

VI Simpozijum Sekcije za oplemenjivanje organizama
Društva Genetičara Srbije i IX Simpozijum Društva selekcionera i
semenara Republike Srbije

ZBORNİK APSTRAKATA

Vrnjačka Banja, 7 – 11. 5. 2018.

Izdavač:

Društvo Genetičara Srbije
Društvo selekcionera i semenara Republike Srbije

Urednici:

dr Violeta Anđelković
dr Jelena Srdić

Štampa:

Akademski izdanja d.o.o., Zemun, Beograd

Tiraž:

150

Ova publikacija je štampana uz finansijsku pomoć Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja

Simpozijum je organizovan u saradnji sa Institutom za kukuruz „Zemun Polje“ i Institutom za šumarstvo, Beograd

ISBN: 978-86-87109-14-8

**VI Simpozijum Sekcije za oplemenjivanje organizama
Društva Genetičara Srbije i IX Simpozijum Društva selekcionera
i semenara Republike Srbije**

Organizacioni odbor:

dr Jelena Srdić
dr Snežana Mladenović Drinić
dr Dejan Sokolović
dr Milan Stevanović
dr Vladan Popović
dr Vlada Pantelić
dr Jelena Ovuka
dr Dejan Cvikić
dr Emina Mladenović
dr Marina Nonić
Natalija Kurjak
dr Ratibor Štrbanović
dr Ljubiša Kolarić
dr Marija Milivojević
dr Bojan Jocković
dr Sanja Mikić

Sekretarijat:

Jelena Mesarović
Milica Nikolić
Aleksandar Popović
Miloš Crevar
Mihajlo Ćirić
Petar Čanak

Naučni odbor:

dr Violeta Anđelković
dr Jelena Srdić
dr Snežana Mladenović Drinić
dr Ana Marjanović Jeromela
dr Vojka Babić
dr Sanja Vasiljević
dr Nenad Delić
dr Domagoj Šimić
Prof. dr Milan Mataruga
Prof dr Zoran Jovović
Prof dr Dane Bošev
dr Ankica Kondić Špika
Prof. dr Desimir Knežević
Prof. dr Mirjana Šijačić Nikolić
Prof dr Jan Bočanski
dr Aleksandar Lučić
dr Dragana Jošić
dr Nenad Pavlović
dr Sandra Cvejić
dr Slađana Marić
dr Mile Sečanski
dr Srđan Stojnić
dr Dušica Ostojić Andrić
dr Jasmina Milenković
dr Vladimir Filipović
dr Vladimir Ugrenović
dr Vesna Perić
dr Dobrivoj Poštić
Prof. dr Dragan Nikolić
dr Dragana Miladinović
dr Milena Simić

P-4

**IDENTIFIKACIJA RAZLIČITIH SORATA LUCERKE PRIMENOM
MOLEKULARNIH MARKERA**

Ratibor Štrbanović¹✉, Rade Stanisavljević¹, Dobrivoj Poštić¹, Snežana
Jovanović², Marijenka Tabaković²,

Veljko Gavrilović¹, Tomislav Živanović³

¹Institut za zaštitu bilja i životnu sredinu, Beograd

(✉ratibor.strbanovic@yahoo.com)

²Institut za kukuruz, Beograd

³Poljoprivredni fakultet Univerziteta u Beogradu, Beograd

Lucerka je, posle kukuruza, najvažnija krmna vrsta u našoj zemlji, zahvaljujući ne samo povoljnom hemijskom sastavu i visokom sadržaju proteina, već i visokim prinosima i veoma dobrim biološkim osobinama. Plava lucerka, *Medicago sativa* L. ($2n = 32$) je prirodni tetraploid. Cilj ovog rada je da se ispitivanjem deset različitih sorata lucerke odredi varijabilnost i grupisanje srodnih genotipova lucerke primenom *RAPD* molekularnih markera. Za ekstrakciju DNK iz biljnog materijala korišćeni su prvi zeleni listići klijanaca lucerke (kotiledoni). Za analizu podataka dobijenih molekularnom karakterizacijom korišćeni su statistički programi za populaciono-genetičke analize. Primećeno je da se u *RAPD* analizi genoma biljaka mogu pratiti repetitivne sekvence koje čine značajan deo genetičkog materijala. Lančana reakcija polimeraze bazirana na repetitivnim sekvencama (*RAPD-PCR*) korišćena je za utvrđivanje genetičke raznovrsnosti između različitih sorata lucerke. OPA 01, OPA 02, OPA 13 i OPB 10 prajmeri su korišćeni da bi se dobili različiti DNK profili. Na osnovu *RAPD* DNK profila može se videti razdvajanje DNK fragmenata različite veličine od 100 bp do 3 kb. Razlike između fragmenata su ocenjivane vizuelno na osnovu njihovog položaja na gelu. Na gelu na kome se nalaze različite sorte lucerke sa prajmerom OPB 10 mogu se uočiti razlike između sorata lucerke. Jasno se vidi da se sorta lucerke Zaječarska 83 razlikuje od svih ostalih sorata lucerke. Sorte Osječka 99, Osječka 88 i Osječka 66 pokazuju visok nivo međusobne sličnosti, kao i sorte Kruševačka 22 i Kruševačka 28, što je i očekivano sa obzirom da su navedene sorte koje su slične selekcionisane u istim selekcionim kućama. Ovo istraživanje je potvrdilo da proučavana kolekcija sorti lucerke poseduje varijabilnost neophodnu za uspešan selekcion proces.

Ključne reči: lucerka, sorte, *PCR*, *RAPD*

Zahvalnica: Ovaj rad je rezultat istraživanja između projekata TR 31057 i TR 31018, podržanog od Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja Republike Srbije.

IDENTIFICATION OF DIFFERENT ALFALFA CULTIVARS APPLICATION OF MOLECULAR MARKERS

After maize, alfalfa is the most important forage species in our country due to favorable chemical composition and high content of protein. It is also characterized with high yields and very good biological properties. Blue alfalfa, *Medicago sativa* L. ($2n = 32$) is a natural tetraploid. The aim of this work was to determine variability and grouping related alfalfa genotypes using *RAPD* molecular markers, by testing ten different alfalfa cultivars. The first green leaves of alfalfa seedlings (cotyledons) were used for *DNA* extraction from the plant material. For the analysis of data obtained by the molecular characterization the statistical programs for population-genetic analysis were used. It is observed that in the *RAPD* analysis of the genome can be monitored repetitive sequences that make up a significant part of the genetic material. The polymerase chain reaction based on repetitive sequences (*RAPD-PCR*) was used to determine the genetic diversity among the different cultivars of alfalfa. OPA 01, OPA 02, OPA 13, and OPB 10 primers were used to obtain the various profiles of *DNA*. Based on *RAPD DNA* profiles, the separation of *DNA* fragments of different size from 100 bp to the 3 kb were noticed. The differences between the fragments were evaluated visually on the basis of their position on the gel. On the gel containing different varieties of alfalfa with primer OPB 10, differences between alfalfa varieties were noticed. It is clear that the cultivar Zaječarska 83 differs from all other cultivars of alfalfa. Cultivars Osječka 99, Osječka 88, and Osječka 66 showed a high level of similarity, as well as cultivars Kruševačka 22 and Kruševačka 28. This is expected, taking into account that these two groups of similar cultivars were selected in the same companies. This study confirmed that studied collection of alfalfa cultivars has variability necessary for successful selection process.

Key words: alfalfa, cultivars, *PCR*, *RAPD*

Acknowledgments: This paper is a result of the research within the projects TR 31057 and TR 31018, supported by the Ministry of Education, Science and Technological Development of Republic of Serbia.