичке основе

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).

У Београду, 30.10.2013.

Потпис докторанда

