

UNIVERZITET U BEOGRADU
POLJOPRIVREDNI FAKULTET

Svetlana K. Glogovac

Fenotipska varijabilnost i
polimorfizam *SSR* markera u NS
kolekciji germplazme paradajza

Doktorska disertacija

Beograd, 2016.

UNIVERSITY OF BELGRADE
FACULTY OF AGRICULTURE

Svetlana K. Glogovac

Phenotypic variability and polymorphism of
SSR markers in NS tomato germplasm
collection

Doctoral Dissertation

Belgrade, 2016.

MENTOR:

dr Tomislav Živanović, redovni profesor,
Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet

ČLANOVI KOMISIJE:

dr Jelica Gvozdanović-Varga, viši naučni saradnik,
Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad

dr Slaven Prodanović, redovni profesor,
Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet

dr Ankica Kondić-Špika, naučni savetnik,
Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad

dr Đorđe Moravčević, docent,
Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet

Datum odbrane:

Istraživanja obuhvaćena u ovoj doktorskoj disertaciji predstavljaju deo nacionalnog projekta Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja (TR 31030), čiji rukovodilac je dr Jelica Gvozdanić-Varga.

Koristim priliku da se zahvalim

Odeljenju za povrtarstvo Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu i dipl. inž. Adamu Takaču, na ustupljenom biljnom materijalu i pruženoj pomoći prilikom izvođenja oglada i stručnim savetima prilikom pisanja doktorske disertacije.

Kolegama iz Naučnog instituta za prehrambene tehnologije, Univerziteta u Novom Sadu, na urađenim hemijskim analizama ploda.

Kolegicama dr Ljiljani Brbaklić i dr Dragani Trkulji, za nesebično preneto znanje i iskustvo u radu u laboratoriji.

Mentorki iz Instituta za ratarstvo i povrtarstvo dr Neveni Nagl, za podstrek, korisne savete i razumevanje tokom pisanja doktorske disertacije.

Zahvalnost dugujem mentoru sa Poljoprivrednog fakulteta u Zemunu, prof. dr Tomislavu Živnoviću i prof. dr Slavenu Prodanoviću, kao i ostalim članovima komisije, na korisnim sugestijama i pomoći ukazanoj prilikom izrade doktorske disertacije.

Najveću zahvalnost dugujem roditeljima, sestri, suprugu i ćerki na ljubavi i podršci tokom studija i izrade doktorske disertacije.

Fenotipska varijabilnost i polimorfizam *SSR* markera u NS kolekciji germplazme paradajza

Rezime:

U ovoj doktorskoj disertaciji izvršena je fenotipska i molekularna karakterizacija 29 genotipova paradajza koji pripadaju kolekciji Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu. Biljni materijal je obuhvatao lokalne populacije, stare sorte, linijski materijal i sorte zastupljene u proizvodnji. Eksperiment u polju se odvijao tokom tri uzastopne godine, a postavljen je po slučajnom blok sistemu sa pet ponavljanja. Od fenotipskih osobina, analizirano je 10 kvantitativnih i 4 kvalitativne i 5 hemijskih osobina ploda.

Na osnovu sume rangova genotipova utvrđeno je da su se genotipovi značajno razlikovali u svim ispitivanim kvantitativnim osobinama. Ustanovljen je značajan uticaj godina na sve osobine osim na broj komora i prosečnu masu ploda, dok između genotipa i godine nije postojala unakrsna interakcija. Primenom klaster analize genotipovi su klasifikovani u četiri grupe, pri čemu je u velikoj meri uočena podudarnost sa grupisanjem genotipova primenom analize glavnih komponenti. Utvrđeno je da su se genotipovi razlikovali u hemijskim osobinama ploda. Klaster analizom grupisanja genotipovi su se raspodelili u tri grupe, na osnovu hemijskih osobina ploda, kao i na osnovu kvalitativnih osobina.

Za procenu diverziteta na molekularnom nivou odabrano je 30 mikrosatelitskih markera. Za 7 polimorfni lokusa, izračunati su pokazatelji genetičkog diverziteta: broj alela po lokusu, frekvencija najzastupljenijeg alela, očekivana i uočena heterozigotnost i polimorfnost pojedinačnih lokusa, odnosno *PIC* vrednost (*Polymorphism Information Content*). Prosečan broj alela za polimorfne markere bio je 2,6 alela po lokusu. Najveći broj alela po lokusu detektovan je za marker *SSR* 248 (4 alela), dok se za preostalih 6 markera broj alela kretao od 2-3. Polimorfni lokusi su omogućili razlikovanje većine genotipova i klasifikaciju u četiri grupe primenom klaster analize grupisanja. Na osnovu dobijenih rezultata istraživanja, predložene su neke od mogućih kombinacija ukrštanja iz kojih se može očekivati pojava rekombinacija u cilju dobijanja sorti većeg prinosa i kvaliteta ploda.

Ključne reči: fenotipski markeri, mikrosateliti, paradajz, varijabilnost

Naučna oblast: Biotehničke nauke

Uža naučna oblast: Genetika i oplemenjivanje

UDK broj: 635.64:575.21:631.527(043.3)

Phenotypic variability and polymorphism of *SSR* markers in NS tomato germplasm collection

Summary:

In this study phenotypic and molecular characterization of 29 tomato genotypes, belonging to the collection of the Institute of Field and Vegetable Crops in Novi Sad was performed. Plant material was comprised of local populations, old varieties, breeding lines and commercial cultivars. The field trials were set in randomized block design with five replications, during three consecutive years. Ten quantitative and four qualitative phenotypic traits were analyzed, and five chemical fruit characteristics.

The sum of ranks indicated significant differences among genotypes in all quantitative traits. Years had a significant impact on all quantitative traits except average fruit weight and locule number while the interaction between genotype and year was not found. Genotypes were classified into four groups, using cluster analysis. Genotypes grouping was to a large extent in agreement with the results of *Principal Component Analysis (PCA)*. Differences between genotypes in chemical traits were found, also. Using cluster analysis genotypes were classified into three groups, according to both chemical characteristics of fruit and qualitative traits, also.

For diversity assessment at molecular level, 30 microsatellite markers were selected. For 7 polymorphic loci, further genetic diversity indicators were analyzed: a number of alleles per locus, frequency of the predominant allele, observed and expected heterozygosity and polymorphism of individual loci, or *PIC* value. The average number of alleles per locus was 2,6. The highest number of allele (4) was identified for marker S248 while the rest of the markers had 2-3 alleles. Polymorphic loci have enabled differentiation of most of the genotypes and classification into four groups by cluster analysis. Based on the results of this research, some of the possible crossing combinations were suggested in order to obtain varieties of higher yield and improved fruit quality.

Key words: microsatellites, phenotypic markers, tomato, variability

SCIENTIFIC FIELD: Biotechnical Sciences

SPECIAL TOPIC: Genetics and Breeding

UDK number: 635.64:575.21:631.527(043.3)

SADRŽAJ

1. UVOD.....	1
2. CILJ ISTRAŽIVANJA	4
3. PREGLED LITERATURE	5
3.1 Poreklo i domestikacija paradajza	5
3.2 Putevi širenja paradajza	6
3.3 Ekonomski i nutritivni značaj paradajza.....	7
3.4 Diverzitet paradajza	8
3.5 Karakterizacija kolekcija germplazme paradajza.....	13
3.5.1 Fenotipski markeri	14
3.5.2 Molekularni markeri.....	15
3.6 Značaj diverziteta i karakterizacije germplazme u oplemenjivanju paradajza.....	17
4. RADNA HIPOTEZA.....	21
5. MATERIJAL I METODE RADA.....	22
5.1 Biljni materijal	22
5.2 Poljski ogled	24
5.3 Meteorološki uslovi tokom izvođenja ogleda.....	25
5.4 Ispitivane osobine paradajza.....	26
5.5 Molekularne metode	28
5.5.1 Izolacija DNK	28
5.5.2 PCR amplifikacija.....	29
5.6 Biometrička analiza podataka	32
6. REZULTATI I DISKUSIJA.....	36
6.1. Analiza genetičkog diverziteta primenom fenotipskih markera	36
6.1.1. Analiza kvantitativnih osobina biljaka.....	36
6.1.1.1 Deskriptivna analiza osobina	36
6.1.1.2 Analiza izvora varijabilnost ispitivanih osobina paradajza.....	42
6.1.1.3 Klaster analiza	49
6.1.1.4 Analiza glavnih komponenti.....	52
6.1.1.5 Fenotipske korelacije među ispitivanim osobinama	56
6.1.2 Analiza kvalitativnih osobina biljaka	59
6.1.2.1 Klaster analiza	59

6.1.3 Hemijske karakteristike ploda	61
6.1.3.1 Deskriptivna analiza	61
6.1.3.2 Klaster analiza	66
6.1.3.3 Fenotipske korelacije među ispitivanim osobinama	68
6.2 Procena genetičkog diverziteta primenom molekularnih markera.....	69
6.2.1 Genetička varijabilnost ispitivanih mikrosatelitskih markera	69
6.2.2 Grupisanje ispitivanih genotipova primenom klaster analize.....	75
6.2.3 Analiza molekularne varijanse (<i>AMOVA</i>).....	78
6.3 Banke gena i baze podataka	79
6.4 Predlog roditelja za ukrštanje na osnovu analize genetičkog diverziteta.....	81
7. ZAKLJUČAK.....	83
8. LITERATURA	85
9. PRILOG	106

1. UVOD

Paradajz (*Lycopersicon esculentum* Mill.) je samooplodna, vaskularna (podcarstvo *Tracheobionta*), cvetajuća (razdeo *Magnoliophyta*), dikotiledona (klasa *Magnoliopsida*) biljna vrsta koja pripada porodici pomoćnica (*Solanaceae*). Ova porodica obuhvata više od 3000 vrsta, među kojima se nalaze i brojne ekonomski značajne biljne vrste (paprika, krompir, duvan i plavi patlidžan) poreklom iz Starog i Novog sveta (Knapp, 2002). Taksonomija paradajza se menjala, i trenutno, iako ga većina taksonoma svrstava u rod *Solanum*, naziv *Solanum lycopersicum* još uvek nije u tolikoj meri prihvaćen od strane oplemenjivača (Ji i Scott, 2007). Međutim, u naučnoj literaturi u upotrebi su i naziv *Lycopersicon esculentum* Mill (ECPGR baza podataka, <http://cgn.websites.wur.nl/pgr/tomato/list.asp>; Hasanuzzaman i sar., 2015; Ketema i sar., Misbaudeen i sar., 2015), ali i naziv *Solanum lycopersicum* (Khairi i sar., 2015; Mehari i sar., 2015; Sun i sar., 2015).

Paradajz predstavlja veoma značajnu vrstu sa ekonomskog, nutritivnog i naučnog stanovišta. Van der Hoeven i sar. (2002) ističu ekonomski značaj porodice *Solanaceae*, koja se u SAD nalazi iza trave i leguminoza, a među povrtarskim vrstama je na prvom mestu. Prema podacima Organizacije za hranu i poljoprivredu (FAO, *Food and Agriculture Organization of the United Nations*, www.fao.org) u periodu od 1993-2013 godine, površine u svetu pod paradajzom povećale su se preko 50%, a proizvedene količine preko 100%.

Paradajz nema visoku hranljivu vrednost, međutim, velika potrošnja čini ga jednim od glavnih izvora vitamina i minerala u ljudskoj ishrani. Takođe, smatra se „funkcionalnom hranom” obzirom na njegov pozitivan uticaj na ljudsko zdravlje i prevenciju brojnih hroničnih oboljenja.

Sa naučnog stanovišta, paradajz predstavlja model vrstu porodice *Solanaceae* za istraživanja u oblasti genetike i molekularne biologije (Ji i Scott, 2007). Paradajz je model vrsta za proučavanje procesa razvoja, zrenja i metabolizma ploda (Matsukura i sar., 2008). Paradajz predstavlja diploidnu vrstu ($2n=24$), relativno malog (900 Mb) genoma (The Tomato Genome Consortium, 2012), pogodnu za aseksualnu propagaciju, kulturu protoplasta, ćelija i tkiva (McCormick i sar., 1986).

Paradajz se odlikuje kratkim životnim ciklusom, samooplodnim načinom razmnožavanja i visokim reproduktivnim potencijalom, uz dostupnost velikog broja mutanata (<http://tgrc.ucdavis.edu>; <http://www.sgn.cornell.edu>).

U poređenju sa drugim gajenim biljnim vrstama, Miller i Tanksley (1990) ističu veoma nizak nivo genetičkog diverziteta gajenog paradajza. Međutim, uprkos gubitku genetičke varijabilnosti prisutne u divljim srodnicima, domestikacija, a potom i selekcija dovele su do veće morfološke varijabilnosti ploda kod gajenog u odnosu na divlji paradajz (Van Deynze i sar., 2007).

Prvi izvor varijabilnosti korišćen u oplemenjivanju paradajza bila je intraspecijes varijabilnost. Geni poput *sp* (*self pruning*) koji određuje determinantan tip rasta, kao i *nor* (*non-ripening*) i *rin* (*ripening inhibitor*) mutacije gena koji utiču na proces sazrevanja ploda, identifikovani su u *S. lycopersicum* (Yeager, 1927, po Thouet i sar., 2008; Lincoln i Fischer, 1988; Barry i sar., 2000). Potreba za povećanjem otpornosti na bolesti i poboljšanje kvaliteta ploda vodila je ka traženju novih izvora varijabilnosti. U tom smislu, divlje vrste pokazale su se kao veoma značajan izvor poželjnih gena u oplemenjivanju paradajza (Rick i Chetelat, 1995). Stalna težnja ka povećanju prinosa i tolerantnosti na abiotički i biotički stres, kao i poboljšanje kvaliteta ploda, nameće potrebu stvaranja novih genotipova sa osobinama koje prevazilaze postojeći sortiment. Kao bitan preduslov stvaranju novih i unapređenju postojećih sorti i hibrida ističe se diverzitet početnog materijala iz koga će se vršiti odabir potencijalnih roditeljskih parova.

U oceni diverziteta koriste se fenotipski, biohemijski i DNK markeri. Fenotipski markeri predstavljaju morfološke i agronomске osobine čije se nasleđivanje prati posmatranjem na nivou fenotipa (Tanksley, 1983). Fenotipska varijabilnost se ispoljava na nivou kvantitativnih i kvalitativnih osobina. Biohemijskim markerima detektuje se polimorfizam na nivou proteina. Ovi markeri obuhvataju strukturne proteine, rezervne proteine i izoenzime. DNK markeri odražavaju genetičku divergentnost na nivou DNK, odnosno na nivou kodirajućih ili nekodirajućih delova genoma. Među brojnim razvijenim marker sistemima u oceni genetičkog diverziteta veliku primenu našli su mikrosateliti, tj. *SSR* (*Simple Sequence Repeats*) markeri (Wang i sar., 2006; Benor i sar., 2008; Korir i sar., 2014).

Značaj karakterizacije germplazme u oplemenjivanju paradajza je višestruk. Baveći se ovom problematikom, brojni autori (Maluf i sar., 1983; Sušić i sar., 1999; Joshi i Kohli 2003; Trezopoulos i Bebeli 2010; Dar i sar., 2015) u svojim istraživanjima posebno ističu značaj diverziteta početnog materijala za oplemenjivanje u stvaranju novih i unapređenju postojećih sorti paradajza. Primenom odgovarajućih statističkih metoda grupisanja, genotipovi se svrstavaju u grupe (klastere) na način da je unutargrupna varijabilnost manja

od međugrupne. Iz najudaljenijih klastera biraju se potencijalni roditelji za ukrštanje. Osim za procenu diverziteta, fenotipski markeri se koriste i za sprovođenje *DUS* (*Distinction, Uniformity, Stability*) testa propisanog od strane Međunarodne unije za zaštitu novih biljnih sorti (*UPOV, International Union for the Protection of New Varieties of Plants*, 2001). Ovim testom vrši se ocena različitosti, uniformnosti i stabilnosti prilikom registracije novih sorti. Fenotipski i molekularni markeri nalaze primenu i u mapiranju lokusa za kvantitativne osobine (*QTL* mapiranju, *QTL - Quantitative Trait Loci*), asocijativnoj analizi (Jun i sar., 2008) i selekciji pomoću markera (*MAS- Marker Assisted Selection*) (Ashkani i sar., 2011).

2. CILJ ISTRAŽIVANJA

Naučni cilj istraživanja

Osnovni ciljevi istraživanja su:

- Izvršiti analizu 29 genotipova paradajza ispitivanjem fenotipskih osobina biljke i ploda i hemijskih parametara kvaliteta ploda;
- Izvršiti molekularnu karakterizaciju odabranog biljnog materijala primenom mikrosatelitskih (*SSR*) markera;
- Odrediti srodnosti i udaljenosti odabranih genotipova paradajza na osnovu molekularnih podataka;
- Proceniti genetičku varijabilnost odabranog biljnog materijala na osnovu dobijenih fenotipskih i molekularnih podataka;
- Ustanoviti međuzavisnost analiziranih osobina paradajza tj. koeficijente korelacije;
- Primena dobijenih rezultata istraživanja u izboru potencijalnih roditeljskih parova u programima oplemenjivanja paradajza;
- Proučavanje kolekcije paradajza Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu koje bi moglo biti od koristi u stvaranju baze podataka i transferu istih ka drugim gen bankama.

3. PREGLED LITERATURE

3.1 Poreklo i domestikacija paradajza

Paradajz vodi poreklo iz Južne Amerike, iz oblasti Anda, tačnije Perua, Bolivije, Ekvadora, Kolumbije i Čilea (Bauchet i Causse, 2012). Mesto domestikacije paradajza još uvek nije u potpunosti rasvetljeno i kao takvo predstavlja predmet brojnih debata. Zagovornici prve hipoteze smatraju Peru mestom domestikacije, dok je po drugoj hipotezi domestikovan u Meksiku.

Kako navode Labate i sar. (2007) i Díez i Nuez (2008), jedan broj autora (De Candolle 1886; Luckwill 1943) zastupa prvu hipotezu tj. Peru za mesto domestikacije. De Candolle polazi od naziva pod kojim je paradajz introdukovan u Italiju, „*Mala peruwiana*” ili „*Pomi del Perù*”. Međutim, nisu pronađeni ostaci ove vrste u arheološkim nalazištima u oblasti Anda, za razliku od drugih gajenih biljnih vrsta (krompir, paprika, pepino...), što ovu hipotezu dovodi u pitanje (Rick 1978; Sauer 1993, po Díez i Nuez 2008).

Hipotezu o Meksiku kao mestu domestikacije predlaže Jenkins (1948) (po Caicedo i Peralta 2013). Veći broj dokaza, lingvističkih, istorijskih i genetičkih ide u prilog ovoj hipotezi (Esquinas-Alcázar i Nuez, 1995). Jednim od dokaza smatra se poreklo izraza „*tomato*”. U maternjem *Nahuatl* jeziku meksikanaca, izraz „*tomatl*” je upotrebljavan za biljke koje imaju okrugle i sočne plodove (Sauer, 1993). Uz dodatak prefiksa, izveden je izraz korišćen za paradajz „*xitomatl*”. Na prisustvo paradajza kao sastavnog dela kulture Asteka u XVI veku (Sahagún, 1988) i njegovu upotrebu u ishrani ukazuju istorijski tragovi u knjigama. Jedan deo autora, koji zastupaju ovu hipotezu, ističu i rezultate genetičkih analiza. U svojim istraživanjima su ustanovili veću izozimsku varijabilnost divljeg *cherry* paradajza iz oblasti Anda u odnosu na uzorke pronađene izvan ove oblasti (Rick i Holle 1990).

Proučavajući tvrdnje zagovornika obe hipoteze Peralta i Spooner (2007) dolaze do određenih zaključaka koji svaku od navedenih hipoteza dovode u pitanje. Kako smatraju, tačnost ni jedne od navedenih hipoteza ne može se sa sigurnošću tvrditi, te pravo mesto domestikacije paradajza ostaje nerazjašnjeno. Iako Meksiko smatraju verovatnijim mestom domestikacije, ne isključuju ni verodostojnost prve hipoteze, ili čak paralelnu domestikaciju u oba mesta nezavisno.

3.2 Putevi širenja paradajza

Esquinas-Alcázar i Nuez (1995) navode nekoliko ruta širenja paradajza iz centra porekla u druge krajeve sveta (slika 1).

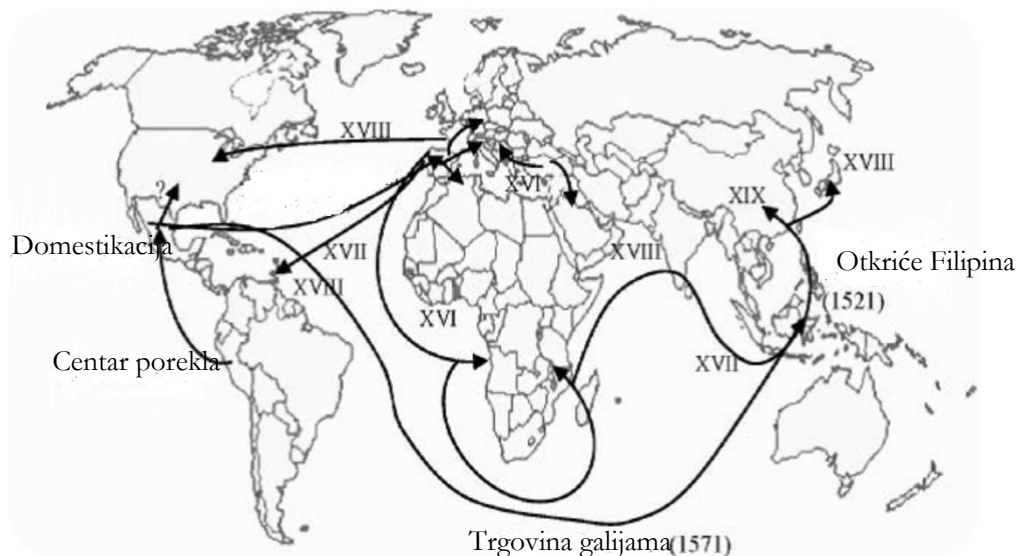
Dokazi introdukcije paradajza u Evropu datiraju od sredine XVI veka. Botaničari tog vremena bili su zainteresovani prvenstveno za medicinska i kulinarska svojstva biljaka, bez većeg interesovanja za mesto porekla i putevima širenja date vrste. Nove biljne vrste klasifikovali su na osnovu poređenja sa do tada poznatim vrstama u Evropi. Prvi dokumentovani trag ostavio je italijanski prirodnjak i botaničar Pietro Andrea Mattioli 1544. godine, poredeći paradajz sa mandragorom, biljkom iz roda *Solanum*. U svom opisu, između ostalog navodi da je reč o vrsti žutog ploda, koja se u ishrani koristi poput plavog patlidžana. U svojim kasnijim radovima, Mattioli pored žute, spominje i paradajz crvene boje ploda nazivajući ga na italijanskom „*pomi d'oro*” i latinskom „*mala aurea*” što u prevodu znači „zlatna jabuka”. Uprkos navodima da su plodovi jestivi u početku je uzgajan kao kuriozitet i ornamentalna vrsta. Razlog sporog prihvatanja bila su verovanja da je otrovan, zbog botaničke sličnosti sa otrovnim vrstama, tada poznatim u Evropi (*Atropa belladonna* i *Atropa mandragora*) (Esquinas-Alcázar i Nuez, 1995). Kako navode isti autori, tek nakon dva veka, spominje se kao gajena vrsta u potpunosti zastupljena u ishrani u Italiji i Pirinejskom poluostrvu, dok je u Severnoj Evropi njegovo prihvatanje kao jestive biljne vrste teklo znatno sporije. Upotrebu paradajza u ishrani u Južnoj Evropi dokumentovali su i drugi autori (Miller 1752; prema Peralta i sar., 2008 a). U našim krajevima, paradajz se počeo koristiti u ishrani krajem XIX veka, zelen za kišelj enje (Lazić i sar. 2001).

Paradajz je dospao u Afriku do kraja XVI veka, pre svega u Egipat i Tunis. Veoma značajnu ulogu u širenju ove vrste kroz Mediteranski basen i Bliski Istok imali su turski trgovci.

Introdukcija paradajza u Aziju najverovatnije se odvijala preko Filipina putem trgovinskih odnosa sa Špancima u XVI veku. Širenje ka ostalim delovima kontinenta je išlo od Koreje (XVII vek), Japana i Indije (XVIII vek) i Kine (XIX veka).

Španski i portugalski kolonisti doprineli su širenju paradajza i u Novi Svet. Tragovi uzgajanja i konzumiranja na Karipskim ostrvima uključujući Antile i drugim zemljama Latinske Amerike datiraju iz XVII i XVIII veka. Postoji verovatnoća da je došlo i do direktnog unošenja u SAD iz Meksika, uprkos tome što nisu pronađeni tragovi. Takođe uzgajan je u Severnoj Americi u XVIII veku, gde je dospao zahvaljujući evropskim kolonistima. Paradajz dobija veći ekonomski značaj širom sveta do kraja XIX i početka XX

veka, sa prvim programima oplemenjivanja (Lehmann 1955; Brezhnev 1964, prema Peralta i sar., 2008 b).



Slika 1. Najverovatniji putevi širenja paradajza počev od XVI veka (Esquinas-Alcázar i Nuez, 1995).

3.3 Ekonomski i nutritivni značaj paradajza

Uprkos činjenici da je paradajz nekada smatran otrovnom biljnom vrstom, danas se po ostvarenoj proizvodnji i upotrebi nalazi na vrhu lestvice među povrtarskim vrstama u svetu. Prema podacima FAO za 2013 godinu (<http://faostat3.fao.org>), površine pod paradajzom u svetu iznosile su 4.725.417 ha sa prosečnim prinosom od 34,7 t/ha (tab. 1). U našoj zemlji paradajz je uzgajan na površini od 18.483 ha, uz prosečan prinos od 9,44 t/ha i ukupnu ostvarenu proizvodnju od 174.512 t (<http://faostat3.fao.org>). Najveću prosečnu i ukupnu proizvodnju u proteklih 20 godina ostvarile su: Kina, SAD, Indija, Turska i Egipat.

Površine i potrošnja po glavi stanovnika (*per capita*) beleže trend rasta. Povećanju potrošnje doprinela je proizvodnja koja omogućava pristizanje tokom cele godine, porast potrošnje svežeg ploda i povećanje svesti o njegovom pozitivnom uticaju na zdravlje. Najveći potrošači u svetu su: Libija (108,9 kg), Turska, Egipat, Tunis i Grčka. U našoj zemlji, potrošnja *per capita* u 2011. godini iznosila je 21,7 kg.

Tabela 1. Površine, prosečan prinos i ostvarena proizvodnja paradajza u svetu u 2013. godini (<http://faostat3.fao.org>)

Region	Površina (ha)	Prosečan prinos (t/ha)	Ostvarena proizvodnja (t)
Afrika	939.245	19,8	18.648.548
Amerika	455.840	53,9	24.589.350
Azija	2.821.820	35,2	99.205.498
Evropa	500.872	41,9	20.965.199
Svet	4.725.417	34,7	163.963.770

Paradajz predstavlja veoma važan činilac raznovrsne i uravnotežene ishrane, a zastupljen je u vidu svežeg ploda, ali i različitih prerađevina. Veoma je značajan u ljudskoj ishrani zbog sadržaja ugljenih hidrata, proteina, organskih kiselina, vitamina C, visokog sadržaja kalijuma i male kalorijske vrednosti (20 kcal/100 g ploda). Popularnost ovog povrća i velika potrošnja čine ga jednim od glavnih izvora vitamina i minerala. Poseban značaj pridaje se uticaju antioksidanata, prvenstveno likopena i β - karotena na ljudsko zdravlje. Konzumiranje paradajza utiče na snižavanje krvnog pritiska, ublažavanje upala digestivnog trakta (Tepić i sar., 2006), prevenciju kardiovaskularnih bolesti i nekih vrsta kancera (Trout, 1991).

3.4 Diverzitet paradajza

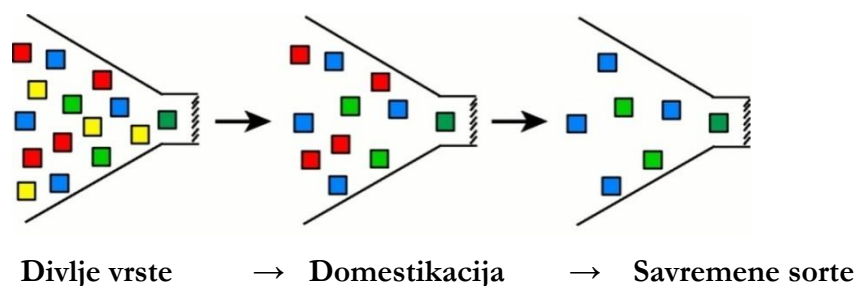
Prirodni genetički diverzitet predstavlja „gorivo“ za evoluciju s obzirom da adaptacije na promene uslova spoljne sredine i evolutivne promene bez njega nisu moguće (Alonso-Blanco i sar., 2009). Sistem oplodnje određuje diverzitet vrste. Polno razmnožavanje rezultira različitim nivoima varijacija unutar populacije. Stranooplodne biljne vrste su varijabilnije od samooplodnih vrsta. Gubitak genetičke varijabilnosti unutar i između gajanih vrsta ima za posledicu širenje bolesti i šetočina, gubitak sposobnosti adaptacije na klimatske promene i dostizanje platoa u svojstvima od interesa (Hausmann i Parzies, 2009).

Raznovrsnost prirodnih staništa i specifičnost njihovih klimatskih uslova, kao i sistem oplodnje doprineli su diverzifikaciji divljih vrsta paradajza. Divlji srodnici paradajza naseljavaju različita staništa, od priobalnih, aridnih oblasti Pacifika do dolina zapadnih delova Anda, na preko 3300 m nadmorske visine (Taylor, 1986). Na ostrvima arhipelaga Galapagos, oblasti na nivou mora do stenovitih delova vulkana nastanjuje *S. cheesmaniae*,

dok *S. galapagense* uspeva na nižim nadmorskim visinama izloženim okeanskim vetrovima, kao i padinama stenovitih vulkana (Darwin i sar., 2003; Peralta i sar 2008 b). Staništa divljih vrsta paradajza su uglavnom male, izolovane doline gde su se biljke adaptirale specifičnom mikroklimatu i različitim tipovima zemljišta.

Divlje vrste paradajza odlikuje nizak nivo morfološkog, a visok nivo genetičkog diverziteta (Tanksley, 2004). Većina vrsta ima plod zelene boje, vrste sa Galapagosa imaju žut i narandžast plod, a jedino *S. pimpinellifolium* ima crvenu boju ploda. Plodovi su uglavnom sitni, okruglog oblika prilagođeni za laku disperziju semena od strane sitnih organizama. Između i unutar vrsta prisutno je variranje u stepenu samooplodnje i stranooplodnje, varirajući od stranooplodnog preko fakultativno stranooplodnog do samooplodnog. Osim navednih, divlji srodnici paradajza razlikuju se i u pogledu drugih osobina (otpornost na abiotički i biotički stres, kvalitet ploda, tip, gustina i raposred malja, tipu grananja, broj cvetova u cvasti, tip lista...).

U poređenju sa većinom gajenih biljaka, nivo genetičkog diverziteta unutar germplazme gajenog paradajza je veoma nizak (Williams i St. Clair, 1993). Ustanovljeno je da je u gajenom paradajzu zadržano manje od 5% alelnog diverziteta njegovih divljih srodnika (Miller i Tanksley, 1990).



Slika 2. Alelni diverzitet gena divljih srodnika paradajza i njegov postepeni gubitak usled domestikacije i oplemenjivanja (izvor slike: Tanksley i Mc Couch, 1997)

Kako objašnjavaju Nesbitt i Tanksley (2002) uzrok niskog genetičkog diverziteta je smanjenje početne populacije tzv. „usko grlo“ (engl. *bottlenecks*) do koje je došlo tokom inicijalne domestikacije i prenošenja jako malog dela germplazme u Evropu, a odatle i u druge delove sveta (slika 2). Gubitak genetičkog diverziteta desio se, ne samo na nivou gena koji kontrolišu svojstva obuhvaćena selekcijom, već i na nivou kompletnog genoma (Muños i sar., 2011).

U odnosu na divlji, gajeni paradajz se odlikuje većim morfološkim diverzitetom, prvenstveno u veličini i obliku ploda (Paran i van der Knaap, 2007). Zahvaljujući njegovoj širokoj upotrebi u ljudskoj ishrani, adaptaciji na različite agroekološke uslove i sisteme uzgoja, gajeni paradajz se odlikuje raznolikošću kvantitativnih i kvalitativnih osobina.

Plod paradajza je sočna bobica koju čine spoljašnji zid, tj. perikarp prekriven pokožicom, komore i pregradni zidovi, placenta i seme. Masa ploda varira od veoma sitnog, težine svega nekoliko grama, do veoma krupnih plodova, mase preko 500 g pri čemu plodovi nekih populacija Volovskog srca dostižu masu i od 1 kg. Prema težini ploda, sorte se klasifikuju na krupne (120-250 g), srednje krupne (80-120 g), sitne (60-80 g), kao i sorte koktel tipa (30-50 g) i mini, tzv. *cherry* (10-30 g) paradajz (Đurovka i sar. 2006). Masa ploda predstavlja jednu od glavnih komponenti prinosa koja određuje namenu sorte. Diverzitet u masi ploda pripisuje se prisustvu 28 *QTL*-ova, identifikovanih u više nezavisnih istraživanja (Grandillo i sar., 1999). Isti autori, posebno ističu značaj 4 lokusa: *fruit weight* (*fw1.1*, *fw2.2*, *fw3.1* i *fw4.1*). Alelne varijacije unutar ovih lokusa imaju najveći uticaj na masu ploda, pri čemu razlike mogu biti i do 30%. Masa ploda, kao kvantitativno svojstvo je pod uticajem faktora spoljne sredine, načina proizvodnje i primenjene agrotehnike.

Komore predstavljaju šupljine u plodu u kojima se nalaze placenta i seme. Plod većine divljih vrsta ima dve komore, dok gajene vrste mogu imati od 2 do preko 15 komora uz različit oblik ploda. Broj komora u plodu je određen brojem karpela u cvetu. Ova osobina je pod genetičkom kontrolom nekoliko lokusa, pri čemu najznačajniju ulogu imaju *fasciated* (*fas*) i *locule number* (*lc*) (Muños i sar., 2011). Utičući na broj karpela u cvetu, ovi lokusi dovode do promena u veličini ploda. Ustanovljeno je prisustvo mutacija u jednom ili oba navedena lokusa istovremeno uz prisustvo epistatičke interakcije, kod izrazito krupnih (>500 g), višekomornih plodova (Lippman i Tanksley, 2001). Broj komora određuje oblik i veličinu ploda. Plodovi sa većim brojem komora obično imaju pljosnati oblik i veću masu (Muños i sar., 2011; Rodriguez i sar., 2011), pri čemu povećanje mase može biti i do 50% (Tanksley, 2004).

Najcenjeniji deo ploda su pregrade i spoljašnji zid jer sadrže najviši procenat suve materije. Pored toga, debljina perikarpa predstavlja bitnu karakteristiku ploda, kao komponenta čvrstine ploda. Jedan od ciljeva oplemenjivanja paradajza je upravo povećanje debljine perikarpa i čvrstine ploda što bi omogućilo duže skladištenje i bolji transport (Cvikić i sar., 2000). Čvrstina ploda je takođe veoma važna prilikom mehanizovanog ubiranja. Debljina perikarpa varira od nekoliko *mm* do preko 1 *cm*. Osim navedenih

svojstava, varijabilnost genotipova se ispoljava i na nivou drugih osobina ploda (čvrstina, dužina čvanja, prisustvo zelene kragne i dr.).

Prinos paradajza predstavlja kompleksno svojstvo, tzv. „supersvojstvo” koje se sastoji od većeg broja komponenti kvantitativne, poligene prirode (Živanović i sar., 2007), a najvažnije su broj plodova i prosečna masa ploda. Pored genetske predispozicije, na broj plodova utiču i faktori spoljne sredine, procenat oplodjenih cvetova i zametnutih plodova. Prinos paradajza zavisi od sorte, načina proizvodnje i primenjene agrotehnike. Zbog kompleksne prirode prinosa, veoma je teško identifikovati *QTL*-ove koji utiču na njega i poboljšati prinos putem marker asistiranе selekcije (MAS). Uprkos tome, objavljene su brojne studije koje se bave ovom problematikom, bazirane uglavnom na intersepcijes hibridizaciji i generacijama razdvajanja (Fulton i sar., 1997; Bernacchi i sar., 1998; Fulton i sar., 2000; Monforte i Tanksley 2000). Međutim, ustanovljen je nizak stepen saglasnosti među rezultatima ovih istraživanja, što je i očekivano, uzimajući u obzir kompleksnost prinosa i njegovu nisku heritabilnost (Foolad, 2007).

Veoma značajna osobina paradajza je ranozrelost. Broj dana od nicanja do sazrevanja prvog ploda na prvom grozdu predstavlja biološku ranozrelost (Daskalov i Ognjanov, 1962). Stvaranje sorti različitih rokova zrenja je veoma značajno u cilju ravnomernog pristizanja ploda na tržište i racionalnog korišćenja prerađivačkih kapaciteta.

U zavisnosti od rasta stabla i obrazovanja cvasti, tip rasta paradajza može biti indeterminantan, determinantan i poludeterminantan (Đurovka i sar, 2006). Indeterminantne sorte imaju neograničen porast za razliku od determinantanih sorti žbunastog izgleda, čiji je porast ograničen cvašću, kojom se stablo završava. Tip rasta određuje namenu sorte i način proizvodnje.

Boja ploda je među najvažnijim osobinama koje utiču na organoleptičku i nutritivnu vrednost paradajza (Francis 1995). Boja ploda je rezultat kombinacije pigmenata prisutnih u pokožici i mesnatom delu, a odlikuje je velika varijabilnost. Crvena, narandžasta i žuta boja ploda potiču od pigmenta iz grupe karotenoida. Crvena boja ploda nastaje akumulacijom pigmenta likopena, dok žuta i narandžasta boja ploda potiču od luteina i karotena (β -karoten ili δ -karoten) (Ronen i sar., 2000). Sposobnost stabilizacije reaktivnih oblika kiseonika i blokiranja slobodnih radikala daje likopenu i drugim karotenoidima antioksidativna svojstva (Burton i Ingold, 1984; Bramley, 2000). Veliki broj kliničkih studija ukazuje na značaj prisustva likopena u krvi u zaštiti od različitih oblika karcinoma (Miller i sar., 2002) i prevenciji srčanih oboljenja (Shi i Le Maguer, 2000). Zeleni, nezreli plodovi

sadrže hlorofil i karotenoide poput luteina, β karotena i violaksantina, koji su takođe prisutni i u listu (Paran i van der Knaap, 2007). Tokom zrenja hloroplasti prelaze u hromoplaste i plod dobija crvenu boju. Prisustvo antocijana, daje plodu ljubičastu boju. Osim navedenih, kod paradajza se sreću i druge boje i nijanse ploda, poput roze, braon, bele... Identifikovano je više od 20 gena koji utiču na vrstu, količinu i distribuciju karotenoida u plodu (Paran i van der Knaap, 2007).

Oblik ploda je određen odnosom između dužine i širine (prečnika) ploda, tj. indeksom oblika. Dužina ploda predstavlja rastojanje između vrha i osnove ploda, a širina prečnik ploda u njegovom najširem delu. Oblik ploda varira od okruglog, spljoštenog, izduženog, kruškolikog, cilindričnog, do niza prelaznih formi. Identifikovani su QTL-ovi za oblik ploda, među kojima su najznačajnija sledeća četiri: *ovate*, *sun*, *fasciated (fas)* i *locule number (lc)* (Tanksley, 2004). Prva dva utiču na pojavu izduženosti ploda, s tim da se pod uticajem *ovate* formiraju jajasti plodovi, dok su izduženiji plodovi posledica delovanja *sun* gena. Geni *fas* i *ln* utiču na oblik ploda, prvenstveno delujući na broj komora u plodu. Diverzitet oblika ploda gajenog paradajza Tanksley (2004) objašnjava na nekoliko načina. Selekcija na veću masu ploda mogla je rezultirati promenama u obliku ploda, usled plejotropnog delovanja gena. Dokaz u prilog ovoj hipotezi je mutacija koja je uzrokovala povećanje mase ploda usled povećanja broja komora (Lippman i Tanksley, 2001). Zahtevi tržišta, kao i prerađivačke industrije i mehanizovanog ubiranja ploda, takođe su imali uticaj na diverzitet oblika prisutan kod gajenog paradajza.

Rezultati brojnih istraživanja ukazuju na prisustvo diverziteta u karakteristikama kvaliteta ploda, kako među divljim vrstama, tako i među savremenim sortama i hibridima (Balasubramanian, 1984; Hanson i sar, 2004; Schauer i sar., 2005; Nour i sar., 2013). Brojna svojstva određuju kvalitet ploda, a većina su poligenog karaktera. Kvalitet ploda zavisi od hemijskog sastava, odnosno sadržaja suve materije, °Brix vrednosti (ukupne rastvorljive suve materije), šećera, kiselina i brojnih isparljivih jedinjenja (Thybo i sar., 2006). Kvalitet ploda zavisi od sorte, načina proizvodnje, momenta i načina berbe, kao i uslova skladištenja nakon berbe.

Komercijalne sorte i hibridi sadrže 4,5-6% suve materije dok kod divljih vrsta dostiže i do 15% (Hewitt i Garvey 1987). Suvu materiju čine vodorastvorljivi i nerastvorljivi deo. Vodorastvorljivi deo suve materije, koji čini oko 88 % njenog ukupnog dela čine pretežno šećeri, kiseline, proteini i rastvorljive pektinske supstance. Nerastvorljivi deo suve materije čine celuloza, hemiceluloza, pektinska kiselina i protopektini (Tepić i sar., 2006).

Povećanje sadržaja ukupne i rastvorljive suve materije je od izuzetnog značaja za industrijske sorte, jer povećava prinos i smanjuje troškove dehidracije tokom procesa prerade (Rick, 1974). Ukupna rastvorljiva suva materija izražena kroz °Brix vrednost, predstavlja veoma značajan pokazatelj tehnološkog kvaliteta ploda, posebno ukoliko je namenjen industrijskoj praradi u vidu dehidrata i koncentrata (Stevens, 1972), s obzirom na to da se paradajz prilikom prerade kuva do postizanja željene °Brix vrednosti. Takođe, sadržaj suve materije je veoma značajan i za paradajz namenjen upotrebi u svežem stanju, s obzirom na uticaj šećera i kiselina na ukus ploda (Stevens i sar., 1977).

Sadržaj organskih kiselina utiče, kako na ukus tako i na čuvanje prerađevina od paradajza. *pH* vrednost kod paradajza se kreće 4-4,5 (Diez i Nuez, 2008). Veoma je značajan pokazatelj otpornosti prerađevina na napad mikroorganizama. Niža *pH* vrednost inhibira aktivnost bakterije *Bacillus coagulans* (Rice i Pederson, 1954) i smanjuje verovatnoću kvarenja proizvoda usled prisustva termofilnih organizama. Niži nivo *pH* vrednosti daje plodu kiseliji ukus, na osnovu čega brojni potrošači ocenjuju kvalitet ploda.

Pepeo predstavlja ukupan sadržaj mineralnih materija. Kako navode Lazić i sar. (2001), najveći deo mineralnih materija u plodu paradajza čine K (38%), P (9%), Mg (9%) i Fe (2%). Iako ukupno čine mali procenat suve materije utiču na nutritivnu vrednost i kvalitet ploda i prerađevina (Salunkhe i sar., 1974).

3.5 Karakterizacija kolekcija germplazme paradajza

Biljni materijal, prvenstveno od značaja za poljoprivredu, sakuplja se u kolekcije (Swanson, 1996, Prodanović i sar, 2015) u kojima se svaki genotip posebno obeležava i naziva „*accession*” (Sackville i sar., 2002). Ove kolekcije se obično nazivaju „kolekcije germplazme”, s obzirom da se biljni materijal čuva prvenstveno, u vidu semena (Prodanović i Šurlan-Momirović, 2006). Odeljenje za povrtarstvo, Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu, od svog osnivanja do danas, radi na očuvanju, održavanju, uvećanju i korišćenju kolekcije paradajza, ali i drugih povrtarskih vrsta (paprike, pasulja, lukova, kupusa...). Kolekcija paradajza obuhvata: divlje srodnike, lokalne populacije, stare sorte, sorte zastupljene u proizvodnji, hibride i linijski materijal. Posebno su značajne populacije i sorte zbog dobre prilagođenosti agroekološkim uslovima, atraktivnog izgleda i dobrog kvaliteta ploda (Takač i sar, 2005). Lokalne populacije predstavljaju autohtone populacije, adaptirane na specifične uslove spoljašnje sredine određenog regiona, stabilnih prinosa srednjeg nivoa (Zeven, 1998). Pod starim sortama podrazumevaju se one koje više

nisu zastupljene u širokoj proizvodnji. Karakterizacija uzoraka vrši se primenom: fenotipskih, biohemijskih i molekularnih markera.

3.5.1 Fenotipski markeri

Prvi markeri, korišćeni u biljnoj proizvodnji i oplemenjivanju bazirali su se na karakteristikama fenotipa. Najčešće su to bili boja ili oblik različitih delova biljke, poput cveta, ploda, lista. Ovi markeri, odnosno osobine čiji polimorfizam se vizuelno lako uočava predstavljaju fenotipske, tj. morfološke markere. Iako se kao prednost morfoloških markera navodi njihova jednostavnost i ekonomičnost prate ih brojni nedostaci, poput: ograničenog broja (Rao, 2004), podložnosti, prvenstveno kvantitativnih osobina, uticaju faktora spoljne sredine, nemogućnosti razlikovanja homozigota od heterozigota, subjektivnosti vizuelne ocene i nesavršenost merenja (Roldan-Ruiz i sar., 2001). Međunarodna unija za zaštitu novih biljnih sorti *UPOV*, uspostavila je kriterijume za sprovođenje testa različitosti, uniformnosti i stabilnosti i definisala deskriptore (ključeve) za opis i karakterizaciju biljnih vrsta (*UPOV*, 2001). Ovi deskriptori se sastoje od uvodnih poglavlja, istih za sve vrste (pasoški podaci, ekološki i proizvodni uslovi, način održavanja sorte...), i specifičnih poglavlja u zavisnosti od biljne vrste (Prodanović i Šurlan-Momirović, 2006). U *UPOV* priručniku za karakterizaciju paradajza propisani su minimumi za količinu biljnog materijala za sprovođenje testova, vremenski period trajanja testova i broja biljaka na kojima se vrše opservacije. Dat je opis načina postavljanja ogleda i veličine ogledne parcelice i osobine koje se ocenjuju. Kvantitativne osobine se izražavaju u jedinicama mere (*cm*, *g*...) a kvalitativne opisno (oblik, boja, prisustvo/odsustvo).

Potreba oplemenjivača i genetičara za preciznijim i pouzdanijim fenotipskim podacima dovela je do razvoja platformi za fenotipizaciju. Ove platforme predstavljaju automatizovanu i robotizovanu ocenu kompleksnih svojstava poput morfologije korena (Flavel i sar., 2012), karakteristika lista (Arvidsson i sar., 2011), karakteristika ploda (Brewer i sar., 2006), fotosintetske efikasnosti (Bauriegel i sar., 2011). Razvoj platformi za fenotipizaciju, do sad je u najvećoj meri bio fokusiran na merenje svojstava individualnih biljaka u staklenicima. Jedan od najvećih izazova oplemenjivačima biljaka i genetičarima u XXI veku je uspostavljanje kapaciteta za brzu i tačnu ocenu fenotipskih svojstava velikog broja biljaka na polju (Houle i sar., 2010).

3.5.2 Molekularni markeri

Molekularni markeri se dele na biohemijske i DNK markere, u zavisnosti od toga da li detektuju polimorfizam na nivou enzima ili DNK molekula. Prednost biohemijskih markera (izozimi i alozimi), u odnosu na fenotipske je što nisu podložni uticaju faktora spoljne sredine, međutim, zbog male pokrivenosti genoma nivo detekcije varijabilnosti je nizak (Rao, 2004) što ograničava utvrđivanje genetičkog identiteta. DNK markeri predstavljaju sekvence DNK unutar kodirajućih ili nekodirajućih delova genoma. Identifikujući polimorfizam na nivou DNK sekvence, prevazilaze nedostatke i fenotipskih i biohemijskih markera (Ovesná i sar., 2002). Podela molekularnih markera je izvršena na osnovu više kriterijuma. Mishra i sar (2014) navodi podelu prema metodi za utvrđivanje polimorfizma DNK, na markere zasnovane na hibridizaciji (RFLP- *Restriction Fragment Length Polymorphism*), lančanoj reakciji polimeraze (RAPD -*Random Amplified Polymorphic*, AFLP-*Amplified Fragment Length Polymorphism*, SSR *Simple Sequence Repeat*) i sekvencioniranju (SNP-*Single Nucleotide Polymorphism*). Prema načinu nasleđivanja dele se na dominantne i kodominantne. Kodominantni markeri su markeri koji omogućavaju identifikaciju obe alelne varijante. Drugim rečima, ovi markeri omogućavaju razlikovanje heterozigota od homozigota i identifikaciju genotipa i frekvencije alela datog lokusa. Dominantni markeri, s druge strane, omogućavaju detekciju samo jednog alela, a produkti se detektuju kao prisustvo ili odsustvo fragmenta određene veličine, te ne omogućavaju detekciju heterozigota. Poznata je i podela markera na osnovu vrste polimorfizma koju detektuju i ćelijske organele u kojoj se nalaze. Markeri se takođe razlikuju po troškovima primene, potrebnoj opremi i ponovljivosti rezultata (Schlotterer 2004; Bernardo, 2008).

Mikrosateliti

Mikrosateliti predstavljaju kratke sekvence DNK molekula koje se sastoje od tandemski ponovljivih nukleotidnih jedinica, dužine 1-6 baznih parova, prisutnih u genomima većine eukariotskih organizama (Powell i sar., 1996). Ovi markeri su poznati i pod nazivom kratke ponovljive sekvence (*Simple Sequence Repeats* ili *SSRs*) i pripadaju grupi kodominantnih markera. Takođe, *SSR* markeri pripadaju grupi *PCR* markera čija detekcija se zasniva na primeni reakcije lančane polimerizacije (*PCR*), u kojoj se sekvence komplementarne regionima koji okružuju hipervarijabilne mikrosatelite koriste kao prajmeri.

Polimorfizam mikrosatelita nastaje usled razlika u broju tandemskih ponovaka unutar regiona ograničenog prajmerima, a smatra se posledicom proklizavanja polimeraze tokom replikacije DNK molekula uz zakazivanje mehanizma za otklanjanje grešaka prilikom replikacije, nejednakog krosingovera (Levinson i Gutman, 1987) kao i visoke stope mutacija. Brojni su faktori koji utiču na stopu mutacija unutar mikrosatelitskih lokusa uključujući ponavljajući motiv, dužinu sekvence, hromozomsku poziciju, učestalost GC nukleotidnog para u bočnim regionima (Li i sar., 2002). Utvrđena je negativna korelacija između dužine ponovka i stope replikativnog proklizavanja polimeraze, a najviša je u dinukleotidnim *SSR* lokusima. Sa povećanjem broja repetativnih jedinica (ponovaka), povećava se mutaciona stopa, odnosno mogućnost proklizavanja polimeraze i pogrešnog ponovnog sparivanja lanaca (Bhargava i Fuentes, 2010).

SSR markeri su u najvećoj meri prisutni u nekodirajućim regionima genoma, a znatno ređe u protein-kodirajućim delovima. Wang i sar. (1994) su ustanovili, kod sve 54 ispitivane biljne vrste, prisustvo svih (101) posmatranih mono-, di- i tetra nukleotidnih *SSR* ponovaka u nekodirajućem delu genoma. Prisustvo *SSR* markera unutar gena je utvrđeno pretraživanjem *EST* (*Expressed Sequence Tag*) baza (Eujayl i sar., 2002; Thiel i sar., 2003). *EST-SSR* markeri ispoljavaju niži nivo polimorfizma u odnosu na one nastale iz ukupne genomske *DNK*, s obzirom na veću konzervativnost kodirajućih regiona *DNK* i time manju podložnost mutacijama (Scott, 2001). Ovi mikrosateliti su od posebnog značaja za utvrđivanje veze marker-svojestvo (mapiranje) i u komparativnim istraživanjima srodnih vrsta.

SSR markeri se odlikuju malim brojem ponovaka po lokusu (5-100) i učestalošću od 10^4 do 10^5 po genomu (Tautz, 1993). Kod većine vrsta, najzastupljeniji (48-67%) su dinukleotidni mikrosatelitski ponovci (Wang i sar., 1994), praćeni sa tetra- i mononukleotidnim mikrosatelitima (Ellegren, 2004). Najučestaliji ponovak u biljnim genomima je $(AT)_n$, dok je kod životinja najzastupljeniji $(AC)_n$ ponovak (Powell i sar., 1996). U kodirajućim regionima genoma glavnih gajenih vrsta, najzastupljeniji su trinukleotidni ponavljajući motivi, a zatim i di- i tetranukleotidni ponovci (Li i sar., 2002). Metzgar i sar. (2000) nalaze objašnjenje u mehanizmu odbrane, tj. suprotstavljanja organizma mutacionim promenama unutar kodirajućih regiona *DNK* molekula, uzimajući u obzir da se povećanjem broja repetativnih jedinica povećava stopa mutacija (Bhargava i Fuentes, 2010).

Premda uloga *SSR* markera u biljnim genomima nije u potpunosti rasvetljena, ustanovljen je njihov uticaj na gensku ekspresiju (Liu i sar., 2000), transkripciju (Meloni i sar., 1998; Gebhardt i sar., 1999), translaciju (Martin-Farmer i Janssen 1999), u zavisnosti od položaja u genomu, kao i njihov značaj u stvaranju fenotipskog diverziteta vrste (Li i sar. 2004).

Kao prednosti mikrosatelita, u odnosu na druge marker sisteme ističu se: multialelna priroda, kodominantan način nasleđivanja, brojnost, široka pokrivenost genoma, velika informativnost, jednostavna detekcija primenom *PCR* metode uz malu količinu početne *DNK* i ponovljivost dobijenih rezultata (Powell i sar., 1996; Agarwal i sar., 2008).

3.6 Značaj diverziteta i karakterizacije germplazme u oplemenjivanju paradajza

Ciljevi oplemenjivanja paradajza su brojni s obzirom da se ova vrsta gaji i koristi na različite načine, a vremenom su se menjali, počev od oplemenjivanja na prinos tokom 70-ih godina XX veka, dužinu čuvanja 80-ih godina, poboljšanje ukusa 90-ih do unapređenja kvaliteta, čemu se danas pridaje sve veći značaj (Bai i Lindhout, 2007). Ciljevi oplemenjivanja se razlikuju u zavisnosti od načina proizvodnje i namene paradajza. Osobine kojima se pridaje posebna pažnja, kod paradajza namenjenog svežoj potrošnji su: visok prinos, tip rasta, ranostasnost, kvalitet ploda (oblik, boja, ujednačenost, ukus, sočnost), period čuvanja, otpornost na biotički i abiotički stres. Jedan od ciljeva u oplemenjivanju industrijskih sorti je smanjenje troškova proizvodnje. Ovaj zahtev doveo je do izmena u arhitekturi biljke sa ciljem prelaska na mehanizovani način berbe. Industrijske sorte odlikuje: determinantan tip rasta, združeno cvetanje i zrenje, gladak plod ujednačene crvene boje, odsustvo spojnog kolenca na dršci ploda, ujednačenost oblika i veličine ploda bez prisustva šupljina, pokožica pogodna za skidanje i otporna na pucanje i debeo i čvrst perikarp (Díez i Nuez, 2008). Osim navedenih, ove sorte moraju imati i druge karakteristike kvaliteta neophodne za proces prerade: pH vrednost 4.2-4.4 i visok sadržaj ukupne rastvorljive suve materije.

Ogroman doprinos na polju genetike, evolucione biologije i oplemenjivanja paradajza dao je čuveni genetičar i botaničar Charles M. Rick (1915-2002). Prvi je prepoznao potencijalnu vrednost divljih vrsta, kao genetičkog rezervoara za unapređenje gajenog paradajza, što je predstavljalo prekretnicu u korišćenju genetičkog diverziteta paradajza.

Posvetio je život pronalaženju, kolekcionisanju i karakterizaciji egzotične germplazme paradajza (Tanksley i Khush 2002). Diverzitet egzotične germplazme predstavlja vredan izvor gena od interesa u oplemenjivanju paradajza: otpornost na bolesti, insekte, sušu, tolerantnost na salinitet, hladnoću i izmrzavanje i poboljšanje karakteristika kvaliteta ploda.

Diverzitet biljnih genetičkih resursa je bogatstvo od neprocenjivog značaja za čovečanstvo uzimajući u obzir procenu rasta svetske populacije (>9 milijardi do 2050 godine), kako navode Govindaraj i sar (2015). Prisustvo genetičke varijabilnosti gajenih biljnih vrsta je od esencijalnog značaja za njihovo buduće unapređenje, pružajući oplemenjivačima mogućnost za poboljšanje postojećih i stvaranje novih sorti i hibrida. Procena genetičke varijabilnosti zahteva prethodnu fenotipsku i molekularnu karakterizaciju biljnih genetičkih resursa. Na značaj diverziteta u stvaranju novih i unapređenju postojećih sorti paradajza ukazuju brojna istraživanja. Joshi i Kohli (2003) su ispitivali 17 kvalitativnih i kvantitativnih osobina kod 73 genotipa paradajza u cilju procene stepena genetičke udaljenosti i izbora potencijalnih, divergentnih roditelja za ukrštanje. Genotipovi su grupisani u 15 klastera pri čemu su oni sa najvećom genetičkom distancom predloženi za roditeljske komponente u cilju povećanja prinosa. Trezopoulos i Bebeli (2010) su za cilj istraživanja postavili utvrđivanje morfoloških razlika, unutar i između 34 lokalne populacije, poreklom iz Grčke. Većina svojstava, osim gustine malja i tipa rasta, ispoljila su visok stepen divergentnosti. Oblik ploda je u najvećoj meri doprineo heterogenosti ispitivanog materijala. Ustanovili su da diverzitet datih lokalnih populacija može biti od koristi u oplemenjivačkim programima. Dar i sar. (2015) dolaze do sličnog zaključka, predlažući genotipove iz najudaljenijih klastera za hibridizaciju u cilju postizanja heterotičnog efekta u F_1 generaciji i pozitivnih transgresivnih genotipova u generaciji razdvajanja. Njihov biljni materijal obuhvatao je 60 genotipova paradajza, a analizirane su komponente prinosa i kvalitet ploda. Morfološki markeri se smatraju nepouzdanim zbog podložnosti uticaju faktora spoljne sredine. Uprkos tome, Dong i sar. (2004) smatraju da se ovaj uticaj može ublažiti povećanjem broja ispitivanih uzoraka, a tačnost i objektivnost merenja poboljšati pridržavanjem procedura i uputstava propisanih u ključevima za deskripciju.

Brojne studije ukazuju na efikasnost primene *SSR* markera u ispitivanju genetičkog diverziteta roda *Solanum* (He i sar., 2003; Frary i sar., 2005, Garcia-Martinez i sar., 2006; Song i sar., 2006). Najčešće korišćeni pokazatelji genetičkog diverziteta u istraživanjima baziranim na polimorfizmu molekularnih markera su: broj alela po lokusu, frekvencija alela,

diverzitet gena, tj. očekivana heterozigotnost (Nei, 1973), polimorfizam pojedinačnih lokusa (*PIC-Polymorphism Information Content*), (Botstein i sar., 1980; Roldán-Ruiz i sar., 2000), proporcija retkih alela (Hirschhorn i Daly, 2005) i genetičke distance. Rao i sar. (2012) su sproveli istraživanja na 322 uzorka divljeg srodnika *Solanum pimpinellifolium*, koji pripadaju kolekciji AVRDC (*The World Vegetable Center*) sa ciljem određivanja strukture populacije i formiranja sržne, tzv. „core“ kolekcije. Analizom 32 kvalitativne i 22 kvantitativne osobine i primenom 48 mikrosatelitskih markera podjednako raspoređenih unutar genoma, izdvojeno je 190 divergentnih uzoraka. Detektovano je ukupno 377 alela, sa prosečno 7,85 po lokusu. Identifikovana su 52 retka alela, unutar 28 lokusa. Autori ističu da upotreba sržnih kolekcija omogućava proučavanje maksimalnog diverziteta u redukovanom broju uzoraka, što povećava šansu za detektovanje genotipova od interesa u asocijativnoj analizi kompleksnih svojstava. He i sar. (2003) su analizirali sekvence DNK paradajza, u cilju dizajniranja SSR prajmera s obzirom, na do tada ograničen broj dostupnih SSR markera. Pomoću 158 markera ispitali su 19 sorti i ustanovili polimorfizam kod 65 markera, sa PIC vrednošću koja se kretala 0,09-0,67. Pomoću ovih markera izvršena je klasifikacija genotipova u grupe. S obzirom na to da su markeri razvijeni u ovom istraživanju pretežno iz kodirajućih delova genoma, dobijaju na značaju ne samo u identifikaciji genotipova i marker asistiranom selekciji već i u utvrđivanju veze marker-svojstvo.

Fenotipski i molekularni markeri nalaze primenu i u analizi genetičke kontrole kvantitativnih svojstava putem *QTL* mapiranja. Brojna svojstva poput prinosa, kvaliteta i tolerantnosti na stres ispoljavaju kontinuiranu varijabilnost, kao rezultat kontrole od strane većeg broja gena koji stupaju u međusobnu i interakciju sa faktorima spoljašnje sredine. U istraživanjima koja su prethodila uvođenju molekularnih markera, genetička osnova ovih kompleksnih svojstava proučavana je korišćenjem statističkih pokazatelja poput srednje vrednosti, varijanse i kovarijanse potomstava (Mather i Jinks 1982; Falconer 1989), što nije pružalo informaciju o broju i položaju gena koji utiču na osobinu od interesa. Sa razvojem molekularnih markera omogućena je istovremena analiza genotipa (markera) i fenotipske vrednosti u generacijama razdvajanja, što je omogućilo detekciju i lociranje *QTL*-ova. Primena *QTL* mapiranja započinje početkom 80-tih godina XX veka korišćenjem izozima na paradajzu (Tanksley i sar. 1982; Vallejos i Tanksley 1983) i kukuruzu (Edwards i sar. 1987). Mapiranje *QTL* se bazira na traženju veze, tj. korelacije između određenih genomskih regiona, tj. marker lokusa i fenotipske varijabilnosti osobine od interesa. Kod paradajza su identifikovani *QTL*-ovi za veliki broj agronomski važnih svojstava uključujući

rezistentnost/tolerantnost na biotički i abiotički stres, osobine prinosa i kvaliteta ploda (Chagué i sar, 1997; van Heusden i sar., 1999; Wang i sar., 2000; Foolad 2007; Grandillo i sar. 2011). Jedna od glavnih primena *QTL* analize je marker asistirana selekcija (*MAS*, *Marker Assisted Selection*), odnosno selekcija pomoću markera koja povećava efikasnost stvaranja novih sorti i skraćuje ciklus selekcije.

Značaj primene mikrosatelitskih markera ogleda se i u genotipizaciji, tj. DNK fingerprintingu. Ova tehnika omogućava razlikovanje fenotipski identičnih individua (Giancola i sar., 2002), a podrazumeva karakterizaciju i poređenje DNK sekvenci. Od posebne je važnosti za određivanje genetičke čistoće semena i identifikaciju sorti što omogućava oplemenjivačima i semenskim kompanijama zaštitu intelektualne svojine. Karakterizacija oplemenjivačkog materijala je osnova za sprovođenje *DUS* testa, prilikom registracije sorti. Karakterizacija se vrši prema propisanoj proceduri, pomoću deskriptora propisanih od strane *UPOV* organizacije.

4. RADNA HIPOTEZA

U ovoj doktorskoj disertaciji se polazi od pretpostavke da će se fenotipskom analizom utvrditi postojanje razlika u ispitivanim osobinama između analiziranih genotipova. Pretpostavka ovog naučnog istraživanja je, takođe, da će se odabrani biljni materijal razlikovati i u hemijskom sastavu ploda.

Očekuje se da će primena određenog broja odabranih mikrosatelitskih markera omogućiti razlikovanje pojedinih genotipova paradajza, i da će se shodno tome izdvojiti markeri koji su najinformativniji i pomoću kojih će se identifikovati najveći broj alela kod različitih genotipova.

Polazi se od pretpostavke da će se utvrditi postojanje statistički značajnih pozitivnih i negativnih korelacija između određenih ispitivanih osobina.

Pretpostavlja se da će primena klaster analize omogućiti grupisanje ispitivanih genotipova na osnovu srodnosti i udaljenosti na način da će genotipovi unutar grupa biti među sobom sličniji dok će se između grupa genotipovi u većoj meri razlikovati. Grupisanjem genotipova pomoću klaster analize, olakšaće se izbor potencijalnih roditelja za ukrštanje u programima oplemenjivanja paradajza.

Pretpostavka je i da će unos i dostupnost podataka o ispitivanoj germplazmi paradajza kroz Nacionalni mehanizam razmene informacija doprineti afirmaciji kolekcije Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu, i povećati interesovanje za nove NS sorte paradajza kod nas i u svetu.

5. MATERIJAL I METODE RADA

5.1 Biljni materijal

Iz kolekcije Odeljenja za povrtarstvo, Instituta za ratarstvo i povrtarstvo, u Novom Sadu za analizu je odabrano 29 genotipova paradajza koji su obuhvatali: 5 lokalnih populacija, 10 starih sorti koje više nisu zastupljene u proizvodnji, 10 oplemenjivačkih linija i 4 sorte iz proizvodnje. U nastavku su navedeni nazivi analiziranih genotipova:

Bitoljski kasni, *Devdelijski*, *Skopski rani* i *Tetovski* - lokalne populacija paradajza iz Makedonije gajene u periodu između Prvog i Drugog svetskog rata do 60-ih godina XX veka. Odlikuju se indeterminantnim tipom rasta.

Novosadski rani - lokalna populacija paradajza iz Srbije gajena u periodu između Prvog i Drugog svetskog rata, do 60-ih godina XX veka. Biljke su indeterminantnog tipa rasta, a plod rebrast sa velikim brojem komora.

Golden jubilee i *Sanny Brok* – stare sorte paradajza iz SAD-a.

Rutgers – stara sorta paradajza američkog porekla, indeterminantnog tipa rasta i snažnog habitusa. Pripada grupi kasnostasnih i vrlo rodnih sorti. Zbog nežne pokožice koja lako puca nije pogodna za transport. Ova sorta se danas isključivo gaji u baštenskoj proizvodnji.

Gloria di Milano i *Valiant* – stare sorte paradajza iz Italije.

Saint Pierre – stara sorta paradajza iz Francuske snažnog indeterminantnog tipa rasta i bujne lisne mase. Plod je gladak, intenzivno crvene boje, sa sadržajem suve materije i do 6,5%. Namenjena je srednje ranoj i kasnoj proizvodnji na otvorenom polju. Danas se najviše gaji u baštama za pristizanje u punoj letnjoj sezoni.

Morane – stara sorta paradajza iz Francuske

Belgijski orijas – stara sorta paradajza nepoznatog porekla

Hode – stara sorta paradajza iz Holandije

Novosadski jabučar – stara sorta paradajza Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu priznata u SFRJ 1965. godine (autor sorte dipl.inž. Jula Šimić). Odlikuje se indeterminantnim tipom rasta. Odlikuje se visokim kvalitetom ploda, sa izbalansiranim odnosom ukupnih šećera i kiselina, veoma prijatnog ukusa te se u prerađivačkoj industriji

često koristi za popravku preradevina od paradajza. Ova sorta je pogodna za sve vidove potrošnje i još uvek je među omiljenim sortama u baštenskoj proizvodnji.

O_2 , O_3 , O_{10} , O_{14} i O_{15} – oplemenjivačke linije paradajza, stvorene u Institutu za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu. Linije su indeterminantnog tipa rasta, narandžaste boje ploda, a namenjene su proizvodnji na otvorenom polju i upotrebi u svežem stanju.

O_{13} - oplemenjivačka linija paradajza stvorena u Institutu za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu. Linija je indeterminantnog tipa rasta, žute boje ploda, a namenjena je proizvodnji na otvorenom polju i potrošnji u svežem stanju.

V_2 , V_9 , V_{18} i V_{21} - oplemenjivačke linije paradajza, stvorene u Institutu za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu. Linije se odlikuju indeterminantnim tipom rasta, plodom crvene boje, a namenjene su proizvodnji na otvorenom polju i upotrebi u svežem stanju.

Pegaž – sorta paradajza priznata 2007. godine od strane Republičke komisije za priznavanje i zaštitu sorti poljoprivrednog bilja Republike Srbije (autori sorte dipl. inž. Adam Takač i dr Đuro Gvozdenović, Institut za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu). Sorta je indeterminantnog tipa rasta, srednje ranog stasavanja. Plod je okruglog oblika, narandžaste boje sa visokim sadržajem karotina. Ova sorta se gaji na jedno stablo, uz oslonac, a namenjena je proizvodnji na otvorenom polju i upotrebi u svežem sanju.

Alparac - sorta paradajza priznata u Republici Srbiji 1998. godine (autori sorte dipl. inž. Adam Takač i dr Đuro Gvozdenović, Institut za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu). Spada u grupu ranih sorti, determinantnog tipa rasta sa stablom visine 60-65 cm. Plod je crvene boje, bez zelene zone oko drške ploda, blago izdužen sa perikarpom debljine i do 7 mm. Karakteristika ove sorte je združeno sazrevanje i veliki broj plodova po biljci. Sorta Alparac je namenjena industrijskoj preradi.

Knjaz - sorta paradajza priznata 2000. godine od strane Republičke komisije za priznavanje i zaštitu sorti poljoprivrednog bilja Republike Srbije (autori sorte dipl. inž. Adam Takač i dr Đuro Gvozdenović, Institut za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu). Sorta Knjaz se odlikuje determinantnim rastom, uspravnim stablom, visine 70-75 cm i srednje ranim stasavanjem. Plod sadrži i do 6,5% suve materije, osvežavajućeg je ukusa zbog izbalansiranog sadržaja šećera i ukupnih kiselina. Sorta Knjaz je namenjena prerađivačkoj industriji i upotrebi u svežem stanju.

Bačka - sorta paradajza priznata u Republici Srbiji 1998. godine (autori sorte dipl. inž. Adam Takač i dr Đuro Gvozdenović, Institut za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu). Sorta Bačka ima determinantan tip rasta i stablo visine oko 75 cm. Pripada grupi srednje kasnih sorti. Sorta ima krupan, crven plod, ujednačene mase po etažama. Zbog čvrstine ploda ova sorta je pogodna za transport, a namenjena je prerađivačkoj industriji i upotrebi u svežem stanju.

5.2 Poljski ogled

Seme odabranih genotipova paradajza posejano je u sandučice sa supstratom (zgoreli stajnjak : prosejana zemlja 1:1) u staklari Odeljenja za povrtarstvo početkom aprila, tokom 2010-2012. godine. Setva je obavljena gusto u redove formirane pomoću šablona sa razmakom između redova 3-4 cm, a zatim je seme pokriveno smešom zgorelog stajnjaka i prosejane zemlje u odnosu 1:1 i zaliveno. U fazi kotiledona i formiranja prvog pravog lista izvršeno je pikiranje mladih biljaka na razmak 10 x 10 cm u cilju obezbeđenja povoljnijih uslova za rast i razvoj (slika 3). Kao podloga za pikiranje korišćen je isti supstrat kao i za setvu. Nakon pikiranja biljke su zalivene.

Trogorišnji ogled (2010-2012. godine) postavljen je na lokalitetu Rimski Šančevi, na zemljištu tipa degradirani karbonatni černoziem. U toku vegetacije primenjena je standardna agrotehnika gajenja paradajza na otvorenom polju u uslovima navodnjavanja. Dan-dva pre rasađivanja izvršeno je navodnjavanje. Rasađivanje u fazi butonizacije je obavljeno ručno u maju, tokom 2010-2012. godine. Rasad je pre čupanja zaliven da bi se sprečile povrede korenovog sistema i ostavljen nekoliko sati da se procedi višak vode. Nakon čupanja odlagan je u gajbe sa vlažnom slamom da bi se podstaklo formiranje novih žila. Ogled je postavljen po slučajnom blok sistemu u 5 blokova. Biljni sklop je iznosio 70 x 50 cm, a veličina elementarne parcelice 7 m². Na elementarnoj parcelici rasađeno je po 2 reda biljaka, sa po 10 biljaka u redu.

Nakon rasađivanja izvršeno je zalivanje veštačkom kišom. U toku vegetacije primenjivane su opšte mere nege: okopavanje, navodnjavanje, blago ogrtanje prilikom poslednjeg okopavanja i zaštita biljaka od bolesti i štetočina po potrebi. Korovi su suzbijani ručno, okopavanjem. U toku vegetacije, navodnjavanje je vršeno na svakih 7-10 dana, a po potrebi i češće. U avgustu, u periodu pune zrelosti plodova prve cvasti obavljena je ručna berba.



Slika 3. Pikiranje rasada paradajza (levo) i rasad u polju (desno)

5.3 Meteorološki uslovi tokom izvođenja ogleda

Prema podacima Hidrometeorološkog zavoda Srbije, za lokalitet Rimski Šančevi (45° 20' N, 19° 51' E, 84 m) 2010. godina bila je ekstremno topla, sa padavinama ekstremno iznad normale. U Vojvodini su mesečne količine padavina u maju bile ekstremno iznad normale, sa prevaziđenim mesečnim maksimumom broja dana sa padavinama i dnevnim apsolutnim maksimumom padavina. Jun je bio vrlo topao.

U Vojvodini je prevaziđen mesečni i dnevni apsolutni maksimum padavina. Jul je bio vrlo topao, sa prevaziđenim mesečnim maksimumom broja tropskih noći i padavinama u granicama normale. Maksimalna mesečna količina padavina u avgustu izmerena je u Novom Sadu i iznosila je 168,5 mm čime je prevaziđen dotadašnji mesečni apsolutni maksimum za ovu meteorološku stanicu, koji je iznosio 147,7 mm (izmeren 1972.godine).

Tokom maja 2011. godine nisu zabeležena značajnija odstupanja padavina i temperatura od normale, dok je jun bio topao i sušan. Jul je bio veoma topao, sa velikim brojem tropskih dana i tropskih noći, a avgust bio pretežno topao i sušan.

Maj 2012. godine protekao je sa temperaturama u granicama normale i padavinama u centralnim i severnim krajevima zemlje u granicama normale. Jun i jul su u celoj Srbiji bili sa temperaturama ekstremno iznad normale, a padavinama znatno i ekstremno nižim od normale. U julu je zabeležen veliki broj tropskih dana i noći. Avgust je bio ekstremno topao i ekstremno sušan.

Tabela 2. Meteorološki pokazatelji za period maj-avgust tokom 2010-2012. godine na lokalitetu Rimski Šančevi (<http://www.hidmet.gov.rs>)

	Godina	Maj	Jun	Jul	Avgust
Maksimalna t vazduha (°C)		22	25,2	28,8	28,1
Minimalna t vazduha (°C)		12,3	15,3	17,8	16,2
Prosečna t vazduha (°C)	2010	17	20,2	23,1	21,9
Količina padavina (mm)		113,7	171,8	99	168,5
Vlažnost vazduha (%)		74	78	76	75
Oblačnost (h)		6,6	5,1	4	3
Maksimalna t vazduha (°C)		22,6	26,9	28,2	30,2
Minimalna t vazduha (°C)		10,9	15	16,1	16
Prosečna t vazduha (°C)	2011	16,8	20,9	22,1	23
Količina padavina (mm)		63	36,9	61,5	1,5
Vlažnost vazduha (%)		71	69	70	64
Oblačnost (h)		4,5	4,7	4,4	2,1
Maksimalna t vazduha (°C)		23	29,3	32	32,3
Minimalna t vazduha (°C)		11,7	15,8	17,8	15,9
Prosečna t vazduha (°C)	2012	17,5	23	25,2	24,6
Količina padavina (mm)		52,2	27,5	47,7	3,5
Vlažnost vazduha (%)		71	63	61	51
Oblačnost (h)		5,4	2,9	2,6	1,6

5.4 Ispitivane osobine paradajza

Tokom vegetacionog perioda utvrđen je datum nicanja praćenjem pojave kotiledona iznad površine zemlje kod 50% biljaka. Početak zrenja je utvrđen praćenjem pojave prvog zrelog ploda kod 10% biljaka u redu. U toku vegetacije, analizirane su sledeće osobine biljaka po *UPOV* deskriptoru za paradajz (*International Union for the Protection of Cultivated Varieties*, 2001).

- Tip rasta
 - 1- determinantan
 - 2- indeterminantan
- Izdeljenost liske
 - 1- perasto izdeljen
 - 2- dvostruko perasto izdeljen

- Boja ploda
 - 1- krem
 - 2- žuta
 - 3-narandžasta
 - 4-roza
 - 5-crvena
 - 6-braonkasta
- Oblik ploda
 - 1- pljosnat
 - 2- blago pljosnat
 - 3- okrugao
 - 4- četvrtast
 - 5- cilindričan
 - 6- eliptičan
 - 7- srcolik
 - 8- jajolik sa suženjem na vrhu
 - 9- jajolik
 - 10- kruškolik

Prilikom berbe izmeren je prinos ploda (kg) prve cvasti, po parcelici, a takođe je utvrđen i ukupan broj plodova prve cvasti po parcelici i prosečna masa ploda (g). Prosečan broj plodova po biljci određen je deljenjem ukupnog broja plodova po parcelici sa brojem biljaka po parcelici u momentu berbe. Treba napomenuti da je u nekim slučajevima, u momentu berbe, broj biljaka po parcelici bio manji od prvobitno rasađenih 20. Ovo može biti posledica nepotpunog ukorenjavanja biljke ili naknadnog propadanja pojedinih biljaka usled abiotskih ili biotskih faktora stresa. Prosečna masa ploda paradajza određena je deljenjem prinosa ploda po parcelici sa ukupnim brojem plodova po parcelici. Na uzorku formiranom branjem jednog ploda prve cvasti sa 10 biljaka po ponavljanju analizirane su sledeće kvantitativne osobine:

- Dužina ploda (cm) – rastojanje između vrha i osnove ploda
- Širina ploda (cm) – prečnik ploda u najširem delu
- Debljina perikarpa (mm) – širina spoljašnjeg zida ploda
- Broj komora ploda

- Sadržaj suve materije (%), izmeren pomoću refraktometra

U drugoj godini poljskog ogleđa ispitan je hemijski sastav ploda. Analize su rađene u Naučnom institutu za prehrambene tehnologije, Univerziteta u Novom Sadu. Pre analiza svaki uzorak paradajza je samleven u blenderu do postizanja kašaste konzistencije. Određene su sledeće karakteristike kvaliteta ploda:

- Sadržaj vlage i sadržaj pepela (%) su određeni korišćenjem termogravimetrijskog analizatora (*TGA701, LECO Corporation, USA*). Sadržaj vlage je određen sušenjem na temperaturi od 105 °C do konstantne mase. Nakon sušenja uzorak je žaren na temperaturi od 900 °C do konstantne mase u cilju određivanja sadržaja pepela.
- Sadržaj ukupne rastvorljive suve materije (*°Brix, u %*) materije je očitano direktno na refraktometru (*ATR ST Plus, Schmidt + Haensch, Germany*)
- Sadržaj ukupnih kiselina (%) određena je titracijom rastvorom natrijum-hidroksida u prisustvu indikatora fenolftaleina (*AOAC, 2000*). Blendirani uzorak je profiltriran kroz grubu filter hartiju, a zatim je određena ukupna kiselost iz filtrata. Titracija rastvorom NaOH je vršena do pojave svetloružičaste boje stabilne 30 s.
- *pH* vrednost je izmerena direktno u blendiranom paradajzu pomoću *pH*-metra sa temperaturnom sondom za korekciju temperature (*Denver Instrument, USA*).

5.5 Molekularne metode

5.5.1 Izolacija DNK

Ekstrakcija DNK iz mladih listova rađena je prema CTAB metodu (*Doyle i Doyle, 1990*). Koncentracija izolovane genomske DNK određena je pomoću spektrofotometra (*Perkin Elmer MBA2000*).

Za određivanje koncentracije nukleinskih kiselina očitavanja se vrše na talasnoj dužini od 260 nm, a proteina na 280 nm. Čistoća DNK uzoraka je utvrđena na osnovu vrednosti A_{260}/A_{280} . Kod čistog DNK uzorka ova vrednost iznosi ~1,8, dok niže vrednosti ukazuju na prisustvo proteina, fenola i dr. nečistoća. Uzorak koji sadrži 50 µg/µl DNK ima apsorbanču 1 na 260 nm. Faktor razblaženja (df) 50 je postignut rastvaranjem 10 µl genomske DNK u 490 µl H₂O. Koncentracija DNK je računata pomoću formule:

$$\text{ccDNK} = (A_{260} * \text{df} * 50 \mu\text{g}/\mu\text{l}) / 1000$$

Radna koncentracija DNK za PCR reakciju je ujednačena na 10 ng/µl.

5.5.2 PCR amplifikacija

Umnožavanje mikrosatelitskih lokusa rađeno je primenom lančane reakcije polimeraze (*Polymerase Chain Reaction, PCR*) pomoću fluorescentno obeleženih prajmera na PCR aparatu *GeneAmp PCR System9700 (Applied Biosystems)*.

Mikrosatelitski markeri su odabrani na osnovu polimorfnosti u objavljenim literaturnim podacima i na osnovu pripadnosti hromozomima u cilju pokrivenosti kompletnog genoma (tab. 3). Odabrano je 30 markera za analizu ali je umnožavanje mikrosatelitskih lokusa kod svih genotipova bilo uspešno kod 23 markera, koji su bili uključeni u dalju analizu.

Tabela 3. Mikrosatelitski markeri za molekularnu analizu paradajza

Marker	Sekvenca levog i desnog prajmera	Hromozom
SSR 9	CCCTTTGCAAGTTCTTCTTCA TTCATGAGCCAACATAGGAGG	1
SSR 75	CCATCTATTATCTTCTCTCCAACAC GGTCCCAACTCGGTACACAC	1
SSR 66	TGCAACAACCTGGATAGGTCG TGGATGAAACGGATGTTGAA	2
SSR 96	GGGTTATCAATGATGCAATGG CCTTTATGTCAGCCGGTGT	2
SSR 40	TGCAGGTATGTCTCACACCA TTGCAAGAACACCTCCCTTT	2
SSR 111	TTCCTCCCTTCCATCAGTTCT TTTGCTGCTATACTGCTGACA	3
SSR 601	TCTGCATCTGGTGAAGCAAG CTGGATTGCCCTGGTTGATT	3
SSR 43	CTCCAAATTGGGCAATAACA TTAGGAAGTTGCATTAGGCCA	4
SSR 146	TATGGCCATGGCTGAACC CGAACGCCACCACTATACCT	4
TMS 26	TTCGGTTTATTCTGCCAACC GCCTGTAGGATTTTCGCCTA	4
SSR 115	CACCCCTTATTCAGATTCCTCT ATTGAGGGTATGCAACAGCC	5
SSR 304	TCTCCGGTTGTTACTCCAC TTAGCACTTCCACCGATTCC	7
SSR 327	TCAGGATCAGGAGCAGGAGT TGGACTTGTTCATGAACCC	8
SSR 69	TTGGCTGGATTATTCCTGTTG GCATTTGATAGAAGGCCAGC	9

<i>SSR 237</i>	GTGGTAACGGCAAAGGGACT CTTATGGCCTTAGCAGCCAG	9
<i>SSR 74</i>	ACTCACCATGGCTGCTTCTT TTTCTTGAAGGGTCTTTCCC	10
<i>SSR 248</i>	GCATTCGCTGTAGCTCGTTT GGGAGCTTCATCATAGTAACG	10
<i>SSR 136</i>	GAAACCGCCTCTTTCACTTG CAGCAATGATTCAGCGATA	11
<i>SSR 80</i>	GGCAAATGTCAAAGGATTTGG AGGGTCATGTTCTTGATTGTCA	11
<i>TMS 42</i>	AGAATTTTTTCATGAAATTGTCC TATTGCGTTCCTACTCCCTCT	11
<i>SSR 20</i>	GAGGACGACAACAACAACGA GACATGCCACTTAGATCCACAA	12
<i>TMS 9</i>	TTGGTAATTTATGTTTCGGGA TTGAGCCAATTGATTAATAAGTT	12
<i>TMS 23</i>	GGATTTGTAGAGGTGTTGTTGG TTTGTAATTGACTTTGTCGATG	12

Uslovi amplifikacije su optimizovani za svaki marker tako da je za umnožavanje 23 *SSR* lokusa korišćeno ukupno 6 programa amplifikacije (tab 4).

Tabela 4. PCR programi i uslovi amplifikacije za *SSR* markere

Program	Uslovi amplifikacije	<i>SSR</i> markeri
<i>ann 45°</i>	Početna denaturacija na 94 °C 5 min 40 ciklusa: 94 °C 45 sec, 45 °C 45 sec, 72 °C 45 sec Krajnja ekstenzija 72 °C 7 min	SSR20, SSR111, SSR43, SSR601,
<i>ann 48°</i>	Početna denaturacija na 94 °C 5 min 40 ciklusa: 94 °C 45 sec, 48 °C 45 sec, 72 °C 45 sec Krajnja ekstenzija 72 °C 7 min	TMS23, SSR146,
<i>ann 50°</i>	Početna denaturacija na 94 °C 5 min 40 ciklusa: 94 °C 45 sec, 50 °C 45 sec, 72 °C 45 sec Krajnja ekstenzija 72 °C 7 min	SSR74, SSR136, SSR80
<i>ann 55°</i>	Početna denaturacija na 94 °C 5 min 40 ciklusa: 94 °C 45 sec, 55 °C 45 sec, 72 °C 45 sec Krajnja ekstenzija 72 °C 7 min	SSR9, SSR69, SSR327
<i>ann 60°</i>	Početna denaturacija na 94 °C 5 min 40 ciklusa: 94 °C 45 sec, 60 °C 45 sec, 72 °C 45 sec Krajnja ekstenzija 72 °C 7 min	SSR237

	Početa denaturacija na 94 °C 5 min	
	5 ciklusa: 94 °C 45 sec, 68 °C (-1,6 °C) 1 min, 72°C 1 min	
TD*	5 ciklusa: 94 °C 45 sec, 58 °C (-1,6 °C) 1 min, 72°C 1 min	TMS9, TMS26, TMS42, SSR115, SSR248,
	30 ciklusa: 94 °C 30 sec, 48 °C 45 sec, 72°C 45 sec	SSR304, SSR66, SSR40,
	Krajnja ekstenzija 72 °C 10 min	SSR96, SSR75

* TD- *Touch Down*, modifikovano po metodu Xu i sar., (2005)

Zapremina reakcione smeše je iznosila 7 µl, a analizirane DNK 3 µl. Komponente reakcione smeše za analizu jednog uzorka su bile sledeće:

- H₂O 3,0 µl
- 10 x B pufer 1 µl
- dNTP_s (0,2 mM) 1 µl
- MgCl₂ (2 mM) 0,8 µl
- Prajmer_{forward} (10 pmol/µl) 0,5 µl
- Prajmer_{reverse} (10 pmol/µl) 0,5 µl
- Taq polimeraza (1U/ µl) 0,2 µl

Umnoženi SSR lokusi su analizirani na automatskom DNK sekvenceru (*AppliedBiosystems, Life Technologies*) (slika 4), primenom fragmentne analize. Veličina PCR produkata u bp određena je u odnosu na standard za veličinu, odnosno DNK fragmente poznate dužine (*Gene Scan 500 LIZ Size Standard*). PCR produkti i standard krećući se kroz kapilaru prolaze kroz laserski zrak i uređaj za detekciju fluorescencije (CCD kamera), pri čemu se kontrola rada aparata, kao i prikupljanje podataka analize nalaze pod kontrolom *Data Collection* softvera, verzija 3.0 (*AppliedBiosystems, Life Technologies*).

Dobijeni podaci su obrađeni primenom *GeneMapper* softvera, verzija 4.0 (*AppliedBiosystems, Life Technologies*) pri čemu je veličina produkata određena pomoću kalibracione krive, formirane na osnovu standarda za veličinu, a sa preciznošću od 1 baznog para.



Slika 4. Automatski DNK sekvencer (*AppliedBiosystems, Life Technologies*)

5.6 Biometrička analiza podataka

Analiza rezultata poljskog oglada

Da bi se utvrdilo da li su se ispitivani genotipovi razlikovali u kvantitativnim osobinama, primenjen je neparametrijski test *Kruskal Wallis* (1952), u statističkom programu *SPSS* verzija 22.0 (*Armonk, NY: IBM Corp., 2013*), zbog narušenosti pretpostavke o homogenosti varijansi i odstupanja reziduala od normalne raspodele. Primena ovog metoda zasniva se na transformaciji originalnih podataka u sume rangova koje se koriste u daljoj analizi. Genotipovima se dedeljuje vrednost ranga na osnovu vrednosti analiziranog svojstva, pri čemu najniži rang dobija posmatranje sa najmanjom vrednošću merene osobine. Suma rangova za genotip dobija se sumiranjem svih pojedinačnih rangova datog genotipa. *H* vrednost predstavlja *Kruskal Wallis* statistiku. Ukoliko je izračunata vrednost (za $n > 3$) manja od kritične *chi*-kvadrat vrednosti, nulta hipoteza o jednakosti medijana se prihvata, u suprotnom se odbacuje. Pomoću istog testa utvrđeno je da li su se osobine razlikovale tokom tri godine ispitivanja, odnosno da li je uticaj godine na vrednosti osobina bio statistički značajan.

Za ispitivanje unakrsne interakcije genotip x godina, primenjen je neparametrijski metod po *de Kroon* i *Van der Laan*-u (*de Kroon* i *van der Laan*, 1981).

U cilju izračunavanja pokazatelja centralne tendencije i mera disperzije urađena je deskriptivna statistička analiza primenom programa *Statistica 12* (*StatSoft, Inc.* 2013). Za

fenotipska kvantitativna svojstva izračunate su minimalne, maksimalne i srednje vrednosti kao i njihova standardna greška i osnovni pokazatelji varijabilnosti (standardna devijacija- σ i koeficijent varijacije - V).

U programu *Statistica12* izvršeno je grupisanje genotipova na osnovu srednjih vrednosti kvantitativnih svojstava, primenom klaster analize. Primenjen je *Ward*-ov metod povezivanja (1963), a za model je uzeta sličnost između genotipova zasnovana na kvadratima Euklidskih distanci. Po *Ward*-ovom metodu, računaju se aritmetičke sredine za svaki klaster, i svaku varijablu. Nakon toga, za svaki objekat se izračunava kvadratno euklidsko odstojanje od centra klastera i sumiraju se ove udaljenosti za sve članove klastera. Spajanje klastera vrši se na način da je ukupna suma njihovih odstupanja najmanja, odnosno ukoliko njihovim udruživanjem dolazi do minimalnog povećanja sume kvadrata unutar formiranih grupa.

U cilju određivanja strukture izvora varijabilnosti i određivanja doprinosa svake pojedinačne osobine u ukupnoj varijansi urađena je analiza glavnih komponenti, odnosno *PCA (Principal Component Analysis)* analiza u programu *Statistica12*. Prikazan je procentualni udeo glavnih komponenti u ukupnoj varijabilnosti kao i osobine koje su bile ključne u njihovom definisanju. Izvršen je dvodimenzionalni prikaz podataka dvema glavnim komponentama kojima je obuhvaćen najveći deo varijanse početnog skupa.

Između analiziranih osobina izračunati su koeficijenti korelacije po Spirman-u. Jačina međuzavisnosti određena je na osnovu skale po *Evans*-u (1996). Dobijeni koeficijent korelacije ne pokazuje jačinu i smer korelacione veze direktno između posmatranih pojava nego između njihovih rangova.

<u>Vrednost koeficijenta korelacije (r)</u>	<u>Jačina korelacije</u>
0,00-0,19	Veoma slaba
0,20-0,39	Slaba
0,40-0,59	Srednja
0,60-0,79	Jaka
0,80-1,00	Veoma jaka

Za grupisanje genotipova po sličnosti i razlikama u ocenjujućim osobinama, izvršena je klaster analiza u programu *Statistica12*. Primenjen je neponderisani metod grupisanja sa aritmetičkom sredinom *UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic mean; Sokal and Michener 1958)*, zasnovan na Euklidovom odstojanju. Ovaj metod pronalazi najmanje odstojanje između dva objekta i grupiše ih u klaster. Udaljenost između

dva klastera po *UPGMA* metodu predstavlja prosek udaljenosti između svih parova objekata iz dva klastera. Svi parovi imaju podjednak doprinos (nisu ponderisani) prilikom izračunavanja odstojanja između objekata.

Za ispitivana hemijska svojstva ploda izračunate su minimalne, maksimalne i srednje vrednosti sa standardnom greškom, kao i osnovni pokazatelji varijabilnosti (standardna devijacija- σ i koeficijent varijacije - V).

Za klasifikaciju genotipova u grupe urađena je klaster analiza primenom *Ward*-ovog metoda i *Pirsonovih* distanci. Kao i za morfološke i agronomске sobine, izračunati su koeficijenti korelacije kako bi se ustanovila veza između ispitivanih hemijskih osobina ploda.

Analiza molekularnih podataka

Podaci dobijeni primenom mikrosatelitskih markera obrađeni su na osnovu veličine produkata u bp. U programu *PowerMarker ver. 3.25* (Liu, 2002), izračunati su sledeći pokazatelji genetičkog diverziteta za polimorfne mikrosatelitske lokuse: broj alela po lokusu (N_a), frekvencija najzastupljenijeg alela, diverzitet gena odnosno očekivana heterozigotnost (H_e), uočena heterozigotnost (H_o) i polimorfnost pojedinačnih lokusa, odnosno *PIC* vrednost (*Polymorphism Information Content*).

Očekivana heterozigotnost (H_e) ili diverzitet gena predstavlja frekvenciju očekivanih heterozigota za dati lokus pri slučajnom ukrštanju (Nei, 1973). Očekivana heterozigotnost predstavlja verovatnoću da su dva nasumično izabrana alela nekog lokusa različiti te da je individua heterozigotna za dati gen.

Uočena heterozigotnost lokusa (H_o) predstavlja odnos broja heterozigota određenog lokusa i ukupnog broja heterozigota i homozigota.

Polimorfnost pojedinačnih mikrosatelitskih lokusa, odnosno *PIC* (*Polymorphism Information Content*) vrednosti izračunata je u cilju utvrđivanja stepena informativnosti odabranih markera (Botstein i sar. 1980):

$$PIC = 1 - \sum p_i^2$$

pri čemu je p_i - relativna frekvencija i -tog alela

Genotipovi su na osnovu molekularnih podataka grupisani primenom klaster analize i *UPGMA* metoda pomoću programa *Phylip (Phylogeny Inference Package; Felsenstein, 2005; University of Washington, Seattle)*.

U cilju testiranja nivoa diferencijacije i ispitivanja raspodele genetičke varijabilnosti unutar i između formiranih grupa primenjena je analiza molekularne varijanse (*AMOVA*) softverskog paketa *Arlequin*, verzija 3.5 (Excoffier i Lischer, 2010). *AMOVA* je urađena na osnovu matrica udaljenosti genotipova, izračunatih na osnovu proporcije zajedničkih alela između genotipova. Ukupna varijansa je podeljena na kovarijacione komponente unutargrupnih (*V_b*) i međugrupnih razlika (*V_a*). Nivo značajnosti kovarijacionih komponenti procenjen je pomoću 1000 permutacija.

Izračunat je *Wright*-ov indeks populacione diferencijacije (*F_{st}*) u cilju utvrđivanja nivoa diferencijacije između formiranih grupa. *F_{st}* koeficijent je pokazatelj udela genetičke varijanse u datoj populaciji (grupi) i može imati vrednost od 0-1. Veća vrednost indeksa ukazuje na veću diferencijaciju.

6. REZULTATI I DISKUSIJA

6.1. Analiza genetičkog diverziteta primenom fenotipskih markera

6.1.1. Analiza kvantitativnih osobina biljaka

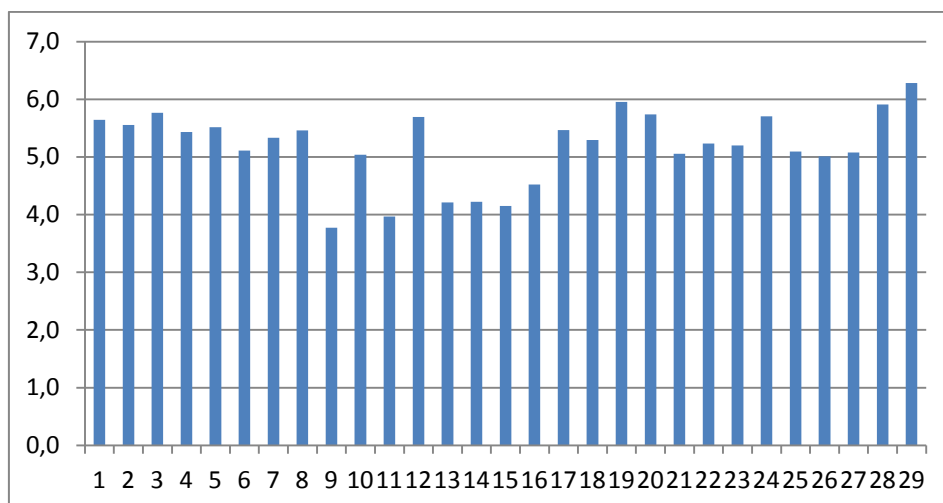
6.1.1.1 Deskriptivna analiza osobina

Vrednosti analiziranih kvantitativnih osobina, dobijene tokom trogodišnjeg perioda ispitivanja (2010-2012) ukazuju na postojanje razlika između ispitivanih genotipova paradajza (tab. 5). Dužina ploda iznosila je od 3,8 *cm* kod lokalne populacije Novosadski rani (genotip 9), do 6,3 *cm* kod sorte Bačka (genotip 29) (graf. 1). Prosečna vrednost dužine ploda iznosila je 5,2 *cm*, sa koeficijentom varijacije 12,2% (tab. 5).

Tabela 5. Deskriptivna analiza ispitivanih osobina paradajza za period 2010-2012. godine

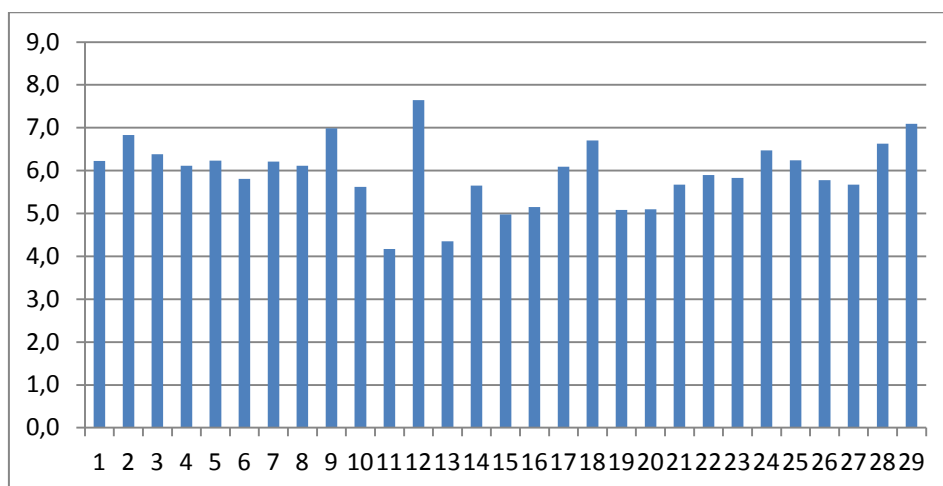
Osobina	Srednja vrednost	Minimum	Maksimum	Standardna devijacija	Standardna greška	Koeficijent varijacije (%)
DPl	5,2	3,8	6,3	0,631	0,117	12,2
ŠP	6,0	4,2	7,7	0,782	0,145	13,1
Dper	5,4	3,6	7,8	0,662	0,123	12,2
BK	4,9	2,1	11,2	1,568	0,291	32,1
SM	5,7	5,0	6,2	0,323	0,06	5,7
PPPE	10,9	5,6	15,8	2,53	0,47	23,3
UBPPE	86,1	70,8	100,3	7,878	1,463	9,1
PMP	128,6	55,8	207,0	36,257	6,733	28,2
BP/bilj	4,4	3,6	5,1	0,398	0,074	9,1
DV	121,0	100,1	130,5	5,05	0,938	4,2

DPl – dužina ploda (*cm*); *ŠP* – širina ploda (*cm*); *Dper* – debljina perikarpa (*mm*); *BK* – broj komora; *SM* – sadržaj suve materije (%); *PPPE* – prinos ploda prve etaže po parcelici (*kg*); *UBPPE* – ukupan broj plodova prve etaže po parcelici; *PMP* – prosečna masa ploda prve etaže (*g*); *BP/bilj* – prosečan broj plodova prve etaže po biljci; *DV* – dužina vegetacionog perioda iskazana kroz broj dana od nicanja do početka zrenja



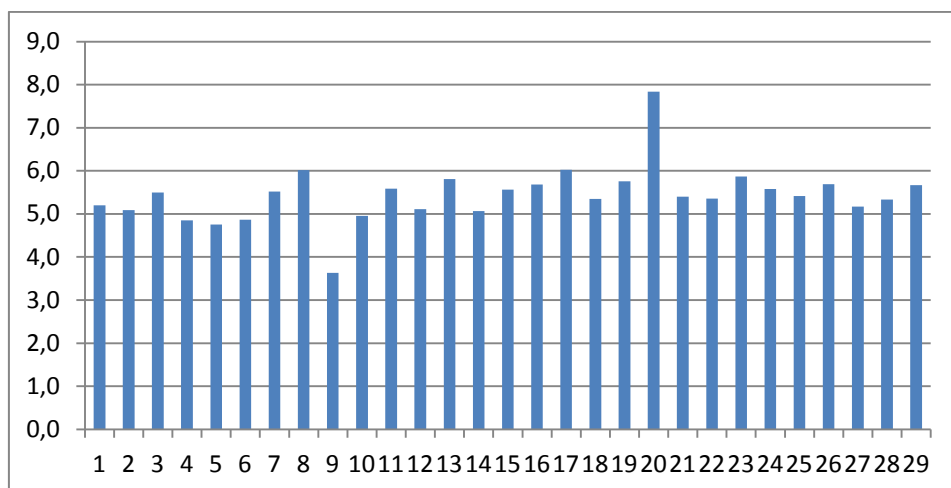
Grafikon 1. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za dužinu ploda (*cm*) u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu , tab. 15)

Najniža vrednost širine ploda izmerena je kod lokalne populacije Tetovski (genotip 11), iz Makedonije i iznosila je 4,2 *cm* dok je najširi plod od 7,7 *cm* imala stara sorta američkog porekla *Sunny Brok* (genotip 12) (graf. 2). Prosečna vrednost širine ploda iznosila je 6,0 *cm*, a koeficijent varijacije 13,1% (tab. 5).



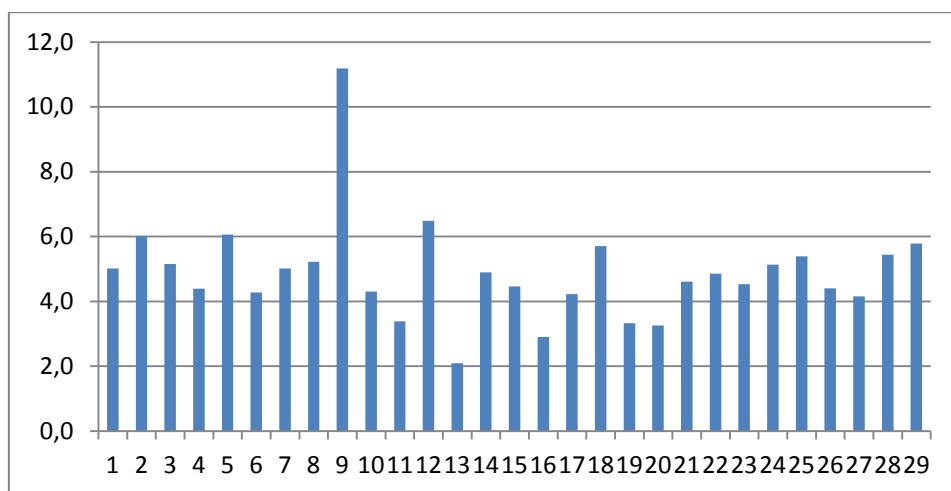
Grafikon 2. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za širinu ploda (*mm*) u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Najdeblji perikarp, od 7,8 *mm* izmeren je kod linije V 18 (genotip 20), dok je najtanji perikarp od 3,6 *mm* imala lokalna populacija (genotip 9) Novosadski rani (graf. 3). Debljina perikarpa je u proseku iznosila 5,4 *mm* sa koeficijentom varijacije 12,2 % (tab. 5)



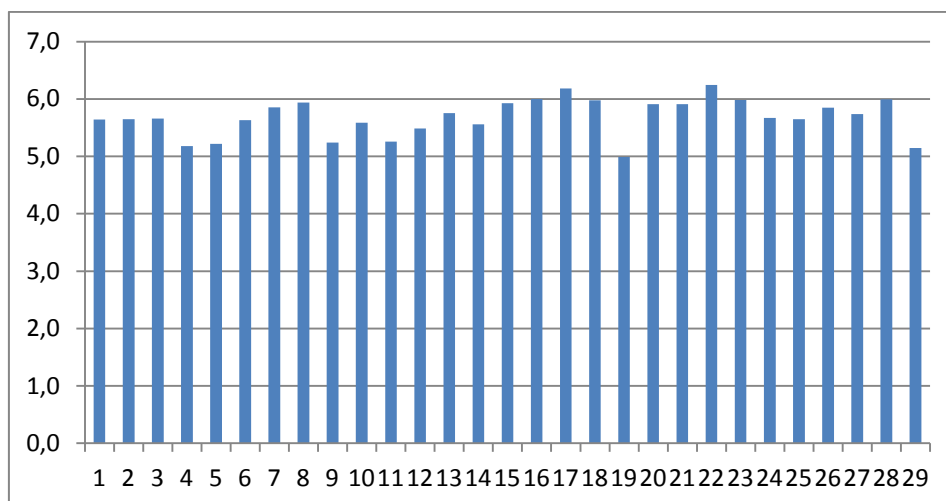
Grafikon 3. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za debljinu perikarpa (*mm*) u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Osobina kod koje je utvrđena najviša vrednost koeficijenta varijacije (32,1%) je broj komora, obzirom na veoma širok opseg koji se kretao od 2,1 koliko je imala lokalna populacija Đevđelijski, (genotip 13) do 11,2 kod lokalne populacije Novosadski rani (genotip 9) (graf. 4). Broj komora je u proseku iznosio 4,9 (tab. 5).



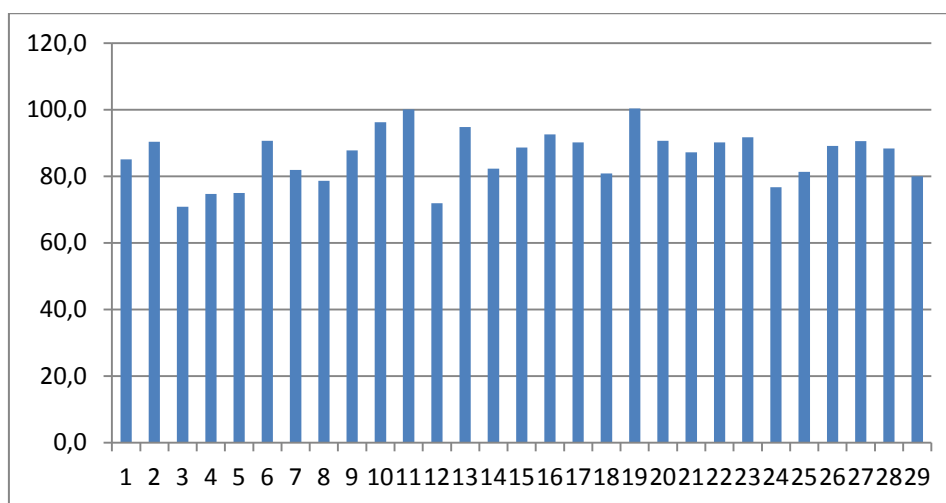
Grafikon 4. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za broja komora u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Sadržaj suve materije je imao relativno malu varijabilnost (5,7%) u ispitivanom materijalu (tab. 5). U proseku, iznosio je 5,7% sa minimalnom vrednošću (5,0%) utvrđenom kod sorte Alparac (genotip 19), a maksimalnom (6,2%) kod sorte Pegaz (genotip 17) i linije O 14 (genotip 22) (graf. 5).



Grafikon 5. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za sadržaj suve materije (%) u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

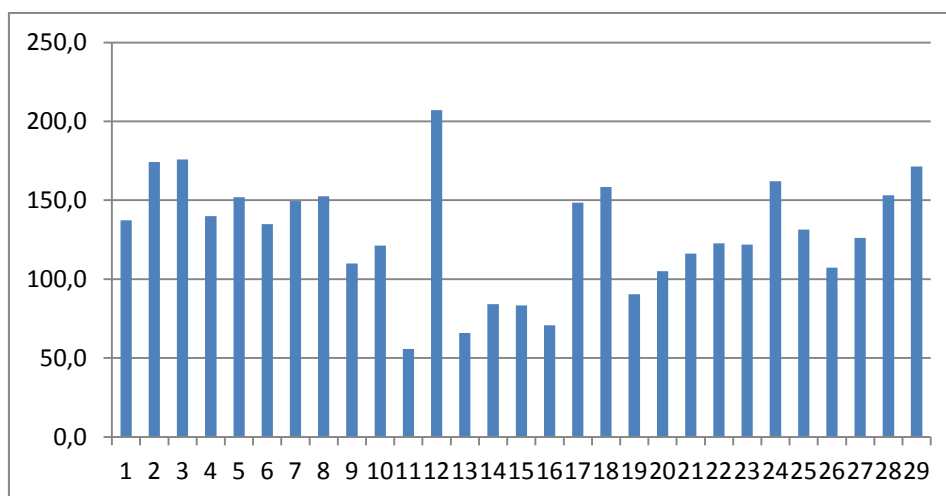
Ukupan broj plodova prve etaže po parceli je varirao u opsegu od 70,8 koliko je utvrđeno kod stare sorte Belgijski orijaš (genotip 3) do 100 kod domaće sorte Alparac (genotip 19) i lokalne populacije Tetovski (genotip 11) (graf. 6). Prosečna vrednost je iznosila 86,1 sa koeficijentom varijacije 9,1% (tab. 5).



Grafikon 6. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za ukupan broj plodova prve etaže po parceli u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

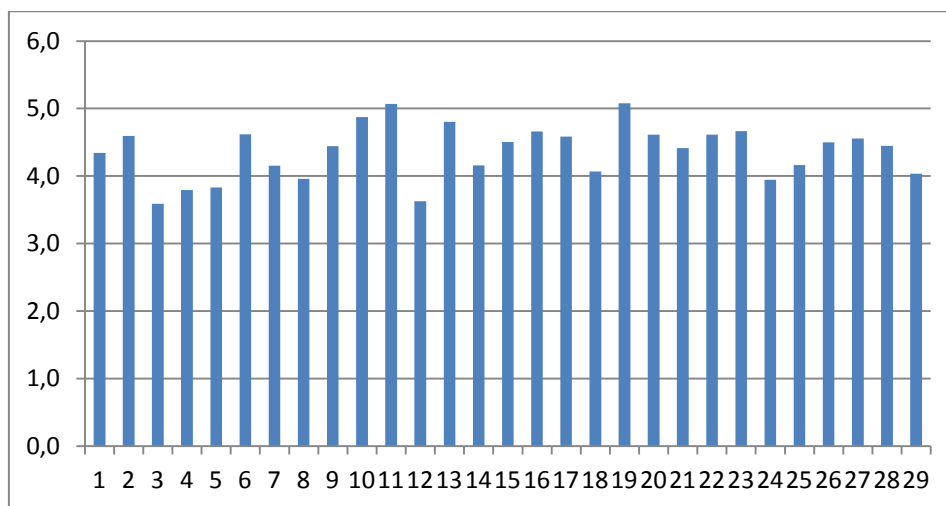
Visok koeficijent varijacije (28,2%) uz interval variranja 55,8-200,7 g utvrđen je za prosečnu masu ploda. Najsitniji plod je imala lokalna populacija Tetovski (genotip 11) dok

je najteži plod izmeren kod stare američke sorte *Sunny Brok* (genotip 12) (graf. 7). U proseku, masa ploda je iznosila 128,6 g (tab. 5).



Grafikon 7. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za masu ploda (g) u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Prosečan broj plodova prve etaže, po biljci, iznosio je 4,4, a koeficijent varijacije 9,1% (tab. 5). Najmanji broj plodova (3,6) je imala stara sorta najkrupnijeg ploda *Sunny Brok* (genotip 12), a najviše (5,1) imala je industrijska sorta Alparac (genotip 19) (graf. 8).

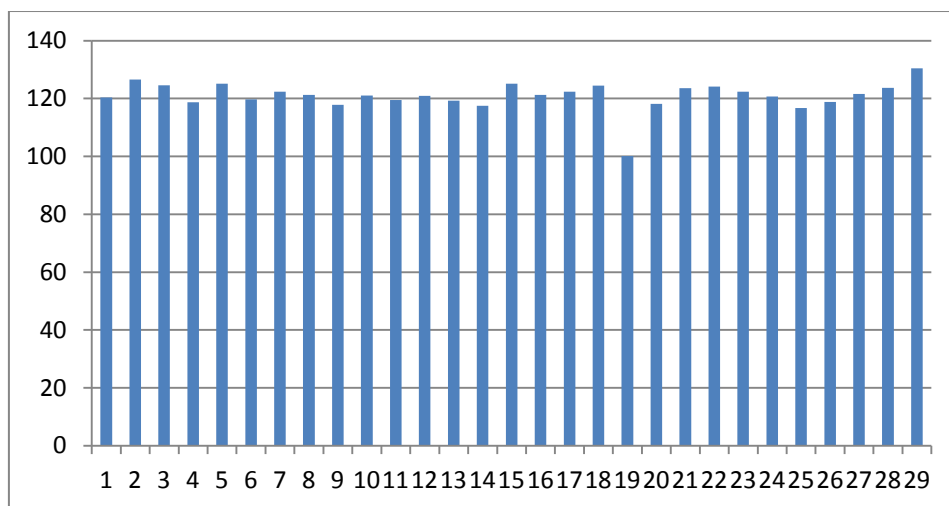


Grafikon 8. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za broj plodova prve etaže po biljci u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab.15)

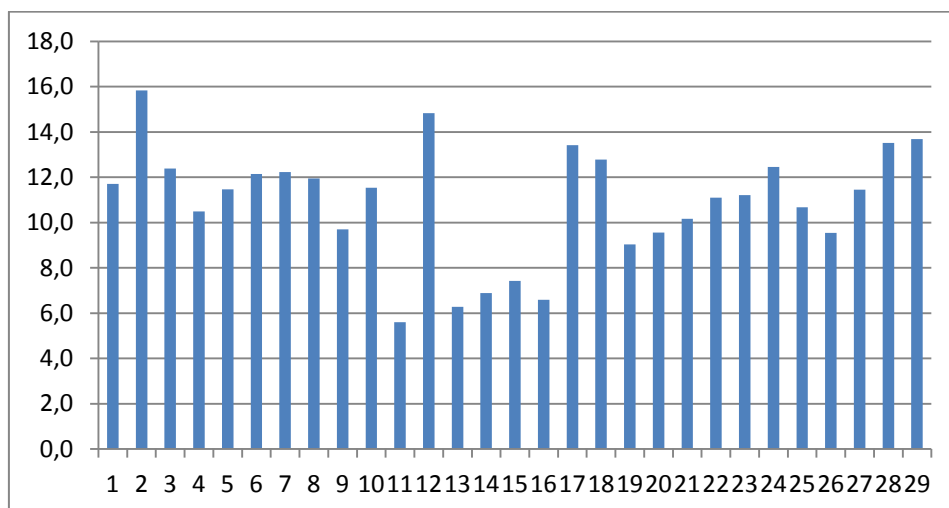
Ispitivani genotipovi su se najmanje razlikovali u broju dana od nicanja do početka zrenja. Dužina vegetacionog perioda je u proseku iznosila 121 dan, a koeficijent varijacije

4,2% (tab. 5). Najkraću vegetaciju u trajanju od 100 dana imala je sorta Alparac (genotip 19), dok je kod sorte Bačka (genotip 29), od nicanja do početka zrenja proteklo 130 dana (graf. 9).

Prosečan prinos ploda prve etaže po parcelici iznosio je od 5,6 do 15,8 kg, sa srednjom vrednošću od 10,9 kg i koeficijentom varijacije 23,3% (tab. 5). Najmanji prinos je imala lokalna populacija Tetovski (genotip 11), dok je najprinosnija bila stara američka sorta Rutgers (genotip 2) (graf. 10).



Grafikon 9. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za broj dana od nicanja do početka zrenja u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)



Grafikon 10. Prosečne vrednosti genotipova paradajza za prinos ploda (kg) prve etaže po parcelici u periodu 2010-2012. godine (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Dobijeni rezultati ukazuju na postojanje fenotipskog diverziteta u ispitivanom biljnom materijalu. Najviši koeficijent varijacije utvrđen je za broj komora (32,1%), prosečnu masu ploda (28,2%) i prinos ploda prve etaže po parcelici (23,3%) (tab. 5). Varijabilnost prinosa ploda, kao kompleksnog svojstva, u većoj meri je bila posledica razlika u masi ploda, u odnosu na broj plodova, što se može zaključiti na osnovu veće vrednosti koeficijenta varijacije za masu ploda u odnosu na broj plodova po biljci. Imajući u vidu da je ispitivana germplazma obuhvatala lokalne populacije, stare sorte, oplemenjivačke linije i sorte iz proizvodnje razlike u masi i prinosu ploda su bile očekivane. Lokalne populacije predstavljaju prirodne populacije gajene na područjima u kojima su zatečene, i u ovom istraživanju odlikovale su se uglavnom manjom masom ploda. Savremena proizvodnja paradajza je uslovljena različitim zahtevima tržišta, načinima proizvodnje i namene i vodi ka stvaranju sorti i hibrida različite mase ploda i broja komora.

Diverzitet u masi ploda, broju komora i prinosu potvrđen je i rezultatima drugih autora (Ibarbia i Lambeth 1971; Shibli i sar., 1995; Mohamed i sar., 2012; Kumar i sar., 2013). Fenotipska varijabilnost je ustanovljena i za dužinu ploda, širinu ploda i debljinu perikarpa, što je potvrđeno u ranijim ispitivanjima (Kaushik, 2011; Bernousi i sar., 2011; Ahmad Dar i sar., 2012; Kumar i sar., 2013; Reddy i sar., 2013). Mali broj genotipova je imao sadržaj suve materije 5,5% ili ispod te vrednosti, dok je većina imala oko 5,8% i iznad te vrednosti što objašnjava niži koeficijent varijacije u ovoj osobini (5,7%). Ovakvi rezultati su posledica toga što se lokalne populacije i stare sorte odlikuju plodom dobrog kvaliteta, dok je u oplemenjivačkim linijama i sortama iz proizvodnje sadržaj suve materije u plodu povećan oplemenjivanjem. Treba napomenuti da su velike količine padavina u prvoj godini uticale na smanjenje sadržaja suve materije što se negativno odrazilo na prosečnu vrednost za trogodišnji period. Većina ispitivanih genotipova pripada grupi srednje ranih što se odrazilo na nisku vrednost koeficijenta varijacije (4,2%).

6.1.1.2 Analiza izvora varijabilnost ispitivanih osobina paradajza

Za analizu izvora varijabilnosti primenjen je neparametrijski *Kruskal Wallis* test. Na osnovu suma rangova genotipova utvrđeno je da su se genotipovi, tokom sve tri godine, značajno razlikovali u svim ispitivanim osobinama (prilog, tab. 6-14). Uticaj godina bio je značajan na sve osobine osim na prosečnu masu ploda i broj komora.

Tabela 16. Razlike u dužini ploda paradajza tokom tri godine ispitivanja

Godina	2010	2011
2010		
2011	**	
2012	<i>ns</i>	**

Kruskal-Wallis test: $H=9,29$ $p < 0,01$

Uticaj godine bio je značajan na veličinu ploda (tab. 16 i 17) i debljinu perikarpa (tab. 18), pri čemu se druga godina ispitivanja (2011) značajno i visoko značajno razlikovala od preostale dve. Kod najvećeg broja genotipova dužina i širina ploda, kao i debljina perikarpa bile su najveća upravo u ovoj godini istraživanja.

Tabela 17. Razlike u širini ploda paradajza tokom tri godine ispitivanja

Godina	2010	2011
2010		
2011	*	
2012	<i>ns</i>	*

Kruskal-Wallis test: $H=7,78$ $p < 0,05$

Period razvoja ploda koji nastupa nakon oplodnje i zmetanja može se podeliti u dve faze (Gillaspy i sar., 1993). Prva faza obuhvata period od 7-10 dana nakon oplodnje i predstavlja period ćelijske deobe unutar plodnika. Najintenzivnija ćelijska deoba se odvija u tkivu perikarpa i placente (Spurr, 1959; Varga i Bruinsma, 1986).

Tabela 18. Razlike u debljini perikarpa paradajza tokom tri godine ispitivanja

Godina	2010	2011
2010		
2011	**	
2012	<i>ns</i>	**

Kruskal-Wallis test: $H=11,42$ $p < 0,01$

Po završetku prve faze nastupa period rasta formiranih ćelija, a time i samog ploda do konačne veličine. Ova faza traje narednih 6-7 nedelja. Krajnja dimenzija ploda zavisi od broja formiranih ćelija ovarijuma pre i posle oplodnje i porasta ćelijskog volumena (Bohner

i Bangerth, 1988; Ho, 1996). Na veličinu ploda značajno utiče: način proizvodnje i faktori spoljne sredine, ali s obzirom na to da je tokom sve tri godine ispitivanja primenjen isti način proizvodnje ovaj faktor se ne može smatrati uzrokom ustanovljenih razlika u veličini ploda u ovom istraživanju. Optimalna temperatura za rast ploda do konačne veličine je 20-24 °C, minimalna 13 °C, a maksimalna 35 °C (Pavlek,1985). Razlike u temperaturama u periodu rasta ploda (kraj juna, jul i početak avgusta) tokom trogodišnjeg perioda mogle su uticati na rast ploda. Prosečna temperatura u poslednjoj dekadi juna u drugoj godini bila je unutar optimuma za rast ploda (20,4 °C). U prvoj godini, međutim, bila je ispod optimuma (18,4 °C), dok je u trećoj bila iznad optimuma (24,7 °C). Tokom prve dve godine istraživanja, prosečne temperature u julu (23,1 °C i 22,1 °C, redom) i prvoj dekadi avgusta (21,9 °C) bile su u optimumu za rast ploda. U poslednjoj godini, prosečne temperature za isti period (25,2 °C i 26,5 °C, redom) prevazišle su optimum. Takođe, najviši maksimalni ekstremi u julu (35,5 °C), koji prevazilaze maksimum za rast ploda izmereni su u trećoj godini.

Obrazovanje i zrenje plodova odvija se na račun hraniva nakupljenih u vegetativnim delovima (Đurovka, 2008). Isti autori ističu da je rast i razvoj paradajza veoma intenzivan u periodu od butonizacije do zrenja prvih plodova, dok je u prvom delu vegetacije usporen. Količina padavina (270,8 mm) tokom juna i jula u prvoj (2010) godini bila je znatno viša u odnosu na druge dve godine, (tab. 2) i nešto manja od vrednosti transpiracionog koeficijenta 300-400 mm, koji navode Lazić i sar. (2001). Tolika količina padavina mogla se odraziti na ispiranje azota i slabiji habitus biljaka. Takođe, dosta padavina pre i nakon rasađivanja iste godine, mogle su uticati na slabije ukorenjavanje biljaka, a time i slabije usvajanje hraniva.

Na vrednosti sadržaja suve materije od značajnog uticaja je bila godina (tab. 19). Znatno niži sadržaj suve materije utvrđen je u prvoj godini (2010) istraživanja, te je razlika ove i druge dve godine istraživanja bila visoko značajna.

Tabela 19. Razlike u sadržaju suve materije ploda tokom tri godine ispitivanja

Godina	2010	2011
2010		
2011	**	
2012	**	**

Kruskal-Wallis test: H=172,67 p < 0,01

Takođe, razlika između druge (2011) i treće godine (2012) u pogledu sadržaja suve materije je bila visoko značajna. Sadržaj suve materije u plodu je, u najvećem broju slučajeva, dostigao maksimalne vrednosti 2011. godine.

Sadržaj suve materije zavisi od sorte, ali i klimatskih faktora, pogotovo količine padavina tokom rasta i berbe (Gould, 1983). Jul 2010. godine bio je vrlo topao sa padavinama u granicama prosečnih vrednosti za to doba godine, ali u većoj količini u poređenju sa količinom padavina tokom naredne dve godine (tab.2). U avgustu 2010. godine su u severnim krajevima naše zemlje padavine bile ekstremno iznad normale, sa prevaziđenim dnevnim mesečnim maksimumom padavina. Avgust 2011. godine je bio topao i sušan, a 2012. ekstremno topao i ekstremno sušan. Na osnovu navedenog, može se zaključiti da je sadržaj suve materije bio najniži prve godine istraživanja zbog velike količine padavina.

Klimatske prilike tokom trogodišnjeg perioda istraživanja prouzrokovale su razlike u ukupnom broju plodova prve etaže i prosečnom broju plodova po biljci (tab. 20 i 21). Najveći broj plodova prve etaže i najveći broj plodova po biljci utvrđen je u drugoj godini (2011), pri čemu je utvrđena razlika visoko značajna. Osim uslova u fazi rasada na broj cvetova i oplodnju utiču i uslovi koji vladaju na parceli, nakon rasađivanja. Optimalna temperatura za cvetanje je 21-27 °C, minimalna 13 °C, a maksimalna 32 °C. Jun 2010. godine bio je vrlo topao, 2011. topao dok su 2012. u celoj Srbiji srednje mesečne temperature vazduha bile ekstremno iznad normalnih.

Tabela 20. Razlike u broju plodova prve etaže po parceli tokom tri godine ispitivanja

Godina	2010	2011
2010		
2011	**	
2012	<i>ns</i>	**

Kruskal-Wallis test: $H=85,67$ $p < 0,01$

Do oplodnje u cvetu paradajza dolazi u periodu između 10 i 16 h (Levy i sar.,1978). Srednja mesečna temperatura u junu 2010. godine, merena u 14 h bila je 24,3 °C, a 2011. godine 25,7 °C. U 2012. godini, prosečna temperatura u 14 h je dostizala 28,3 °C, pri čemu su pojedinih dana izmerene vrednosti iznosile i 35 °C. Ako se noćne temperature spuste ispod 12, 8 °C, ili porastu iznad 21,1 °C, a dnevne pređu 29,4 °C, polen gubi vitalnost, ne dolazi do oprašivanja i cvet otpada (Levy i sar., 1978; Mills 1988; Ozores-Hampton i

McAvoy 2010). Tokom prve dve dekade juna u prvoj i trećoj godini ispitivanja, izmerene maksimalne temperature prevazilazile su 29,4 °C, a pojedinih dana dostizale su i 34 °C. U trećoj godini (2012) zabeleženi su ekstremni maksimumi tokom treće dekade i do 36 °C. U drugoj godini (2011), međutim, zabeležen je manji broj dana sa temperaturama iznad 29,4°C. Najveći broj dana sa noćnim temperaturama iznad 21,1 °C zabeležen je, takođe 2012. godine.

Tabela 21. Razlike u prosečnom broju plodova po biljci tokom tri godine ispitivanja

Godina	2010	2011
2010		
2011	**	
2012	<i>ns</i>	**

Kruskal-Wallis test: H=72,22 p < 0,01

Pored temperatura u periodu cvetanja, na broj plodova utiču i temperaturni uslovi u toku dana i noći koji vladaju u periodu zametanja ploda. Optimalna temperatura za zametanje ploda je 18-24 °C, pri čemu su noćne temperature kritičnije od dnevnih (Diez i Nuez, 2008). Do prekida u zametanju ploda dolazi u uslovima kada su dnevna/noćna temperatura 26/20 °C (El Ahmadi, 1977) jer previsoke noćne temperature izazivaju otežano premeštanje ugljenih hidrata. Manji broj plodova u 2012. godini u odnosu na 2011. godinu može biti, između ostalog i posledica viših noćnih temperatura. Prosek temperatura merenih u 21 h u junu 2012. godini bio je 21,4 °C, pri čemu je pojedinih noći temperatura dostizala i 26,5 °C, dok je u 2011. prosek bio ispod kritičnih 20 °C, tačnije 19,5 °C. Optimalna vlažnost vazduha za rasipanje polena iz prašnika je 60-70%, a za prijem polena na žig tučka i klijanje polena 70-80%. Ukoliko je vlažnost vazduha suviše visoka otežano je pucanje prašnika i rasipanje polena pa ne dolazi do oplodnje. U Vojvodini je u maju 2010. godine mesečna količina padavina bila ekstremno iznad normale pri čemu su prevaziđeni i mesečni maksimum broja dana sa padavinama i dnevni apsolutni maksimum padavina, s tim da su padavine bile češće u poslednje dve dekade, kada se teoretski mogao očekivati početak cvetanja. U junu su takođe prevaziđeni navedeni maksimumi, a mesečni broj dana sa padavinama bio je 3-4 puta iznad normalnog za taj period godine. Tokom maja i juna 2011. i 2012. godine nisu zabeležena značajnija odstupanja padavina od uobičajenih za ovaj period godine. U ovom periodu u 2010. godini padavine su bile ekstremno iznad normale.

Ovakvi uslovi su u najvećoj meri uticali na manji broj plodova po biljci u 2010. i 2012. godini istraživanja.

Prinos, kao kompleksno svojstvo zavisi od broja plodova u cvasti i mase plodova (Takač i sar., 1995; Zdravković i sar., 2011). Različiti klimatski uslovi u periodu 2010-2012. godine odrazili su se na razlike u prinosu ploda prve etaže, pri čemu je ustanovljena visoko značajna razlika između prve i druge, i druge i treće godine ispitivanja (tab. 22). Najviši prinos ploda utvrđen je u drugoj godini, a najniži u prvoj godini. Razlike u prinosu tokom trogodišnjeg perioda, posledica su razlika prvenstveno u broju plodova, koji je bio značajno viši u drugoj godini.

Tabela 22 Razlike u prinosu ploda prve etaže po parceli tokom tri godine ispitivanja

Godina	2010	2011
2010		
2011	**	
2012	<i>ns</i>	**

Kruskal-Wallis test: $H=55,16$ $p < 0,01$

Broj dana od nicanja do početka zrenja je bio pod uticajem klimatskih prilika koje su vladale u periodu 2010-2102. godine. Najmanji broj dana od nicanja do početka zrenja ploda utvrđen je 2012. godine, koja se značajno razlikovala od prethodne dve godine (tab. 23).

Tabela 23. Razlike u broju dana od nicanja do početka zrenja tokom tri godine ispitivanja

Godina	2010	2011
2010		
2011	<i>ns</i>	
2012	**	**

Kruskal-Wallis test: $H=81,01$ $p < 0,01$

Optimalne temperature i osvetljenost u ranim fazama razvoja određuju prinos i kvalitet ploda (Rylski i sar., 1994). Najkritičnije etape organogeneze (II-VI) koje uslovljavaju ranozrelost, broj cvetova i oplodnju odvijaju se tokom rasadničkog perioda, tačnije tokom prvih 60 dana vegetacije (Lazić i sar., 2001). Iz tog razloga, isti autori navode da se regulisanjem temperature, osvetljenosti i ishrane u ovom periodu može uticati na ranozrelost. Rasad je proizveden u staklari uz regulisanje dnevne temperature na 22-25 °C ,

a noćne 16-18 °C te se ovaj faktor ne može smatrati značajnim za razlike u dužini vegetacije. U odnosu na tri godine ispitivanja nije bilo značajnijih razlika u oblačnosti i insolaciji tokom aprila. Međutim, tokom prve dve dekade maja insolacija se znatnije razlikovala, pri čemu je najmanja bila u prvoj godini (92,1 h) (meteorološki godišnjak, klimatološki podaci-2010, <http://www.hidmet.gov.rs>), a najviša, skoro 2 puta veća u 2012 godini (176 h) (meteorološki godišnjak, klimatološki podaci-2012, <http://www.hidmet.gov.rs>). Ovo se moglo odraziti na ranije cvetanje i obrazovanje plodova, u trećoj godini. Rezultati brojnih autora potvrđuju značajan uticaj temperature na sazrevanje paradajza (Hurd i Graves, 1985; Verkerk, 1955; Adams i sar., 2001). Temperaturni uslovi tokom, a pogotovo krajem jula i početkom avgusta mogli su uzrokovati ranije zrenje plodova u 2012. godini (meteorološki godišnjak, klimatološki podaci-2012, <http://www.hidmet.gov.rs>). Optimalna temperatura za zrenje je 26 °C. Prosečne temperature za ceo jul, kao i njegovu poslednju dekadu bile su najviše, i najbliže optimumu za zrenje upravo u ovoj godini. Takođe, u prvoj dekadi avgusta prosečna temperatura vazduha u 2012. godini takođe je bila bliža optimalnoj za zrenje ploda (meteorološki godišnjak, klimatološki podaci-2012, <http://www.hidmet.gov.rs>). Tokom sve tri godine zabeležene su ekstremne maksimalne i minimalne vrednosti temperatura, pri čemu su maksimumi bili karakteristični za treću, a minimumi za drugu godinu istraživanja. Minimalne temperature spuštale su se i ispod granične temperature za zrenje (15 °C), dok su maksimalne prevazilazile graničnu vrednost (30°C).

Neparametrijskom metodom po *de Kroon i van der Laan* (1981) utvrđeno je da se poredak suma rangova genotipova zadržao tokom trogodišnjeg perioda u svim ispitivanim osobinama, te da nije postojala unakrsna interakcija između genotipa i godine (tab. 24).

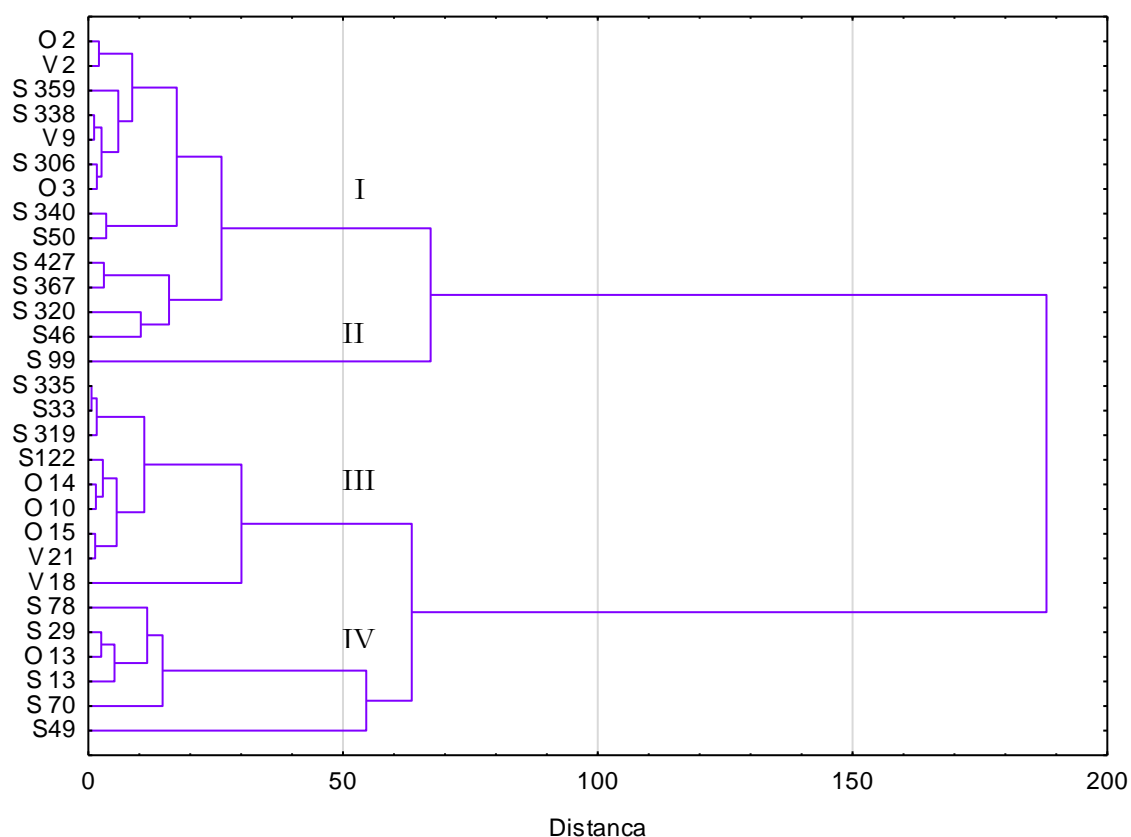
Tabela 24. Test interakcije genotipa i godine (G x E) po *de Kroon and Van der Laan*-u

Osobina	df	G x E*
Dužina ploda	56	56,62
Širina ploda	56	40,22
Prosečna masa ploda	56	27,8
Debljina perikarpa	56	33,53
Broj komora	56	3,88
Sadržaj suve materije	56	74,2
Ukupan broj plodova prve etaže po parcelici	56	72,2
Prosečan broj plodova po biljci	56	69,1
Prinos ploda prve etaže po parcelici	56	54,2
Broj dana od nicanja do početka zrenja	56	20,9

*Granična *Chi square* vrednost (p<0.05) 74,5

6.1.1.3 Klaster analiza

Primenom *Ward*-ovog metoda, genotipovi paradajza su podeljeni u četiri grupe (graf. 11), a na osnovu Euklidovih distanci određena je sličnost između genotipova. U prvoj grupi nalazi se trinaest genotipova među kojima je četiri linije i devet sorti. Ova grupa je u proseku imala najveću dužinu, masu i prinos ploda prve etaže (tab. 25). Takođe, broj dana od nicanja do početka zrenja bio je u proseku veći u odnosu na preostale tri grupe, a broj komora u odnosu na treću i četvrtu grupu. S druge strane, broj plodova po biljci i parcelici u proseku su bili najmanji.



Grafikon 11. Dendrogram ispitivanih genotipova paradajza za sve kvantitativne osobine (Veza između oznaka genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Unutar prve grupe izdvojile su se tri manje podgrupe. Linije O2 i V2 se nalaze na samom početku prve grupe jer su u odnosu na ostale genotipove iste grupe imale najmanju masu ploda. Druga podgrupa je bila najbrojnija i obuhvatila je pet sorti i dve linije. Ove genotipove izdvaja viši sadržaj suve materije u poređenju sa drugim genotipovima iste grupe (tab. 25). Na kraju prve grupe izdvojile su se četiri sorte treće podgrupe zbog najnižeg sadržaja suve materije i najmanjeg broja plodova po biljci i parcelici. Takođe,

genotipovi ove podgrupe su u proseku imali najveći broj komora. Lokalna populacija Novosadski rani (S99) izdvojila se u zasebnu, drugu grupu, s obzirom da je kod nje utvrđena najmanja dužina ploda (3,8 cm), najmanja debljina perikarpa (3,6 mm) i najveći broj komora (11,2) u odnosu na sve ispitivane genotipove paradajza. Treća grupa je obuhvatila sorte (S335, S33, S 319 i S122) i linije (O14, O10, O15 i V21). Ova grupa je u proseku imala manje vrednosti veličine, mase, prinosa, broja komora i dužine vegetacije u poređenju sa prvom grupom. Međutim, broj plodova po biljci je bio veći. Kod genotipova ove grupe utvrđen je, u proseku, najdeblji perikarp i najviši sadržaj suve materije u odnosu na ostale tri formirane grupe.

Tabela 25. Prosečne vrednosti osobina paradajza u klasterima

Grupa	Ispitivane osobine									
	DPl	ŠP	Dper	BK	SM	PPPE	UBPPE	PMP	BP/bilj	DV
I	5,6	6,5	5,3	5,4	5,6	12,6	79,7	158,8	4,0	123
II	3,8	7,0	3,6	11,2	5,2	9,7	87,7	109,8	4,4	118
III	5,2	5,7	5,7	4,3	5,9	11,1	90,7	122,6	4,6	121
IV	4,5	4,9	5,6	3,5	5,6	6,9	93,1	75,1	4,7	117

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Linija V 18, kod koje je izmeren najdeblji perikarp (7,8 mm) među svim ispitivanim genotipovima, priključuje se grupi na određenom hijerarhijskom nivou. Na samom kraju dendrograma našla se četvrta, najmanja grupa koja je obuhvatila četiri lokalne populacije iz Makedonije (S78, S29, S13 i S70) i liniju O13. Ove genotipove, u odnosu na ostale grupe izdvaja najsitniji plod i najmanji broj komora (tab. 25). Genotipovi ove grupe su u proseku ostvarili najmanji prinos ploda. Broj plodova je bio najveći, dok je dužina vegetacija bila najkraća. Sadržaj suve materije je bio na nivou proseka prve grupe, dok je debljina perikarpa bila približna proseku genotipova treće, a veća u odnosu na prosek prve i druge grupe.

Analizom dendrograma može se zaključiti da je razdvajanje genotipova u četiri grupe, u najvećoj meri bilo posledica razlika u prinosu, njegovim komponentama i dužini vegetacije. Sing i sar. (2008) su ustanovili da je najveći doprinos divergentnosti ispitivanih uzoraka, u njihovom istraživanju, imala masa ploda, dok Mohanty i Prusti (2001) i Reddy i

sar (2013) pored mase ističu i značaj širine ploda i broja cvetova u cvasti. Sušić i sar. (1999) su ispitivanjem varijabilnosti genotipova analizom 15 osobina, ustanovili takođe, da su komponente prinosa u najvećoj meri doprinele divergentnosti ispitivanih genotipova.

Utvrđene su razlike među pojednim formiranim grupama i u debljini perikarpa i sadržaju suve materije. Imajući u vidu da veliki broj novoselekcionisanih sorti (pogotovu determinantnih) ima od 4,2-5,5% suve materije u plodu (Takač i sar., 2005), većina ispitivanih genotipova predstavljaju dobar početni materijal u procesu oplemenjivanja, koji ima za cilj povećanje kvaliteta ploda. Grupisanje genotipova bilo je u skladu sa ustanovljenim pozitivnim korelacijama u ovom istraživanju, između veličine ploda, prosečne mase, broja komora i prosečnog prinosa (tab. 28). Navedene osobine su u negativnoj međuzavisnosti sa brojem plodova prve etaže, a sa povećanjem debljine perikarpa, uglavnom se povećavao i sadržaj suve materije. Potvrđeno je i da je kod genotipova veće širine ploda i većeg broja komora perikarp uglavnom bio tanji, kao i da su masa i prinos ploda uglavnom bili veći kod genotipova duže vegetacije.

Analizom dendrograma uočava se da su se sorte i linije našle u sve tri formirane grupe. Sve lokalne populacije, osim populacije Novosadski rani (S99) našle su se u jednoj grupi. Ova populacija se od ostalih populacija, ali i svih ispitivanih genotipova izdvojila po najvećem broju komora i najtanjem perikarpu. Lokalne populacije se u većoj meri odlikuju sitnijim plodom, u odnosu na savremene sorte i hibride. Sa primenom naučno zasnovane selekcije stvarane su sorte pri čemu je jedan od prvih ciljeva bio povećanje mase ploda. Treba napomenuti, međutim, da različiti zahtevi tržišta, kao i različiti načini proizvodnje i namene nameću savremenoj selekciji za cilj stvaranje sorti različite veličine i mase ploda, broja komora i dužine vegetacije. Nije uočena pravilnost u grupisanju genotipova u zavisnosti od porekla. Brojni autori dolaze do zaključka da su se genotipovi istog porekla rasporedili u različitim grupama, što može biti posledica različitog selekcionog pritiska. Stoga, ovi autori naglašavaju da pri izboru genotipova za ukrštanje u cilju dobijanja novih rekombinacija gena prednost bi trebalo dati genetičkom u odnosu na geografski diverzitet (Ganesh i sar., 2007; Pawar i sar. 2013; Menna i Bahadur, 2015). Takođe, brojna istraživanja naglašavaju da se genotipovi različitog porekla mogu naći u istoj grupi, što dalje navodi na zaključak da između genetičkog diverziteta i geografskog porekla ne mora postojati paralelizam (Peter i Rai, 1976; Martin i sar., 1981; Dharmatti i sar., 2001; Joshi i Kohli 2003; Singh i sar., 2008; Kumar i sar., 2010). Imajući u vidu veoma različite ciljeve oplemenjivanja paradajza, značaj diverziteta selekcionog materijal tj. potencijalnih roditeljskih komponenti

je evidentan (Marković i sar., 1999). Utvrđene razlike u ovom istraživanju bi mogle biti od koristi pri odabiru potencijalnih roditeljskih parova za ukrštanje čime bi se smanjio broj ukrštanja u početnim fazama oplemenjivanja.

Sušić i sar. (1999) su došli do zaključka da su dobre hibridne kombinacije sa visokim vrednostima PKS i heterozisa za sve osobine osim broja komora nastale ukrštanjem genotipova koji su pripadali različitim grupama u dendrogramu. Bhutani i sar. (1983) su istog mišljenja, navodeći da poželjne rekombinacije gena nastaju ukrštanjem divergentnih roditelja iz različitih grupa. Ukoliko je heterozis nastao ukrštanjem dva genotipa relativno visok, može se zaključiti da su ta dva genotipa genetički divergentnija u odnosu na genotipove čijim ukrštanjem ne dolazi do pojave heterozisa ili je on slabije ispoljen (Hallauer i Filho, 1981). Maluf i sar. (1983) ističu da određivanje genetičke divergentnosti genotipova pre njihovog ukrštanja omogućava oplemenjivačima da se fokusiraju na one kombinacije za koje se sa većom verovatnoćom može očekivati da će biti heterotične. Pojava heterozisa i rekombinacija se može očekivati ukrštanjem genotipova iz različitih grupa i ukrštanjem roditelja koji imaju visoke vrednosti OKS i PKS. Rezultati ovog i drugih istraživanja (Sušić i sar., 1998; Feng-Mei i sar., 2006) ukazuju na značaj klaster analize u karakterizaciji germplazme, kao i izboru početnog materijala u oplemenjivanju paradajza.

6.1.1.4 Analiza glavnih komponenti

Analizom glavnih komponenti početni broj promenljivih od 10 je smanjen na tri veštačke, međusobno nekorelisane promenljive, odnosno glavne komponente (tab. 26). Broj komponenti izdvojenih za dalju analizu određen je prema kriterijumu *Guttman-Kaiser-a* (Guttman, 1954; Kaiser, 1960). Po ovom kriterijumu, karakteristični koreni su osnov za određivanje broja komponenti za dalju analizu. Zadržavaju se komponente čiji je karakteristični koren (λ) veći od 1. Za transformaciju korelacione u faktorsku matricu korišćena je *Varimax* rotacija (Kaiser, 1958). *Varimax* rotacija maksimizira sumu varijansi kvadrata faktorskih opterećenja i spada u ortogonalne rotacije čiji je cilj da se simplifikuju kolone i redovi faktorske matrice da bi se olakšala interpretacija. Tri izdvojene komponente objasnile su zbirno 81,5% početne varijabilnosti. Pojedinačni doprinos svake od navedenih komponenti, u objašnjenju ukupne varijabilnosti iznosio je 49,4% , 19,5% i 12,6%, redom (tab. 26).

Tabela 26. Karakteristični koreni i % objašnjene varijanse pomoću tri glavne komponente nakon *Varimax* rotacije

PCA	Karakteristični koren (λ)	% objašnjene varijanse	Zbirni karakteristični koren	Zbirni % objašnjene varijanse
1	4,944501	49,44501	4,944501	49,44501
2	1,950377	19,50377	6,894878	68,94878
3	1,255955	12,55955	8,150833	81,50833

Kao kriterijum za izdvajanje varijabli koje su u najvećoj meri definisale izdvojene komponente poslužila je vrednost faktorskih opterećenja (*factor loading*) $> 0,70$. Faktorska opterećenja su korelacija između svake varijable i faktora koje ukazuju na stepen korespondentnosti između varijabli i faktora.

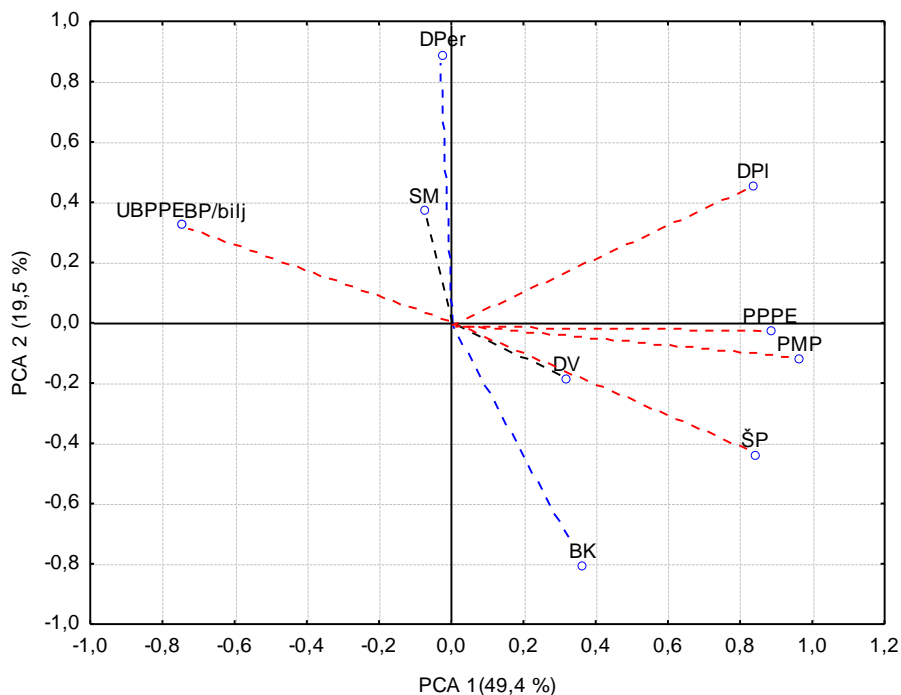
Prva komponenta je u najvećoj meri definisana sledećim osobinama: dužina ploda, širina ploda, prosečan prinos ploda prve etaže po parcelici, ukupan broj plodova prve etaže, prosečna masa ploda, broj plodova po biljci (tab. 27). Druga komponenta je u najvećoj meri bila u korelaciji sa debljinom perikarpa i brojem komora, dok su treću komponentu definisale sadržaj suve materije i broj dana od nicanja do početka zrenja (tab. 27).

Tabela 27. Vrednosti faktorskih opterećenja nakon *Varimax* rotacije u okviru prve tri komponente

Osobina	PCA 1	PCA 2	PCA 3
DPI	0,837604	0,452917	-0,174003
ŠP	0,841443	-0,439537	0,082799
DPer	-0,024322	0,889464	0,136025
BK	0,364625	-0,808890	0,002445
SM	-0,073870	0,370494	0,816714
PPPE	0,884105	-0,027710	0,141480
UBPPE	-0,748679	0,323656	-0,123291
PMP	0,965114	-0,120586	0,119904
BP/bilj	-0,745492	0,327754	-0,124590
DV	0,320096	-0,187732	0,799282

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

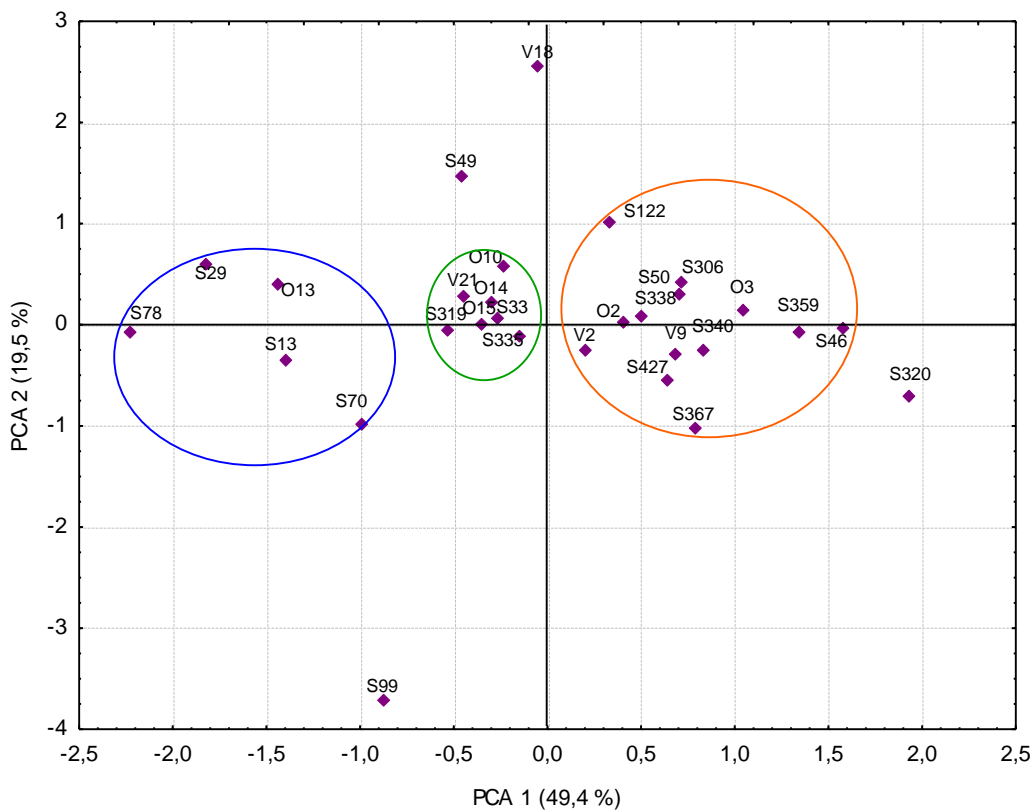
U cilju vizuelne prezentacije i interpretacije podataka prikazana je projekcija varijabli (graf. 12) i genotipova (graf. 13) na površinu obuhvaćenu dvema glavnim komponentama. Grafikoni projekcije varijabli i genotipova između prve i treće i druge i treće glavne komponente nisu prikazani zbog značajnog smanjenja varijanse i time i gubitka informacija o odnosima varijabli i genotipova.



Grafikon 12. Projekcija osobina na površinu određenu dvema glavnim komponentama (Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5)

Najjasnije razdvajanje genotipova uočava se duž ose prve glavne komponente, koja je objasnila i najveći deo početne varijabilnosti (49,4%). Imajući u vidu da je prvi faktor definisan osobinama: dužina ploda, širina ploda, prosečan prinos ploda prve etaže po parcelici, ukupan broj plodova prve etaže, prosečna masa ploda i broj plodova po biljci, genotipovi unutar prvog faktora grupisani su u najvećoj meri prema prinosu i njegovim komponentama. Međutim, najjasnije razdvajanje se uočava prema prosečnoj masi ploda, prosečnom prinosu prve etaže, dužini i širini ploda, što potvrđuju i vrednosti faktorskih opterećenja u okviru prve komponente.

Genotipovi su se razdvojili u tri manje grupe i četiri genotipa koji se u potpunosti izdvajaju (graf. 13). Na grafikonu, levo od koordinatnog početka nalaze se genotipovi prve grupe, obuhvaćeni elipsom plave boje. U prvoj grupi našle su lokalne populacije (S78, S29, S70, S13) i linija O13 koja ima najsitniji plod od svih linija u ovom istraživanju. Kod ovih genotipova, u proseku je izmerena najmanja masa ploda (72 g) i najmanji prinos ploda prve etaže (6,5 kg). Takođe, ovi genotipovi su imali i najmanju prosečnu vrednost dužine (4,2 cm) i širine ploda (4,9 cm). Osobine koje su bile u negativnoj korelaciji sa prvom komponentom kao i ostalim osobinama unutar nje su ukupan broj plodova i broj plodova po biljci. Broj plodova po biljci je u proseku iznosio 4,6. Genotipovi prve grupe su u proseku ostvarili najveći broj plodova po parcelici (91,7).



Grafikon 13. Projekcija genotipova na površinu određenu dvema glavnim komponentama (Veza između oznaka genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Druga grupa (označena elipsom zelene boje) obuhvatila je tri stare sorte (S335, S319, S33) i četiri oplemenjivačke linije (O15, O14, O10, V21), koje u odnosu na prvu grupu imaju krupniji plod i veći prinos prve etaže. Prosečne vrednosti dužine (5,1cm) i širine ploda (5,8 cm) u ovoj grupi, u poređenju sa prvom, bile su veće. Takođe, drugu grupu odlikuju i veće vrednosti prosečne mase ploda (121,4 g) i prinosa prve etaže (11 kg). Broj plodova po biljci, međutim je u proseku bio isti, a broj plodova po parcelici manji (90,8) u odnosu na genotipove prve grupe.

U trećoj grupi (elipsa narandžaste boje) našli su se genotipovi najkrupnijeg ploda sa prosečnom vrednošću na nivou grupe od 154,3 g i najvećeg prinosa prve etaže sa prosekom od 12,5 kg. Prosečne vrednosti dužine (5,6 cm) i širine ploda (6,4 cm), takođe su bile najveće u trećoj grupi. Kod genotipova ove grupe, s druge strane, utvrđen je u proseku najmanji broj plodova po biljci (4,1) i parcelici (81,1). Ovakvo projektovanje genotipova duž vektora koji odgovara osobinama prinosa i njegovih komponenti govori o njihovim međusobnim korelacijama, potvrđenih izračunatim koeficijentima (tab.28). Može se zaključiti da su prinosniji genotipovi uglavnom imali manji broj plodova, ali je njihova

prosečna masa, dužina i širina u većini slučajeva bila veća. Na osnovu projekcije genotipova na površinu obuhvaćenu dvema glavnim komponentama uočeni su genotipovi (V18, S49, S320 i S99) koji su se našli izvan tri formirane grupe. Linija V18 imala je najdeblji perikarp (7,8 mm), a sorta Alparac (S49) najmanji sadržaj suve materije (5 %) i najmanji broj dana od nicanja do početka zrenja (100). Stara sorta Sunny Brok (S320) izdvojila se zbog najveće širine (7,6 cm) i mase ploda (207 g). Lokalna populacija Novosadski rani (S99) imala je najmanju dužinu ploda (3,8 cm), najtanji perikarp (3,6 mm) i najveći broj komora (11,2), u poređenju sa ostalim ispitivanim genotipovima paradajza.

Duž ose druge glavne komponente, koju definišu broj komora i debljina perikarpa, nije uočeno jasnije razdvajanje genotipova. Ova komponenta je objasnila znatno manji % ukupne varijabilnosti (19,5) u odnosu na prvu (49,4) što se može smatrati glavnim razlogom. Takođe, zbog postojanja jake i veoma jake pozitivne korelacije (tab. 28) broja komora sa tri osobine koje su imale najveće vrednosti faktorskih opterećenja unutar prve komponente (širina ploda, prosečna masa ploda i prosečan prinos ploda prve etaže) može se uočiti da su se formirane grupe duž ose prve glavne komponente razdvojile i prema broju komora. Broj komora se međutim, našao unutar druge glavne komponente, najverovatnije zbog genotipa S99, koji je imao maksimalnu vrednost broja komora u ovom istraživanju, kao i minimalnu vrednost debljine perikarpa, u odnosu na sve ostale genotipove paradajza.

Uočena je podudarnost u velikoj meri u grupisanju genotipova na osnovu klaster analize i analize glavnih komponenti. Obzirom na to da klaster analiza i analiza glavnih koordinata imaju različite teorijske osnove, utvrđena sličnost u grupisanju može da posluži kao empirijska mera tačnosti (Laurentin i Karlovsky, 2006).

6.1.1.5 Fenotipske korelacije među ispitivanim osobinama

Na osnovu dobijenih vrednosti (tab. 28) utvrđena je statistički značajna, pozitivna korelacija između dužine ploda i širine ploda, pri čemu je vrednost koeficijenta korelacije ukazala na srednju jačinu veze ($r_s=0,506$). Na osnovu ovih, ali i rezultata drugih istraživanja (Bernousi i sar. 2011; Patel i sar., 2013) može se zaključiti da plodovi veće dužine uglavnom imaju i veću širinu.

Jaka, statistički značajna korelacija dužine ploda utvrđena je sa prinosom ploda prve etaže po parcelici ($r_s=0,667$) i prosečnom masom ploda ($r_s=0,707$). Manna i Paul (2012) takođe, navode da genotipovi veće dužine ploda imaju i veću masu i prinos ploda. S

druge strane, dužina ploda bila je u slaboj negativnoj korelaciji sa ukupnim brojem plodova prve etaže po parcelici ($r_s=-0,375$) i prosečnim brojem plodova po biljci ($r_s=-0,377$), što znači da je u slučaju manjeg ukupnog broja i broja plodova po biljci, dužina ploda bila veća i obratno. Ovi rezultati su u saglasnosti sa rezultatima istraživanja Bernousi i sar. (2011).

Kod genotipova veće širine ploda uglavnom izmeren je tanji perikarp i obratno, što potvrđuje srednja negativna vrednost koeficijenta korelacije ($r_s=-0,380$), kao i rezultati Patel i sar. (2013). Takođe, negativna i jaka korelacija širine ploda utvrđena je i sa ukupnim brojem plodova prve etaže po parcelici ($r_s=-0,709$) i prosečnim brojem plodova po biljci ($r_s=-0,688$) navodeći na zaključak da je kod većeg ukupnog broja plodova prve etaže, kao i većeg broja plodova po biljci, širina ploda bila manja, i obratno, što je u skladu sa rezultatima Manna i Paul (2012). Značajna i jaka pozitivna međuzavisnost ustanovljena je između širine ploda i broja komora ($r_s=0,884$), kao i između širine ploda i prosečne mase ploda ($r_s=0,863$). Kod širih plodova broj komora i prosečna masa ploda bili su veći, i obratno. Souza i sar. (2012) ispitivanjem linija paradajza i njihovih hibridnih kombinacija i Mahapatra i sar. (2013) ispitivanjem 68 genotipova paradajza dolaze do istog zaključka.

Debljina perikarpa bila je u negativnoj, srednjoj korelaciji sa brojem komora ($r_s=-0,452$), a pozitivnoj, takođe srednjoj međuzavisnosti sa sadržajem suve materije ($r_s=0,466$). Na osnovu navedenog, može se zaključiti da je kod genotipova sa debljim perikarpom broj komora bio uglavnom manji, a sadržaj suve materije veći, i obratno. Rezultati o međuzavisnosti debljine perikarpa paradajza i broja komora kose se sa rezultatima Mahapatra i sar. (2013), dok su u saglasnosti sa navodima Manna i Paul (2012). Povećanje sadržaja suve materije sa povećanjem debljine perikarpa ustanovili su i Yeboah i sar. (2014).

Broj komora bio je u jakoj pozitivnoj korelaciji sa prinosom ploda prve etaže po parcelici ($r_s=0,613$) i prosečnom masom ploda ($r_s=0,707$) dok je sa ukupnim brojem plodova prve etaže po parcelici ($r_s=-0,723$) i prosečnim brojem plodova po biljci ($r_s=-0,692$) bio u jakoj negativnoj korelaciji. Sa zaključkom da genotipovi sa većim brojem komora uglavnom ostvaruju i veći prosečan prinos i veću prosečnu masu ploda, a manji broj plodova, saglasni su i drugi autori (Singh i sar., 1977; Takač i sar., 1995; Bernousi i sar., 2011).

Slaba pozitivna korelacija ($r_s=0,379$) ustanovljena je između broja komora i dužine vegetacionog perioda. Srednja negativna vrednost koeficijenta korelacije ustanovljena je između ukupnog broja plodova prve etaže po parcelici ($r_s=-0,478$) i prinosa ploda prve etaže po parcelici i prosečnog broja plodova po biljci ($r_s=-0,466$). Sa ovim rezultatom kose

se nalazi Mahapatra i sar. (2013) koji su ustanovili da se prinos ploda po *ha* povećavao sa brojem plodova po biljci, dok rezultati Takač i sar. (1995) navode slabu negativnu međuzavisnost. S druge strane, međutim prinos ploda prve etaže po parcelici bio je u statistički veoma jakoj pozitivnoj korelaciji sa prosečnom masom ploda ($r_s= 0,939$), što potvrđuju i rezultati Takač i sar. (1995) i Patel i sar. (2013). Na osnovu navedenog, može se zaključiti da su prinostiji genotipovi uglavnom imali manji broj plodova i veću prosečnu masu ploda.

Između ukupnog broja plodova prve etaže po parcelici i prosečne mase ploda, u ovom istraživanju utvrđena je negativna međuzavisnost ($r_s=-0,701$), a pozitivna između ukupnog broja plodova prve etaže po parcelici i prosečnog broja plodova po biljci ($r_s=0,991$). Takač i sar. (1995) su na osnovu trogodišnjih ispitivanja međuzavisnosti osobina ploda i prinosa paradajza takođe ustanovili da hibridi krupnijeg ploda imaju manji broj plodova, a oni sitnijeg ploda znatno više, što potvrđuje i koeficijent korelacije utvrđen u ovom istraživanju, između prosečne mase ploda i prosečnog broja plodova po biljci ($r_s= -0,688$).

Tabela 28. Koeficijenti korelacije analiziranih kvantitativnih osobina paradajza

Analizirane osobine paradajza	DPI	ŠP	Dper	BK	SM	PPPE	UBPPE	PMP	BP/bilj	DV
DPI	1,000									
ŠP	0,506*	1,000								
Dper	0,133	-0,380*	1,000							
BK	0,317	0,884*	-0,452*	1,000						
SM	-0,110	-0,149	0,466*	-0,192	1,000					
PPPE	0,667*	0,793*	-0,199	0,613*	0,047	1,000				
UBPPE	-0,375*	-0,709*	0,302	-0,723*	0,164	-0,478*	1,000			
PMP	0,707*	0,863*	-0,243	0,707*	-0,056	0,939*	-0,701*	1,000		
BP/bilj	-0,377*	-0,688*	0,294	-0,692*	0,183	-0,466*	0,991*	-0,688*	1,000	
DV	0,265	0,340	-0,041	0,379*	0,342	0,545*	-0,246	0,506*	-0,225	1,000

p <,05000 (Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5)

Kod genotipova prinostnije prve etaže broj dana od nicanja do početka zrenja bio je uglavnom veći, što potvrđuje srednja pozitivna vrednost koeficijenta korelacije ($r_s=0,545$). Autori Chernet i sar. (2013), međutim navode negativnu međuzavisnost dužine vegetacije i

ukupnog prinosa. Između dužine vegetacionog perioda i prosečne mase ploda, vrednost koeficijenta korelacije iznosila je 0,506.

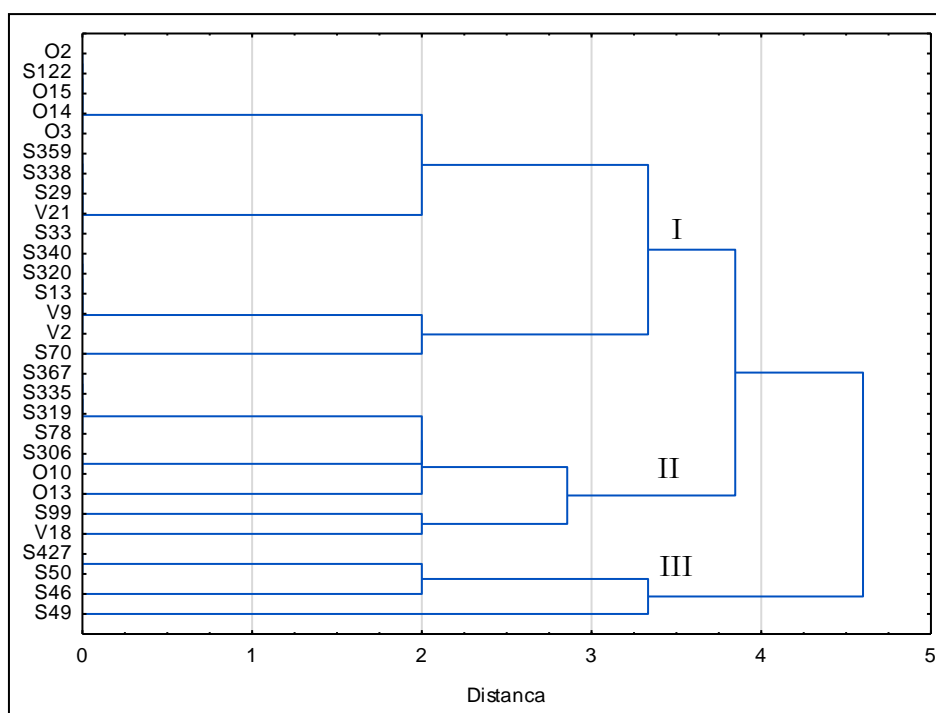
6.1.2 Analiza kvalitativnih osobina biljaka

6.1.2.1 Klaster analiza

U toku vegetacije, analizirane su sledeće kvalitativne osobine, po *UPOV* deskriptoru za paradajz (*International Union for the Protection of Cultivated Varieties*, 2001):

1. tip rasta (1- determinantan; 2- indeterminantan)
2. izdeljenost liske (1- perasto izdeljen; 2- dvostruko perasto izdeljen)
3. boja ploda (1- krem; 2- žuta; 3-narandžasta; 4-roza; 5-crvena; 6-braonkasta)
4. oblik ploda (1- pljosnat; 2- blago pljosnat; 3- okrugao; 4- četvrtast; 5- cilindričan; 6- eliptičan; 7- srcolik; 8- jajolik sa suženjem na vrhu; 9- jajolik; 10- kruškolik).

Primenom *UPGMA* metode, klaster analize grupisanja, genotipovi su podeljeni u tri grupe u okviru kojih se nalaze manje podgrupe (graf. 14). Sličnost između genotipova je određena na osnovu Euklidovih distanci.



Grafikon 14. Dendrogram ispitivanih genotipova paradajza za kvalitativna svojstva (Veza između oznaka genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

U prvoj grupi nalazi se šesnaest genotipova (na dendrogramu od O2 do S70) koji su raspodeljeni u četiri podgrupe. Prvu podgrupu čine genotipovi (O2, S122, O15, O14 i O3) narandžaste boje poda. Genotipovi druge podgrupe (S359, S338, S29, V21, S33) imali su crven plod. U ostalim osobinama, prve dve podgrupe nisu se razlikovale, a imale su indeterminatan tip rast, dvostruko perast list i okrugao plod. Treća podgrupa (S340, S320, S13, V9, V2) izdvojila se od prethodne dve podgrupe jer su genotipovi koje obuhvata imali blago pljosnat plod. Poslednji genotip prve grupe, S70, izdvojio se jer je jedini u ovoj grupi imao perast list.

Druga grupa genotipova (od S367 do V18) razlikovala se od prve, prvenstveno u izdeljenosti liske. Svi genotipovi ove grupe imali su perast list. Prvu podgrupu čine četiri genotipa (S367, S335, S319 i S78) koji su imali indeterminatan tip rasta i okrugao plod, crvene boje. Genotipovi S306 i O10 čine posebnu podgrupu, jer su u odnosu na prethodnu imali plod narandžaste boje. Genotip O13 se takođe našao zasebno, jer je jedini imao žut plod.

Poslednja dva genotipa druge grupe, razlikovali su se u obliku ploda, u odnosu na ostale genotipove ove grupe, te su se izdvojili u četvrtu i petu podgrupu. Genotip S99 imao je pljosnat plod, dok je genotip V18 imao eliptičan oblik ploda.

Treću grupu čine četiri genotipa (S427, S50, S46, S49), koji se u odnosu na prve dve grupe razlikuju u tipu rasta, koji je bio determinantan. Genotip S50 se u odnosu na genotipove prve podgrupe (S427 i S50) razlikuje u izdeljenosti liske, koja je bila dvostruko perasta. Genotip S49 se izdvojio zasebno, jer je imao eliptičan oblik ploda.

Grupisanje genotipova na osnovu ocenjujućih osobina donekle je u saglasnosti sa grupisanjem na osnovu kvantitativnih osobina. Većina genotipova prve grupe iz dendrograma za kvantitativna svojstva našla se u istoj, takođe prvoj grupi i na osnovu rezultata ocenjujućih osobina. Preostalih pet genotipova iz prve grupe pripalo je drugoj i trećoj grupi u dendrogramu za ocenjujuće osobine. Pet od devet genotipova treće grupe u dendrogramu kvantitativnih osobina pripao je prvoj grupi prema ocenjujućim osobinama, dok su se preostala četiri genotipa grupisala zajedno u drugoj grupi prema ocenjujućim osobinama. Genotipovi poslednje grupe u dendrogramu kvantitativnih osobina prema ocenjujućim osobinama klasifikovali su se u sve tri formirane grupe. Klasifikacija genotipova prema kvantitativnim osobinama u najvećoj meri je posledica razlika u masi, dužini i širini ploda, broju plodova po biljci i prinosu ploda prve etaže. Delimična podudarnost u grupisanju prema kvantitativnim i ocenjujućim osobinama posledica je

činjenice da je unutar grupa formiranih prema kvantitativnim osobinama, bilo genotipova različitog tipa rasta, boje i oblika ploda kao i izdeljenosti liske.

6.1.3 Hemijske karakteristike ploda

6.1.3.1 Deskriptivna analiza

U drugoj godini istraživanja uzeti su uzorci ploda u punoj zrelosti, za analizu sledećih hemijskih svojstava: sadržaj vlage (%), sadržaj pepela (%), sadržaj ukupne rastvorljive suve materije, tzv °Brix vrednost (%), pH vrednost i ukupna kiselost (%).

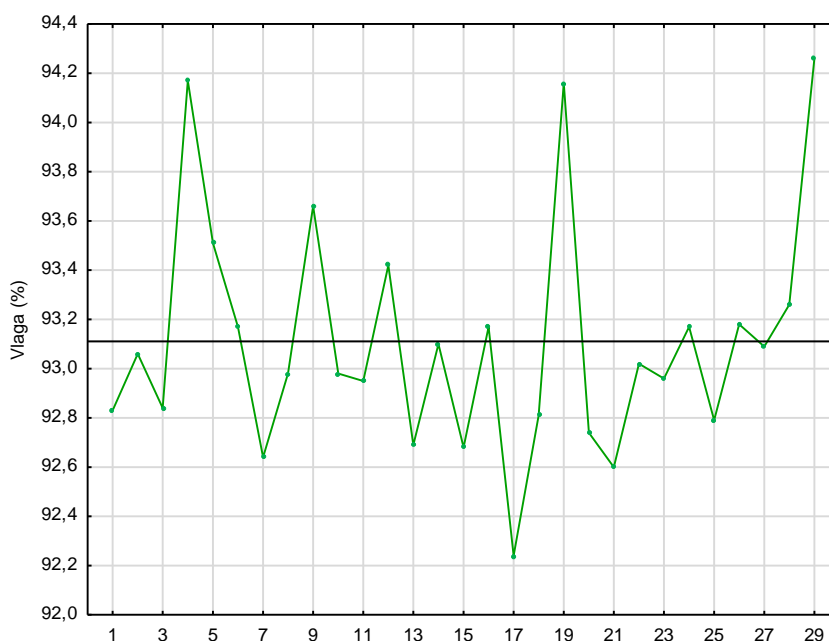
Tabela 29. Deskriptivna statistika analiziranih hemijskih osobina ploda

Osobina	Prosečna vrednost	Minimum	Maksimum	Standardna Devijacija	Standardna greška proseka	Koeficijent Varijacije (%)
Vlaga (%)	93,10	92,24	94,26	0,475	0,088	0,51
Pepeo (%)	0,36	0,21	0,43	0,051	0,009	14,44
Ukupna rastvorljiva suva materija (°Brix, %)	5,69	4,51	6,26	0,471	0,087	8,28
pH	4,43	4,21	4,69	0,115	0,021	2,60
Ukupna kiselost (%)	0,41	0,28	0,51	0,0556	0,010	13,71

U cilju ispitivanja varijabilnosti genotipova u datim svojstvima, na nivou celokupnog ispitivanog materijala izračunati su: prosečna vrednost, standardna devijacija i koeficijent varijacije (tab. 29). Izračunate vrednosti koeficijenta varijacije za svako hemijsko svojstvo potvrđuju varijabilnost koja postoji između ispitivanih genotipova. Međutim, njihove različite vrednosti ukazuju da su genotipovi u nekim osobinama bili ujednačeni dok su se u drugim osobinama više razlikovali.

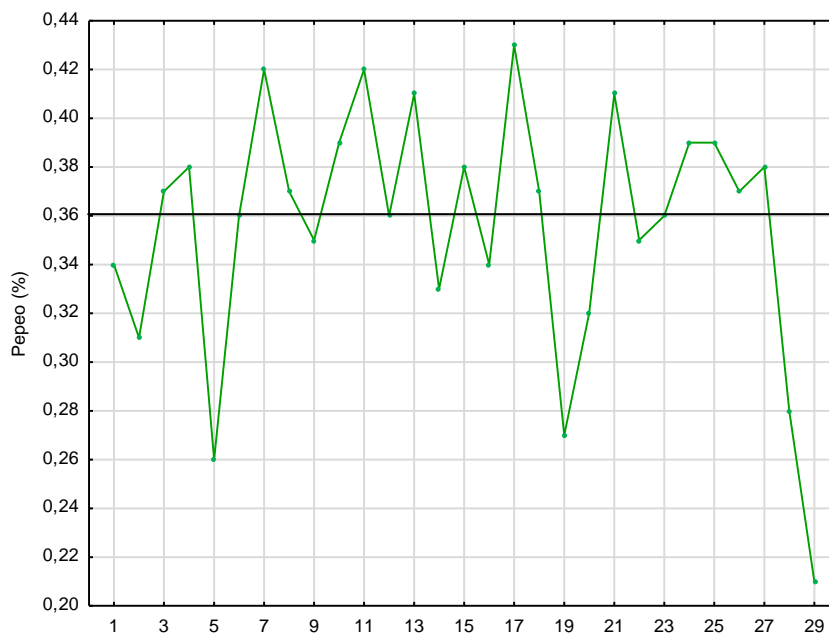
Plod paradajza sadrži 92,5-95% vode i 5-7,5% suve materije (Davies i Hobson, 1981). Suvu materiju čine šećeri, prvenstveno glukoza i fruktoza (48% od ukupnih šećera), organske kiseline, u najvećoj meri limunska i jabučna (13%), mineralne materije, pre svega N, P i K (8%), i manja, ali nutritivno veoma značajna količina vitamina i antioksidantnih

pigmentnih jedinjenja poput likopena (Caliman i sar., 2010). Sadržaj vlage (%) se među ispitivanim genotipovima kretao od 92,24 koliko je imala sorta Pegaz do 94,26 koliko je izmereno kod sorte Bačka (graf. 15), dok je prosečna vrednost svih genotipova iznosila 93,10%. Koeficijent varijacije od 0,51% ukazuje na najveću ujednačenost genotipova u ovoj osobini. Suárez i sar (2008) nisu utvrdili značajnu razliku među ispitivanim sortama u sadržaju vlage koji se kretao u opsegu 93,8-94,1 %. U istraživanjima Sulieman i sar. (2011) minimalan sadržaj vlage je iznosio 92, a maksimalan 94%, dok Thakur i Kaushal (1995) navode podatak o sadržaju vlage 94- 95,05%.



Grafikon 15. Prosečne vrednosti sadržaja vlage (%) za analizirane genotipove paradajza (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

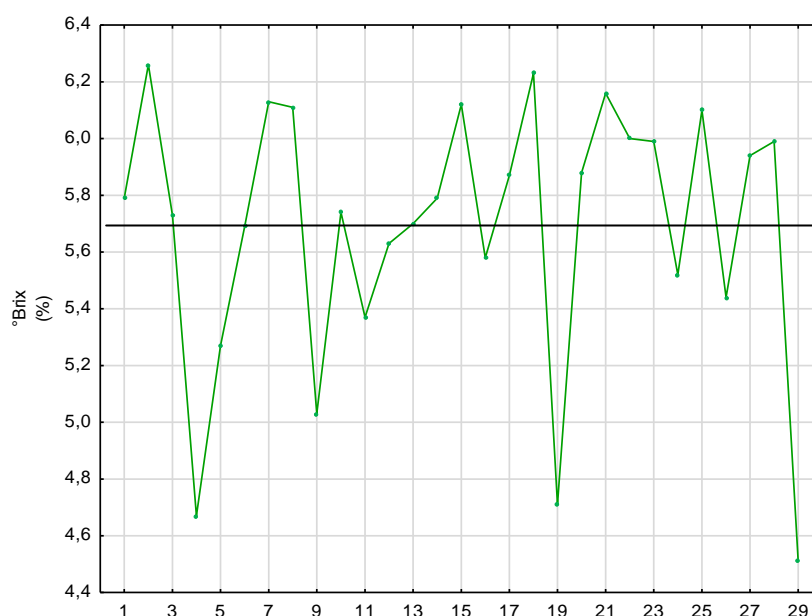
Sadržaj pepela (%) je iznosio 0,21-0,43 sa prosečnom vrednošću od 0,36 (graf. 16). Najmanje pepela imali su plodovi sorte Bačka, a najviše sorte Pegaz. Najveći koeficijent varijacije (14,44%) među analiziranim osobinama ukazuje na najveću varijabilnost ispitivanog materijala upravo u sadržaju pepela. Sadržaj pepela je veoma značajan jer predstavlja pokazatelj mineralnog sastava hrane. Rezultati prethodnih istraživanja potvrđuju divergentnost genotipova u sadržaju pepela. Sulieman i sar. (2011) navode podatak o kretanju sadržaja pepela u plodu analiziranih genotipova od 0,24 do 0,80%, a Shibli i sar. (1995) od 0,3 do 0,6%. Gupta i sar. (2011) su ustanovili nešto užu opseg u ispitivanom uzorku od 0,48 do 0,53%.



Grafikon 16. Prosečne vrednosti sadržaja pepela (%) za analizirane genotipove paradajza (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Najmanji sadržaj ukupne rastvorljive suve materije, odnosno °Brix vrednost (4,51) imala je sorta Bačka, dok je najviša vrednost (6,26) utvrđena kod stare sorte Rudgers (graf. 17). Prosečna °Brix vrednost je iznosila 5,69 sa koeficijentom varijacije 8,28%. Stevens i Rick (1986) su analiziranjem različitih genotipova paradajza utvrdili nešto niže vrednosti sadržaja rastvorljive suve materije i to u intervalu 3,60-5,93, dok Chattopadhyay i sar. (2013) analizom 31 hibrida paradajza, kao maksimalnu °Brix vrednost navode 5,10. Visoka °Brix vrednost je glavna komponenta kvaliteta paradajza namenjenog kako svežoj potrošnji tako i industrijskoj preradi (Kumari i sar. 1998). Sadržaj ukupne rastvorljive suve materije je posebno važan za industrijsku praradu ukoliko je cilj dobijanje dehidrata i koncentrata (Stevens, 1972). Obzirom na to da kiseline utiču na percepciju slasti (Stevens, 1972; Stevens i sar, 1979) koristan indikator ukusa paradajza je odnos ukupna rastvorljiva suva materija/ukupna kiselost (Grierson i Kader, 1986; Suarez i sar, 2008). Ukusnim paradajzom smatra se onaj kod koga je odnos ukupna rastvorljiva suva materija/ukupna kiselost ≥ 10 (Kader i sar., 1978; Mencarelli i Saltveit, 1988). Treba napomenuti da ovaj odnos varira unutar samog ploda i niži je u komorama u poređenju sa perikarpom (Grierson i Kader, 1986), sa stepenom razvijenosti ploda, s obzirom da ukupna kiselost opada u kasnim fazama zrelosti, ali i uslovima gajenja (Bertin i sar, 2000). Moneruzzaman i sar (2008) su utvrdili da je paradajz u fazi pune zrelosti imao najvišu °Brix vrednost, a najnižu u fazi

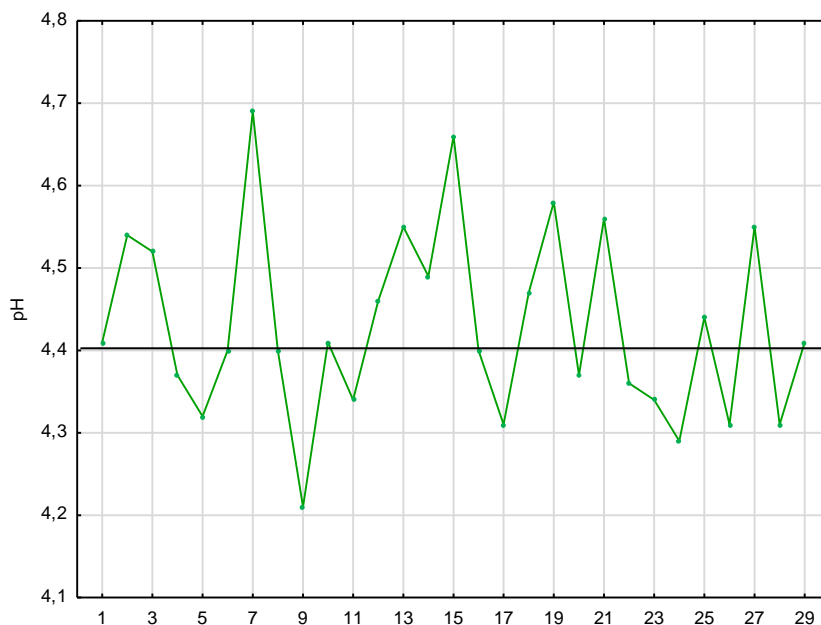
zelene zrelosti. Kod svih ispitivanih genotipova u ovom istraživanju odnos ukupna rastvorljiva suva materija/ukupna kiselost je bio ≥ 10 te se može smatrati da na osnovu ovog pokazatelja imaju ukusan plod. Međutim, treba istaći da je ukus proizvod kompleksne interakcije između isparljivih i neisparljivih jedinjenja (Petro-Turza, 1987; Buttery i Ling, 1993). Drugim rečima, krajnji ukus je posledica interakcija materija koje osetimo određenim regionima jezika, i isparljivih materija čije prisustvo osetimo čulom mirisa (Acree, 1993). Od 400 isparljivih jedinjenja identifikovanih u plodu paradajza, za 30 je dokazano da imaju najveći uticaj na miris, i nisu bila predmet ovog istraživanja.



Grafikon 17. Prosečne °Brix vrednosti za analizirane genotipove paradajza (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Vrednosti pH su iznosile od 4.21, kod populacije Novosadski rani, do 4.69 kod stare sorte Saint Pierre (graf. 18). Prosečna vrednost pH bila je 4.43. Uzimajući u obzir vrednost koeficijenta varijacije (2,60%) kao meru disperzije, ova osobina nije mnogo varirala u poređenju sa drugim osobinama, što je u saglasnosti sa rezultatima Stevens i Rick (1986). Chattopadhyay i sar. (2013) i Saimbhi i sar (1987), međutim navode veću razliku među analiziranim hibridima. Kiselost je veoma značajan parametar jer utiče na skladištenje prerađevina od paradajza. Niže vrednosti pH smanjuju rizik od pojave patogena u prerađevinama, poput *Bacillus coagulans*, čiji razvoj je u potpunosti inhibiran pri vrednosti pH ispod 4.1 (Majid, 2007). Pored toga, niska pH vrednost skraćuje period zagrevanja prilikom procesa sterilizacije i prerade (Stevens, 1972). Monti (1980) navodi da je

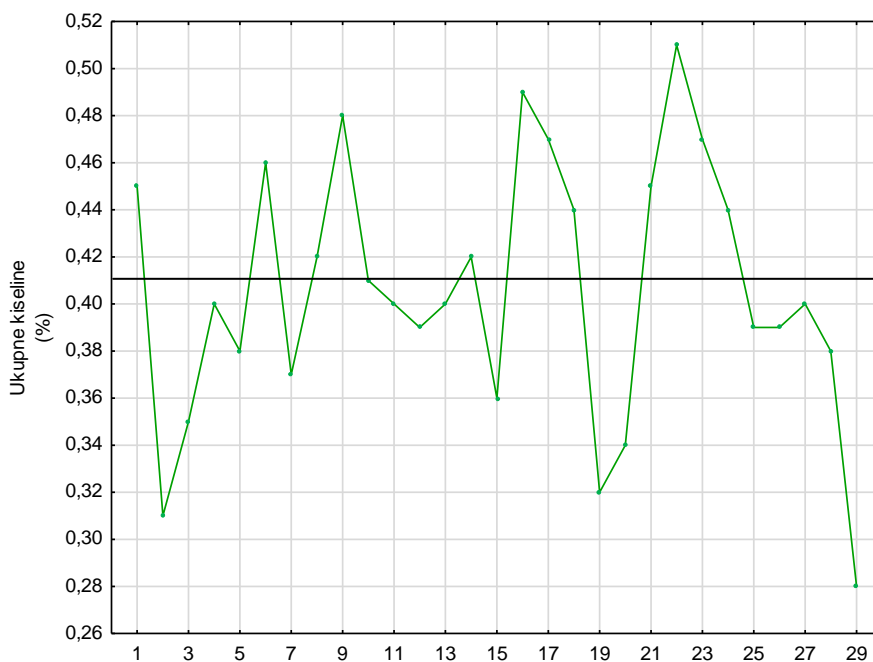
maksimalna poželjna pH vrednost 4.4, a optimalna 4.25. Jedan od primera iz prakse je i prerađivačka industrija u Kaliforniji koja za prerađevine od paradajza propisuje pH vrednost od 4.2 ili 4.3.



Grafikon 18. Prosečne pH vrednosti za analizirane genotipove paradajza (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Limunska kiselina je najzastupljenija među organskim kiselinama u plodu paradajza i u najvećoj meri doprinosi ukupnoj kiselosti (Paulson i Stevens, 1974). Tokom razvoja ploda sadržaj kiselina raste, dostižući maksimalnu vrednost u fazi prvih znakova prelaska iz zelene u žutu boju (enlg. „*breaker stadium*”), a zatim progresivno opada od pojave crvene boje (Davies i Hobson, 1981) do dostizanja pune zrelosti (Hobson, 1987).

Sadržaj kiselina (%) bio je najmanja kod sorte Bačka (0,28) dok je najveća vrednost (0,51) izmerena kod linije O14 (graf. 19). Prosek za sve genotipove je bio 0,41 a koeficijent varijacije 13,71%. Slično, Chattopadhyay i sar. (2013) su na nivou 31 hibrida utvrdili variranje u prosečnom sadržaju kiselina u opsegu od 0,27-0,52%. Kiselost nema značajnog uticaja na ukus paradajza ukoliko pH vrednost nije niska. Iz tog razloga, pH vrednost ispod 4.5 i sadržaj kiselina iznad 0,35g/100 g svežeg ploda su poželjne. (Amira i sar, 2013). Kod većine ispitivanih genotipova utvrđen je ovaj odnos pH vrednosti i ukupnih kiselina.

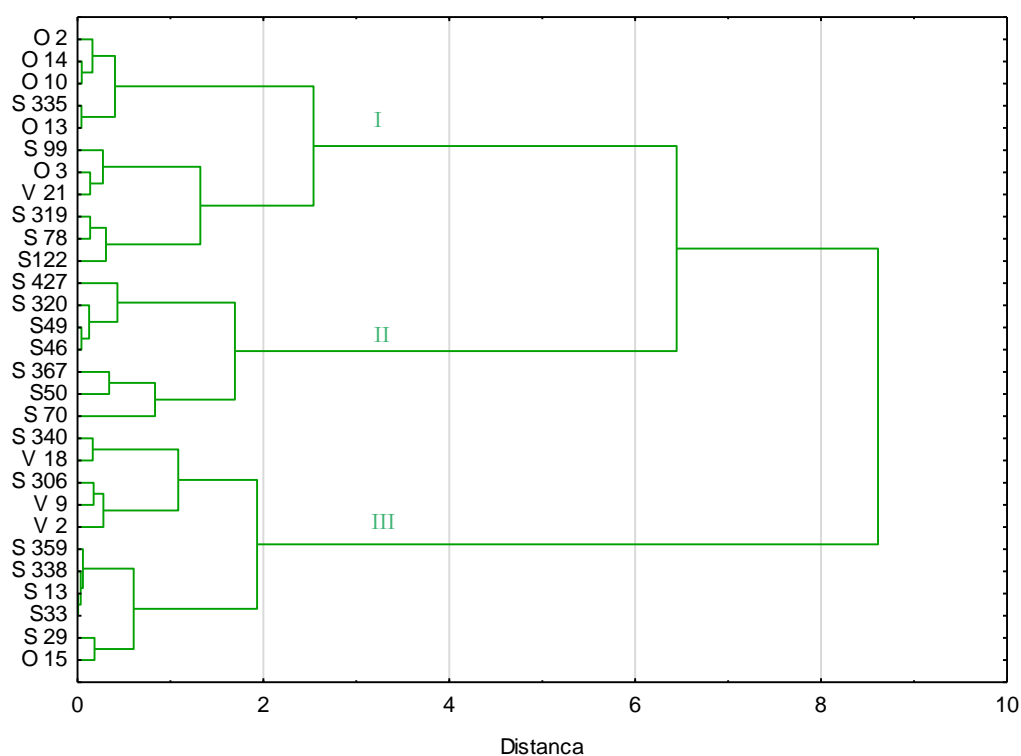


Grafikon 19. Prosečne vrednosti ukupnih kiselina za analizirane genotipove paradajza (Veza između brojeva genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Mahakun i sar. (1979) navode genetički faktor kao glavni faktor koji utiče na sadržaj kiselina u plodu paradajza, pri čemu postoji velika varijabilnost između genotipova u ovoj osobini (Stevens i sar. 1979; Davies i Hobson 1981; Stevens i Rick 1986; Mitchell i sar. 1991; Ereifej i sar. 1997).

6.1.3.2 Klaster analiza

Klaster analizom grupisanja genotipova paradajza po hemijskim karakteristikama, primenom Ward-ovog metoda i Pirsonovih distanci genotipovi su se raspodelili u 3 grupe (graf. 20). U prvoj grupi, od ukupno jedanaest genotipova, nalaze se sve linije narandžaste boje ploda (osim linije O15) i jedina sa žutim plodom, jedna visoka linija, dve lokalne populacije, dve stare sorte i jedna sorta iz proizvodnje. Genotipovi ove grupe su bili najslabiji u pH vrednosti i sadržaju kiselina, pa ovu grupu karakteriše u proseku najniža pH vrednost (4,3) i najviši sadržaj kiselina (0,45%) u odnosu na preostale dve grupe. Po prosečnim vrednostima ostalih osobina genotipovi ove grupe se nalaze između genotipova druge i treće grupe.



Grafikon 20. Dendrogram 29 genotipova paradajza za analizirana hemijska svojstva ploda (Veza između oznaka genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Druga grupa je najmanja i čini je sedam genotipova od čega tri stare sorte, tri sorte iz proizvodnje i jedna lokalna populacija. Ova grupa se odlikuje u proseku najvećim sadržajem vlage (93,70%), najnižom °Brix vrednošću (5,22) i najnižim sadržajem pepela (0,30%). Takođe, genotipovi ove grupe imali su u proseku i najmanji sadržaj kiselina (0,37%). Treća grupa se sastoji od jedanaest genotipova među kojima je pet starih sorti, dve lokalne populacije i tri oplemenjivačke linije. U proseku, treća grupa je imala najniži sadržaj vlage (92,81%), najvišu °Brix vrednost (6,03), najviši sadržaj pepela (0,38%) i najvišu prosečnu pH vrednost (4.52).

Poređenjem klasifikacije genotipova prema hemijskim i kvantitativnim osobinama uočava se delimična podudarnost. Većina genotipova prve grupe iz dendrograma hemijskih osobina grupisala se zajedno i prema kvantitativnim osobinama. Preostali genotipovi raspodelili su se prema kvantitativnim osobinama u ostalim formiranim grupama. Većina genotipova druge grupe u dendrogramu za hemijska svojstva grupisala se zajedno i prema kvantitativnim osobinama, našavši se u prvoj grupi. Šest od jedanaest genotipova treće grupe u dendrogramu hemijskih osobina pripalo je istoj (I) grupi u dendrogramu

kvantitativnih osobina dok su preostali genotipovi raspodelili u poslednje dve formirane grupe. Delimična podudarnost je posledica činjenice da su među genotipovima koji su bili slični u kvantitativnim osobinama i time pripali istoj grupi, utvrđene razlike u °*Brix* vrednosti, sadržaju pepela i kiselina.

6.1.3.3 Fenotipske korelacije među ispitivanim osobinama

Između analiziranih hemijskih svojstava utvrđeni su Pirsonovi koeficijenti korelacije, na nivou značajnosti 0,05 (tab. 30). Utvrđeno je nekoliko statistički značajnih veza među ispitivanim osobinama.

Sadržaj vlage je bio u jakoj negativnoj međuzavisnosti sa sadržajem pepela ($r=-0,663$), a veoma jakoj negativnoj ($r=-0,849$) sa sadržajem ukupne rastvorljive suve materije. Suarez i sar. (2008) dolaze do istog zaključka o međuzavisnosti sadržaja vlage i pepela, uz nešto nižu utvrđenu vrednost koeficijenta korelacije ($r=-0,402$). Brojni autori, takođe, ističu da se sa smanjenjem sadržaja vlage u plodu paradajza povećava sadržaj ukupne rastvorljive suve materije (Birhanu i Tilahun, 2010; Patanè i sar., 2011; Ehret i sar., 2012).

Vrednosti koeficijenta korelacije ukazuju na srednju pozitivnu korelaciju između sadržaja pepela i sadržaja ukupne rastvorljive suve materije ($r=0,444$), kao i sadržaja pepela i sadržaja ukupnih kiselina ($r=0,463$). *pH* vrednost i sadržaj ukupnih kiselina bili su u negativnoj korelaciji, što je i očekivano uzimajući u obzir da se povećanjem kiselosti *pH* vrednost smanjuje, i obratno. Utvrđena je srednja jačina veze ($r=-0,416$) između navedenih osobina. Ovaj rezultat je u saglasnosti sa ranije objavljenim rezultatima (Garangyo i sar. 1992; Malundo i sar. 1995; Georgelis i Scott, 2004).

Tabela 30. Koeficijenti korelacije za analizirana hemijska svojstva ploda

	Vlaga (%)	Pepeo (%)	° <i>Brix</i> (%)	<i>pH</i>	Ukupne kiseline (%)
Vlaga (%)	1,000				
Pepeo (%)	-0,663*	1,000			
° <i>Brix</i> (%)	-0,849*	0,444*	1,000		
<i>pH</i>	-0,219	0,148	0,319	1,000	
Ukupne kiseline (%)	-0,329	0,463*	0,253	-0,416*	1,000

$p < ,05000$

6.2 Procena genetičkog diverziteta primenom molekularnih markera

6.2.1 Genetička varijabilnost ispitivanih mikrosatelitskih markera

Za molekularnu evaluaciju 29 genotipova paradajza odabrano je 30 mikrosatelitskih markera. Zbog nemogućnosti umnožavanja specifičnih produkata kao i detektovanja produkata niskog intenziteta fluorescencije, iz dalje analize izuzeto je 7 mikrosatelitskih markera, odnosno 23,3%. Navedeni markeri su isključeni iz dalje analize, kada specifičan fragment nije dobijan ni sa promenama parametara *PCR* reakcije. Za 23 markera uspešno su optimizovani uslovi *PCR* reakcije (tab. 31). Benor i sar. (2008) su za procenu genetičke varijabilnosti 39 inbred linija poreklom iz Kine, Japana, Južne Koreje i SAD-a, odabrali 60 mikrosatelitskih markera, ali je 19 prajmera (31,7%) izuzeto iz dalje analize zbog nemogućnosti umnožavanja očekivanih fragmenata. He i sar. (2003) navode niži procenat, tačnije 18,3%, od ukupno 158 *SSR* markera. Nespecifično vezivanje prajmer sekvence može biti posledica njihove neadekvatne sinteze. U svim analiziranim mikrosatelitskim lokusima, fragmentnom analizom je utvrđeno prisustvo po jednog produkta umnožavanja, za svaki genotip, što navodi na zaključak da su se svi prajmeri vezivali na jednom lokusu DNK lanca, što je u skladu sa nalazima drugih autora (He i sar. 2003; Kwon i sar. 2009; Mercati i sar. 2015).

Analizom 23 mikrosatelitska lokusa u ovom radu, broj detektovanih alela se kretao od 1-4. Broj monomorfni markera, kod kojih je utvrđen jedan alel iznosio je 12 (52,2%), te su izuzeti iz dalje analize (tab.33). Procenat monomorfni markera u istraživanjima Benor i sar. (2008) iznosio je 10%, dok rezultati He i sar. (2003) ukazuju na gotovo 5 puta veći procenat, odnosno 49,6%. Kwon i sar. (2009) su na biljnom materijala koji je brojao 63 genotipa utvrdili kod 78,8% od ukupno 250 *SSR* markera, prisustvo jednog alela po lokusu.

Za kodominantne markere, lokus se smatra polimorfnim ukoliko je frekvencija najučestalijeg alela manja od 95% (Laurentin, 2009). U skladu sa tim, iako je kod 11 markera utvrđeno više od 1 alela, za dalju analizu je izdvojeno 7 polimorfni (tab. 32). Polimorfni markeri umnožili su ukupno 18 alela sa prosečnom vrednošću od 2,6 alela po lokusu. Najveći broj alela po lokusu utvrđen je za marker *SSR* 248 (4 alela), dok se za preostalih 6 markera broj alela kretao od 2-3. Do sličnih rezultata za broj alela po lokusu došli su i drugi autori, ustanovivši 2-3 alela za sve polimorfne *SSR* lokuse.

Tabela 31. Ispitivani mikrosatelitski markeri sa brojem detektovanih alela na nivou svih ispitivanih genotipova paradajza

R.b.	Lokus	Broj alela	Frekvencija najzastupljenijeg alela
1	<i>SSR</i> 9	1	1,00
2	<i>SSR</i> 248	4	0,38
3	<i>TMS</i> 9	3	0,76
4	<i>SSR</i> 115	1	1,00
5	<i>TMS</i> 42	2	0,86
6	<i>SSR</i> 66	1	1,00
7	<i>SSR</i> 75	1	1,00
8	<i>SSR</i> 304	1	1,00
9	<i>SSR</i> 136	1	1,00
10	<i>SSR</i> 80	1	1,00
11	<i>SSR</i> 69	1	1,00
12	<i>SSR</i> 327	1	1,00
13	<i>SSR</i> 74	1	1,00
14	<i>SSR</i> 43	1	1,00
15	<i>SSR</i> 237	2	0,97
16	<i>SSR</i> 40	2	0,76
17	<i>SSR</i> 20	2	0,86
18	<i>TMS</i> 26	2	0,62
19	<i>TMS</i> 23	1	1,00
20	<i>SSR</i> 146	2	0,97
21	<i>SSR</i> 111	3	0,63
22	<i>SSR</i> 601	3	0,95
23	<i>SSR</i> 96	2	0,96
Prosek		1,7	0,90

Navedenu alelnu varijabilnost ustanovili su Hu i sar. (2012) ispitujući 67 genotipova sakupljenih u Argentini u periodu od 1932-1974 godine, pomoću 10 *SSR* markera, dok su Tam i sar. (2005), međutim, u istraživanje uključili manji broj genotipova različite morfologije ploda (34), ali veći broj markera (16). He i sar. (2003) su ispitujući 19 genotipova paradajza poreklom iz 10 različitih zemalja sveta ustanovili dva alela kod 49,2%, a tri kod 33,8% *SSR* lokusa, od ukupno 65 polimorfni. Isti autori navode prosečan broj alela po lokusu 2,7.

Benor i sar. (2008), međutim, dolaze do zaključka o znatno većoj varijabilnosti *SSR* lokusa. Ispitujući genetički diverzitet 39 linija paradajza dolaze do podatka od ukupno 150 alela za 35 polimorfni lokusa, sa prosečnim brojem od 4,3 alela po lokusu. Slična

vrednost, od 4 alela po lokusu dobijena je i u istraživanjima Kwon i sar. (2009) pri čemu je za 33 *SSR* lokusa utvrđeno prisustvo 132 alela kod 36 genotipova paradajza. Korir i sar. (2014) su u cilju ispitivanja genetičkog diverziteta 42 genotipa paradajza različitog porekla odabrali 50 *EST-SSR* markera. Za 29 polimorfnih, ustanovili su prosečno 4,6 alela po lokusu.

S obzirom da je u ovom radu utvrđeno u proseku 2,6 alela po lokusu, na manjem uzorku i sa manjim brojem markera, može se zaključiti da analizirani genotipovi predstavljaju izvor genetičkog diverziteta.

Tabela 32. Osnovni pokazatelji genetičkog diverziteta 7 polimorfnih mikrosatelitskih markera

Lokus	Broj alela (N_a)	Frekvencija najzastupljenijeg alela	Diverzitet lokusa (H_e)	Uočena heterozigotnost (H_o)	PIC
<i>SSR</i> 248	4	0,38	0,72	0,0000	0,67
<i>TMS</i> 9	3	0,76	0,38	0,0000	0,33
<i>TMS</i> 42	2	0,86	0,24	0,0000	0,21
<i>SSR</i> 40	2	0,76	0,37	0,0000	0,30
<i>SSR</i> 20	2	0,86	0,24	0,0000	0,21
<i>TMS</i> 26	2	0,62	0,47	0,0000	0,36
<i>SSR</i> 111	3	0,63	0,49	0,0357	0,40
Prosek	2,6	0,70	0,41	0,0051	0,35

Tabela 33. Alelna varijabilnost ispitivanih *SSR* lokusa

Broj alela	Broj <i>SSR</i> lokusa	% <i>SSR</i> lokusa
1	12	52,2
2	7	30,4
3	3	13,0
4	1	4,3

Poredeći rezultate ovog i drugih istraživanja za iste mikrosatelitske lokuse dolazi se do različitih zaključaka. Veći broj alela u poređenju sa brojem alela utvrđenim u ovom istraživanju detektovan je za lokus *SSR111* (Kwon i sar. 2009; Mercati i sar. 2015), *SSR248* (Kwon i sar. 2009; Sardaro i sar. 2013; Mercati i sar. 2015) i *SSR20* (Kwon i sar. 2009). Može se pretpostaviti da je razlog veće alelne varijabilnosti bio u određenoj meri posledica većeg broja analiziranih genotipova. S druge strane, Chen i sar. (2009) su ustanovili isti broj alela za lokuse *SSR111* i *SSR20* kao u ovom istraživanju iako je analizirani uzorak brojao

219 genotipova različitog porekla. Imajući u vidu da je ispitivani uzorak u ovom istraživanju manji skoro osam puta, može se smatrati varijabilnijim za navedene lokuse. Takođe, Hu i sar. (2012) su na duplo većem uzorku, koji je obuhvatao genotipove kolekcionisane u Argentini, u periodu 1932-1974 godine, detektovali za lokus *SSR20* isti broj alela, a *SSR111* manji broj alela u poređenju sa rezultatima ovog istraživanja. Isti autori su primenom *SSR* i *SNP* markera ustanovili trend redukcije broja alela za 30% u sortama kolekcionisanim nakon 1960 godine. Archak i sar. (2002) su analizom 27 sorti iz Indije, primenom *RAPD* markera, došli do sličnog zaključka. Tačnije, stare sorte stvorene do perioda 70-ih god XX veka ispoljile su značajno veću varijabilnost u odnosu na sorte stvarane tokom 90-ih godina. U poređenju sa brojem alela u ovom istraživanju, Benor i sar (2008) su na nešto većem uzorku, od 39 genotipova različitog porekla, umnožili isti broj alela za lokus *TMS9*. He i sar. (2003), međutim navode veću alelnu varijabilnost na manjem broju genotipova u poređenju sa uzorkom u ovom istraživanju za lokus *TMS 42*, što navodi na zaključak o većoj divergentnosti njihovog uzorka za dati lokus.

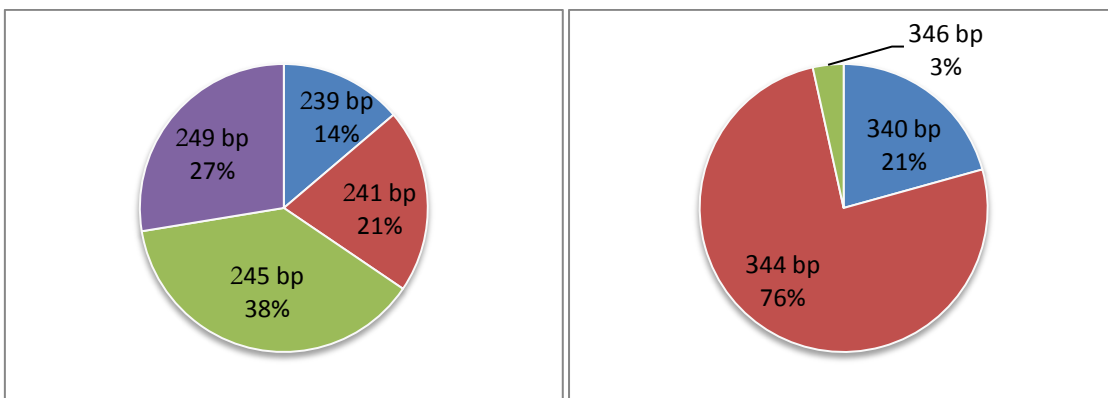
Uočena heterozigotnost se kretala od 0 do 0,0357 (tab.32). Ovakav rezultat je očekivan imajući u vidu da je paradajz samooplodna biljna vrsta koja se odlikuje visokim stepenom homozigotnosti. Međutim, prisustvo dva alela unutar istog lokusa kod nekih genotipova ukazuje na zaostalu heterozigotnost usled slučajne stranooplodnje ili na pojavu mutacija (He i sar. 2003). Očekivana heterozigotnost, tj. diverzitet gena kretala se od 0,24-0,72, dok je proseka za sve ispitivane lokuse iznosio 0,41. Ovi rezultati ne odstupaju značajnije od rezultata dobijenih od strane Mercati i sar. (2015), koji su za uočenu heterozigotnost utvrdili prosečnu vrednost od 0,0112 dok je prosečan diverzitet gena iznosio 0,437.

Vrednost pokazatelja polimorfnosti markera (*PIC*) se kretala od 0,21 za markere *TMS42* i *SSR20*, do 0,67 koliko je ustanovljeno za marker *SSR 248*. Prosečna *PIC* vrednost za sve polimorfne markere je iznosila 0,35 što ukazuje na slabu informativnost u ispitivanom materijalu, osim za marker *SSR248* koji se pokazao kao najinformativniji među odabranim markerima. Ovaj rezultat je u skladu sa prosečnim vrednostima drugih autora (He i sar. 2003; Benor i sar. 2008; Mercati i sar. 2015). Nešto veću informativnost markera (0,45) utvrdili su Korir i sar. (2014) odabirom 29 polimorfnih *EST-SSR* markera. Treba napomenuti da pojedini genotipovi u ovom istraživanju imaju istog jednog ili oba roditelja što se dodatno odrazilo na smanjenje *PIC* vrednosti.

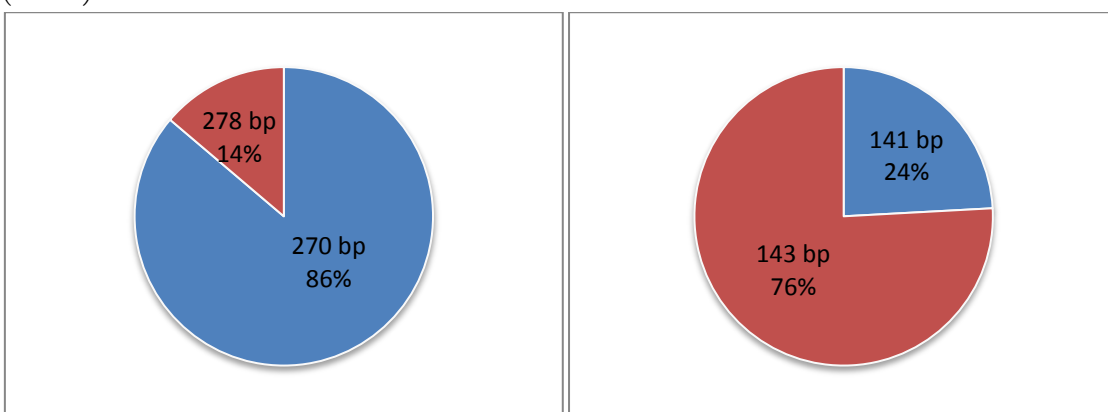
Kod dva markera (*TMS9* i *SSR111*), od ukupno 7 polimorfnih utvrđeno je prisustvo retkih alela, čija je frekvencija iznosila manje od 5% (graf. 21 i 24). Procenat markera sa retkim alelima je iznosio 28,6 dok je zastupljenost retkih alela u ispitivanom materijalu iznosila 11,1%.

Od 12 mikrosatelitskih markera kod kojih je utvrđen samo 1 alel, 75% je imalo trinukleotidne ponovke, dok je 16,7% imalo dinukleotidne ponovke. Među polimorfnim markerima većina (54,5%) je imala dinukleotidni ponavljajući motiv. Marker sa najvećom *PIC* vrednošću (*SSR 248*) takođe je imao dinukleotidni ponovak. Do zaključka o nižem nivou polimorfности kod tri- u odnosu na di- nukleotidne ponavljajuće motive, kod paradajza i drugih biljnih vrsta došli su i drugi autori u svojim istraživanjima (Blair i sar., 1999; Jones i sar., 2001; Frary i sar., 2005; Todorovska i sar., 2014). Ova pojava može se objasniti činjenicom da enzim DNK polimeraza III, u toku umnožavanja DNK molekula može da sklizne niz DNK lanac što za posledicu ima povećanje ili smanjenje broja kratkih, tandemski ponovljivih sekvenci unutar ponavljajućeg regiona (Levinson i Gutman, 1987). Stopa mutacija unutar dinukleotidnih ponovaka viša je u odnosu na tri- i tetranukleotidne ponovke (Chakraborty i sar. 1997).

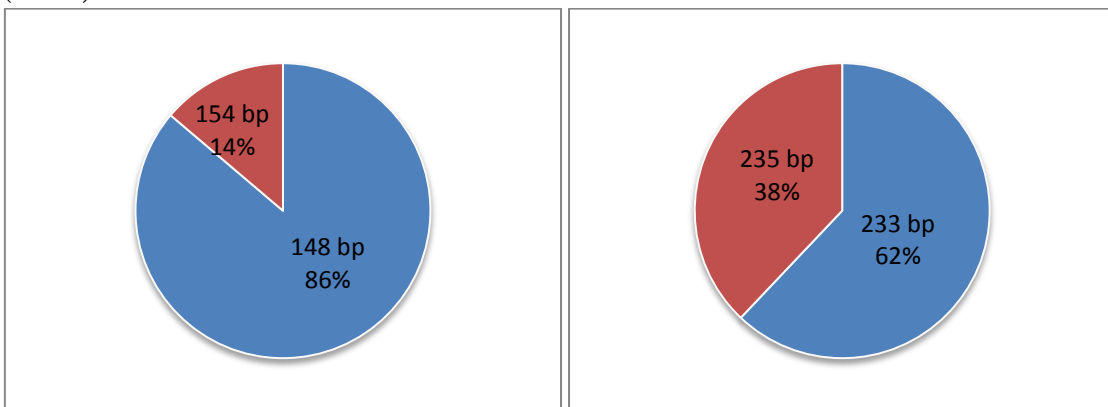
Labate i Roberts (2002) ističu izrazitu monomorfnost gajenog paradajza na molekularnom nivou, uprkos činjenici da je fenotipski veoma divergentan. Williams i St. Clair (1993), ukazuju na čak znatno niži diverzitet gajenog paradajza u poređenju sa drugim samooplodnim biljnim vrstama. Međutim, u istraživanjima koja su u ispitivanim kolekcijama imala uključene i divlje srodnike, detektovan je znatno veći broj alela po *SSR* lokusu. Cilj istraživanja Alvarez i sar. (2001) bio je evaluacija genetičkog diverziteta unutar i između devet vrsta roda *Lycopersicon*, među kojima je bio i gajeni paradajaz. Unutar 17 analiziranih *SSR* lokusa, broj alela se kretao od 1-17. Ukupan broj alela je iznosio 144, a prosečan broj alela po lokusu 8. Tom prilikom ustanovljeno je da je nivo polimorfizma unutar i između vrsta bio u značajnoj korelaciji sa sistemom oplodnje. Tačnije, znatno veća varijabilnost je pronađena u stranooplodnim vrstama (najviše u *L. peruvianum*, *L. chilense* i *L. pennellii*). Među samooplodnim, najdivergentniji je bio *L. pimpinellifolium*. Rezultati navedenog istraživanja bili su u saglasnosti sa prethodno objavljenim rezultatima *RFLP* analize od strane Miller i Tanksley (1990). Frary i sar. (2005) u svojim istraživanjima takođe ističu znatno veći % polimorfnih *SSR* lokusa među divljim srodnicima u odnosu na sorte paradajza, kao i daleko veći broj alela po lokusu.



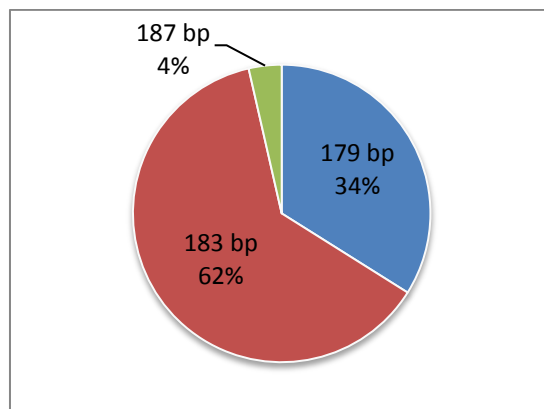
Grafikon 21. Frekvencije alela detektovanih unutar lokusa *SSR248* (levo) i lokusa *TMS9* (desno)



Grafikon 22. Frekvencije alela detektovanih unutar lokusa *TMS42* (levo) i lokusa *SSR40* (desno)



Grafikon 23. Frekvencije alela detektovanih unutar lokusa *SSR20* (levo) i lokusa *TMS26* (desno)



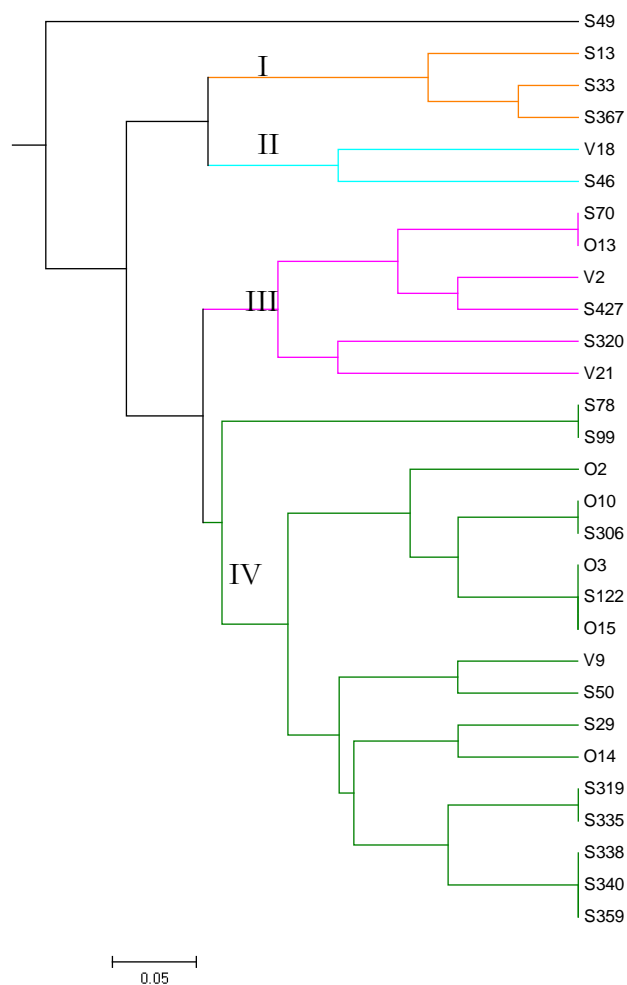
Grafikon 24. Frekvencija alela unutar lokusa SSR111

6.2.2 Grupisanje ispitivanih genotipova primenom klaster analize

Klaster analizom, primenom *UPGMA* metoda, genotipovi su se raspodelili u četiri grupe (graf. 25). Grupisanje je izvršeno na osnovu matrice udaljenosti koja je ocenjena na osnovu proporcije zajedničkih alela između genotipova. Industrijska sorta Alparac se na formiranom dendrogramu posebno izdvaja.

U prvoj grupi našle su se dve stare sorte (S33 i S367) i jedna lokalna populacija (S13), dok su se u drugoj grupisale jedna linija (V18) i sorta iz proizvodnje Bačka (S46). Treća grupa obuhvata šest genotipova među kojima su: jedna lokalna populacija (S70), tri linije (O13, V2 i V21) i dve stare sorte (S427 i S320). Četvrta grupa je obuhvatila najveći broj genotipova. U okviru ove grupe izdvojile su se tri podgrupe. U prvoj podgrupi našle su se lokalne populacije S78 i S99. Drugu podgrupu čine četiri linije (O2, O10, O3 i O15), jedna stara sorta (S306) i sorta iz proizvodnje Pegaz. Treća podgrupa je najbrojnija i obuhvatila je devet genotipova. Većinu genotipova ove podgrupe, predstavljaju stare sorte (S319, S335, S338, S340, S359). U ovoj podgrupi našle su se i dve linije (V9 i O14), jedna lokalna populacija (S29) i jedna sorta iz proizvodnje Knjaz (S50).

Analiziranjem pripadnosti genotipova pojedinim grupama, nije uočena pravilnost prilikom grupisanja koja bi bila u skladu sa poreklom genotipova, kao ni vrstom selekcionog materijala, što je u saglasnosti sa nalazima drugih autora (Hu i sar. 2012; Korir i sar. 2014).



Grafikon 25. Dendrogram 29 genotipova paradajza na osnovu podataka 7 *SSR* markera (Veza između oznaka genotipova i naziva data je u Prilogu, tab. 15)

Primenom mikrosatelitskih markera je u velikoj meri uočena pravilnost grupisanja linija sa jednim od roditelja od kojih su nastale. U četvrtoj formiranoj grupi, posebnu podgrupu formirali su genotipovi narandžaste boje ploda, sorta Pegaz i linije O2, O10, O3 i O15. Takođe, ovoj podgrupi pripada i stara sorta S306 koja predstavlja jednog od roditelja navedenih genotipova. Linija O14 takođe za jednog od roditelja ima sortu S306, međutim ona se našla u drugoj podgrupi. Linija V9 se našla u istoj grupi sa oba roditelja čijim ukrštanjem je nastala (S338 i S319), dok se linija istog pedigrea V2, međutim, ne nalazi u ovoj grupi. Može se pretpostaviti da je u ovim slučajevima došlo do pojave rekombinacija i mutacija u pojedinim delovima genoma u kojima se nalaze analizirani mikrosatelitski lokusi.

Između određenih genotipova nije uočena razlika u ispitivanim *SSR* lokusima. Između linije O10 i sorte S306, kao i sorte Pegaz i linija O3 i O15 objašnjenje se može naći

u pedigreima navednih genotipova. Nije utvrđena distanca ni između dve stare sorte S319 i S335, te se može pretpostaviti da je razlog isto poreklo, s obzirom da su u pitanju italijanske sorte. Ispitivani mikrosatelitski markeri su umnožili iste produkte kod tri sorte (S338, S340 i S359) različitog porekla na samom kraju dendrograma. Distanca nije utvrđena ni između lokalne populacije iz Makedonije (S70) i linije iz Srbije (O13), kao i dve lokalne populacije poreklom iz Makedonije i Srbije (S78 i S99).

Iako je 7 *SSR* markera omogućilo diferencijaciju većine ispitivanih genotipova, u buduća istraživanja bi trebalo uključiti veći broj mikrosatelitskih markera.

Genotipovi I i II grupe u dendrogramu konstruisanom na osnovu molekularnih podataka raspodelili su se na drugačiji način prema kvantitativnim osobinama. Genotipovi III grupe našli su se u svim formiranim grupama u dendrogramu za kvantitativne osobine. Devet od sedamnaest genotipova IV grupe, nalazi se u istoj grupi (I) i prema kvantitativnim osobinama. Šest genotipova IV grupe, klasifikovalo se zajedno (u III grupi) i u dendrogramu kvantitativnih osobina. Preostala dva genotipa pripali su četvrtoj grupi na osnovu rezultata kvantitativnih osobina.

Analizom dendrograma ocenjujućih svojstava uočava se da se većina genotipova prve i druge grupe našla u istoj (IV) grupi i u dendrogramu konstruisanom na osnovu rezultata molekularne analize. Nije uočena podudarnost u grupisanju genotipova III grupe prema ocenjujućim osobinama i molekularnim podacima.

Ustanovljena je i delimična podudarnost između dendrograma za hemijske osobine i molekularne podatke. Dva genotipa prve grupe i tri genotipa treće grupe u dendrogramu molekularnih podataka našli su se u istim grupama i prema hemijski osobinama. Devet genotipova IV grupe koji su se grupisali zajedno prema molekularnim podacima nalaze se u istoj grupi (I) i prema hemijskim osobinama. Sedam genotipova IV grupe pripali su istoj (III) grupi u dendrogramu konstruisanom na osnovu hemijskih osobina.

Delimična saglasnost u klasifikaciji genotipova prema molekularnim podacima i klasifikaciji prema kvantitativnim, ocenjujućim i hemijskim osobinama može biti posledica broja molekularnih markera korišćenih u ovom istraživanju, kao i činjenice da odabir markera nije vršen na osnovu veze marker-svojstvo. Delimičnu podudarnost u klasifikaciji genotipova paradajza prema morfološkim i molekularnim (*SSR*) podacima ustanovili su i drugi autori (Mazzucato i sar., 2008; Kwon i sar., 2009; Zhou i sar., 2015).

6.2.3 Analiza molekularne varijanse (AMOVA)

U cilju ispitivanja raspodele genetičke varijabilnosti unutar i između grupa primenjena je analiza molekularne varijanse (AMOVA) (tab. 34). Ukupna varijansa je podeljena na kovarijacione komponente unutargrupnih i međugrupnih razlika. Nivo značajnosti kovarijacionih komponenti procenjen je pomoću 1000 permutacija. AMOVA je pokazala da je veći deo genetičke varijabilnosti utvrđen unutar grupa (56,28%), dok je između grupa varijabilnosti bila manja (43,72%).

Tabela 34. Analiza molekularne varijanse (AMOVA)

Izvor varijabilnosti	Stepen slobode	Suma kvadrata	Komponente varijanse	% objašnjene varijanse	P
Između grupa	3	2.175	0.10989 <i>V_a</i>	43,72	<0.01
Unutar grupa	24	3.394	0.14143 <i>V_b</i>	56,28	<0.01
Ukupno	27	5.569	0.25132	100,00	<0.01

$F_{st} : 0.437$

Tabela 35. Matrica statistički značajnih F_{ST} vrednosti za četiri formirane grupe

	Grupa 1	Grupa 2	Grupa 3
Grupa 1			
Grupa 2	<i>ns</i>		
Grupa 3	0.491*	0.532**	
Grupa 4	0.464**	0.524*	0.344**

U cilju utvrđivanja nivoa diferencijacije između formiranih grupa izračunat je indeks populacione diferencijacije (F_{st}) (tab. 38). Na osnovu F_{st} vrednosti po Wright-u (1978) može se zaključiti da je ustanovljen veoma visok nivo diferencijacije s obzirom da je F_{st} vrednost između svih formiranih grupa bila $> 0,25$, dok između prve i druge grupe nije uvrđen statistički značajan nivo diferencijacije. Najveća razlika ustanovljena je između druge i treće grupe, dok su najbližnje bile treća i četvrta grupa.

6.3 Banke gena i baze podataka

Biljni genetički resursi, u širem smislu, predstavljaju celokupan biljni materijal u svetu. U užem smislu, biljni genetički resursi čine generativno ili vegetativno umnožen biljni materijal, sakupljen u kolekcije (Prodanović i Šurlan-Momirović, 2006). Banke biljnih gena predstavljaju mesto kolekcionisanja, čuvanja, umnožavanja, evaluacije i distribuiranja biljnih genetičkih resursa. *ECPGR (The European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources)* predstavlja Evropski kooperativni program za biljne genetičke resurse (<http://www.ecpgr.cgiar.org>). *ECPGR* ima za cilj da putem kolaborativnog programa između većine evropskih zemalja obezbedi dugoročno čuvanje biljnih genetičkih resursa, i olakša njihovu upotrebu u Evropi. Ovaj kolaborativni program osnovan je 1980. godine, na predlog Razvojnog programa Ujedinjenih nacija (*United Nations Development Programme, UNDP*), Organizacije za hranu i poljoprivredu Ujedinjenih nacija (*The Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO*) i Komiteta Evropske asocijacije za istraživanje u oblasti oplemenjivanja biljaka (*The Genebank Committee of the European Association for Research on Plant Breeding EUCARPLA*). Republika Srbija je od 1979. godine učesnik evropskog kooperativnog programa za biljne genetičke resurse *ECP/GR (European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks)*. Potpisnica je IX faze programa (2014-2018) *ECPGR* mreže od 19.05.2014 godine.

Program se finansira od strane zemalja članica, a funkcioniše kroz radne grupe za useve (18) i tematske radne grupe (3). U maju 2000. godine, formirana je radna grupa za *Solanaceae* koja obuhvata divlje i gajene vrste roda: *Solanum* (plavi patlidžan), *Capsicum* spp., *Lycopersicon* spp., *Physalis* spp. i *Cyphomandra* spp. Prioritetni ciljevi ove radne grupe su:

- Formiranje zaliha i pasoških podataka za plavi patlidžan, paradajz, papriku i vrste *Cyphomandra* spp. i *Physalis* spp.
- Identifikacija duplikata između različitih kolekcija
- Harmonizacija deskriptora i protokola za primarnu karakterizaciju
- Harmonizacija protokola za regeneraciju i skladištenje semena
- Utvrđivanje taksonomskog statusa divljih vrsta kolekcionisanih u evropskim bankama.

Skladišteni podaci o uzorcima iz kolekcija nazivaju se baze podataka. *EURISCO* je *online* baza za pretraživanje informacija o *ex situ* biljnim kolekcijama koje se održavaju u Evropi. Trenutno, *EURISCO* sadrži pasoške podatke za oko 1,8 miliona uzoraka. Uzorci

potiču iz 43 zemlje, 375 Instituta i 41.642 biljne vrste (<http://eurisco.ipk-gatersleben.de>). ECPGR baza podataka za paradajz trenutno broji 20213 uzoraka vrste *Lycopersicon esculentum*., od čega je 49 poreklom iz bivše Jugoslavije.

Baze podataka sadrže pasoške podatke i evaluaciju po deskriptoru za datu biljnu vrstu.

Za paradajz se vrši ocena:

- tipa rasta, lista i cvasti
- prisustva/odsustva zelene kragne ploda
- oblika, mase i boja ploda
- prisustvo/odsustvo spojnog kolenca na dršci ploda
- broj komora u plodu

Značajna germplazma paradajza i njegovih divljih srodnika postoji u mnogim zemljama. Većinu kolekcija čine stare sorte, lokalne populacije i divlje vrste. Međutim, kako navode Díez i Nuez (2008) u nekim kolekcijama, poput AVRDC (*Asian Vegetable Research and Development Centre*, Tajvan) nalaze se i interspecijes hibridi, dok TGRC (*Tomato Genetics Resource Center*, Univerziteta Davis u Kaliforniji) raspolaže sa velikim brojem spontanih i inducirani mutanata i linija nastalih ukrštanjem sa različitim divljim srodnicima (*IL introgression lines*).

Stvaranje kolekcije paradajza Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu, počinje od strane Dr Milana Dobrenova, prvog upravnika Odeljenja za povrtarstvo. Od osnivanja Odeljenja 1946. godine, do danas, kolekcija se povećavala, zahvaljujući i drugim naučnim radnicima Instituta (dipl. inženjer Jula Šimić, dr Ljubomir Vislavski, dipl. inženjer Adam Takač) i profesorima Poljoprivrednog fakulteta u Novom Sadu. Trenutno, u kolekciji se nalazi 395 genotipova, među kojima su divlji srodnici, polu kulturne forme, stare sorte, populacije i noviji sortiment. Kolekcija se umnožava svake godine, a seme uzoraka čuva se u hladnoj komori na + 5 °C.

Direktan značaj biljnih genetičkih resursa ogleda se kroz njihovo korišćenje u proizvodnji i kroz oplemenjivanje u cilju stvaranja novih sorti i hibrida (Prodanović i Šurlan-Momirović, 2006). Indirektan značaj podrazumeva potencijalnu eksploataciju resursa u budućnosti. Rezultati dobijeni u ovom istraživanju, karakterizacijom dela kolekcije Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu, mogli bi biti od koristi u stvaranju baze podataka i transferu istih ka drugim gen bankama. Očuvanje, dostupnost i razmena uzoraka

između institucija i istraživača omogućiće efikasniji pristup diverzitetu i njegovo korišćenje u programima oplemenjivanja.

6.4 Predlog roditelja za ukrštanje na osnovu analize genetičkog diverziteta

Uzimajući u obzir rezultate ovog i drugih istraživanja, od velikog značaja je sakupljanje, karakterizacija i razmena genetičkog materijala kao potencijalnog izvora genetičke varijabilnosti paradajza. Ispitivanje genetičkog diverziteta je od velikog značaja za oplemenjivače u fazi odabira roditeljskih parova za ukrštanje. Na osnovu rezultata dobijenih u ovoj doktorskoj disertaciji, mogli bi se izdvojiti potencijalni roditeljski parovi za ukrštanje, u cilju dobijanja novih sorti za upotrebu u svežem stanju ili industrijsku preradu. U nastavku su predložene neke od mogućih kombinacija ukrštanja:

- U cilju izdvajanja rekombinacija sa povećanom masom ploda, sadržajem suve materije i kiselina, kao izvor gena za poboljšanje kvaliteta ploda za majke se predlažu linije O15 i O14. Kao donor gena za povećanje mase ploda, kao potencijalni očevi predlažu se sorte: Bačka (S46), Sunny Brok (S320), i Hode (S427). Prostim ukrštanjem navedenih genotipova mogu se očekivati rekombinacije sa povećanom masom ploda, poboljšanog kvaliteta ploda. Očekuje se dobijanje linija crvene i narandžaste boje ploda. U slučaju ukrštanja sa sortom Hode, moguće je izdvojiti genotipove indeterinantnog i determinantnog tipa rasta.
- Kao izvor gena za povećanje broja plodova po biljci, kao potencijalni očevi predlažu se lokalna populacija Tetovski (S78) i sorta Alparac (S49). Prostim ukrštanjem navedenih genotipova sa izvorima gena za povećanje sadržaja suve materije i kiselina, poput linije V9 ili stare sorte Golden jubilei (S306), moguće je izdvojiti rekombinacije sa većim brojem plodova poboljšanog kvaliteta. Takođe, može se očekivati i povećanje mase ploda. Ukrštanje sa sortom Alparac moguće je ići u pravcu izdvajanja linija determinantnog i indeterinantnog tipa rasta. Ukrštanjem sa sortom Golden jubilei, očekuje se dobijanje linija crvene i narandžaste boje ploda.
- Ukrštanjem linije V18 sa najdebljim perikarpom u ovom istraživanju, sa sortama Bačka (S46) ili Hode (S427) koje bi poslužile kao očevi, može se očekivati

izdvajanje linija veće mase ploda i sadržaja suve materije, debljeg perikarpa. Iz ukrštanja sa sortom Hode moguće je očekivati i povećan broj plodova po biljci. Ukrštanje bi moglo ići u pravcu dobijanja sorti determinantnog i indeterminantnog tipa rasta.

- Ukrštanjem sorti Rutgers (S340) ili Saint Pierre (S338), kao majčinskim komponentama sa sortom Alparac (S49) može se očekivati izdvajanje rekombinanata sa većom masom i brojem plodova, poboljšanog kvaliteta. Moguće je ići u pravcu dobijanja determinantnih i indeterminantnih sorti. Ukrštanjem sa sortom Rutgers mogle bi se izdvojiti sorte ranog i srednjeranog stasavanja.

Buduća istraživanja i aktivnosti bi trebalo usmeriti na analizu većeg broja osobina i genotipova, kao i proširenje postojeće kolekcije novim genotipovima, a u cilju ispitivanja i povećanja diverziteta postojeće germplazme.

7. ZAKLJUČAK

Na osnovu rezultata dobijenih u ovom istraživanju mogu se doneti sledeći zaključci:

Dobijeni rezultati ukazuju na postojanje diverziteta u ispitivanom biljnom materijalu. Analizom izvora varijabilnosti utvrđeno je da su se genotipovi razlikovali u svim ispitivanim fenotipskim osobinama. Utvrđene su razlike među genotipovima i u hemijskim karakteristikama, odnosno kvalitetu ploda.

Analizom trogodišnjih rezultata poljskog ogleđa ustanovljen je značajan uticaj godine, odnosno klimatskih prilika, na vrednosti svih ispitivanih kvantitativnih svojstva osim na broj komora i prosečnu masu ploda.

Utvrđeno je da nije postojala unakrsna interakcija između genotipa i godine s obzirom da se poredak suma rangova genotipova zadržao tokom trogodišnjeg perioda u svim ispitivanim osobinama.

Primenom klaster analize genotipovi su podeljeni u četiri grupe pri čemu su genotipovi unutar grupa među sobom bili sličniji dok su se između grupa genotipovi u većoj meri razlikovali. Grupisanje genotipova na ovaj način olakšava izbor potencijalnih roditelja za ukrštanje u programima oplemenjivanja paradajza.

Način grupisanja genotipova dobijen klaster analizom potvrđen je primenom metode glavnih komponenti. Ovom multivarijacionom metodom utvrđeno je da je varijabilnost ispitivanog materijala u najvećoj meri bila posledica razlika u prinosu ploda prve etaže i njegovim komponentama: dužini i širina ploda, prosečnoj masi ploda i prosečnom broju plodova po biljci

Izračunavanjem koeficijenta korelacije utvrđeno je nekoliko statistički značajnih pozitivnih i negativnih međuzavisnosti.

Izdvojeno je 7 polimorfnih markera pomoću kojih je identifikovan najveći broj alela unutar ispitivanog biljnog materijala. Izdvojeni markeri su umnožili ukupno 18 alela sa prosečnom vrednošću od 2,6 alela po lokusu.

Polimorfni lokusi su omogućili razlikovanje većine genotipova primenom klaster analize grupisanja.

Primenom mikrosatelitskih markera je u velikoj meri uočena pravilnost grupisanja linija sa jednim od roditelja od kojih su nastale.

Rezultati dobijeni u ovom istraživanju mogli bi biti od koristi u stvaranju baze podataka i transferu istih ka drugim gen bankama.

Kao potencijalni roditelji za ukrštanje izdvojeni su neki od genotipova koji se nalaze u različitim grupama u dendrogramima za kvantitativna i hemijska svojstva. Prostim ukrštanjem predloženih genotipova očekuje se izdvajanje poželjnih rekombinacija u cilju stvaranja prinosnijih sorti poboljšanog kvaliteta ploda, namenjenih upotrebi u svežem stanju i industrijskoj preradi.

8. LITERATURA

Acosta, J. de. 1590, ed. 1987. *Historial natural y moral de las Indias*. Facsimil edited by Hispano Americana Publisher, Seville

Acree TE (1993): Bioassays for flavor. In: *Flavor Science: Sensible Principles and Techniques*. In: Acree TE, Teranishi R, editors. Ame. Chem. Soc., Washington, D.C. pp 1-20

Adams SR, Cockshull KE, Cave CRJ (2001): Effect of Temperature on the Growth and Development of Tomato Fruits. *Annals of Botany* 88: 869-877

Agarwal M, Shrivastava N, Padh H (2008): Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Rep* 27:617-631

Alonso-Blanco C, Aarts MGM, Bentsink L, Keurentjes JJB, Reymond M, Vreugdenhil D, Koornneef M (2009). "What Has Natural Variation Taught Us about Plant Development, Physiology, and Adaptation?" *The Plant Cell Online* 21(7):1877-1896

Alvarez AE, van de Wie CCM, Smulders MJM (2001:) Use of microsatellites to evaluate genetic diversity and species relationships in the genus *Lycopersicon*. *Theor Appl Genet.* 103:1283–1292

Amira BA, Belgacem L, Leila B, Ali F (2013): Evaluation of fruit quality traits of traditional varieties of tomato (*Solanum lycopersicum*) grown in Tunisia. *African Journal of Food Science*. Vol. 7(10): 350-354

AOAC International (2000): *Official Methods of Analysis of AOAC International*, 17th ed. Association of Official Analytical Chemists, Arlington, Virginia, USA, method 925.53.

Archak S, Karihaloo JL, Jain A (2002): RAPD markers reveal narrowing genetic base of Indian tomato cultivars. *Curr. Sci.*, 82:1139-1143

Arvidsson S, Pérez-Rodríguez P, Mueller-Roeber B (2011): A growth phenotyping pipeline for *Arabidopsis thaliana* integrating image analysis and rosette area modeling for robust quantification of genotype effects. *New Phytol.* 191: 895–907

Ashkani S, Rafii MY, Rusli I, Sariah M, Abdullah SNA, Rahim HA, Latif MA (2011): SSRs for Marker-Assisted Selection for Blast Resistance in Rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Molecular Biology Reporter* 30(1):79-86

Bai YL, Lindhout P (2007): Domestication and breeding of tomatoes: what have

we gained and what can we gain in the future? *Ann Bot* 100: 1085–1094

Balasubramanian T (1984): Studies on quality and nutritional aspects of tomato. *J Food Sci Technol* 21:419-421

Barry CS, Llop-Tous MI, Grierson D (2000): The regulation of 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase gene expression during the transition from system-1 to system-2 ethylene synthesis in tomato. *Plant Physiol.* 123: 979–986

Bauchet G, Causse M (2012): Genetic Diversity in Tomato (*Solanum lycopersicum*) and Its Wild Relatives, Genetic Diversity in Plants, Prof. Mahmut Caliskan (Ed.), ISBN: 978-953-51-0185-7, InTech, Available from: <http://www.intechopen.com/books/genetic-diversity-in-plants/genetic-diversity-in-tomatosolanum-lycopersicum-and-its-wild-relatives>

Bauriegel E, Giebel A, Herppich WB (2011): Hyperspectral and chlorophyll fluorescence imaging to analyse the impact of fusarium culmorum on the photosynthetic integrity of infected wheat ears. *Sensors.* 11:3765–3779

Benor S, Zhang M, Wang Z, Zhang H (2008): Assessment of genetic variation in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) inbred lines using SSR molecular markers. *J. Genet. Genomics* 35:373–379

Bernacchi D, Beck-Bunn T, Eshed Y, Lopez J, Petiard V, Uhlig J, Zamir D, Tanksley S (1998): Advanced backcross QTL analysis in tomato. I. Identification of QTLs for traits of agronomic importance from *Lycopersicon hirsutum*. *Theor Appl Genet* 97:381–397

Bernardo R (2008): Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. *Crop Sci.* 48: 1649-1664

Bernousi I, Emami A, Tajbakhsh M, Darvishzadeh R, Henareh M (2011): Studies on Genetic Variability and Correlation among the Different Traits in *Solanum lycopersicum*. *L. Not Bot Hort Agrobot Cluj*, 39(1):152-158

Bertin N, Guichard S, Leonardi C, Longuenesse JJ, Langlois D, Navez B (2000): Seasonal evolution of the quality of fresh glasshouse tomatoes under Mediterranean conditions, as affected by air vapour pressure deficit and plant fruit load. *Ann. Bot.* 85: 741–750

Bhargava A, Fuentes FF (2010): Mutational Dynamics of Microsatellites. *Molecular Biotechnology.* 44(3): 250-266

Bhutani R, Kallo D, Partap PS (1983): Genetic divergence among tomato

genotypes for quality characteristics and yield. *Indian J. Agri. Sci.* 53 (2): 108-111

Birhanu K, Tilahun K (2010): Fruit yield and quality of dripped-irrigated tomato under deficit irrigation. *Afr. J. Food, Agric. Nutr. Develop.* 10(2):2139-2151.

Blair MW, Panaud O, McCouch SR (1999): Inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification for analysis of microsatellite motif frequency and fingerprinting in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet* 98:780–792

Botstein D, White RL, Skalnick MH, Davies RW (1980): Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331

Bramley P M (2000): Is lycopene beneficial to human health? *Phytochem.* 54: 233-236

Brewer MT, Lang L, Fujimura K., Dujmovic N, Gray S, van der Knaap E (2006): Development of a controlled vocabulary and software application to analyze fruit shape variation in tomato and other plant species. *Plant Physiol.* 141: 15–25

Brezhnev DD (1964): *Tomaty (Tomatoes)*, 2d ed. Leningrad: 12D-VO Kolos

Burton GW, Ingold KU (1984): β -carotene: an unusual type of lipid antioxidant. *Science.* 224: 569-573

Buttery RG, Ling LC (1993): Volatile components of tomato fruit and plant parts: relationship and biogenesis. In: *Bioactive Volatile Compounds From Plants.* (Eds.: Teranishi R, Buttery RG, Sugisawa H, editors. Washington: ACS, pp 22-33

Caicedo A, Peralta I (2013): Basic Information about Tomatoes and the Tomato Group. In: Liedl BE, Labate JA, Stommel JR, Slade A, Kole C, editors. *Genetics, Genomics and Breeding of Tomato.* Florida, Boca Raton: Taylor & Francis Group, p 1-27

Caliman FRB, da Silva DJH, Stringheta PC, Fontes PCR, Moreira GR, Mantovani EC (2010): Quality of tomatoes grown under a protected environment and field conditions. *IDESIA (Chile) Vol 28 (2):* 75-82

Chagué V, Mercier JC, Guénard M, Courcel Ad, Vedel F (1997): Identification of RAPD markers linked to a locus involved in quantitative resistance to TYLCV in tomato by bulked segregant analysis. *Theor Appl Genet* 95: 671–677

Chakraborty R, Kimmel M, Stivers DN, Davison LJ, Deka R (1997): Relative mutation rates at di-, tri-, and tetranucleotide microsatellite loci. *Proc Natl Acad Sci USA* 94(3): 1041-1046

Chambers GK, MacAvoy ES(2000): *Microsatellites: consensus and controversy.*

Comp Biochem Physiol B Biochem Mol Biol.126(4):455-76

Chattopadhyay A, Chakraborty I, Siddique W (2013): Characterization of Determinate Tomato Hybrids: Search for Better Processing Qualities. J Food Process Technol4(4):1-6

Chen J, Wanga H, Shen H, Chai M, Li J, Qi M, Yang W (2009): Genetic variation in tomato populations from four breeding programs revealed by single nucleotide polymorphism and simple sequence repeat markers. Scientia Horticulturae 122 : 6–16

Chernet S, Belew D, Abay F(2013): Genetic Variability and Association of Characters in Tomato (*Solanum lycopersicon* L.) Genotypes in Northern Ethiopia. International Journal of Agricultural Research 8(2):67-76

Cvikić D, Zdravković J, Đorđević R, Zdravković M, Pavlović N (2000): Nacin nasleđivanja i fenotipska varijabilnost za debljinu perikarpa kod nor i rin genotipova paradajza. plant breeding and seed production. VOL 11(1-2): 15-19

Dar RA, Sharma JP, Ahmad M (2015): Genetic diversity among some productive genotypes of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). African Journal of Biotechnology. Vol. 14(22):1846-1853

Darwin SC, Knapp S, Peralta IE (2003): Taxonomy of tomatoes in the Galapagos Islands: native and introduced species of *Solanum* section *Lycopersicon* (Solanaceae). Syst Biodiver 1: 29–53

Daskalov HI, Ognjanova A (1962): Opređelane ranozrelosti pri zelenčukovite kulturi. Izv. Na naučnoisled. I-t na rasteñievodstva, XV

Davies JN, Hobson GE (1981): The constituents of tomato fruit - the influence of environment, nutrition, and genotype. Critical Reviews in Food Science and Nutrition 15: 205-280

De Candolle A (1886): Origin of cultivated plants. Hafner Publishing Company, New York, pp 468 (reprint 1959)

De Kroon J, van der Laan P (1981): Distribution-free test procedures in two-way layouts: A concept of rank-interaction. Stat. Neeri. 35: 189-213

Dharmatti PR, Madalageri BB, Mannikeri IM, Patil RV, Patil G (2001): Genetic divergence studies in summer tomatoes. Karnataka J. Agric. Sci. 14(2): 407-411

Díez MJ, Nuez F (2008): Tomato. In: Prohens J, Nuez F, editors. Handbook of Plant Breeding. Volume 2 Vegetables II: Fabaceae, Liliaceae, Solanaceae and Umbelliferae.

New York: Springer, p 249-323

Dong YS, Zhao LM, Liu B, Wang ZW, Jin ZQ, Sun H (2004): The genetic diversity of cultivated soybean grown in China. *Theor. Appl. Genet* 108: 931-936

Doyle JJ, Doyle JL (1990): Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*. 12:13–15

Đurovka M (2008): Gajenje povrća na otvorenom polju. Izdavač Poljoprivredni fakultet, Novi Sad

Đurovka M, Lazić B, Bajkin A, Potkonjak A, Maković V, Ilin Ž, Todorović V (2006): Proizvodnja povrća i cveća u zaštićenom prostoru. Izdavač Poljoprivredni fakultet, Novi Sad i Poljoprivredni fakultet, Banja Luka

Edwards MD, Stuber CW, Wendel JF (1987): Molecular-marker facilitated investigations of quantitative-trait loci in maize. I. Numbers, genomic distribution and types of gene action. *Genetics* 116: 113–125

Ehret DL, Frey B, Forge T, Holmer T, Bryla DR (2012): Effects of drip irrigation configuration and rate on yield and fruit quality of young highbush blueberry Plants. *HortSci*. 47:3414-421

El Ahmadi AB (1977): Genetic and Physiology of High Temperature Fruit Set in the Tomato, PhD Thesis, University of California, Davis, CA, USA

Ellegren H (2004): Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics* 5(6): 435-45

Ereifej KI, Shibli RA, Ajlouni MM, Hussain A (1997): Physico-chemical characteristics and processing quality of newly introduced seven tomato cultivars into Jordan in comparison with local variety. *J Food Sci Technol* 34: 171-174

Esquinas-Alcázar J, Nuez F (1995): Situación taxonómica, domesticación y difusión. In: “Nuez, F. (Ed.). *El cultivo del tomate*. Ediciones Mundi Prensa, Madrid: 14-42

Eujayl I, Sorrells ME, Baum M, Wolters P, Powell W (2002): Isolation of EST-derived microsatellite markers for genotyping the A and B genomes of wheat. *Theor Appl Genet* 104:399–407

Evans JD (1996): *Straightforward Statistics for the Behavioral Sciences*. Pacifics Grove. CA: Brooks/Cole Publishing

Excoffier L, Lischer HEL (2010): Arlequin suite *ver 3.5*: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology*

Resources. 10:564-567

Živanović T, Đorđević R, Vasiljević S, Prodanović S (2007): Reselekcija roditeljskih parova elitnog hibrida paradajza za prinos i njegove komponente. J. Sci. Agric. Research/Arh.poljopr.nauke 68(243): 41-51

Falconer DS (1989): Introduction to Quantitative Genetics, 3rd edn. Longman Scientific & Technical, Essex, UK.

Felsenstein J (2005): PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.

Feng-Mei J, Xue J, Yan-Hong J, Zhong-Qi DL (2006): The cluster analysis on tomato germplasms. Acta Agric.Bor. Sin. 21(6): 49-54

Flavel RJ, Guppy CN, Tighe M, Watt M, McNeill A, Young IM (2012): Non-Destructive quantification of cereal roots in soil using high-resolution x-ray tomography. J. Exp. Bot. 63:2503–2511

Foolad MR (2007): Molecular Mapping, Marker-Assisted Selection and Map-Based Cloning in Tomato. In: Varshney RK, Tuberosa R, editors. Genomics-Assisted Crop Improvement Vol 2: Genomics Applications in Crops. Dordrecht, The Netherlands: Springer, p 307-356

Foolad MR, Subbiah P, Zhang LP (2007): Common QTL affect the rate of tomato seed germination under different stress and nonstress conditions. Int J Plant Genom 1-10

Francis FJ (1995): Quality as influenced by color. Food Qual Prefer 6: 149–155

Frary A, Xu Y, Liu J, Mitchell S, Tedeschi E, Tanksley S (2005): Development of a set of PCR-based anchor markers encompassing the tomato genome and evaluation of their usefulness for genetics and breeding experiments. Theor Appl Genet 111: 291–312

Fulton TM, Beck-Bunn T, Emmatty D, Eshed Y, Lopez J, Petiard V, Uhlig J, Zamir D, Tanksley SD (1997): QTL analysis of an advanced backcross of *Lycopersicon peruvianum* to the cultivated tomato and comparisons with QTLs found in other wild species. Theor Appl Genet 95:881–894

Fulton TM, Grandillo S, Beck Bunn T, Fridman E, Frampton A, Lopez J, Petiard V, Uhlig J, Zamir D, Tanksley SD (2000): Advanced backcross QTL analysis of a *Lycopersicon esculentum* × *Lycopersicon parviflorum* cross. Theoretical and Applied Genetics 100 (7): 1025-1042

- Ganesh BN, Reddi Sekhar M, Raja Reddy K, Reddy PV, Eswara Reddy NP (2007): Genetic divergence studies in field bean (*Lablab purpureus* L. Sweet). *Geobios.* 34: 37-40
- Garangyo T, Thiombiano T, Werem A, Drawara B, Sawadogo L (1992): Etude de l'impact du sechage solaire direct sur la teneur en vit c de la tomato. *Science Technology,* 20:53-61
- Garcia-Martinez S, Andreani L, Gracia-Gusano M, Geuna F (2006): Evaluation of amplified fragment length polymorphism and simple sequence repeat for tomato germplasm fingerprinting: Utility for grouping closely related traditional cultivars. *Genome.* 49: 648–656
- Gebhardt F, Zanker KS, Brandt B (1999): Modulation of epidermal growth factor receptor gene transcription by a polymorphic dinucleotide repeat in intron. *J Biol Chem.* 274(19):13176-80
- Georgelis N, Scott JW (2004): Relationship of Tomato Fruit Sugar Concentration with Physical and Chemical Traits and Linkage of RAPD Markers. *J. Amer. Soc. Hor. Sci.* 129(6):839–845
- Giancola SS, Poltri M, Lacaze P, Hopp HH (2002): Feasibility of integration of molecular markers and morphological descriptors in a real case study of a plant variety protection system for soybean. *Euphytica* 127:95-113
- Gould WA (1983): *Tomato Production, Processing and Quality Evaluation*, 2ed. AVI Publishing Company, Inc. Westport, CT, pp3-50.
- Govindaraj M, Vetriventhan M, Srinivasan M (2015): Importance of Genetic Diversity Assessment in Crop Plants and Its Recent Advances: An Overview of Its Analytical Perspectives. *Genetics Research International*, Vol2015: 1-14
- Grandillo S, Ku HM., Tanksley SD: (1999): Identifying loci responsible for natural variation in fruit size and shape in tomato. *Theor. Appl. Genet.* 99, 978–987
- Grandillo S, Chetelat R, Knapp S, Spooner D, Peralta I, Cammareri M, Perez O, Termolino P, Tripodi P, Chiusano MI, Ercolano MR, Frusciante L, Monti L, Pignone D (2011): *Solanum* sect. *Lycopersicon*. In: Kole C, editor. *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources*, Vol 5 Vegetables. Springer, Netherlands, pp 129–215
- Grierson D, Kader AA (1986): Fruit Ripening and Quality. In: Atherton JG, Rudich J, editors. *The Tomato Crop*. Chapman and Hall, London, pp. 241–280

Guttman L (1954): Some necessary conditions for common factor analysis. *Psychometrics* 19:149-162

Hallauer AR, Miranda FJB (1981): *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Iowa State University Press, Ames, pp. 468

Hanson PM, Yang RY, Wu J, Chen J, Ledesma D, Tsou SC (2004): Variation for Antioxidant Activity and Antioxidants in Tomato. *J. Amer. Soc. Ho. Sci.* 129(5):704–711

Hasanuzzaman A, Khairul Mazed HEM, Ashraful IP, Chowdhury SN, Moonmoon JF (2015): Growth and yield of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) as influenced by different level of gibberellic acid application. *IJAR* 1(3): 71-74

Hausmann BIG, Parzies HK (2009): Methodologies for generating variability. Part 1: Use of genetic resources in plant breeding In: Ceccarelli S, Guimarães EP, Weltzien E, editors. *Plant breeding and farmer participation*. Rome: FAO, p 107-128

He C, Poysa V, Yu K (2003): Development and characterization of simple sequence repeat (SSR) markers and their use in determining relationships among *Lycopersicon esculentum* cultivars. *Theor Appl Genet* 106:363–373

Hewitt JD, Garvey TC (1987): Wild sources of high soluble solids in tomato. In: Nevins DJ, Jones RA, editors. *Plant Biology. Vol 4: Tomato Biotechnology*. New York: AR Liss, pp 45–54

Hirschhorn JN, Daly MJ (2005): Genome-wide association studies for common diseases and complex traits. *Nature Reviews Genetics* 6:95-108

Hobson GE (1987): Low-temperature injury and the storage of ripening tomatoes. *Journal of Horticultural Science*, 62: 55-62

Houle D, Govindaraju DR, Omholt S (2010): Phenomics: the next challenge. *Nature Reviews. Genetics* 11: 855–866

<http://cgn.websites.wur.nl/pgr/tomato/list.asp>

<http://www.ecpgr.cgiar.org>

<http://www.fao.org>

<http://www.faostat3.fao.org>

<http://www.hidmet.gov.rs>

<http://www.sgn.cornell.edu>

<http://www.tgrc.ucdavis.edu>

Hu X, Wang H, Chen J, Yang W (2012): Genetic diversity of argentina tomato

varieties revealed by morphological traits, simple sequence repeat, and single nucleotide polymorphism markers. Pak. J. Bot., 44(2): 485-492

Hurd RG, Graves CJ (1985): Some effects of air and root temperatures on the yield and quality of glasshouse tomatoes. Journal of Horticultural Science 60: 359-371

Ibarbia EA, Lambeth VN (1971): Tomato fruit size and quality interrelationships. LAmer. Soc.Hort. Sci.96: 199-201

Jenkins JA (1984): The origins of the cultivated tomato. Econ.bot. 2:379

Jones ES, Dupal MP, Kolliker R, Drayton MC, Forster JW (2001): Development and characterisation of simple sequence repeat (SSR) markers for perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). Theor Appl Genet 102:405–415

Joshi A, Kohli UK (2003): Genetic divergence for quantitative and qualitative traits in tomato (*Lycopersicon esculentum*). Indian Journal of Agricultural Sciences, 73(2): 110-113

Jun H, Van K, Kim MY, Lee SH, Walker DR(2008): Association analysis using SSR markers to find QTL for seed protein content in soybean. Euphytica 162:179–191 DOI 10.1007/s10681-007-9491-6

Kaiser HF (1958): The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. Psychometrika 23: 187–200

Kaiser HF (1960): The application of electronic computers to factor analysis. Educational and Psychological Measurement 20(1): 141-151

Ketema B, Derbew B, Jima N (2015): Evaluation of Tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) Varieties for Seed Yield and Yield Components under Jimma Condition, South Western Ethiopia. Journal of Agronomy. Vol 14(4): 292-297

Khairi AN, Falah MAF, Suyantohadi A, Takahashi N, Nishina H (2015): Effect of Storage Temperatures on Color of Tomato Fruit (*Solanum Lycopersicum* Mill.) Cultivated under Moderate Water Stress Treatment. Agriculture and Agricultural Science Procedia. 3:178–183

Korir NK, Diao W, Tao R, Li X, Kayesh E, Li A, Zhen W, Wang S (2014): Genetic diversity and relationships among different tomato varieties revealed by EST-SSR markers. Genet. Mol. Res. 13 (1): 43-53

Kumar S, Rattan P, Sharma JP, Gupta RK (2010): D2 Analysis for fruit yield and quality components in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). Indian J. Plant Genet. Resour. 23(3): 318-320

Kumar V, Nandan R, Srivastava K, Sharma SK, Kumar R, Kumar A (2013): Genetic parameters and correlation study for yield and quality traits in tomato (*Solanum lycopersicum* L). Plant Archives Vol. 13 (1): 463-467

Kumari A, Grewal BB, Banerjee MK, Kumari A (1998): Assessment of physicochemical characteristics of different tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) genotypes. Vegetable Science 25:127-130

Kwon YS, Park SG, Yi SI (2009): Assessment of Genetic Variation among Commercial Tomato (*Solanum Lycopersicum* L) Varieties Using SSR Markers and Morphological Characteristics. Genes & Genomics 31 (1): 1-10

Labate JA, Grandillo S, Fulton T, Munos S, Caicedo AL, Peralta I, Ji Y, Chetelat RT, Scott JW, Gonzalo MJ, Francis D, Yang W, van der Knaap E, Baldo AM, Smith-White B, Mueller LA, Prince JP, Blanchard NE, Storey DB, Stevens MR, Robbins MD, Wang JF, Liedl BE, O'Connell MA, Stommel JR, Aoki K, Iijima Y, Slade AJ, Hurst SR, Loeffler D, Steine MN, Vafeados D, McGuire C, Freeman C, Amen A, Goodstal J, Facciotti D, Van Eck J, Causse M (2007): Tomato. In: Kole C, editor. Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants. Vol 5: Vegetables. New York: Springer, p 1-95

Labate JA, Roberts LD (2002): Genetic variation in heirloom versus modern tomato (*Lycopersicon esculentum*) cultivars. In: Program for the 43rd Annual Meeting of the Society for Economic Botany, NY Botanical Garden, NYC, NY. p. 27

Laurentin H (2009): Data analysis for molecular characterization of plant genetic resources. Genet Resour Crop Evol 56:277–292

Laurentin H, Karlovsky P (2006): Genetic relationship and diversity in a sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm collection using amplified fragment length polymorphism (AFLP). BMC Genet 7:10

Lazić B, Mihal Đ, Marković M, Ilin Ž (2001): Povrtarstvo. Izdavač Poljoprivredni fakultet, Novi Sad

Lehmann CO (1955): Das morphologische System der Kulturtomaten (*Lycopersicum esculentum* Miller). Züchter. Sonderheft 3: 1–64

Levinson, G, Gutman GA (1987): Slipped-strand mispairing: A major mechanism for DNA sequence evolution. Mol. Biol. Evol. 4:203–221

Levy A, Rabinowitch HD, Kedar N (1978): Morphological and physiological characters affecting flower drop and fruit set of tomatoes at high temperatures. Euphytica 27(1): 211–218

- Li Y-C, Korol AB, Fahima T, Beiles A, Nero E (2002): Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Mol Ecol.* 11:2453-2465
- Li YC, Korol AB, Fahima T, Nevo E (2004): Microsatellites within genes: structure, function, and evolution. *Mol Biol Evol* 21:991–1007
- Lincoln J, Fischer R (1988): Regulation of gene expression by ethylene in wild-type and rin tomato (*Lycopersicon esculentum*) fruit. *Plant Physiol.* 88:370–374
- Lippman Z, Tanksley SD (2001): Dissecting the genetic pathway to extreme fruit size in tomato using a cross between the small-fruited wild species *L. pimpinellifolium* and *L. esculentum*, var. Giant Heirloom. *Genetics* 158: 413–422
- Liu J (2002): Powermarker—A Powerful Software for Marker Data Analysis. North Carolina State University Bioinformatics Research Center, Raleigh, NC
- Luckwill LC (1943): The genus *Lycopersicon*: An historical, biological, and taxonomical survey of the wild and cultivated tomatoes. *Aberdeen Univ. Stud.* 120: 1-44
- Mahapatra AS, Singh AK, Manju Vani V, Mishra R, Kumar H, Rajkumar BV (2013): Inter-relationship for Various Components and Path Coefficient Analysis in Tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill). *Int.J.Curr.Microbiol.App.Sci* 2(9): 147-152
- Majid R (2007): Genome Mapping and Molecular Breeding of Tomato. *Int. J. Plant Genomics* p. 52
- Maluf WR, Ferreira PE, Miranda JEC (1983): Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F1 hybrids. *Rev. Brasil. Genet.* 6(3): 453-460
- Malundo TMM, Shewfelt RL, Scott JW (1995): Flavor quality of fresh tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill) as affected by sugar and acid levels. *Postharvest Biol. Technol.* 6: 103-110
- Manna M, Paul A (2012): Path analysis between fruit yield and some yield components in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill) *HortFlora Research Spectrum* 1(3): 215-219
- Marković Ž, Zdravković J, Mijatović M (1999): New approaches in tomato breeding (*Lycopersicon esculentum* Mill). *Genetics*, Vol.31(3): 181-196
- Martin FW, Rhodes AM, Qrtiz M, Diaz F (1981): Variation in okra. *Euphytica* 30: 697-705

- Martin-Farmer J, Janssen GR (1999): A downstream CA repeat sequence increases translation from leadered and unleadered mRNA in *Escherichia coli*. *Molecular Microbiology*. 31: 1025-1038
- Mather K, Jinks JL (1982): *Biometrical Genetics*, 3rd edn. Chapman and Hall, London, UK
- Matsukura C , Aoki K , Fukuda N , Mizoguchi T, Asamizu E, Saito T, Shibata D, Ezura H (2008): Comprehensive Resources for Tomato Functional Genomics Based on the Miniature Model Tomato Micro-Tom. *Current Genomics* 9: 436-443
- Mazzucato A, Papa R, Bitocchi E, Mosconi P, Nanni L, Negri V, Picarella ME, Siligato F, Soressi GP, Tiranti B, Veronesi F (2008): Genetic diversity, structure and marker-trait associations in a collection of Italian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. *Theor Appl Genet* 116(5):657-69
- McCormick S, Niedermeyer J, Fry J, Barnason A, Worsch R, Fraley R (1986): Leaf disk transformation of cultivated tomato (*L. esculentum*) using *Agrobacterium tumefaciens*. *Plant Cell Rep* 5:81–84
- Mehari ZH, Elad Y, Rav-David D, Graber ER, Harel YM (2015): Induced systemic resistance in tomato (*Solanum lycopersicum*) against *Botrytis cinerea* by biochar amendment involves jasmonic acid signaling. *Plant and Soil*. Vol 395(1): 31-44
- Meloni R, Albanese V, Ravassard P, Treilhou F, Mallet J (1998): A tetranucleotide polymorphic microsatellite, located in the first intron of the tyrosine hydroxylase gene, acts as a transcription regulatory element in vitro. *Hum Mol Genet*. 7(3):423-8
- Mencarelli F, Saltveit ME J (1988): Ripening of mature-green tomato fruit slices. *Journal of the American Society Horticultural Science*, 113:742-745
- Menna OP, Bahadur V (2015): Breeding potential of indeterminate tomato (*Solanum lycopersicum* L.) accessions using D2 analysis. *Sabrao Journal of Breeding and Genetics* 47 (1) 49-59
- Mercati F, Longo C, Poma D, Araniti F, Lupini A, Mammano MM, Fiore MC, Abenavoli MR, Sunseri F (2015): Genetic variation of an Italian long shelf-life tomato (*Solanum lycopersicon* L.) collection by using SSR and morphological fruit traits. *Genet Resour Crop Evol* 62:721–732
- Metzgar D, Bytof J, Wills C (2000): Selection against frameshift mutations limits microsatellite expansion in coding DNA. *Genome Research* 10(1):72-80

Miller EC, Hadley CW, Schwartz SJ, Erdman JW, Boileau TWM, Clinton SK(2002): Lycopen, tomato products, and prostate cancer prevention. Have we established causality? *Pure and Applied Chemistry* 74: 1435–1441

Miller JC, Tanksley SD (1990): RFLP analysis of phylogenetic relationships and genetic variation in the genus *Lycopersicon*. *Theor Appl Genet* 80:437-448

Miller P (1752): *The gardeners dictionary*, 6th ed. London: printed for the author.

Mills L (1988): *Common tomato disorders under desert conditions*. FS-88-60. Reno: University of Nevada Cooperative Extension.

Misbaudeen AH, Olugbenga SB, Musibau AA, Nafisat OA (2015): Bioinformation of carotenoids in tomatoes (*Lycopersicon esculentum*) under two ripening conditions: A Kinetic study. *International Journal of Scientific & Engineering Research*, Vol 6(8): 293-301

Mishra KK, Fougat RS, Ballani A, Thakur V, Yachana J, Madhumati B (2014): Potential and application of molecular markers techniques for plant genome analysis. *Int. J. Pure App. Biosci.* 2 (1):169-188

Mitchell JP, Shennan C, Grattan SR, May DM (1991): Tomato fruit yields and quality under water deficit and salinity. *Journal of American Society for Horticultural Science* 116: 215-221

Mohamed SM, Ali EE, Mohamed TY (2012): Study of Heritability and Genetic Variability among Different Plant and Fruit Characters of Tomato (*Solanum lycopersicon* L.). *International Journal of Scientific & Technology Research*, Vol 1(2): 55-58

Mohanty BK, Prusti AM (2001): Analysis of genetic divergence in tomato. *Res. Crops* 2(3): 382- 385

Moneruzzaman KM, Hossain ABM, Sani W, Saifuddin M (2008): Effect of Stages of Maturity and Ripening Conditions on the Biochemical Characteristics of Tomato. *American Journal of Biochemistry and Biotechnology* 4 (4): 336-344

Monforte AJ, Tanksley SD (2000): Development of a set of near isogenic and backcross recombinant inbred lines containing most of the *Lycopersicon hirsutum* genome in a *L. esculentum* genetic background: A tool for gene mapping and gene discovery. *Genome* 43:803–813

Monti LM (1980): The breeding of tomatoes for peeling. *Acta Horticulturae* 100: 341-353

Muños S, Ranc N, Botton E, Berard A, Rolland S, Duffe P (2011). Increase in tomato locule number is controlled by two single-nucleotide polymorphisms located near WUSCHEL. *Plant Physiol.* 156, 2244–2254

Nei M (1973): Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci USA* 70: 3321–3323

Nesbitt TC, Tanksley SD (2002): Comparative sequencing in the genus *Lycopersicon*: Implications for the evolution of fruit size in the domestication of cultivated tomatoes. *Genetics* 162:365–379

Nour V, Trandafir I, Ionica ME (2013): Antioxidant Compounds, Mineral Content and Antioxidant Activity of Several Tomato Cultivars Grown in Southwestern Romania. *Not Bot Horti Agrobo*, 41(1):136-142

Ovesná J, Poláková K, Leisová L (2002): DNA analyses and their applications in plant breeding. *Czech J Genet Plant Breed.* 38:29–40

Ozores-Hampton M, McAvoy G (2010): "What causes blossom drop in tomatoes?" *The Tomato Magazine* 14(4): 4–5

Paran I, van der Knaap E (2007): Genetic and molecular regulation of fruit and plant domestication traits in tomato and pepper. *J Exp Bot* 58: 3841–3852

Pavlek P (1985): Specijalno povrćarstvo, Drugo izdanje, Sveučilište u Zagrebu, Fakultet poljoprivrednih znanosti, Zagreb.

Patanè CS, Tringali, Sortino O (2011): Effects of deficit irrigation on biomass, yield, water, productivity and fruit quality of processing tomato under semi-arid and Mediterranean climate conditions. *Sci. Hortic.* 129:590-596

Patel SA, Kshirsagar DB, Bhalekar MN, Kute NS (2013): Correlation studies in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *Vegetable Science* 40 (2): 217-218

Paulson KN, Stevens MA (1974): Relationships Among Titratable Acidity, pH and Buffer Composition of Tomato Fruit. *J Food Sci* 39: 354-357

Pawar RM, Prajapati RM, Sawant DM, Patil AH (2013): Genetic divergence in Indian bean (*Lablab purpureus* L. Sweet). *Electronic J. Plant Breed.* 4(2): 1171-1174

Peralta IE, Spooner D (2007): In: Razdan MK, Mattoo AK, editors. History, origin and early cultivation of tomato (*Solanaceae*). Genetic improvement of *Solanaceous* crops. Vol 2: Tomato. Enfield (NH), Science Publisher, 1-24

Peralta IE, Spooner DM, Knapp S (2008 b): In: Anderson C, editor. Systematic Botany Monographs Vol: 84. Taxonomy of Wild Tomatoes and their Relatives (*Solanum*

sect. *Lycopersicoides*, sect. *Juglandifolia*, sect. *Lycopersicon*; *Solanaceae*). Ann Arbor, Michigan: The American Society of Plant Taxonomistsp. University of Michigan Herbarium, 21-25

Peralta IE, Spooner DM, Knapp S (2008 a): Taxonomy of wild tomatoes and their relatives (*Solanum* Sect. *Lycopersicoides*, Sect *Juglandifolia*, Sect *Lycopersicon*; *Solanaceae*). Syst Bot Monogr 84: 183

Peter KV, Rai B (1976): Genetic divergence in tomato. Indian J. Genet. Plant Breed. 36: 376-383

Petro-Turza M (1987): Flavor of tomato and tomato products. Food Rev. Int. 2 (3): 309-351

Powell W, Machray GC, Provan J (1996): Polymorphism revealed by simple sequence repeats. Trends Plant Sci. 1:215–222

Prodanović S, Šurlan-Momirović G (2006): Genetički resursi biljaka za organsku poljoprivredu-monografija. Izdavač Poljoprivredni fakultet Beograd.

Prodanović S, Šurlan-Momirović G, Rakonjac V, Petrović D (2015): Genetički resursi biljaka. Izdavač Poljoprivredni fakultet Beograd.

Rao ES, Kadirvel P, Symonds RC, Geethanjali S, Ebert AW (2012): Using SSR markers to map genetic diversity and population structure of *Solanum pimpinellifolium* for development of a core collection. Plant Genetic Resources, Vol 10 (1): 38-48

Rao N (2004): Plant genetic resources: advancing conservation and use through biotechnology. Afr J Biotechnol 3(2): 136–145

Rao NKS, Laxman RH (2013): Phenotyping horticultural crops for abiotic stress tolerance. In Climate-Resilient Horticulture: Adaptation and Mitigation Strategies; Springer: Berlin/Heidelberg, Germany. pp. 147–157. 21

Reddy BR, Reddy MP, Begum H, Sunil N (2013): Genetic diversity studies in tomato (*Solanum lycopersicon* L.). IOSR J. Agric. Veter. Sci. 4(4): 53-55

Rice AC, Pederson CS (1954): Chromatographic analysis of organic acids in canned tomato juice, including the identification of pyrrolido-necarboxylic acid. Food Res. 19:106-114

Rick CM (1974): High soluble-solids content in large-fruited tomato lines derived from a wild green-fruited species. Hilgardia 42:493-510

Rick CM (1978): The Tomato. Sci. Am. 239: 76-87

Rick CM, Chetelat RT(1995): Utilization of related wild species for tomato improvement. Acta Horticulturae 412:21–38

- Rick CM, Holle M (1990): Andean *Lycopersicon esculentum* var. *cerasiforme* - genetic-variation and its evolutionary significance. *Econ Bot* 44:69–78
- Rodriguez GR., Munos S, Anderson C, Sim SC, Michel A, Causse M (2011): Distribution of SUN, OVATE, LC, and FAS in the tomato germplasm and the relationship to fruit shape diversity. *Plant Physiol.* 156, 275–285. doi: 10.1104/pp.110.167577
- Roldán-Ruiz I, Dendauw J, van Bockstaele E, Depicker A, DeLoose M (2000): AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrass (*Lolium* spp.). *Mol Breed.* 6:125–134
- Roldan-Ruiz I, van Eeuwijk FA, Gilliland TJ, Dubreuil P, Dillmann C, Lallemand J, De Loose M, Baril CP (2001): A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. *Theor. Appl. Genet.* 103: 1138–1150
- Ronen G, Carmel-Goren L, Zamir D, Hirschberg J (2000): An alternative pathway to β -carotene formation in the plant chromoplast discovered by map-based cloning of beta and old-gold color mutations in tomato. *Proc. Nat. Acad. Sci., U.S.A.* 97: 11102–11107
- Ruiz JJ, García-Martínez S (2005): Genetic Variability and Relationship of Closely Related Spanish Traditional Cultivars of Tomato as Detected by SRAP and SSR Markers J. *Amer. Soc. Hort. Sci.* 130(1): 88-94
- Rylski I, Aloni B, Karni L and Zaidman Z (1994): Flowering, fruit set, fruit development and fruit quality under different environmental conditions in tomato and pepper crops. *Acta Hort* 366:45-56
- Sackville Hamilton NR, Engels JMM, van Hintum Th. JL, Koo B, Smale M (2002): Accession management: Combining and splitting accessions as a tool to improve germplasm management efficiency. *IPGRI Technical Bulletin Rome*, 5
- Sahagún B de. (1988): *Historia General de las Cosas de Nueva España*. 2nd Vol. Alianza Editorial. Madrid
- Saimbhi MS, Cheema DS, Singh S, Nandpuri KS (1987): Physiochemical characteristics of some tomato hybrids. *Trop. Sci.*, 35: 9-12
- Salunkhe DK, Jadhav SJ, Yu MH (1974): Quality and nutritional composition of tomato fruit as influenced by certain biochemical and physiological changes. *P. Fds. Hum. Nutr.* 24: 85-113

- Sardaro MLS, Marmioli M, Maestri E, Marmioli N (2013): Genetic characterization of Italian tomato varieties and their traceability in tomato food products. *Food Science & Nutrition* 1(1): 54–62
- Sauer JD (1993): *Historical Geography of Crop Plants. A Select Roster*. CRC Press, Boca Raton, USA
- Schauer N, Zamir D, Fernie AR (2005): Metabolic profiling of leaves and fruit of wild species tomato: a survey of the *Solanum lycopersicum* complex. *J Exp Bot.* 56(410):297-307
- Schlötterer C (1998): Genome evolution: are microsatellites really simple sequences? *Curr Biol.* 8(4):132-4
- Schlötterer C (2004): The evolution of molecular markers - just a matter of fashion? *Nat. Rev. Genet.* 5: 63-69
- Scott KD (2001): Microsatellites derived from ESTs, and their comparison with those derived by other methods. In: Henry RJ, editor. *Plant genotyping: the DNA fingerprinting of plants*. Oxford: CABI Publishing, 225–237
- Shi J, Le Maguer M (2000): Lycopene in tomatoes: chemical and physical properties affected by food processing. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.* 40: 1-42
- Shibli RA, Ereifej KI, Ajlouni MA, Hussain A (1995): Evaluation of thirteen open pollinated cultivars and three hybrids of tomato (*Lycopersicon esculentum* mill): physical properties and chemical composition of fruits. *Pak. J. Agri. Sci., Vol 32(2-3):* 225-234
- Singh AK, Sharma JP, Kumar S, Chopra S (2008): Genetic divergence in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *J. Res., SKUAST-J* 7(1): 105-110
- Sokal R, Michener C (1958): A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin* 38:1409-438
- Song J, Chen J, Chen HY, Liu Y, Zhuang TM (2006): Research of genetic diversity of tomato using SSR markers. *Journal of Shanghai Jiaotong University* 24: 524–528
- Souza LM, Paulo César TM, Reginaldo RL, Arlete MT (2012): Correlations between yield and fruit quality characteristics of fresh market tomatoes *Hortic. Bras.* vol.30(4): 627-631
- Stevens MA (1972): Citrate and malate concentrations in tomato fruits: genetic control and maturational effects. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 97: 655-658

Stevens MA, Kader AA, Albright M(1979): Potential for increasing tomato flavor via increased sugar and acid content. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 104: 40-42

Stevens MA, Kader AA, Albright-Houlton M (1977): Intercultivar variation in composition of locular and pericarp portions of fresh market tomatoes. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 102:689-692

Suarez MH, Rodriguez EMR, Romero CD (2008): Chemical composition of tomato (*Lycopersicon esculentum*) from Tenerife, the Canary Islands. *Food Chem.* 106:1046–1056

Suliman AME, Khalid MAA, Mohammed TY (2011): Suitability of Some Tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) genotypes for Paste Production *Journal of Science and Technology* 12 (2): 45-51

Sun YD, Luo WR, Sun SY, Ni L (2015): Agrobacterium-mediated transformation of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) using the expansin 10 (CsEXP10) gene. *Genet. Mol. Res.* 14 (4): 16215-16221

Sušić Z, Zdravković J, Pavlović N, Prodanović S (1999): Selecting features for estimating genetic divergence of tomato genotypes (*Lycopersicum esculentum* Mill.). *Genetika*, vol. 31(3): 235-244

Swanson T (1969): Global values of biological diversity: The public interest in the conservation of plant genetic resources for agriculture. *Plant Genetic Resources Newsletter* 105: 1-7

Takač A, Gvozdrenović Đ, Gvozdrenović-Varga J, Bugarski D (1995): Međuzavisnost osobina ploda i prinosa kod hibrida paradajza. *Selekcija i semenarstvo*, vol 2(1): 107-110

Tam SM, Mhiri C, Vogelaar A, Kerkveld M, Pearce SR, le Grandbastien MA (2005): Comparative analyses of genetic diversities within tomato and pepper collections detected by retrotransposon-based SSAP, AFLP and SSR. *Theor Appl Genet* 110: 819–831

Tanksley SD (1983): Molecular markers in plant breeding. *Plant Mol Biol Rep* 1:3–8

Tanksley SD (2004): The genetic developmental and molecular bases of fruit size and shape variation in tomato. *The Plant Cell* 16: 181-189

Tanksley SD, Khush GS (2002): Charles Madera Rick. *Bibliographical Memoirs* 84: 307-319

Tanksley SD, McCouch SR (1997): Seed Banks and Molecular Maps: Unlocking Genetic Potential from the Wild. *Science* 277, 1063-1066

Tanksley SD, Medina-Filho H, Rick CM (1982): Use of naturally-occurring enzyme variation to detect and map genes controlling quantitative traits in an interspecific cross of tomato. *Heredity* 49: 11–25

Tautz D (1993): Notes on the definition and nomenclature of tandemly repetitive DNA sequences. In: Pena SDJ, Chakraborty R, Epplen JT, Jeffreys AJ, editors. *DNA fingerprinting: state of the science*. Birkhäuser Verlag, Basel, pp 21-28

Taylor IB (1986): Biosystematics of the tomato. In: Atherton JG, Rudich J, editors. *The Tomato Crop: A Scientific Basis for Improvement*. London: Chapman and Hall, p 1-30

Tepić AN, Vujičić BL, Tačač AJ, Krstić BĐ, Čalić LJJ (2006): Chemical Heterogeneity of Tomato Inbred Lines. *APTEFF*, 37: 45-50

Terzopoulos PJ, Bebeli PJ (2010): Phenotypic diversity in Greek tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. *Scientia Horticulturae*, 126(2): 138- 144

Thakur NS, Kaushal BB (1995): Study of quality characteristics of some commercial varieties and F₁ hybrids of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) grown in Himachal Pradesh in relation to processing. *Indian Food Packer* 49(3): 25-31

The Tomato Genome Consortium (2012): The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature* 485: 635–641

Thiel T, Michalek W, Varshney RK, Graner A (2003): Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor Appl Genet* 106:411–422

Thouet J, Quinet M, Ormenese S, Kinet JM, Périlleux C (2008): Revisiting the involvement of SELF-PRUNING in the sympodial growth of tomato. *Plant Physiol* 148(1):61-4. doi:10.1104/pp.108.124164

Thybo AK., Edelenbos M, Christensen LP, Sørensen JN, Thorup-Kristensen K (2006): Effect of organic growing systems on sensory quality and chemical composition of tomatoes. *LWT-Food Science and Technology*. 39:835–843

Todorovska E, Ivanova A, Ganeva D, Pevicharova G, Molle E, Bojinov B, Radkova M, Danailov Z (2014): Assessment of genetic variation in Bulgarian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes, using fluorescent SSR genotyping platform *Biotechnol Biotechnol Equip.* 28(1): 68–76

Trout DL (1991): Vitamin C and cardiovascular risk factors. *Am J Clin Nutr* 53: 322S-325S.

UPOV (2001): Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability; Tomato. Geneva, Switzerland

Vallejos CE, Tanksley SD (1983): Segregation of isozyme markers and cold tolerance in an interspecific backcross of tomato. *Theor Appl Genet* 66: 241–247

Van der Hoeven RS, Ronning C, Giovannoni JJ, Martin G, Tanksley SD (2002): Deductions about the number, organization, and evolution of genes in the tomato genome based on analysis of a large expressed sequence tag collection and selective genomic sequencing. *The Plant Cell*. 14(7):1441–1456

van Heusden AW, Koornneef M, Voorrips RE, Brüggemann W, Pet G, Vrielink-van Ginkel R, Chen X, Lindhout P (1999): Three QTLs from *Lycopersicon peruvianum* confer a high level of resistance to *Clavibacter michiganensis* ssp. *michiganensis*. *Theor Appl Genet* 99: 1068–1074

Verkerk K (1955): Temperature, light and the tomato. *Mededelingen Landbouw Hogeschool, Wageningen* 55: 175-224

Wallis K (1952). "Use of ranks in one-criterion variance analysis". *Journal of the American Statistical Association* 47 (260): 583–621

Wang J-F, Olivier J, Thoquet P, Mangin B, Sauviac L, Grimsley NH (2000): Resistance of tomato line Hawaii7996 to *Ralstonia solanacearum* Pss4 in Taiwan is controlled mainly by a major strain-specific locus. *Mol Plant Microbe Interact* 13: 6–13

Wang R, LI Y, Yang L, LI L, Fang F, LI W (2006): Analysis of genetic diversity based on SSR and morphological markers among tomato cultivars. *Journal of tropical and Subtropical Botany*, 14(2): 120-125

Wang Z, Weber JL, Zhong G, Tanksley SD (1994): Survey of plant short tandem DNA repeats. *Theoretical and Applied Genetics*. 88: 1-6

Ward JH, Jr. (1963): "Hierarchical Grouping to Optimize an Objective Function", *Journal of the American Statistical Association*, 58:236–244

Weising K, Nybom H, Wolff K, Kahl G (2005): Application of DNA fingerprinting in plant sciences. In *DNA fingerprinting in plants: Principles, Methods, and Applications*, CRC Press. Boca Raton. 235-276

Williams CE, St. Clair DA (1993): Phenetic relationships and levels of variability detected by restriction fragment length polymorphism and random amplified polymorphic

DNA analysis of cultivated and wild accessions of *Lycopersicon esculentum*. *Genome* 36:619–630

Wright S (1978): *Evolution and the genetics of population, variability within and among natural populations*. The University of Chicago Press, Chicago

Xu XY, Bai GH, Carver BF, Shaner GE, Hunger RM (2005): Mapping of QTLs prolonging the latent period of *Puccinia triticina* infection in wheat. *Theor Appl Genet.* 110:244–251

Yeager A F (1927): Determinate growth in the tomato J. *Hered.* 18: 263- 265

Yeboah NE, Maalekuu BK, Yi F, Oppong-Sekyere D (2014): Enhancing postharvest qualities in tomato value chains; the impact of cultivar types as quality indicator. *International Journal of Agricultural Science Vol 4 (11):* 318-325

Zdravković J, Pavlović N, Girek Z, Brdar-Jokanović M, Savić D, Zdravković M, Cvikić D (2011): Generation mean analysis of yield components and yield in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) *Pak. J. Bot,* 43(3): 1575-1580

Zeven AC (1998): Landraces: a review of definition and classification. *Euphytica* 104:127–139

Zhou R, Wu Z, Cao X, Jiang FL (2015): Genetic diversity of cultivated and wild tomatoes revealed by morphological traits and SSR markers. *Genet. Mol. Res.* 14 (4): 13868-13879

9. PRILOG

Tabela 6. *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2010. godinu

Genotip	DPI	ŠPI	DPer
	H (28,N=145) =139,0694 p =,0000	H (28,N=145) =139,9687 p =,0000	H (28,N=145) =131,9063 p =,0000
1	586,0000	526,0000	103,5000
2	449,5000	637,5000	123,5000
3	648,5000	563,0000	368,0000
4	358,0000	376,0000	55,5000
5	598,5000	602,0000	51,0000
6	376,0000	337,5000	171,5000
7	409,0000	469,5000	447,5000
8	388,0000	330,0000	650,0000
9	30,5000	675,0000	15,0000
10	436,0000	406,0000	146,0000
11	33,5000	19,0000	563,5000
12	631,0000	715,0000	215,5000
13	65,0000	36,0000	581,0000
14	136,0000	293,0000	229,5000
15	92,0000	102,0000	502,5000
16	108,0000	80,0000	522,5000
17	453,5000	403,5000	687,0000
18	256,5000	532,5000	288,5000
19	673,5000	144,0000	482,5000
20	502,0000	88,0000	715,0000
21	178,0000	167,0000	376,5000
22	276,0000	266,0000	273,5000
23	220,0000	204,5000	550,5000
24	552,0000	514,0000	553,0000
25	213,0000	355,0000	433,0000
26	230,5000	202,0000	415,5000
27	366,5000	296,5000	203,5000
28	604,0000	565,5000	413,0000
29	714,0000	679,0000	447,5000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela 7. *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2010. godinu

Genotip	BK	SM	PPPE
	H (28, N= 145) =140,3654 p =,0000	H (28, N= 145) =138,6579 p =,0000	H (28, N= 145) =137,4650 p =,0000
1	442,5000	123,0000	439,0000
2	627,0000	130,5000	691,0000
3	528,5000	172,0000	446,0000
4	290,0000	42,0000	160,0000
5	664,0000	68,5000	617,0000
6	164,5000	359,0000	530,0000
7	418,5000	429,5000	482,0000
8	472,5000	327,5000	484,0000
9	715,0000	50,5000	275,0000
10	188,5000	422,0000	528,0000
11	89,0000	197,5000	15,0000
12	686,5000	247,0000	709,0000
13	15,0000	405,0000	48,0000
14	393,0000	321,5000	112,0000
15	246,5000	518,5000	95,0000
16	46,5000	508,5000	59,0000
17	215,0000	606,0000	576,0000
18	578,5000	554,5000	425,5000
19	83,5000	64,0000	192,5000
20	91,0000	563,0000	208,5000
21	322,0000	601,5000	178,0000
22	356,5000	715,0000	292,0000
23	322,0000	634,5000	287,0000
24	479,5000	304,5000	537,0000
25	522,5000	508,5000	333,0000
26	246,5000	672,0000	230,0000
27	195,0000	266,0000	399,5000
28	562,5000	584,5000	607,0000
29	623,0000	188,5000	629,0000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela. 8 *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2010. godinu

Genotip	UBPPE	PMP	BP/bilj	DV
	H (28,N=145) =100,8761	H (28,N=145) =139,3473	H (28,N=145) =111,3553	H (28,N=145) =142,3807
	p =,0000	p =,0000	p =,0000	p =,0000
1	432,0000	405,5000	412,5000	233,5000
2	427,5000	626,5000	434,0000	680,0000
3	40,0000	686,0000	36,5000	670,5000
4	20,0000	368,0000	23,0000	130,0000
5	201,5000	611,0000	241,5000	552,0000
6	369,5000	492,0000	372,0000	307,5000
7	226,0000	509,5000	241,0000	517,5000
8	248,0000	515,5000	207,5000	307,5000
9	352,0000	283,0000	302,0000	67,5000
10	434,5000	472,5000	450,0000	289,0000
11	536,0000	15,0000	523,0000	215,0000
12	60,0000	715,0000	60,5000	427,5000
13	562,0000	47,0000	562,5000	307,5000
14	411,0000	113,0000	420,0000	67,5000
15	323,0000	108,0000	266,5000	609,5000
16	566,0000	58,0000	569,0000	379,5000
17	446,0000	484,0000	465,5000	427,5000
18	280,5000	460,0000	220,0000	609,5000
19	530,5000	160,0000	602,5000	15,0000
20	603,5000	159,0000	608,5000	185,0000
21	179,0000	214,0000	185,0000	563,5000
22	464,0000	265,0000	527,0000	609,5000
23	530,5000	244,0000	510,0000	427,5000
24	141,0000	607,5000	120,0000	195,0000
25	464,5000	311,5000	485,0000	67,5000
26	516,5000	186,0000	536,5000	117,5000
27	566,0000	339,5000	579,5000	427,5000
28	535,5000	468,0000	522,5000	463,5000
29	118,5000	661,0000	101,5000	715,0000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela 9. *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2011. godinu

Genotip	DPI	ŠPI	DPer
	H (28, N= 145) =135,7289 p =,0000	H (28, N= 145) =140,3952 p =,0000	H (28, N= 145) =136,8316 p =,0000
1	540,5000	448,0000	383,5000
2	599,5000	681,0000	278,5000
3	436,5000	410,0000	419,5000
4	392,5000	405,5000	240,5000
5	422,0000	400,0000	43,0000
6	168,5000	172,0000	67,5000
7	223,5000	273,0000	384,0000
8	625,5000	519,0000	638,5000
9	22,5000	683,0000	15,0000
10	176,0000	152,5000	101,5000
11	32,5000	15,0000	396,5000
12	406,0000	706,0000	176,5000
13	120,5000	40,0000	605,0000
14	88,5000	245,5000	117,5000
15	77,0000	101,0000	452,5000
16	182,0000	165,5000	505,0000
17	509,0000	460,0000	667,0000
18	306,0000	585,0000	236,0000
19	674,0000	73,0000	561,5000
20	576,5000	101,0000	715,0000
21	309,5000	289,5000	384,0000
22	459,0000	428,5000	270,0000
23	428,0000	341,5000	665,5000
24	642,5000	617,5000	487,5000
25	343,5000	521,0000	243,0000
26	189,0000	240,5000	614,5000
27	328,5000	306,0000	228,5000
28	683,5000	618,0000	182,0000
29	622,5000	586,5000	506,0000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela 10. *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2011. godinu

Genotip	BK	SM	PPPE
	H (28, N= 145) =138,9798 p =,0000	H (28, N= 145) =139,5610 p =,0000	H (28, N= 145) =138,6223 p =,0000
1	411,5000	594,5000	490,5000
2	655,0000	440,0000	715,0000
3	449,0000	286,5000	511,0000
4	227,0000	52,5000	280,5000
5	638,5000	126,5000	438,0000
6	239,5000	291,5000	383,0000
7	394,5000	406,5000	234,0000
8	507,0000	650,5000	418,0000
9	715,0000	135,0000	295,0000
10	251,5000	194,5000	230,0000
11	86,0000	87,0000	15,0000
12	690,0000	220,5000	680,0000
13	15,0000	352,0000	70,0000
14	400,0000	218,0000	42,0000
15	252,0000	513,0000	117,0000
16	53,5000	590,0000	83,0000
17	162,0000	707,0000	657,0000
18	608,5000	549,0000	432,0000
19	93,0000	22,0000	140,0000
20	77,5000	395,5000	234,5000
21	348,0000	526,0000	271,0000
22	429,5000	691,0000	496,0000
23	292,0000	617,5000	521,0000
24	461,5000	374,5000	621,0000
25	534,0000	170,5000	328,0000
26	249,0000	351,0000	166,5000
27	181,5000	399,0000	489,0000
28	557,5000	575,0000	625,0000
29	606,0000	48,5000	602,0000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela 11. *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2011. godinu

Genotip	UBPPE	PMP	BP/bilj	DV
	H (28, N= 145) =128,4956 p =,0000	H (28, N= 145) =139,4651 p =,0000	H (28, N= 145) =130,1416 p =,0000	H (28, N= 145) =141,9765 p =,0000
1	265,5000	465,5000	294,0000	307,0000
2	470,5000	702,0000	517,5000	686,5000
3	120,5000	589,0000	127,5000	545,0000
4	148,5000	431,0000	133,5000	260,5000
5	89,0000	573,0000	93,5000	670,0000
6	582,5000	270,0000	598,0000	152,0000
7	208,0000	356,5000	187,5000	402,5000
8	26,5000	624,0000	25,0000	444,5000
9	505,5000	255,0000	464,5000	126,0000
10	531,5000	209,0000	493,5000	416,5000
11	710,5000	15,0000	710,5000	197,0000
12	132,5000	703,0000	117,5000	260,5000
13	569,0000	46,0000	620,0000	181,0000
14	61,5000	117,0000	58,0000	86,0000
15	607,5000	94,0000	581,5000	636,0000
16	515,5000	68,0000	479,5000	322,5000
17	404,5000	533,0000	441,0000	472,5000
18	139,0000	532,5000	124,0000	597,0000
19	686,5000	125,0000	685,5000	15,0000
20	496,5000	221,0000	521,0000	79,0000
21	459,5000	249,0000	422,5000	558,0000
22	420,5000	371,0000	455,0000	545,0000
23	500,0000	367,0000	538,0000	444,5000
24	196,0000	625,5000	229,5000	370,5000
25	218,5000	402,5000	243,0000	40,0000
26	514,0000	167,0000	477,0000	181,0000
27	464,5000	350,0000	429,5000	291,5000
28	286,0000	552,0000	274,5000	584,0000
29	255,0000	571,5000	243,0000	713,5000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela 12. *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2012. godinu

Genotip	DPI	ŠPI	DPer
	H (28, N= 145) =136,1796 p =,0000	H (28, N= 145) =138,7476 p =,0000	H (28, N= 145) =136,3046 p =,0000
1	462,0000	377,0000	50,0000
2	426,5000	570,5000	27,6000
3	623,5000	557,5000	83,5000
4	538,5000	450,0000	10,6000
5	350,5000	329,5000	39,5000
6	348,0000	392,0000	13,9000
7	547,0000	586,0000	89,5000
8	318,0000	363,5000	137,8000
9	15,0000	622,0000	3,0000
10	190,0000	200,0000	22,0000
11	87,0000	32,0000	95,9000
12	576,0000	714,0000	30,7000
13	88,0000	23,0000	114,9000
14	62,5000	183,0000	27,6000
15	72,5000	68,0000	83,9000
16	145,0000	123,5000	115,6000
17	370,5000	326,5000	122,3000
18	551,0000	665,0000	80,7000
19	640,0000	89,5000	128,0000
20	642,5000	155,0000	143,0000
21	277,0000	276,5000	52,4000
22	283,0000	280,0000	77,5000
23	335,0000	351,5000	114,8000
24	498,0000	474,5000	71,1000
25	264,0000	506,5000	77,5000
26	337,0000	411,5000	86,7000
27	166,0000	164,0000	36,8000
28	656,0000	602,0000	59,9000
29	715,0000	691,0000	120,3000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela 13. *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2012. godinu

Genotip	BK	SM	PPPE
	H (28, N= 145) =140,1049 p =,0000	H (28, N= 145) =139,0346 p =,0000	H (28, N= 145) =139,8456 p =,0000
1	443,5000	282,5000	354,0000
2	654,0000	442,0000	692,0000
3	446,0000	552,0000	544,0000
4	241,0000	202,0000	483,0000
5	645,0000	72,5000	217,0000
6	221,0000	223,0000	506,0000
7	484,5000	561,5000	616,5000
8	485,0000	593,0000	473,0000
9	715,0000	106,0000	140,0000
10	215,0000	201,5000	430,5000
11	114,5000	91,5000	93,0000
12	690,0000	140,0000	635,5000
13	15,0000	368,0000	22,0000
14	393,5000	203,0000	90,0000
15	320,5000	505,0000	75,0000
16	41,5000	635,0000	45,0000
17	207,0000	699,0000	556,5000
18	606,5000	575,0000	675,0000
19	84,0000	15,0000	177,0000
20	70,0000	570,0000	191,0000
21	289,0000	395,5000	368,0000
22	381,5000	706,0000	352,0000
23	260,5000	443,5000	358,0000
24	457,0000	276,5000	402,0000
25	560,0000	291,5000	269,0000
26	266,0000	366,0000	238,0000
27	149,5000	441,0000	301,0000
28	527,5000	587,5000	621,0000
29	601,5000	40,0000	660,0000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela 14. *Kruskal-Wallis* test sa sumama rangova genotipova za 2012. godinu

Genotip	UBPPE	PMP	BP/bilj	DV
	H (28, N= 145) =121,9274 p =,0000	H (28, N= 145) =139,6121 p =,0000	H (28, N= 145) =122,4647 p =,0000	H (28, N= 145) =141,6024 p =,0000
1	297,0000	367,0000	290,5000	299,0000
2	488,0000	597,5000	472,0000	690,0000
3	56,5000	668,5000	48,5000	583,0000
4	288,5000	497,0000	333,5000	117,5000
5	49,0000	400,0000	43,0000	638,5000
6	450,5000	448,5000	503,5000	236,0000
7	305,0000	604,0000	278,5000	459,0000
8	316,5000	466,5000	294,0000	299,0000
9	261,5000	164,0000	301,5000	117,5000
10	696,5000	225,0000	693,5000	299,0000
11	671,0000	52,5000	680,0000	205,0000
12	43,0000	715,0000	36,0000	315,5000
13	617,5000	27,0000	616,5000	87,5000
14	424,0000	99,0000	405,0000	117,5000
15	253,0000	117,0000	315,0000	652,5000
16	552,0000	46,5000	545,0000	381,0000
17	526,5000	482,0000	514,5000	445,0000
18	265,0000	651,5000	242,0000	582,5000
19	701,5000	124,0000	695,5000	15,0000
20	337,5000	201,0000	346,5000	102,5000
21	450,0000	325,5000	430,0000	487,0000
22	503,0000	297,0000	526,0000	569,0000
23	512,5000	299,5000	520,5000	473,0000
24	81,0000	537,0000	88,0000	348,5000
25	98,5000	398,0000	111,5000	72,5000
26	248,5000	261,0000	223,5000	236,0000
27	396,0000	292,5000	371,0000	459,0000
28	488,5000	557,5000	469,5000	582,5000
29	207,0000	663,5000	190,5000	715,0000

Veza između skraćenih i punih naziva osobina data je uz tabelu br. 5

Tabela 15. Redni brojevi, oznake i nazivi ispitivanih genotipova paradajza

R.b.	Oznaka genotipa	Naziv genotipa
1	O2	Linija
2	S340	Rutgers
3	S359	Belgijski orijaš
4	S427	Hode
5	S367	Morane
6	S335	Valiant
7	S338	Saint Pierre
8	S306	Golden jubilei
9	S99	Novosadski rani
10	S319	Gloria di Milano
11	S78	Tetovski
12	S320	Sunny Brok
13	S29	Đevđelijski
14	S70	Skopski rani
15	S13	Bitoljski kasni
16	O13	Linija
17	S122	Pegaz
18	V9	Linija
19	S49	Alparac
20	V18	Linija
21	O15	Linija
22	O14	Linija
23	O10	Linija
24	O3	Linija
25	V2	Linija
26	V21	Linija
27	S33	Novosadski jabučar
28	S50	Knjaz
29	S46	Bačka

BIOGRAFIJA

Svetlana Glogovac (rođ. Kondić), dipl. inž- master, rođena je 09. 05. 1980. godine u Novom Sadu. Nakon završene gimnazije opšteg smera „Svetozar Markoviću“ u Novom Sadu, školske 1999/2000. godine upisala je Poljoprivredni fakultet, Univerziteta u Novom Sadu, smer Ratarstvo i povrtarstvo. Diplomski rad pod nazivom „Efekti malčovanja na prinos i kvalitet mladog krompira (*Solanum tuberosum* L.)“ iz predmeta povrtarstvo odbranila je 2006. godine sa ocenom 10. Prosečna ocena tokom osnovnih studija iznosila je 9,12. Za ostvareni uspeh tokom osnovnih studija bila je dobitnik Stipendije Ministarstva prosvete i sporta Republike Srbije i Stipendije Ambasade Kraljevine Norveške.

Master studije je upisala školske 2006/2007. godine na Poljoprivrednom fakultetu u Novom Sadu, smer Genetika, oplemenjivanje i semenarstvo, a završila 2009. godine sa prosečnom ocenom 9,50. Master rad pod nazivom „Divergentnost genotipova paradajza (*Lycopersicon esculentum* Mill.) za osobine biljke i ploda“ odbranila je sa ocenom 10. Doktorske akademske studije na modulu Ratarstvo i povrtarstvo upisala je 2010. godine na Poljoprivrednom fakultetu, Univerziteta u Beogradu. Položila je sve ispite predviđene planom i programom doktorskih studija sa prosečnom ocenom 9,50.

Od 12. 02. 2007. godine zaposlena je u Institutu za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu, na poslovima istraživača pripravnika u Odeljenju za povrtarstvo. Dana 31.03.2010. godine izabrana je u zvanje istraživač saradnik, za naučnu oblast Biotehničke nauke. Od 1. 04. 2012. godine radi na Odeljenju za biotehnologiju. Angažovana je na projektu Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja Republike Srbije pod nazivom „Stvaranje sorata i hibrida povrća za gajenje na otvorenom polju i zaštićenom prostoru“ (TR 31030).

Kao autor i koautor objavila je 27 naučnih radova, među kojima su i sopštenja sa domaćih i međunarodnih naučnih skupova. Govori engleski jezik. Udata je i majka je jednog deteta.

Прилог 1.

Изјава о ауторству

Потписани-а : Светлана Глоговац (рођ. Кондић)

Број индекса или пријаве докторске дисертације:

10/8

Изјављујем

да је докторска дисертација под насловом:

Фенотипска варијабилност и полиморфизам SSR маркера у НС

колекцији гермплазме парадајза

- 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, 15.04.2016

Прилог 2.

Изјава о истоветности штампане и електронске верзије докторске дисертације

Име и презиме аутора Светлана Глоговац (рођ. Кондић)

Број индекса или пријаве докторске дисертације 10/8

Студијски програм Пољопривредне науке- Ратарство и повртарство

Наслов докторске дисертациј Фенотипска варијабилност и
полиморфизам SSR маркера у НС колекцији гермплазме парадајза

Ментор Проф. др Томислав Живановић

Потписани/а Светлана Глоговац

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, 15.04.2016

Прилог 3.

Изјава о коришћењу

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

**Фенотипска варијабилност и полиморфизам SSR маркера у
НС колекцији гермплазме парадајза**

која је моје ауторско дело.

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

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

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

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

Потпис докторанда

У Београду, **15.04.2016**

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

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

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

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

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

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