

Utvrđivanje genetičke divergentnosti ZP hibrida kukuruza (*Zea mays* L.) iz različitih ciklusa selekcije primenom proteinskih markera

- Originalni naučni rad -

Iva ERIĆ, Snežana MLADENOVIĆ DRINIĆ i
Goran STANKOVIĆ
Institut za kukuruz "Zemun Polje", Beograd-Zemun

Izvod: Poznavanje genetičke varijabilnosti hibrida kukuruza koji se gaje na jednom području važno je zbog planiranja selekcionih programa, procene rizika od štetnog delovanja faktora spoljašnje sredine u uslovima genetičke uniformnosti, identifikacije hibrida, identifikacije germplazme.

Genetička sličnost dva genotipa se može proceniti indirektno iz pedigree podataka ili direktno pomoću biohemijskih (izozimi, proteini) i molekularnih markera (DNK markeri).

Cilj ovog rada bila je karakterizacija 30 ZP hibrida kukuruza iz pet različitih ciklusa selekcije primenom proteinskih markera i određivanje genetičke varijabilnosti unutar svakog ciklusa selekcije.

Grupisanje hibrida iz različitih ciklusa selekcije pomoću proteinskih markera se generalno slaže sa pedigree informacijama. Naš rad pokazuje da se proteinski markeri mogu koristiti za karakterizaciju hibrida kukuruza. Rezultati dobijeni primenom proteinskih markera pokazuju da tokom selekcionih ciklusa nije došlo do smanjenja u genetičkoj varijabilnosti komercijalnih hibrida.

Ključne reči: Ciklus selekcije, genetička varijabilnost, kukuruz, proteinski markeri.

Uvod

Godina 1953. smatra se početkom moderne selekcije kukuruza u Jugoslaviji. Tada je načinjen prvi korak ka stvaranju materijala za selekciju hibrida kukuruza. Od tada do danas pet ciklusa je odredilo selekciju i oplemenjivanje ZP hibrida u Jugoslaviji (pod ciklusom selekcije se podrazumeva period uvođenja novih hibrida u širu proizvodnju).

U periodu od 1964-2003. godine Savezna komisija za priznavanje sorti je priznala 471 hibrid kukuruza selekcionisan u Institutu za kukuruz "Zemun Polje". Svaki ciklus selekcije karakteriše uvođenje novih hibrida sa sve boljim agronomskim i biološkim svojstvima. Povećanje prinosa selekcionisanih hibrida kroz cikluse dostiglo je 1,094 t/ha ili približno oko 100 kg/ha/godini. Hibridi novijih generacija imaju povećanu otpornost prema suši, povećanu otpornost prema poleganju i tolerantniji su na intenzivnije uslove gajenja, *Ivanović i sar.*, 1995.

Gajenje malog broja najproduktivnijih hibrida na velikim površinama može biti rizično za proizvodnju. Ovakvi usevi su zbog velike genetičke uniformnosti podložniji stresnim faktorima sredine, povećan je rizik od širenja bolesti u epifitotskim razmerama, što sve može dovesti do uništenja useva i smanjenja prinosa. U SAD je 1970. godine pojava bolesti sive pegavosti lista (*Helminthosporium maydis*) ozbiljno ugrozila proizvodnju kukuruza (došlo je do smanjenja ukupnog prinosa kukuruza za oko 15 %). Ova bolest se javila kao posledica gajenja hibrida uniformne citoplazme na velikim površinama i bila je upozorenje da se genetička osnova za stvaranje komercijalnog materijala mora proširiti, *Radović i Jelovac*, 1995. Stoga je, radi smanjenja ovakvih rizika važno imati informaciju o genetičkoj varijabilnosti hibrida kukuruza koji se gaje.

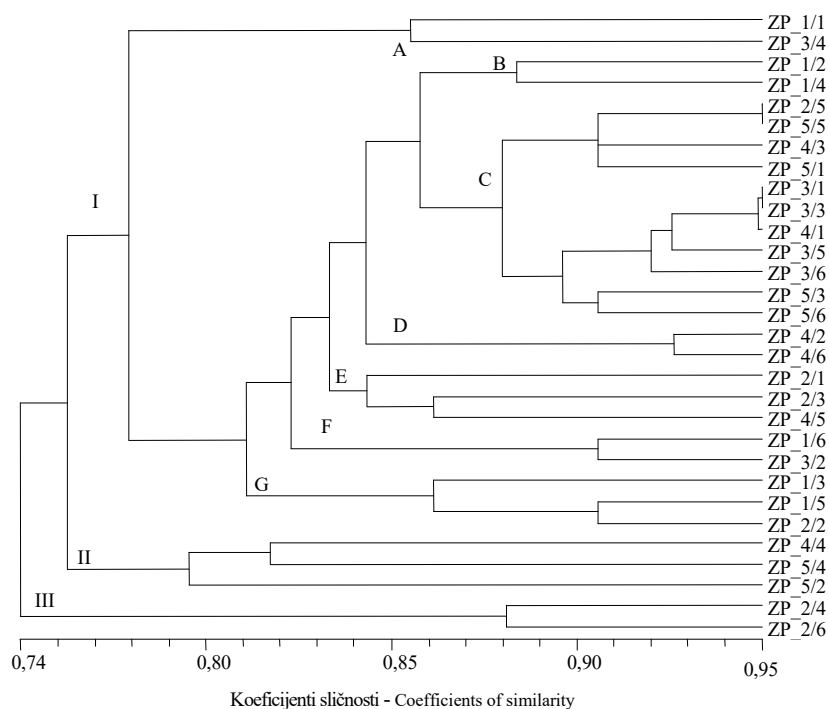
Materijal i metode

Tokom 2002. godine analizirano je 30 ZP hibrida kukuruza - po šest iz svakog ciklusa gajenih u našem podneblju. Proteini klice rastvorljivi u solima su izolovani i razdvojeni SDS poliakrilamid gel elektroforezom (SDS-PAGE) prema metodi Leammli-a, *Leammli i sar.*, 1970

Iz dobijenih elektroforegrama izračunati su Jacard-ovi koeficijenti sličnosti između parova hibrida, *Sneath and Sokal*, 1973. Hijerarhijska klasifikacija hibrida je urađena klaster UPGMA metodom, korišćenjem NTSYS-pc programa, *Rolph*, 1989. Genetička varijansa unutar svakog ciklusa selekcije izračunata je parametrizacijom binarnih podataka, a vrednosti su testirane na značajnost LSD testom, *Urquhart*, 2000.

Rezultati i diskusija

Analiza elektroforegrama proteina klice rastvorljivih u solima pokazala je da svi ispitivani genotipovi imaju specifičnu proteinsku sliku. Uočene su kvalitativne i kvantitativne razlike između proteinskih frakcija različitih hibrida. Na osnovu dobijenih elektroforegrama izračunati su koeficijenti sličnosti između parova hibrida i napravljen je dendogram. Dobijeni rezultati su u saglasnosti sa istraživanjima niza autora koji su koristili proteinske markere za identifikaciju varijeteta kukuruza, ispitivanje genetičke čistoće semena, *Wang i sar.*, 1991, genetičku karakterizaciju linija i hibrida kukuruza, *Koranyi*, 1989.



Grafikon 1. Dendrogram 30 ZP hibrida kukuruza dobijen na osnovu proteinskih markera
Dendrogram of 30 ZP maize hybrids based on protein markers

Dendrogram hibrida koji se sastoji od tri glavne grupe je prikazan na Grafikonu 1.

Prva grupa je podeljena u 7 subklastera koji su označeni od A do G. U njoj se nalazi 25 hibrida koji su grupisani u jedan veliki i šest manjih subklastera. Glavni subklaster C uključuje 13 ZP hibrida iz trećeg, četvrtog i petog ciklusa selekcije, čiji roditelji vode poreklo od BSSS germplazme. Hibridi, koji imaju linije Wf9 i Oh43 za jednog roditelja, grupisani su zajedno u subklastere G i E. Subklaster A, koji se sastoji od dva hibrida - jednog iz prvog i jednog iz trećeg ciklusa selekcije, labavo je vezan sa preostalom velikom grupom hibrida. Pet preostalih hibrida čiji roditelji vode poreklo iz Lankester germplazme formiraju drugu i treću grupu. Tri hibrida, dva iz petog i jedan iz četvrtog ciklusa formiraju drugu grupu. Treća grupa se sastoji od dva hibrida iz drugog ciklusa selekcije sa linijom C-103 kao jednim zajedničkim roditeljem. Grupisanje 30 hibrida iz 5 različitih ciklusa selekcije pomoću proteinskih markera se generalno slaže sa pedigre informacijama, mada su uočene manje nepravilnosti prilikom formiranja subklastera unutar glavnih grupa. Primer za to je da dva četvorolinijska hibrida iz prvog ciklusa selekcije ZP1/4 i ZP1/3 koji imaju 3 zajedničke od 4 roditeljske komponente su bili unutar različitih subklastera.

Poređenje genetičkih varijansi različitih ciklusa selekcije (izračunatih na osnovu podataka dobijenih analizom proteinskog kompleksa klice hibrida), pokazuje da ne postoje statistički značajne razlike među genetičkim varijansama
J. Sci. Agric. Research/Arh. poljopr. nauke 64, 227-228 (2003/3-4), 21-25

ciklusa selekcije, odnosno da nije došlo do promene genetičke varijabilnosti tokom selekcionih ciklusa.

Zaključak

Utvrđivana je mogućnost korišćenja proteinskih markera u karakterizaciji hibrida kukuruza i proceni njihove srodnosti. Analiza elektroforegrama pokazuje da se proteini klice rastvorljivi u solima mogu koristiti za karakterizaciju hibrida, a procena njihove srodnosti se generalno slaže sa pedigre podacima. Ipak, zbog malog broja proteinskih frakcija, odnosno nedovoljne informativnosti, ovi markeri se mogu koristiti ograničeno u proceni srodnosti hibrida, u kombinaciji sa informativnijim DNK markerima.

Poređenje genetičke varijabilnosti ciklusa pokazuje da nije došlo do smanjenja genetičke varijabilnosti tokom selekcionih ciklusa. Ovaj podatak je naročito važan radi očuvanja genetičke varijabilnosti germplazme u procesu selekcije i smanjenja rizika od štetnog delovanja stresnih faktora sredine.

Jedan od načina za očuvanje genetičke varijabilnosti hibrida koji se gaje je stvaranje i održavanje široke ponude produktivnih hibrida različite genetičke osnove za ispitivano područje.

Literatura

- Ivanović, M., R. Petrović, G., Drinić, G. Radović, D. Ristanović, Z. Pajić, B. Trifunović i D. Jelovac** (1995): Pedeset godina selekcije ZP hibrida kukuruza. Zb. rad. Simpozijuma "Oplemenjivanje, proizvodnja i iskorišćavanje kukuruza", 28-29 septembar, 1995, Beograd, str. 3-16.
- Koranyi, P.** (1989): Simple purity checking of maize (*Zea mays* L.) lines and hybrids by protein monomer analysis. *Seed Sci. & Technology* 17: 161-168.
- Leammi, U.K.** (1970): Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature* 227: 680-685.
- Radović, G. i D. Jelovac** (1995): Genetički resursi u oplemenjivanju kukuruza. Zb. rad. Simpozijuma "Oplemenjivanje, proizvodnja i iskorišćavanje kukuruza", 28-29 septembar, 1995, Beograd, str. 17-27.
- Rohlf, F.J.** (1989): NTSYS-pc. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.0 Exeter Software, Setaket, N.Y.
- Sneath, P. and R. Sokal** (1973): Numerical Taxonomy, ed. W.H Freeman and Company, San Francisco, U.S.A.
- Urquhart, S.** (2000): Background-variance of binary data. Adapting a physical habitat protocol. <http://oregonstate.edu/instruct/str571/urquhart/phab/sld019.htm>
- Wang, C., K. Bian, H. Zhang, Z. Zhou and J. Wand** (1991): Polyacrylamide gel electrophoresis of salt soluble proteins for maize variety identification and genetic purity assessment. *Seed Sci. & Technology* 22: 51-57.

Genetic Diversity among ZP Maize Hybrids (*Zea mays* L.) from Different Selection Cycles Obtained by Protein Markers

- Original scientific paper -

Iva ERIĆ, Snežana MLADENOVIĆ DRINIĆ and
Goran STANKOVIĆ
Maize Research Institute, Zemun Polje, Belgrade-Zemun

Summary

Five cycles (periods) have determined breeding of hybrid maize in Yugoslavia. Each period has been characterised by the introduction of new significantly yielding hybrids.

The objective of our study was to investigate the utility of protein markers in characterisation of a set of 30 maize hybrids from five different selection cycles, validate pedigrees, and show association among hybrids. Knowledge of the genetic diversity and relationships among maize hybrids is important for planning breeding strategies, hybrid identification, germplasm identification. We also investigated if there was a change in the genetic variability among cycles. This is important for evaluating and decreasing risks of future pathogen and stress induced damage which is mainly responsible for significant decrease in yield.

The analysis of embryo salt soluble proteins shows that all studied genotypes have a specific protein pattern. Grouping of 30 ZP maize hybrids from different selection cycles generally agreed with the pedigrees. Our study shows that embryo salt soluble proteins can be used for characterization of hybrids. They have restricted use in estimating a genetic relationship among maize hybrids because of a small number of protein fractions observed that represent the whole genome. They can be used in combination with more informative DNA markers. According to obtained results there was no significant change in the genetic variability among selection cycles. This information is very important for sustaining genetic variability of the germplasm in the selection process.

Received: 22/03/2003

Accepted: 30/06/2003

Adresa autora:

Iva ERIĆ

Institut za kukuruz "Zemun Polje"

Slobodana Bajića 1

11185 Beograd-Zemun

Srbija i Crna Gora

e-mail: ibauer@mrizp.co.yu